

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 tres 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, que 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 Contagio	Días Duración	% Curación	Num. Pasos		% Población	Individuos cluster
	Min	Max				Min	Max		
nene	0	4	2	30	100	70	90	4	40
menor	5	19	4	30	100	80	120	15	60
adulto	20	64	30	30	98	80	120	62	100
jubilado	65	69	4500	30	85	80	120	5	50
mayor	70	150	2000	30	70	20	30	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 screenshot shows a complex interface for setting simulation parameters. It includes checkboxes for 'mostrar recorridos', 'Puntos gordos', and 'Salvar imágenes'. There are numerous input fields for initial conditions (e.g., 'Inmunes iniciales', 'Focos iniciales'), probabilities (e.g., '% Probabilidad contagio', '% Probabilidad recontagio'), and other parameters (e.g., 'Días de incubación', '% Hospitalización'). A 'Simula' button is visible at the bottom right.

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.

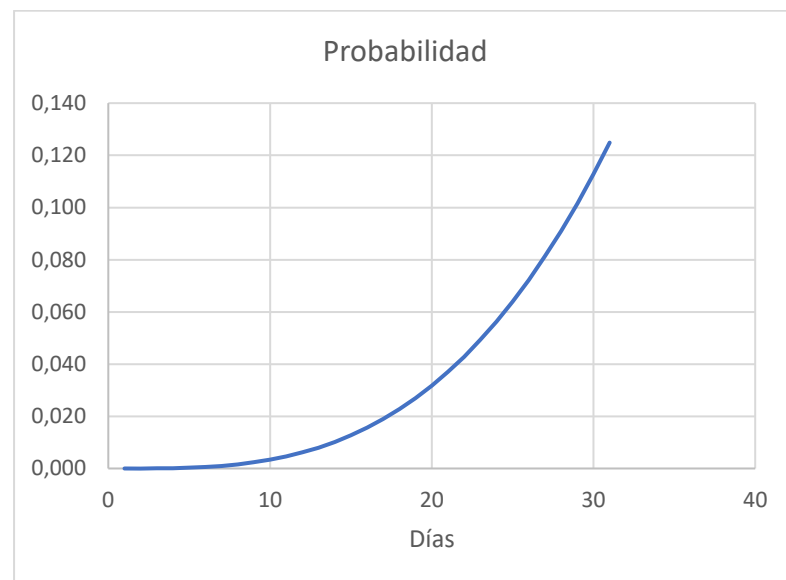


Figura 3. Probabilidad de que termine la infección según el número de días infectado, para una duración máxima de la infección de 30 días. El valor acumulado de los valores de los 30 días suma 1.

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 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 R0. 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).

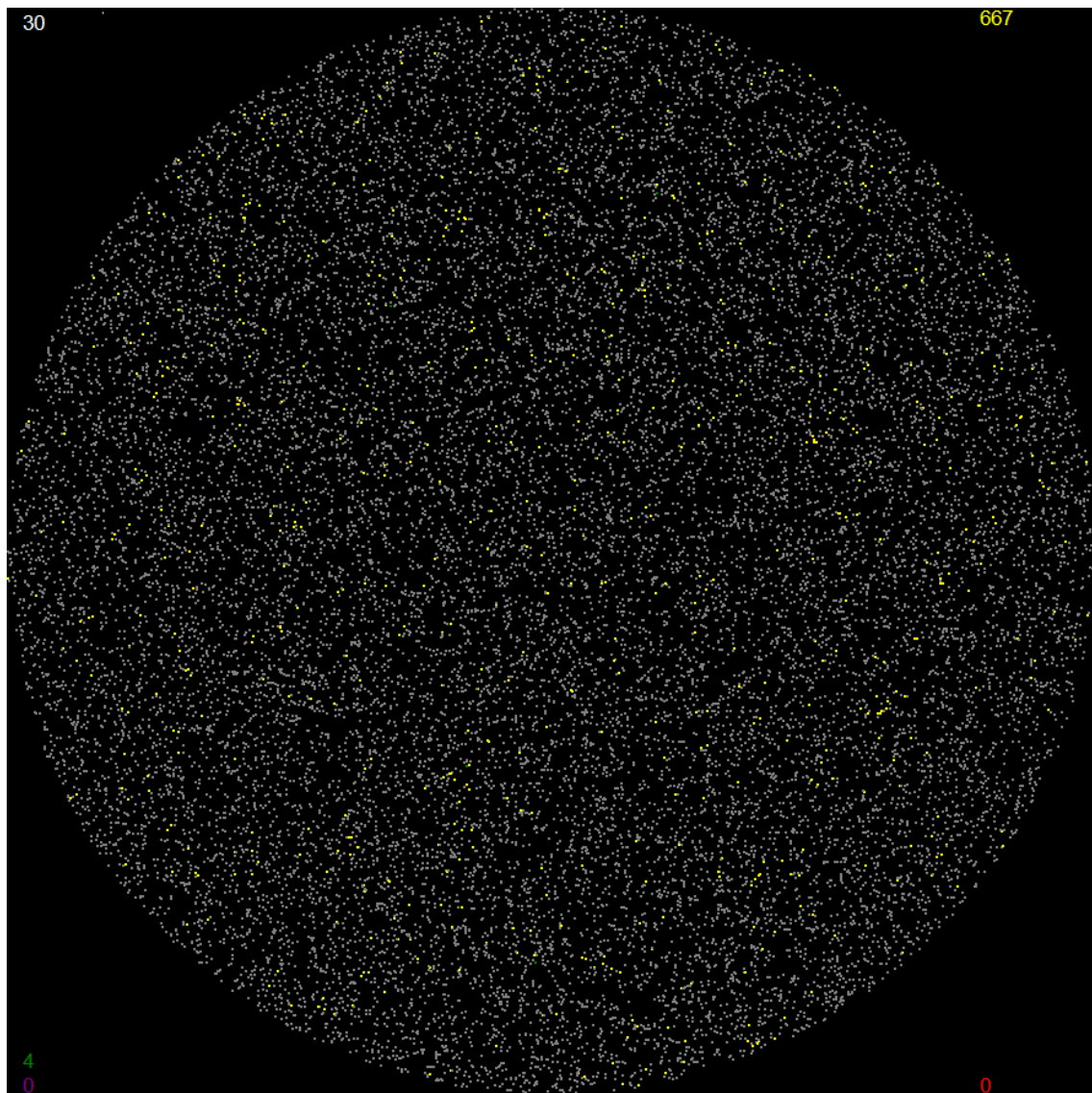


Figura 4. Grafica después de 30 días de simulación.

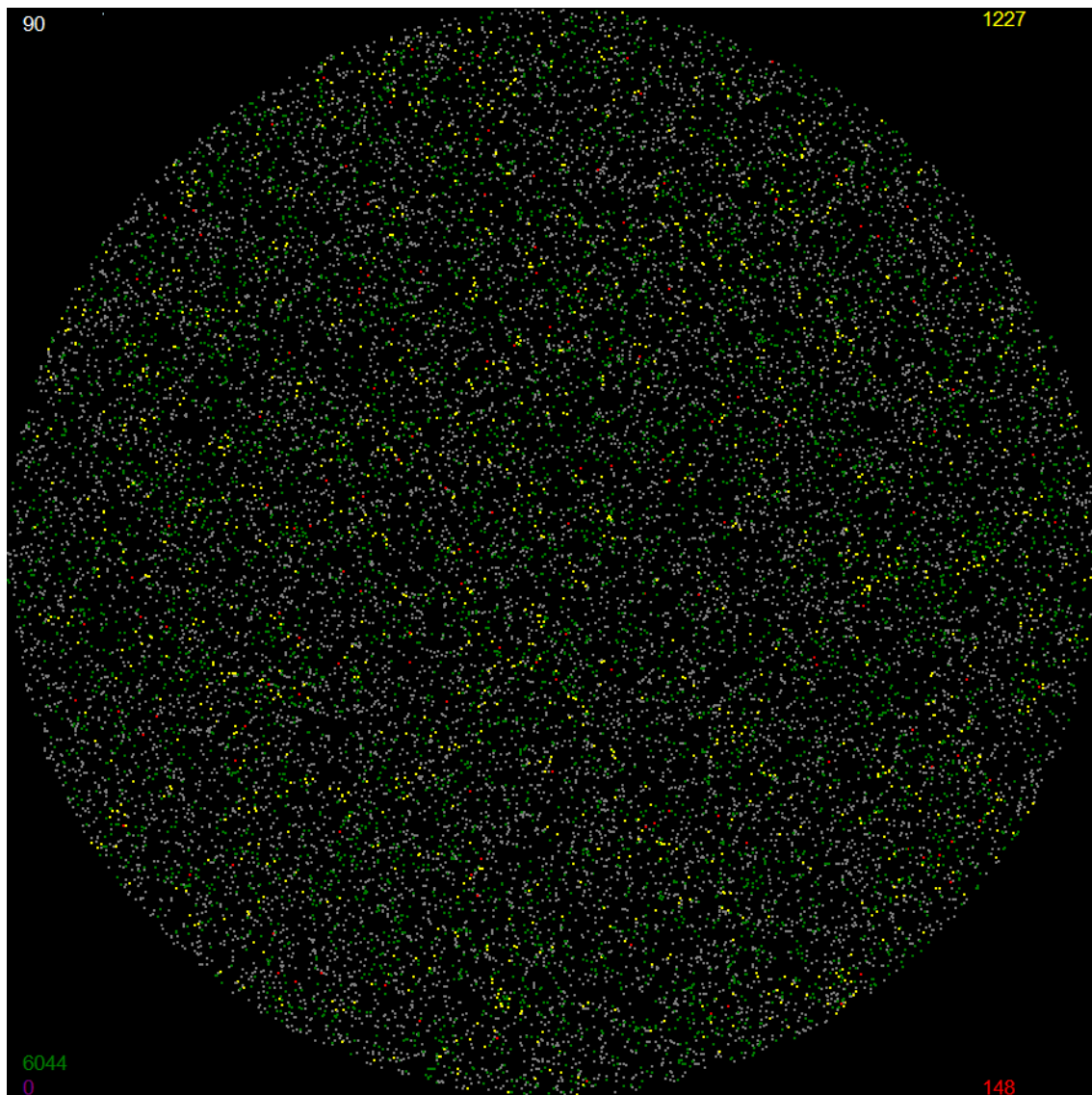


Figura 5. Grafica después de 90 días de simulación.

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 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.

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.

