

Simulación del covid-19

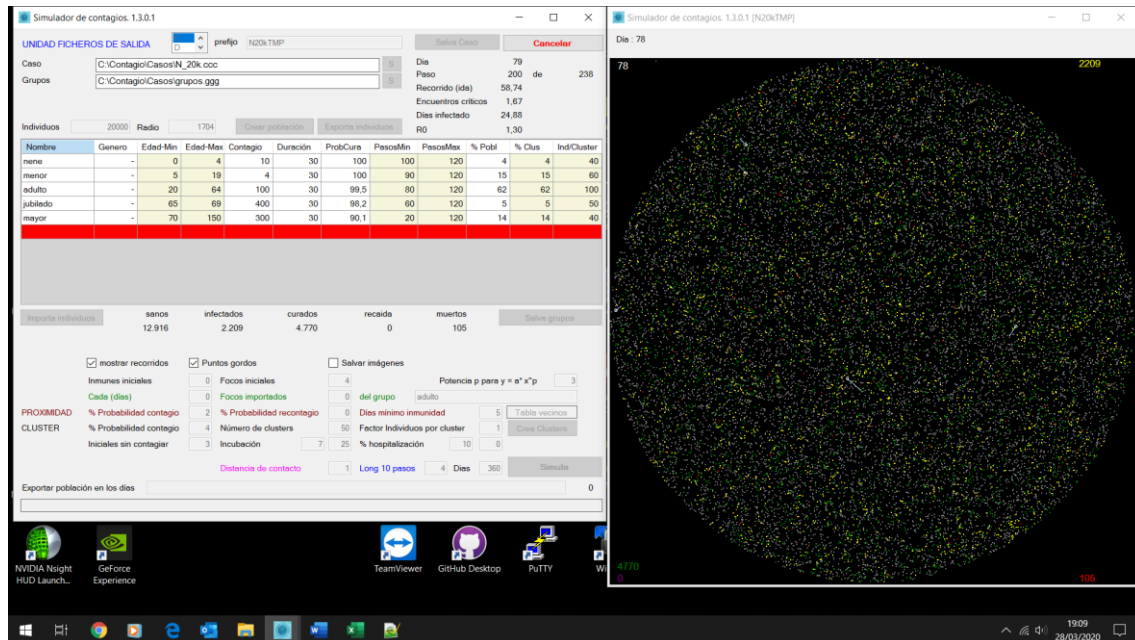


Figura 1. Modelo “Contagio” para Windows

7 de abril de 2020

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.

Dos términos fundamentales en todo el documento son los afectados y los contagiados. Afectados son todos los individuos que tienen la enfermedad, más los que ya la han pasado más los que han muerto, son los llamados casos de la información oficial. Contagiados son todos los individuos infectados en cada momento, su número es igual al de afectados en cada momento, menos los que se han curado o muerto, hasta ese momento.

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 Contagio	Días Duración	% Curación	Núm. Pasos		% Población	Individuos cluster
	Min	Max				Min	Max		
nene	0	4	10	30	99,3	70	90	4	40
menor	5	19	5	30	100	80	110	15	60
adulto	20	64	40	30	99,4	80	120	62	100
jubilado	65	69	1000	30	96,8	70	90	5	50
mayor	70	150	800	30	83,5	60	70	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:

The image shows a complex form for setting simulation parameters. It includes sections for initial conditions (Inmunes, Focos), proximity and cluster settings, incubation and hospitalization rates, and a final 'Simula' button. A 'Crea Clusters' button is also present. The interface uses a light gray background with various colored text and buttons.

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.

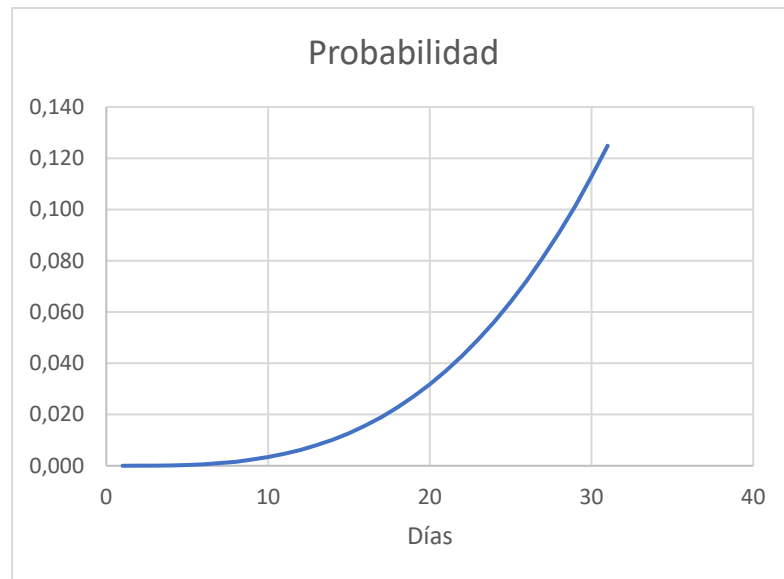


Figura 3. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de la infección de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

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 tabla 1, y de esa forma obtener la probabilidad de que un individuo se contagie 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. Clúster. 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. 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.

11. 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 70 90 significa que los individuos de este grupo realizarán trayectos de entre 70 y 90 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 clusters del mismo grupo. A cada clúster se asignan los individuos que le corresponde de forma aleatoria.

Contagio ambiental. 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.

12. 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.
13. La superficie en la que se asienta la población, que será una circunferencia con el radio correspondiente.

14. La distancia entre individuos, dentro de la cual es posible un contagio a la que nos referiremos como **DC**.
15. 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 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 clusters. 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, 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. 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 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.

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).

