

# Modelo de propagación viral Basado en Agentes

Centro de Modelamiento Matemático

Juan-Carlos Maureira,  
Andrew Hart,  
María Paz Cortés,  
Vicente Acuña,  
Servet Martínez

Centro de Modelamiento Matemático  
Universidad de Chile

12 de abril de 2020

Versión 1

## Resumen Ejecutivo

En este trabajo desarrollamos un modelo basado en agentes para la simulación de escenarios de propagación de la infección por COVID-19 en la población. En particular, se busca modelar los efectos de tener un número limitado de camas de hospital (normales y UCI) y de distintas medidas de mitigación. En este primer reporte explicamos el modelo utilizado y la simulación de validación utilizada para mostrar que el modelo responde correctamente a diferentes escenarios de prueba.

En esta primera etapa se cumplió el objetivo de generar un modelo simplificado, que nos permite testear que las simulaciones sean computacionalmente factibles y que los resultados de éstas sean razonables en cada escenario de validación simulado. Cumplido este objetivo la siguiente etapa es calibrar el modelo a los datos conocidos de la propagación de COVID-19 en Santiago de manera tal que pueda ser utilizado para poder evaluar los efectos de diferentes medidas de contención.

## 1. Descripción del modelo

### 1.1. Agentes

En este modelo, los agentes representan a personas dentro de una población. El espacio en que se mueven los agentes actualmente está modelado como una grilla rectangular de  $M \times N$  celdas. La posición de cada agente corresponde a una celda de esta grilla. En cada *tiempo* o *paso*, los agentes se pueden mover hacia una nueva posición en la grilla, según una función de movimiento.

Además, cada agente se encuentra en un *estado* relacionado con el virus y con el tipo de tratamiento que eventualmente recibe o que espera recibir.

Cada agente posee un *perfil* que define el valor de los parámetros con los que se actualiza su estado en cada iteración. Éstos incluyen parámetros de transición entre estados, probabilidades de interacción entre agentes de su vecindad, movimiento en la grilla, etc.

Existe además un número definido de camas de hospital normal y de camas UCI.

### 1.2. Estados

Cada agente se encuentra en uno y sólo uno de los siguientes estados:

- **S**: Susceptible. El agente no ha sido infectado por el virus.
- **E**: Expuesto. El agente fue infectado por el virus pero no presenta síntomas.
- **I**: Infectado. El agente presenta síntomas leves o medios de infección que no requieren hospitalización.
- **I<sub>w</sub>**: Infectado en espera. El agente presenta síntomas de infección y requiere hospitalización. Está a la espera de que se libere una cama normal (no UCI).
- **H**: Hospitalizado. El agente está hospitalizado en cama normal para tratar la infección.
- **H<sub>w</sub>**: Hospitalizado crítico. El agente está hospitalizado en espera de que se desocupe una cama UCI.
- **C**: Hospitalizado UCI. El agente está hospitalizado en una cama UCI para tratar la infección.
- **R**: Recuperado. El agente que previamente contrajo el virus se recuperó.
- **D**: Fallecido. El agente que previamente contrajo el virus, murió a causa de la infección.

Además, se considera que los estados **E** e **I** son estados contagiosos. Es decir, pueden propagar el virus a otros agentes. Otros estados que en principio también podrían contagiar el virus no serán considerados como contagiosos en el modelo, bajo la hipótesis que, a sabiendas que el agente se encuentra en un estado de mayor gravedad, se toman los resguardos necesarios para no propagar la infección.

### 1.3. Transiciones entre estados

En el modelo se considera un modelo asincrónico para el movimiento de los agentes y transiciones entre estados. Es decir, en cada tiempo los agentes actualizan su posición y su estado en orden. Para evitar sesgos, en cada tiempo el orden en que son actualizados los agentes se elige aleatoriamente.

La actualización del estado de un agente se realiza de acuerdo al esquema de transiciones de la Figura 1. Las transiciones posibles a partir de cada estado son las siguientes:

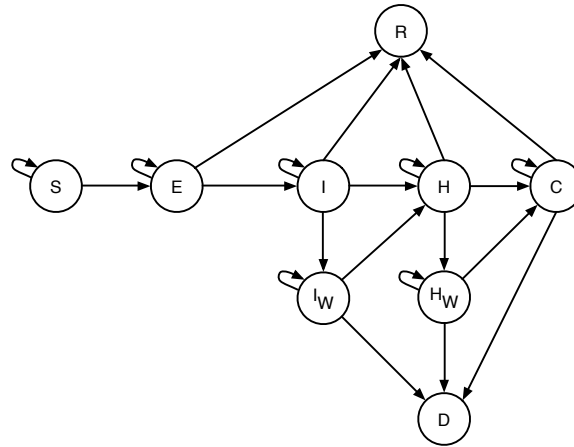


Figura 1: Transiciones de estado para un agente.