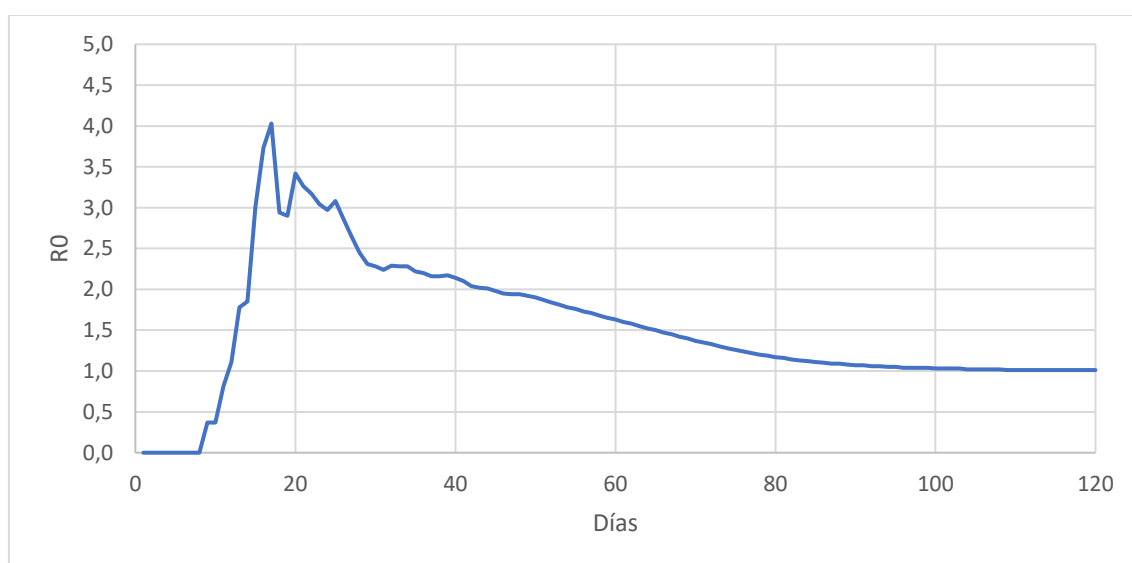


Figura 6. Evolución del R_0 que se desprende de la simulación con el paso del tiempo.

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 a partir de informe número 22 del Centro Nacional de epidemiología de 13 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	%	% Curación	
					CNE	Ajustado
nene	0 a 9	232	4	1,72%	98,28%	100%
menor	10 a 19	303	0	0,00%	100,00%	100%
adulto	20 a 59	54.891	400	0,73%	99,27%	98%
jubilado	60 a 69	18.801	795	4,23%	95,77%	85%
	Mas de					
mayor	70	38.755	7.444	19,21%	80,79%	70%
		112.982	8.643	7,65%	92,35%	

Grupo	% Población		Pob INE	Contagio Movilidad
	Infectada	% INE		
nene	0,21%	4%	4.519	2%
menor	0,27%	15%	16.947	4%
adulto	48,58%	62%	70.049	30%
jubilado	16,64%	5%	5.649	4500%
mayor	34,30%	14%	15.817	2000%
		100,00%	100,00%	112.982

Tabla 2. Probabilidad de curación y contagio para los distintos grupos de población, de acuerdo con el informe 22 del Centro Nacional de Epidemiología de 13 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	6%
Probabilidad de contagio en clúster	6%
Probabilidad base de recontagio	0%
Días de carencia para contagiar	3
Días de incubación	8
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 (varia con las restricciones)	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 (número de pasos) y el número de clusters. Las restricciones se establecen cuando ya han transcurrido 30 o 40 días desde la primera infección. La simulación de los días previos a las restricciones es la misma del escenario BASE. Las restricciones se imponen en dos periodos: el primero de 25 días reduciendo la movilidad un 25%, y los clusters de 123 a 49, a continuación se reduce indefinidamente la movilidad al 50% de lo normal y los clusters a 23.
- FIN DE RESTRICCIONES. Simulaciones eliminado las restricciones de movilidad a los 15 o 40 días de haberlas impuestas. 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 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.

BASE.

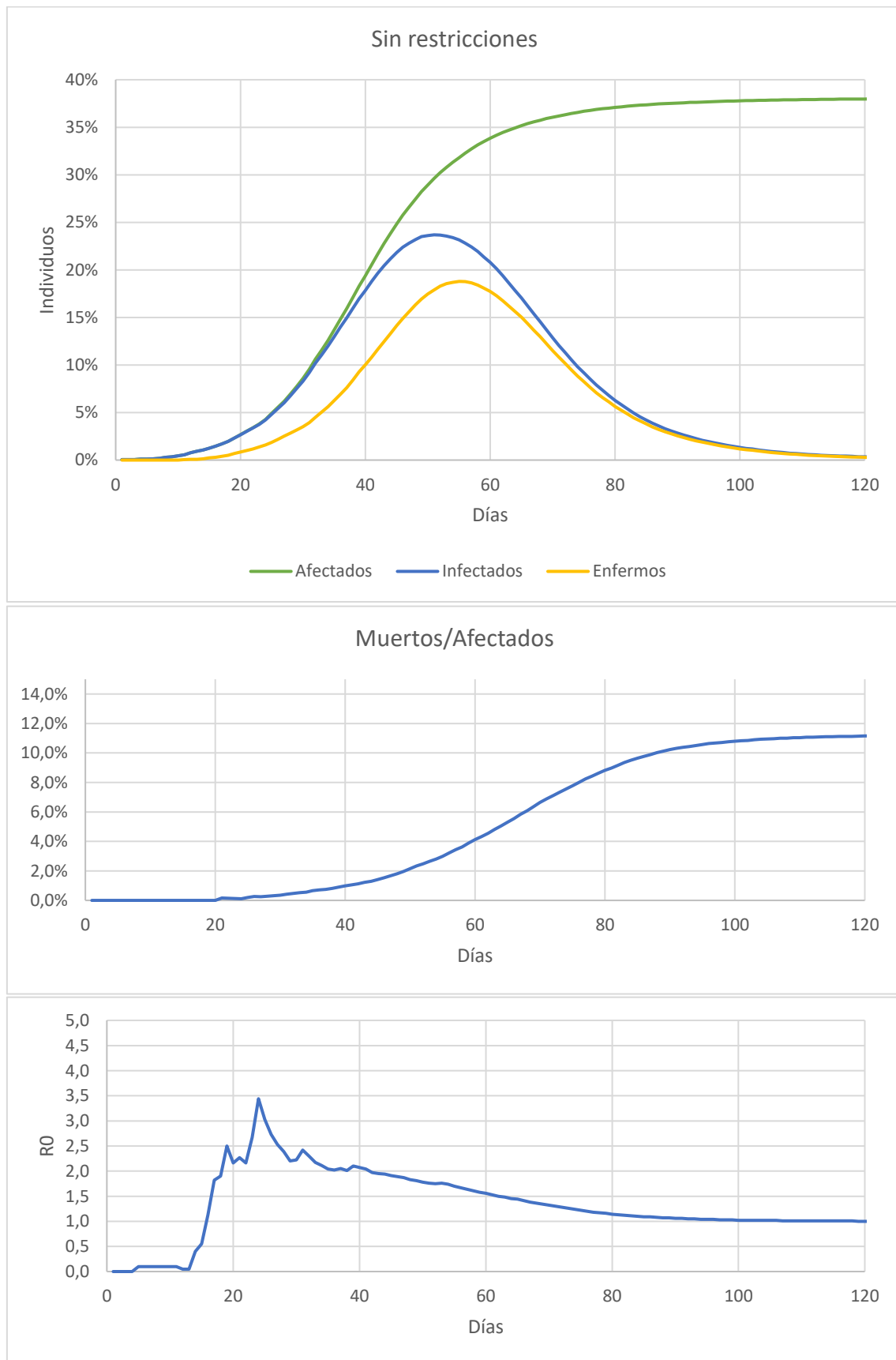


Figura 7. Resultados de la simulación BASE sin restricciones.

Al final de la simulación (figura 7) se ha visto afectada el 38% de la población y a los 56 días se presenta el máximo de individuos enfermos (que son el 19% de la población). Si todos los enfermos necesitasen atención del sistema de salud, con estas cifras 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.

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 figura 8, muestra los resultados del escenario BASE considerando un 90% de individuos asintomáticos. La punta de infectados se incrementa un 6% (pasa de 24% a 30%) y la de afectados un 16% (de 38% a 54%) respecto de la simulación BASE sin asintomáticos (figura 7). El número de enfermos se reduce el 90% por definición. La presencia de un porcentaje importante de asintomáticos dificulta el control de la epidemia pero permite que el sistema sanitario no colapse de inmediato.

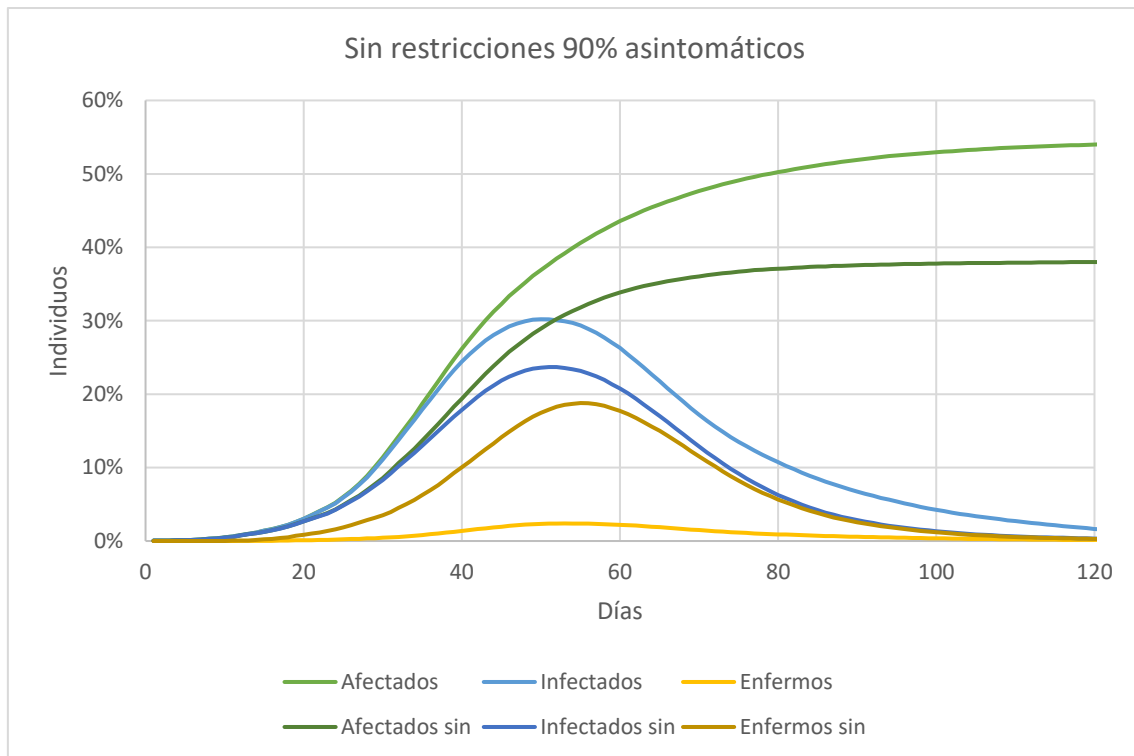


Figura 8. Simulación en el escenario BASE con un 90% de individuos asintomáticos.

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.