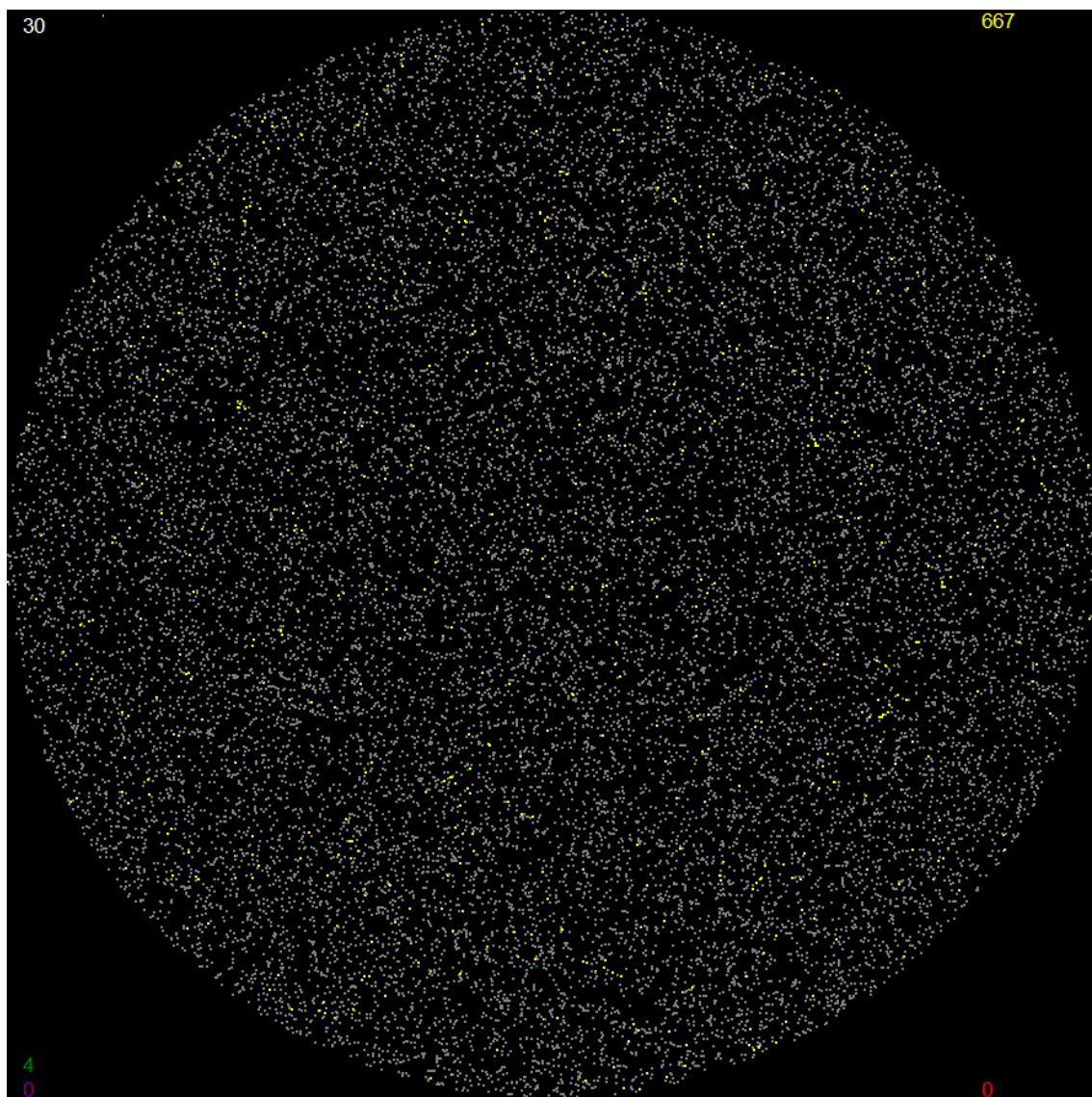


Figura 4. Grafica después de 30 días de simulación.

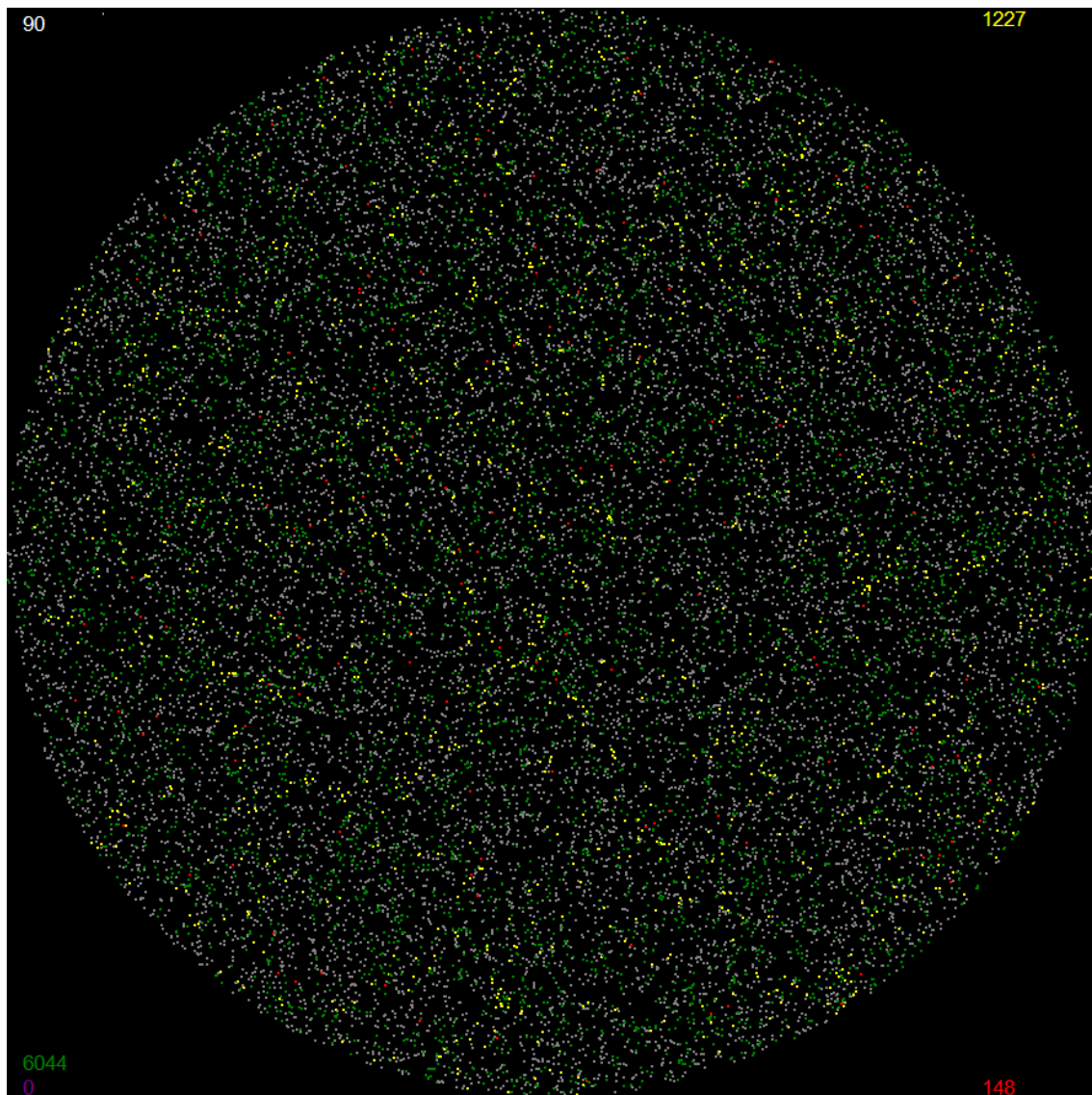


Figura 5. Grafica después de 90 días de simulación.

