

# Simulación del covid-19

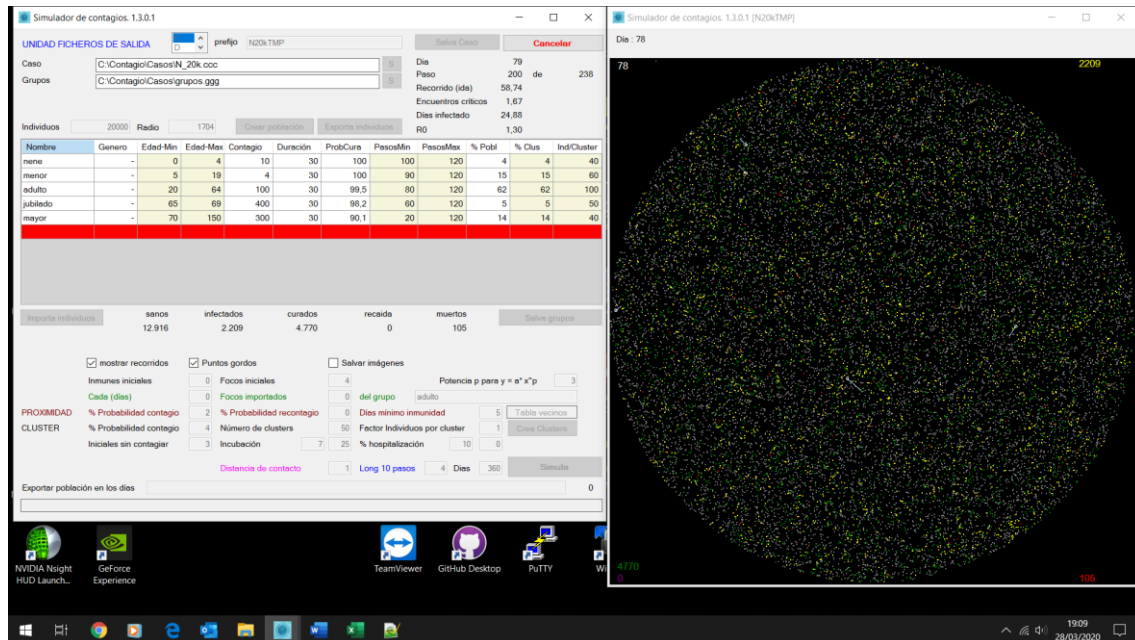


Figura 1. Modelo “Contagio” para Windows

Este documento se irá actualizando con nuevas simulaciones según se vayan conociendo más datos, así como para analizar la incidencia de más escenarios.

28 de marzo de 2020

## Introducción.

El objetivo de este proyecto ha sido construir un modelo para entender mejor la pandemia del coronavirus que estamos padeciendo en estos momentos.

## Modelo.

El modelo va a simular un conjunto de individuos distribuidos al azar, de forma uniforme, sobre una superficie circular, usando el método de Monte Carlo y se ha programado en el lenguaje C# para el sistema operativo Windows.

El modelo no podrá reproducir una realidad concreta, porque además de su simplicidad la realidad normalmente será la suma de un gran número de centros (poblaciones) de diferentes tamaños y con momentos de inicio diferentes. No obstante la simulación puede aportar información sobre la evolución de la epidemia y sobre todo del impacto de determinadas medidas.

Los individuos pertenecen a determinados “grupos” definidos de ante mano. Cada “grupo” tiene la serie de características que pueden verse en la tabla siguiente (Tabla 1) y cuyo significado veremos a continuación.

Grupo	Edad		% Factor Contagio	Días Duración	% Curación	Núm. Pasos		% Población	Individuos cluster
	Min	Max				Min	Max		
nene	0	4	10	30	100	100	120	4	40
menor	5	19	4	30	100	90	120	15	60
adulto	20	64	100	30	99,5	80	120	62	100
jubilado	65	69	400	30	98,2	60	120	5	50
mayor	70	150	300	30	90,1	20	120	14	40

Tabla 1. Grupos de población.

El rango de edades de cada grupo es descriptivo y no interviene en los cálculos, pero determina los valores de las otras columnas, por ejemplo el “% de Población” es el registrado por el INE para la población española en el rango de edad correspondiente.

Aunque se pueden hacer tantos grupos como se quiera, por ejemplo, para diferenciar hombres y mujeres, en todas las simulaciones se han usado lo grupo de la tabla 1.

Así mismo se contemplan los parámetros de la figura 2:

Inmunes iniciales	<input type="text" value="0"/>	Focos iniciales	<input type="text" value="4"/>	Potencia p para $y = a \cdot x^p$	<input type="text" value="3"/>
Cada (días)	<input type="text" value="0"/>	Focos importados	<input type="text" value="0"/>	del grupo	<input type="text" value="adulto"/>
PROXIMIDAD % Probabilidad contagio	<input type="text" value="2"/>	% Probabilidad recontagio	<input type="text" value="0"/>	Días mínimo inmunidad	<input type="text" value="5"/>
CLUSTER % Probabilidad contagio	<input type="text" value="4"/>	Número de clusters	<input type="text" value="50"/>	Factor Individuos por cluster	<input type="text" value="1"/>
Iniciales sin contagiar	<input type="text" value="3"/>	Incubación	<input type="text" value="7"/>	% hospitalización	<input type="text" value="10"/>
		Distancia de contacto	<input type="text" value="1"/>	Long 10 pasos	<input type="text" value="4"/>
				Días	<input type="text" value="360"/>
					<input type="button" value="Simula"/>

