

Simulación del covid-19

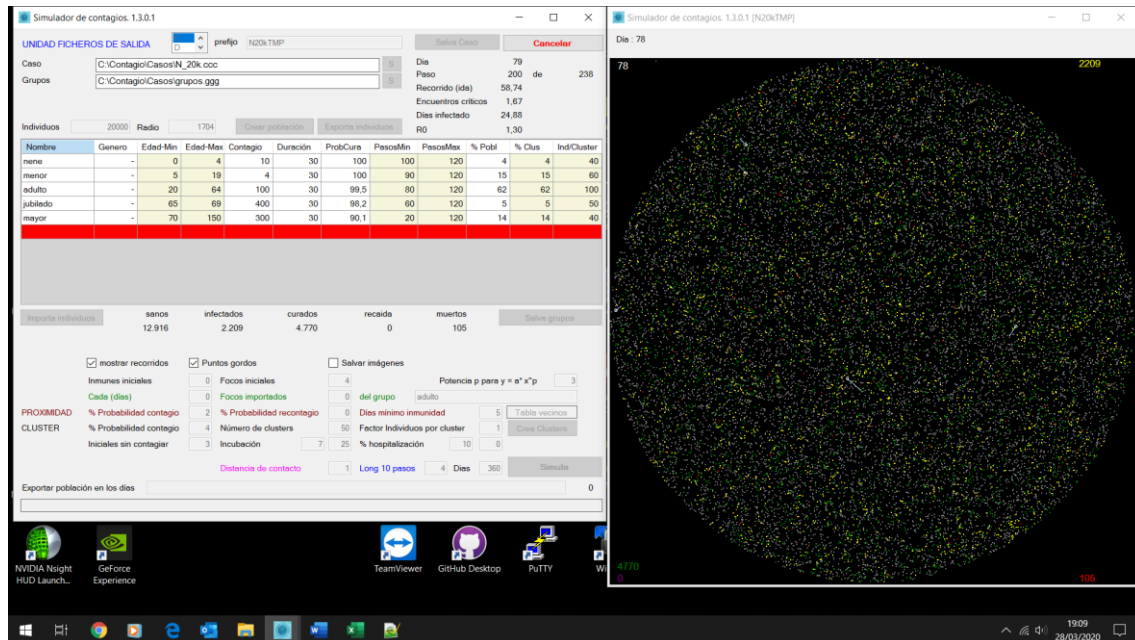


Figura 1. Modelo “Contagio” para Windows

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

29 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 y el efecto de las restricciones.

Modelo.

El modelo va a simular un conjunto de individuos (población) 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 “grupos” definidos de ante mano. Cada “grupo” tiene las características que pueden verse en la tabla 1 y cuyo significado veremos a continuación.

Grupo	Edad		% Factor	Días	%	Núm. Pasos		%	Individuos
	Min	Max	Contagio	Duración	Curación	Min	Max	Población	
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 los grupos de la tabla 1, aunque variando algunos valores.

Así mismo, el modelo necesita unos valores para los parámetros que se ven en la figura 2 y que da una idea precisa de los aspectos que considera el modelo:

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"/>
			<input type="text" value="25"/>		<input type="text" value="0"/>
		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 cuando se cree 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 p para ...) Sirve para modelar la probabilidad de duración de la infección, es decir, el tiempo desde que un individuo se infecta hasta que se cura o muere. El modelo puede utilizar una probabilidad distinta para cada grupo de población, pero dentro del grupo es la misma para curar que para morir, 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 puede ser distinta para los distintos grupos 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 en todas las simulaciones de este documento ha sido igual a 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 una duración máxima de la infección de 30 días, que es valor utilizado en las simulaciones de este documento si no se dice lo contrario, la misma para todos los grupos.