- **Agente en estado S:** Para determinar si un agente en S se mantiene en ese estado o es infectado (estado E), se considera una vecindad de interacción del agente en la grilla cuyo tamaño está definido por un parámetro  $r$  (ver detalle, más adelante). En esta vecindad, se considera el conjunto de agentes contagiosos que allí se encuentran (es decir, agentes en estados  $E$  o  $I$ ) ordenados aleatoriamente, y para cada uno de ellos se determina con probabilidad  $p_c$  si hubo algún tipo de contacto y con probabilidad  $p_{inf}$  si se produjo la infección. Naturalmente, basta con que un contagio se haya producido para que el agente pase al estado E. En caso contrario se mantiene en S.

Debido a que políticas de aislamiento y el estado de los agentes puede influir en como interactúan dos personas, hemos considerado que la probabilidad de contacto  $p_c$  puede depender del perfil del agente en S y del perfil y estado del agente contagioso. En cambio, la probabilidad  $p_{inf}$  es un parámetro que depende del estado de la persona infectada (E o I).

- **Agente en estado E:** Un agente contagiado pero asintomático puede permanecer en ese estado, pasar a presentar síntomas leves (estado I), o recuperarse (estado R). Para determinar su nuevo estado consideramos el tiempo que el agente permanece en asintomático. Si no presenta síntomas por 14 días desde el contagio ( $t_{recuperacion}$ ), se puede considerar que el agente se ha recuperado. Para ello, consideramos una variable aleatoria  $T_E$  que modela el tiempo de permanencia del agente en E. Si al hacer una realización de  $T_E$  se obtiene un valor mayor que  $t_{ei} = 14$ , entonces el agente permanece en E durante 14 días y luego se recupera (pasa a R). Si no, el agente permanece en E durante  $T_E$  iteraciones y luego cambia su estado a I. Para las simulaciones consideraremos que  $T_E$  sigue una distribución de Poisson con  $\lambda = \lambda_{ei} = 6$ .

- **Agente en estado I:** Un agente con síntomas puede quedarse en el mismo estado, recuperarse (estado R), hospitalizarse (estado H) o quedarse en espera de que hayan camas en el hospital (estado  $I_W$ ). En cada tiempo se determina si el agente se mantiene en I mediante un ensayo de Bernouilli con  $p = 1 - p_H$ . Si el agente se mantiene en I al cabo de 14 días, contados desde que se contagió, entonces se recupera. Si sale antes, entonces se mueve al estado H siempre y cuando hayan camas disponibles. En caso contrario se mueve al estado  $I_W$  a la espera que se desocupe una cama.
- **Agente en estado  $I_W$ :** Un agente que necesita hospitalizarse pero no hay camas disponible puede mantenerse en el mismo estado, hospitalizarse (estado H) o morir (estado D). En cada tiempo se determina si el agente fallece mediante un ensayo de Bernouilli con  $p = p_{nhd}$ . Si no fallece verificamos si hay camas hospitalarias desocupadas, en cuyo caso pasa a H. En caso contrario se mantiene en  $I_W$  a la espera que se desocupe una cama. Notar que en este modelo si un agente no recibe nunca cama, fallece. Es decir, suponemos que al hospital entran las personas para los que la atención hospitalaria es condición necesaria para la supervivencia.
- **Agente en estado H:** Un agente en estado H puede mantener su estado, necesitar cama UCI o recuperarse (estado R). En cada tiempo se determina si el agente se mantiene en H mediante un ensayo de Bernouilli con  $p = 1 - p_{ht}$ . En caso de cambiar de estado, la probabilidad de necesitar cama UCI se calcula mediante un ensayo de Bernouilli con  $p_{cc}$ . Si necesita cama UCI, entonces se mueve al estado C siempre y cuando hayan camas disponibles. En caso contrario se mueve al estado  $H_W$  a la espera que se desocupe una cama UCI.
- **Agente en estado  $H_W$ :** Un agente hospitalizado que necesita cama UCI pero no hay camas disponible puede mantenerse en el mismo estado, cambiarse a cama UCI (estado C) o morir (estado D). En cada tiempo se determina si el agente fallece mediante un ensayo de Bernouilli con  $p = p_{hd}$ . Si no fallece verificamos si hay camas UCI desocupadas, en cuyo caso pasa a C. En caso contrario se mantiene en  $H_W$  a la espera que se desocupe una cama UCI.
- **Agente en estado C:** Un agente hospitalizado en cama UCI puede mantenerse en el mismo estado, recuperarse (estado R) o morir (estado D). En cada tiempo se determina si el agente se mantiene en C mediante un ensayo de Bernouilli con  $p = 1 - p_{hct}$ . En caso de cambiar de estado, la probabilidad de fallecer se calcula mediante un ensayo de Bernouilli con  $p_{hccd}$ . Si no fallece, pasa al estado R.
- **Agente en estado R o D:** Los estados R y D son estados finales. Agentes en esos estados se mantienen así hasta el final de la simulación. Al alcanzar estos estados los agentes dejan de interactuar con el resto de la población, quedando eliminados de la simulación.

