

Modelo de Simulación

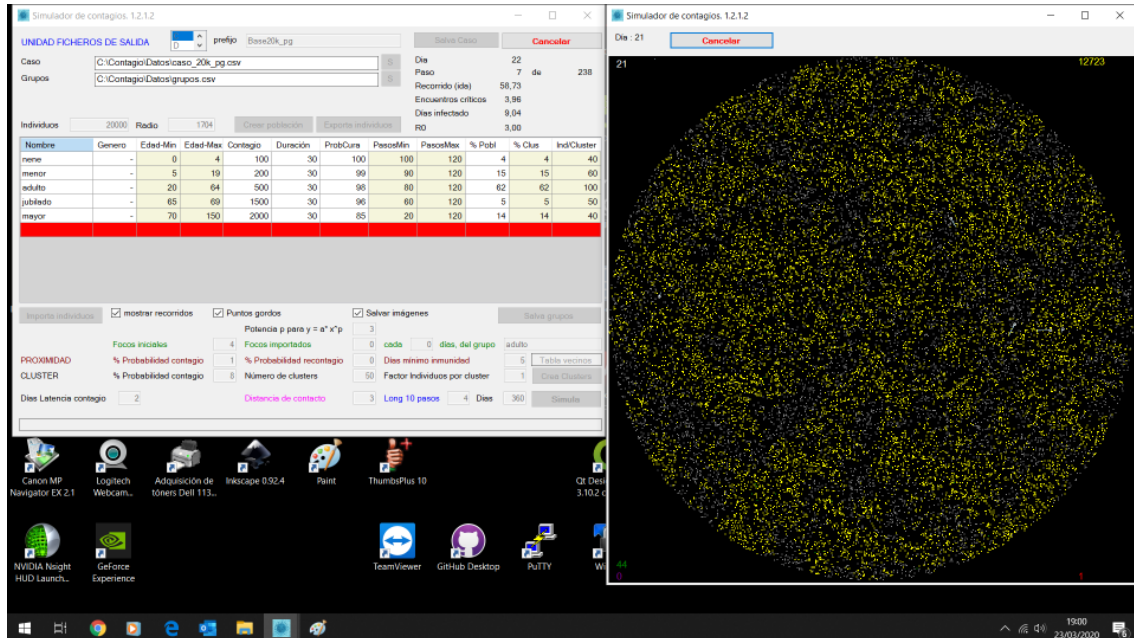


Figura 1. Modelo Contagio para Windows

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

La primera actualización debería ser considerar que el período de incubación es de 5 días en lugar de los 11 ahora utilizados, lo que a efectos del modelo consiste en cambiar la duración de la enfermedad de 30 a 25 días.

En breve pondré para descarga unos videos con la evolución de las simulaciones.

23 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 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 relevante 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 Contag	Días Enfermo	%	N.Pasos		(INE)		
	Min	Max				Min	Max	%	%	Individ clusters
nene	0	4	100	30	100	100	120	4	4	40
menor	5	19	200	30	99	90	120	15	15	60
adulto	20	64	500	30	98	80	120	62	62	100
jubilado	65	69	1500	30	96	60	120	5	5	50
mayor	70	150	2000	30	85	20	120	14	14	40

Tabla 1. Grupos de población.

Así mismo existen los siguientes parámetros:

1. Probabilidad básica de contagio. Se fija para cada escenario de simulación (en el escenario de referencia se ha utilizado el valor 1%). Se debe ajustar para que el R0 que resulte de la simulación sea el que se observa en la realidad.
2. Probabilidad 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 1,5. La constante **C** queda determinada en cuanto se fija, para cada grupo, la duración máxima de la infección, en la figura 2 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.