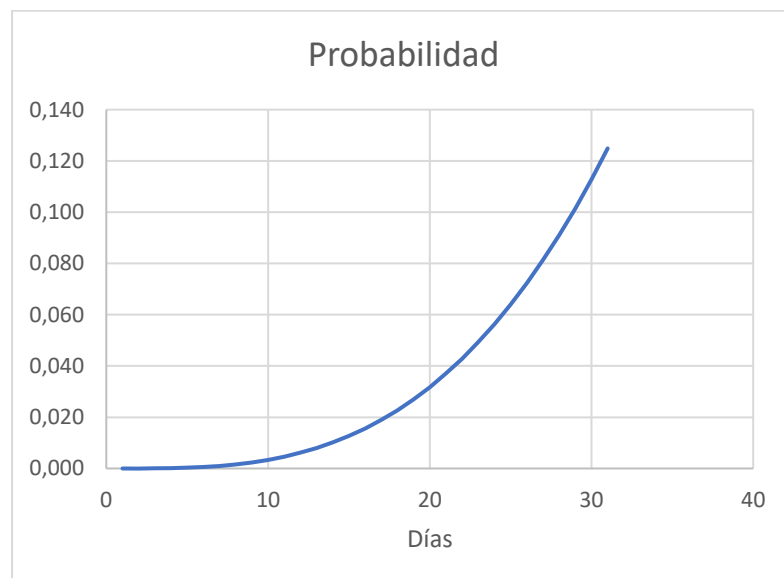


Figura 3. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de la infección de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

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. Es un parámetro que se debe ajustar para que el R_0 (el número básico de reproducción) que resulte de la simulación sea el que se observa en la realidad. Es un valor único pero se adapta para cada grupo de población, mediante el factor de contagio que aparece en la tabla1, y de esa forma obtener la probabilidad de que un individuo se contagia al encontrarse cerca de otro infectado.
6. Re-contagios. 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 (agrupaciones de individuos) para simular los contagios en lugares de reunión/concentración, como se explica más adelante. Se puede especificar el número de clusters y la probabilidad de contagio básica en los mismos, que luego se adapta a cada grupo como en el caso de la probabilidad básica de contagio de proximidad.
8. Días iniciales sin contagiar. Es el número de días que un individuo recién infectado pasa sin posibilidad de contagiar a otros.
9. Incubación. 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, ya se le considera un enfermo y el resto de los individuos toma precauciones para no contagiarse, lo que disminuye la capacidad de contagio del enfermo. La disminución se especifica mediante el porcentaje en que se queda la capacidad normal de contagio (en las simulaciones de este documento se ha utilizado un 25%, la capacidad de contagio se reduce a la cuarta parte). Así mismo hay que definir qué porcentaje de los enfermos se hospitaliza (hemos usado el 10%) y cuál en cuanto queda, en caso de hospitalización, la capacidad de contagio (hemos usado un 0%, no contagia en absoluto).
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 cluster individuos provenientes

de ubicaciones diversas, los contagiados extenderán la enfermedad a puntos lejanos.

11. El número de individuos de la población a simular sirve para crear 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.

La simulación se realiza de la siguiente forma:

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. También se puede importar una población que resultante de otra simulación.

Se crea el número de clusters especificado para cada grupo de población y se asocia a cada uno de ellos los individuos que le corresponden. 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). Cuando se importa una población cada individuo tiene sus propias características, las mismas que tenía cuando se exportó la población.

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 entre los individuos asignados a él. 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 **R0** 2,4 entonces la probabilidad de contagio **p** es del 8%.

Terminado el día, se aplican a los infectados las probabilidades de que finalice la enfermedad con resultado de curación o muerte. Primero se sortea el fin de la infección y si esto ocurre se sortea a continuación si ha sido por 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 re contagiar, 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).