#### 1.4. Función de movimiento

Vamos a suponer que un agente tiene asignada una posición *hogar* que no varía durante la simulación y que en cada iteración elige una posición *destino* que representa un viaje que realiza ese día. El agente interactúa tanto con las personas en la vecindad de su hogar como con las personas en la vecindad de su destino.

Para definir el destino en cada iteración, un parámetro  $r_{mov}$  indica el rango de movilidad de la siguiente manera: se elige al azar un  $(i', j')$  con  $i' \in [i - r_{mov}, i + r_{mov}]$  y  $j' \in [j - r_{mov}, j + r_{mov}]$  siempre y cuando  $(i', j')$  sea una posición válida (dentro de la grilla). Si  $(i', j')$  es inválido, se repite la selección al azar.

La posición del hogar es definida aleatoriamente siguiendo alguna distribución de los agentes. Por ejemplo, puede ser definida de acuerdo a la densidad de población de cada comuna.

### 1.5. Vecindad de interacción

Dado el parámetro  $r_{int}$ , si un agente está en la posición  $(i, j)$ , la vecindad de interacción se define como todos los agentes en la posición  $(i', j')$  tal que  $i' \in [i - r_{int}, i + r_{int}]$  y  $j' \in [j - r_{int}, j + r_{int}]$  siempre y cuando  $(i', j')$  sea una posición válida (dentro de la grilla).

## 2. Variables epidemiológicas

### 2.1. Reproducción efectiva $R_{eff}$

Este indicador muestra, a cada tiempo  $t$ , el número esperado de infectados secundarios que un nuevo infectado en  $t$  contagiará en el curso de la epidemia. En el caso de nuestras simulaciones este número puede ser estimado para cada  $t$  considerando todos los nuevos infectados en  $t$  y promediando los infectados secundarios que tendrá cada uno a lo largo de la pandemia (hacia adelante).

Otra manera de estimarlo, suponiendo que localmente  $R_{eff}$  no varía demasiado localmente, es considerar para cada tiempo  $i$  anterior a  $t$  que proporción de los agentes infectados en  $i$  infectan a un agente en  $t$ . El  $R_{eff}$  se estima como la suma de esas proporciones.

Sin embargo, estas definiciones no son comunes dentro de la comunidad epidemiológica, que suele necesitar estimar  $R_{eff}$  sobre datos reales, donde no se conoce el detalle de como ocurrieron las infecciones. Así, la manera usual de calcular  $R_{eff}$  es primero considerar el cálculo del *intervalo serial* que corresponde al tiempo promedio que hay entre una infección primaria y una secundaria. Un intervalo serial  $\tau$  da una manera de simplificar la propagación, suponiendo que cada nuevo infectado en el tiempo  $t$  contagiará a toda la siguiente generación en el tiempo  $t + \tau$ . Así, si consideramos que  $\tau$  es la unidad de tiempo, cada generación coincide con cada tiempo calculado.

Una vez obtenido el intervalo serial  $\tau$ , y suponiendo que la curva de nuevos infectados es de la forma  $y_0 e^{rt}$ , se puede estimar  $R_{eff}$  como  $e^{r\tau}$ . Para calcular  $r$  se utiliza una regresión lineal sobre el logaritmo natural de los nuevos infectados.

### 2.2. Número básico de reproducción $R_0$

Este indicador estima el número esperado de infectados secundarios que un único infectado contagiará, suponiendo que todos los habitantes son susceptibles a ser contagiados (es decir, suponiendo que nadie está inmunizado ni por previo contagio, ni por vacunas, etc). Para estimar esta cantidad se pueden realizar simulaciones sobre un agente escogido al azar y contar cuántas personas contagia.

### 3. Parametrización semi-automática

Para obtener los parámetros de nuestro modelo, podemos usar algunas relaciones entre ellos y definir un orden de parametrización.

El primer objetivo será fijar una manera de propagación acorde con el número básico de reproducción  $R_0$  y con el intervalo serial  $\tau$  ambos valores conocidos (o estimados previamente) para la enfermedad. Se sabe que para covid-19  $R_0$  es cercano a 2.0–2.5 y  $\tau$  es cercano a 5 días. Así los parámetros que definen la propagación libre (en un escenario sin medidas) como son:  $p_c$ ,  $p_i$ , y  $\lambda_{ei}$  deben ser ajustadas para obtener, en el promedio de los agentes, el  $R_0$  y  $\tau$  señalados. Para este cálculo, supondremos además que  $p_h = 0$ , es decir nadie deja de contagiar por ir al hospital y que  $p_c$  y  $p_i$ , no dependen de si el agente está en el estado E o I.

