

Modelo dinámico de la pandemia de COVID19

Delgado J.A.¹*Sanid. mil. 2021; 77 (1): 7-16, ISSN: 1887-8571*

RESUMEN

La pandemia de COVID19 está generando un empeño internacional por conocer los principales aspectos dinámicos que esta nueva crisis epidémica está provocando, por lo que en todo el mundo surgen gran cantidad de iniciativas en relación con el desarrollo de modelos matemáticos. El presente trabajo desarrolla un modelo de simulación dinámica basada en la técnica de Dinámica de Sistemas, bajo un enfoque de visión sistémica de la problemática social y sanitaria que plantea. Los resultados se han simulado respecto de la casuística de la Comunidad de Madrid. Se evidencia el tremendo problema que supone el colectivo de infectados no detectados, causa de la propagación de la epidemia, así como la evidencia de la dificultad técnica que supone la falta de fiabilidad de los datos oficiales, por esta razón.

Palabras clave: COVID19, Pandemia, Modelos, Dinámica de Sistemas.

Dynamic model of COVID19 pandemic

SUMMARY

The COVID19 pandemic is generating an international effort to know the main dynamic aspects that this new epidemic crisis is causing, which is why a large number of initiatives are emerging around the world in relation to the development of mathematical models. The present work develops a dynamic simulation model based on the Systems Dynamics technique, under a systemic vision approach of the social and health problems it raises. The results have been simulated with respect to the casuistry of the Community of Madrid. The tremendous problem posed by the group of undetected infected, the cause of the spread of the epidemic, as well as the evidence of the technical difficulty posed by the lack of reliability of official data, for this reason, is evident.

Keywords: COVID19, Pandemic, Models, Systems Dynamic.

INTRODUCCIÓN

Transcurrido casi un año desde que en el mundo se tuvo consciencia de que algo estaba surgiendo en China que suponía una seria amenaza a la salud mundial, como así ha sucedido, la declarada «pandemia de COVID19»¹, es ya una realidad absolutamente planetaria que, como se suele decir últimamente, «ha venido para quedarse».

Un agente viral, por lo demás viejo conocido de la Medicina, como causante de patología más o menos banal, como el resfriado común, ya nos dio el primer susto con el brote de SARS en 2012, que afortunadamente no pasó de un susto. Pero el actual coronavirus, SARS Cov2, es otra cosa, desde todos los puntos de vista que se quiera ver. Por el impacto que está provocando y, fundamentalmente, por el nivel de confusión que está generando a la ciencia médica, más parece procedente de algún meteorito que haya impactado en la Tierra, a juzgar por el grado de desconocimiento que sobre él se tiene y la gran cantidad de sorpresas que nos está deparando.

La realidad a la que nos está sometiendo, para casi todos los aspectos de la ciencia médica está resultando un desafío especialmente amenazador.

El hombre de la calle, a fuerza de las continuas noticias que aparecen en los medios de comunicación, ya ha aprendido a saber qué es la Epidemiología y sus indicadores que nos mantienen en vilo al subir o bajar cada día que pasa. Si a esto se acompaña el «síndrome de sobrecarga de información» provocada por la inmensa cantidad de datos e informaciones que se reciben por los medios oficiales y redes sociales, esta pandemia viene asociada por una «infodemia», que muchos dudan si es más peligrosa esta que aquella.

Y dentro de la ilimitada catarata de información que está generando esta pandemia, ya empieza a serle familiar a la gente, los múltiples esfuerzos que se están llevando a cabo en todo el mundo a la búsqueda de modelos de simulación que nos permitan anticiparnos a los movimientos de nuestro enemigo. En este sentido, al consultar la literatura, la cantidad de ensayos que se están haciendo son muchos y muy importantes.

La casi totalidad de los modelos matemáticos que se están desarrollando en el mundo, tienen su base conceptual en el modelo SIR (Susceptibles, Infectados y Recuperados), desarrollado en 1927 por el bioquímico William Kermack y el Coronel médico y epidemiólogo escocés Gray McKendrick². Este último, diseñó la función de regresión logística del crecimiento bacteriano.

Es importante explicar las bases de este modelo, porque de alguna forma, todos los modelos que se han desarrollado desde entonces se basan en sus fundamentos.

El gráfico refleja por sí mismo, el escenario que se pretende modelizar.

Susceptibles (S), estado en el cual el individuo puede ser contagiado por otra persona que esté infectada;

¹ Dirección para correspondencia:
josedelgado54@gmail.com.

Recibido: 14 de diciembre de 2020
Aceptado: 31 de enero de 2020

doi: 10.4321/S1887-85712021000100002

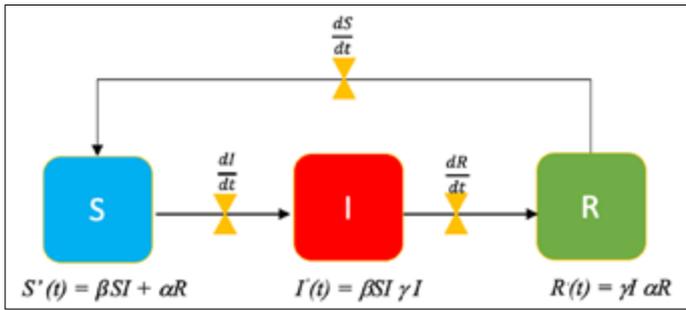


Figura 1.

Infectado (I), estado durante el cual el individuo se halla infectado y puede además infectar a otros;

Recuperado (R), o curado. Estado durante el cual el individuo no puede ni ser infectado por haber adquirido inmunidad (temporal o permanente) ni infectar (por haber recuperado o haber pasado la etapa contagiosa de la enfermedad).

Un recuperado puede volver a ser susceptible, en el caso de no haber adquirido suficiente carga inmunitaria. Así, entre las enfermedades infectocontagiosas encontramos dos grupos principales:

- Las que confieren inmunidad al infectado (temporal o permanente) una vez recuperado, la mayoría de origen viral (sarampión, varicela, poliomielitis); y
- Las que, una vez recuperado, el individuo vuelve a ser susceptible inmediatamente, entre las que encontramos las causadas por agentes bacterianos (enfermedades venéreas, peste, algunas meningitis) o protozoos (malaria).

El modelo de Kermack y McKendrick es tal que puede tener en cuenta la dinámica vital de la población (nacimientos, muertes, movimientos migratorios) dependiendo del horizonte temporal analizado, y de las características de la enfermedad y de la población estudiada.

Si denotamos por N a la población total al tiempo t en la que el brote epidémico puede ocurrir, y por $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ a los individuos en estados susceptible, infeccioso y recuperado o muerto al tiempo t respectivamente, entonces $N = S(t) + I(t) + R(t)$ es constante. La tasa de infección que determina el número de individuos por unidad de tiempo que se transfieren del compartimiento de susceptibles a infecciosos depende del número de contactos per cápita μ que una persona sana y susceptible tenga por unidad de tiempo, y de la proporción τ de estos contactos que sean con individuos infecciosos que le transmitan la enfermedad. Con este razonamiento, si denotamos por $\beta = \mu\tau$ a la tasa per cápita de transmisión de enfermedad, entonces la tasa de infección está dada por la expresión $\beta S(t) I(t)$. La tasa de recuperación o muerte la denotaremos por γ . De hecho, el inverso de esta tasa es el tiempo promedio que un individuo de la población permanece enfermo (e infeccioso) cuando suponemos que la distribución de tiempos de residencia en el comportamiento de infecciosos sigue una distribución exponencial. Podemos ahora escribir la ecuación diferencial que describe el cambio en el número de individuos pertenecientes al comportamiento infeccioso.