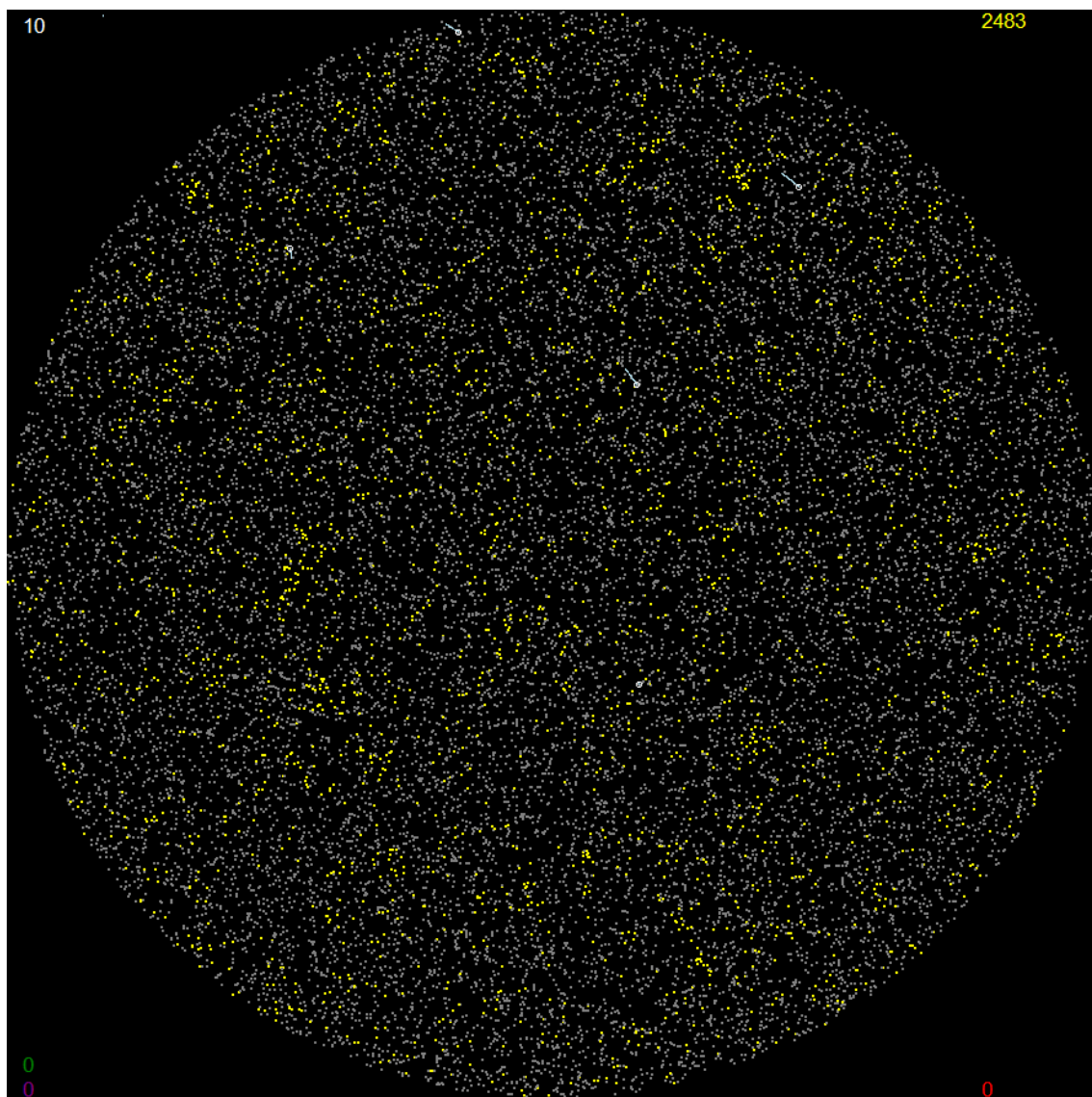


Figura 4. Grafica después de 10 días de simulación.