Lo primero es calcular el número de agentes promedio que una persona tiene contacto cada día, que está dado por  $p_c p_i (N_h + N_d)$  donde  $N_h$  y  $N_d$  son la cantidad esperada de personas en las vecindad del hogar y del destino respectivamente (dados por la densidad y el radio). Como el tiempo en estado contagioso y  $p_h = 0$  es fijo e igual a 14 días, podemos encontrar que el número de contagios que una persona realizará es aproximadamente:

$$14 p_c p_i (N_h + N_d)$$

Además el intervalo serial  $I_s = 7$ , suponiendo contagios uniformes durante el tiempo de contagio y que  $p_h = 0$ .

### 4. Validación

Como se señaló anteriormente, en esta etapa se busca que el modelo implementado tenga un comportamiento razonable al variar ciertos parámetros, de manera de validar el modelo mismo y su implementación. Después de definir algunos parámetros a valores plausibles, hemos analizado las curvas obtenidas al variar estos parámetros, concluyendo que la implementación se comporta de manera esperada.

A modo de ilustración del resultado de este de análisis de sensibilidad, presentamos el comportamiento del modelo al variar distintos niveles de infectividad y distinto número de camas UCI disponibles. Hemos escogido estos parámetros pues el primero influye en las características de propagación del virus y el segundo en el total de víctimas fatales.

Además nos limitamos a dos perfiles de los agentes: Personas menores de 65 años y personas con 65 años o más. El porcentaje de agentes en el primer grupo es 88.6 % y en el segundo el restante 11.4 %, siguiendo los datos del censo 2017. También por simplicidad, el único parámetro que varía de acuerdo al grupo etario considerado es la probabilidad de hospitalización  $p_h$ . Todos los otros parámetros son los mismos para ambos grupos.

Específicamente, se simularon 3 escenarios, 200 réplicas de cada uno. Cada escenario corresponde a un distinto nivel de disponibilidad de camas UCI en el sistema. Además para cada escenario se evaluaron niveles de infectividad bajo ( $p_{inf} = 0,3$ ), medio ( $p_{inf} = 0,5$ ) y alto ( $p_{inf} = 0,8$ ). El resto de los parámetros del modelo se mantuvieron con los mismos valores en todas las simulaciones. Estos valores se presentan en la Tabla 1 y su elección se describe a continuación.

Otro resultado que valida el modelo es que los parámetros  $p_h$  y  $p_{cc}$  han sido ajustados de manera que, teóricamente, un 5.5% fallece si no recibe atención UCI, y en cambio sólo un 0.5% fallece si todos pueden recibir atención UCI. Los resultados de las simulaciones confirman estas proporciones teóricas.

Parámetro	valor
Número de agentes	100000
Tamaño grilla	2000 X 2000
Radio vecindario ( $r_{mov}, r_{int}$ )	6
Agentes expuestos al inicio de la simulación	3
Camas normales disponibles	ilimitadas
Camas UCI disponibles	(0,150,1000)
Probabilidad de contacto $p_c$	1
Probabilidad de infección $p_{inf}$	(0.3,0.5,0.8)
$p_h$ (edad < 65 años)	0.0335
$p_h$ (edad $\geq$ 65 años)	0.0772
$p_{nhd}$	1/4
$p_{ht}$	1/8
$p_{cc}$	0.234
$p_{hct}$	1/13
$p_{hd}$	1/3
$p_{hccd}$	0.1
$\lambda_{ei}$	6
$t_{recuperacion}$	14

Cuadro 1: Valores de parámetros utilizados en las simulaciones

#### Parámetros con valores comunes en todas las simulaciones:

##### ■ Tamaño de grilla y número de agentes totales

Se consideró una población de 100 mil agentes dispuestos aleatoriamente en una grilla 2000 X 2000 celdas. Esto corresponde aproximadamente a 1.5 veces la densidad de Santiago Centro. Se utilizaron estos valores con propósitos de prueba de tal manera de tener tiempos de simulación razonables. En futuras iteraciones se contempla construir la grilla de tal manera que represente la Provincia de Santiago con densidades comunales descritas por el INE.

##### ■ Parámetro $p_h$

Este parámetro indica la probabilidad de que un individuo infectado con síntomas requiera hospitalización. Así tenemos un valor de  $p_h$  para los agentes con edad 65 años o más y otro para el resto de los agentes. Se supuso que los individuos mayores requieren de hospitalización dos veces más que aquellos más jóvenes. Estos valores se eligieron tal que que aproximadamente 23.5% de los agentes infectados requieran hospitalización en promedio. Esto tomando en cuenta que a la fecha en Chile aproximadamente 18% de los infectados conocidos están hospitalizados en cama normal y aproximadamente 5.5% requieren tratados intensivos (cama UCI). Tomando la distribución de edades de la población chilena se calcularon los valores de  $p_h$  tal que 20.95% de los infectados jóvenes y 41.9% de los infectados de  $\geq$  65 años requieran hospitalización. Estos cálculos se hicieron resolviendo la



