

Covid19_SIR_discreto

Un modelo simple para la pandemia

28 de enero de 2021

Juan María Fernández[†] & Inmaculada Martínez^{*}

[†]Doctor en Ciencias Físicas (UVA), Profesor de Física y Química (jub.)

^{*}Licenciada en Ciencias de la Educación Física y Deportiva (INEF Madrid)

^{*}Licenciada en Ciencias de la Educación (UNED)

^{*}Diplomada en Ciencias Humanas (EUPA)

^{*}Profesora de FP-Servicios Sociales y a la Comunidad

^{†*}IES Jorge Manrique de Palencia (España)

[†]email: jmfernandezprof@gmail.com

«Tomadas *cum grano salis*, esas simulaciones no están tan descaminadas»

Mariano Santander (8 de abril de 2020)

Resumen

Este documento es una introducción al simulador **Covid19_SIR_discreto.jar** [2, 3], que describe la pandemia debida al coronavirus que ha afectado a todo el planeta desde principios de 2019, y que posiblemente siga siendo un elemento perturbador en nuestras vidas durante 2021 y más adelante.

Covid19_SIR_discreto.jar es un simulador **EJS**-java [10], que desarrolla un clásico modelo epidemiológico de cajas (**SIR**), con el cual el usuario puede explorar de manera muy simple e interactiva los posibles escenarios de **Evolución** de la pandemia. La sencillez de la maquinaria numérica subyacente le hace **NO adecuado** para la predicción numéricamente certera de los fenómenos, pero, como explica Mariano Santander en [3], **SÍ es adecuado** para mostrar *tendencias*, *posibilidades* y los *sorprendentes efectos* que pueden producirse en el transcurso de una enfermedad muy contagiosa. El objetivo del simulador es proporcionar, a personas interesadas en la epidemiología del **Covid19**, una manera de acercarse a las peculiaridades de la **Evolución temporal** de la pandemia, con requerimientos que no van más allá de la aritmética cotidiana y el sentido común que manejamos al ir a la compra, usando un modelo simple y robusto¹ que está en la base de los más complejos que de hecho utilizan los epidemiólogos en la previsión [5] y control real de la pandemia [8].

Si Ud. encuentra en este documento o en el simulador errores de concepto, de lenguaje o de cualquier tipo, por favor, envíe una reseña al correo de los autores.

¹Una definición simple de robustez se da en la nota al pie de la §5.5

Créditos adicionales

El simulador y el contenido de este documento han sido revisados y debatidos en la **Asociación Torqueo**, por un grupo de profesores en activo y jubilados del Instituto Jorge Manrique de Palencia durante el inicio del curso académico 2020-2021, cuyos participantes fueron:

Juan María Fernández Martínez

Inmaculada Martínez García

Ángel Prieto Benito

Este documento y el simulador asociado se ceden con la licencia **Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International** (**CC BY-NC-SA 4.0**)



Índice

1. El modelo SIR discreto y la Evolución por defecto	4
1.1. Modelo continuo vs modelo discreto	6
1.2. El parámetro R_0	6
2. El panel principal	7
3. El panel de las pestañas	9
3.1. Pestaña Número_Inicial_Infectados	9
3.2. Pestaña Saturación_del_SAS	9
3.3. Pestaña Crecimiento_Exponencial	10
3.4. Pestaña Inmunidad_de_Grupo	10
3.5. Pestaña Aislamiento_Social	11
3.6. Pestaña Alteración_Mutación	12
4. Guías paso a paso	13
5. Apéndice: Las matemáticas del modelo SIR discreto	14
5.1. De la distribución Binomial a la de Poisson	14
5.2. Las condiciones para la distribución de Poisson	15
5.3. Media y varianza en la distribución de Poisson	16
5.4. Probabilidades de contagio	17
5.5. La distribución de Poisson en el modelo SIR discreto	17
6. Bibliografía	18

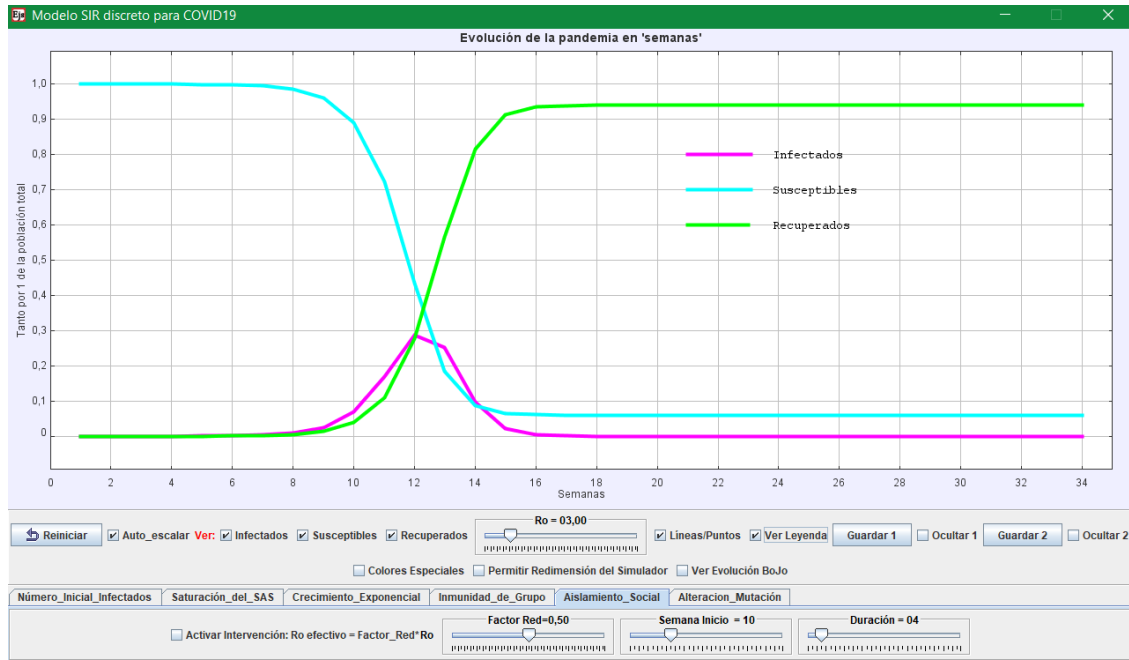


Figura 1: **Evolución por defecto** en el simulador. Justo después de lanzar el simulador, se han activado las casillas **Autoescalado** y **Ver Leyenda**, en el panel principal, inmediatamente bajo el eje horizontal del gráfico. La casilla **Líneas/Puntos** está activada por defecto.

1. El modelo SIR discreto y la Evolución por defecto

Al lanzar el simulador java **Covid19_SIR_discreto.jar**, y activar algunas casillas de verificación, aparece en pantalla la Figura 1, que muestra la **Evolución por defecto** de la pandemia.

El modelo **SIR** tiene sus orígenes en un artículo seminal [1] de 1927, y ha sido reiteradamente utilizado y modificado, más o menos drásticamente, a partir de entonces, sobre todo en la versión continua [2, 5]. En este modelo una población de tamaño constante se divide en tres partes:

- **Susceptibles**: es la parte de la población que puede infectarse, descrita por una línea de color azul celeste. En la **Evolución por defecto** al principio es prácticamente el 100 %² de la población. Puede ser menor si por efecto de las vacunas, la predisposición genética, etc., parte de la población está libre de la enfermedad.
- **Infectados**: es la parte de la población que se ha contagiado con el virus, descrita por una línea de color magenta. No se hacen distinciones por la gravedad de los síntomas ni de ninguna otra clase. En la **Evolución por defecto** al principio es de 4 por millón, es decir del 0,000004 por 1.
- **Recuperados**: es la parte de la población que padeció la enfermedad, pero que ya ni la padece ni la puede transmitir, descrita por una línea de color lima. En el **SIR** se consideran que **Recuperados** pueden ser **Curados** o **Fallecidos**, y es uno de los aspectos que más sorprenden cuando se entra en contacto con el modelo, porque englobar **Curados** y **Fallecidos** es, como poco, paradójico, pero también es uno de los principales elementos simplificadores del modelo cuando se considera el armazón matemático. En la **Evolución por defecto** al principio es el 0 %.