Figura 2. Parámetros de la simulación

1. Número de individuos que se marcarán como inmunes al crear la población de individuos a simular.
2. El número de focos, o individuos contagiados que habrá en la población al iniciar la simulación.
3. (Potencia ...) Probabilidad de duración de la infección. El modelo puede utilizar una probabilidad distinta para cada grupo de población, pero dentro del grupo es la misma para sanar que para morir, es decir, se utiliza la misma función de probabilidad para determinar cuándo un individuo deja de estar infectado, cuando deja de estarlo puede ser porque se ha curado o muerto, lo uno o lo otro viene determinado por una probabilidad que depende del grupo de población. La probabilidad de terminar la infección depende del número de días contagiados, de acuerdo con la siguiente función:  $p(N) = C \times N^e$

Donde **N** es el número de días contagiado, **e** un exponente que marca la curvatura de la función y que hemos fijado en 3. La constante **C** queda determinada en cuanto se fija, para cada grupo, la duración máxima de la infección, en la figura 3 se muestra la función para 30 días de duración de la infección, que es valor utilizado en las simulaciones de este documento, el mismo para todos los grupos.

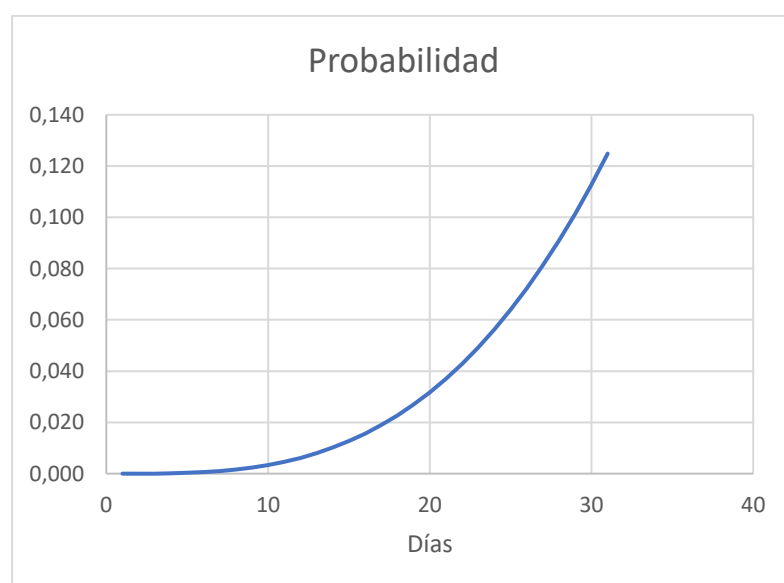


Figura 3. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

4. Focos importados, el modelo admite que cada cierto número de días llegue un determinado número de individuos infectados a posiciones aleatorias dentro de la superficie simulada.
5. Probabilidad básica de contagio de proximidad. Se fija para cada escenario de simulación (en el escenario de referencia se ha utilizado el valor 2%). Se debe ajustar para que el  $R_0$  que resulte de la simulación sea el que se observa en la realidad.

6. Recontagios. Se puede establecer la probabilidad de que un individuo que ha pasado la enfermedad deje de ser inmune a partir de un determinado número de días.
7. Cluster. El modelo utiliza clusters para simular los contagios en lugares de concentración, como se explica a continuación y se puede especificar el número de clusters y la probabilidad de contagio en los mismos.
8. Incubación. Es el número de días que un individuo recién infectado pasa sin posibilidad de contagiar a otros.
9. Desde que se produce la infección hasta que aparecen los síntomas pasa un tiempo que es muy importante para la evolución de la epidemia, porque es cuando el individuo infectado puede contagiar a otros con más facilidad, una vez que tiene síntomas, se le marca como enfermo y el resto de los individuos toma precauciones para no contagiarse, lo que disminuye la capacidad de contagio del enfermo (en las simulaciones la hemos reducido al 25%). Así mismo, un porcentaje de los enfermos hemos usado el 10%) se hospitaliza y disminuye aún más su capacidad de contagio.

10. El modelo contempla dos posibilidades de contagio:

Contagio de proximidad. Producida por los contactos en las cercanías del domicilio. Parecido a la evolución de un cultivo en una placa Petri. Durante la simulación los individuos recorrerán trayectos cuya duración estará determinada por el rango de pasos de la tabla de grupos, el rango 30 200 significa que los individuos de este grupo realizarán trayectos de entre 30 y 200 pasos.

Contagio de concentración. Producida por la ubicación en locales o medios de transporte colectivos. El modelo permite establecer un número de clusters para cada grupo de población con un determinado número de individuos, el mismo número para todos los cluster del mismo grupo. A cada cluster se asignan los individuos que le corresponde de forma aleatoria.

La diferencia más importante es que la primera propaga la enfermedad en las cercanías geográficas del infectado, mientras que la segunda es un contagio de largo alcance, porque al coincidir en un mismo centro individuos provenientes de ubicaciones diversas, los contagiados extenderán la enfermedad a puntos lejanos.

11. Cuando se fija el número de individuos de la población a simular, se obtiene el número de individuos pertenecientes a cada grupo, aplicando la columna de % individuos de la tabla de grupos.
12. La superficie en la que se asienta la población, que será una circunferencia con el radio correspondiente.
13. La distancia entre individuos, dentro de la cual es posible un contagio a la que nos referiremos como **DC**.
14. La longitud de los pasos que los individuos dan en sus trayectos diarios.

Una vez visto como se caracteriza la población y su entorno, veamos cómo se realiza la simulación:

Se empieza por crear la población considerando el número total de individuos y el reparto por grupos de la tabla de grupos. La posición (x, y) de cada individuo se genera al azar dentro del círculo establecido como superficie de la población.