siguiente ecuación:

$$1 - \sum_{t=0}^{T-3} f_E(t; \lambda_{ei})(1 - F_I(T - 3 - t; p_h)) - 1 - F_E(T - 3; \lambda_{ei}) = \gamma, \quad (1)$$

donde  $\gamma$  es la proporción de infectados que requieren hospitalización,  $f_E$  y  $F_E$  son la función de probabilidad y función de distribución acumulada respectivamente de un variable aleatoria de Poisson con promedio  $\lambda_{ei}$ ,  $F_I$  es la función de distribución acumulada geométrica con parámetro  $p_h$ , y  $T = 14$ , el número de días que un infectado necesita para recuperarse.

■ **Parámetro**  $p_{nhd}$

Este parámetro determina cuanto tiempo puede esperar una cama un individuo que requiere hospitalización antes de morir. El promedio de días de espera es  $1/p_{nhd}$ . Sin datos empíricos para estimar este parámetro supusimos que un valor razonable es de 4 días de espera promedio.

■ **Parámetro**  $p_{ht}$

Este parámetro determina cuando tiempo pasa en una cama normal un individuo hospitalizado. Supusimos un valor optimista de 8 días de estadía promedio ( $1/p_{ht}$ ) producto del COVID-19.

■ **Parámetro**  $p_{cc}$

Este parámetro corresponde a la proporción de individuos hospitalizados que requerirán cuidados intensivos (cama UCI). Se eligió un valor para este parámetro tal que el número de infectados que requieran cama UCI sea de 5.5%.

■ **Parámetro**  $p_{hct}$

Este parámetro determina el tiempo que un paciente ocupa una cama UCI antes de recuperarse o morir. Supusimos un tiempo de estadía promedio en UCI de 13 días ( $1/p_{hct}$ ).

■ **Parámetro**  $p_{hd}$

Este parámetro determina cuanto tiempo puede esperar una cama UCI un paciente crítico antes de morir. Supusimos que el tiempo promedio de espera ( $1/p_{hd}$ ) es de 3 días .

■ **Parámetro**  $p_{hcd}$

Este parámetro corresponde a la proporción de pacientes en UCI que fallecen. Supusimos un 10 % para este valor.

■ **Parámetro:**  $\lambda_{ei}$

Este parámetro corresponde al promedio de tiempo que pasa antes de que un individuo infectado presente síntomas. Usamos el supuesto que una persona permanece en promedio 6 días asintomático (reportado para COVID-19).

■ **Parámetro**  $t_{recuperacion}$

Este parámetro corresponde al número de días máximo que un agente puede permanecer en un estado infeccioso (estados E o I) antes de recuperarse. Consideramos un tiempo de recuperación de 14 días para el COVID-19.

#### 4.1. Descripción escenarios simulados

Los tres escenarios simulados se describen a continuación:

- **Escenario 1:** Escenario sin medidas de mitigación y con disponibilidad de camas UCI nula: 0 camas (Figura 2).
- **Escenario 2:** Escenario sin medidas de mitigación y con disponibilidad de camas UCI limitada: 150 camas (Figura 3).
- **Escenario 3:** Escenario sin medidas de mitigación y con disponibilidad de camas UCI alta: 1000 camas (sin cola de espera) (Figura 4).

De los resultados obtenidos podemos hacer las siguientes observaciones:

- El peak infeccioso y de hospitalización disminuye y se desplaza en el tiempo a medida que la probabilidad de infección aumenta.
- Lo anterior no depende de las camas UCI disponibles.
- El peak de uso de camas UCI disminuye y se desplaza en el tiempo a medida que la probabilidad de infección aumenta.
- El aumento de camas UCI tiene un impacto en la disminución de la mortalidad.
- En estos escenarios sin medidas de mitigación el porcentaje de la población que termina infectado es cerca del 100 %.
- En todos los casos el porcentaje de la población que termina infectado es cerca del 100 %

Estos resultados son esperables, al menos cualitativamente, desde un punto de vista epidemiológico, lo cual es una indicación de la validez del modelo.

Como se dijo previamente, otro resultado que valida el modelo es que el número de fallecidos corresponde a lo esperado dado los parámetros del modelo. Es decir, cuando no hay camas UCI disponibles, más o menos 5.5 % de los infectados muere. Cuando hay un número ilimitado de camas UCI, aprox 10 % de los 5.5 % de la gente infectada muere, concordando con las proporciones que deben resultar para los parámetros definidos. Proporciones que son además las observadas en el caso de Chile.