²Esto se mide en el eje vertical, en la que el valor está dado en tanto por 1. El valor inicial por defecto es 0,999996 por 1, o, lo que es igual, 99,9996 % de la población.

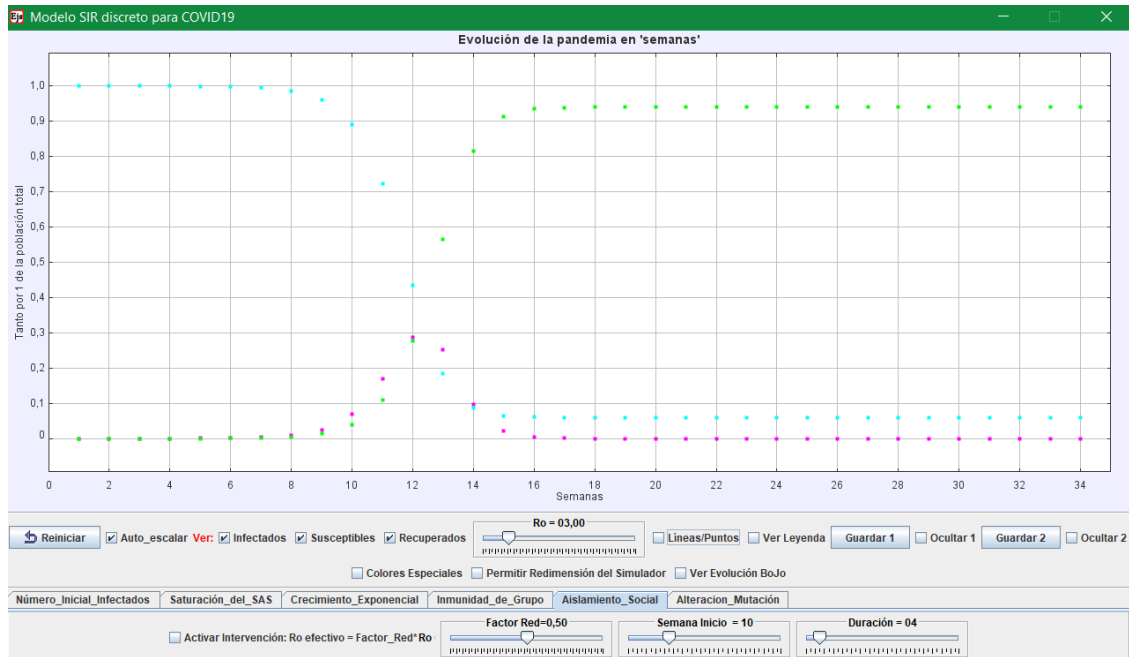


Figura 2: **Evolución por defecto**, con los valores semanales de **Susceptibles**, **Infected** y **Recuperados** marcados mediante puntos de color; cuando se activa la casilla de verificación **Líneas/Puntos**, los puntos se unen mediante una línea poligonal, y viceversa. Este es un modelo discreto, vea las Referencias [3, 4], en contraposición con el modelo continuo de las Referencias [1, 2, 5], en el que las líneas son curvas y lisas (sin las esquinas de la línea poligonal), obtenidas mediante ecuaciones diferenciales.

Los ejes del gráfico miden la evolución de **Susceptibles**, **Infected** y **Recuperados** en el tiempo:

- El eje vertical da la **fracción de la población**, *en tanto por 1*. La conversión de tanto por 1 a tanto por 100 es trivial: basta multiplicar por 100 el tanto por 1 para obtener el tanto por 100; basta dividir el tanto por 100 entre 100 para obtener el tanto por 1. Compruebe, tanto en la Figura 1 como en la Figura 2 que la suma de valores **SIR** en cada semana es igual a 1³.
- El eje horizontal da el **tiempo de evolución**, *en semanas*. La Referencia [3] explica que la «**semana**» es un tiempo característico de la **Evolución** de la pandemia, relacionado con el período de incubación de la enfermedad y el tiempo en que un infectado puede contagiar la enfermedad a otras personas. Es un dato promedio que para el **Covid19** es del orden de la semana ordinaria de 7 días. El eje muestra las semanas desde la 0, justo antes de la pandemia, hasta la 35, para **Ro** igual o superior 1,6; en caso contrario de **Ro** < 1,6, el eje muestra las semanas desde la 0 hasta la 100.

Dado que este es un modelo esencialmente académico, y que para los objetivos del simulador basta, no se muestra la evolución más allá en el tiempo.

³Esto se debe a que la población se supone de tamaño constante. Para comprobarlo, en el simulador, haga sucesivamente clic con el botón izquierdo sobre los puntos magenta, azul celeste y lima en una vertical (corresponden a una misma semana), y manténgalo pulsado. En la esquina inferior izquierda del gráfico aparecerán las coordenadas, en negro sobre fondo amarillo.

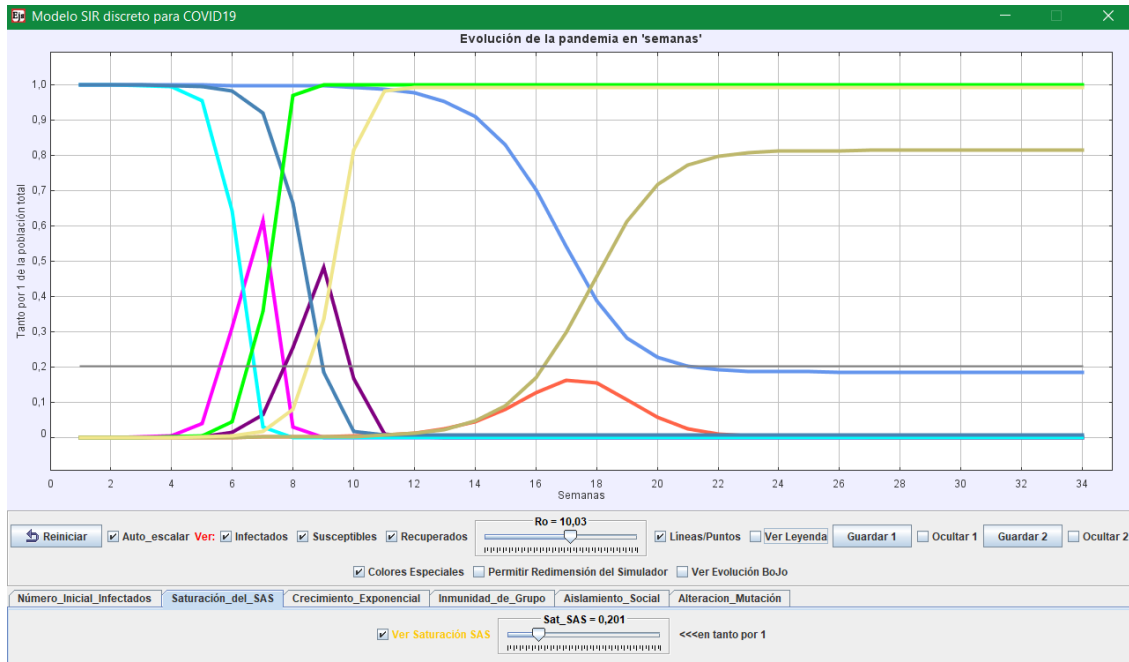


Figura 3: Comparativa del modelo **SIR** para tres valores distintos del parámetro **Ro**. La línea marrón con valor 0,201 muestra el nivel de **Saturación del SAS** (Sistema de Atención Social).