Se crea el número de clusters especificado para cada grupo de población y se asocia a cada uno de ellos el número de individuos correspondiente. Un mismo individuo no puede pertenecer a dos clusters a la vez.

Todos los individuos parten sanos, excepto los que se hayan establecido como focos (pacientes cero) que en este documento han sido 4. Se eligen al azar y se marcan como recién contagiados (en su primer día de contagio).

A cada día, los individuos recorren un trayecto aleatorio desde sus ubicaciones iniciales para luego volver, por el mismo camino, al punto de partida. La dirección del primer paso es al azar y la longitud también al azar entre cero y el valor que se haya establecido como longitud de paso. Los pasos siguientes se realizan en la misma dirección y de la misma longitud. El número de pasos es también al azar dentro del rango establecido para el grupo al que pertenece el individuo.

Si durante los desplazamientos, dos individuos se encuentran a una distancia inferior a al valor DC, se considera que puede haber un contagio. Si uno es un individuo infectado y el otro está sano se sorteará el contagio de este último, teniendo en cuenta la probabilidad base de contagio y el factor del grupo del individuo sano.

A continuación el modelo procesa uno a uno los clusters. Dentro de cada cluster se realizan todos los emparejamientos posibles. Para cada par entre un individuo infectado y otro sano se sortea el contagio del sano de forma similar al caso de los desplazamientos, sólo que aquí no hay distancias DC todos los pares son de riesgo, lo que cambia es que la probabilidad de contagio es distinta, en este trabajo se ha calculado como:  $p = 1 / N * R_0$

Siendo **N** es el número máximo de días contagiado. Si N es 30 y  $R_0$  2,4 entonces la probabilidad de contagio p sería 8%.

Terminado el día, se aplican a los infectados las probabilidades de que finalice la enfermedad con resultado de curación o muerte. Los individuos que se curan se consideran inmunizados y no volverán a contagiarse ni contagiar a otros individuos, salvo que se utilice la opción de recontagiar, antes mencionada, y que en este estudio no se ha utilizado.

El proceso se repite el número de días que se haya establecido (o hasta que no quede ningún infectado) y se realizan las estadísticas correspondientes, así como su representación gráfica.

Entre otras, se calculan las estadísticas siguientes:

1. La distancia recorrida en promedio por todos los individuos sanos e infectados
2. El número medio de encuentros a distancia de contagio en los que un individuo está infectado y el otro no.
3. El número medio de días que pasan los individuos afectados antes de curar o morir.

Esto sirve para ver si la simulación de los recorridos y los parámetros tienen un mínimo de sensatez. Según los valores de estas se han ido ajustando los parámetros hasta obtener valores razonables.

La representación gráfica muestra, al final de cada día, la ubicación de cada individuo con un color según su estado de salud (la ubicación no cambia, al final del día todos están en casa):

- Gris = Sano
- Amarillo = Contagiado
- Verde = Curado
- Rojo = Muerto.

A efectos informativos, a cada día se elige un individuo de cada uno de los grupos y se muestra el recorrido realizado por el mismo, mediante una curva azul, para ver que no estamos haciendo cosas disparatadas. En las esquinas del gráfico aparece el número de individuos contagiados, curados y muertos con el color antes indicado.

Las figuras 4 y 5 muestran el resultado de la simulación BASE, tras 10 y 50 días de simulación de una población de 20.000 individuos en una superficie circular de 1.704 metros de radio (que es la densidad de población de Alcalá de Henares).