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \quad I(0) = I_0$$

donde I_0 representa el número inicial de personas infecciosas en la población. Un brote epidémico se iniciará cuando el número

de gente infecciosa se incremente una vez que los primeros casos son introducidos en la población (que originalmente suponemos conformada solamente por gente sana y susceptible). En términos de la ecuación anterior la condición enunciada significa que buscamos condiciones para que $dI / dt > 0$.

El Modelo como tal se expresa como:

$$S' = -\beta SI, \quad I' = \beta SI - \gamma I, \quad R' = \gamma I$$

siendo S la población susceptible de enfermar, I la población infectada, y R la población que ha pasado la enfermedad y se halla recuperada. Existen dos constantes que son la tasa de infección b (beta) y la tasa de curación o recuperación g (gamma).

Y así, la ecuación clave del modelo es la que refleja, por unidad de tiempo, el número de casos. Infectados en tiempo $t + 1 =$ infectados en tiempo $t +$ nuevos casos $-$ nuevos curados.

$$I_{(t+1)} = I_{(t)} + \beta SI - \gamma I,$$

A partir de esta base matemática, se han desarrollado, como hemos referido anteriormente, prácticamente todos los modelos matemáticos, basados en cálculo analítico. De los más elaborados, es importante referir el desarrollado por el equipo del MOMAT, de la Fad. de Matemáticas de la Universidad Complutense de Madrid³.

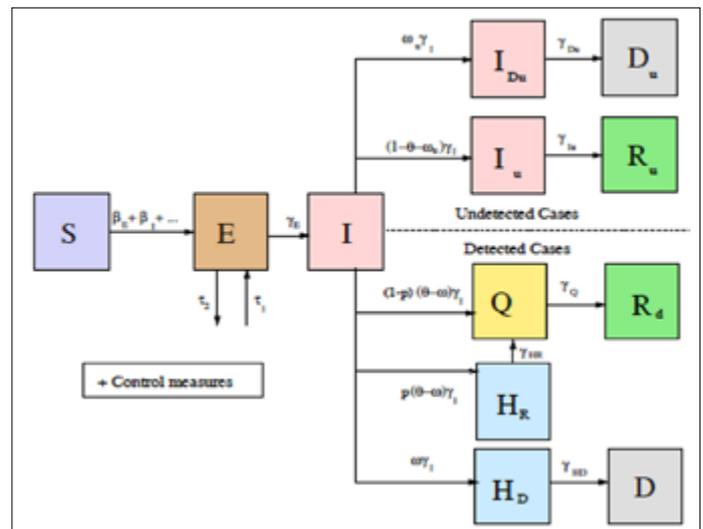


Figura 2.

Basado en el modelo SEIR (E: expuestos), es importante la separación que ha hecho de los casos detectados frente a los no detectados, los asintomáticos, elemento θ que sin test de screening, no se puede saber ni quiénes, ni cuántos son y ni si son o no contagiosos.

El equipo de la Universidad de Valencia ha desarrollado otro modelo similar⁴.

Y como estos, se han desarrollado modelos por todo el mundo, siendo también un referente conocido el del «Imperial College of London»⁵, o la John Hopkins.

El presente trabajo se caracteriza por desarrollar el modelo utilizando una herramienta de simulación dinámica, denominada «Dinámica de Sistemas» (DS)^{6,7}, bastante utilizada en simulación industrial, urbana y en análisis prospectivo de la sociedad. Con esta herramienta, se han construido también modelos, basados todos, de alguna manera en el modelo SIR⁸.

OBJETIVO

El objetivo del presente trabajo es el desarrollo de un modelo matemático de la evolución de la epidemia de COVID19 en la comunidad de Madrid, mediante la técnica denominada «Dinámica de Sistemas (Modelo DS)», con una complejidad suficiente como para, sobre él, poder analizar la «complejidad dinámica» que la epidemia está mostrando, en comparación con los otros muchos modelos desarrollados al respecto. Se entiende como complejidad dinámica al diferente comportamiento de un sistema (social, en este caso) a corto, medio o largo plazo, dado que sus comportamientos no son iguales a corto, medio y largo plazo.

MATERIAL

Para el diseño y desarrollo del Modelo DS sobre la pandemia COVID 19, se ha utilizado el software de Ventana Systems Inc®, Vensim PRO® versión 8.1 (la actual de 2020), sobre un ordenador Mac Mini con sistema operativo MacOS Catalina 10.15.7 con procesador Intel Core i5 de doble núcleo, con datos, para su calibración, de la Comunidad Autónoma de Madrid, tomados de las fuentes oficiales del Instituto de Salud Carlos III y recogidos en la referencia bibliográfica.

El manual de usuario de VensimPro 8.1 se puede encontrar en la web de Vensim:

<file:///Users/Shared/Vensim/Help/HTML/index.html>

MÉTODO

La metodología empleada se basa en el uso de la técnica «Dinámica de Sistemas» (Systems Dynamic). Esta es una metodología de modelización de modelos matemáticos, diseñada por Jay Forrester, en el Instituto Tecnológico de Massachusetts (MIT) en la década de 1960-69, inicialmente para el estudio de las fluctuaciones del mercado⁶, aunque después fue extendiéndose a la dinámica urbana⁹ y finalmente mundial^{10,11}, siendo la metodología empleada en los primeros informes prospectivos a muy largo plazo de la Humanidad en los primeros informes al Club de Roma¹²⁻¹⁴. Esta técnica matemática, permite convertir modelos de diseño mental y modelos matemáticos dinámicos con capacidad de reproducir fenómenos reales y efectuar proyecciones a futuro. Se ha empleado en infinidad de disciplinas, aunque especialmente en el sector empresarial y medioambiental. Las herramientas de diseño fundamentales son Stella y Thinker^{15,16}. No es una metodología al uso en ensayos clínicos, porque tiene como finalidad el diseño de simuladores de cualquier tipo de sistema físico, biológico o social.

El método de diseño final del modelo DS de COVID 19, consta de tres fases. La primera es la elaboración del modelo mental, donde en el texto, se describe las características del sistema que se quiere modelizar, y donde tan importante es el sistema en sí, como sus ligaduras externas con sistemas exteriores a los que afecta y que le afectan. El objetivo es tener un modelo mental «macro», es decir, un «overview», un amplio panorama de la realidad que

queremos modelizar, aspecto muy importante porque si algo es esencialmente fundamental, es el establecimiento de los «límites del sistema», unos límites necesariamente artificiales, dado que la realidad es toda ella «una», sin divisiones, a las que tenemos que acudir para poder comprender lo que sucede. Es decir, tenemos que poder observar el bosque, para ubicar el sector que queremos estudiar con detalle, pero sin perder la perspectiva del conjunto, porque tanto sucede que el exterior influye en el interior del sistema y viceversa y, de qué modo, como vamos a ver.

Elaborado el primer modelo mental global, que trataremos de representar con un general «modelo causal», acotaremos los límites del sistema, volviendo a iterar de nuevo un nuevo modelo mental con los límites acotados, representado con su correspondiente modelo causal.

Elaborado el segundo modelo mental, haremos la tercera iteración, elaborando el modelo mental y causal del modelo matemático DS.

Modelo mental de la primera iteración

1. Una epidemia surge en el contexto de un sistema humano normal, donde una población experimenta una dinámica normal de entradas (nacimientos, inmigración y visitas) y de salidas (fallecimientos, emigración y salidas por desplazamientos).

2. En este contexto, sus habitantes desarrollan un sin fin de actividades humanas de carácter social y económico que reflejan la vida de la comunidad.