1.1. Modelo continuo vs modelo discreto

Si en el **Evolución por defecto** de la Figura 1 se desactiva en el panel principal la casilla **Líneas/Puntos**, aparece la Figura 2, en la que se muestran los puntos que marcan los valores **SIR** en cada semana. Cuando estos puntos se unen mediante segmentos de recta, formando una línea poligonal, tenemos la representación de la Figura 1. El valor correspondiente a una semana se calcula a partir de los parámetros del simulador, que se describirán luego, y los valores de la semana anterior. Esto determina que este modo de presentar el **SIR** se denomine **discreto**, en contraposición con el más habitual modo **continuo**, basado en ecuaciones diferenciales, que muestra curvas lisas, sin puntos aislados ni discontinuidades.

Tanto en el modelo **SIR** continuo como en el discreto, suponer que la población es constante omite todos los efectos debido a incrementos de la población: no se tienen en cuenta efectos de natalidad, ni mortalidad ni de migraciones. Por otro lado, al hacer de la población un todo único, no se tiene en cuenta que el efecto de la **Covid19** es distinto según el rango de edades de la población (afecta gravemente a los ancianos, mientras que los niños y muy jóvenes son mayoritariamente no afectados o asintomáticos). **SIR** es el modelo más simple, y no obstante significativo, que se puede construir para una pandemia.

1.2. El parámetro Ro

El parámetro **Ro**, que por defecto vale 3,00 y puede modificarse con una deslizador que está en el centro del panel principal, se denomina «**índice reproductivo**». Puede ver una colección de valores de **Ro** para diversas enfermedades infecciosas en un Wiki-artículo citado en [3]. La Figura 3 muestra las curvas de evolución para los valores (de izquierda a derecha), **Ro**=10,03 (infectados en magenta), **Ro**=5,07 (infectados en morado) y **Ro**=2,06 (infectados en rojo ladrillo).

Ro indica a cuantas personas puede contagiar una persona infectada en las fases iniciales de la pandemia. El valor por defecto en el simulador es 3,00, lo cual significa que un infectado, en las

fases iniciales, puede contagiar hasta 3 personas. Los datos reales de **Covid19** y otras pandemias sugieren que **Ro** no es un parámetro fijo propio de cada enfermedad, sino que toma valores en un cierto rango. Cuando **Ro** es mayor o igual que 1,00, la enfermedad es infecciosa, tanto más cuanto mayor sea el valor. Cuando **Ro** es menor que 1, la pandemia está en recesión y en vías de desaparecer.

2. El panel principal

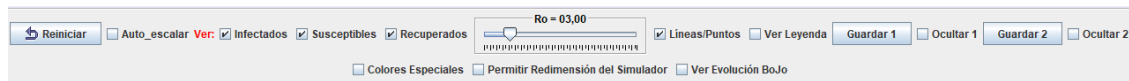


Figura 4: El panel principal.

En la Figura 4 se muestra el panel principal del simulador, que contiene los controles de visualización de la **Evolución** de la pandemia:

1. Botón **Reiniciar**: vuelve el simulador a la situación de partida.
2. Casilla de verificación **Auto_escalado**: al activarse, se ajusta la escala en vertical según los datos que hay en pantalla. Por defecto está desactivada.
3. Casillas de verificación **Ver: Infectados, Susceptibles, Recuperados**: cuando se activan/desactivan se ven o no los datos correspondientes en la pantalla. Por defecto están todas activadas.
4. Deslizadera **Ro**: sirve para cambiar el valor del parámetro **Ro**, descrito antes. Por defecto tiene el valor 3,00.
5. Casilla de verificación **Líneas/Puntos**: al activarse/desactivarse se presentan los datos **SIR** como línea poligonal o puntos para cada semana. Por defecto está activada y se ven las poligonales.
6. Casilla de verificación **Ver Leyenda**: al activarse, se ve la leyenda del código de colores de los datos **SIR** de inicio. Por defecto está desactivada.
7. Botones báscula **Guardar 1** y **Guardar 2**: Cuando se activan, se guardan los datos que se están ajustando, en su estado actual en la pantalla. Tras hacer eso los botones se transforman en los Botones **Ver**.
8. Botones báscula **Ver 1** y **Ver 2**: Cuando se activan, se muestran los datos **1** o **2** que se guardaron previamente. Tras hacer eso los botones se transforman (basculan) en los botones **Guardar**.
9. Casillas de verificación **Ocultar 1** y **Ocultar 2**: Cuando se activan/desactivan y a la vez se ven los datos **1** o **2** (porque se han pulsado los botones **Ver 1** o **Ver 2**), dichos datos se ocultan o se ven. Por defecto están desactivadas.
10. Casilla de verificación **Colores especiales**: cuando se activa/desactiva y a la vez están presentes los datos **1** o **2** (porque se han pulsado los botones **Ver 1** o **Ver 2**), cambian los colores de los datos **SIR**. Por defecto está desactivada.
11. Casilla de verificación **Permitir Redimensión el Simulador**: cuando se la activa, puede redimensionarse la ventana del simulador, haciendo clic en los bordes o esquinas y tirando. Por defecto está desactivada.

12. Casilla de verificación **Ver Evolución BoJo**: cuando se la activa, puede verse la **Evolución libre** de la pandemia, sin efectos de **Aislamiento Social** o **Alteración_Mutación**, con los parámetros **Número_inicial_infectados** y **Ro** actualmente consignados en el simulador. Es la **Evolución** de referencia, a menudo tomada como elemento de comparación para valorar los efectos de control social o de mutación del virus. Consulte las **Guías Paso a Paso** (vea luego la descripción) para ejemplos de uso. En [3] esta **Evolución** se denomina de «*laissez faire, laissez passer*», y también **BoJo**, en honor al premier Boris Johnson, que la puso en práctica al principios del año 2020 en el Reino Unido⁴. Por defecto está desactivada.

⁴Posteriormente, en vista de los resultados, utilizó métodos activos de control de la pandemia.



Figura 5: Panel de las pestañas. Está activa la de **Aislamiento_Social**, con sus parámetros por defecto.

3. El panel de las pestañas

El panel de las pestañas está situado inmediatamente debajo del panel principal descrito antes, y se muestra en la Figura 5. Las pestañas contienen parámetros que determinan la **Evolución** de la pandemia, o bien que especifican acciones, o circunstancias que pueden afectarla. Se describen a continuación.

3.1. Pestaña Número_Inicial_Infectados

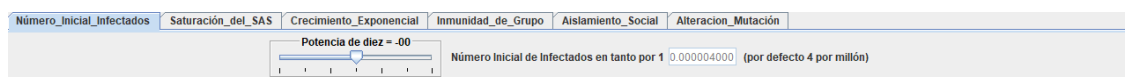


Figura 6: Pestaña **Número_Inicial_Infectados**, con los valores por defecto.

Esta pestaña controla el **Número inicial de Infectados**, que aparece en la pantalla, en tanto por 1 de la población. Por defecto es 0,000004, que equivale a 4 por cada millón de habitantes. La deslizador permite multiplicar o dividir este número por defecto, por la potencia de 10 elegida, que puede ser -3,-2,-1,0,1,2,3, es decir que el numero inicial puede dividirse entre 1000, entre 100, entre 10, o multiplicarse por 1, 10, 100 o 1000. Si Ud. mueve la deslizador con los datos por defecto, observará que la **Evolución** tiene la misma forma, pero el máximo se alcanza antes con mayor **Número Inicial de Infectados**, con un rango de semanas (para el máximo) que está entre la 8 y la 19.

3.2. Pestaña Saturación_del_SAS



Figura 7: Pestaña **Saturación_del_SAS**.