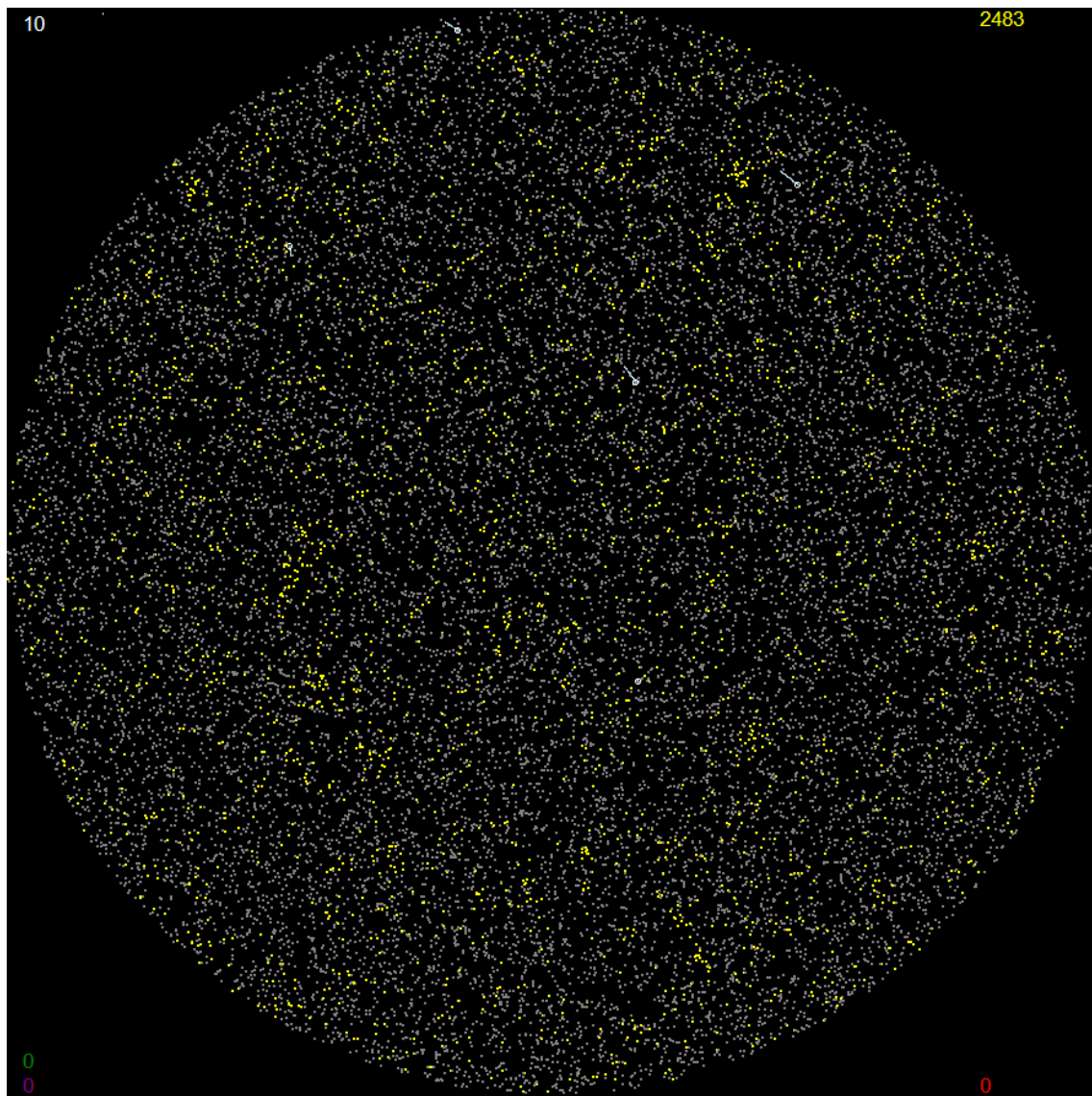


Figura 4. Grafica después de 10 días de simulación.

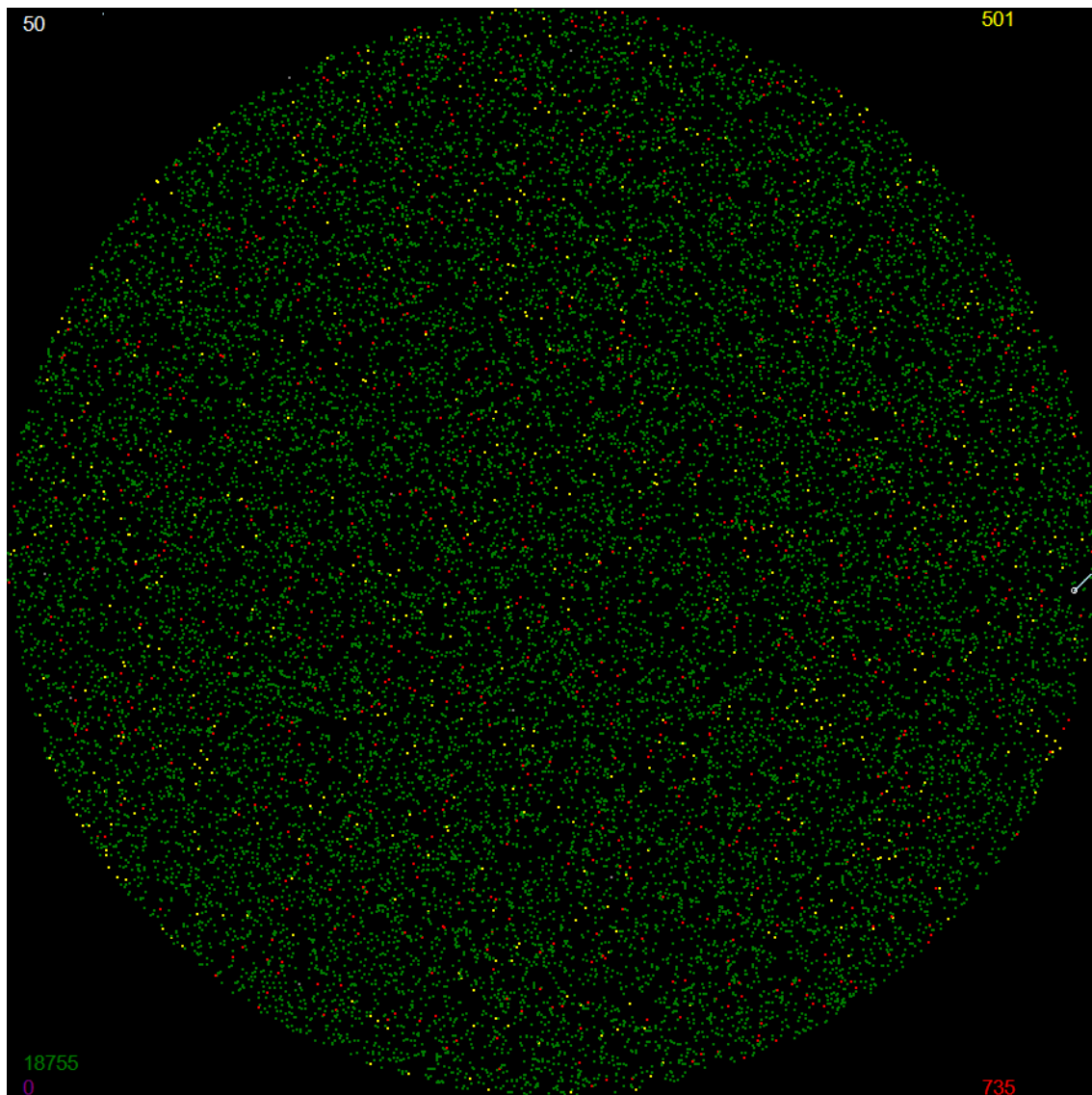


Figura 5. Grafica después de 50 días de simulación.