3. Por otro lado, la posibilidad cierta de contraer todo tipo de enfermedades infecciosas y no infecciosas, requiere la existencia de un sistema sanitario capaz de prevenir y tratar las diferentes dolencias de sus habitantes.

4. Los flujos de entrada y salida de población, tanto por cambio de residencia (inmigración y emigración), como por desplazamientos por razones personales y de trabajo, generan un intercambio tanto más intensos cuanto mayor relación tienen diferentes zonas entre sí. Algo similar al poder de atracción que los cuerpos experimentan debido a la Ley de la Gravedad. El hecho cierto es que es casi imposible que una zona geográfica se mantenga aislada sin comunicación con el exterior.

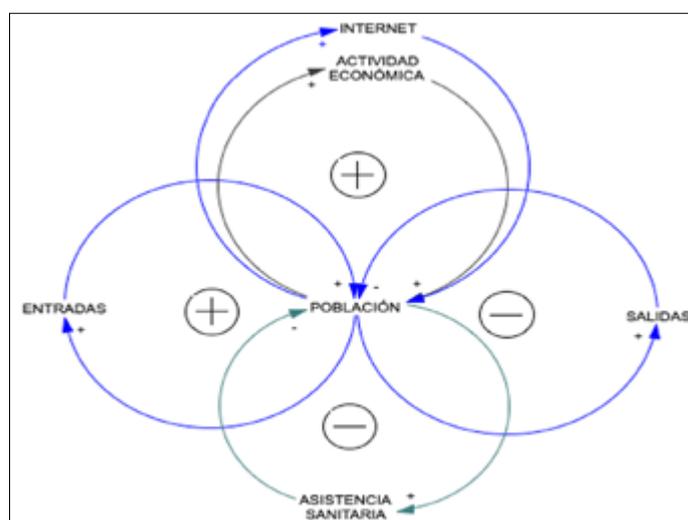


Figura 3.

Estos cuatro considerandos expresan el sistema dinámico de una población normal, donde cada uno de estos cuatro elementos se puede expresar de ilimitadas formas e intensidades y se expresa en lo que los informativos nos muestran diariamente en las noticias.

5. En los sistemas sociales actuales, en los últimos veinte años ha emergido con muchísima intensidad el «ciberespacio», espacio virtual vehiculado por Internet, por donde casi algo más que la información se desplaza a la velocidad de la luz de un extremo a otro del Planeta y llega a cientos o miles de millones de personas.

Modelo mental de la segunda iteración

Entramos ahora en el suceso epidémico, que sucede por la introducción de un sujeto parásito, bien sea un gusano, un hongo, protozoo, bacteria, virus o un prion, en la comunidad.

Todas las especies tienen un conjunto de factores que determinan su crecimiento y su disminución en número. Se reproducen en una proporción tan grande que su número aumentaría considerablemente si solo murieran por accidente o vejez. Y el tiempo de duplicación en número, por esa tasa de crecimiento es mucho mayor que el que le correspondería por dicha tasa. Y los dos factores limitantes de ese crecimiento es 1) la disponibilidad de alimento y 2) la actividad de sus depredadores¹⁷.

Cada especie tiene dos tipos de depredadores, los que son capaces de capturarla y devorarla como alimento (predadores) y los que son capaces de invadirla por dentro (los parásitos). También los hay a medio camino, como los insectos o los vampiros.

La finalidad de ambos (de los tres) es la misma, obtener alimento y capacidad reproductiva, es decir, la supervivencia. Es decir, la actividad central de un ser vivo es obtener alimento y evitar ser devorado.

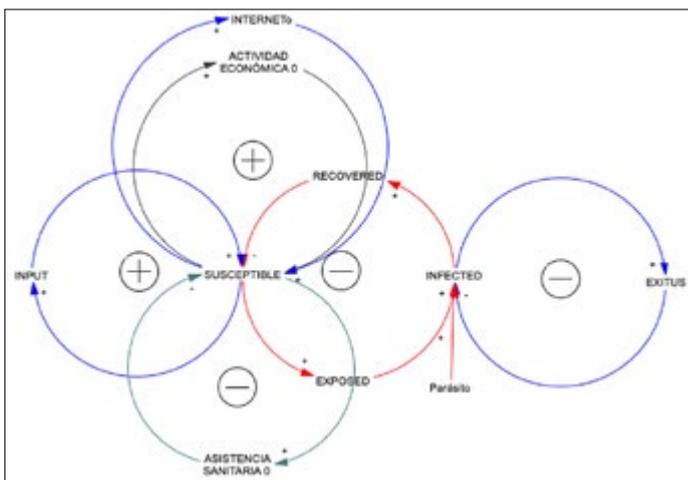


Figura 4.

Los animales mayores que están en la cúspide de la cadena alimenticia y, no tienen pues competidores ni depredadores, son sin embargo atacados y en su caso muertos por los que están en el escalón microscópico de la cadena, por los microorganismos. El tigre es el rey de la jungla, pero muere por, las lombrices que le acribillan los pulmones.

Es decir, la enfermedad infecciosa es un acontecimiento rigurosamente normal en la biología. Y lo que sucede, cuando esa enfermedad infecciosa es además, transmisible, es decir, contagiosa, es que, en la dinámica poblacional que hemos visto en la primera iteración, se introduce una segunda entre las entradas y las salidas, que convierte a la variable «población», en dos grupos, los «susceptibles» o personas sanas de la enfermedad y en «infectados», personas capaces de transmitirla. Más un tercer grupo que son los «recuperados», personas que han sufrido la enfermedad, no han muerto y vuelven a recuperar la salud pero con sus defensas capaces de rechazar una nueva infección por el mismo agente.

En esta situación, como sabemos, todo se altera, la actividad económica decae de forma brusca y repentina, las relaciones sociales se tensan, surge el miedo, la información fluye de una forma descontrolada y muy distorsionada y, por supuesto, el sistema sanitario se resiente por el incremento de casos y de ingresos en los hospitales.

Es en este escenario básico, donde William Kermack y A. Gray McKendrick, desarrollaron su conocido modelo de epidemias SIR, SEIR, al que me he referido en la introducción.

Modelo mental de la tercera iteración

Si la segunda iteración representa la dinámica de la epidemia de modo inercial, es decir, sin respuesta sanitaria ni social activa, salvo la de atender a los enfermos de su dolencia física, en esta tercera iteración, introducimos la respuesta sanitaria, social y política al problema, con la imposición de medidas preventivas de contención y mitigación, con restricciones a la movilidad, la imposición de elementos protectores, medidas de higiene, que todos ya conocemos. Además se incluyen aquí la asistencia segregada del resto de pacientes, a los pacientes contagiosos, como medio de protección al resto de ellos, que estando enfermos, no están infectados.

Veremos en este tercer escenario, cómo la respuesta sanitaria, lejos de suponer un alivio del problema, puede agravarlo si esta no se adopta con la debida determinación y rigor.

