

# **Simulación del covid-19 en España**

Autor: Alberto Bañón Serrano

Doctor en Ciencias Químicas por la Universidad Complutense de Madrid. Investigador independiente.

## **Resumen**

En este trabajo se describe el modelo de simulación por el Método de Monte Carlo que se ha desarrollado para analizar la pandemia del covid-19 en España. En primer lugar se aplica el modelo para caracterizar la epidemia en sus aspectos básicos de evolución, para después “calibrar” el modelo y aplicarlo para predecir la evolución a corto plazo en España, así como el efecto de las restricciones de movilidad y la supresión de estas.

## **Palabras clave:**

Covid-19 pandemia restricciones movilidad.

## 1. Introducción.

El objeto 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. A pesar de las dificultades para obtener datos como el tiempo de incubación, la duración de la enfermedad o la predisposición al contagio de los grupos de edad, entre otros parámetros básicos, se ha simulado la evolución de la epidemia en varios escenarios.

Una vez obtenida, mediante el modelo, la “forma” de las curvas que caracterizan la evolución de la epidemia, las hemos superpuesto sobre los datos conocidos para predecir la evolución de los datos oficiales publicados por la administración sanitaria.

Para describir los sucesivos estados por los que puede pasar un individuo usamos la siguiente terminología:

- Sano: No tiene ni ha tenido la enfermedad.
- Infectado: Tiene la enfermedad, con o sin síntomas.
- Enfermo: Tiene la enfermedad y los síntomas.
- Curado: Ha pasado la enfermedad.
- Muerto. Ha muerto por la enfermedad.

Día a día se registra el número de individuos en cada estado y se agrupan en los siguientes colectivos:

- Afectados o Casos. Todos los individuos que tienen o han tenido la enfermedad hasta ese día.
- Infectados. El número de individuos que están infectados en cada día.
- Enfermos. El número de individuos con síntomas en ese día.
- Curados. El total de individuos, que a una fecha dada, han pasado la enfermedad y se han curado.
- Muertos. El total de individuos, que a una fecha dada, han muerto por la enfermedad.

El número de Infectados son todos los individuos infectados hasta esa fecha (Afectados), menos los que se han curado o muerto, hasta esa misma fecha. Lo cual no se cumple para los enfermos porque una parte de los afectados estarán en el periodo de incubación, y algunos puede que nunca lleguen a presentar síntomas.

## 2. 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 antemano. Cada “grupo” tiene las características que pueden verse en la tabla 1 y cuyo significado veremos a continuación.

Grupo	Edad		%	% Factor	Duración hasta		%
	Min	Max	Gravedad	Contagio	Curación	Muerte	Curación
nene	0	4	10	10	30	30	99,55
menor	5	19	4	4	30	30	100,00
adulto	20	64	35	100	30	30	99,22
jubilado	65	69	100	800	30	30	95,38
mayor	70	150	100	800	30	30	81,86

Grupo	Núm. Pasos		%	%	Individuos
	Min	Max	Individuos	clústeres	clúster
nene	80	120	4	4	40
menor	80	120	15	15	70
adulto	80	120	62	62	100
jubilado	80	120	5	5	70
mayor	10	20	14	14	20

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 los valores del número de pasos cuando se aplican restricciones de movilidad.

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:

Simulador de contagios [Paralelo] 2.4.0.9

UNIDAD FICHEROS DE SALIDA C D Carpeta  Cancelar

Caso  S Salva Caso

Individuos  S

Condiciones  S

Número Individuos   
Radio población   
Semilla población   
Semilla simulación   
Prob fin infección.  $p (y = a^* x^p)$

Días	Fichero grupos	Clusters
30	C:\Contagio\Casos\grupos.ggg	200
25	C:\Contagio\Casos\grupos_R1.ggg	100
15	C:\Contagio\Casos\grupos_R2.ggg	50
15	C:\Contagio\Casos\grupos_R1.ggg	100
0	C:\Contagio\Casos\grupos.ggg	200

+ - Salva Condiciones

Nombre	Tipo	Edad-Min	Edad-Max	Grave	Contagio	D.Cura	D.Mte	ProbCura	PasosMin	PasosMax	%Pobl	%Clus	Ind/Clus
nene	0	0	4	10	10	30	30	99,55	80	120	4	4	40
menor	1	5	19	4	4	30	30	100	80	120	15	15	70
adulto	2	20	64	35	100	30	30	99,22	80	120	62	62	100
jubilado	3	65	69	100	800	30	30	95,38	80	120	5	5	70
mayor	4	70	150	100	800	30	30	81,86	10	20	14	14	20

Inmunes iniciales  Focos iniciales  Salva grupos

Cada (días)  Focos importados  del grupo

PROXIMIDAD % Probabilidad contagio  INDIRECTO Si % densidad vecinos >  % Probabilidad de contagio

CLUSTER % Probabilidad contagio  % Probabilidad contagio enfermo cluster

% Probabilidad Re-contagio  Días de inmunidad

Días iniciales sin contagiar  Días de incubación  % Probabilidad enfermar  % Probabilidad contagio enfermo

% Hospitalización  % Probabilidad contagio hospitaliz

Número de hilos  Distancia de contacto  Long 10 pasos  Días a simular

Exportar población en los días  Simula

Hilo	Día	sanos	infectados	curados	recaída	mueertos	enfermos	hospital
Activos	0	0	0	0	0	0	0	0
Total	0	0	0	0	0	0	0	0
Graves	0	0	0	0	0	0	0	0

Figura 2. Parámetros de la simulación

1. 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.
2. La superficie en la que se asienta la población, que será una circunferencia con el radio correspondiente.
3. Semillas población y simulación para iniciar los generadores de números aleatorios. Sirven para realizar distintas simulaciones de un mismo escenario que luego se promedian para obtener los resultados de dicho escenario.
4. Prob fin de infección  $p$ . 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 y dentro del grupo una distinta para curar que para morir. 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, la misma para todos los grupos y la misma para curar o morir.

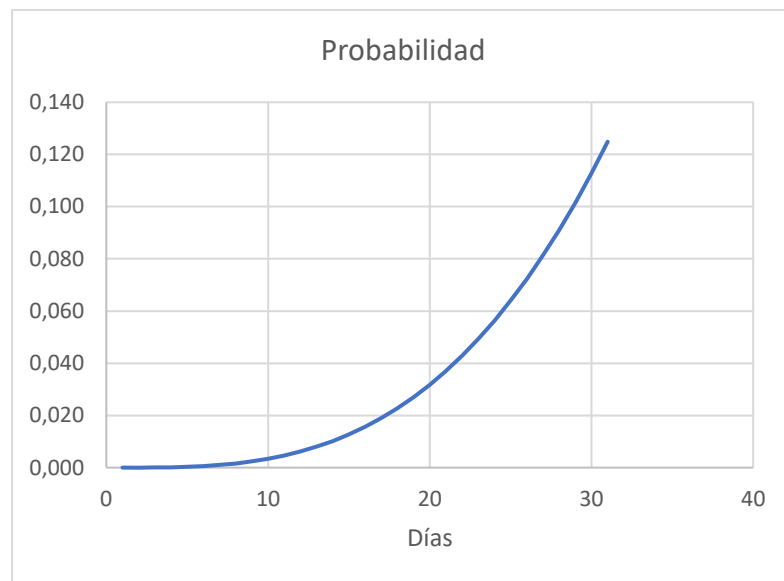


Figura 3. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de la infección de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

5. Gravedad. Para cada grupo se puede establecer la probabilidad de que los individuos, pertenecientes a ese grupo, enfermen gravemente o permanezcan asintomáticos. Pueden usarse valores superiores al 100% para conseguir que todos los individuos infectados, de un grupo enfermen, compensando la reducción de probabilidad de los contagios que el modelo aplica a los encuentros con individuos enfermos. Este parámetro es previo a la probabilidad de enfermar, sólo los infectados graves pueden enfermar.
6. Número de individuos que se marcarán como inmunes cuando se cree la población de individuos a simular.
7. El número de focos, o individuos contagiados que habrá en la población al iniciar la simulación.
8. 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.

9. 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 tabla 1) y de esa forma obtener la probabilidad de que un individuo se contagie al encontrarse cerca de otro infectado.
10. 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.
11. Clúster. El modelo utiliza clústeres (agrupaciones de individuos) para simular los contagios en lugares de reunión/concentración, como se explica más adelante. Se puede especificar el número de clústeres 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.
12. Días iniciales sin contagiar. Es el número de días que un individuo recién infectado pasa sin posibilidad de contagiar a otros.
13. 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 en cuanto queda, en caso de hospitalización, la capacidad de contagio (hemos usado un 0%, no contagia en absoluto).
14. Probabilidad de enfermar. No todos los individuos infectados terminan mostrando síntomas de la enfermedad, lo cual aumenta las posibilidades de contagio porque no se les aplicaría lo mencionado en el punto anterior y su capacidad de contagio se mantendría sin reducción hasta el final de la enfermedad. Hay que especificar cuál es la probabilidad de que el individuo sea asintomático. Al completarse el periodo de incubación el modelo aplica esta probabilidad para determinar si el individuo será tratado como enfermo o asintomático.
15. El modelo contempla tres 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 80 120 significa que los individuos de este grupo realizarán trayectos de entre 80 y 120 pasos.

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

Contagio indirecto. Es la probabilidad de contagiarse a través de medios materiales sin que medie un contacto entre individuos. Los individuos están expuestos a contagiarse si la densidad de contagiados (número de infectados/total individuos) en su vecindad supera un cierto valor que es un parámetro del modelo, como lo es la probabilidad de que esto ocurra al superarse esa densidad.

La diferencia más importante es que la primera (y la tercera) 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 clúster individuos provenientes de ubicaciones diversas, los contagiados extenderán la enfermedad a puntos lejanos.

16. La distancia entre individuos, dentro de la cual es posible un contagio a la que nos referiremos como **DC**.
17. 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 clústeres 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 clústeres a la vez.