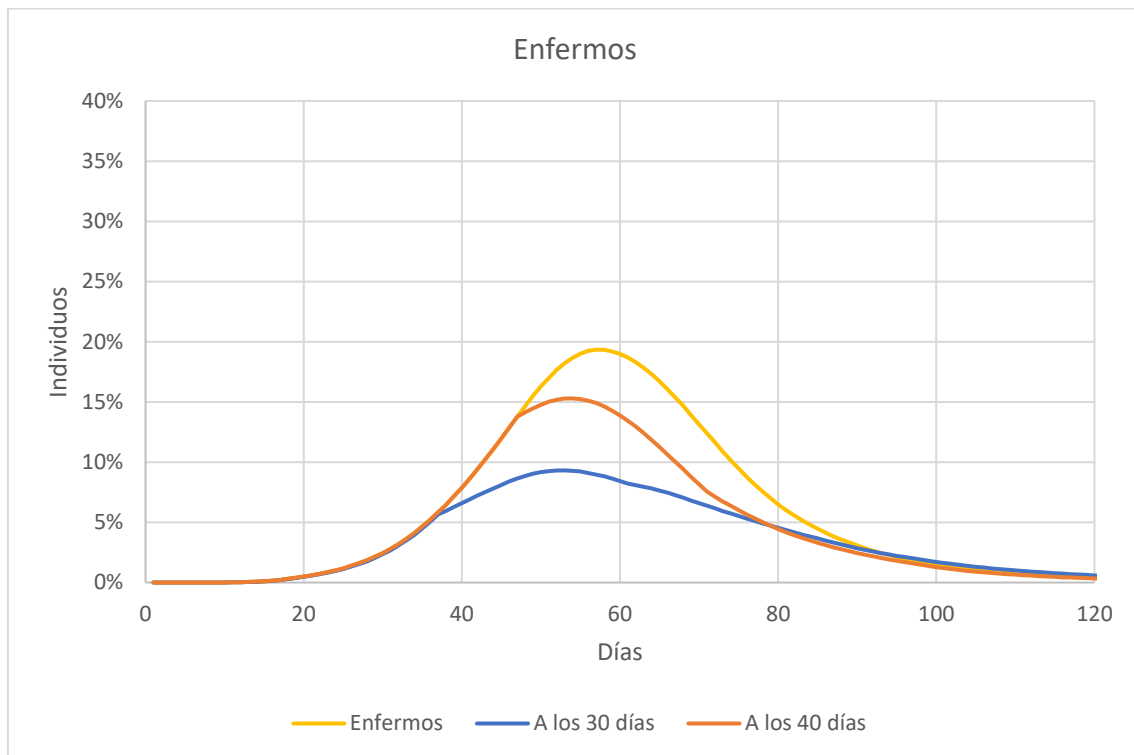


Figura 9. Enfermos. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente.

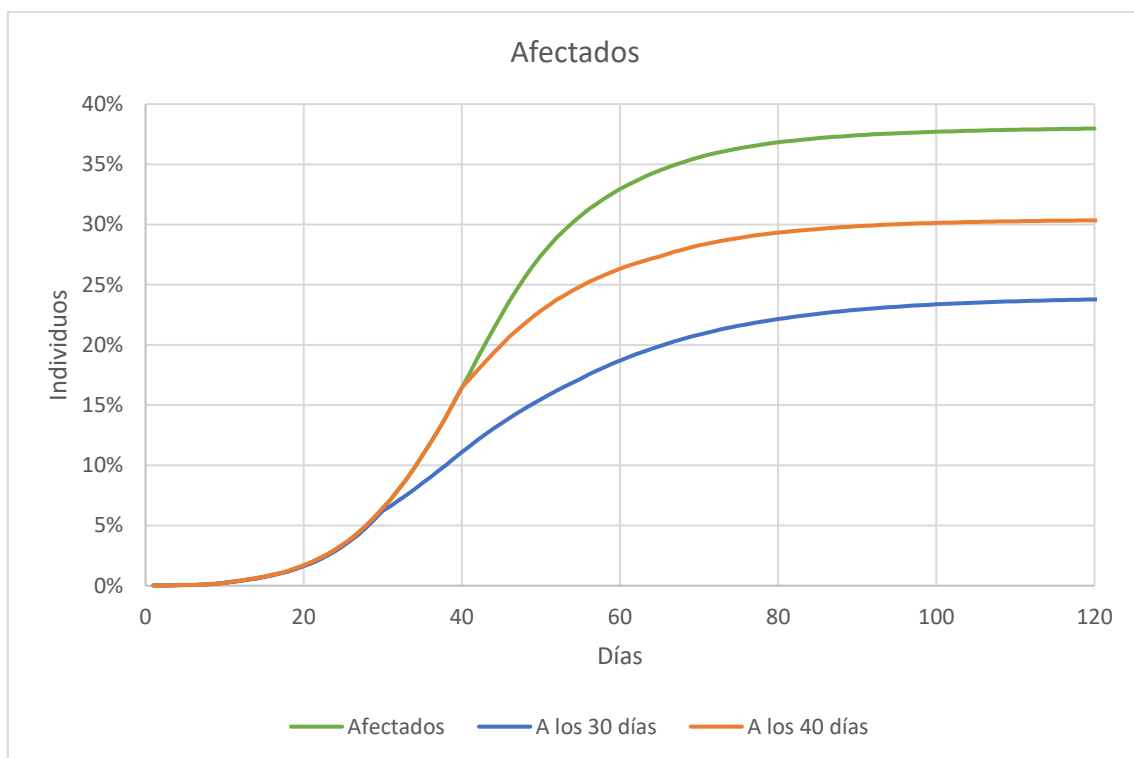


Figura 10. Afectados. Resultados de la simulación RESTRICCIONES con restricciones impuestas a los 30 o 40 días del inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente

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, el pico de enfermos se reduce del 19% al 11% y el de afectados en ese momento del 30% al 20%.

Retrasar la imposición de restricciones a los 40 días, en lugar de a los 30 (10 días de retraso), supone reducir el efecto a menos de la mitad: 16% de enfermos, 26% de afectados.

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. En primer lugar, las figuras 12 y 13, muestran la evolución teórica de la epidemia aplicando restricciones a los 30 días y viendo que ocurre si estas se eliminan pasados 15 o 55 días.

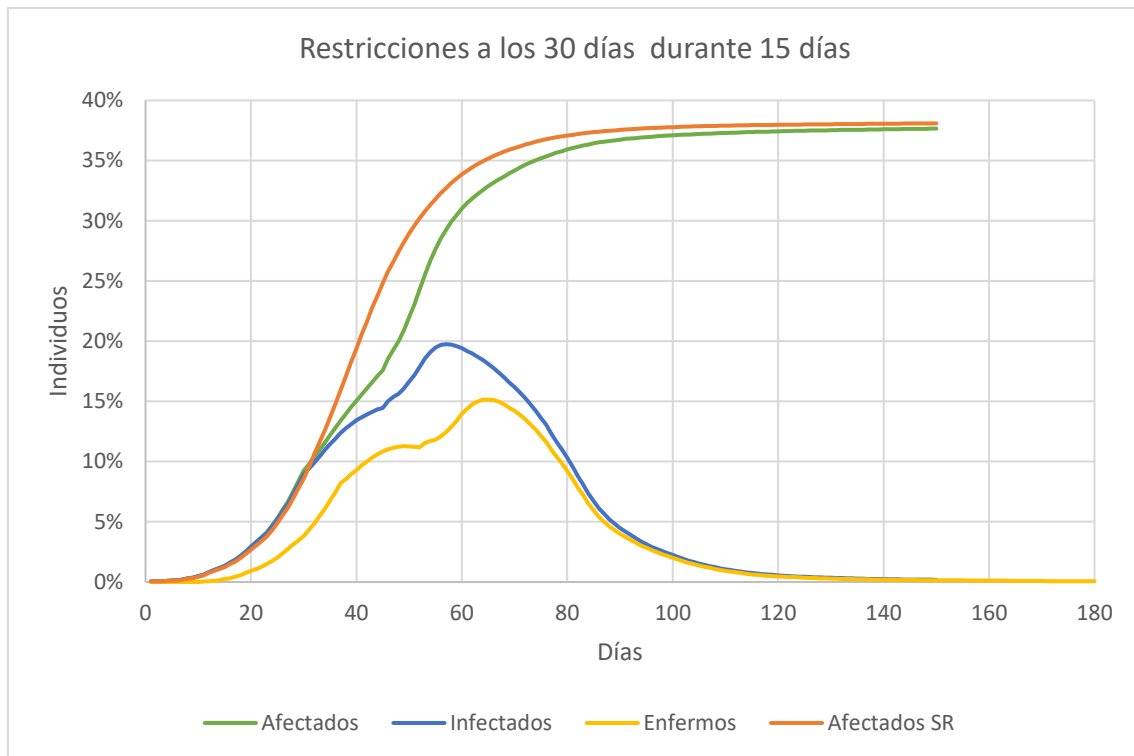


Figura 12. Evolución de la epidemia aplicando restricciones a los 30 días de su inicio que se eliminan después de 15 días en vigor.

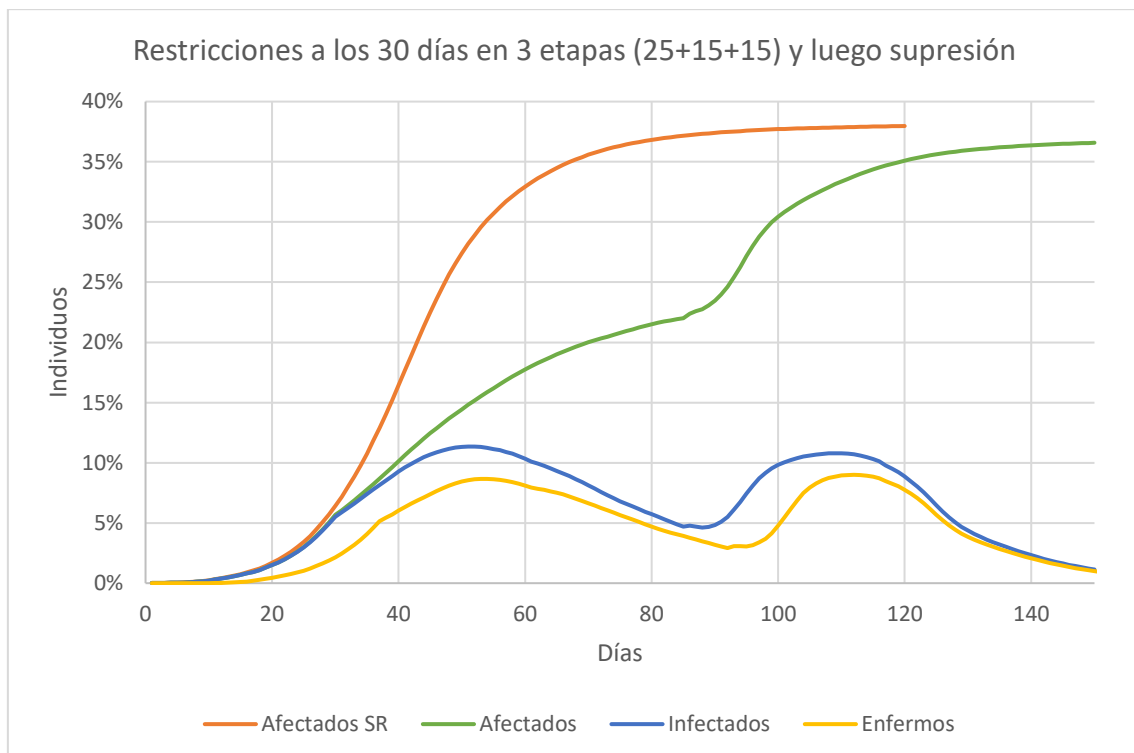


Figura 13. Evolución de la epidemia, aplicando restricciones a los 30 días en dos fases (25 días +15 días) y eliminándolas también en dos fases: reducción durante 15 días y supresión total.

