

Dossier: *Análisis geográfico del COVID-19*

Modelo de simulación del COVID-19 basado en agentes. Aplicación al caso argentino

Cristian Jiménez Romero^{1*}, Adela Tisnés^{2*} y Santiago Linares^{2*}

¹ Centre for Complexity and Design - Faculty of Computing and Mathematics | The Open University

² Centro de Investigaciones Geográficas (CIG) | Instituto de Geografía, Historia y Ciencias Sociales (IGEHCS)
CONICET Facultad de Ciencias Humanas | Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires

*Correspondencia: cristian.jimenez-romero@open.ac.uk; atisnes@fch.unicen.edu.ar; slinares@fch.unicen.edu.ar

Recibido: 7.04.2020; Aceptado: 15.05.2020; Publicado: 17.05.2020

Resumen

El modelo presentado es una simulación de múltiples agentes que visualiza la dinámica emergente de la interacción e influencia de un subconjunto de factores biológicos y sociales en el desarrollo de la pandemia COVID-19. El modelo se implementa en NetLogo (lenguaje de programación y entorno de simulación adaptado para simular fenómenos en donde intervienen múltiples agentes interactuando). El objetivo es simular mediante un enfoque didáctico, diferentes escenarios hipotéticos ajustando parámetros demográficos, médicos, sociales e institucionales asociados a la evolución y dispersión del virus. Se analizaron cuatro escenarios de evolución del COVID19 en Argentina, con diferentes niveles de restricción en la movilidad de la población. Expresados en cantidad de días con cuarentena parcial, fueron: E1 90 días, E2 0 días, E3 63 días y E4 48 días, durante una simulación de 90 días corridos. El modelo permitió operacionalizar la manera en que distintas variables interactúan entre sí. Esto posibilita simular en un contexto multidimensional el efecto no lineal de variables explicativas sobre la evolución del COVID-19. El aislamiento social es, en todos los casos, la medida que más incide en el comportamiento de la difusión del virus, por lo tanto, la que más ayuda a la prevención y la ralentización del contagio.

Palabras clave: COVID-19; modelos basados en agentes, NetLogo

Agent-based COVID-19 simulation model. Application to the Argentine case

Abstract

The model presented is a multi-agent simulation that visualizes the emerging dynamics of the interaction and influence of a subset of biological and social factors in the development of the COVID-19 pandemic. The model is implemented in NetLogo (programming language and simulation environment, adapted to simulate phenomena involving multiple agents interacting). The objective is to simulate, through a didactic approach, different hypothetical scenarios adjusting demographic, medical, social and institutional parameters associated with the evolution and spread of the virus. Four evolution scenarios of COVID19 in Argentina were analyzed, with different levels of restriction in population mobility. Expressed in number of days with partial quarantine, they were: E1 90 days, E2 0 days, E3 63 days and E4 48 days, during a simulation of 90 consecutive days. The model made it possible to operationalize the way in which different variables interact with each other. This makes it possible to simulate in a multidimensional context the non-linear effect of explanatory variables on the evolution of COVID-19.

Social isolation is, in all cases, the measure that most affects the behavior of the spread of the virus, therefore, the one that most helps to prevent and slow down the spread.

Keywords: COVID-19; Agent Based Models, NetLogo

1. Introducción

Un modelo es una representación idealizada y estructurada de lo real que pretende describir, definir y explicar las estructuras, relaciones y dinámicas de los fenómenos estudiados. Si bien, desde su implementación inicial los modelos son vistos como dispositivos o mecanismos que pueden generar nueva información para poner a prueba la idoneidad de una teoría; el uso de modelos en la actualidad se ha extendido más allá de este enfoque hipotético-deductivo que le dio origen (Aguilera Ontiveros y López Paredes, 2001).

La aplicación de modelos en las investigaciones científicas resulta importante, no sólo porque sirven como un medio para que las teorías se expresen en un lenguaje preciso, sino porque también permiten examinar críticamente las teorías e hipótesis integradas en ellos.