### **Resultado de las simulaciones.**

Los valores de los parámetros de la simulación utilizados y que se han ido mencionado son los que se manejan en el momento de escribir este documento y que con seguridad cambiarán con el transcurso del tiempo, además hay gran disparidad entre países incluso entre regiones porque las cosas no han empezado en todas partes a la vez ni en las mismas condiciones. Por ejemplo, es de enorme importancia el valor de  $R_0$ , el número básico de reproducción, que es el número de contagios que produce un infectado mientras lo está y del que depende la explosividad de la epidemia. Se toma como una medida objetiva de la capacidad del virus pero se mide con las estadísticas de poblaciones de individuos que pueden ser muy diferentes, un mismo virus se propaga más rápido en un ambiente social del sur de Europa que del Norte donde el “contacto” entre individuos es menor. Otro ejemplo es como durante la simulación el valor que



resulta para  $R_0$  va cambiando con el tiempo, porque cuantos menos individuos sanos quedan menos contagios pueden producir los individuos infectados (figura 6).

Figura 6. Evolución del  $R_0$  que se desprende de la simulación con el paso del tiempo.

En este documento se muestran los resultados de tres tipos simulaciones para una población de 20.000 individuos:

- BASE. Simulación con los valores de los parámetros que se han ido mencionando (sin recontagio, con 50 clusters, con la capacidad de contagio de los enfermos - infectados con síntomas- al 25% de la capacidad base) y sin ninguna restricción de movilidad.
- RESTRICCIONES. Simulación con los mismos parámetros que la simulación BASE pero reduciendo la movilidad de cercanías a la mitad (la mitad de los pasos), el número de clusters de 50 a 20 y sin modificar la capacidad de contagio de los enfermos (25%). Las restricciones se establecen cuando ya habían transcurrido 30, 40 o 50 días desde la primera infección (menos días desde que se conoció, por el retraso en aparecer los síntomas). De día 1 al 30, 40 o 50 días la simulación es igual que la BASE.
- FIN DE RESTRICCIONES. Simulaciones levantando las restricciones de movilidad a los 30, 50 o 60 días de haberlas impuestas a la simulación CONTENIDA con restricciones impuestas a los 40 días.

En todos los casos es muy importante tener en cuenta que los datos de la simulación son instantáneos, son los que hay en ese día aunque en la realidad no se sabrá hasta pasados unos días. Por ejemplo, la cifra de afectados en un día nunca se corresponderá con los de una estadística real que contabiliza “detectados” en ese día. Para hacer las comparaciones habría que aplicar retrasos a la cifra de detectados (casos) pero no a las de curaciones y muertes que si se contabilizan en el día correcto. Esto hay que tenerlo presente cuando se hagan comparaciones.

## BASE.

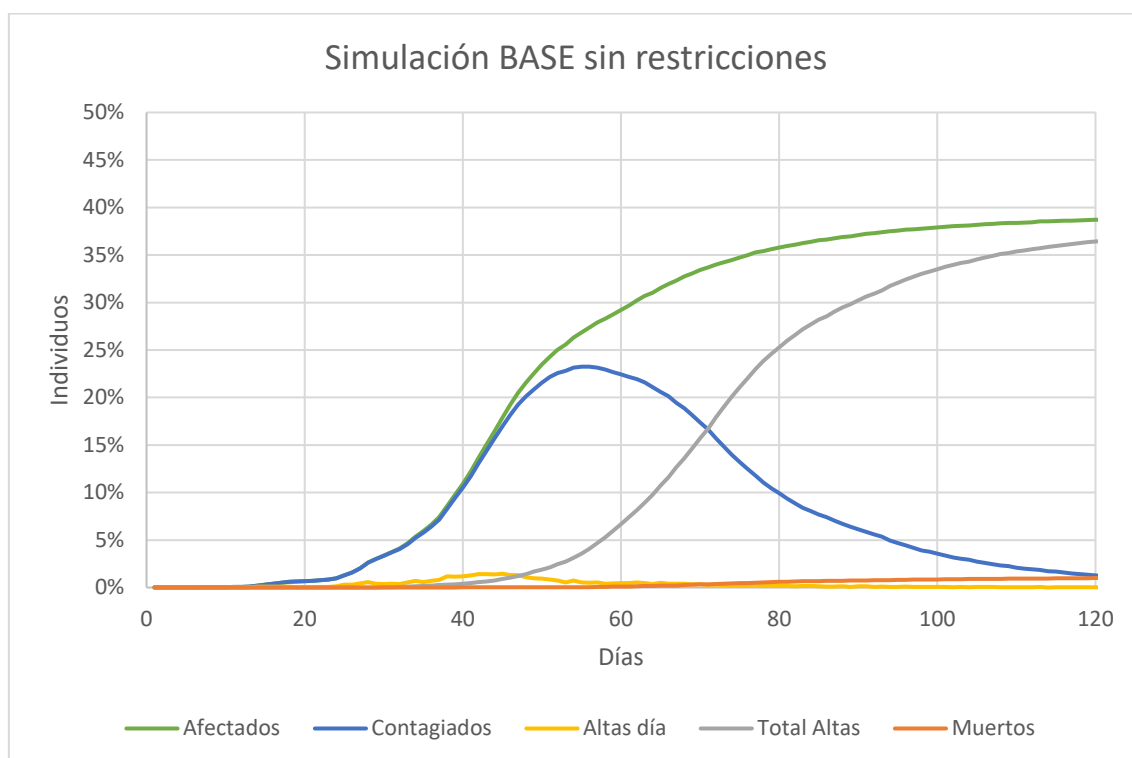


Figura 6. Resultados de la simulación BASE sin restricciones.