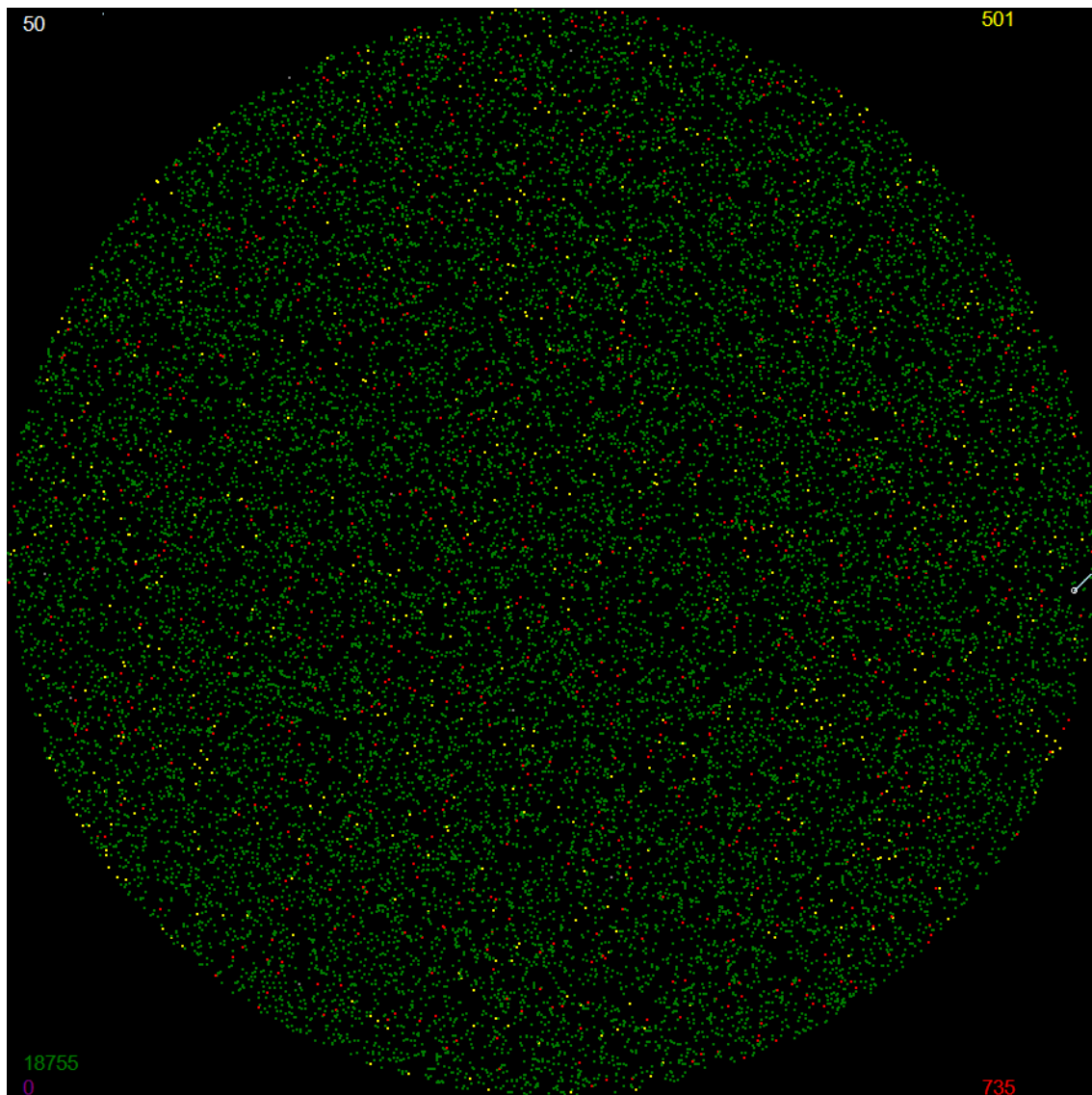


Figura 5. Grafica después de 50 días de simulación.

Resultado de las simulaciones.

En las simulaciones no se contempla que la mortalidad de la epidemia se vea afectada por la saturación del sistema de salud, las muertes son estrictamente las teóricas que se derivan de los valores utilizados para las probabilidades de contagio y muerte y del mecanismo de contagio del modelo.

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 la variación con el tiempo que resulta para R_0 durante la simulación (figura 6), debido a que cuantos menos individuos sanos van quedando menos son los contagios que pueden producir los individuos infectados. El valor medio de R_0 se obtiene con los individuos que han terminado la enfermedad (curación o muerte). Al principio es cero, hasta que se produce un fin de enfermedad, luego se sitúa en torno a 2 para ir disminuyendo poco a poco. La medida de “ R_0 ” varia aunque la capacidad de contagio es siempre la misma.

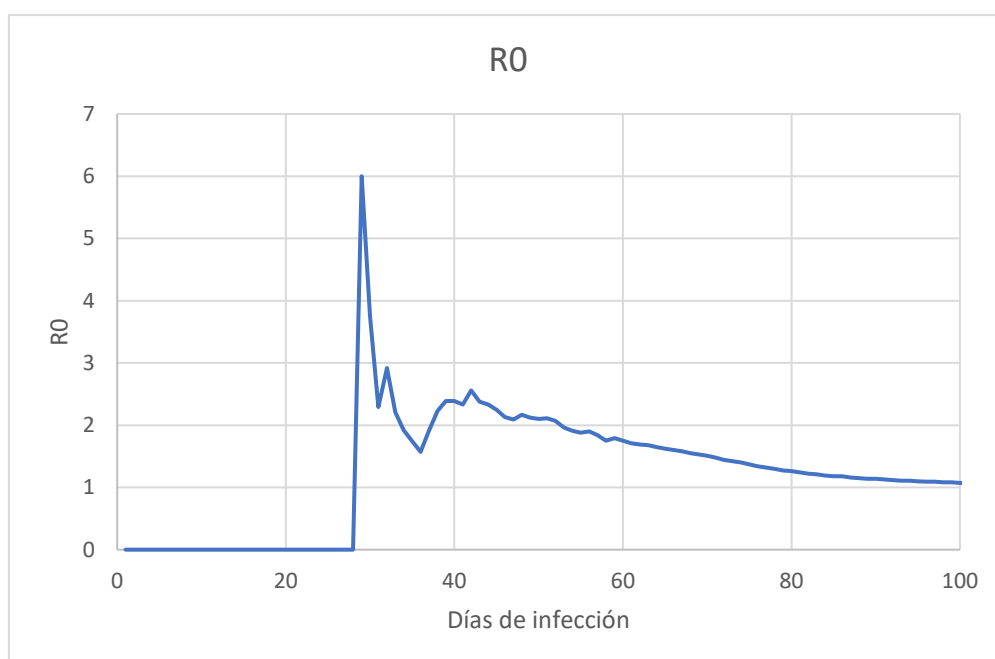


Figura 6. Evolución del R_0 que se desprende de la simulación con el paso del tiempo.