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 14), 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 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.

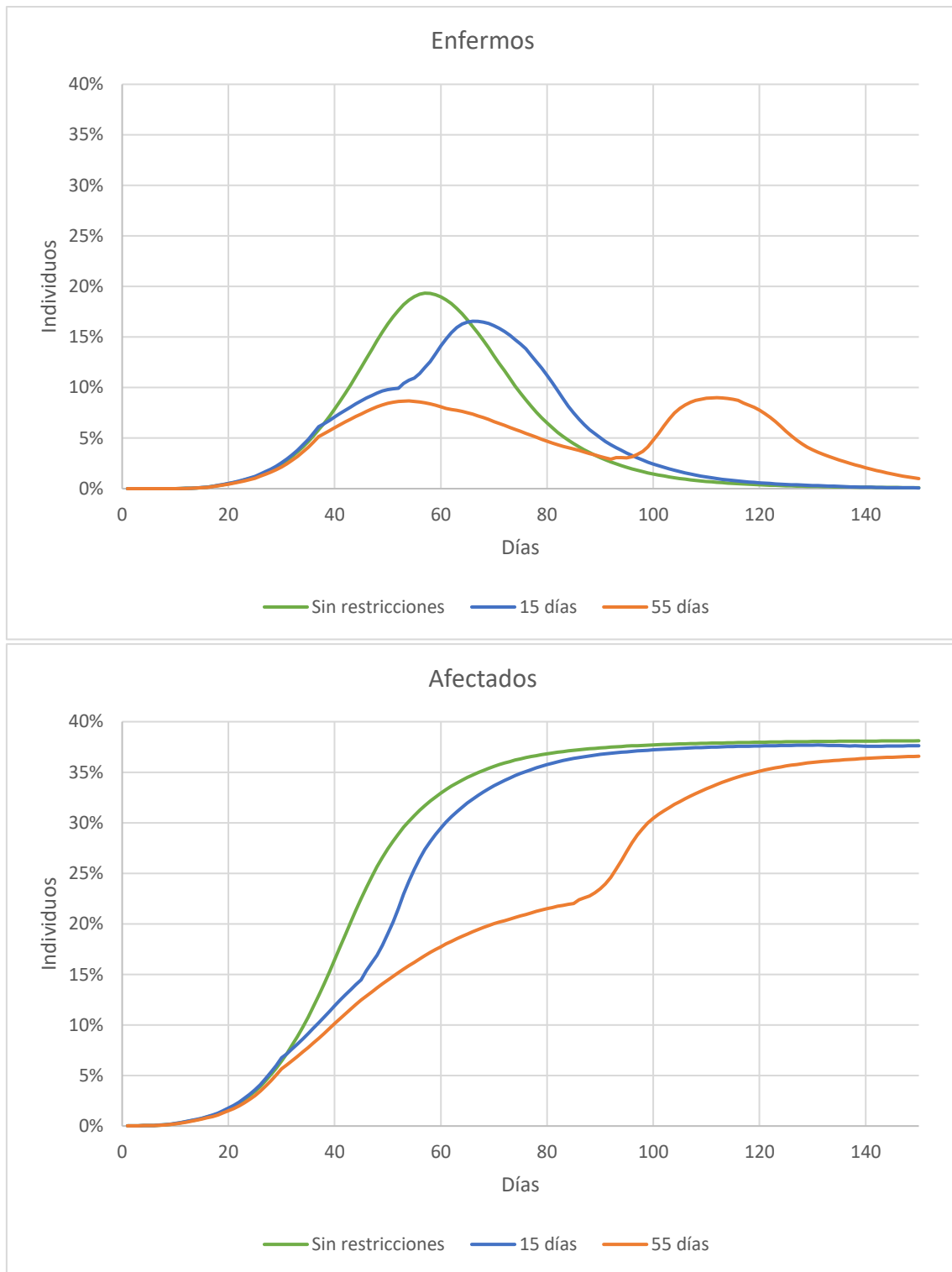


Figura 14. Evolución del número de enfermos y afectados imponiendo restricciones a los 30 días y eliminándolas a los 15 o 55 días.

Cuanto mayor sea la presencia de inmunizados menos “rápida” tiene que ser la epidemia, esto se constata por el propio final de la epidemia. 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 16 se muestran los valores para los afectados (casos) hasta el 16 de abril



Figura 16. Evolución del número de afectados (casos) hasta el 16 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 17 muestra

los dos periodos con sus correspondientes ajustes por mínimos cuadrados. Las tendencias son claramente diferentes y la extrapolación es manifiestamente divergente.

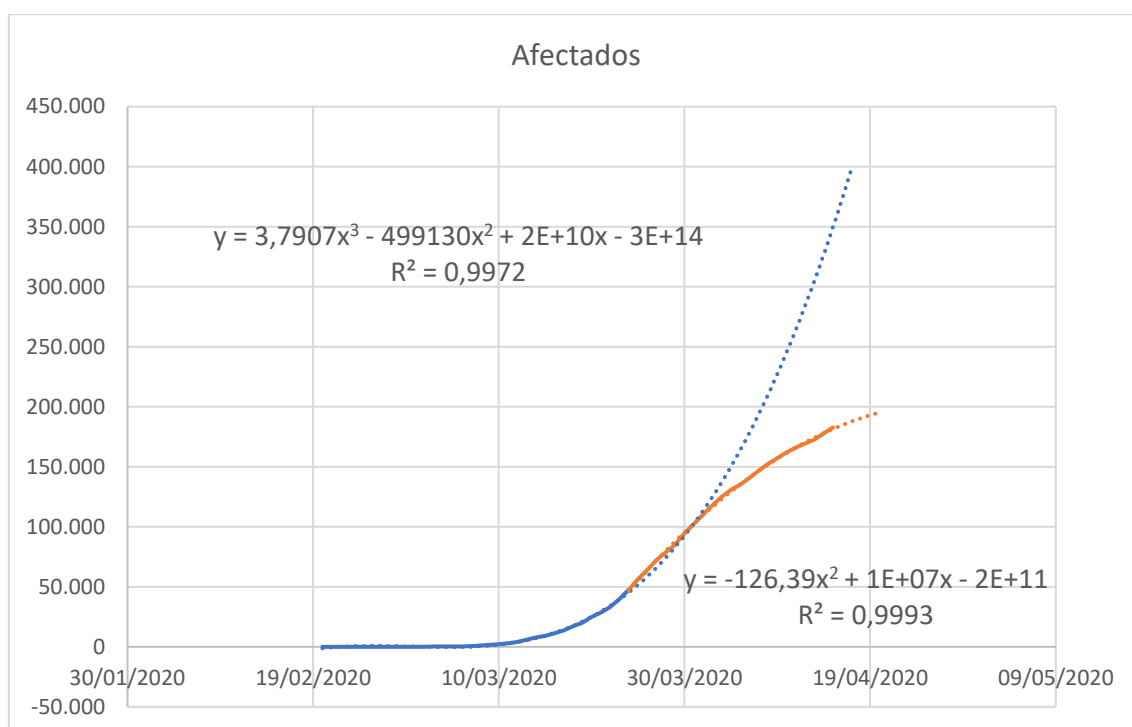


Figura 17. Cambio de tendencia en los datos reales del número de afectados a partir del día 24 de marzo.

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. En cualquier caso, es imprescindible imponer al modelo unas restricciones aunque sean aproximadas.

En primer lugar hemos procedido a ajustar las curvas real y simulada (sin restricciones, figura 7) con los datos previos al 24 de marzo y obtenido los resultados de la figura 18 y tabla 4. Los ajustes se hacen sólo con la curva de afectados, 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).