El **SAS** es el **Sistema de Atención Social**, que puede comprender, entre otros servicios, los **Sanitarios** de toda índole, principalmente los **Hospitalarios**, los de **Atención a Personas Dependientes**, los de **Distribución Social de Alimentos**, etc. El **SAS** tiene capacidad limitada, y si la cantidad de **Infectados** supera cierto nivel, el **SAS** se satura y pierde eficacia, o incluso colapsa. Lo más importante es que ese nivel de **Saturación_SAS** existe. Su valor se ajusta con la deslizador que se ve en la Figura 7. Por defecto la casilla de verificación **Ver Saturación SAS** está desactivada. Con un valor de 0,201 (20 % de la población como nivel de **Saturación_SAS**, que es desmesuradamente optimista), puede verse la línea horizontal que lo define en la Figura 3.

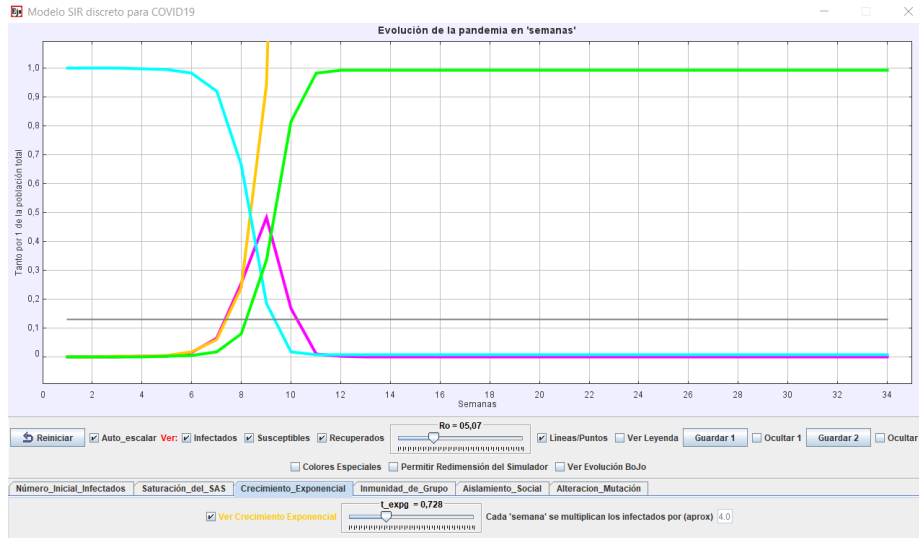


Figura 8: Crecimiento exponencial para $R_0=5,07$ (línea naranja)

3.3. Pestaña Crecimiento_Exponencial

La pestaña del **Crecimiento_Exponencial** trata de la época en la que la pandemia crece de tal manera que cada «semana» la población de **Infectados** se multiplica por un número fijo. La poligonal naranja de la Figura 8 indica que hasta la semana 8 el **Crecimiento** es **Exponencial** (el ajuste de la línea naranja de **Crecimiento_Exponencial**, a la línea magenta de **Infectados**, es muy bueno), con un tiempo característico $t_{expg}=0,728$ (semanas) que se ajusta en la deslizadora, y con un factor multiplicador de 4 por semana. Por defecto, la casilla de verificación **Ver Crecimiento Exponencial** está desactivada.

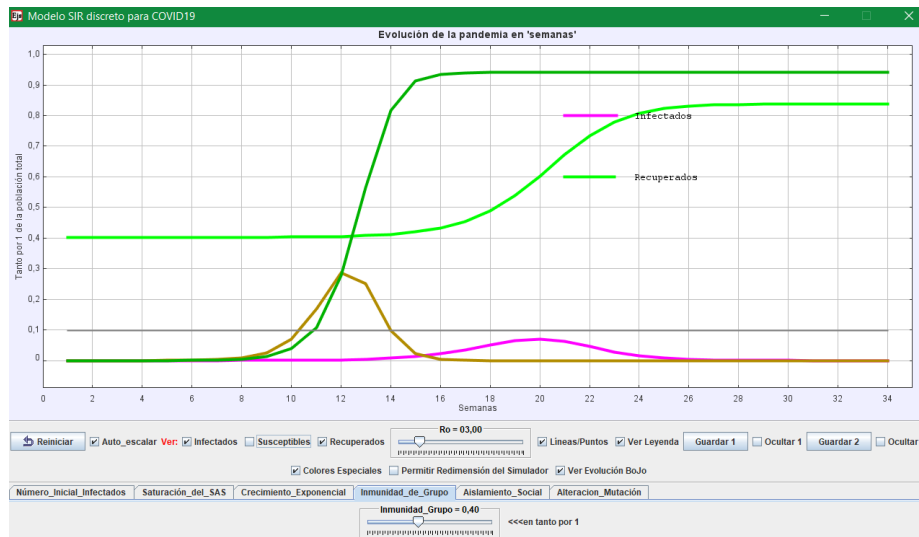


Figura 9: La pestaña **Inmunidad_de_Grupo**.

3.4. Pestaña Inmunidad_de_Grupo

En la Figura 9 se muestra la pestaña de la **Inmunidad_de_Grupo**, con la deslizadora situada en el valor 0,40. La **Inmunidad_de_Grupo** se produce cuando por vacunación, por genética, o por

haber padecido antes la enfermedad y haber generado anticuerpos potentes contra ella, una parte de la población está libre de la enfermedad (es inmune). En la pantalla, con el $R_0=3,00$ (valor por defecto), con una **Saturación del SAS** en el 10 %, la **Inmunidad de Grupo**=0,40 establecida en la deslizadera determina que el máximo de la pandemia (línea magenta) sea mucho menor y mucho más ancho que en la **Evolución BoJo** correspondiente (línea marrón). Se comprueba fácilmente que si la **Inmunidad de Grupo** es del orden del **70 % o más** (por ejemplo, si se ha vacunado a ese porcentaje de la población), **no hay pandemia**. Hay que notar que el valor inicial de los **Recuperados** es precisamente igual al de la **Inmunidad de Grupo** establecida con la deslizadera. El valor por defecto es 0,00.

3.5. Pestaña Aislamiento_Social

Por **Aislamiento_Social** se entienden las acciones que se toman para dificultar la propagación del virus a base de impedir la normal interacción social entre las personas. La **Intervención de Aislamiento_Social** más fuerte es el confinamiento domiciliario, en el que las autoridades impiden la salida a las calles de la gente, excepto para los servicios esenciales o las causas de fuerza mayor. En el modelo **SIR** una forma de representar este tipo de acciones consiste en establecer la fuerza de la **Intervención de Aislamiento_Social** mediante un coeficiente **Factor_Red**, multiplicador del parámetro R_0 , de modo que el **R_0 efectivo** es igual a **Factor_Red** \times R_0 (así, cuando el **Factor_Red** es 0,5 el **R_0 efectivo** es la mitad del R_0 nominal, cuando **Factor_Red** es 0,25 el **R_0 efectivo** es la cuarta parte del R_0 nominal, etc.), y los parámetros temporales **Semana_inicio** y **Duración**, que respectivamente indican cuándo se inicio la medida y cuánto duró. Como en otros casos en este simulador, una casilla de activación, **Activar Intervención**, indica si se activa o no el **Aislamiento_Social**.