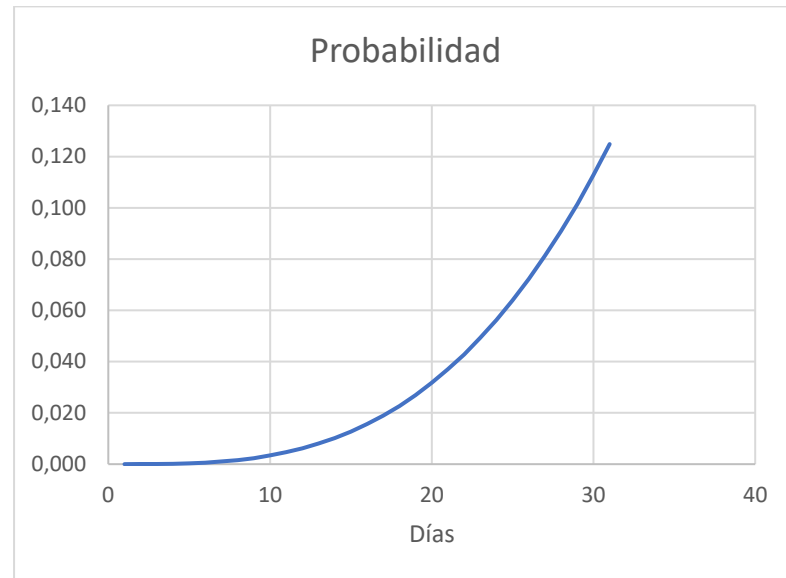


Figura 2. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

3. El rango de edades y el género de cada grupo es descriptivo y no interviene en los cálculos, pero determina los valores de las otras columnas, por ejemplo el “% de individuos” es el registrado por el INE para la población española en el rango de edad y género correspondiente.
4. 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.

5. 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.
6. La superficie en la que se asienta la población, que será una circunferencia con el radio correspondiente.
7. La distancia entre individuos, dentro de la cual es posible un contagio a la que nos referiremos como **DC**.
8. La longitud de los pasos que los individuos dan en sus trayectos diarios.
9. Latencia en los contagios. Se puede establecer cuantos días han de pasar para que un individuo recién infectado sea capaz de contagiar a otros.
10. Número de individuos inicialmente infectados (Focos).
11. 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.
12. Recontagios. Se puede establecer una probabilidad de que un individuo que ha pasado la enfermedad deje de ser inmune a partir de un determinado número de días.

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: $p = 1 / N * R0$

Siendo **N** es el número máximo de días contagiado que hemos hecho igual a 30 y **R0** con un valor de 2,4, lo que conduce a $p = 8\%$

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 3 y 4 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).