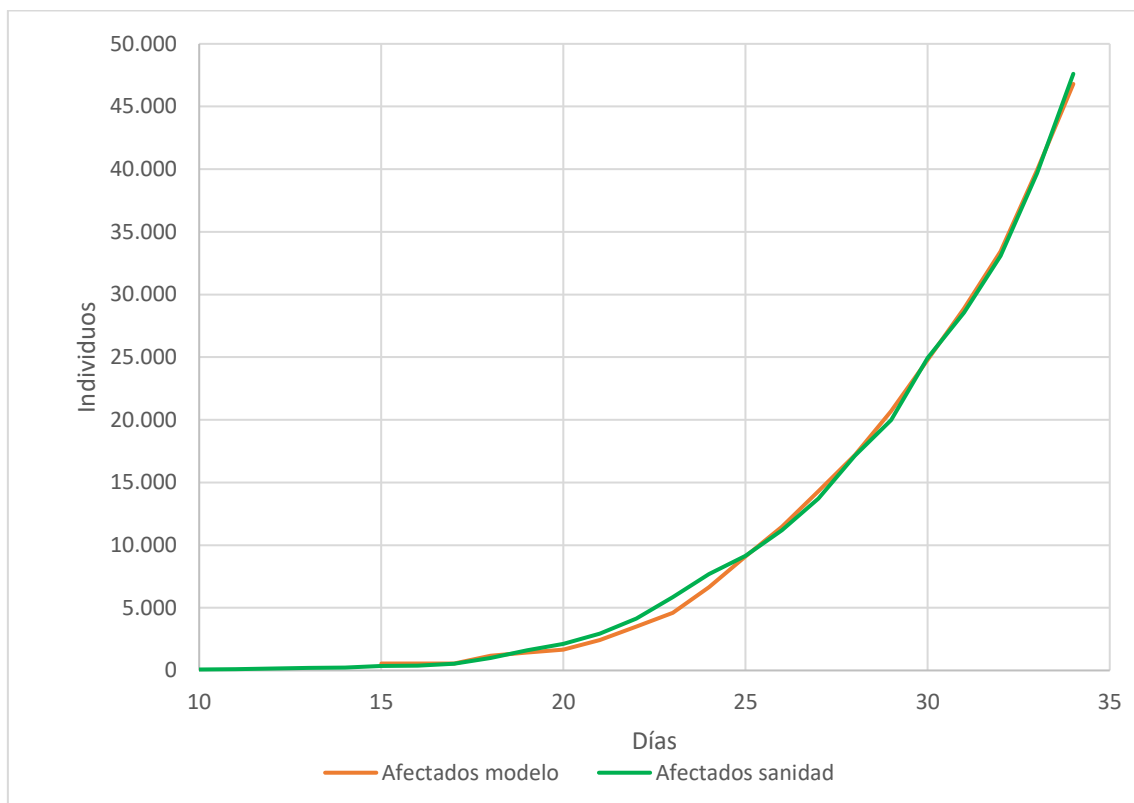
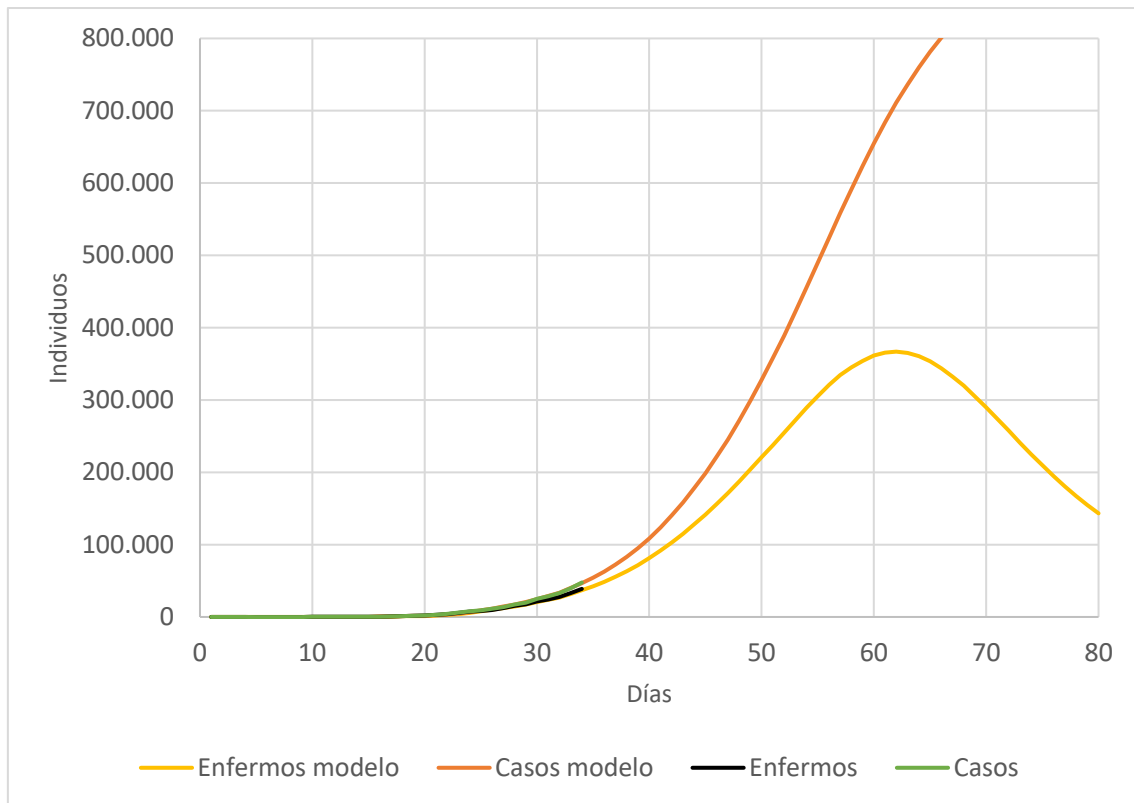


Figura 18. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones. La figura inferior es el detalle de la superior en el periodo que ha servido para el ajuste.

Desplazamiento		SEC	N	SEC/N	Máximo		Falta
Origen	Escala				Enfermos	Casos	Al pico
	15	55,5	5.497.051	20	274.853	366.886	711.258
							28 días

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 (enfermos) habría sido algo más de 350.000 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.

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.

En todo caso, 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 19 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 en un 25% (a las tres cuartas partes), el número de clusters de 123 a 49 y después de 25 días se incrementan las restricciones, reduciendo la movilidad al 50% de lo normal y los clusters a 23, ambas cosas de forma indefinida.

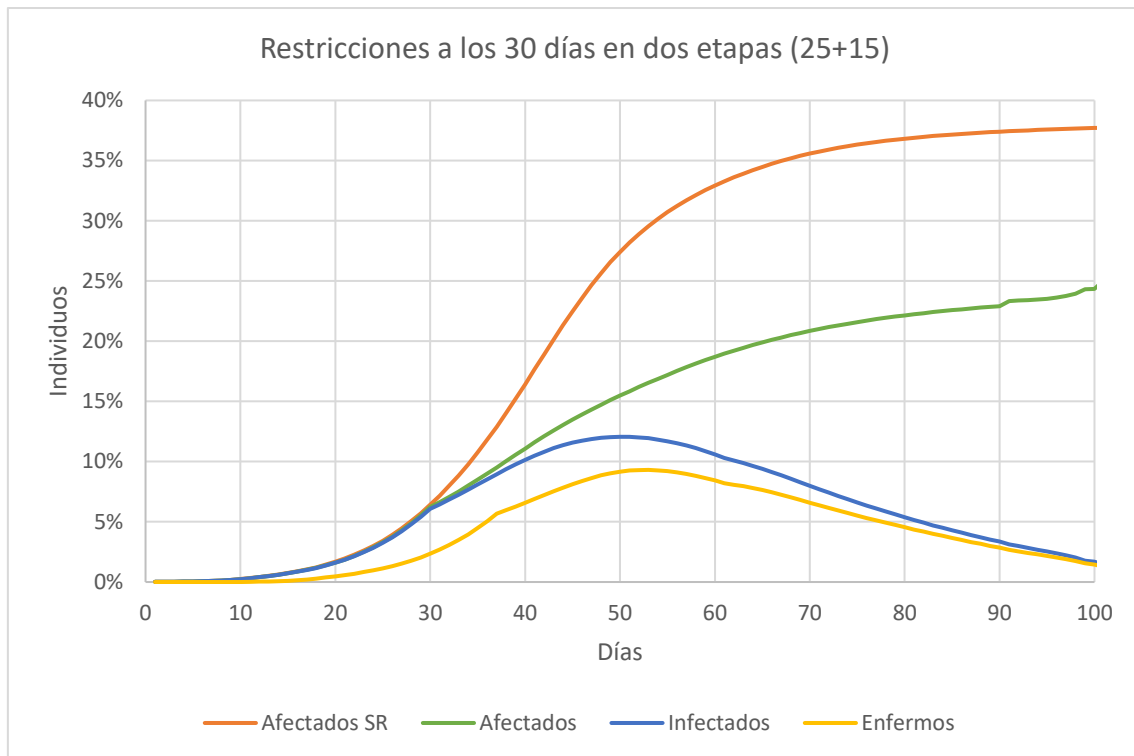


Figura 19. Resultados del modelo con restricciones en dos etapas a partir de los 30 días de inicio de la epidemia y mantenidas indefinidamente.

Los resultados del calibrado del modelo para el período a partir del 24 de marzo (incluido) se muestra en la figura 20 y la tabla 5.

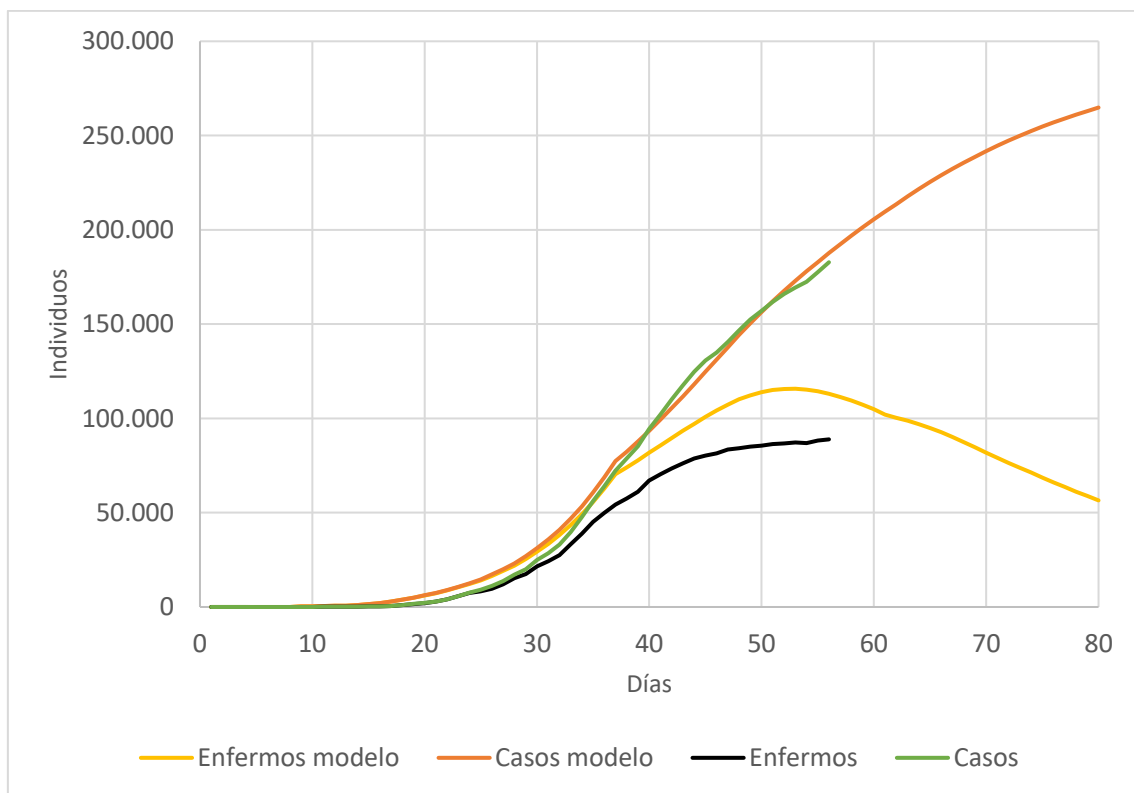


Figura 20. Predicciones del modelo calibrado con el período con restricciones.

Desplazamiento					Máximo		Falta
Origen	Escala	SEC	N	SEC/N	Enfermos	Casos	Al pico
	8	24.9	371.398.570	22	16.881.753	115.736	172.945
							-2

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

Los resultados del modelo calibrado indican que hace 2 días se alcanzó el máximo de enfermos (los que precisan de los servicios sanitarios) con 116.000 enfermos, los datos de sanidad hoy, 16 de abril, son 89.000 enfermo y muy cerca del pico, esta diferencia se debe, principalmente, a que el número de curaciones y muertes del modelo es inferior al registrado. Para unos resultados más precisos habría que incrementar la probabilidad de muerte que se usa como parámetro 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 como la de afectados, las registradas por sanidad son cóncavas.

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.

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, 13 y 14).