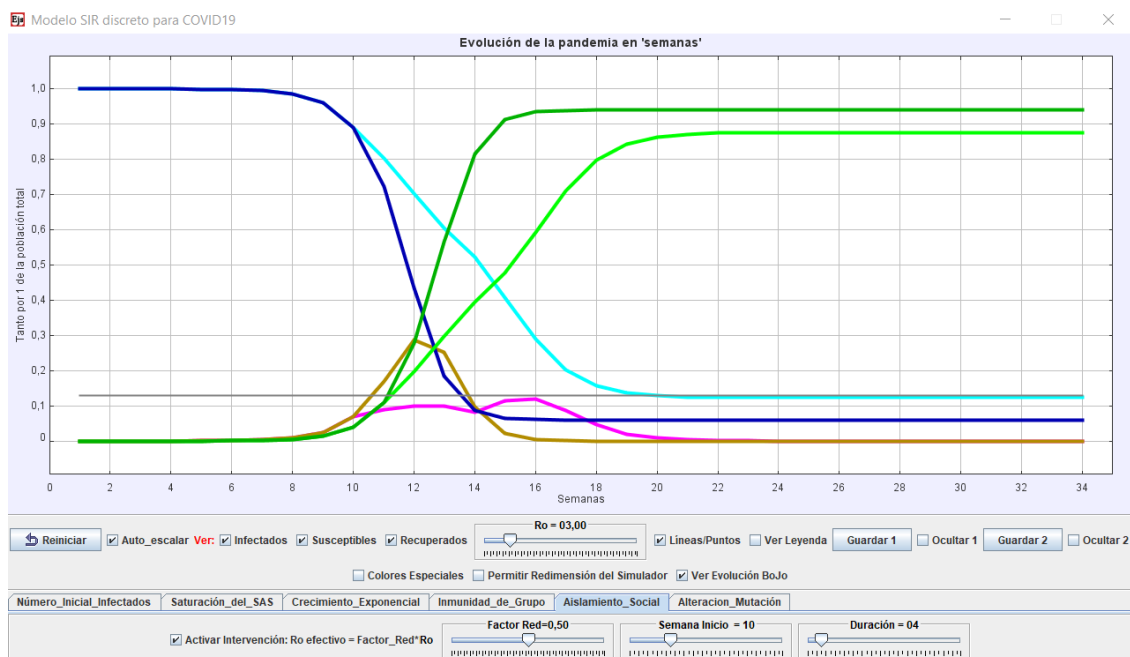


Figura 10: Pestaña **Aislamiento_Social**. La **Evolución con Aislamiento_Social** activado (magenta para la línea de **Infectedos**) se compara con la **Evolución BoJo** (con marrón para la línea de **Infectedos**). La línea horizontal representa el nivel de **Saturación del SAS**.

En la Figura 10 se muestra el efecto del **Aislamiento_Social**, cuyo **Factor_Red** es 0,50 en una evolución con $R_0=3,00$, con **Semana Inicio**=10 y **Duración**=4. Al comparar con la **Evolución**

BoJo correspondiente, se observa que esta intervención permite rebajar el valor del máximo, y hacerlo mucho más ancho, «**aplanando la curva de contagios**», de modo que se mantiene por debajo del nivel de **Saturación del SAS**. La Figura 11 siguiente muestra uno de los paradójicos resultados del modelo: con los mismos datos, excepto que se hace mucho menor el **Ro efectivo** con un **Factor_Red** de 0,14, se produce un rebrote, durante la semana 21, que incluso supera el valor del **Saturación del SAS**. Esta circunstancia hace patente que el modo de establecer una **Intervención de Aislamiento Social** es críticamente decisivo para éxito del control de la pandemia. Datos del mundo real con rebrotes pueden encontrarse en [8] para Islandia, Irlanda, Italia y España, entre otros.

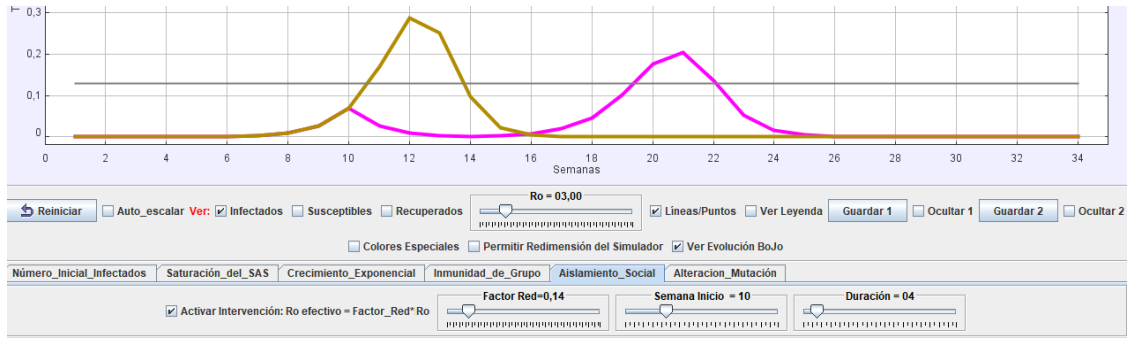


Figura 11: El **Aislamiento Social** puede tener efectos paradójicos. Aquí una intervención con un **Ro efectivo** muy bajo, resulta que rebaja mucho el máximo principal de la **Evolución BoJo**, pero produce un rebrote intenso en la semana 21, que supera el límite de **Saturación del SAS**.

3.6. Pestaña Alteración_Mutación

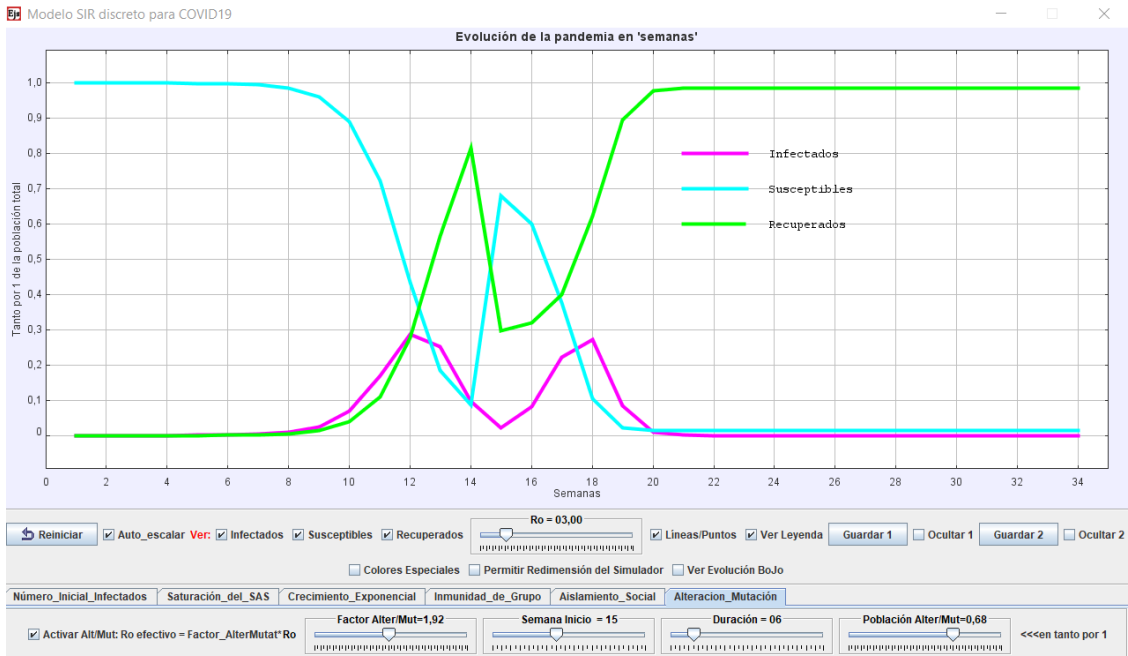


Figura 12: Pestaña **Alteración_Mutación**, con una brusca **Reinfección** en la semana 15.