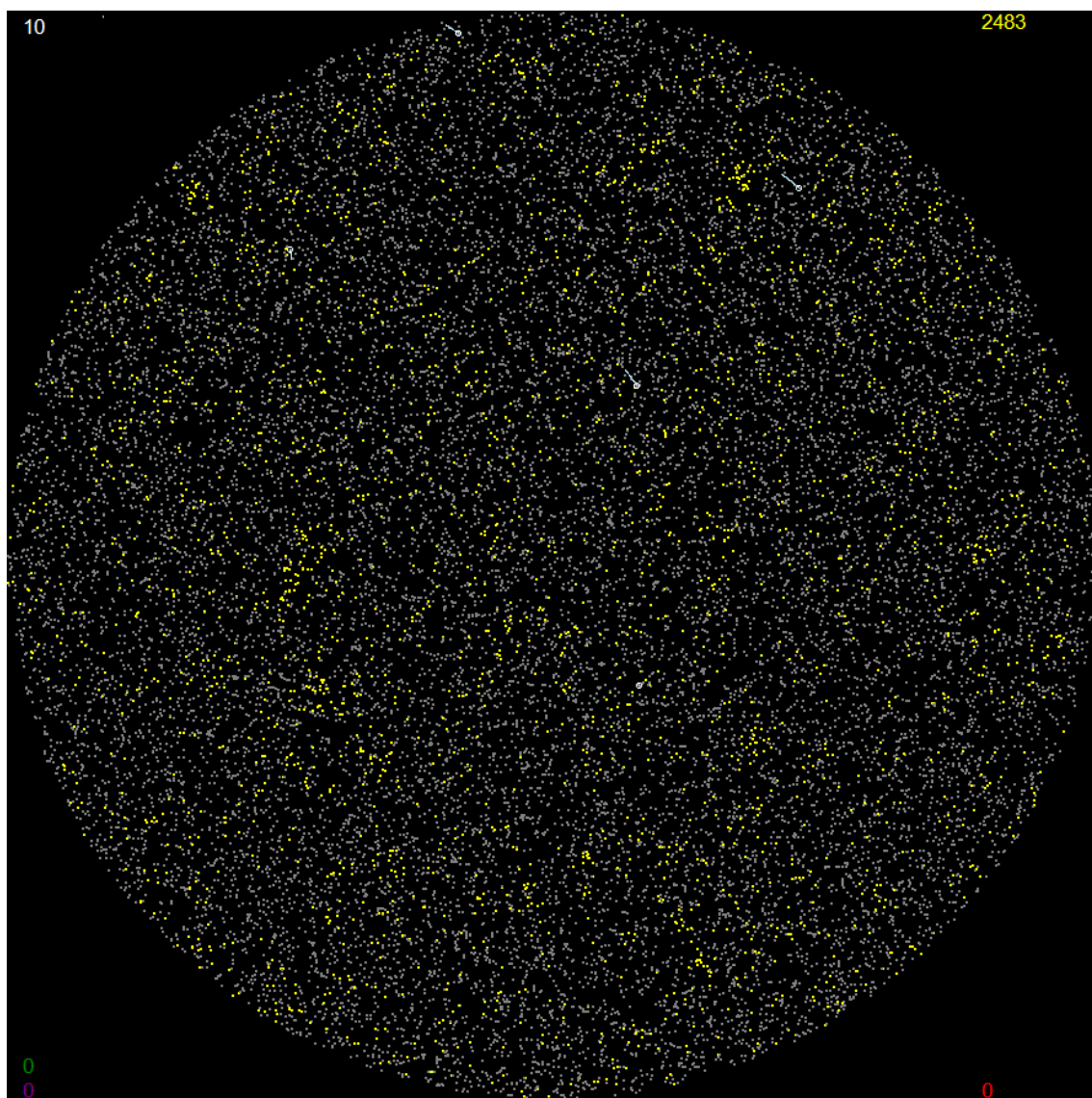


Figura 3. Grafica después de 10 días de simulación.