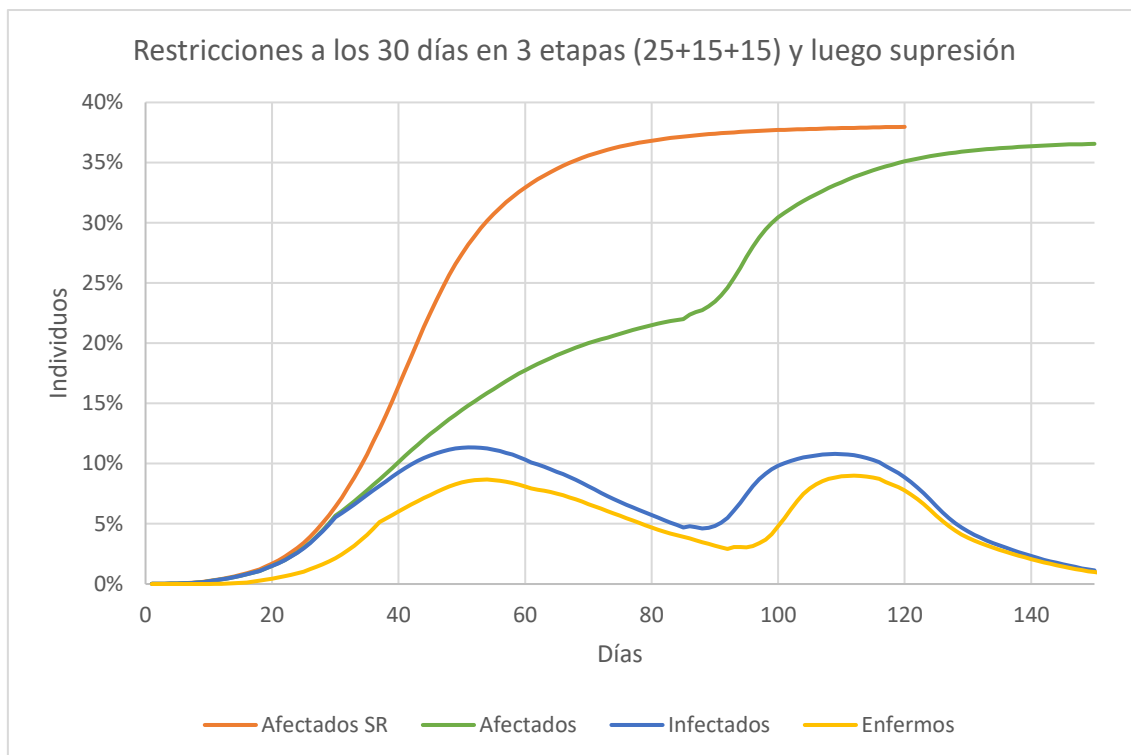


Figura 21. Ciclo completo de la epidemia con restricciones que tras un periodo (25+15+15) se suprimen.

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, el 38% de la figura 7.

La figura 14 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 enfermos, de acuerdo con el modelo calibrado, es de 116.000 en el pico (gracias a las restricciones), a medio y largo plazo puede superar los 366.000 que se obtiene al calibrar el modelo sin restricciones (figura 18).

La regla para saber si la epidemia está controlada es que el incremento de afectados (nuevos casos) no supere el número de curados más muertes.

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

6. Asintomáticos.

Con los datos disponibles parece claro que una parte muy importante de la población padece la enfermedad de forma muy leve incluso asintomática. Hasta ahora, la estrategia de modelización ha sido simular la epidemia sin tener esto en cuenta para luego escalar la población realmente afectada mediante el proceso de calibrado.

Esta aproximación no tiene en cuenta el efecto en la propagación de la enfermedad que supone la existencia de una parte muy importante de la población que al no presentar síntomas no es aislada. Esto supone que su capacidad de contagiar a otros no disminuye y acelera la propagación de la epidemia.

Para tenerlo en cuenta, se ha añadido una nueva característica a los grupos de población: la gravedad de la enfermedad. Esta propiedad representa la probabilidad de que un individuo infectado se vea afectado suficientemente para necesitar de los servicios de salud.

En las simulaciones anteriores, se consideraba que los distintos grupos de población tenían una probabilidad de contagiarse distinta de forma que los resultados en cuanto a infecciones por grupo fuesen similares a los registrados por el CNE. Ahora, suponemos que todos los individuos tienen la misma probabilidad de contagiarse pero la enfermedad es más grave en unos grupos que en otros, por ejemplo, en niños y jóvenes la probabilidad de enfermar gravemente es prácticamente nula mientras que en personas mayores es del orden del 20%.

De esta forma se simula la propagación de una forma más precisa (al considerar a todos los individuos con su papel en la transmisión) a la vez que se obtiene la evolución de los afectados gravemente que son los comparables a los registros del sistema sanitario.

Para hacer las simulaciones hay que fijar de antemano la probabilidad de enfermar gravemente para cada grupo de población. Los informes del CNE son una guía en términos relativos entre grupos pero el nivel absoluto lo debe establecer el número de afectados, unos 200.000 en el momento actual, frente a los 47.000.000 de la población en España, esto representa menos del 0,5% y supone una dificultad para la realización práctica de la simulación. Simulando una muestra de 50.000 individuos el número de afectados gravemente sería de 250 individuos que no tiene suficiente entidad estadística. Además el 0,5% de afectados en la actualidad no es el que habrá al terminar la epidemia.

La solución adoptada ha sido suponer que enferman gravemente el 5% de los infectados, en la práctica ha sido del 6% porque las simulaciones tardan mucho tiempo y ajustar los resultados a exactamente el 5% habría requerido repetir simulaciones y un 6% es tan bueno como un 5%.

Los parámetros utilizados se resumen en las tablas 6 y 7

Grupo	Edad		%	% Factor	Días	%	Núm.Pasos		%	%	Individuos
	Min	Max	Gravedad	Contagio	Duración	Curación	Min	Max	Individuos	clusters	cluster
nene	0	4	0,1	100	30	100	80	120	4	4	40
menor	5	19	0,02	100	30	100	80	120	15	15	70
adulto	20	64	5	100	30	99	80	120	62	62	100
jubilado	65	69	20	100	30	94	80	120	5	5	70
mayor	70	150	20	100	30	83	10	20	14	14	20

Tabla 6. Características de los grupos de población.

Número de individuos	50.000
Radio de la población	2.694
Número de focos iniciales	10
Probabilidad base de contagio de proximidad	2%
Probabilidad de contagio en clúster	2%
Probabilidad base de re-contagio	0%
Días de carencia para contagiar	3
Días de incubación	8
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 de la ecuación de probabilidad de finalizar la infección	3
Simulaciones promediadas	30

Tabla 7. Parámetros

Las figuras 22 y 23 muestran los resultados de la simulación sin restricciones que nos servirá para estimar el nivel de afectados (casos) y enfermos al que se habría llegado sin el confinamiento y las figuras 24 y 25 la simulación con restricciones a los 30 días de inicio de la epidemia. Durante 25 días las restricciones reducen la movilidad un 25% (movilidad $\frac{3}{4}$), a continuación y durante 15 días se reduce la movilidad al 50% de la normal (movilidad $\frac{1}{2}$), siguen otros 15 días con reducción del 25% (como la primera de 25 días) para finalmente suprimir las restricciones. Esta simulación servirá para medir, en comparación con la primera, el efecto de las restricciones.

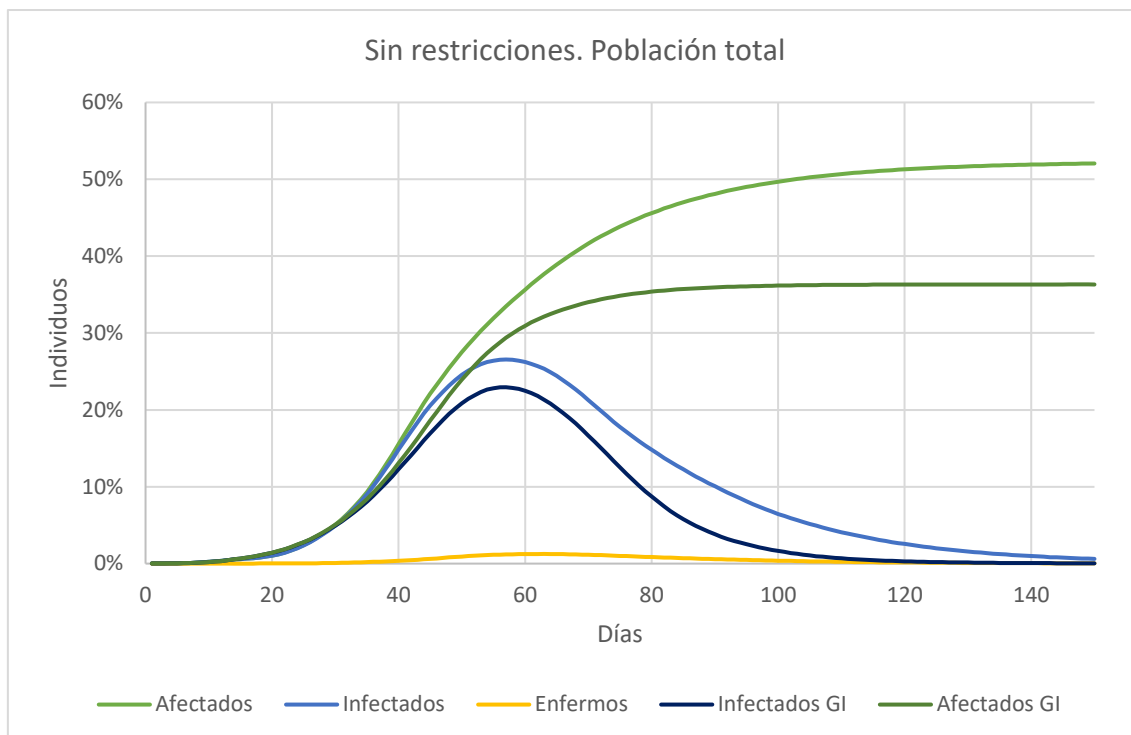


Figura 22. Simulación sin restricciones. Población total. Las líneas verde y azul no son observables en la realidad, se necesitaría hacer un test al 100% de la población todos los días. GI son los resultados obtenidos con el modelo anterior.