Las curvas epidémicas son regresiones logísticas que llegado a un límite, más allá del cual la epidemia no puede crecer por agotamiento de los susceptibles, con la respuesta sanitaria y, sobre todo, con las dudas políticas en su aplicación, generan las denominadas olas de contagio, dado que, la respuesta sanitaria,

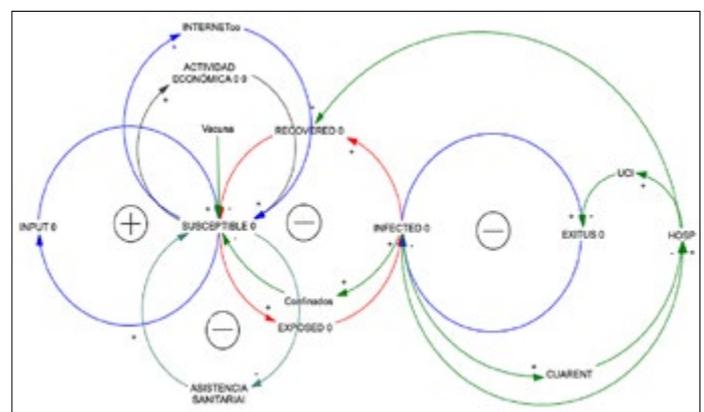


Figura 5.

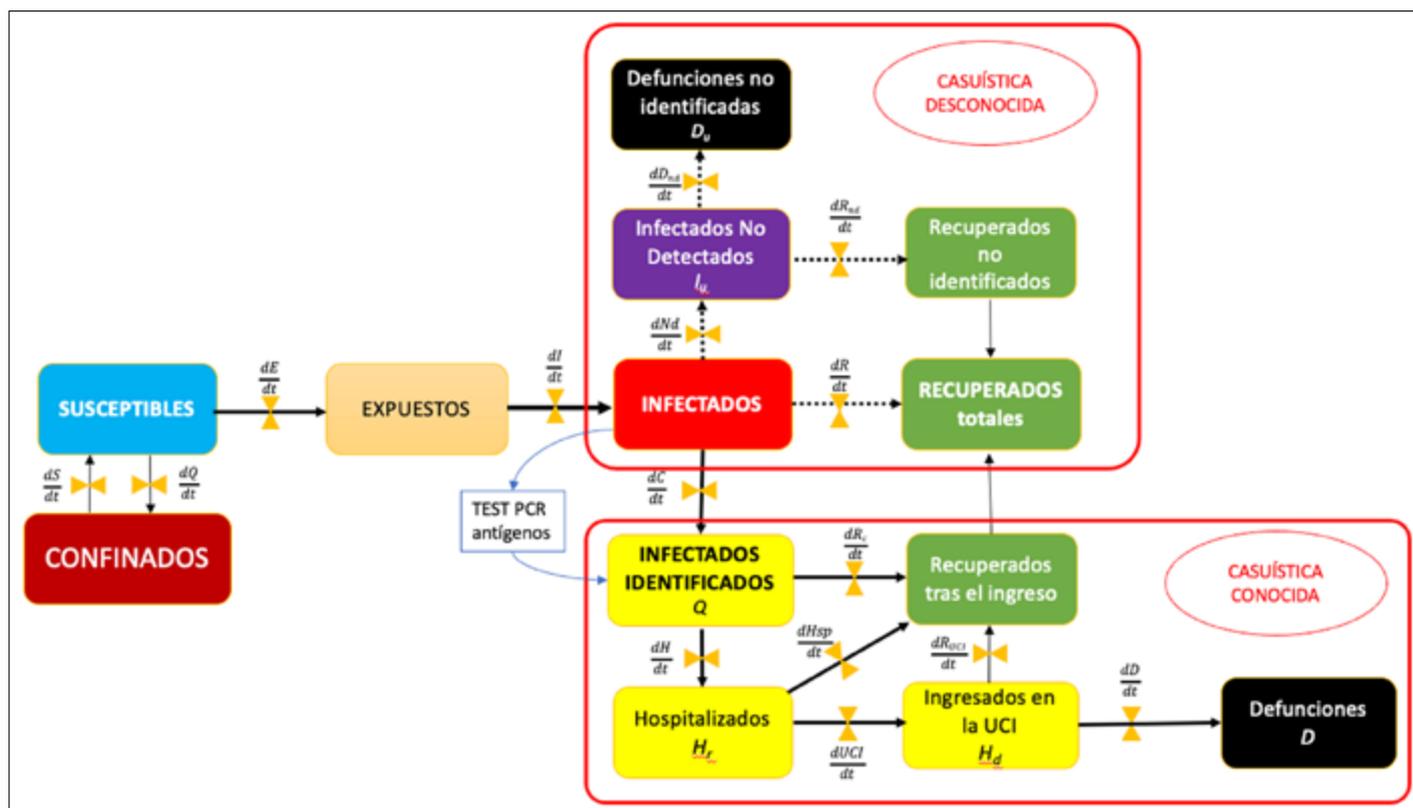


Figura 6.

rompe el devenir normal de la epidemia, pero no consigue eliminar el peligro, sino sólo frenar su avance.

Modelo formal

El modelo formal, resultado de este proceso intelectual, es el modelo matemático denominado Modelo de Epidemias por Dinámica de Sistemas (MEDS), representado esquemáticamente en la figura 6.

Este modelo muestra una secuencia dinámica principal que la componen los colectivos humanos del modelo SIR (SUSCEPTIBLES, INFECTADOS Y RECUPERADOS) más el colectivo de EXPUESTOS, que se hallan en fase de incubación de la enfermedad.

En la parte inferior, se describe la secuencia asistencial, donde se despliegan los colectivos humanos diagnosticados, hospitalizados (en planta y en UCI, y finalmente los fallecidos). En realidad, lo que conocemos de la epidemia, lo aportan los enfermos detectados, bien por que en ellos aparece sintomatología compatible, o identificados por los test masivos de PCR

y antígenos que se están haciendo a la población. Es la ZONA CONOCIDA de la epidemia, y la que podemos controlar, bien por cuarentena domiciliaria o ingreso hospitalario.

Una tercera secuencia, en la parte superior, la forma el colectivo de infectados no detectados (NoDet). Este es el colectivo realmente problemático, porque en realidad, lo que se conoce de la pandemia es realmente el colectivo diagnosticado y asistido, pero el que realmente contagia y mantiene la expansión de la epidemia es el colectivo de infectados no identificados, y que es la gran amenaza fantasma que se cierne sobre la población, razón por la que la única forma de controlar la epidemia es el cribado masivo de los susceptibles, al menos hasta que sea efectiva alguna de las vacunas que parecen estar en la línea de salida para ser distribuidas por el mundo.

Matemáticamente, las variables de nivel se resuelven con integrales y las variables de flujo, con ecuaciones diferenciales $\frac{dx}{dt}$.

El comportamiento del modelo, se ha ensayado en el caso de la población de la Comunidad de Madrid, utilizando como serie temporal la información aportada por el Instituto de Salud Carlos III¹⁸, recogidos por la web x-y.es/COVID19¹⁹.

Tabla 1: Cuadro de mando de las tasas del modelo.

m Contactos x contagiado	3	Tasa de asintomáticos inf.	0,44	Tasa de ingreso en UCI	0,05
t Probabilidad de contagio	0,693	Tasa recuperación NoDet	0,6	Días Est Media UCI	10
Tiempo de incubación	7	Tasa mortalidad NoDet	0,15	Tasa de fallecidos en UCI	0,06
g Días de contagiosidad	20	Días de cuarentena	14	Tasa de reinfección	0
Tasa de cuarentena	0,2892	Tasa de ingreso en hospital	0,5	Tasa de vacunación	0
Tasa de NoDetectados	0,285	Días Est. Media hospital	14	Tasa de PCR positivos	0,6

Según los datos difundidos por el Instituto de Salud Carlos III correspondientes al 17/11/2020 en C. Madrid ha habido un total acumulado de 339.610 **casos**: 297.554 detectados por **prueba PCR**, 22 vía **test de anticuerpos** y 42.034 por otras vías; y alcanza las 11.040 **defunciones**.