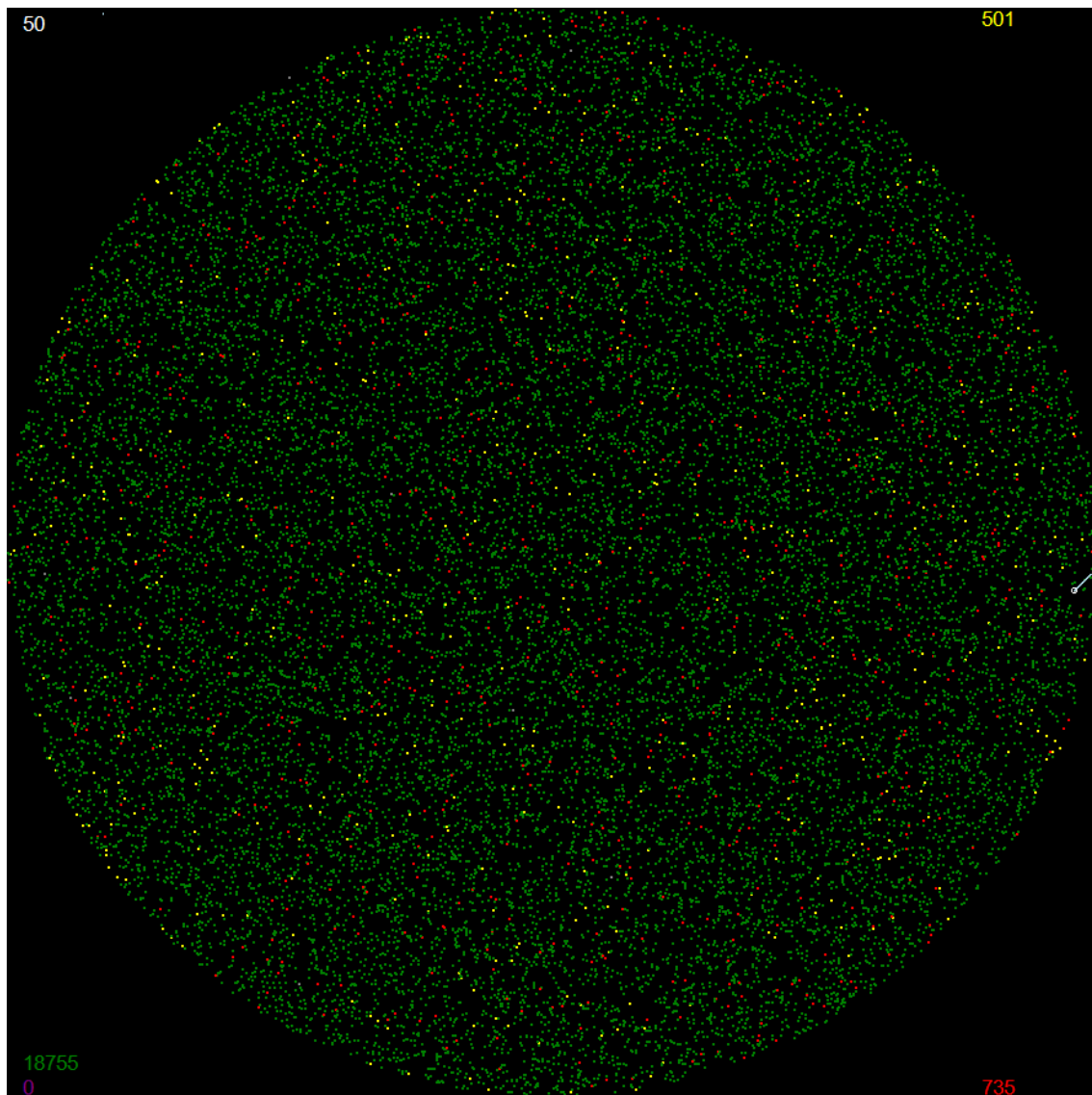


Figura 4. Grafica después de 50 días de simulación.

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.

En este documento se muestran los resultados de cuatro simulaciones:

- BASE. Simulación con los valores de los parámetros que se han ido mencionando, sin recontagio con 50 clusters y sin ninguna restricción de movilidad.
- CONTENIDA. Simulación con los mismos parámetros que la simulación BASE pero reduciendo la movilidad de cercanías al 50% (mitad de pasos) y el número de clusters a 10. La simulación es desde el primer día como la BASE.
- CONTENIDA AL PRIMER SINTOMA. Igual que la anterior, pero partiendo de la población en el estado que tenía el día 10 de la simulación BASE. Las estadísticas disponibles dicen que se tarda 11 días en tener síntomas, por lo tanto esta simulación correspondería al caso de tomar medidas cuando se detecta al primer afectado.
- FIN DE RESTRICCIONES. Tres simulaciones levantando las restricciones de movilidad de la simulación CONTENIDA a los 30, 50 y 60 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 ciertos retrasos y otras operaciones que escapan al alcance de este documento.

La figura 5 compara los resultados de las tres primeras simulaciones.