Todos los individuos parten sanos, excepto los que se hayan establecido como focos (pacientes cero) que en este documento han sido 10, 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 clústeres. Dentro de cada clúster 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, el valor de esta probabilidad es independiente del valor de proximidad.

Finalmente, para cada individuo sano se sortea la probabilidad de un contagio indirecto teniendo en cuenta los valores establecidos para esta forma de contagio.

Cuando un individuo se infecta, en ese momento, se sortea la probabilidad de que la infección sea grave, conforme a la probabilidad establecida para el grupo al que pertenece. A la vez, se determina si finalmente se curará o morirá (sólo si ha resultado grave), conforme a la probabilidad correspondiente del grupo al que pertenece. Esto se hace aquí para aplicar posteriormente (día a día) la curva de probabilidad de terminar la infección (en función del número de días infectado) que puede ser distinta para curación que para muerte. Así mismo. Para los individuos infectados graves, en función del número de días infectados, se aplica la probabilidad de que enfermen y si es así de que además sean hospitalizados.

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 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 cantidades siguientes:

1. Valor de  $R_0$ . Número básico de reproducción
2. La distancia recorrida en promedio por todos los individuos sanos e infectados
3. El número medio de encuentros a distancia de contagio en los que un individuo está infectado y el otro no.
4. El número medio de días que pasan los individuos afectados antes de curar o morir.
5. El número de infectados (graves y no graves), curados y muertes para cada grupo de población.

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 30 y 90 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).

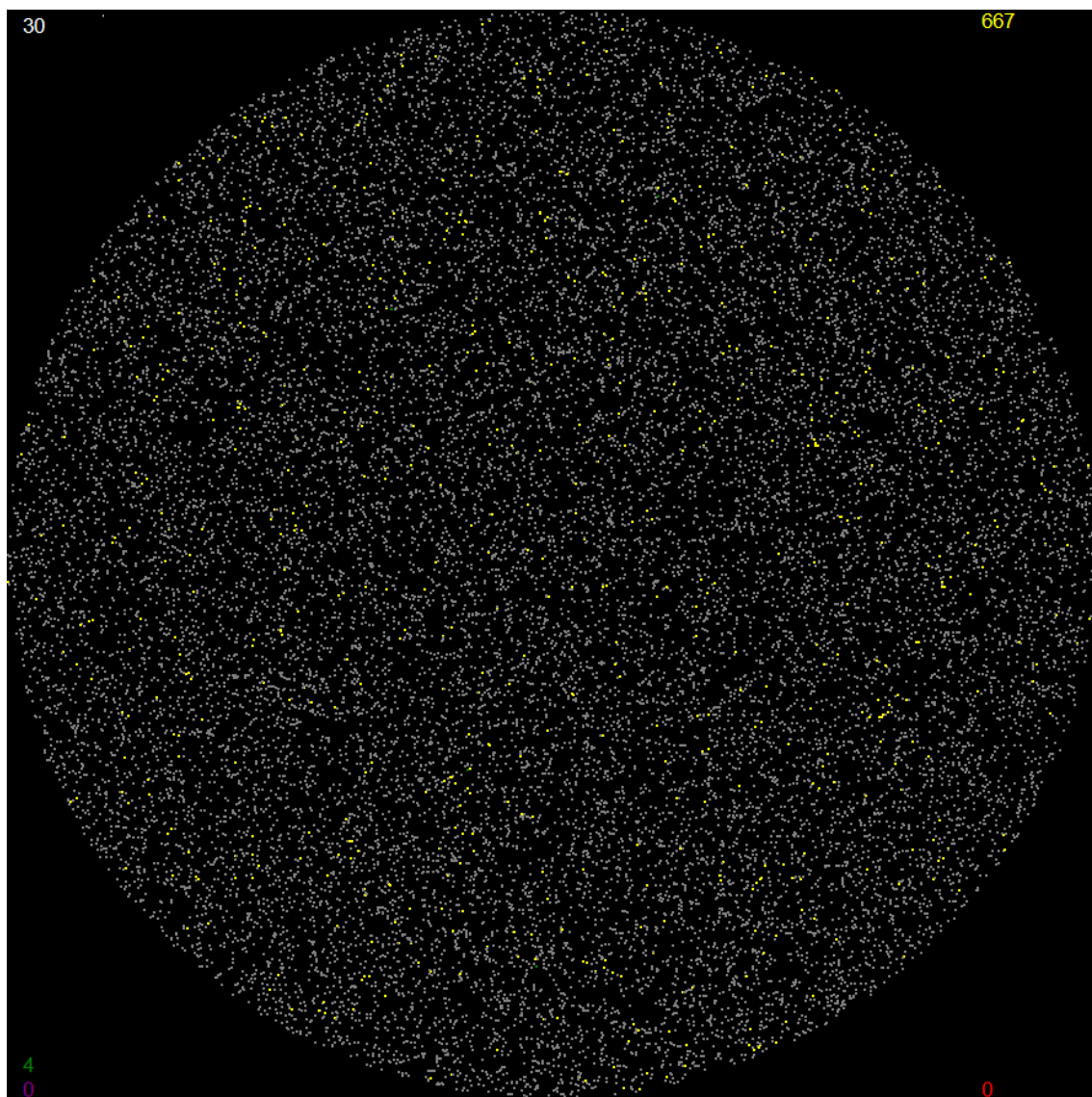


Figura 4. Grafica después de 30 días de simulación.

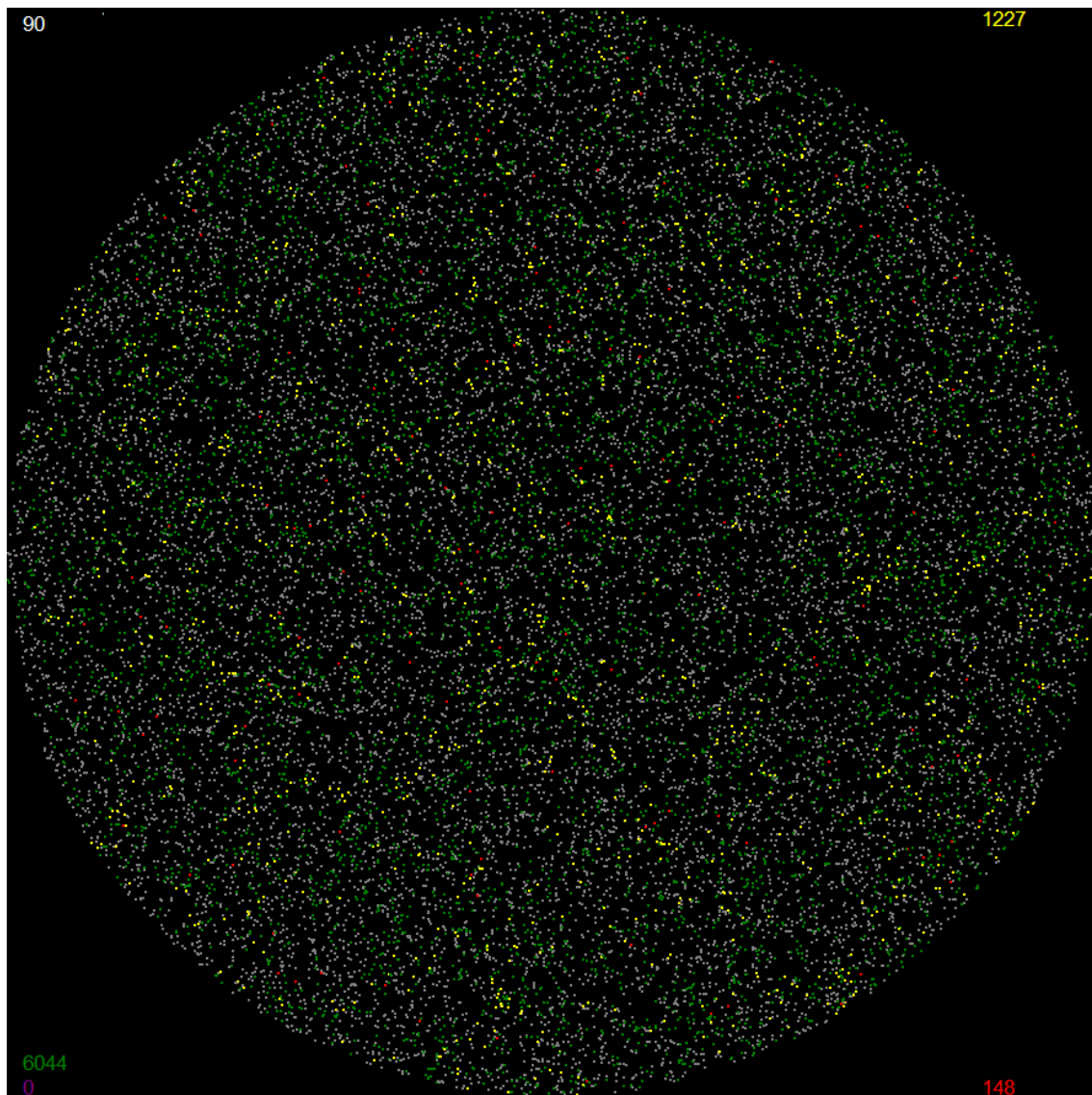


Figura 5. Grafica después de 90 días de simulación.

### 3. Resultados.

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. Como es obvio, el número de muertes va a ser el producto del número de afectados que el modelo calcule para cada grupo de población por la probabilidad de muerte de los individuos de ese grupo.

La confianza en los resultados es mayor si se simula un determinado número de veces el mismo escenario y se promedia, para evitar que la “mala suerte” (una sucesión de sorteos con resultados pocos probables pero posibles) condicione la simulación. Para una población de 50.000 individuos se consiguen buenos resultados promediando 50 simulaciones, pero dado el poco tiempo disponible para este trabajo nos hemos limitado

a realizar 30 simulaciones por escenario que producen resultados aparentemente estables, se descartan las simulaciones en las que la curva de infectados presentan una desviación estándar, respecto de la curva de infectados media, superior al doble de la desviación estándar media, normalmente se descartan una o dos simulaciones, en raras ocasiones tres.