La pestaña **Alteración_Mutación** sirve para representar un fenómeno en el que se producen cambios en la **Evolución** de la pandemia por **Alteración_Mutación**. **Alteración** es un cambio

a mayor o menor transmisibilidad por causas ambientales, o por modificaciones en la conducta social. **Mutación** es un cambio a mayor o menor transmisibilidad debida a modificaciones en la estructura del virus. Ambas situaciones se traducen en una modificación del parámetro **Ro**, a través de un **Factor Alter/Mut**, que puede ser mayor, igual o menor que 1 (vea la deslizadera en la Figura 12), unos parámetros **Semana Inicio** y **Duración** (vea sus deslizaderas) que tienen un papel similar al visto antes en **Aislamiento_Social**, y un parámetro de **Población Alter/Mut**, que representa la fracción de población afectada (vea también su deslizadera). Por defecto, la **Población Alter/Mut** se ajusta automáticamente al valor que habría en ese momento en la **Evolución normal**, justo al **Activar Alt/Mut** (en la casilla de verificación) o bien al cambiar el **Factor Alter/Mut**, o bien al cambiar la **Semana Inicio** (es la mejor manera de representar una **Alteración**), pero el usuario puede modificar este parámetro a su gusto, una vez que los otros están fijados⁵. Esta es una forma de tener en cuenta **Mutaciones** que puedan provocar **Reinfecciones**. Estas consisten en que enfermos que ya contrajeron y se curaron de la enfermedad, vuelven a infectarse con el virus (eventualmente mutado).

Como se indica en [7], no está claro en qué medida se producen **Reinfecciones** en la **Covid1**, porque hasta ahora los estudios no son concluyentes, aunque se han descrito en la literatura científica casos de Reinfección y mutaciones del coronavirus que conducen a ella. En todo caso, la **Reinfección** unida a la estacionalidad es una situación frecuente en otros virus, como el de la gripe⁶, y se han incluido en este simulador. En la Figura 12 se muestra un caso de **Alteración_Mutación** con **Reinfección**, que se hace patente porque en la semana 15 hay una alteración brusca de los **Susceptibles** y **Recuperados**. Note que hasta la semana 15 era una **Evolución BoJo** normal, y que a partir de ella, con la **Mutación** a pandemia mucho más transmisible, se produce un rebrote prácticamente igual que el anterior máximo. Hay epidemiólogos que creen posible que el coronavirus de la **Covid19** pueda acabar mutando a un virus estacional, de menor virulencia⁷, como ocurre con la gripe. Como se ha indicado antes, datos sobre rebrotes pueden encontrarse en [8] (no necesariamente relacionados con **Alteración_Mutación**).

4. Guías paso a paso

Covid19_SIR_discreto.jar es un simulador simple y fácil de manejar. No obstante, la cantidad de posibles escenarios que pueden explorarse interactivamente con él es considerable. Por ese motivo, y para ayudar al usuario a orientarse en ellos, se han preparado **5 Guías paso a paso** para explicar, con minucioso detalle, la forma de usar el simulador para obtener algunos de los escenarios más característicos del modelo **SIR** discreto. Las guías, en formato html interactivo, en forma de mapas conceptuales, son:

- **01_Crecimiento_Exponencial_pasoapaso.html**: describe cómo funciona el **Crecimiento Exponencial** y cómo plantear varios escenarios relacionados con él.
- **02_LaInfluencia_deRo_pasoapaso.html**: describe la influencia del parámetro **Ro**, «índice reproductivo», en la **Evolución** de la pandemia, y cómo plantear varios escenarios relacionados con él.
- **03_ElAislamiento_Social_pasoapaso.html**: describe el **Aislamiento_Social**, y cómo plantear varios escenarios destinados a mostrar que la eficacia de las **Intervenciones** de este tipo depende muy acusadamente de cuándo y cómo se implementen.

⁵Naturalmente, esto implica que si se quiere modificar el parámetro **Población Alter/Mut**, este debe ser el último que se cambie.

⁶Cada año, a finales del otoño, se nos recuerda que hay una nueva vacuna de la gripe, porque el virus de la gripe mutó a una nueva forma para la que no sirve la vacuna de los años anteriores y los contagios se reactivan con la llegada del frío.

⁷Virulencia y transmisibilidad son conceptos relacionados, pero distintos. Aquí es pertinente «virulencia».

- **04_LaInmunidad_de_Grupo_pasoapaso.html**: describe cómo funciona la **Inmunidad de Grupo**, y muestra, planteando los escenarios correspondientes, que *la pandemia se evita cuando al menos el 70 % de la población esté vacunada*.
- **05_Alteraciones_y_Mutaciones_pasoapaso.html**: describe cómo funcionan las **Alteraciones_Mutaciones** en la **Evolución** de la **Covid19**, y plantea varios escenarios relacionados con estos conceptos.

5. Apéndice: Las matemáticas del modelo SIR discreto

Este **Apéndice** está dirigido al usuario del simulador que tenga conocimientos de Matemáticas y/o de Teoría de la probabilidad y desee saber cómo funciona su maquinaria numérica interna. *No es necesario ni para el manejo del simulador ni para la comprensión elemental de la información gráfica que surge de él. **Está Usted advertido***. Con todo, para quién esté interesado en los primeros principios de la modelación matemática de una pandemia, lo que sigue es de lectura obligada.

5.1. De la distribución Binomial a la de Poisson

El contexto en el que nos vamos a situar es el del contagio de una enfermedad. Supongamos que en un evento de posible contagio en el transcurso de la vida cotidiana (*e.g.* alguien hace la cola del transporte urbano y está cerca de otras personas), la probabilidad de que se produzca un contagio para una persona es p , por tanto la probabilidad de que no se produzca el contagio para esa persona en ese evento es $1 - p$. Cuando se consideran m eventos de contagio (de todo tipo, no solamente hacer cola en el transporte), la probabilidad de que se produzcan k contagios (note que tanto m como k han de ser números enteros positivos), es:

$$\mathcal{P}_{Binom}(X = k) = \binom{m}{k} p^k (1 - p)^{m-k} \quad (1)$$

Esta es la forma habitual de presentar la **distribución Binomial**. La variable aleatoria discreta X representa el número de sucesos - en este caso contagios⁸.

En una población muy grande m se hace enorme, y (1) es poco práctica para el cálculo. Vamos a buscar el límite de $\mathcal{P}_{Binom}(X = k)$ cuando se cumplen las condiciones siguientes:

$$\begin{cases} m & \rightarrow \infty \\ \lim_{m \rightarrow \infty} (mp) & = \lambda, \text{ constante} \\ p & = \left(\frac{\lambda}{m}\right) \end{cases} \quad (2)$$

Reorganizando la ec. (1):

⁸En la presentación escolástica habitual X puede ser el número de tiradas de una moneda que dan «cara» y p la probabilidad de obtener «cara». La ecuación (1) podría entenderse con el siguiente procedimiento: en la cola del autobús hay m personas. Se recorren todas las personas; para ver si se contagia la persona de turno, se tira una moneda. Si sale «cara», se contagia, si sale «cruz», no se contagia. La ec. (1) da la probabilidad de que de esas m personas que hay en la cola, k se contagien. La misma ecuación, con otro valor de p adecuado, podría servir para describir la probabilidad de que en un grupo de m personas, k de ellas se contagien al transcurrir un tiempo fijo, típicamente un día, o una semana.

$$\begin{aligned}
\lim_{m \rightarrow \infty} \mathcal{P}_{Binom}(X = k) &= \lim_{m \rightarrow \infty} \left[\frac{m!}{k! (m-k)!} \left(\frac{\lambda}{m} \right)^k \left(1 - \frac{\lambda}{m} \right)^{m-k} \right] \\
&= \lim_{m \rightarrow \infty} \left[\frac{m!}{m^k (m-k)!} \left(1 - \frac{\lambda}{m} \right)^{-k} \frac{\lambda^k}{k!} \left(1 - \frac{\lambda}{m} \right)^m \right] \quad (3)
\end{aligned}$$

En (3) se tiene que:

$$\begin{cases} \lim_{m \rightarrow \infty} \frac{m!}{m^k (m-k)!} = 1 \\ \lim_{m \rightarrow \infty} \left(1 - \frac{\lambda}{m} \right)^{-k} = 1 \\ \lim_{m \rightarrow \infty} \left(1 - \frac{\lambda}{m} \right)^m = e^{-\lambda} \end{cases} \quad (4)$$

Introduciendo los límites de (4) en (3), se llega a:

$$\begin{aligned}
\lim_{m \rightarrow \infty} \mathcal{P}_{Binom}(X = k) &= \\
P_{Poisson}(\lambda | X = k) &= \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} \quad (5)
\end{aligned}$$

La ec. (5) define la «distribución de Poisson».