Al final de la simulación se ha visto afectada el 40% de la población y a los 55 días se presenta el máximo de individuos infectados simultáneamente (el 23% de la población). Si todos los afectados necesitasen atención del sistema de salud sería mucho más que imposible atenderlos.

Llama la atención que las cifras de contagiados publicadas oficialmente en China, España o Italia son muy inferiores a lo que predice la simulación. Tal vez haya una parte de la población, que no sólo es asintomática, en realidad es inmune (no contagia).

Un indicador de que las cifras de afectados (casos) en España está infravalorada es que no hay ninguna razón para el virus sea más letal en España, o Italia, que en otros países, como la contabilización de las muertes es más objetiva, al calcular la fracción muertos/afectados lo que falla es el denominador produciendo un porcentaje de muertos exagerado. Si el 90% de los afectados reales no necesitan atención del sistema de salud no estarán registrados y para la población de España, la punta de contagios (casos) llegaría a los 400.000 individuos, o menos, si consideramos que la curva real será más achatada y con mayor extensión en el tiempo porque ya hemos mencionado que será la suma de una multitud de municipios con distintos momentos de inicio y diversas densidades de población.

## RESTRICCIONES.

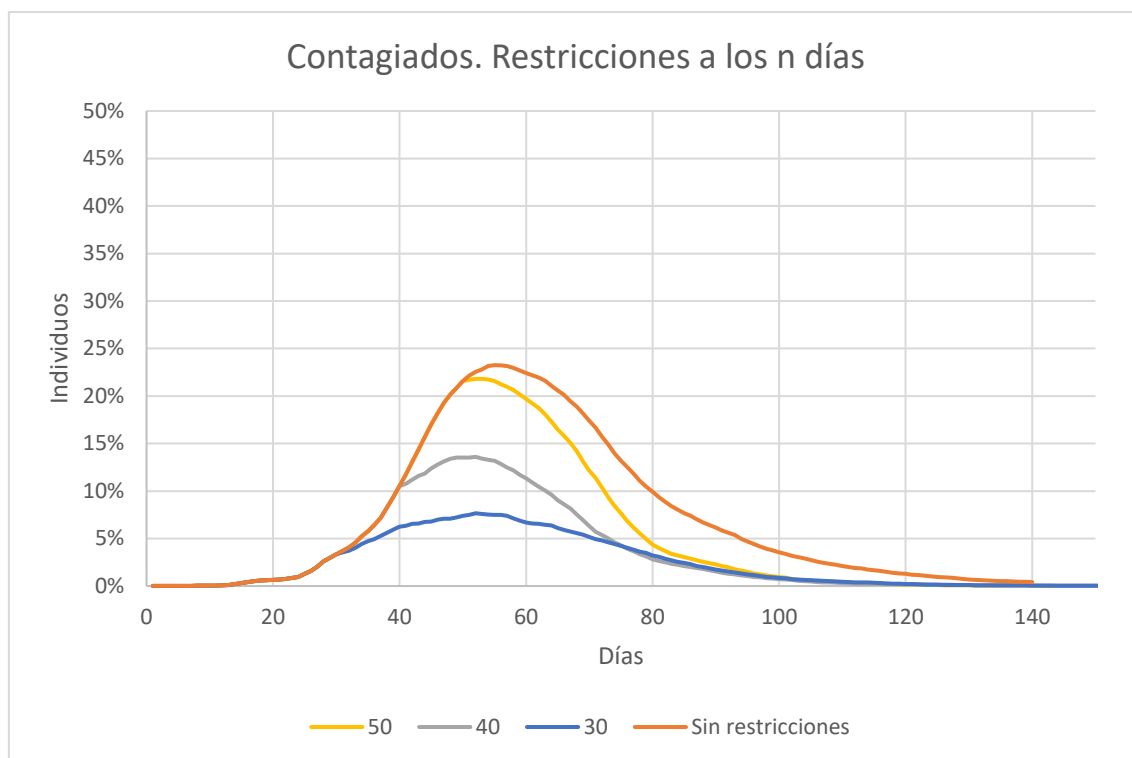


Figura 7. Resultados de la simulación CONTENIDA con restricciones impuestas a los 30, 40 o 50 días del inicio de la epidemia.

El pico de contagiados se reduce significativamente y se produce antes porque la curva empieza a descender antes. Obviamente, cuanto más cerca del pico sin restricciones menor es el efecto de estas. Si las medidas se imponen a los 30 días el pico de contagiados se reduce a la cuarta parte (8%, en lugar de 23%). Si tal como hicimos antes suponemos que el 90% de los infectados no requiere al sistema de salud el número de contagiados simultáneamente se reduciría a los 100.000 individuos.

Retrasar la imposición de restricciones a los 40 días, en lugar de a los 30 (10 días de retaso), supone casi duplicar el pico de contagiados (pasar del 8% al 13%).

En todas las simulaciones el número de muertos es función del número de afectados porque no se está suponiendo ninguna consecuencia del mayor o menor grado de saturación de la asistencia sanitaria.

La figura 7 muestra que si las medidas se toman con la epidemia suficientemente extendida (a los 50 días), la reducción de personas contagiadas se debe producir rápidamente, uno o dos días.