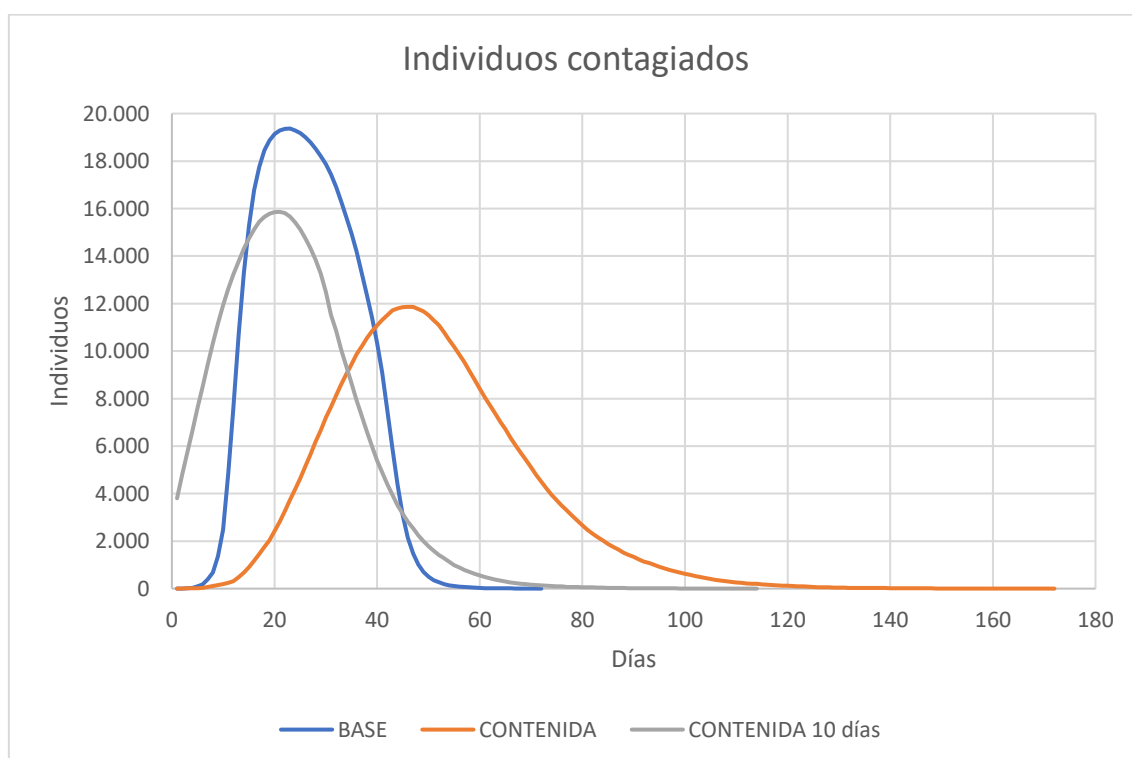


Figura 5. Resultados de las simulaciones.

BASE (figura 6).

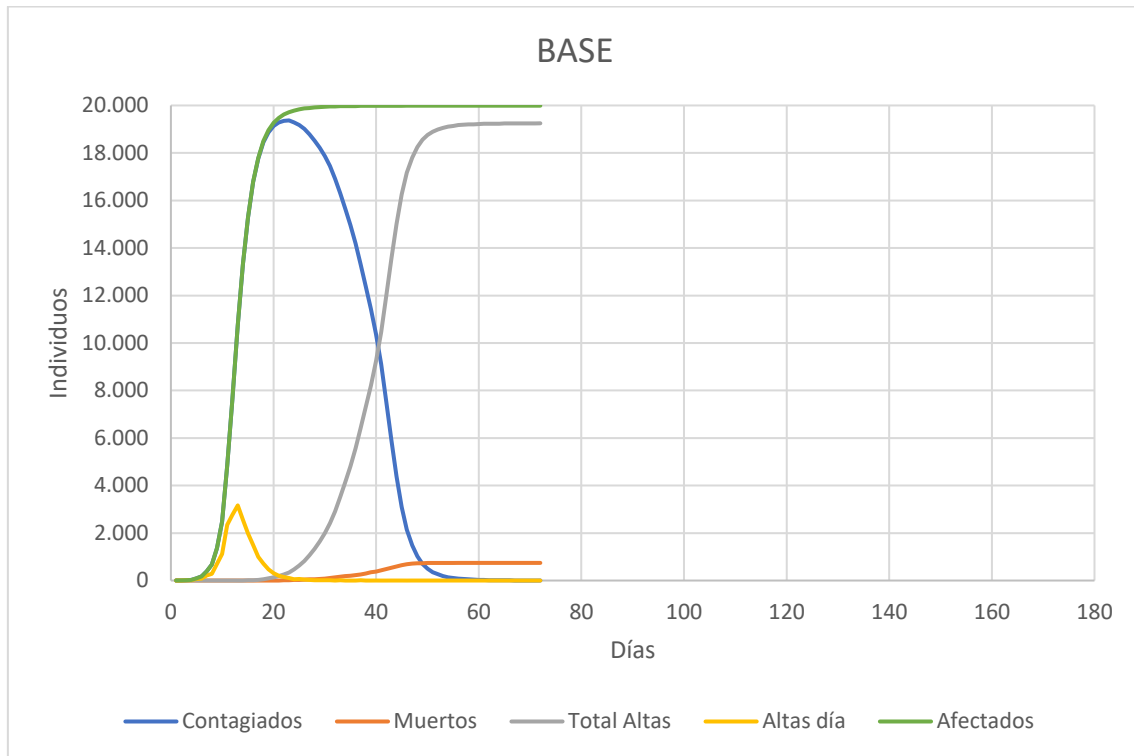


Figura 6. Resultados de la simulación BASE

Prácticamente el 100% de la población queda infectada simultáneamente a los 20 días, como consecuencia de que la enfermedad dura 30 días y su ritmo de contagio es tan alto que afecta a toda la población en un plazo inferior.

CONTENIDA (figura 7).