## Sin camas UCI

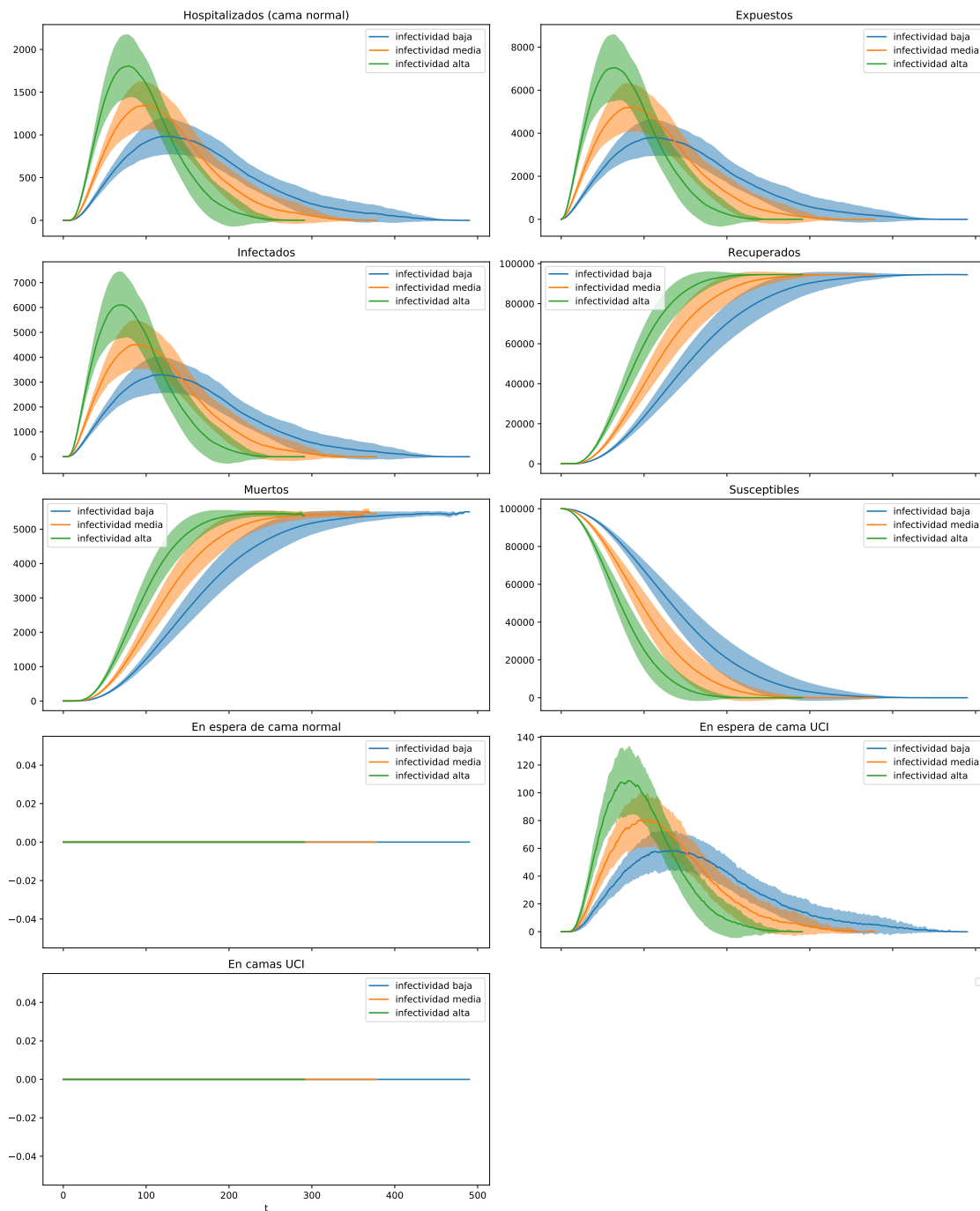


Figura 2: Escenario sin camas UCI en el sistema (camas UCI = 0).