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, aunque 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 (a veces como un indicador de la evolución de la epidemia) 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 los individuos infectados pueden producir. 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 el primer fin de enfermedad, luego se sitúa en torno a 2 para ir disminuyendo poco a poco. La medida de “ $R_0$ ” va variando aunque la capacidad de contagio “intrínseca” es siempre la misma. Como es obvio, mientras el  $R_0$  que se observe sea mayor que 1, la epidemia va en aumento.

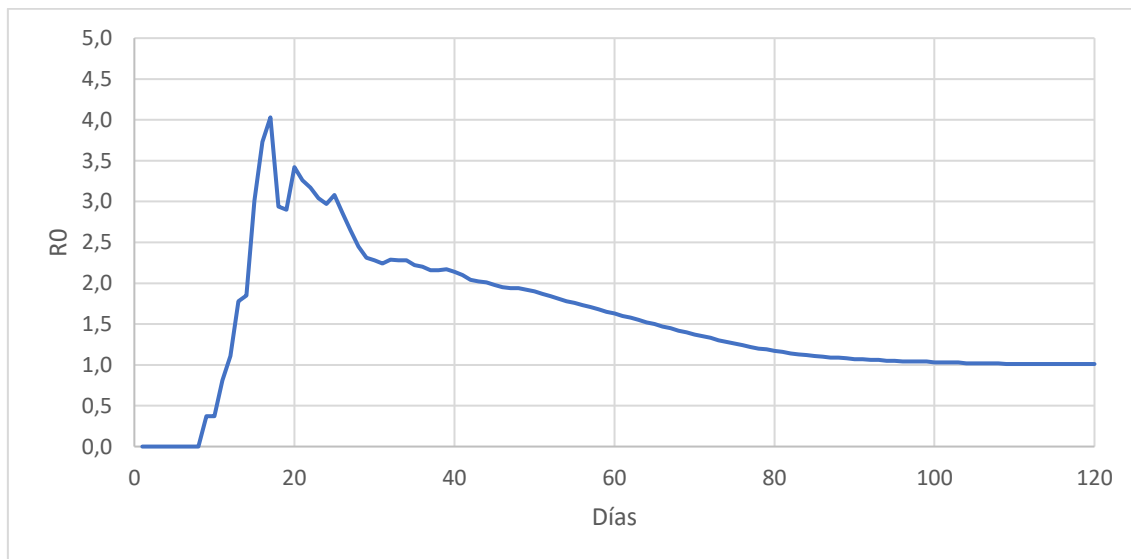


Figura 6. Evolución del  $R_0$  que se desprende de la simulación con el paso del tiempo.

Por falta de información no se ha considerado posibilidad de contagio ambiental y por tanto no se contempla el papel de las mascarillas o las desinfecciones en los periodos de restricciones.

A continuación se muestran los resultados de las simulaciones, para una población de 50.000 individuos, en tres escenarios.

Para todos los escenarios, la facilidad de contagio y probabilidad de muerte de los individuos, según el grupo al que pertenece, se ha obtenido a partir de informe número 27 del Centro Nacional de Epidemiología de 30 de abril (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, y la movilidad (pasos) 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		% Población
				T.Afect.	% Muerte	CNE	Infectada	
nene	0 a 9	447	2	0,00%	0,45%	99,55%	0,2%	
menor	10 a 19	537	0	0,00%	0,00%	100,00%	0,3%	
adulto	20 a 59	96.194	747	0,37%	0,78%	99,22%	47,4%	
jubilado	60 a 69	30.112	1.392	0,69%	4,62%	95,38%	14,8%	
mayor	Mas de 70	75.631	13.723	6,76%	18,14%	81,86%	37,3%	
		202.921	15.864	7,82%	<b>7,82%</b>	92,18%	100,0%	

Tabla 2. Probabilidad de curación y contagio para los distintos grupos de población, de acuerdo con el informe 27 del Centro Nacional de Epidemiología de 30 de abril.

Para los tres escenarios simulados se han utilizado los mismos parámetros (tabla 3), salvo los de movilidad y clústeres que son distintos cuando se imponen restricciones.

Número de individuos	50.000
Radio de la población	2.694
Número de focos iniciales	10
Probabilidad base de contagio de proximidad	4%
Probabilidad de contagio en clúster	1%
Probabilidad base de recontagio	0%
Días de carencia para contagiar	3
Días de incubación	8
Probabilidad de enfermar tras la incubación	100%
Probabilidad de contagiar de los enfermos	25%
Probabilidad de hospitalización	10%
Probabilidad de contagiar de los hospitalizados	0%
Probabilidad contagio ambiental	0%
Radio de contacto	1
Longitud media 10 pasos	4
Número clústeres generados (varia con las restricciones)	200
Individuos en clústeres (varia con las restricciones)	16.080
Potencia ecuación de probabilidad de finalizar la infección	3
Simulaciones promediadas	30

Tabla 3. Parámetros utilizados en las simulaciones.

- BASE. No hay ninguna restricción de movilidad.
- RESTRICCIONES. Simulación con los mismos parámetros que la simulación BASE pero reduciendo la movilidad de cercanías (número de pasos) y el número de clústeres.

Hemos considerado dos tipos de restricciones, variando la movilidad respecto al escenario sin restricciones:

R1. Reduciendo los pasos un 25% y los clústeres de 200 a 100

R2. Reduciendo los pasos un 50% y los clústeres de 200 a 50

Se han considerado varios escenarios variando el momento en el que se aplican las restricciones y la duración de estas.

- FIN DE RESTRICCIONES. Simulaciones eliminado las restricciones de movilidad después de un determinado número de 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 no se sabe cuándo fue y lo que se contabiliza es cuando da la cara, unos días después (incubación). La realidad contabiliza los afectados con retraso respecto del modelo, si todos los afectados se convierten en enfermos pasados exactamente  $n$  días, la curva de afectados de la realidad será la del modelo desplazada  $n$  días adelante.

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.

Como hemos considerado que sólo una parte de los infectados enferma gravemente podemos diferenciar dos evoluciones de la epidemia: la de la población total y la de la población que enferma gravemente que es la que observa el sistema de salud y por tanto la que es comparable con los datos registrados oficialmente.

### BASE.

Las figuras 7 y 8 muestran la evolución de las magnitudes más relevantes y la tabla 4 compara algunos resultados por grupos de población con los recogidos en el informe 27 del Centro Nacional de Epidemiología de 30 de abril.

<b>Grupo</b>	<b>% Población infectada</b>		<b>% Muerte/Afectados</b>	
	<b>Modelo</b>	<b>CNE</b>	<b>Modelo</b>	<b>CNE</b>
nene	0,1%	0,2%	0,0%	0,0%
menor	0,1%	0,3%	0,0%	0,0%
adulto	47,0%	47,4%	0,4%	0,4%
jubilado	16,4%	14,8%	0,7%	0,7%
mayor	36,5%	37,3%	6,7%	6,8%
	100,0%	100,0%	7,8%	7,8%

Tabla 4. Resultados del modelo frente a los registrados por el CNE.

La coincidencia en los valores del modelo y el CNE que se observa en la tabla 4 no tienen valor en si misma porque ha sido expresamente ajustada variando los parámetros del modelo hasta conseguirla. Para lo que ha servido ha sido para ajustar los valores de los parámetros de gravedad, probabilidad de contagio, probabilidad de curación, números de pasos e individuos por clúster. De forma que podemos decir que los valores utilizados para estos parámetros son consistentes con los resultados observados en la realidad para el porcentaje de población afectada y probabilidad de muerte por grupos.



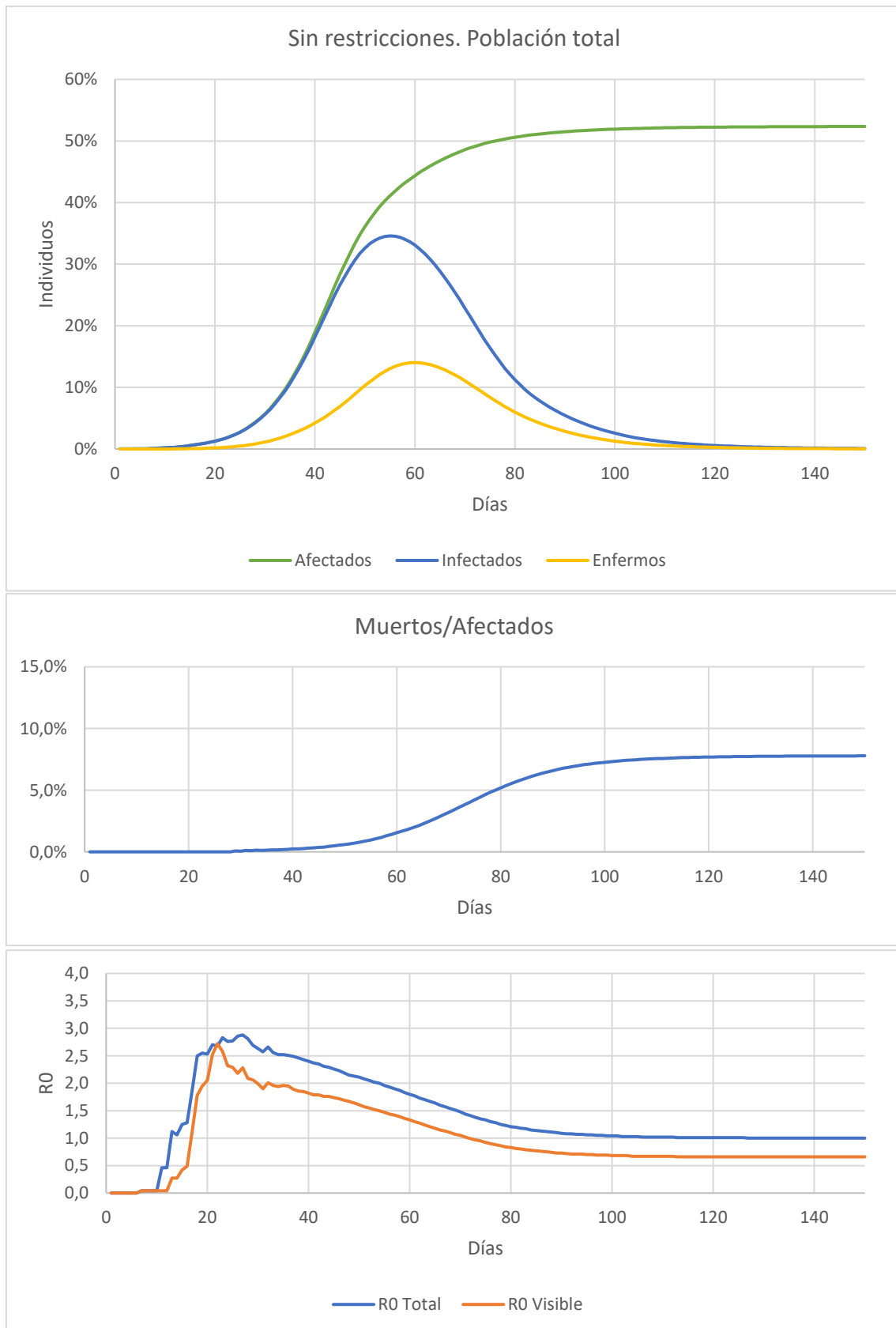


Figura 7. Resultados de la simulación BASE sin restricciones para el total de la población.