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. Como es obvio, el número de muertes depende directamente del número de afectados, dentro de cada grupo de población, que el modelo calcule.

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 aceptablemente estables.

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 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.

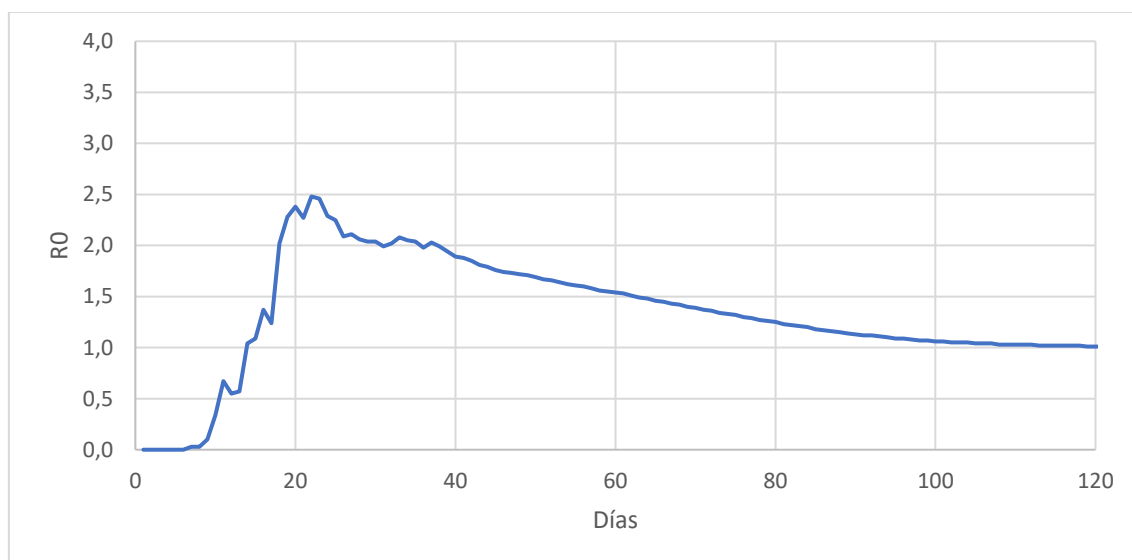


Figura 6. Evolución del R_0 que se desprende de la simulación con el paso del tiempo.

Por falta de información no se ha considerado posibilidad de contagio ambiental ni tampoco individuos asintomáticos, salvo el correspondiente análisis de sensibilidad.

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 del informe número 20 del Centro Nacional de epidemiología de 3 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
nene	0 a 9	150	1	0,67%	99,33%
menor	10 a 19	193	0	0,00%	100,00%
adulto	20 a 59	28.051	154	0,55%	99,45%
jubilado	60 a 69	9.348	299	3,20%	96,80%
mayor	Más de 70	18.512	3.050	16,48%	83,52%
Total		56.254	3.504	6,23%	93,77%

Grupo	% Población Infectada	% INE	Pobla INE	Contagio Contagio/INE	Contagio Corr Movilidad
nene	0,27%	4%	2.250	7%	10%
menor	0,34%	15%	8.438	2%	50%
adulto	49,86%	62%	34.877	80%	40%
jubilado	16,62%	5%	2.813	332%	1000%
mayor	32,91%	14%	7.876	235%	800%

Tabla 2. Probabilidad de curación y contagio para los distintos grupos de población, de acuerdo con el informe 20 del Centro Nacional de Epidemiología de 3 de abril.

Para los tres escenarios simulados se han utilizado los mismos parámetros (tabla 3), salvo los de movilidad y clusters 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	5%
Probabilidad base de recontagio	0%
Días de carencia para contagiar	3
Días de incubación	7
Probabilidad de enfermar tras la incubación	100%
Reducción de la probabilidad de contagiar de los enfermos al	25%
Probabilidad de hospitalización	10%
Reducción de la probabilidad de contagiar de los hospitalizados al	0%
Probabilidad contagio ambiental	0%
Radio de contacto	1
Longitud media 10 pasos	4
Número clusters generados	123

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 a la mitad (la mitad de los pasos) y el número de clusters de 123 a 23. Las restricciones se establecen cuando ya han transcurrido 30 o 40 días desde la primera infección (si se cuenta desde que la epidemia se conoció, son menos días 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 o 40 días de haberlas impuestos. La supresión de las restricciones se hace sobre el caso RESTRICCIONES con las restricciones impuestas a los 30 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 7. Resultados de la simulación BASE sin restricciones.

Al final de la simulación (figura 7) se ha visto afectada el 35% de la población y a los 59 días se presenta el máximo de individuos infectados simultáneamente (que son el 21% de la población). Si todos los afectados necesitasen atención del sistema de salud, muy probablemente sería 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 vea 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 330.000 casos, significaría que el 98% de la población no ha requerido del sistema de salud a pesar de haber estado infectada.

$$47 \text{ millones} \times 35\% \times 2\% = 329.000$$

El día 6 de abril, los afectados sumaban 140.510, aproximadamente el 0,3% de la población.

Individuos asintomáticos.

La existencia de individuos asintomáticos acelera el desarrollo de la epidemia porque al no estar detectados no se reduce la capacidad de contagiar que los enfermos, con síntomas, experimentan al ser aislados, máxime si son hospitalizados. La figura 8, muestra los resultados del escenario BASE considerando un 90% de individuos asintomáticos. La punta de contagiados se incrementa un 20% (pasa de 21% a 31%) y la de afectados un 22% (de 35% a 57%) respecto de la simulación BASE sin asintomáticos (figura 7).