La simulación ajustada a los datos reales en la primera ola se muestra en la tabla 1 o cuadro de mando del modelo.

RESULTADOS

El modelo se ha ensayado en condiciones genéricas, sobre una hipotética población de 100.000 personas, para simular el «comportamiento inercial» de la epidemia, es decir, aquel por el que esta se expande sin intervención sanitaria. El resultado, basado en una tasa de contagio de 2 casos por infectado y 0,15 como probabilidad, da como resultado 53.600 casos, es decir el 46% de la población de 100.000.

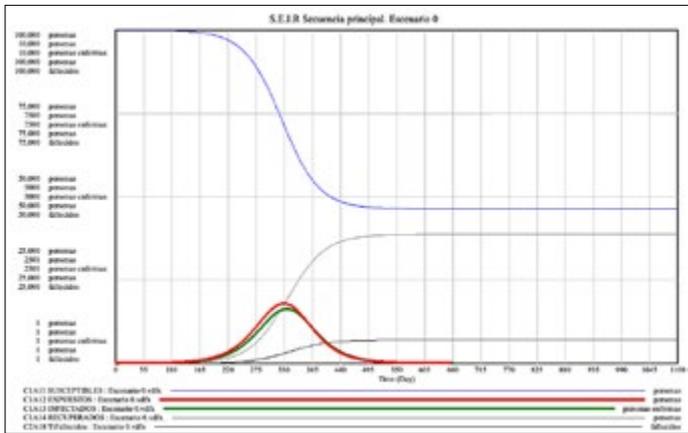


Figura 7.

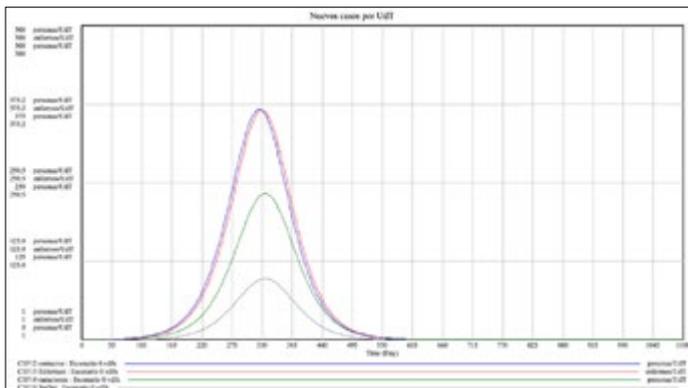


Figura 8.

La tabla 2 expresa los datos principales reales y en números rojos, los casos arrojados en la simulación (entre paréntesis se indica los casos acumulados).

Según el Real Decreto 463/2020, de 14 de marzo, la noche del 15 de marzo se ordenó el confinamiento total de la población, excepto los servicios esenciales. Este hecho se simula, según se ve en la figura 9, mediante un brusco descenso de los susceptibles y un incremento súbito de la variable de nivel de personas confinadas.

Tabla 2

Fases	Fecha	Casos	Fallecidos
Comienzo Estado de alarma Datos simulados→	15 de marzo (75)	2.736 (22.188) 2.701 (21.868)	79 (298) 37 (295)
Pico de primera ola Datos simulados→	20 de marzo (80)	3.217 (36.685) 4.008 (38.768)	208 (990) 66 (533)
Comienzo desescalada Datos simulados→	5 de mayo (126)	65 (70.448) 18 (98.411)	33 (7.804) 91 (7.726)
Nueva normalidad Datos simulados→	21 de junio (173)	29 (75.221) 604 (101.148)	5 (8.614) 21 (9.642)
Comienzo de repunte Datos simulados→	4 de agosto (217)	1.104 (85.316) 1.024 (148.807)	1 (8.665)
Pico de repunte segunda ola Datos simulados→	18 de sept. (262) 13 sept. 257	6.735 (212.521) 6.277 (528.277)	36 (9.307) 61 (9.668)
Fin de los datos	11 nov. (316)	1.316 (328.885)	

Para ello, a la variable Confinados, que calcula el número de personas confinadas por UdT, se la introduce un motor de inferencia (IF THEN) de modo que si el momento de la simulación es mayor que un valor introducido ex profeso para indicar cuándo el modelo ha de simular el confinamiento, entonces, la variable de flujo Confinados, pasa de ser «0» a un valor predefinido, que se ha estimado en 0,8 (confinar el 80% de la población) exceptuando los servicios esenciales. El resultado es el de la figura 9.

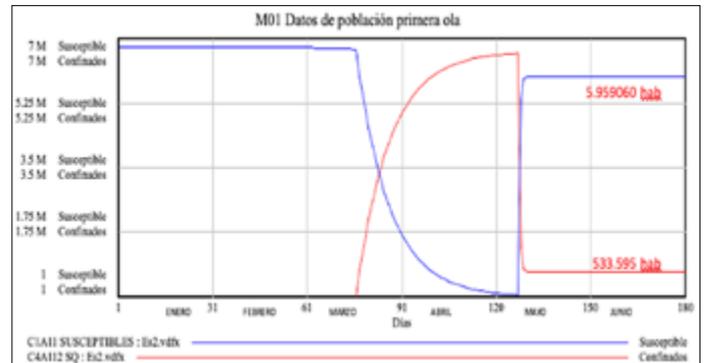


Figura 9.

Y tal día como el 5 de mayo, cuando comenzó el proceso de desescalada, se vuelve a recuperar la vida normal.

Según esta actuación, las curvas de incidencia calculadas son las que representa las figuras 10 y 11, con un pico de 5.174

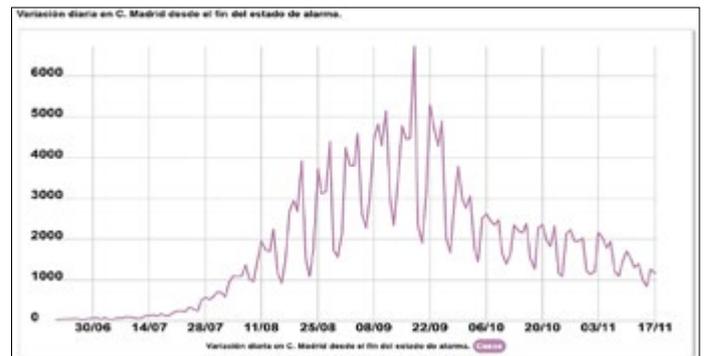


Figura 10.

Modelo dinámico de la pandemia de COVID19

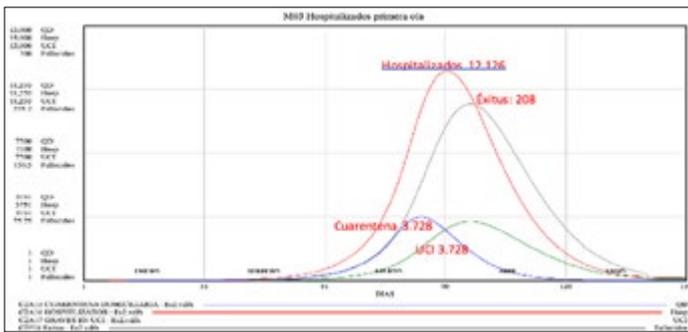


Figura 11.

infectados por UdT, y una incidencia diaria de 3.696 nuevos casos el 20 de marzo.

Obligadamente, se ha tenido en cuenta el problema de los asintomáticos, definidos en el modelo como No Detectados, y que se ha estimado hipotéticamente en 2081 como pico máximo de la primera ola.