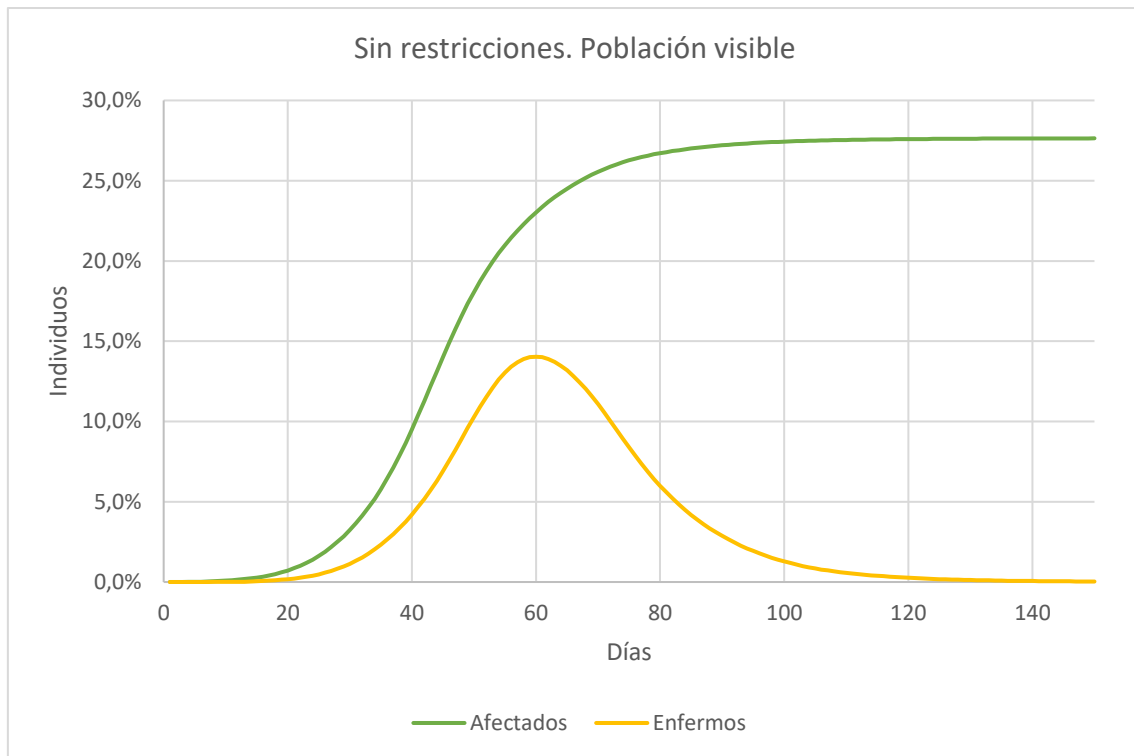


Figura 8. Resultados de la simulación BASE sin restricciones para la población afectada gravemente.

Al final de la simulación (figuras 7 y 8) se ha visto afectada el 52% de la población total, (el 28% gravemente) y a los 60 días se presenta el máximo de individuos enfermos, que son el 14% de la población total. Si todos los enfermos necesitasen atención del sistema de salud, con estas cifras sería imposible atenderlos.

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

La existencia de individuos asintomáticos acelera el desarrollo de la epidemia, siempre que el periodo de incubación y la duración de la enfermedad sea similar al de los otros individuos. Al no estar detectados no se reduce su capacidad de contagiar, cosa que si ocurre con los enfermos con síntomas, porque a estos se los aísla, máxime si son hospitalizados. La presencia de un porcentaje importante de asintomáticos dificulta el control de la epidemia, pero de no existir, sería imposible que el sistema sanitario no colapsará de inmediato.

Sin embargo existe la posibilidad de que los individuos asintomáticos, tengan menos capacidad de contagio porque la enfermedad dure en ellos menos tiempo y si es así puede ocurrir lo contrario a lo que acabamos de decir.

### RESTRICCIONES.

Las figuras 9 y 10 muestran los resultados para dos escenarios con las mismas restricciones, pero en uno empiezan a los 30 días de la primera infección y en el otro a los 40 días. Las restricciones consisten en un periodo de 25 días de las restricciones R1, seguido de un periodo de 15 días de las restricciones R2 que se mantienen indefinidamente.

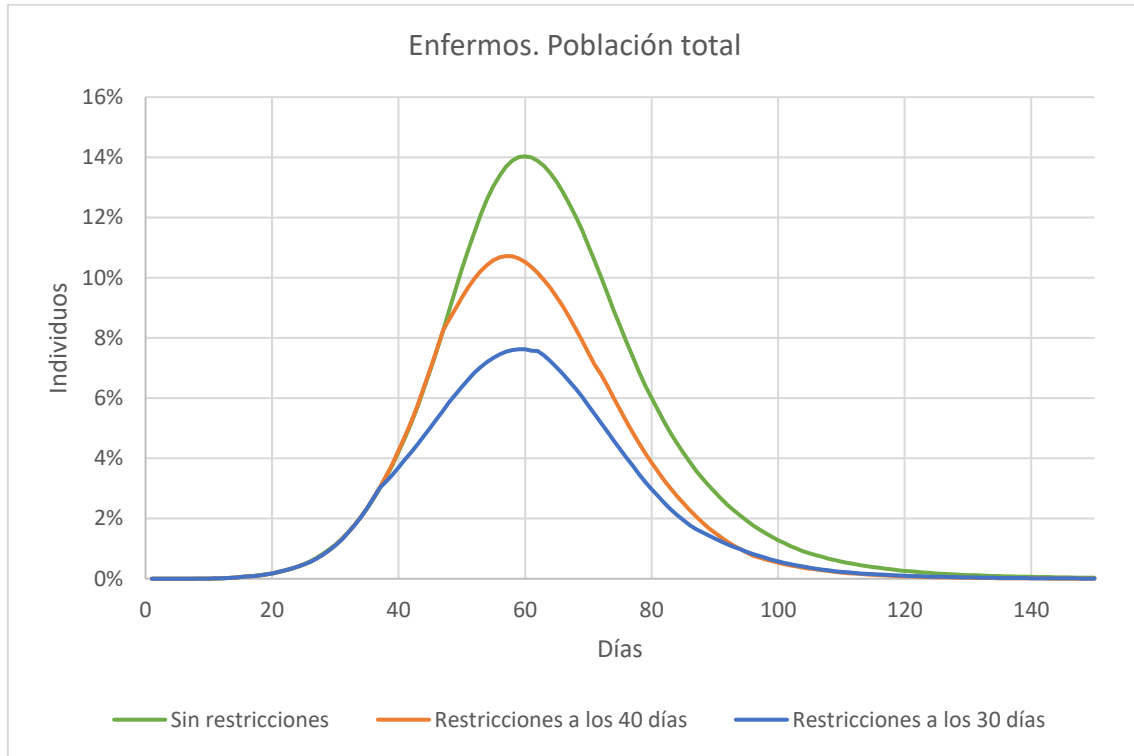


Figura 9. Enfermos. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones (25 días de R1 seguidas de 15 días de R2) impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente.

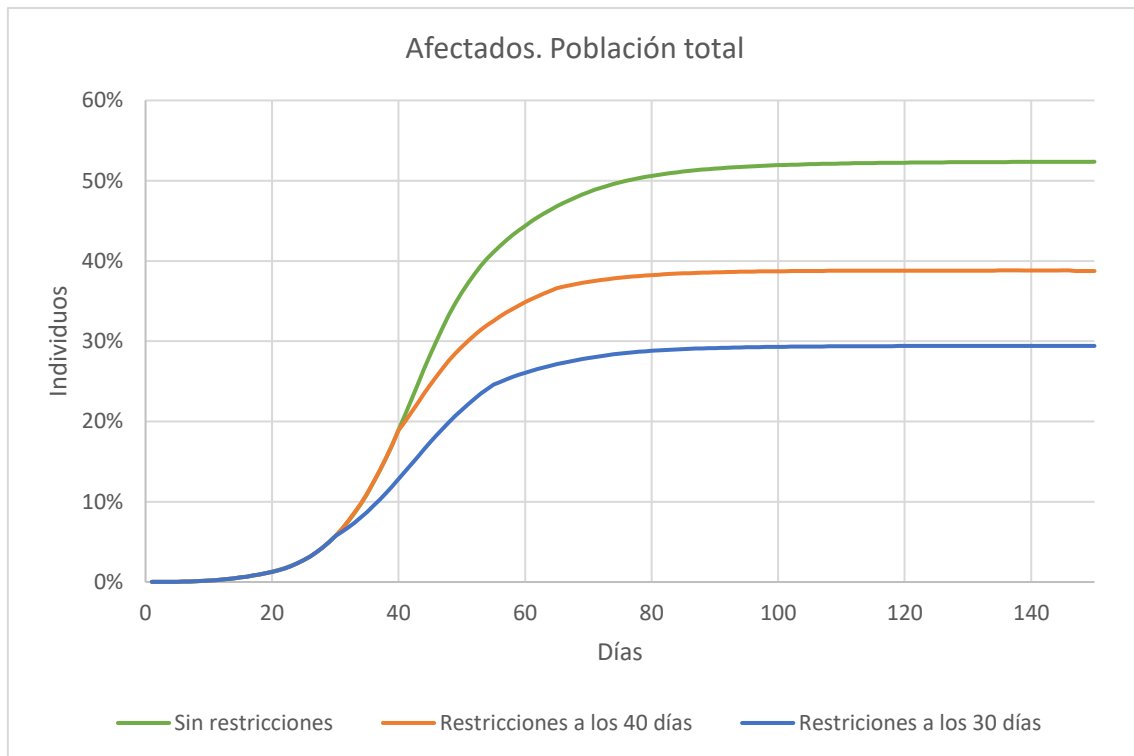


Figura 10. Afectados. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones (25 días de R1 seguidas de 15 días de R2) impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente.