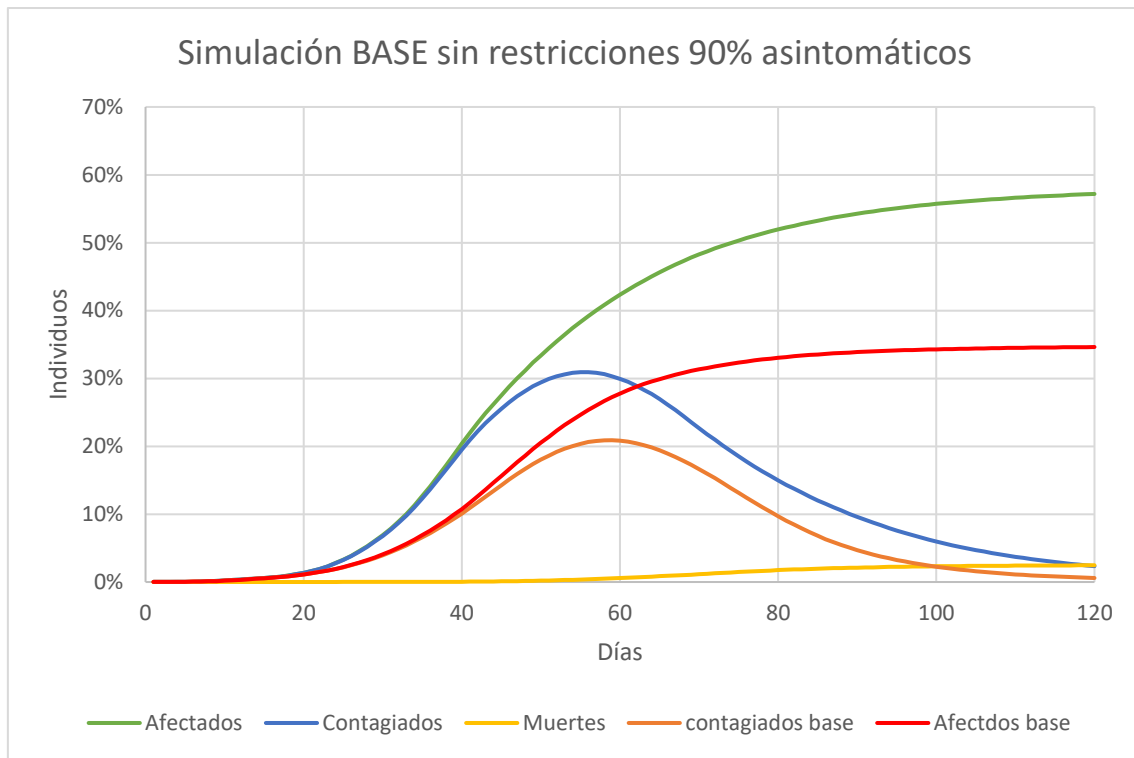


Figura 8. Simulación en el escenario BASE con un 90% de individuos asintomáticos.

RESTRICCIONES.

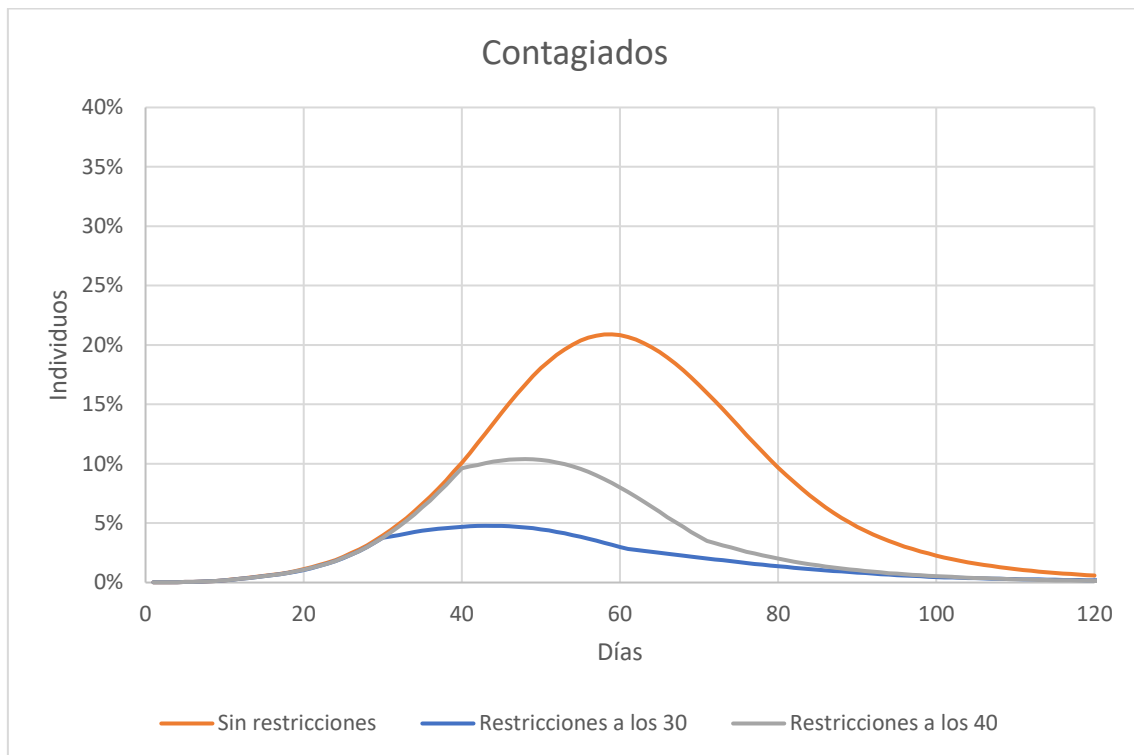


Figura 9. Contagiados. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente.

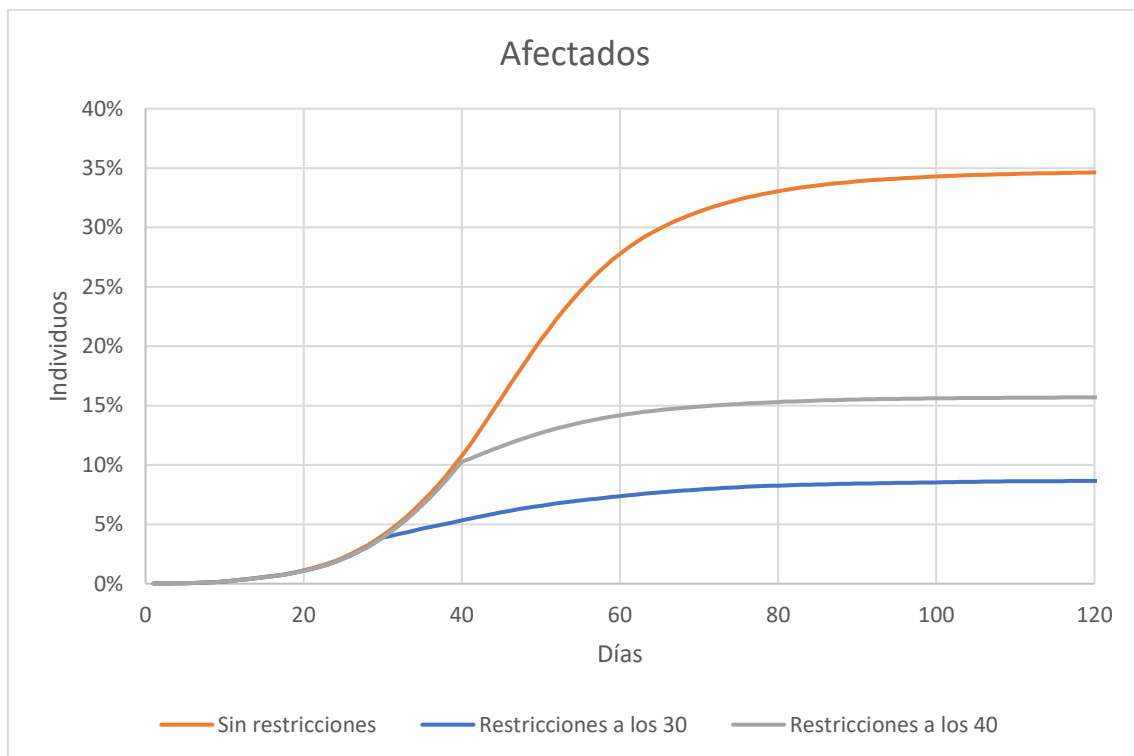


Figura 10. Afectados. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente

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.