Así las cosas, se afronta realmente el verano, con una incidencia de casos diarios reales de entre 21 y 91 casos, con un promedio de 55,18 casos diarios entre el 13 de junio y el 12 de julio, con un promedio de 57 casos diarios. Fueron fechas de alegría y esperanza, ante lo que parecía el fin de la pandemia, con clamores gubernamentales de «haber vencido al virus». Y con la ineludible necesidad de recuperar la economía, sobre todo la hostelería y el turismo, se permitió que la gente «tendiera a hacer una vida normal». Sin embargo, nada más lejos de la realidad.

En este gráfico (Figura 10) se muestra la evolución real, (datos del ISCIII) tras el fin del desconfinamiento. Se puede decir que hubo tregua entre el 15 de junio y el 15 de julio, ya que a partir de entonces todo fue a peor, como todos conocemos

Poder simular este escenario, es francamente complejo, dado que es imposible aplicar al modelo un «comportamiento caótico», conocido como «el martillo y la danza», el martillo es la medida dura (confinamiento) y la danza son las medidas «soft» de limitaciones a la movilidad esporádicas, medidas higiénicas, el uso de mascarillas, etc..., a no ser que se le estén introduciendo reiteradamente instrucciones condicionales, que rompan cualquier tipo de evolución predecible mediante modelos matemáticos coherentes. Y esto es lo que se ha tenido que hacer.

Para poder ajustar la simulación a los casos reales, se ha tenido que «forzar» al modelo a «no seguir» el normal desarrollo de los acontecimientos, basados en las ecuaciones diferenciales e integrales, sino en responder en determinados momentos

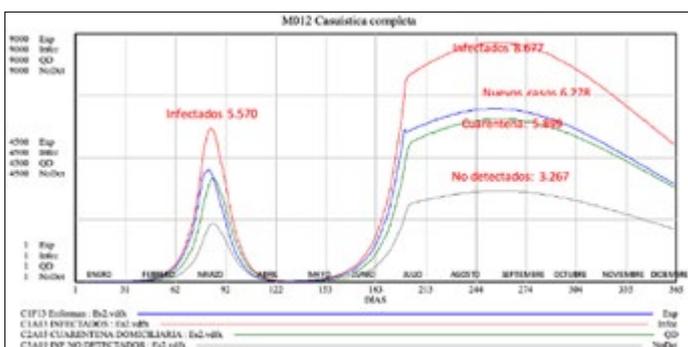


Figura 12.

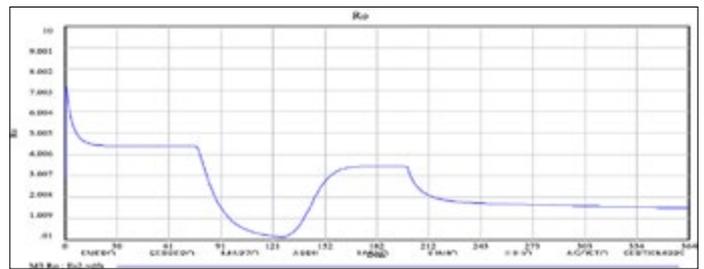


Figura 13.

de la simulación a sentencias condicionales tipo «if then else», variando así el rumbo de los acontecimientos, que es lo que las medidas, tanto sanitarias como sociales, pretenden.

Un indicador muy elocuente de la evolución ha sido el número de reposición (Re) que, salvo en el periodo veraniego, el modelo indica que jamás ha estado por debajo de 1.

Por último, para tratar de minorar la dispersión de ajuste entre los datos reales y simulados, se ha aplicado el análisis estocástico mediante el método de simulación Montecarlo (200 iteraciones), con un resultado que ofrece este aspecto.

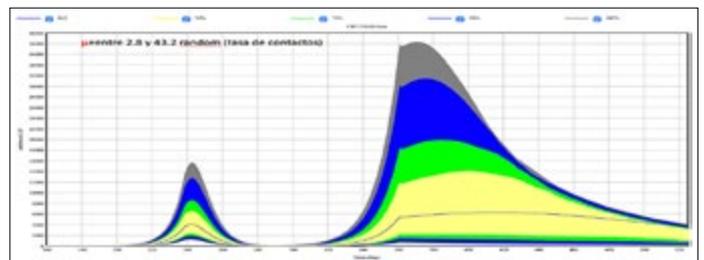


Figura 14.

En suma, con los datos disponibles y el comportamiento de la epidemia, este modelo y, en opinión del autor, cualquier otro, más de pretender ajustarse a los datos reales, que vemos no obedecen a la lógica, es advertir que «hay que tratar de evitar en lo posible detener el avance», porque puede ser demoledor... siempre que los datos disponibles respondan a la realidad, es decir, tratar de reducir al máximo la casuística NO DETECTADA».

Y una segunda advertencia es la que surge de cómo de comportará la pandemia en 2021.

Esta gráfica plantea un serio dilema:

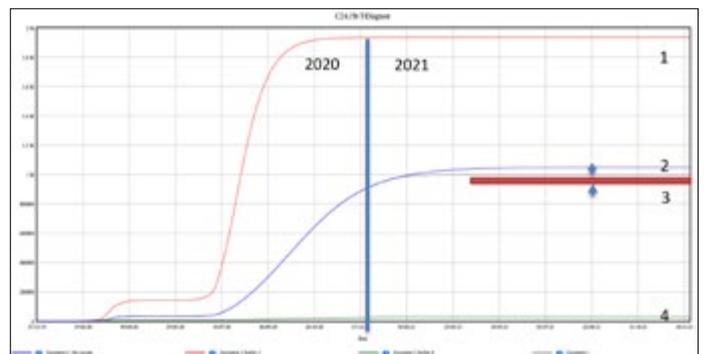


Figura 15.

La línea superior «1», (roja) plantea el escenario en el que todos los asintomáticos, no detectados o portadores sanos, sean contagiosos. Supone que el total de diagnosticados a final

de 2021 podrían suponer casi dos millones de personas (Comunidad de Madrid).

La línea «2» (azul), plantea el escenario que ha simulado el modelo en 2020, con sus dos olas y una proporción de asintomáticos del 47% casi el doble de los detectados, sin la aplicación de la vacuna.

La línea «3» (gris), plantea el mismo escenario de la línea 2, pero aplicando la vacuna. La diferencia de casuística entre ambos escenarios resulta ridícula, de 998.000 diagnosticados sin vacunar a 930.000 vacunados.

Sorprendente.

DISCUSIÓN

Que el autor conozca, no se ha elaborado un modelo de simulación dinámica para el ámbito de la comunidad de Madrid, aunque sí para otras zonas, como es el trabajo del equipo de Ángel Manuel Ramos de la Fad. de Matemáticas de la Universidad Complutense (Ref. 3). Este es un modelo analítico θ -SIR, basado en los mismos principios que el modelo SIR de Kermack y McKendrick, pero extendido, como el MEDS a pacientes infectados no detectados.

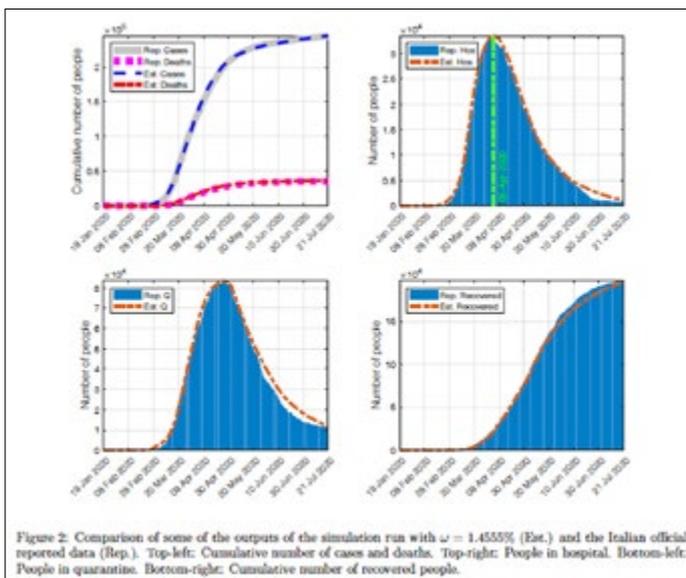


Figura 16.