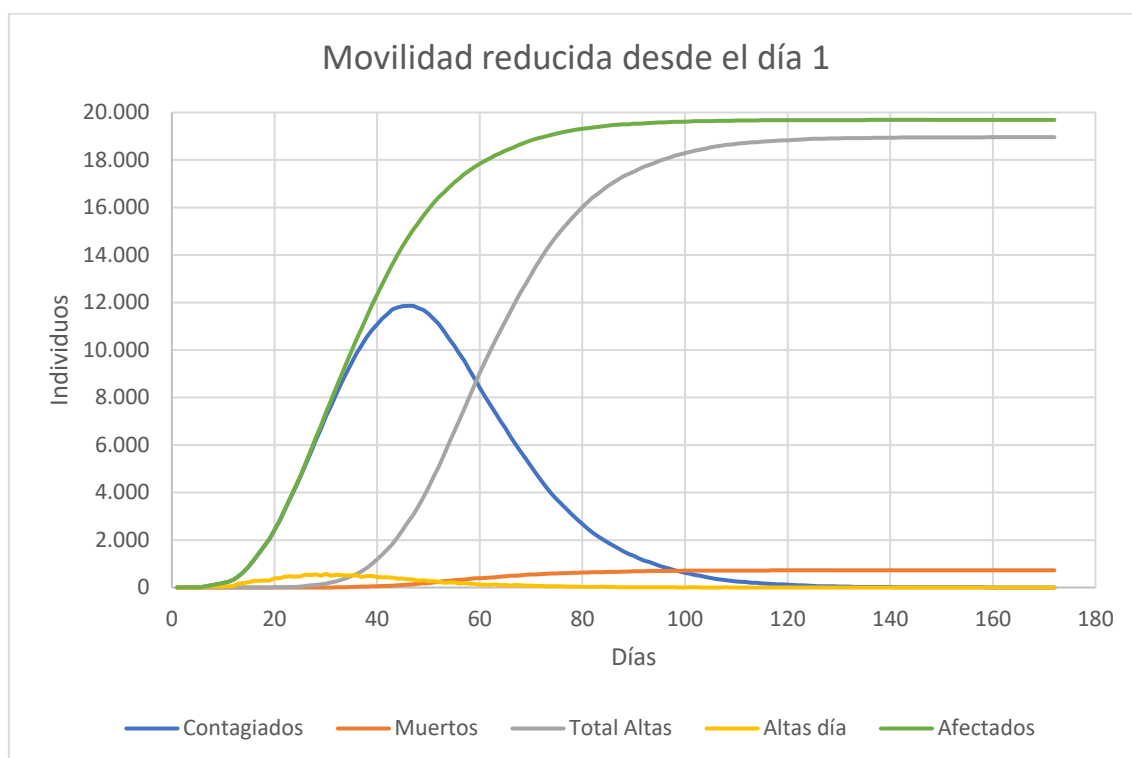


Figura 7. Resultados de la simulación CONTENIDA

El pico de contagiados se reduce significativamente y se produce más tarde, el doble, de 25 a 50 días. El efecto es muy importante pero la velocidad de propagación es tan grande que a medio plazo toda la población se ve afectada, lo cual es una ventaja si no se llega a tener una vacuna eficaz. Si se levantan las medidas en un determinado momento sin que toda la población esté inmunizada, dado que siempre quedará un rescaldo de infectados locales o importados, la epidemia se relanza con unos efectos que dependen obviamente del porcentaje de población no inmunizada. Esto se ve en la simulación del FIN DE RESTRICCIONES.

El número de muertos es el mismo en esta simulación que la anterior porque en ambas la población afectada es la misma (toda), pero no día a día. En la simulación BASE todos los muertos (750) se producen antes de 50 días, mientras que en la contenida para esa fecha sólo ha muerto la cuarta parte (200).

CONTENIDA AL PRIMER SINTOMA (figura 8).



Figura 8. Resultados de la simulación CONTENIDA AL PRIMER SINTOMA

La eficacia de las medidas se reduce a la mitad, las medidas no pueden arreglar las infecciones ya producidas aunque no se hayan detectado y que en sólo 10 días ya afectan al 20% de la población (4.000). Esta cifra tan alta, de partida, hace difícil contener la propagación si no se aplican restricciones drásticas, mucho más que las de esta simulación.

FIN DE RESTRICCIONES (figuras 9, 10,11 y 12)



Figura 9. Comparación levantando las restricciones a los 30, 50 y 60 días.