Si las medidas se imponen a los 30 días del inicio de la epidemia (que son menos días si contamos desde el primer caso detectado, por el periodo de incubación) el pico de contagiados simultáneamente se reduce a la cuarta parte (5%, en lugar de 21%). Si tal como hicimos antes suponemos que el 98% de los infectados no acude al sistema de salud el número de contagiados simultáneamente sería de 197.400 individuos sin imponer medidas y de 47.000 con restricciones.

$$47 \text{ millones} \times 21\% \times 2\% = 197.400 \text{ contagiados}$$

$$47 \text{ millones} \times 5\% \times 2\% = 47.000 \text{ contagiados}$$

Retrasar la imposición de restricciones a los 40 días, en lugar de a los 30 (10 días de retaso), supone duplicar el pico de contagiados (pasar del 5% al 10%).

$$47 \text{ millones} \times 10\% \times 2\% = 94.000 \text{ contagiados}$$

A 6 de abril los contagiados son 83.504

$$83.504 = 140.510 \text{ casos} - 43.208 \text{ curados} - 13.798 \text{ muertes}$$

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 después de ver cómo han evolucionado las cifras en España (o en Italia) después de dos semanas con restricciones, aunque se descuente 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.

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.

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 12, muestra la evolución teórica de la epidemia aplicando restricciones a los 30 días y viendo que ocurre si estas se eliminan pasados 15 o 40 días.

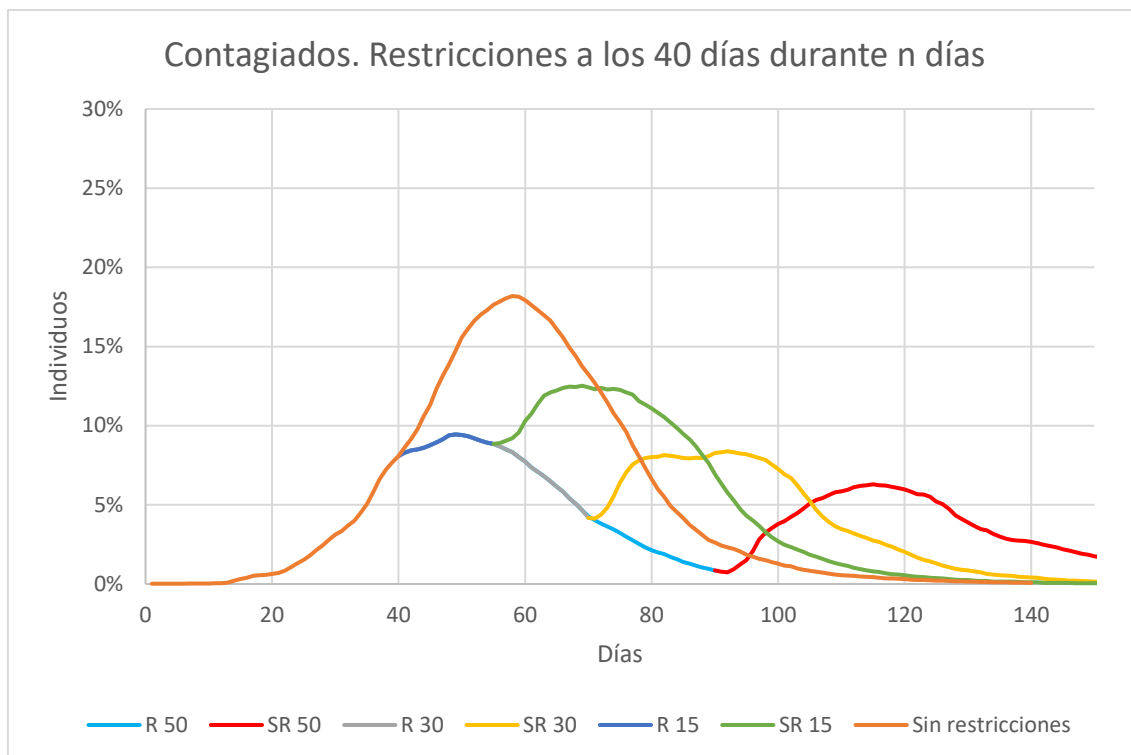


Figura 12. Evolución del número de contagiados en cada momento, aplicando restricciones a los 30 días y eliminándolas a los 15 (SR 15) o 40 (SR 40) días.

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 (Figura 12, línea verde).

Por el contrario si se imponen tarde y la epidemia está cerca de su máximo (figura 9, línea amarilla) 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 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 (figura 12, la línea roja pasa del 1% al 6%).

Al final 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 contagiados simultáneamente para no colapsar los servicios sanitarios. Al eliminar las restricciones la epidemia repunta para llegar 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, cosa inviable y menos para un país turístico.