Esto puede sorprender, más después de ver cómo están evolucionando las cifras en España (o en Italia) después de dos semanas con restricciones, aunque se descuenta el decalaje entre las cifras del modelo (momento del contagio) y los casos registrados (momento en que da la cara, tras la incubación). La razón teórica de la reducción es que

el número de contagiados crece con los nuevos casos en el día y decrece por las altas y muertes en ese mismo día. Cuanto más avanzada está la epidemia hay más individuos contagiados y desde hace más tiempo, por lo que el número de altas o muertes es suficientemente grande para igualar al de nuevos contagios y de esa forma que el saldo de contagiados sea cero o negativo.

Las figuras 8 corresponde al escenario en el que las medidas se imponen pasados 40 días, pero en lugar de mostrar el total de individuos que siguen contagiados a cada día (figura 7), muestra los contagios nuevos (casos) que se producen en el día. Esta figura contiene menos información porque le falta el efecto de las curaciones y muertes que dan una idea de lo avanzado de la epidemia (los nuevos casos pueden ser los mismos en dos momentos pero la cifra de los que siguen contagiados será menor cuanto más avanzada este la epidemia). Mostramos esta figura porque es lo que recibimos a través de los medios de comunicación, cada día se mencionan los contagiados en el día (casos), también las altas de pacientes y las muertes diarias pero al restar muertos y curados de los nuevos casos obtenemos algo que no es comparable al modelo porque los nuevos casos corresponden a infecciones hace unos días (los del periodo de incubación) y los muertos y curados a hoy. El modelo resta muertos y curados del día a las infecciones en el día.



Figura 8. Evolución del número de contagios diarios (nuevos contagios en el día) sin y con restricciones impuestas al cabo de un determinado número de días (30, 40 o 50).

Para comparar, una vez más hay que recordar que los registros oficiales anotan los contagios cuando dan la cara y el modelo cuando se producen, por lo tanto, si el periodo de incubación es de 7 días hay que comparar el comportamiento de los registros con lo que el modelo muestra 7 días atrás.

El modelo dice que los nuevos contagios deben disminuir al día siguiente de adoptar las medidas, luego los datos oficiales tendrían que ver esa disminución 7 días después, o el número de días que realmente corresponda al periodo de incubación.

En España ya han pasado más de 10 días desde que se impusieron las restricciones y los nuevos contagios siguen creciendo (figura 9).

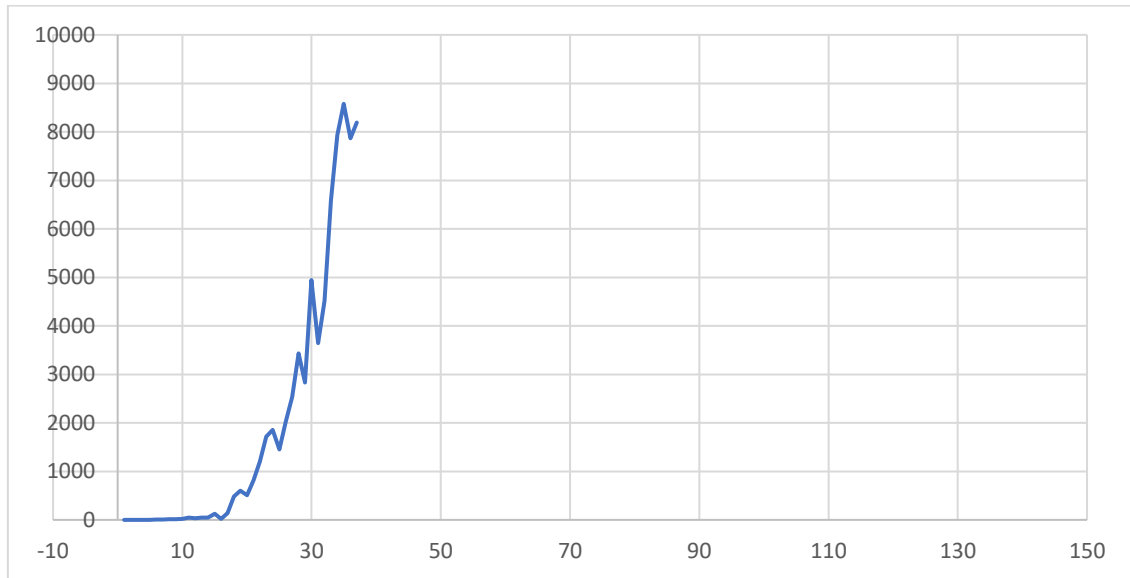


Figura 9. Datos publicados sobre la evolución de la epidemia en España desde el 31 de diciembre de 2019 ( $x=0$ ) hasta el 27 de marzo de 2020 ( $x=37$ )

Esto no significa que las medidas impuestas por el gobierno (junto al grado de cumplimiento por parte de los ciudadanos) no tengan la eficacia que se esperaba de ellas, porque la evolución depende además del grado de avance de la epidemia en el momento de imponerlas.

Aunque es el modelo el que hay que ajustar a la realidad y no a la inversa, la comparación modelo-registros, además de para este ajuste, nos dice si las medidas adoptadas (junto a su grado de cumplimiento) han sido suficientemente restrictivas o no.

## FIN DE RESTRICCIONES

La cuestión más relevante después de imponer restricciones es en qué momento hay que eliminarlas. Si hace demasiado pronto se corre el riesgo que la epidemia se relance y la única diferencia sobre la simulación BASE sería que el número de individuos susceptibles de contagio es menor y con ello la punta de infectados menor. Por el contrario, mantenerlas innecesariamente supone un coste de todo tipo que se podría evitar.