5.2. Las condiciones para la distribución de Poisson

Para que el modelo de la pandemia sea representable por la ecuación (5) deben cumplirse las siguientes condiciones:

1. *Los sucesos X son relativamente raros en su contexto de aparición.* Este es el caso, ya que una tasa de 500/100000 infectados es considerada peligrosa en epidemiología, pero es $0,005 < 1$ numéricamente. Véanse [8] y [9].
2. *Los sucesos X ocurren cualquier número de veces, a lo largo de un intervalo de tiempo prefijado.* En el caso de la pandemia, X es el número de interacciones sociales de contagio efectivo, y la condición se cumple razonablemente bien.
3. *Los sucesos X deben ser independientes entre sí, es decir, el hecho de que un suceso se produzca no afecta a la probabilidad de que ocurra el siguiente.* Como el que en una interacción social se produzca un contagio no afecta a la facilidad de que se produzca el contagio en otra interacción social, esta condición también se cumple.
4. *La tasa de ocurrencia de sucesos es constante en el tiempo.* Esta condición es cuestionable al considerar la naturaleza de los contagios, pero puede admitirse como válida como primera aproximación.
5. *La probabilidad de que un suceso X ocurra (aquí, que se produzca un contagio) es proporcional al intervalo de tiempo.* Esto significa que en intervalos de tiempo dobles, la probabilidad de contagio habrá de duplicarse, en triples habrá de triplicarse, etc. Las condiciones 5 y 5 son similares, pero 5 es más fácil de admitir. En primera aproximación se toma como válida.

Vemos que la pandemia **Covid19** en una primera aproximación cruda cumple con las condiciones anteriores, con lo que está justificado hacer un tratamiento de aproximación a su transmisión y evolución, en términos de la **distribución de Poisson**.

5.3. Media y varianza en la distribución de Poisson

La media, o valor esperado, es la suma de todos los productos de cada valor posible \times su probabilidad:

$$E[X] = \sum_{x \in \{X\}} x P_{Poisson}(\lambda | X = x) \quad (6)$$

Teniendo en cuenta (5):

$$\begin{aligned} E[X] &= \sum_{k=0}^{\infty} k \cdot \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} \\ &= \lambda e^{-\lambda} \sum_{k=1}^{\infty} \frac{\lambda^{k-1}}{(k-1)!} \\ &= \lambda e^{-\lambda} \sum_{j=0}^{\infty} \frac{\lambda^j}{j!} \\ &= \lambda e^{-\lambda} e^{\lambda} \\ &= \lambda \end{aligned} \quad (7)$$

Sin desarrollar el cálculo, para la varianza $\text{Var}[X]$ es:

$$\begin{aligned} \text{Var}[X] &= E[X^2] - E[X]^2 \\ &= \lambda \end{aligned} \quad (8)$$

La **distribución de Poisson** tiene un gráfico discreto que puede verse en la Figura (13).

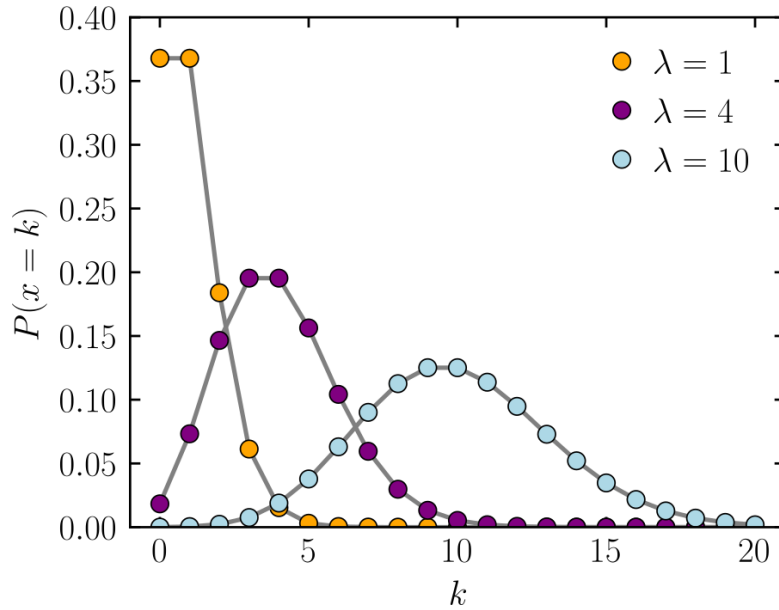


Figura 13: **Distribución de Poisson** para valores discretos de k indicados mediante puntos de colores. (Imagen: Wikipedia, autor: Skbkekas)

5.4. Probabilidades de contagio

Durante una cierto número de semanas, el número promedio de contagios por semana en una zona descontrolada es $\lambda = 2,5$. Utilizando la **distribución de Poisson**, la probabilidad de que en esa zona se contagien k personas en una semana, con $\{k = 0, 1, \dots, 8\}$ es:

$$\left\{ \begin{array}{l} k = 0 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 0) = \frac{2,5^0}{0!} e^{-2,5} \simeq 0,082 \\ k = 1 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 1) = \frac{2,5^1}{1!} e^{-2,5} \simeq 0,205 \\ k = 2 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 2) = \frac{2,5^2}{2!} e^{-2,5} \simeq 0,257 \\ k = 3 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 3) = \frac{2,5^3}{3!} e^{-2,5} \simeq 0,214 \\ k = 4 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 4) = \frac{2,5^4}{4!} e^{-2,5} \simeq 0,134 \\ k = 5 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 5) = \frac{2,5^5}{5!} e^{-2,5} \simeq 0,067 \\ k = 6 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 6) = \frac{2,5^6}{6!} e^{-2,5} \simeq 0,028 \\ k = 7 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 7) = \frac{2,5^7}{7!} e^{-2,5} \simeq 0,010 \\ k = 8 \implies P_{Poisson}(2,5 | X = 8) = \frac{2,5^8}{8!} e^{-2,5} \simeq 0,010 \end{array} \right. \quad (9)$$

Es fácil deducir que los valores anteriores generan una colección de puntos que tienen una forma de campana, similar a las mostradas en la Figura 13. Los valores iguales para $k = 7$ y $k = 8$ se deben a que se aproximan los valores con tres decimales; si se tomaran más cifras se vería que $P_{Poisson}(X = 7) > P_{Poisson}(X = 8)$.

5.5. La distribución de Poisson en el modelo SIR discreto

Las hipótesis fundamentales son las siguientes:

- Los eventos considerados son infecciones de una enfermedad contagiosa, que son relativamente raras⁹ en el contexto de una población numerosa (*e.g.* se considera que 500 infecciones acumuladas por 100000 habitantes en 7 días es una situación muy peligrosa [8, 9]).
- El tiempo se mide en semanas, que es un tiempo característico de la propagación de la **Covid19**, aproximadamente igual a 7 días naturales, que se denota por $n \in \{1, 2, 3, 4, \dots\}$, por tanto n es un número entero positivo. Es el tiempo típico que tarda una persona recién infectada en ser capaz de contagiar a otras. Como muchos parámetros numéricos en este contexto, no hay un valor único aceptado y esta es una estima razonable¹⁰.
- En una población de tamaño constante, en cada semana n la fracción de población que puede contraer la enfermedad, los **Susceptibles**, es S_n , la fracción de **Infectados** es X_n , la fracción de los **Recuperados**, que ya no pueden transmitir la enfermedad (**Curados** + **Fallecidos**), es Z_n . La suma de todas las fracciones debe ser 1, porque se supone que la población es constante (i.e. no se consideran ni nacimientos, ni el incremento de población por migración de personas). Esto equivale a:

$$S_n + X_n + Z_n = 1 \quad \forall n \in \{1, 2, 3, 4, \dots\} \quad (10)$$

⁹Cuidado! La rareza relativa de ninguna manera es lo mismo que inocuidad. Pequeños números en estadística pueden ser terribles en epidemiología.