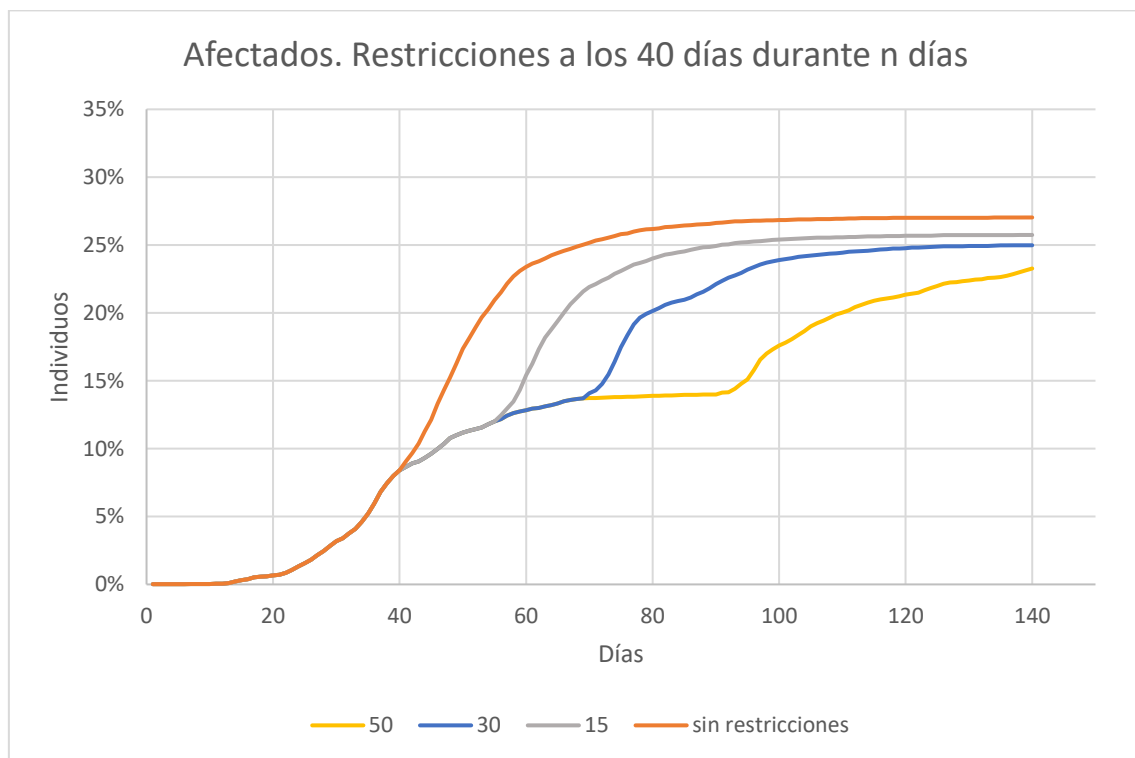


Figura 13. Evolución del número de afectados imponiendo restricciones a los 40 días y eliminándolas a los 15, 30 o 50 días.

3. Calibrado con los datos reales.

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 6 de abril



Figura 14. Evolución del número de afectados (casos) hasta el 6 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.

Por 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.

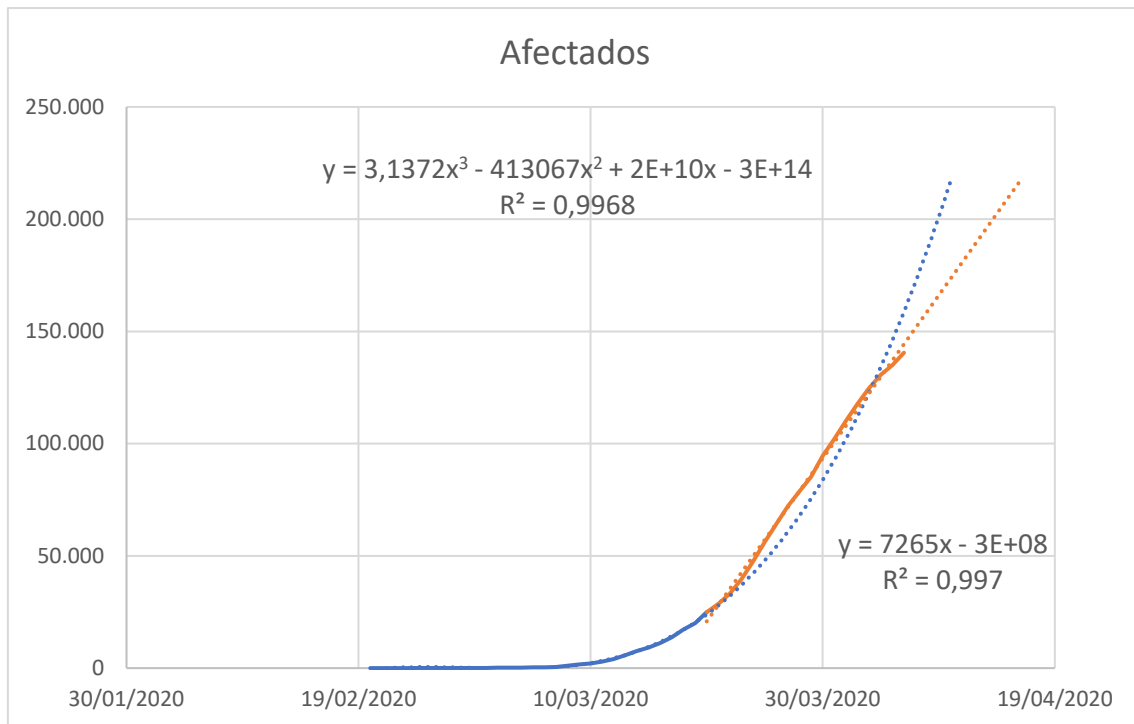


Figura 15. Cambio de tendencia en los datos reales del número de afectados a partir del día 24 de marzo.

Si se establece el punto de corte 4 días antes (20 de marzo) se ve como la tendencia pasa de convexa a cóncava (figura 3)

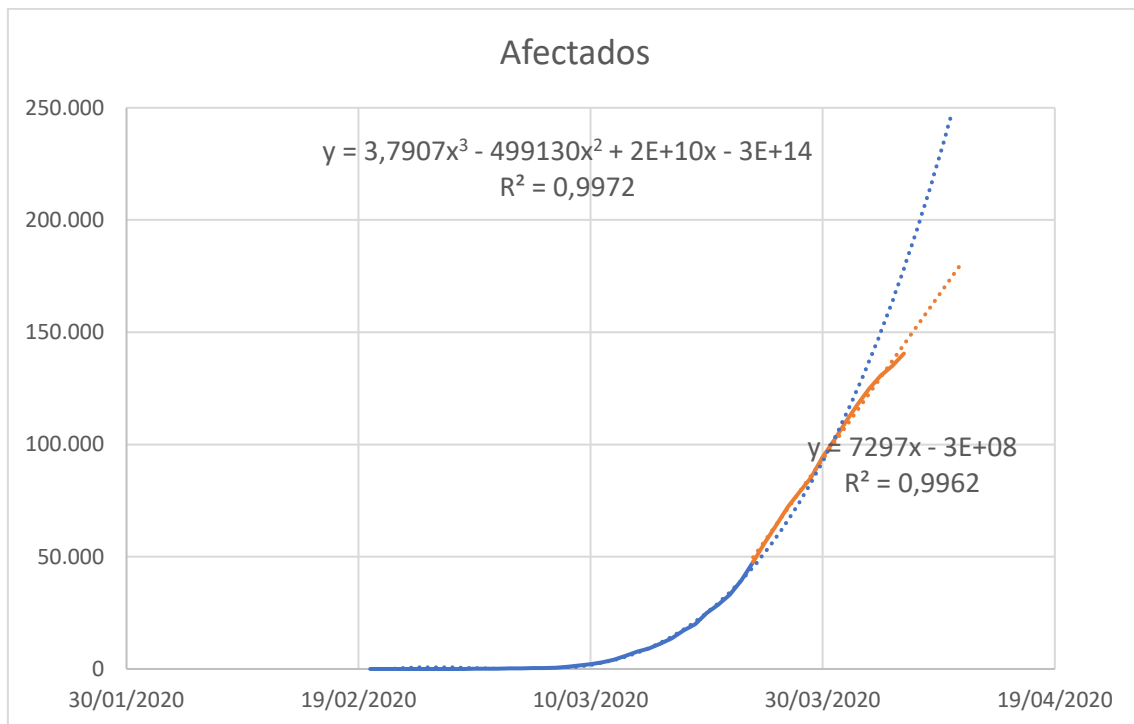


Figura 16. La curvatura pasa de convexa a cóncava a partir de un determinado momento.