Ahora vamos a analizar con el modelo el efecto de la supresión de las restricciones. Cuando los datos oficiales lo permitan se podrán establecer tres parámetros clave del modelo:

- El punto de partida de la epidemia.
- El momento de las restricciones respecto del punto de partida.
- Efectividad de las restricciones.

Como el modelo simula una población única y la realidad es una suma compleja de numerosas poblaciones con inicio y otras características distintas, los parámetros del modelo que mejor reproduzcan el conjunto (si es que esto se llega a conseguir con una mínima aproximación) serán algo parecido a unos valores medios.

En primer lugar, la figura 10, muestra la evolución teórica de la epidemia aplicando restricciones a los 40 días y viendo que ocurre si estas se eliminan pasados 15, 30 o 50 días.

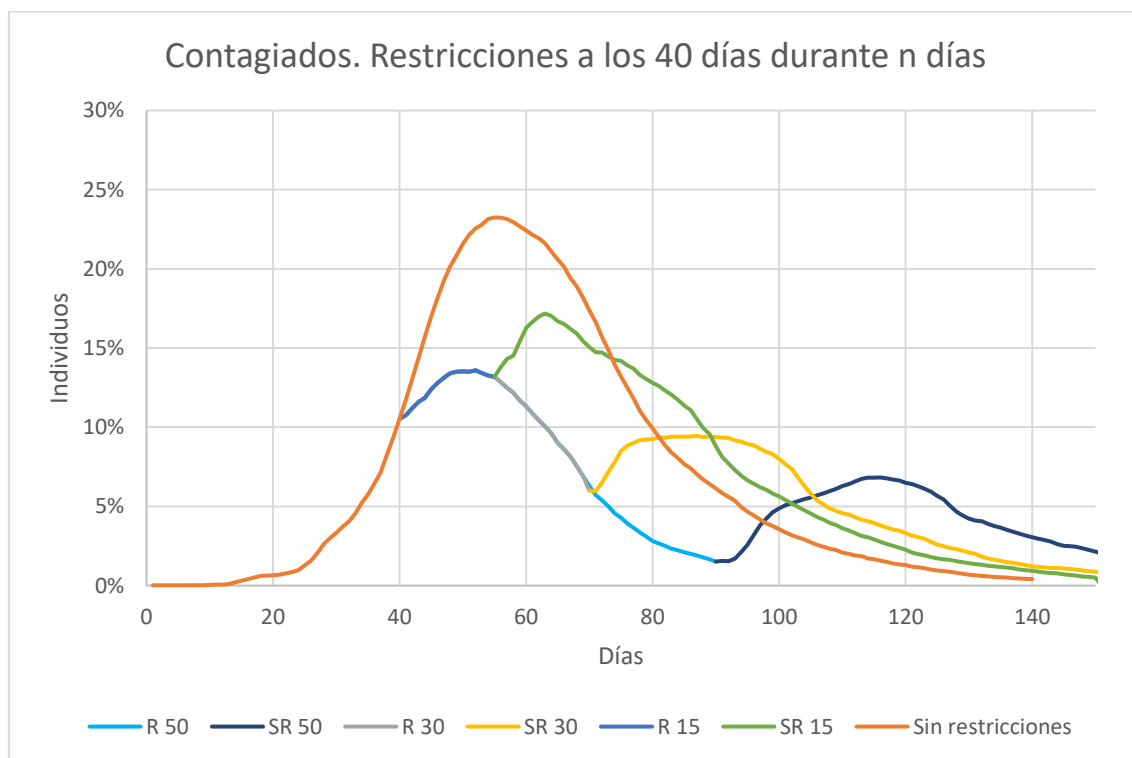


Figura 10. Evolución del número de contagiados en cada momento, aplicando restricciones a los 40 días y eliminándolas a los 15 (SR 15), 30 (SR 30) o 50 (SR 50) días.

En el momento en que elimina las restricciones la epidemia repunta. El repunte es menor que la evolución cuando no había restricciones porque ya hay muchos individuos inmunizados y por lo tanto el número de individuos que pueden contagiarse es menor.

Si las restricciones se imponen muy pronto y son muy drásticas, cuando se eliminan, el repunte será muy fuerte porque habrá pocos individuos inmunizados y se parecerá a la situación sin restricciones.

Por el contrario si se imponen tarde y la epidemia está cerca de su máximo la adopción de medidas es irrelevante y mucho más el momento en el que se suprimen.

El tiempo que necesitan las restricciones depende, además de la obiedad de su intensidad, del tiempo que dura la enfermedad, pues en ese periodo como máximo todos los enfermos se habrán curado o muerto y si no las restricciones no permiten nuevos contagios, o son pocos, el total de contagiados se hará cero o muy pequeño.

En resumen, si las restricciones son suficientemente estrictas y se cumplen debidamente, el número de contagiados se puede reducir intensamente en un periodo de tiempo corto, siempre menor que la duración media de la enfermedad.

Si los objetivos en mantener el número de contagiados que precisan de los servicios sanitarios dentro de la capacidad de estos no hay que esperar hasta que no haya contagiados, incluso puede ser contraproducente. Mientras no haya una vacuna la única forma de inmunización es pasar la enfermedad. Habrá que proteger especialmente a los grupos de población para los que la enfermedad es mortal e imponer unas restricciones que eviten que se supere la capacidad sanitaria pero que permitan que una parte importante de la población se inmunice. Cuanto más éxito tenga el aislamiento peor será la recaída.