Con restricciones, el pico de contagiados 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. Retrasar la imposición de restricciones a los 40 días, en lugar de a los 30 (10 días de retraso), supone reducir el efecto a la mitad.

En todas las simulaciones el número de muertes es función, exclusivamente, de la probabilidad de muerte que hemos asignado a cada grupo de población y del número de afectados, porque no se está suponiendo ninguna consecuencia del mayor o menor grado de saturación de la asistencia sanitaria.

Cuanto más tarde se imponen las restricciones (figura 9), la reducción de personas contagiadas se produce más rápidamente, aunque desde una cifra mayor.

Esto puede sorprender pero la razón 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.

## 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. Las figuras 12 y 13, muestran la evolución teórica de la epidemia aplicando restricciones a los 30 días de la primera infección, pero de distinta duración. En un caso se aplican 25 días de restricciones R1, tras lo cual se vuelve a la normalidad y en el otro caso, después de los 25 días de R1 se aplican 15 días de R2 seguidas de otros 15 días de R1 antes de volver a la normalidad.

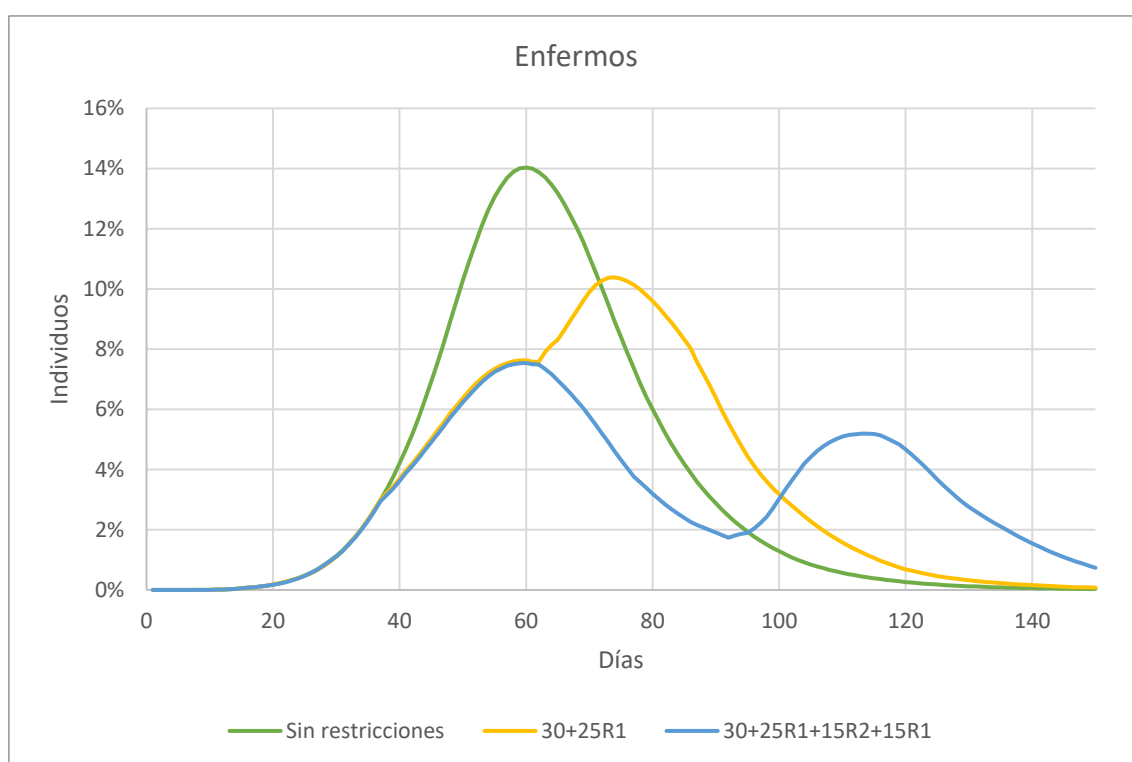


Figura 12. Evolución de la epidemia aplicando restricciones de distinta duración.

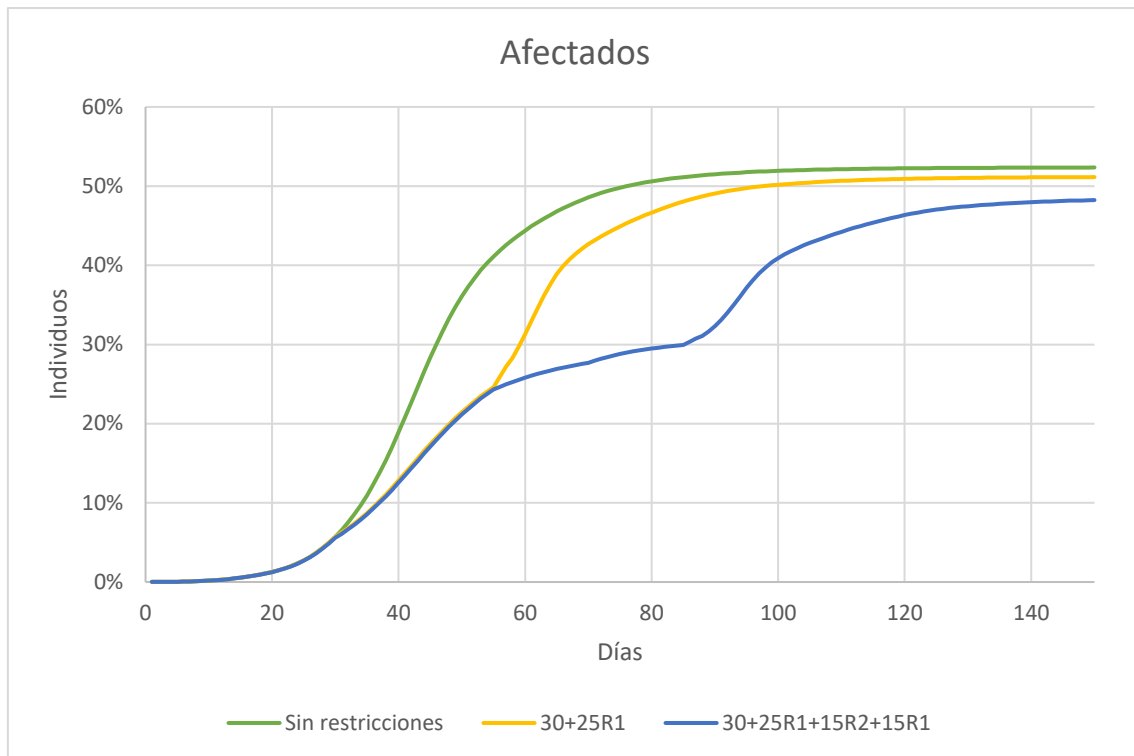


Figura 13. Evolución de la epidemia, aplicando restricciones de distinta duración.

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 individuos inmunizados y por lo tanto el número de individuos que pueden contagiarse es menor.

Si las restricciones duran poco tiempo cuando se eliminan, el repunte es muy fuerte porque habrá pocos individuos inmunizados y se parecerá a la situación sin restricciones.

El tiempo que necesitan las restricciones depende, además de lo obvio 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 el objetivo es 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 eliminarlas a tiempo (aunque suponga un repunte) para permitir que una parte importante de la población se inmunice. Cuanto más éxito tenga el aislamiento peor será la recaída.

Un resultado muy importante es que al final de la epidemia el número de afectados es prácticamente el mismo en todos los casos (figura 13), lo que se consigue con las restricciones es alargar la epidemia en el tiempo, retrasando el número de afectados y reduciendo el pico de individuos enfermos para no colapsar los servicios sanitarios. Al

eliminar las restricciones la epidemia repunta para llegar prácticamente al mismo número de afectados a medio plazo. No es realista pensar que con las restricciones se van a eliminar todos los individuos infectados y detener la epidemia, además habría que mantener cerradas al 100% las fronteras.

Cuanto mayor sea la presencia de inmunizados menos “rápida” tiene que ser la epidemia y es lo que realmente determina su final. La epidemia no sigue hasta afectar al 100% de la población porque a los infectados cada vez les cuesta más encontrarse con individuos no inmunizados y es más probable que se curen o mueran antes de hacerlo. Los encuentros con individuos inmunizados no importan (no es el caso de otras reacciones en cadena donde ciertos elementos actúan como venenos), pero sí importa que cuantos más individuos estén inmunizados habrá menos que no lo estén.

#### 4. Calibrado con los datos reales y predicciones.

Por datos reales entendemos los registros que hace públicos el ministerio de sanidad. En la figura 14 se muestran los valores para los afectados (casos) hasta el 16 de abril.



Figura 14. Evolución del número de afectados (casos) hasta el 02 de mayo.

La información publicada sobre la evolución de la epidemia fue sufriendo una serie de correcciones que afectaban a las series históricas de datos y una clara inconsistencia en el día 18 de abril. En el proceso de calibrado nos hemos utilizado datos posteriores al 17 de abril.