## Número de camas UCI limitado

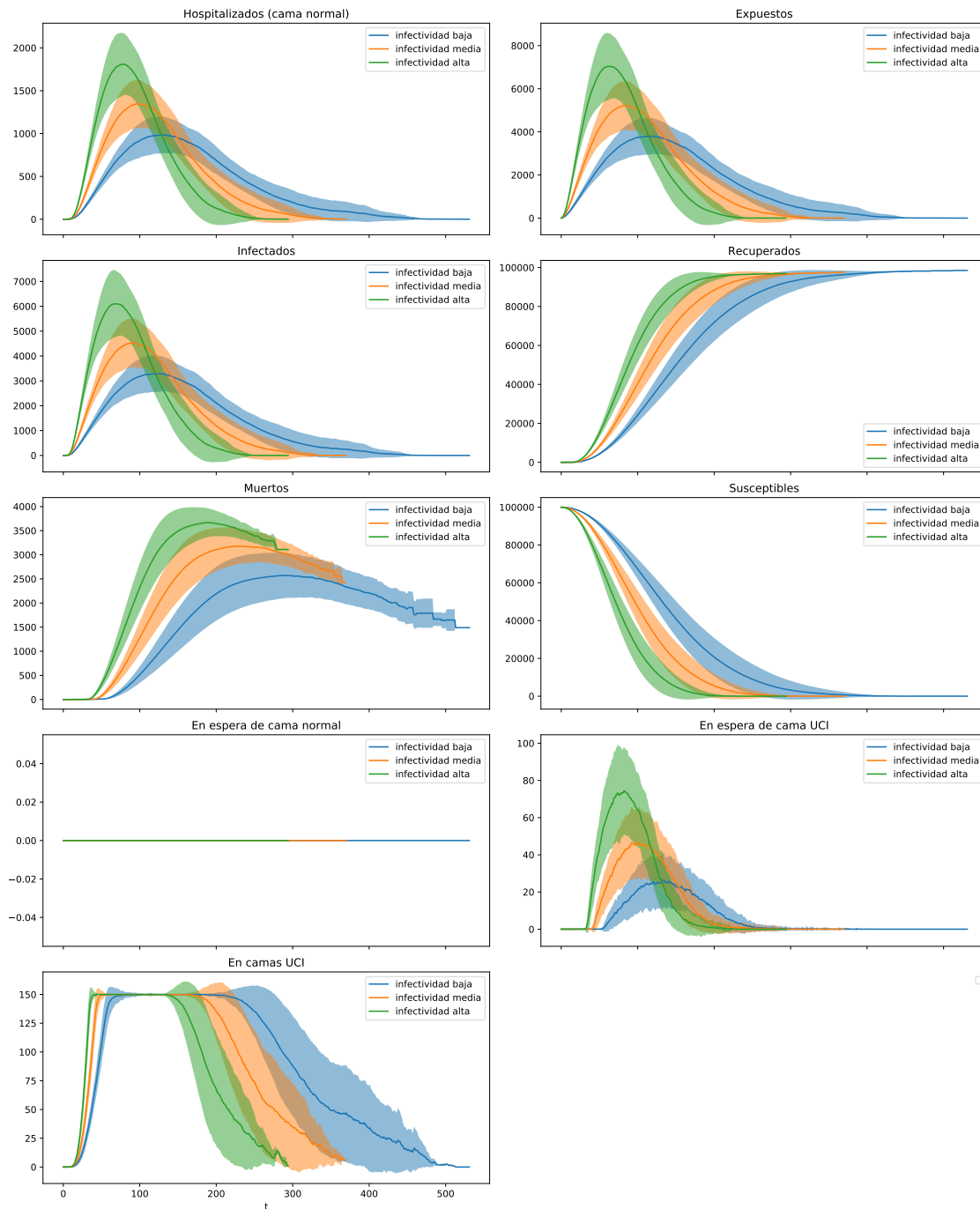


Figura 3: Escenario con camas UCI limitadas en el sistema (camas UCI =150).

## 5. Sigüientes Pasos

El modelo reportado en este primer informe implementa la dinámica básica de la enfermedad, haciendo énfasis en representar en forma razonable la mecánica del sistema hospitalario y la transmisión del virus. Esta versión, utiliza un modelo muy básico de movilidad sin referencias geográficas (equivalente a tener muchas personas moviéndose en forma aleatoria en un gran gimnasio); y puede considerar diversos perfiles de la población para definir los parámetros del modelo. Estos perfiles permiten incorporar en el modelo la segmentación de una población, por ejemplo, de acuerdo a los factores de riesgo que presentan sus individuos. En el caso de nuestras simulaciones iniciales consideramos perfiles simples, únicamente diferenciando la probabilidad de hospitalización de los mayores de 65 años de aquella de la población más joven. Esto nos permitió validar que efectivamente el modelo opera correctamente y los flujos de agentes entre los diferentes estados es correcto.

El siguiente paso es reproducir la evolución de la pandemia en la ciudad de Santiago con el fin de obtener una aproximación de las curvas de infectados y hospitalizados observadas hasta ahora. Para ello se considerarán: (a) establecer diferentes perfiles que representen en mayor medida la población, considerando mayor cantidad de rangos etarios y la pertenencia a grupos de riesgo, (b) ajustar el modelo explorando un espacio de parámetros en torno a las cifras globales reportadas por el Ministerio de Salud, (c) establecer reglas que modelen las medidas de mitigación adoptadas por la autoridad, y (d) Incorporar la dinámica de diagnóstico de la enfermedad para obtener una estimación de los infectados documentados. Este modelo será reportado en el siguiente informe.

En forma paralela a la parametrización razonable del modelo para la ciudad de Santiago, se avanzará en mejorar el modelo de movilidad incluyendo factores de densidad diferentes por zonas en cada comuna. Esto transformará el modelo desde un gran gimnasio a múltiples gimnasios que intercambian agentes en sus bordes. Esto permitirá implementar medidas de mitigación mas realistas como la cuarentena del sector oriente de la ciudad, cordones sanitarios o cualquier otra medida referente a un sector geográfico de la ciudad. Esto sera reportado en un tercer informe.