¹⁰Debe recordarse una vez más que aquí se trata de construir un modelo simple, cuyas características esenciales se transmitan a sus ampliaciones o mejoras (en esto consiste la robustez del modelo) y que refleje de manera aproximada lo que sucede en una pandemia. En esta situación, y con ese objetivo, se trata más de «estimaciones razonables» que de «valores exactos».

- La tasa de contactos efectivos, por cada persona capaz de infectar a otros, es \mathbf{R}_{ef} . Inicialmente [y en todas las semanas de la pandemia en **Evolución libre (BoJo)**] su valor es el parámetro **Ro** (o **Ro_efectivo**) del modelo **SIR**.
- En la semana n se generan $\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n$ contactos infecciosos en promedio (este es el valor λ de la **distribución de Poisson**), por tanto la probabilidad de 0 infecciones esa semana, $P_{Poisson}(\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n | X = 0)$, es igual a:

$$P_{Poisson}(\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n | X = 0) = \frac{(\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n)^0}{0!} e^{-\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n} = e^{-\mathbf{R}_{ef} \cdot n} \quad (11)$$

- Por tanto, la probabilidad de que haya infecciones es:

$$1 - e^{-\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n} \quad (12)$$

- En consecuencia, para el número de **Infectados** y el de **Susceptibles** (valores esperados) de la siguiente semana, $n + 1$, se tiene:

$$X_{n+1} = S_n \times [1 - e^{-\mathbf{R}_{ef} \cdot X_n}] \quad (13)$$

$$S_{n+1} = S_n - X_{n+1} \quad (14)$$

Y esto cierra el modelo **SIR discreto**, con la **distribución de Poisson**, puesto que Z_{n+1} se obtiene trivialmente a partir de (10), (13) y (14). En el simulador **Covid19_SIR_discret.jar**, como en las referencias [3, 4], se han tomado como valores iniciales por defecto:

$$\begin{cases} X_1 &= 4 \times 10^{-6} \\ S_1 &= 1 - 4 \times 10^{-6} \end{cases} \quad (15)$$

6. Bibliografía

Referencias

- [1] W.O. Kermack, A.G. McKendrick, «**A contribution to the Mathematical Theory of Epidemics**». *Proceedings of the Royal Society A*, **115** (772), 700-721 (1927).
La referencia doi está en <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
Un artículo en el sitio web de la *Facultad de Matemáticas de la Universidad de Cambridge (UK)*, recoge las declaraciones, fechadas en marzo de 2020, de Julia Gog, una profesora de **Biología Matemática** del *Departamento de Matemáticas Aplicadas y Física Teórica*, y científica asesora del gobierno británico. La profesora Gog comenta el **papel de los modelos matemáticos** y en particular cita el modelo **SIR** como base de ellos. Véalo en <https://www.maths.cam.ac.uk/features/fighting-covid-19>

- [2] H. Weiss. «**The SIR model, and the foundation of public health**». *MATerials MATemáticas*, **2013**, treball nº 3, 17, pp ISSN:1887-1097 (2013). Es una publicación electrónica del Departamento de Matemáticas de la Universidad Autónoma de Barcelona, con una detallada pero asequible formulación del modelo **SIR** continuo a base de ecuaciones diferenciales. Véalo en: http://mat.uab.cat/matmat_antiga/PDFv2013/v2013n03.pdf
Otra referencia muy comprensible del modelo **SIR** continuo, por D. Smith y L. Moore, puede encontrarse en el sitio web de la Mathematical Society of America. [Véalo aquí](#)
- [3] M. Santander, «**La evolución de la pandemia: ¿qué nos dicen los modelos?**», entrada de su blog *Una vista circular*, de 8 de abril de 2020. Mariano Santander, Catedrático de Física Teórica de la UVA, nos abrió los ojos y nos iluminó con su entusiasmo, su saber y su trato amable a todos cuantos hemos sido sus alumnos. La entrada se refiere a su versión discreta del modelo **SIR**, y el análisis correspondiente, basado en el trabajo de la referencia siguiente. Véala con todo su esplendor en: <https://unavistacircular.wordpress.com/2020/04/08/la-evolucion-de-la-pandemia-que-nos-dicen-los-modelos/>
En esta referencia se cita un artículo de Wikipedia, en el que hay una interesante discusión del parámetro **Ro** (índice reproductivo). [Véalo aquí](#)
- [4] J. Yorke, «**Coronavirus. Trasmission, Dynamics and Control**». *Conferencia en la Univ. de Maryland*, de 8 de marzo de 2020. Jim Yorke es uno de los grandes investigadores de la **Teoría del Caos**. En esta presentación PDF de libre distribución, construye un modelo discreto de trivial implementación, que es la base del trabajo de Mariano Santander y del nuestro. Véalo - y quédese con él si lo desea - en: [Su DropBox](#)
- [5] I. Rivera, «**Epidemiología de primera línea frente al coronavirus**», entrada de 3 de abril de 2020 en *Iván Rivera en Naukas* (2020). Véalo en: [Epidemiología de primera línea frente al coronavirus \(Divulgación-Matemáticas-Medicina\)](#)
- [6] Shi Zhao et al, «**Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-nCoV) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak**», *International Journal of Infectious diseases*, **92**, 214-217 (marzo, 2020). Véalo en su referencia doi, de libre acceso y con licencia Creative Commons: <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.01.050>
- [7] J. Navarro, «**Reinfecciones por coronavirus: tres preguntas que se hacen los científicos**», artículo de 16 de septiembre de 2020, en el sitio web de la *Asociación Española de Vacunología* (2020). Véalo en: [AEV](#). En relación con la **estacionalidad** del coronavirus de la **CoVid19**, puede verse [más información aquí](#).
En Sudáfrica se han detectado mutaciones del **SARS-COV-2** (el nombre del coronavirus de la pandemia **Covid19**), que no son neutralizados por los anticuerpos generados por pacientes que sanaron tras la primera ola de la pandemia en el país, lo cual es una fuerte indicación de que estos virus mutados pueden producir **reinfecciones**, que posiblemente expliquen los nuevos repuntes de la pandemia en Sudáfrica. El artículo aún no ha sido revisado por pares y no puede tomarse como concluyente, pero es un importante toque de atención. Puede leerse en bioRxiv, su referencia doi está en <https://doi.org/10.1101/2021.01.18.427166>
- [8] European Centre for Disease Prevention and Control, «**Covid-19 country overviews**». Véalas en el [Sitio Web del ECDC](#)
Los datos de Islandia, Irlanda, Italia y España pueden ponerse como ejemplo de los rebrotes, aparentemente de índole estacional (muy probable) y/o por alteraciones del comportamiento social (muy probable) y/o por mutaciones del virus (bastante menos probable, según el estado actual del conocimiento): [Islandia](#), [Irlanda](#), [Italia](#), [España](#)
- [9] Centro Nacional de Epidemiología (España), «**Covid-19 incidencia acumulada**», en el sitio web del CNE, vea la incidencia de las infecciones en: <https://cnecovid.isciii.es/covid19/>
- [10] Francisco Esquembre, «**Creación de Simulaciones Interactivas en Java**». *Pearson-Prentice Hall* ISBN 84-205-4009-9. [EJS puede descargarse de su servidor en la Universidad de Murcia](#).