La extrapolación de los datos reales debe tener en cuenta que la curva de la epidemia es una campana y con una curvatura determinada.

Para esto, el método será comparar la “forma” de la curva de los datos reales con la forma de la curva que predice el modelo. Para comparar hay que homogeneizar, lo que requiere cambiar el **origen** y la **escala** de los resultados del modelo de forma que las desviaciones respecto a los datos reales sean las mínimas. El cambio de origen que resulte se deberá, en buena parte, a que los valores del modelo se corresponden al día

de la infección y los registrados por sanidad al día en que dio la cara la enfermedad, es decir, entre ellos media el periodo de incubación. La escala da cuenta de la diferencia entre la población simulada y la real.

El procedimiento para superponer las curvas es desplazar sucesivamente los resultados del modelo en 1,2,3, ..., n días y calcular el factor de escala que minimiza las diferencias entre realidad y modelo para cada uno de estos desplazamientos, hasta encontrar la pareja (desplazamiento, escala) que produce una menor diferencia. Como es habitual la diferencia se calcula como la suma de los cuadrados de las diferencias entre todos los pares de puntos.

Los datos reales presentan un evidente cambio de tendencia. Aunque el cambio a simple vista pueda parecer pequeño, su influencia es muy grande al realizar extrapolaciones, por ejemplo, si consideramos el 24 de marzo como la fecha de corte, la figura 15 muestra los dos periodos con sus correspondientes ajustes por mínimos cuadrados. Las tendencias son claramente diferentes y la extrapolación es manifiestamente divergente.

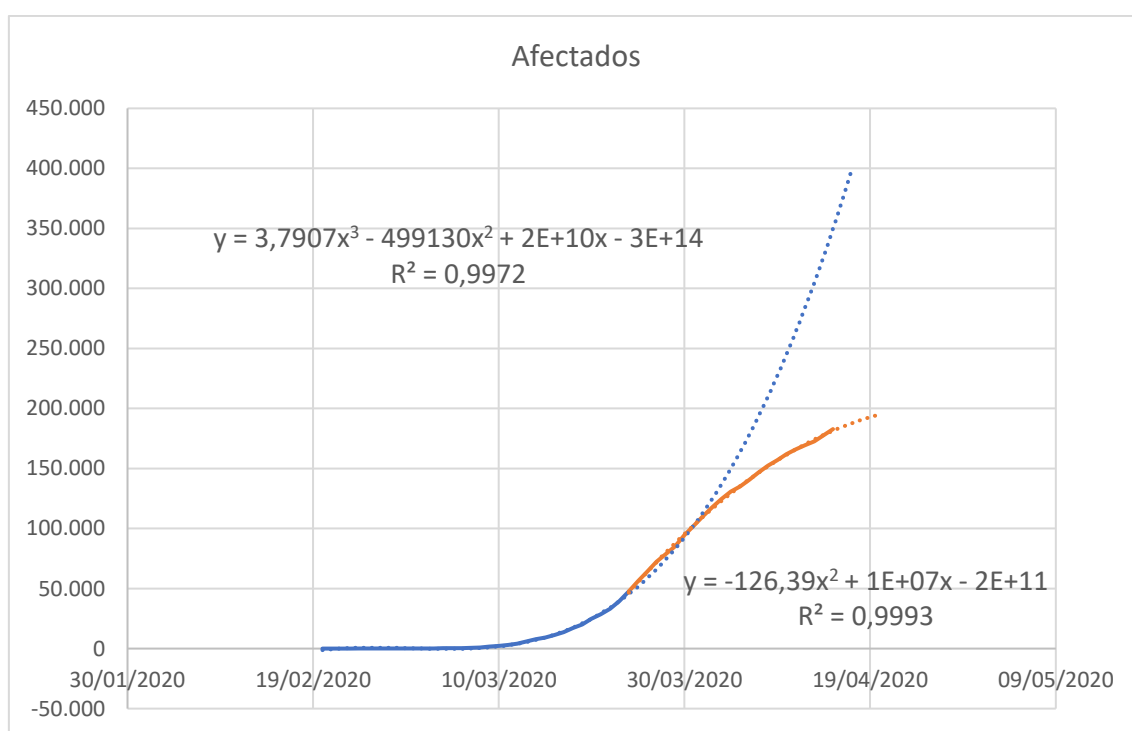


Figura 15. Cambio de tendencia en los datos reales del número de afectados a partir del día 24 de marzo.

La fecha de corte marca el punto en el que el efecto de las restricciones empieza a manifestarse y sería un error no tratar ambos periodos por separado. Además, la curva del modelo es significativamente distinta sin y con restricciones por lo que hay que usar la curva del modelo correspondiente en cada periodo.



El inconveniente es que restricciones hay que ponerle al modelo para que el efecto sea parecido a lo que ha ocurrido en la realidad, que por ahora no sabemos, pero es imprescindible imponer al modelo unas restricciones aunque sean aproximadas.

En primer lugar hemos procedido a ajustar las curvas real y simulada de la población visible sin restricciones (figura 8) con los datos previos al 24 de marzo y obtenido los resultados de la figura 16 y tabla 5. Los ajustes se hacen sólo con la curva de afectados graves, para obtener la curva de enfermos del modelo calibrado se aplica el factor de **escala** a las cifras de curados y muertos que resultan del modelo y se restan de la curva de afectados con el **origen** desplazado (desplazada a la derecha).

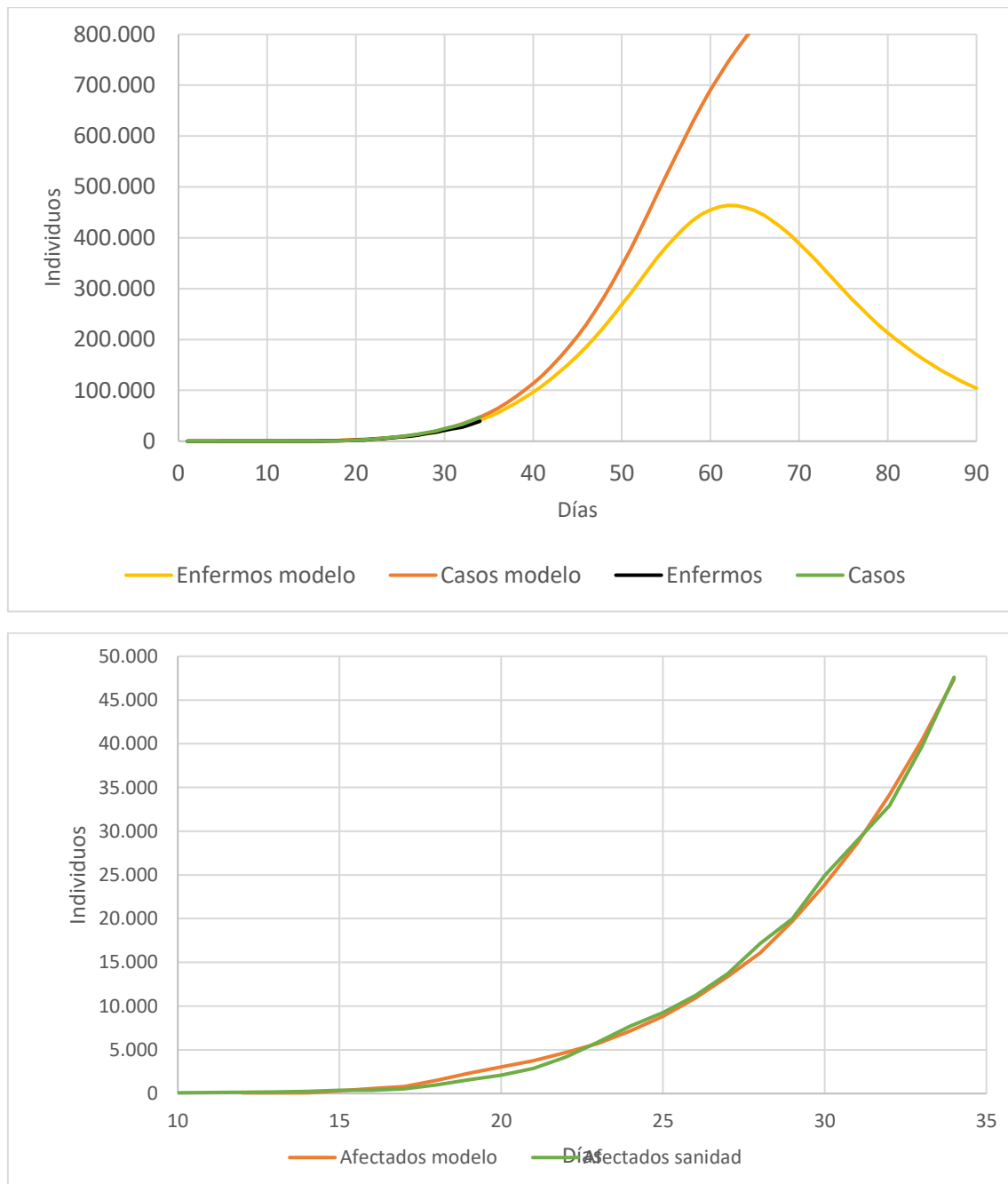


Figura 16. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones. La figura inferior es el detalle de la superior en el periodo que ha servido para el ajuste.

Desplazamiento		SEC	N	SEC/N	Máximo	
Origen	Escala				Enfermos	Casos
	<b>12</b>	<b>79,7</b>	8.135.468	23	353.716	<b>463.661 746.350</b>

Tabla 5. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones.

Los resultados de la tabla 5 los podemos interpretar como los valores a los que se habría llegado sin restricciones. El máximo de personas que el sistema de sanidad tendría que hacer atendido simultáneamente (enfermos) habría sido algo más de 450.000 y en ese momento los afectados sumarían poco más de 700.000 personas. Estos resultados hay que tomarlos con mucha precaución porque es una extrapolación a larga distancia (28 días). Como puede verse en la figura 18, los datos reales (línea verde) corresponden a un periodo muy pequeño en relación con el necesario para alcanzar la punta.