Desde el modelo multi-gimnasio, se avanzará en mejorar la movilidad de los agentes considerando la información de la matriz Origen-Destino entregada por Transantiago, de manera tal de intercambiar agentes entre diferentes zonas de la ciudad. Una especialización posible es incorporar tasas de contagio en el transporte público. Esto sera reportado en un cuarto informe.

En paralelo a este curso de desarrollo de nuestro modelo, desde la segunda versión seremos capaces de simular otras ciudades de Chile (dependiendo de la disponibilidad de datos), y desde la tercera versión estaremos en condiciones de simular escenarios por comunas. En ambos casos, podremos entregar resultados desagregados por comunas y/o ciudades.

## Número de camas UCI ilimitado

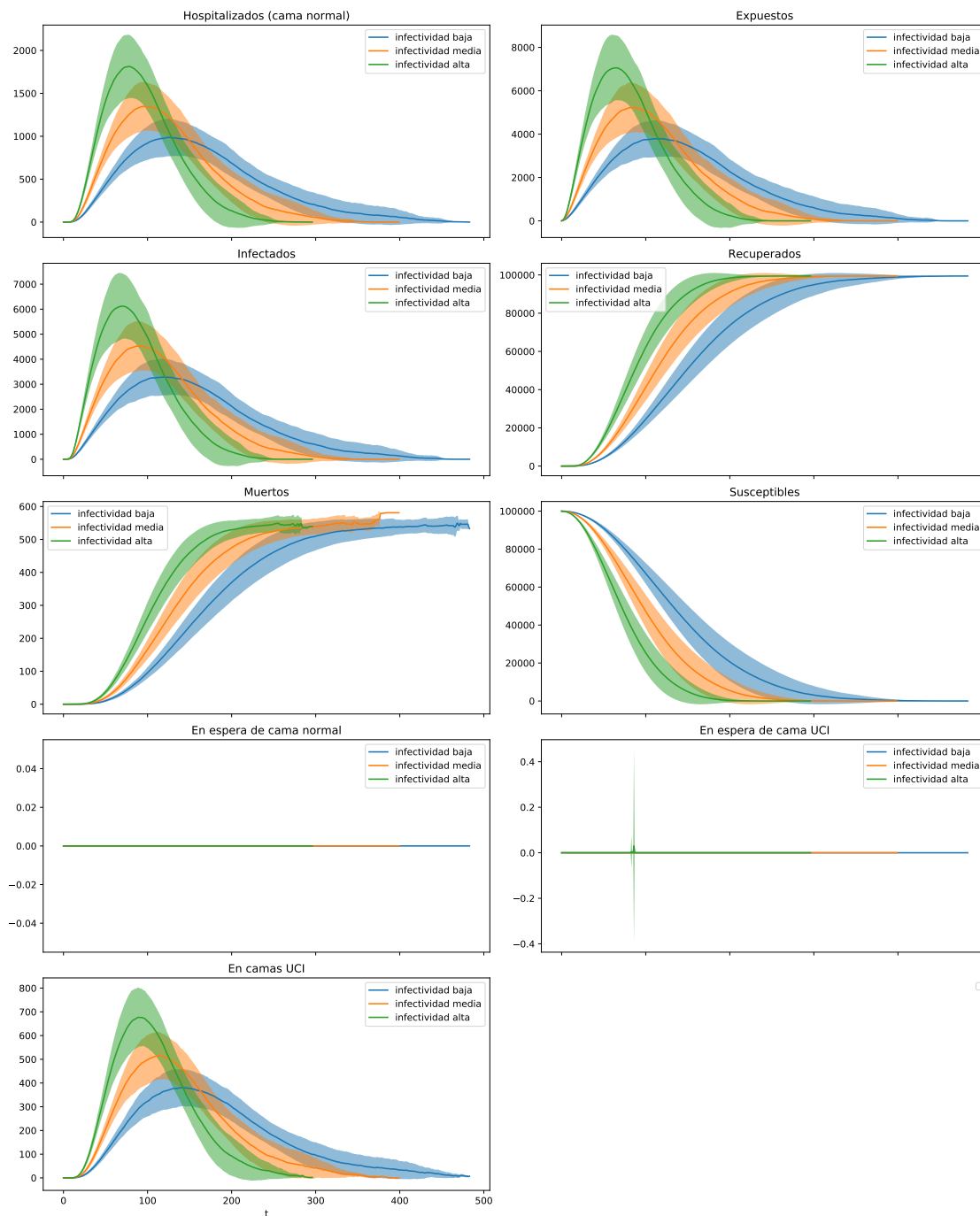


Figura 4: Escenario con un número ilimitado de camas UCI (camas UCI = 1000).