Los resultados de este modelo pueden ser tan ajustados como se quiera, de la misma forma que MEDS, porque en ambos casos, los modelos reflejan comportamientos inerciales que son los que se consigue con la aplicación de las ecuaciones. Pero en el caso de esta pandemia de COVID, se ha procedido por los gobiernos a tantas medidas tanto correctas como incorrectas para frenar la propagación del virus que, sólo introduciendo excepciones en el modelo, las curvas inerciales pueden ajustarse al caos observado en el comportamiento real. Esto es inevitable.

Otro modelo para COVID19 es el desarrollado por el equipo de la Universidad de Valencia (Ref. 4), con un esquema similar donde incluye a los confinados; exponen las tasas de calibración, pero no arrojan ningún resultado, al menos en el trabajo de 2 de abril, al inicio de la pandemia.

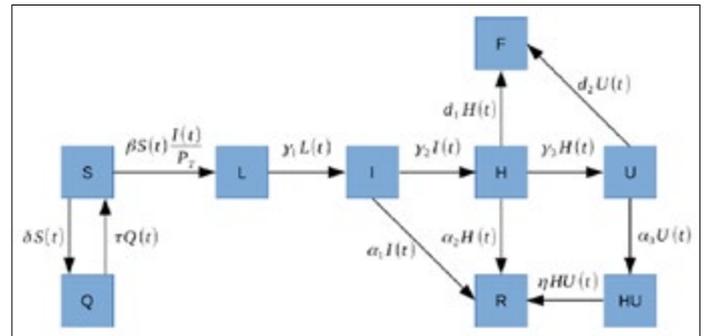


Figura 17.

El resultado que arroja el modelo MEDS, es a juicio del autor, en esencia similar que el que arrojan los demás modelos, pero se significa que todos presentan, a juicio del autor, tres problemas básicos.

El primero es respecto de los límites: ¿Dónde termina el modelo? ¿Que variables pertenecen a él y cuáles no? La respuesta parece clara, en el núcleo del modelo MEDS, de este trabajo, están descritas todas las variables, pero incluso estas son difusas, en el sentido de que el comportamiento de cada variable de nivel tiene un comportamiento variable según se desagreguen por grupos de población, por ejemplo por grupos de edad, jóvenes, adultos y mayores, están siendo en la realidad, tres grupos de edad de comportamiento significativamente diferente. Sin embargo, en el modelo están unidos dentro de las mismas variables. Esto es fuente de una importante variabilidad en las tasas, que se muestra en el análisis estocástico.

El segundo de los grandes problemas es el calibrado. Sin haber hallado una metodología sencilla para su calibración, se entiende que una propiedad que han de tener los modelos es su «elegancia matemática», es decir, la tentativa de conseguir con el simple diseño de modelos analíticos, que ellos respondan al comportamiento real.

Dinámica de Sistemas ofrece muchas posibilidades de truncar esa elegancia inercial, mediante sentencias que introducen la lógica de los motores de inferencia, con sentencias del tipo «sí... entonces» (IF THEN ELSE), es decir, si se cumple tal circunstancia, entonces hacer «A» y si no, «hacer B». En esta primera versión del modelo, así se ha procedido.

El tercero de los problemas es la fiabilidad de los datos. Sin ánimo de entrar en el incómodo problema del negacionismo, sí que es cierto que, dado que este episodio pandémico se está desarrollando en nuestra actual sociedad de la información, ha de tenerse en cuenta que no sólo se está viviendo una pandemia biológica, provocada por un virus hasta ahora desconocido, sino además se está viviendo una «infodemia»²⁰, una pandemia informativa, que no hace más que incrementar o disminuir la realidad, según conviene a las autoridades políticas y sanitarias. Esta es una pandemia que llega y se difunde mucho antes que la real, debido al efecto amplificador de los canales de información.

Hay indicios razonables para pensar que los datos que se vierten no son precisamente los reales y que los casos reales, según se mire, pueden ser mucho mayores o menores, según de fiable sea el sistema de información epidemiológico, su homogeneidad respecto de las zonas, ciudades, regiones, CCAA o países. No hay seguridad de que los datos de Francia obedezcan al

Modelo dinámico de la pandemia de COVID19

mismo criterio que los españoles o los japoneses. Pero el factor más importante para la falta de fiabilidad es el colectivo de «No detectados». Así que tanto más cribado por PCR se efectúa, más infecciones se registrará, e inversamente, cuanto menos test se hagan, menos infecciones se registran.

El modelo plantea un serio problema de orden de magnitud. A finales de diciembre, Madrid, Comunidad alcanzaba los 400.000 afectados confirmados mientras que el modelo predice el doble. Y la evolución de 2021, plantea el típico comportamiento de una epidemia que se agota por haber alcanzado la inmunidad colectiva.

Sin embargo estamos viendo que con la aparición de la Cepa Británica y el incremento de la casuística en torno a las navidades, lo más probable es que se produzca una tercera ola más importante aún que la segunda y que, la efectividad de las vacunas de Pfizer y Moderna, no sean al final igualmente efectiva al mismo nivel. En otras palabras, que si bien los modelos pueden reproducir lo sucedido (adulterando las ecuaciones con instrucciones directas en determinados tiempos $t = i, j, k, \dots$), la prospectiva es demasiado arriesgada debido a la imprevisibilidad de los acontecimientos. ¿Qué utilidad tienen los modelos entonces? A juicio del autor, bastante para comprender el comportamiento dinámico, la complejidad dinámica del proceso, pero bastante poca para predecir el caos en que se está convirtiendo la situación.

En otras palabras, los modelos matemáticos tienen para esta pandemia un valor descriptivo y explicativo, pero escaso valor prospectivo.

No obstante, este tipo de modelo, si se asocia a un Sistema de Mando y Control Sanitario (diseñado bajo los mismos principios de un SMC (C2), Mando y Control Militar, puede contribuir a una mejor gestión de la epidemia, al menos en zonas localizadas, como es el caso de una Comunidad Autónoma.

CONCLUSIONES

1. Estamos ante la primera gran pandemia global del siglo XXI, sólo comparable con la que justamente hace un siglo se vivió con la Gripe de 1918.

2. Ante el incierto desarrollo de los acontecimientos, ha proliferado, en un intento de conseguir minorar la incertidumbre, multitud de modelos matemáticos y desplegadas grandes cantidades de sistemas de información (vigilancia epidemiológica), que difunden todos los medios de información y comunicación tanto oficial como basados en redes sociales (infodemia).

3. Todos los modelos, de alguna forma, se basan en el modelo SIR, de Kermack y McKendrick, excepto los que emplean tecnologías del tipo «autómatas celulares» «modelos basados en agentes» o sistemas de información geográfica SIG.

4. Nuestro modelo MEDS.COVID19, objeto de este trabajo, se desarrolla sobre los mismos principios del modelo SIR, extendiendo, como lo hacen otros modelos, las variables de nivel a los colectivos de pacientes hospitalizados, cuarentenas y No Detectados.