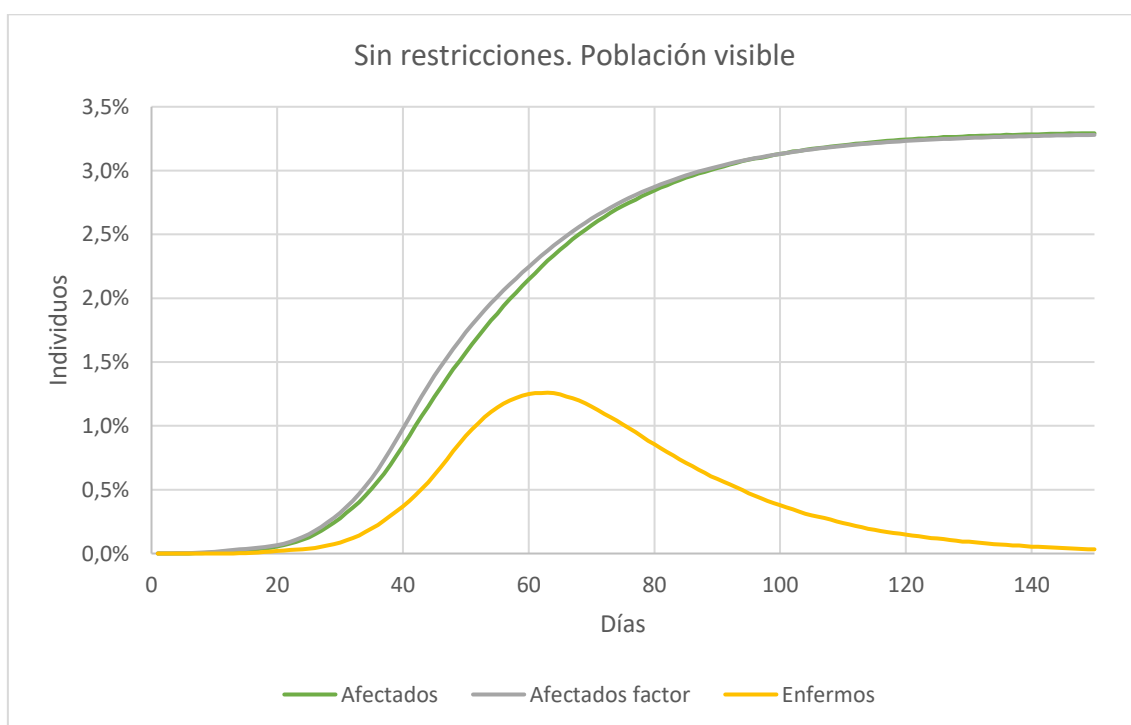


Figura 23. Simulación sin restricciones. Población que requiere del sistema de salud. La curva gris es una comprobación, es la que resulta de multiplicar los resultados del modelo para la población total afectada (curva verde de la figura 22) por 6% de individuos que enferman de gravedad y que como se ve prácticamente coincide con la población visible afectada.

Al comparar con los resultados del modelo anterior (GI en la figura) se observa que la epidemia afecta a un porcentaje sensiblemente superior de la población (52% en lugar del 36%), como tenía que ser. En el momento actual, cerca del pico de enfermos, la población afectada, de no haber habido restricciones, sería del orden del 35%, una tercera parte de la población.

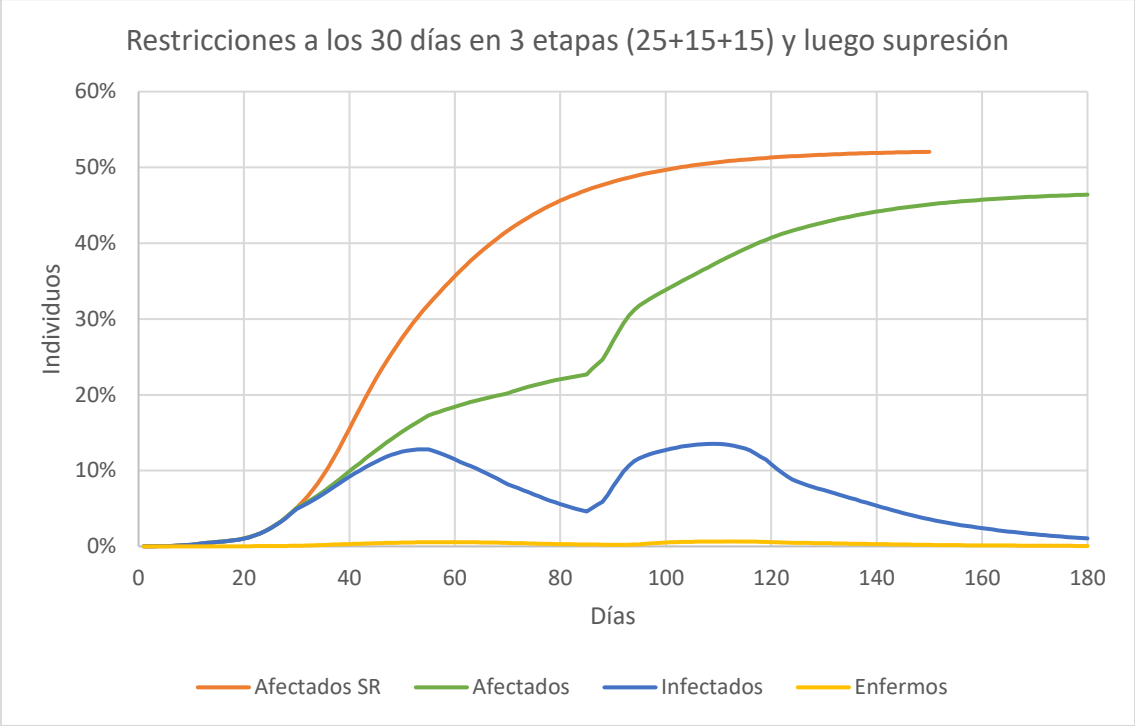


Figura 24. Simulación con restricciones durante un tiempo. Población total.

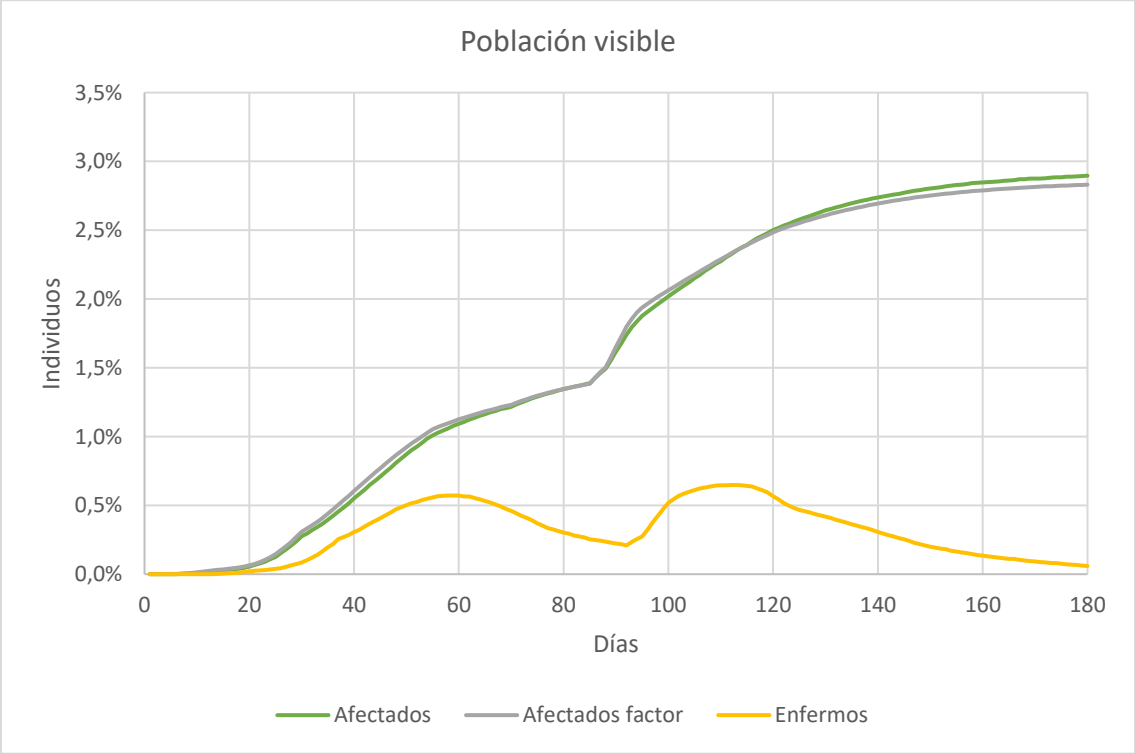


Figura 25. Simulación con restricciones durante un tiempo. Población visible.

Visualmente se aprecia que el número de afectados en estos momentos, gracias a las restricciones, se habría reducido al 20%. Pero para estimar el efecto vamos a emplear el mismo método utilizado con los resultados del modelo anterior, vamos a ajustar los resultados del modelo a los registrados en la realidad, desplazando el origen y aplicando un factor de escala a los resultados de la simulación.

La figura 26 y la tabla 8 muestran el resultado de calibrar el modelo sin restricciones.

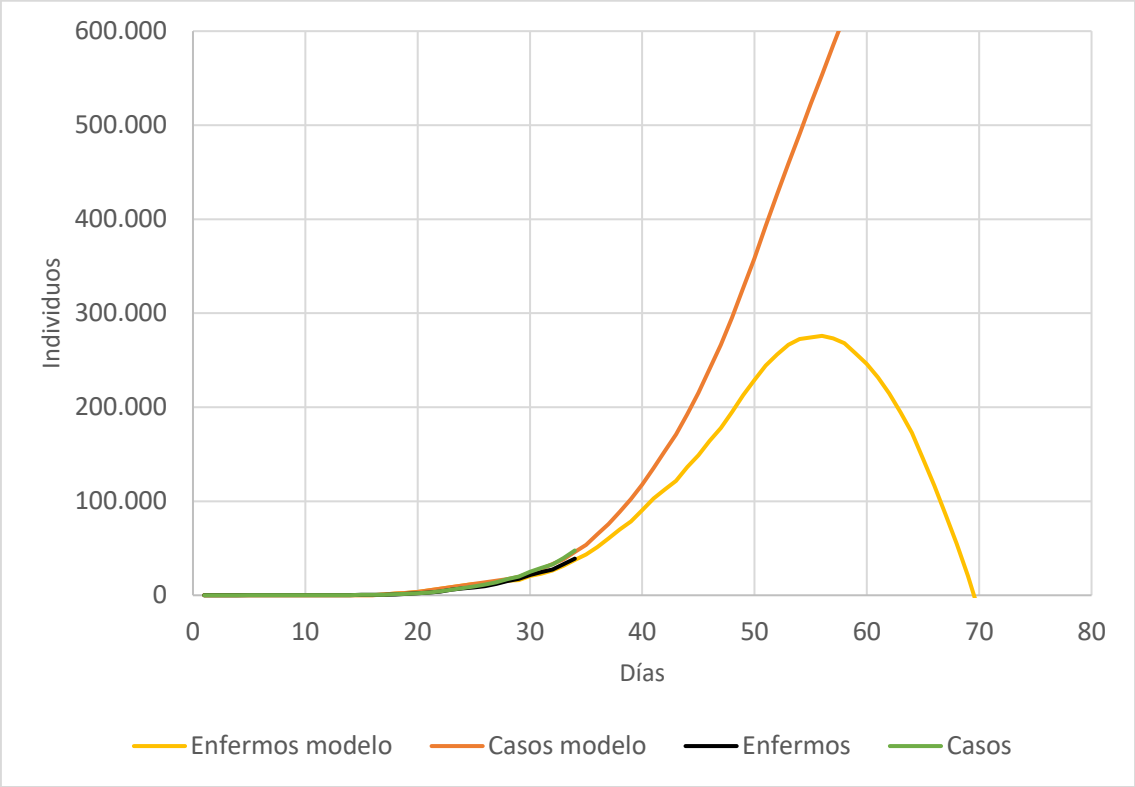


Figura 26. Modelo calibrado con el período sin restricciones.