La conclusión no puede ir más allá de suponer que el número de afectados, sin imponer restricciones, habría estado muy por encima de las capacidades del sistema sanitario. Sin pronunciarnos si las medidas realmente adoptadas han sido las más adecuadas, a este respecto, sería interesante estudiar el efecto de unas restricciones selectivas, centradas en la población más sensible (personas a partir de una determinada edad o con patologías previas) que son del orden del 15% de la población en España.

A continuación, hemos procedido a calibrar el modelo para el segundo periodo, a partir del 24 de marzo.

La figura 17 muestra los resultados del modelo, con restricciones, que hemos utilizado para calibrar el modelo con el segundo periodo de datos reales. Hemos supuesto que a los 30 días del inicio de la epidemia se aplican durante 25 días las restricciones R1: reducción la movilidad en un 25% (a las tres cuartas partes), el número de clústeres de 200 a 100, a continuación hay 15 días de restricciones R2: reducción de la movilidad al 50% de lo normal y los clústeres a 50, finalmente y durante 15 se imponen restricciones R1 tras lo cual se eliminan definitivamente. En el proceso de calibrado sólo interviene la parte inicial de la curva simulada porque sólo se consideran los datos reales hasta el 17 de abril, aunque en la figura 18 se representan los datos publicados hasta el 2 de mayo.

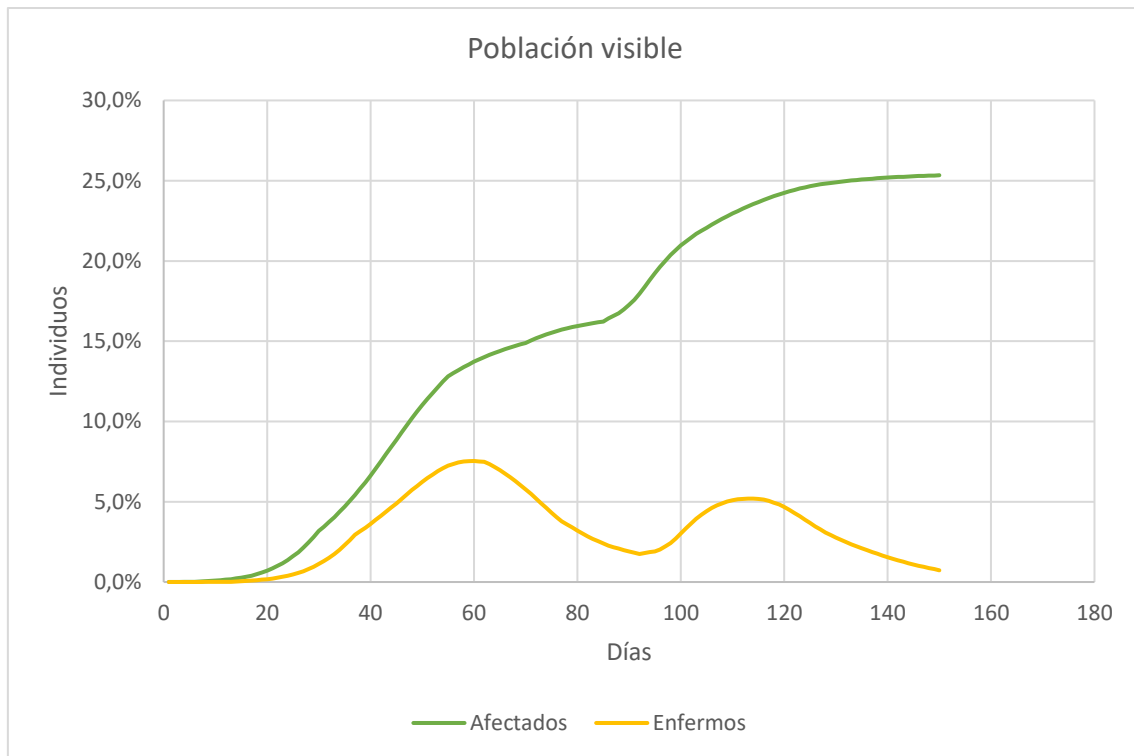


Figura 17. Resultados del modelo, para la población visible, con restricciones en tres etapas a partir de los 30 días de inicio de la epidemia.

Los resultados del calibrado del modelo para el período a partir del 24 de marzo (incluido) se muestra en la figura 18 y la tabla 6.

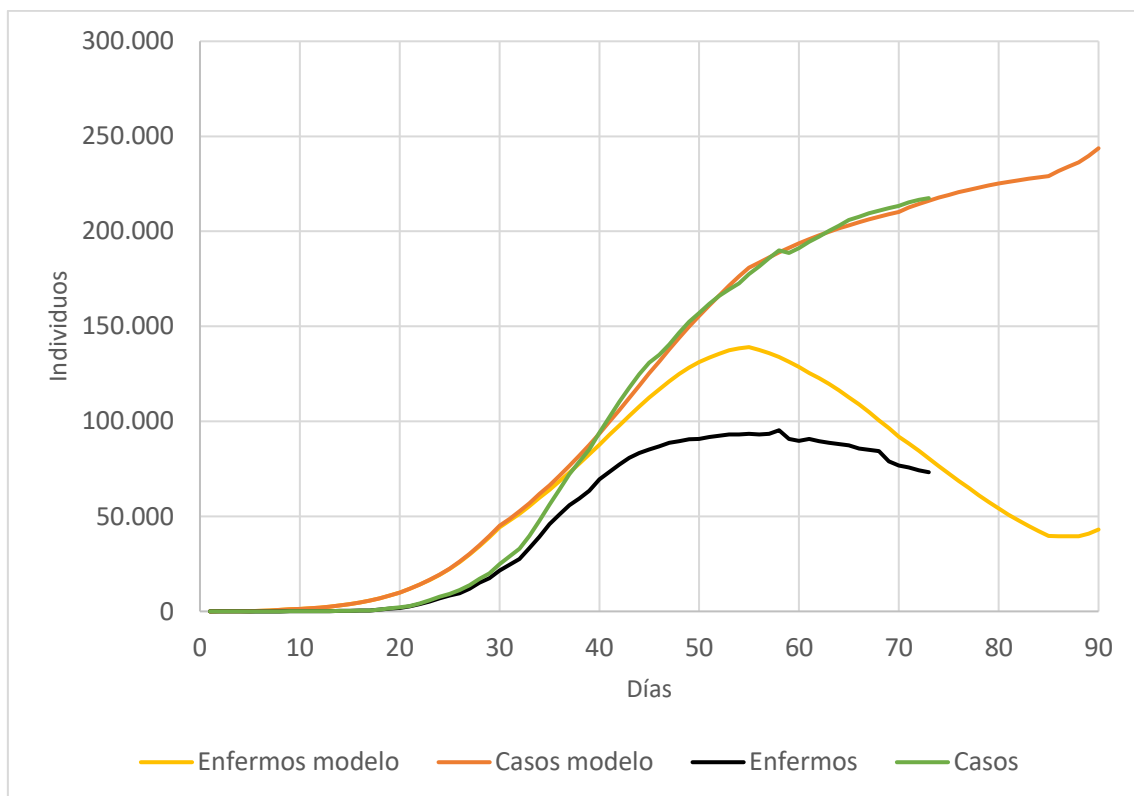


Figura 18. Predicciones del modelo calibrado con el período con restricciones.

Desplazamiento		Máximo					
Origen	Escala	SEC	N	SEC/N	Enfermos	Casos	
	1	28,2	580.841.691	25	23.233.668	139.069	180.824

Tabla 6. Predicciones del modelo calibrado con el período con restricciones.

Los resultados del modelo calibrado indican que hace dos semanas se alcanzó el máximo de enfermos (los que precisan de los servicios sanitarios) con 140.000 enfermos, los datos de sanidad en ese momento, 16 de abril, eran 93.000 enfermos, también en el pico. Esta diferencia se debe, principalmente, a que el número de curaciones y muertes del modelo es inferior a los valores publicados. Para unos resultados más precisos habría que modificar la probabilidad de muerte y la duración de la infección que se usan como parámetros en el modelo. No obstante, los datos registrados de muerte y curaciones muestran una “forma” distinta a la del modelo. En el modelo, antes del pico, las curvas de curación y muertes son convexas en consonancia con la de afectados, las registradas por sanidad son cóncavas.

Lo realmente importante es que el número de enfermos con restricciones es la tercera parte que sin ellas. En el análisis teórico (figuras 9 y 10) vimos que las restricciones no reducen tan drásticamente el número de enfermos en la punta (allí vimos que era aproximadamente a la mitad), pero allí eran restricciones teóricas que no tienen por qué tener el mismo efecto que las que se han aplicado en la realidad y que son las que están determinando el proceso de calibrado

Finalmente, hay que hacer una consideración sobre el procedimiento de superposición de curvas. Estamos comparando el inicio de la epidemia, que es muy sensible a las circunstancias que desencadenan la epidemia y que con seguridad han sido distintas de unos lugares a otros. Si el foco de la infección surge en una zona densamente poblada, con transporte colectivo masivo (aeropuertos) o con motivo de concentraciones de personas (ferias) tendrá un inicio mucho más explosivo que si no se dan estas circunstancias. Una vez que la epidemia progresa el punto inicial pierde relevancia, pero nosotros estamos haciendo la comparación en la parte inicial y necesitamos que el modelo sea representativo del inicio real en promedio de la epidemia. El modelo se comporta como la realidad, si al situar los focos iniciales al azar, son pocos o ningunos los que son encuadrados en clústeres, la epidemia progresará al principio lentamente. Con una sólo simulación se depende de la suerte. Para estimar el número de afectados y contagiados a la vez en el conjunto de la epidemia esto tendrá poca importancia pero no al comparar la fase inicial.

Para evitar este sesgo es necesario un mínimo de simulaciones realizadas para cada escenario (lo cual es norma en el Método Montecarlo), el inconveniente es el tiempo de cálculo para un ordenador personal que es la herramienta de cálculo de este trabajo, creemos que las 30 simulaciones por caso que hemos realizado son suficientes.