A continuación se muestran los resultados las simulaciones, para una población de 20.000 individuos, en tres escenarios, para todos ellos, la facilidad de contagio y probabilidad de muerte de los individuos, según el grupo al que pertenece, se ha obtenido del informe 17 del Centro Nacional de epidemiología de 27 de marzo (tabla 2). La facilidad de contagio surge de comparar el porcentaje de casos en cada rango de edades con el porcentaje de la población, según el INE, para esa misma franja de edad. Si hay más casos de los que cabría esperar según el INE, será porque se contagian más fácilmente.

Grupo	Edad	Afectados	Muertos	% Muerte	% Curación
nene	0 a 9	95	0	0,00%	100,00%
menor	10 a 19	135	0	0,00%	100,00%
adulto	20 a 59	14.210	53	0,37%	99,63%
jubilado	60 a 69	4.546	84	1,85%	98,15%
mayor	Mas de 70	9.178	907	9,88%	90,12%

28.164 1.044 **3,71%** 96,29%

Grupo	% Población		Pob. INE	Contagio/INE	Contagio Base
	Infectada	% INE			adulto
nene	0,34%	4%	1.127	0,0843	10%
menor	0,48%	15%	4.225	0,0320	4%
adulto	50,45%	62%	17.462	0,8138	100%
jubilado	16,14%	5%	1.408	3,2282	397%
mayor	32,59%	14%	3.943	2,3277	286%
	100,00%	100,00%	28.164		

Tabla 1. Probabilidad de curación y contagio para los distintos grupos de población.

Los tres escenarios simulados son:

- **BASE**. Simulación con los valores de los parámetros que se han ido mencionando (sin re-contagio, con 50 clusters, con la capacidad de contagio de los enfermos declarados reducida al 25% de la capacidad base y de los hospitalizados al 0%). No hay 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 y hospitalizados. Las restricciones se establecen cuando ya han transcurrido 30, 40 o 50 días desde la primera infección (que son menos días desde que se conoció, por el retraso en aparecer los síntomas). La simulación de los días previos a las restricciones es la misma del escenario BASE
- **FIN DE RESTRICCIONES**. Simulaciones eliminado las restricciones de movilidad a los 15, 30 o 50 días de haberlas impuestas. La supresión de las restricciones se hace sobre 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 sobre infecciones son instantáneos, son los que se producen en ese día aunque en la realidad nunca se sabrá cuando fue y lo que se contabiliza es cuando da la cara, unos días después. Sin embargo en el caso de curaciones y muertes, simulación y realidad coinciden en el tiempo. Esto hay que tenerlo presente cuando se hagan comparaciones.

BASE.