5. El empleo de la metodología de Dinámica de Sistemas, facilita a los profesionales no matemáticos la comprensión de todo el proceso de modelado y simulación.

6. Se aplica, para la simulación el escenario real de lo acaecido en la Comunidad Autónoma de Madrid.

7. El modelo MEDS, detecta el grave problema del colectivo de pacientes «no detectados», causa de la propagación de la epidemia y de su difícil control.

8. Un modelo dinámico puede ser un complemento adecuado a un sistema de Mando y Control Sanitario.

9. Esta primera versión (MEDS V1) de este tipo de modelos dinámicos, abre la puerta para una posterior investigación y desarrollo multidisciplinar en aras a una mejor comprensión de estos fenómenos sanitarios que, nuevamente, parece que vuelven a asolar a la Humanidad.

10. El principal valor de los modelos predictivos *NO ES qué va a suceder*, dado que el régimen caótico de los acontecimientos en respuesta a las medidas de primera instancia que se vienen tomando, es impredecible, como «a saber que habrá ocurrido en Navidad», pero para lo que sí sirven es para advertir sobre «*lo que SUCEDERÁ, sí*»... no se toman medidas adecuadas.

11. Dadas la prospectiva del modelo y la gran cantidad (el doble) de afectados que lo reconocido por los datos oficiales, o bien el modelo está mal calibrado, o los datos oficiales no son los reales. Y en cualquier caso, el modelo predice un 2021, sin demasiados sobresaltos, tanto si se aplica la vacuna como si no; lo que supone un tema de gran controversia, cuya solución más fácil y menos comprometida para las autoridades sanitarias es que el modelo no sirve, lo que al autor no le plantea ningún problema. *Los modelos se diseñan para explicar por qué no funcionan.*

ADDENDUM

Este modelo fue desarrollado con un horizonte temporal en el día 11 de diciembre de 2020, con los datos disponibles hasta esa fecha. Más allá de esa fecha, la simulación era eminentemente prospectiva. Desde entonces hasta la actualidad (1 de febrero de 2021, momento de escribir este addendum) han sucedido y están sucediendo muchos acontecimientos, fundamentalmente: 1) la aparición de las nuevas cepas, la británica y en los últimos días la sudafricana, 2) el proceso de vacunación en masa y 3) el crecimiento nuevamente exponencial de la tercera ola que se encuentra en estos momentos en España y en el mundo en el clímax, lo que está obligando a los gobiernos (en España, Central y autonómicos) a tomar medidas perfectamente heterogéneas, al borde de nuevos confinamientos totales.

En relación con las nuevas cepas, éstas suponen una bifurcación en la prospectiva del modelo, que dispara múltiples posibilidades de evolución, dependiendo de que la población ya inmunizada lo sea también a éstas o no. Tampoco está claro, a día de hoy, que las nuevas vacunas RNAm puedan ser útiles para proteger ante estas nuevas variantes del virus. Por otra parte se está desvaneciendo cada día que pasa la posibilidad de alcanzar un 70% de vacunados en julio, y con ello la ansiada inmunidad colectiva, debido a la falta de compromiso de las farmacéuticas y por los problemas logísticos de distribución hasta los puntos finales de dispensación.

Y por último tenemos la gran protagonista de todo esto, que no es el virus, sino la COMPLEJIDAD DINÁMICA, que como bien define Klaus Schwab en su libro «*COVID-19: el Gran*

Reinicio: «En lo más profundo de nuestro ser, notamos que cuanto más complejo es un sistema, mayor probabilidad hay de que algo salga mal». Y están saliendo y saldrán muchas cosas mal, y de entre todas, la variable independiente que marca los tiempos, medidas y las decisiones, la saturación del sistema sanitario, definida por el número de camas de UCI con capacidad de ventilación mecánica, y muy de cerca por la disponibilidad de personal de enfermería cualificado en cuidados críticos. Y añade Schwab algo que muchos hemos pensado erróneamente, que COVID19 no es un suceso Cisne negro, sino Cisne blanco, porque era previsible que esta catástrofe comparable con la Segunda Guerra Mundial ocurriera, pero que encierra infinidad de sucesos Cisne negro, en referencia a todas las repercusiones en todos los ámbitos de la vida, personal, familiar, comunitaria, social e internacional, que las harán añicos, y que ya se empieza a hablar de que COVID19 ha marcado ya un punto de inflexión en la Historia de la Humanidad, un «la Historia aC y la Historia dC» (Antes del COVID y después del COVID).

Los modelos matemáticos servirán para encontrar un poco de sentido y lógica a lo que está pasando, sin ánimo de predecir lo que es está convirtiendo a pasos agigantados en un descomunal atractor caótico.

BIBLIOGRAFÍA

1. Organización Mundial de la Salud. Declaración mundial de pandemia por Covid19 11 de marzo de 2020. <https://www.who.int/es/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>.
2. Sánchez Garduño Faustino, Miramontes Pedro y Gutiérrez Sánchez José Luis, Clásicos de la Biología Matemática, Siglo XXI, Primera edición 2002.
3. A simple but complex enough θ -SIR type model to be used with COVID-19 real data. Application to the case of Italy. A.M. Ramos, M.R. Ferrández, M. Vela-Pérez, B. Ivorra. MOMAT Research Group Interdisciplinary Mathematics Institute Complutense University of Madrid
4. Clara Burgos Simón, Juan-Carlos Cortés, Modelo para el estudio de la dinámica de transmisión del SARS-COV-2 y la enfermedad del COVID19. Descripción técnica. Instituto Universitario de Matemática Multidisciplinar, Universitat Politècnica de València, 46022 Valencia, España. 2 de abril de 2020.
5. Imperial College of London <http://www.imperial.ac.uk/mrc-global-infectious-disease-analysis/covid-19/>.
6. Forrester J. (1958) Industrial Dynamic: A major Breakthrough for decision makers Harvard Buss. Rev. 36, Pg. 37-66.
7. Forrester J. (1969) Urban Dynamics. The MIT Press. Massachusetts. 1969.
8. Vensim. Modelo DS sobre la epidemia de Covid19. <https://vensim.com/coronavirus/>.
9. Forrester J. (1961) Industrial Dynamics. The MIT Press. Massachusetts 1961.
10. Forrester J. (1969) Urban Dynamics. The MIT Press. Massachusetts. 1969.
11. Forrester J. (1971) World Dynamics. Wright-Allen Press. Cambridge 1971.
12. Meadows D. (1972) The limits to growth. Potomac Associates 1972. Ed. Español: Los límites del Crecimiento. Fondo de Cultura Económica. Mexico 1972.
13. Meadows D. (1974) Dynamic of growth in a finite world. Wright-Allen Press, 1974.
14. Meadows H. (1992) Más allá de los límites del Crecimiento. Ed. Aguilar. Madrid 1992.
15. ISEE systems. Stella Architect. <https://www.iseesystems.com/store/products/stella-architect.aspx>.
16. ITHINK System Thinker, the visual thinking tool. <https://thesystemsthinker.com/ithink-the-visual-thinking-tool/>.
17. Sir McFarlane Burnett. Historia natural de la enfermedad infecciosa, Alianza Universidad 1972.
18. Ministerio de Sanidad, Gobierno de España ISCIII <https://cnecovid.isciii.es/covid19/#ccaa>.
19. COVID 19 en C. Madrid, tablas y gráficas de la evolución del coronavirus. <https://x-y.es/covid19/c-madrid.ccaa#indice1>.
20. Organización Mundial de la Salud. ¿Qué es la Infodemia de la que habla la OMS? <https://www.julianmarquina.es/que-es-infodemia/>.