Se podría seguir ajustando el modelo para una mayor coincidencia pero no es necesario para el objetivo de estimar el efecto de las restricciones y el volumen de enfermos que

vendrá hasta el fin de la epidemia, pero hay una razón aún más importante: los registros de sanidad presentan ciertas inconsistencias que hacen imposible o poco razonable pretender un mayor ajuste.

El número de casos, las altas y las muertes no son variables independientes hay unas relaciones que como mínimo deben cumplir.

En la figura 19 se representa la ratio curados/muertos, el que sale del modelo y el de los datos de sanidad. Si el porcentaje de mortalidad es del 8%, a medio y largo plazo esta ratio debe valer  $(1-0,08) / 0,08 = 11,5$ .

Una vez pasadas las turbulencias iniciales es lo que resulta de la simulación, pero los datos de sanidad no llegan ni a la mitad. Faltan un gran número de altas en relación con el número de muertes, no por comparación con el modelo, sino porque es lo que debe ocurrir si el porcentaje de mortalidad es del 8%.

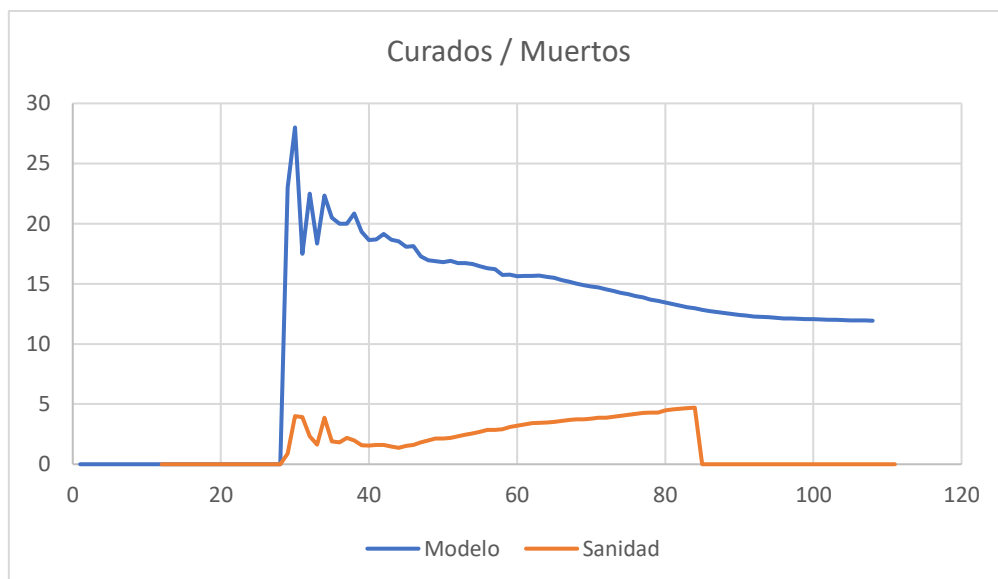


Figura 19. Ratio Curados (Altas)/ Muertes.

Otra cosa que es obvia es que todos los afectados, tarde o temprano se tienen que curar o morir. Una vez superada la fase inicial de la epidemia, la suma de los curados más los muertos en un determinado día debe parecerse a los afectados un determinado número de días atrás. Nuevamente el modelo lo muestra (figura 20) y a medio plazo esta suma coincide con el 100% de los afectados 20 días atrás, el problema es que para los datos publicados hasta hoy la suma de curados y muertos es sólo el 65% y no el 100%, nuevamente faltan altas y muertes, del orden del 35%.

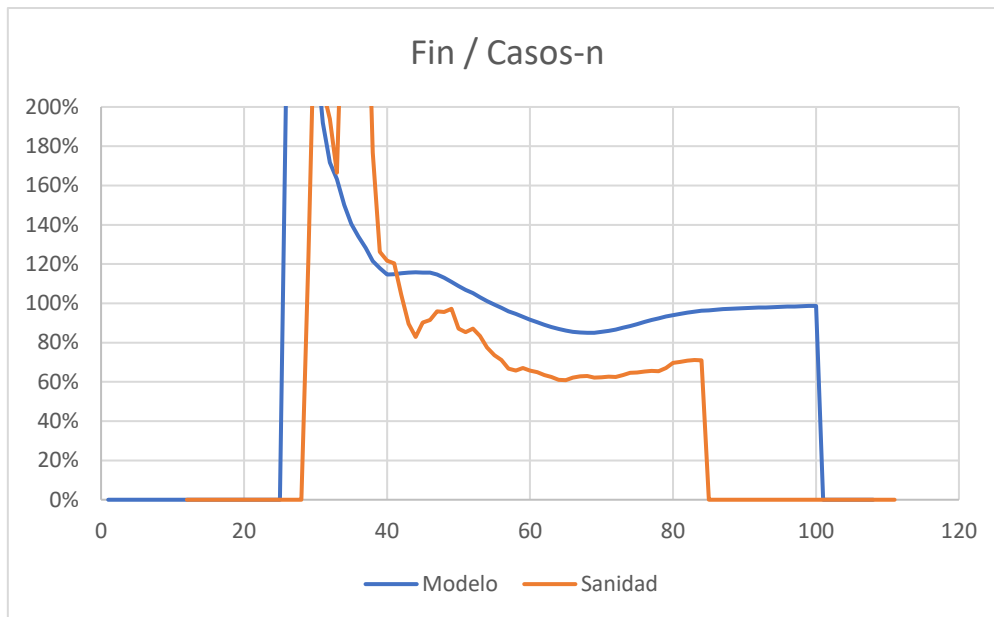


Figura 20. Ratio fin de enfermedad (alta o muerte) sobre afectados 21 días atrás.

## 5. Supresión de las restricciones.

Poco más hay que añadir a lo dicho en la primera parte del documento al analizar el escenario de FIN DE RESTRICCIONES (figuras 12 y 13).

El objetivo será que el número de afectados no aumente descontroladamente. Pretender que no aumente en absoluto no es realista, aunque parece que es la política de China, que trata a toda costa de que no haya nuevos casos, quizás como estrategia de espera para que lleguen las soluciones médicas.

Sin vacuna no hay más solución que la auto inmunización (pasar la enfermedad) hasta alcanzar un porcentaje de la población que evite la transmisión explosiva en cadena a la vez que se protege al sector de la población para los cuales la enfermedad resulta grave. Sin ese porcentaje mínimo de inmunizados el riesgo de epidemia será permanente, dicho porcentaje tiene que ser el porcentaje que el modelo indica cuando el número de contagiados se aproxima a cero, del orden del 52% de la figura 7.

La figura 13 muestra que una vez eliminadas las restricciones, el número de afectados se aproxima al que se habría producido sin las mismas, esto significa que aunque el número de enfermos, de acuerdo con el modelo calibrado, es de 140.000 en el pico (gracias a las restricciones), a medio y largo plazo puede superar los 460.000 que se obtiene al calibrar el modelo sin restricciones (figura 16).

Parece inevitable un periodo de “prueba y error” que puede ser bastante largo.

## 6. Conclusiones.

El modelo utilizado en este estudio predice que el número de afectados en una epidemia de estas características y sin restricciones llegaría a afectar el 52% de la población. A los 60 días se alcanza el máximo de enfermos (14% de la población) y en ese momento los afectados (incluidos los asintomáticos) son el 44%.

Sin embargo los registros oficiales son 100 veces menores, el máximo de enfermos ha sido menos de 100.000 personas (0,2% de la población) con 200.000 afectados (0,4% de la población).

Ambas cosas no son directamente comparables porque los datos actuales son después de cuatro semanas de restricciones. Cuando se imponen restricciones al modelo, en la punta de enfermos estos son el 7,5% y en ese momento los afectados son el 26%.

Los datos del modelo son 50 veces los registrados oficialmente.

La explicación más sencilla es que más del 90% de los afectados lo son de forma muy leve, o incluso asintomáticos y no han requerido de los servicios sanitarios.

El proceso de calibrado que hemos realizado en este documento pretende esquivar la diferencia cuantitativa entre el modelo y los datos reales y se limita a extrapolar los datos oficiales suponiendo que van a seguir la misma evolución (forma de la curva) que el modelo.

El primer resultado que se aprecia es que las restricciones han frenado la epidemia de forma muy importante (a la tercera parte).

- La extrapolación de los datos oficiales antes de que las restricciones empezaran a tener efecto (24 de marzo) apuntaban a que el pico de enfermos podría llegar a las 460.000 personas y en ese momento los afectados serían 750.000.
- Los datos posteriores al 24 de marzo apuntan a 140.000 personas en el pico de contagios con 180.000 afectados.

El segundo resultado, no menos importante, es que el modelo muestra que el número de afectados, cuando se eliminan las restricciones tiende a recuperar las cifras como si no las hubiese habido, aunque algo menores y más tarde (figura 13).

Si esto es cierto y la extrapolación de los datos oficiales, antes de las restricciones, apuntan al triple de enfermos de los que hay hoy, cuando se eliminan las restricciones al sistema sanitario le llegará una cifra de nuevos enfermos el doble de la gestionada hasta ahora. Para que el ritmo de afectados con necesidades sanitarias no provoque los problemas que se han vivido en el mes de marzo y primeros días de abril, la eliminación de restricciones tendrá que ser tan escalonada que puede tardar varios meses. Aunque hay que considerar que el sistema sanitario ha aprendido de lo vivido hasta la fecha y sin duda puede gestionar mejor la llegada de esos enfermos.

La epidemia parece resultar leve para el 95% de la población pero muy grave para el 5% restante. Las restricciones han evitado un desastre en el sistema sanitario, pero no van

a cambiar de forma importante el número final de afectados por la enfermedad. Aunque se ha ganado tiempo para aprender y equiparse, muy probablemente falta por gestionar un número de nuevos enfermos mayor que los atendidos hasta ahora.

## **7. Repositorio**

Todas las aplicaciones informáticas, datos y resultados obtenidos son de libre utilización y están a disposición de los interesados en el repositorio público:

<https://github.com/labotecta/covid-19>