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. En cualquier caso, siempre serán mejor unas restricciones aproximadas que ningunas.

En primer lugar hemos procedido a ajustar las curvas real y simulada con los datos previos al 24 de marzo y obtenido los resultados de la figura 17 y tabla 4.

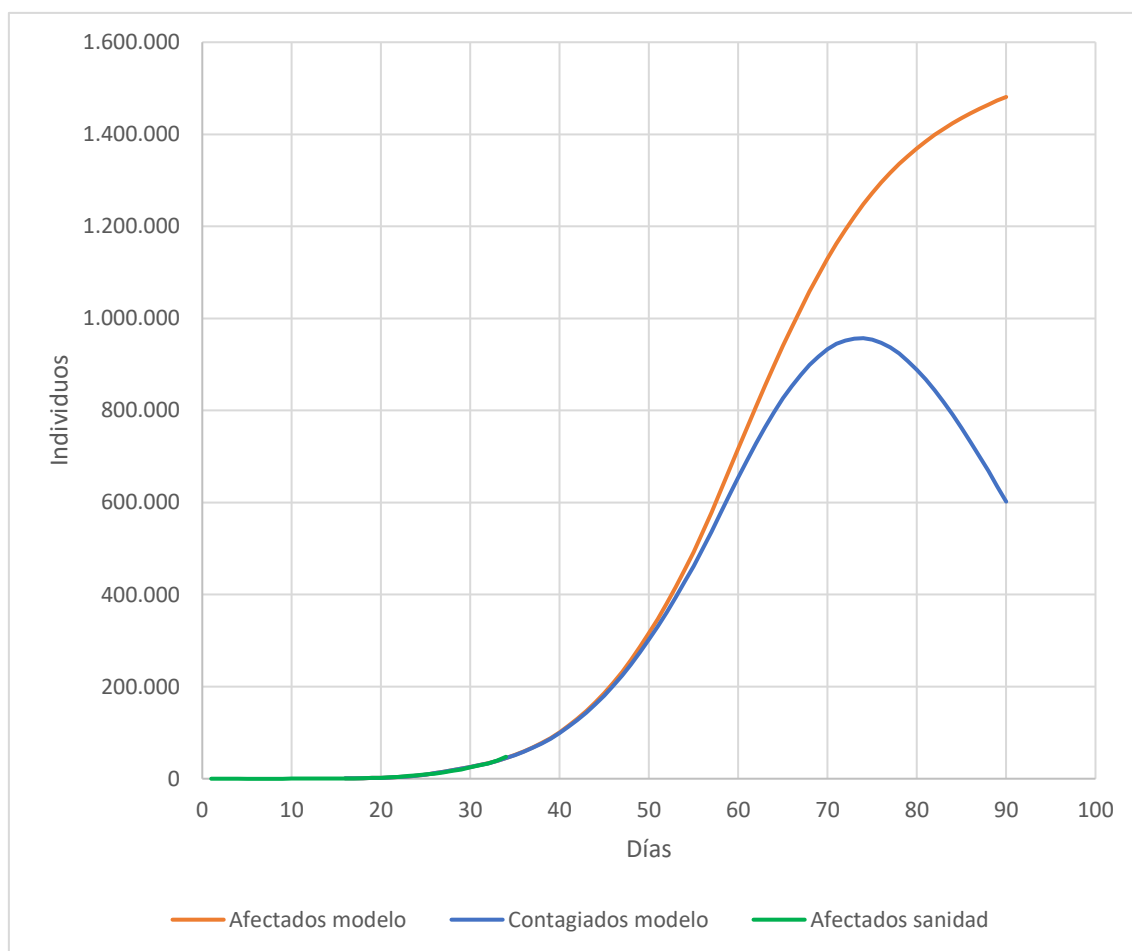


Figura 17. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones.

Desplazamiento	Escala	SEC	N	SEC/N	Máximo Contagiados	Máximo Afectados
16	92	21.912.565	19	1.153.293	957.064	1.248.113

Tabla 4. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones.

Los resultados de la tabla 4 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 habría sido cercano al millón y en ese momento los afectados sumarían más de 1.250.000 personas. Estos resultados hay que tomarlos con mucha precaución porque es una extrapolación a larga distancia. Como puede verse en

la figura 5, 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 18 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 reduce la movilidad a la mitad y el número de clúster a una quinta parte, ambas cosas de forma indefinida.