Desplazamiento							Máximo
Origen	Escala	SEC	N	SEC/N		Enfermos	Casos
11	851,5	51.003.175	24	2.125.132		275.893	553.490

Tabla 8. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones.

Los resultados de calibrar el modelo con restricciones se muestran en las figuras 27 y tabla 9.

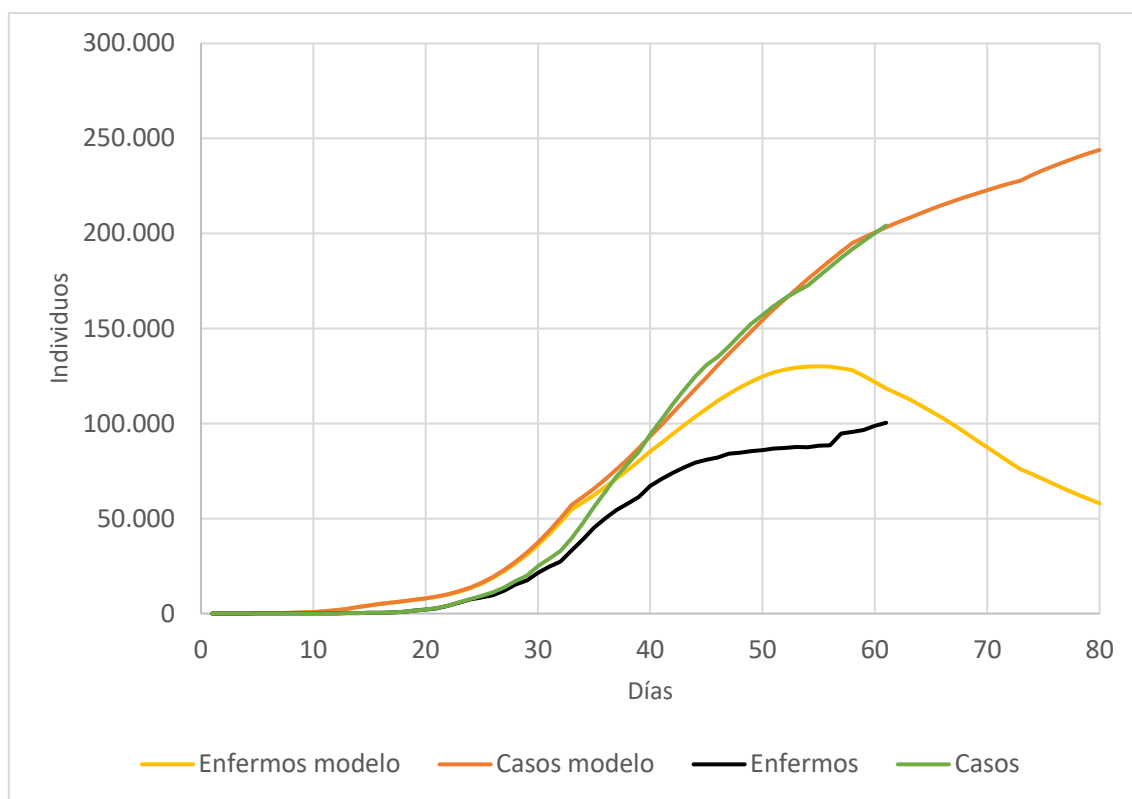


Figura 27. Predicciones del modelo calibrado con el período con restricciones.

Desplazamiento					Máximo	
Origen	Escala	SEC	N	SEC/N	Enfermos	Casos
4	22,6	628.864.096	28	22.459.432	130.089	180.747

Tabla 9. Predicciones del modelo calibrado con el período sin restricciones.

Comparando el calibrado sin y con restricciones se ve que las restricciones han reducido a la mitad (y por tanto diferido al futuro) el número de enfermos totales que ha causado la epidemia (130.000 en lugar de 276.000) hasta la fecha y no a la tercera parte como se concluye del análisis con el modelo anterior (sin asintomáticos).

Este efecto “favorable” de la presencia de asintomáticos contrasta con la preocupación actual por su existencia, pero esta última es una visión de defensa numantina en la que se pretende congelar la situación tras las restricciones eliminando todo nuevo contagio, objetivo insostenible, o como poco inestable, a medio plazo.

El calibrado con restricciones prevé un pico de 130.000 enfermos cuando en estos momentos, en las proximidades del pico, es de 100.000, figura 28.

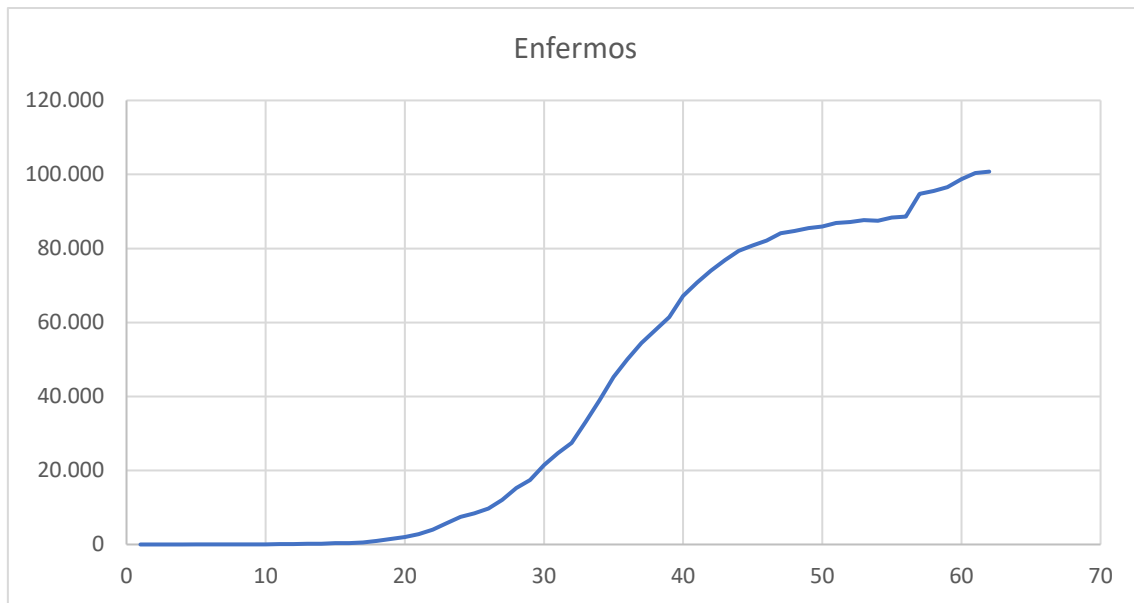


Figura 28. Enfermos de acuerdo con la información oficial de sanidad.

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 29 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 11%, a medio y largo plazo esta ratio debe valer $(1-0,11) / 0,11 = 8$.

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 11%.



Figura 29. 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 alcanzada la velocidad de cruce, 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 30) y a medio plazo esta suma coincide con el 100% de los afectados 25 días atrás, que es la suma de los 15 días que el proceso de calibrado dice que hay que desplazar el modelo respecto a la realidad más los 10 días que dice la realidad que hay que desplazar muertos y curados respecto de afectados para que la ratio tienda a una horizontal, el problema es que esa horizontal es el 65% y no el 100%, nuevamente faltan altas y muertes, del orden del 35%.

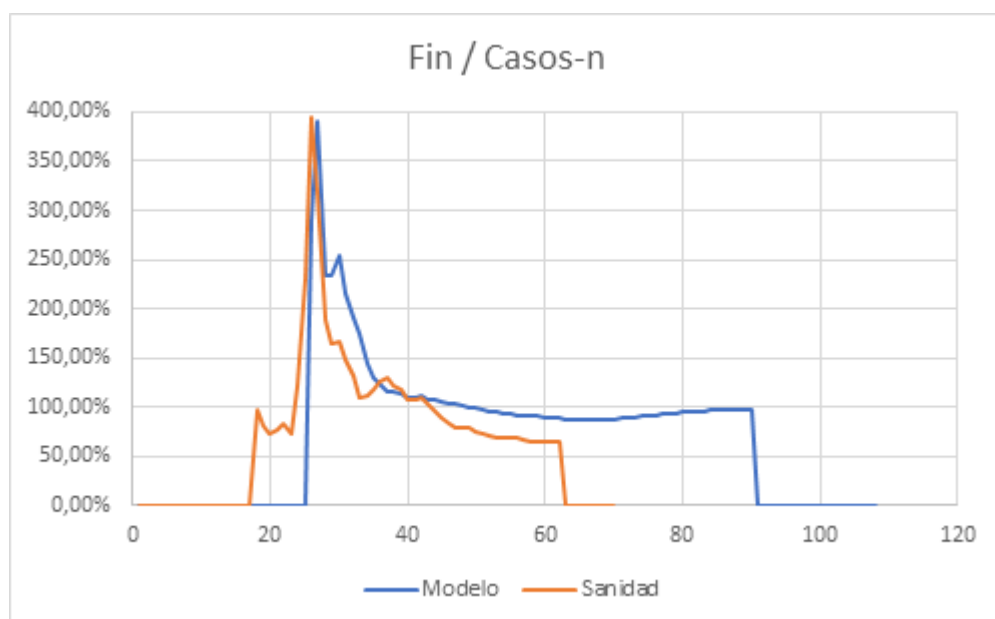


Figura 30. Ratio fin de enfermedad (alta o muerte) sobre afectados 25 días atrás.

7. Conclusiones.

Si utilizamos el primer modelo utilizado en este estudio, que no considera los asintomáticos hasta el proceso de calibrado, predice que el número de afectados en una epidemia de estas características y sin restricciones llegaría a afectar el 38% de la población. A los 58 días se alcanza el máximo de enfermos (19% de la población) y en ese momento los afectados son el 32%.

Sin embargo los registros oficiales son 100 veces menores, estamos próximos al máximo de enfermos con 100.000 personas (0,2% de la población) y 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 9% y en ese momento los afectados son el 17%.

Los datos del modelo son 50 veces los registrados oficialmente.

La explicación más sencilla es que más del 95% de los afectados lo son de forma muy leve, o incluso asintomáticos y no han requerido de los servicios sanitarios. El factor de escala del calibrado indica que el 97%.

$$50.000 \text{ (muestra simulada)} * 24,9 \text{ (escala)} / 47.000.000 \text{ (población en España)} = 3\%$$

Debido a esto hemos mejorado el modelo para considerar que para una parte muy importante de la población, la enfermedad es leve, incluso asintomática.

El proceso de calibrado que hemos realizado en este documento pretende esquivar la diferencia entre el modelo y los datos reales (diferencia mucho menor cuando el modelo considera los individuos asintomáticos como es obvio) 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 mitad).

- 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 276.000 personas y en ese momento los afectados serían 553.000.
- Los datos posteriores al 24 de marzo apuntan a 130.000 personas en el pico de contagios con 181.000 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 más tarde (figuras 13 o 24).

Si esto es cierto y la extrapolación de los datos oficiales, antes de las restricciones, apuntan al doble de enfermos de los que hay hoy, cuando se eliminan las restricciones al sistema sanitario le llegará una cifra de nuevos enfermos similar a la actual. 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 similar a 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>