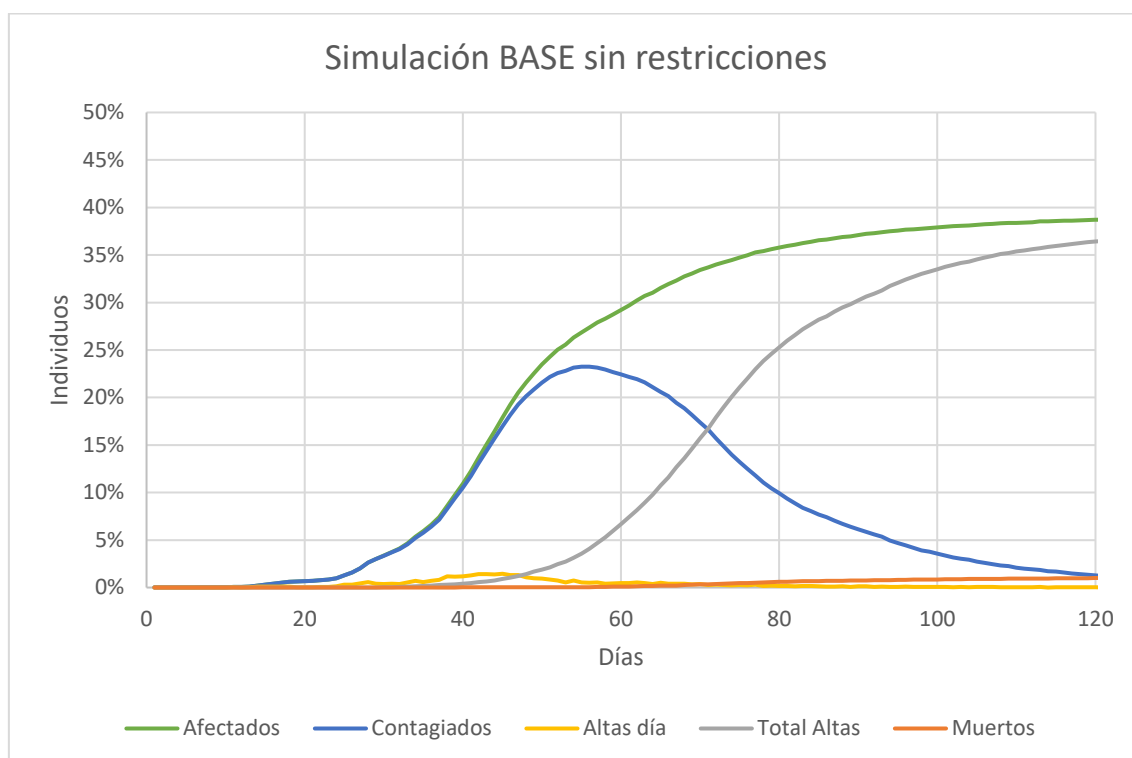


Figura 6. Resultados de la simulación BASE sin restricciones.

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 totalmente imposible atenderlos.

Las cifras de afectados (casos) publicadas oficialmente en China, incluso en España o Italia son muy inferiores a lo que predice la simulación. Puede ser que una parte de la población sea asintomática, inmune, o que se ve afectada tan poco que no recurre al sistema de salud.

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, si 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. Algunas fuentes consideran que lo que no se contabiliza con los mismos criterios son las muertes, incluso que los criterios son distintos para ambas cosas según el país, o región.

Cuando se tenga más información real se podrá comparar con la simulación para estimar el porcentaje de individuos no contabilizados.

Por ejemplo y sólo a efectos de mostrar ordenes de magnitud, si no se hubiesen aplicado restricciones y el número de afectados al final de la epidemia llega en España a los

160.000 casos, significaría que el 99% de la población no ha requerido del sistema de salud a pesar de haber estado infectada.

$$40 \text{ millones} \times 40\% \times 1\% = 160.000$$

A día 29 de marzo los afectados suman 78.797, aproximadamente el 0,2% de la población.

RESTRICCIONES.