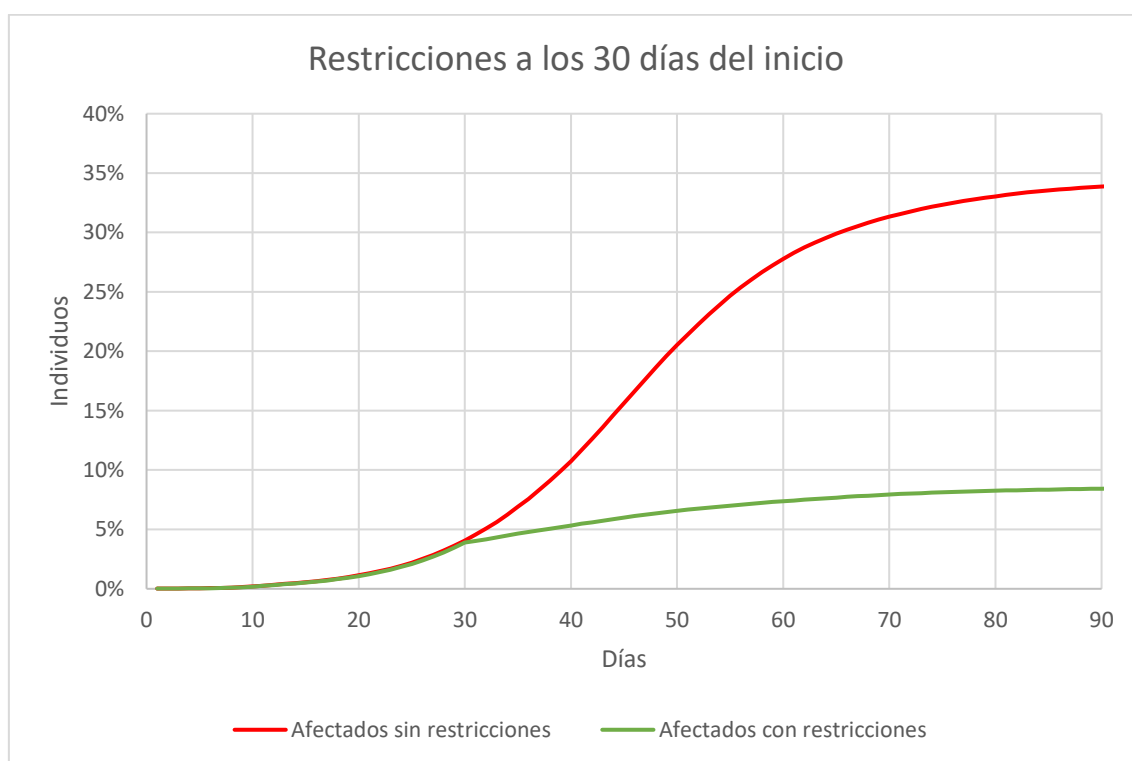


Figura 18. Resultados del modelo con restricciones indefinidas a partir de los 30 días de inicio de la epidemia.

Los resultados del calibrado del modelo para el período a partir del 24 de marzo (incluido) se muestra en la figura 19 y la tabla 5.

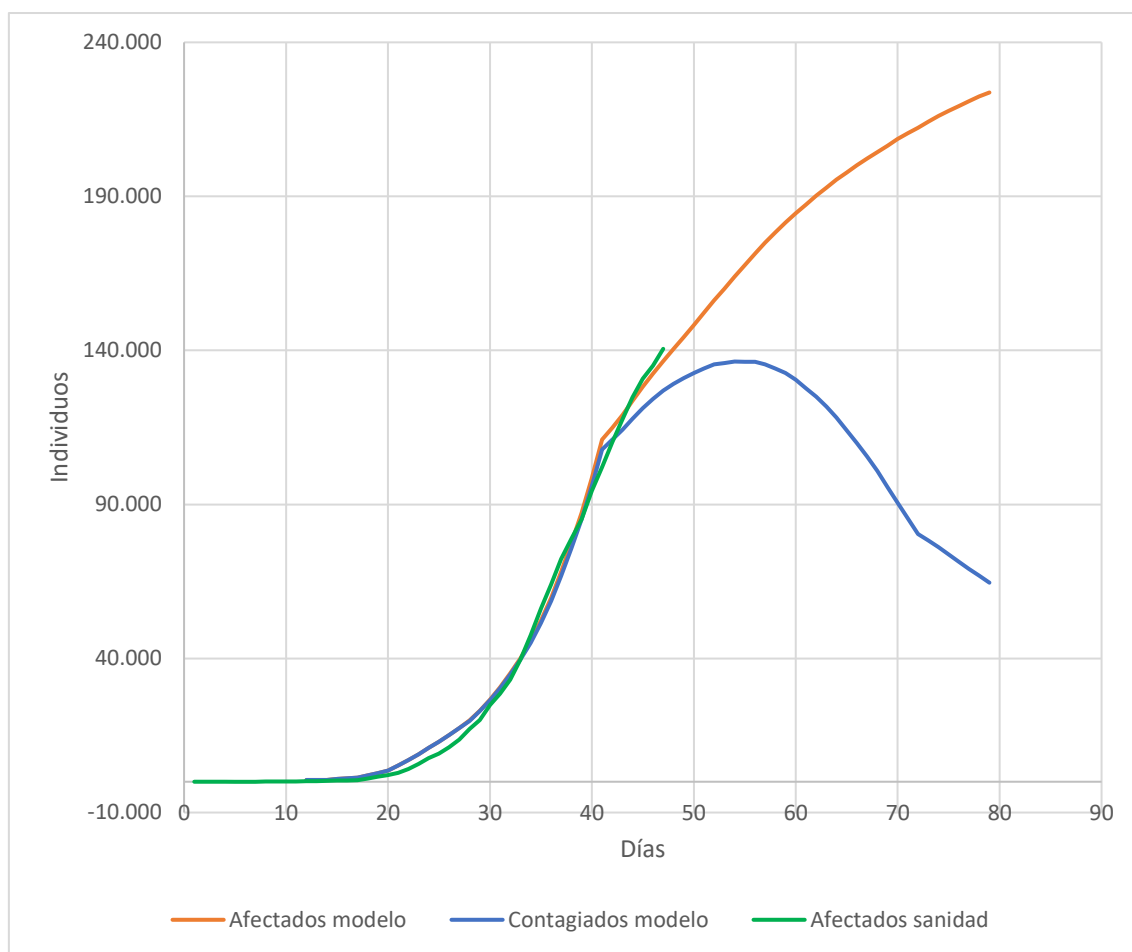


Figura 19. Predicciones del modelo calibrado con el período con restricciones.

Desplazamiento	Escala	SEC	N	SEC/N	Máximo Contagiados	Máximo Afectados
12	61	190.808.560	13	14.677.582	135.749	163.203

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

Estos resultados apuntan a que antes de 10 días se habrá llegado al máximo de contagiados simultáneamente (los que precisan de los servicios sanitarios) con 163.000 afectados (el 6 de abril eran 140.510). Según la evolución de los datos reales sabremos si hemos puesto al modelo unas restricciones demasiado exigentes o lo contrario.

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 clusters, 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.

4. 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 farmacéuticas.

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, el 35% de la figura 7.

La figura 13 muestra que una vez eliminadas las restricciones, el número de afectados termina alcanzando al que se habría producido sin las mismas, esto significa que aunque el número de afectados, de acuerdo con el modelo calibrado, llegará a los 160.000 dentro de 9 días gracias a las restricciones, a medio y largo plazo puede superar el millón que se obtiene al calibrar el modelo sin restricciones (figura 17).

La única regla para saber si la epidemia está controlada es que el incremento de afectados (nuevos casos) no supere el número de curados más muertes, sin olvidar homogeneizar fechas (los casos nuevos que se registran son infecciones de días atrás).

El modelo “calibrado” para el periodo sin restricciones proporciona unas cifras máximas de crecimiento diario de los afectados. Cuando el número de curados (altas) más muertes, sumen más que esos valores máximos, la eliminación total de restricciones no debería hacer que el número de contagiados crezca.

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