Figura 10. Resultados de la simulación FIN DE RESTRICCIONES después de 30 días.



Figura 11. Resultados de la simulación FIN DE RESTRICCIONES después de 50 días.

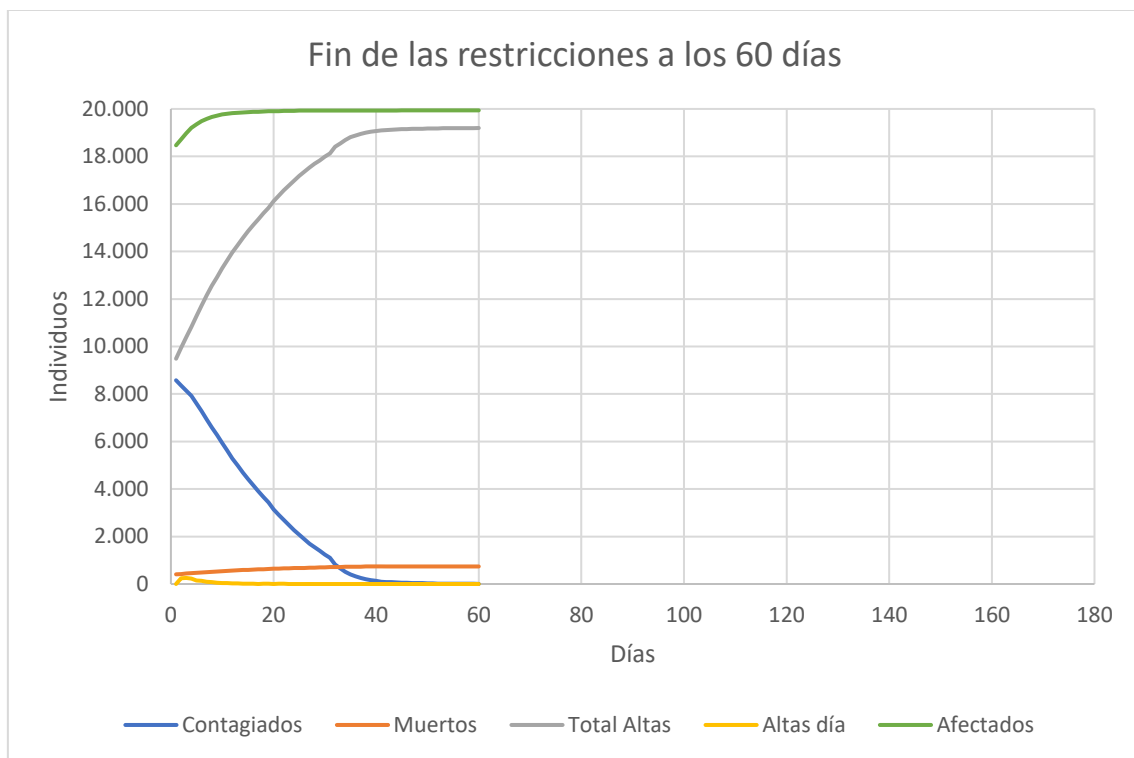


Figura 12. Resultados de la simulación FIN DE RESTRICCIONES después de 60 días.

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 y en este punto es importante darse cuenta de que no hay que esperar hasta que no haya contagiados, según nos muestra la figura 9. En el día 50 se da el máximo de la población infectada y esa cifra sólo repunta el primer día y de forma moderada aunque se eliminen las restricciones. La epidemia se prolongará por más tiempo pero sin exigir prácticamente más capacidad sanitaria de la exigida hasta el momento de liberar las restricciones.

De momento el confinamiento está en 15 días y es segura la prórroga hasta los 30 días pero si el modelo indica algo, lo normal será que se alargue hasta los 50.

En todas las simulaciones ha resultado que el 100% de la población se ve afectada, en la realidad esto nunca ocurrirá porque se pueden dejar de contabilizar casos y lo contrario es más difícil, pero sobre todo porque hay un porcentaje importante (de momento desconocido) de la población asintomática o que pasa la enfermedad sin recurrir al sistema sanitario.

Si se fuerzan las restricciones hasta cesar los contagios, habrá una parte de la población que no estará inmunizada y si es una parte importante dará lugar a un nuevo brote. Cuanto más éxito tenga el aislamiento peor será la recaída.