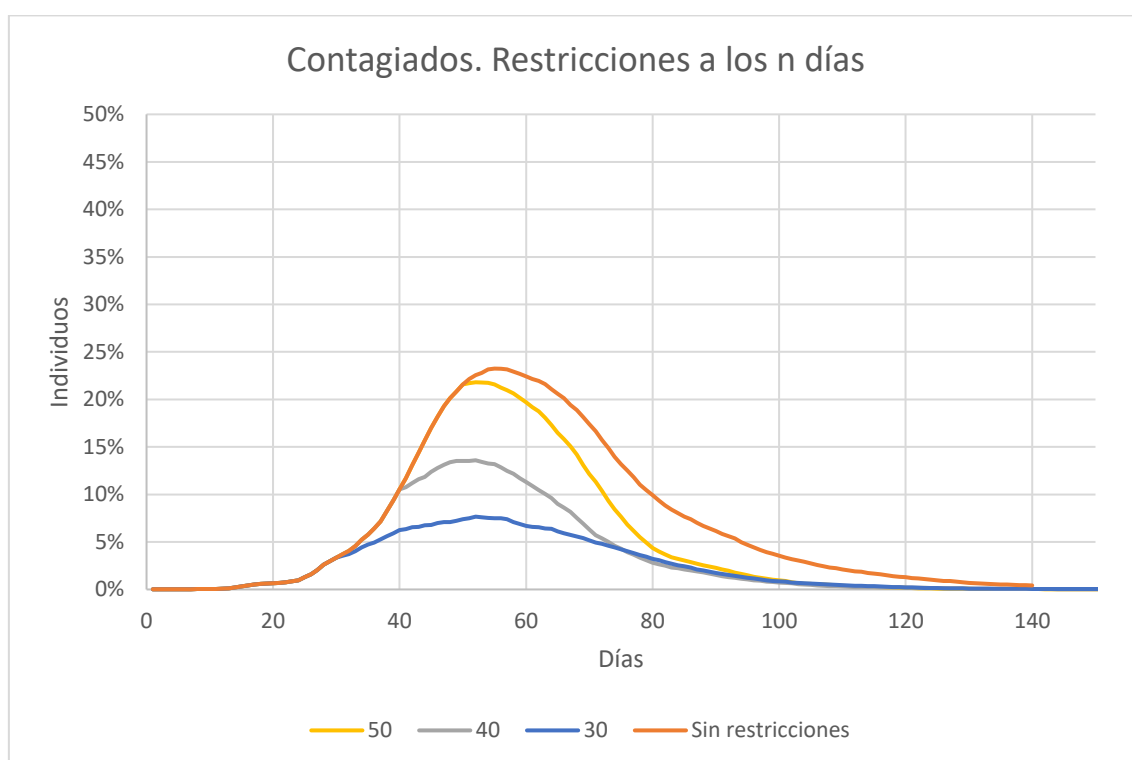


Figura 7. Resultados de la simulación CONTENIDA con restricciones impuestas a los 30, 40 o 50 días del inicio de la epidemia.

El pico de contagiados, con las restricciones, se reduce significativamente y se produce antes porque la curva empieza a descender antes. Obviamente, cuanto más cerca se imponen las restricciones de movilidad del momento en el que estaría el pico sin restricciones, menor es el efecto de estas.

Si las medidas se imponen a los 30 días del inicio de la infección (que son menos días si contamos desde el primer caso detectado, por el periodo de incubación) el pico de contagiados se reduce a la cuarta parte (8%, en lugar de 23%). Si tal como hicimos antes suponemos que el 99% de los infectados no acude al sistema de salud el número de contagiados simultáneamente sería de 92.000 individuos sin imponer medidas y de 32.000 con restricciones.

$$40 \text{ millones} \times 23\% \times 1\% = 92.000 \text{ contagiados}$$

$$40 \text{ millones} \times 8\% \times 1\% = 32.000 \text{ contagiados}$$

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%).

$$40 \text{ millones} \times 13\% \times 1\% = 52.000 = 52.000 \text{ contagiados}$$

Como a 29 de marzo los contagiados son 57.560

$$57.560 = 78.797 \text{ casos} - 14.709 \text{ curados} - 6.528 \text{ muertes}$$

Salvo que estemos en el pico, alguna o todas las suposiciones son falsas:

- Las medidas se han impuesto 40 días después de iniciada la epidemia (se ha hecho más tarde)
- Sólo el 1% de la población acude al sistema de salud (más del 1% de la población acude al sistema de salud)
- Las medidas impuestas tienen una eficacia similar a las simuladas (las restricciones en la realidad son menos efectivas que las del modelo).

Aún no estamos en condiciones de saber que falla.

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.

De momento no se aprecia reducción en España, luego las siguientes suposiciones son falsas (una, otra, o ambas):

- Las medidas se han impuesto antes de 50 días del inicio real de la epidemia (recordar que se sabe cuándo se detectó al primer enfermo, no cuando la epidemia se había puesto en marcha)
- Las medidas no están siendo efectivas.

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 contagios será menor cuanto más avanzada este la epidemia porque habrá individuos enfermos hace más días).

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 al día de 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).

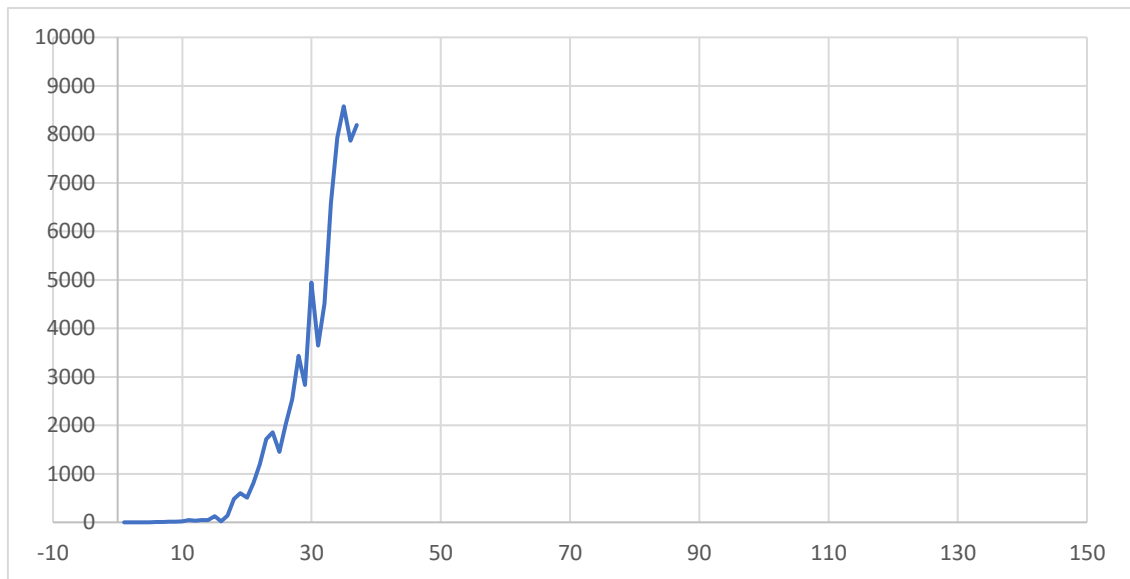


Figura 9. Datos publicados sobre la evolución de la epidemia en España desde el 31 de diciembre de 2019 ($x=0$) hasta el 27 de marzo de 2020 ($x=37$)

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.

FIN DE RESTRICCIONES

La cuestión más relevante después de imponer restricciones es en qué momento hay que eliminarlas. Si se 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, pero si no son muchos los individuos contagiados y curados (inmunizados) no será mucho menor. Por el contrario, mantenerlas innecesariamente supone un coste de todo tipo que se podría evitar.

Vamos a analizar con el modelo el efecto teórico 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 de esos parámetros clave.

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.

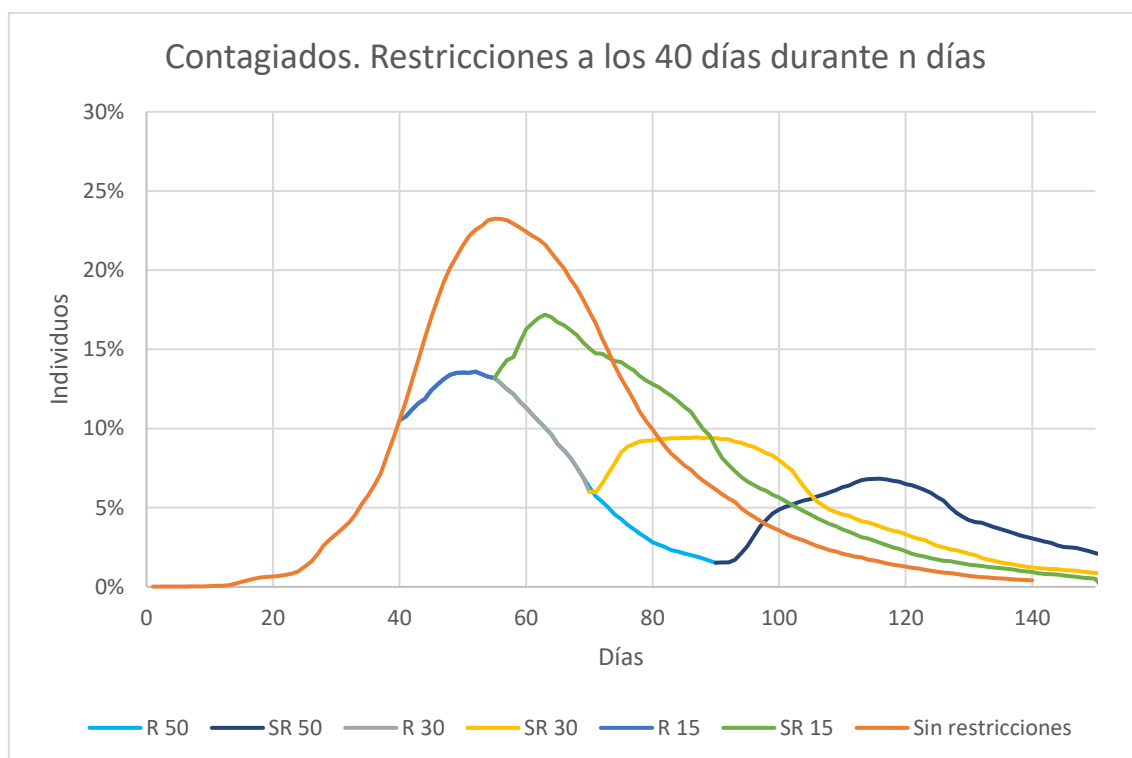


Figura 10. Evolución del número de contagiados en cada momento, aplicando restricciones a los 40 días y eliminándolas a los 15 (SR 15), 30 (SR 30) o 50 (SR 50) días.

En el momento en que eliminan 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 las restricciones no permiten nuevos contagios, o son pocos, el total de contagiados se hará cero o muy pequeño.

Si los objetivos en mantener el número de individuos 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, retirándolas sin esperar demasiado. Cuanto más éxito tenga el aislamiento peor será la recaída.