Durante las últimas décadas los investigadores han comenzado a explorar las posibilidades de expresar los modelos socioespaciales por medio de un lenguaje distinto al cotidiano y/o matemático, como es el lenguaje computacional (Gilbert y Conte, 1995; Gilbert y Troitzsch, 2005; Heppenstall y Crooks, 2016). En esta nueva aproximación los fenómenos o procesos socioespaciales en estudio se interpretan como resultado de la acción de entidades sociales (desde individuos hasta naciones) que son codificadas como programas computacionales.

Este abordaje se enmarca en el paradigma de la complejidad, que tiene una sólida base en las ciencias físicas, químicas, biológicas y computacionales, pero todavía resta consolidarse en las ciencias sociales y ambientales (Matteucci y Buzai, 1998; García, 2006; Reynoso, 2010). Éste paradigma se basa en lo siguiente: 1) un fenómeno complejo es resultado del concurso de un gran número de factores; 2) estos interactúan entre sí de forma no lineal y 3) el comportamiento del fenómeno complejo es no determinista e impredecible. En base a lo establecido anteriormente, un fenómeno social complejo podría entenderse como el resultado del comportamiento humano colectivo, que es a su vez producto de un conjunto de procesos y situaciones que van desde lo fisiológico y psíquico hasta lo cultural, económico y político. Todos estos factores se articulan para producir un comportamiento global y emergente, entendido este último como un comportamiento que surge de la acción de todos los individuos, y que no se encuentra en los comportamientos particulares de los individuos ni puede predecirse por medio del conocimiento de su comportamiento individual humano.

Las bases de esta nueva epistemología de lo social deben buscarse en la teoría de los sistemas complejos, en la teoría de la computación (específicamente la teoría de la inteligencia artificial distribuida), y en las corrientes teóricas y metodológicas sociales, como la teoría de la estructuración (Giddens, 1984) como una aproximación metodológica útil que permite conciliar la metodología holística (la visión macroscópica o *top-down* de los fenómenos sociales) y la metodología individualista (la visión microscópica o *bottom-up*). En este último sentido, el modelado de fenómenos sociales por medio de agentes se ha perfilado como una herramienta útil y poderosa, capaz de incorporar supuestos subjetivos, como intencionalidades y percepciones; con supuestos objetivos, como leyes, normas y recursos materiales.

Una de las metodologías que se proponen para el estudio de los fenómenos sociales complejos es la ingeniería inversa. Este tipo de ingeniería es un método para estudiar la estructura y funcionamiento interno de un sistema del que sólo se conocen su desempeño y sus entradas. El investigador genera hipótesis acerca de cuáles son los elementos que conforman el sistema y cómo se relacionan entre sí. La comprobación de las hipótesis requiere construir modelos de simulación con los cuales experimenta. La finalidad de la experimentación es observar si se obtiene algún resultado parecido al observado en el desempeño del sistema original.

A partir de esta metodología se pueden obtener sociedades artificiales. El término sociedades artificiales lo acuñaron Builder y Banks (1991). Su objetivo consiste en estudiar la emergencia de las estructuras sociales y de grupo a partir de las interacciones de los individuos en entornos artificiales. En definitiva, las sociedades artificiales pueden considerarse como laboratorios donde pueden analizarse los fenómenos de emergencia partir de tres elementos básicos: agentes, el universo en el que participan y las reglas de comportamiento.

Así se va constituyendo un sistema social complejo, en donde cada uno de los individuos será modelado de forma independiente, y la unión de todos generará el comportamiento del sistema social. Al mismo tiempo, el conjunto de reglas de interacción social entre los individuos y sus comportamientos ante situaciones diferentes serán propiciadas o vetadas por el medio social en el que están inmersos.

Consideramos que la posibilidad de desarrollar un modelo computacional sobre la evolución del COVID-19 en base al marco teórico-conceptual expuesto, no sólo permite incrementar nuestro conocimiento y entendimiento sobre las interacciones de las dimensiones demográficas, médicas, sociales e institucionales asociadas a la evolución y dispersión del virus, sino también constituye un excelente medio para explorar posibles escenarios (predictivo, exploratorio y normativo) sobre el devenir de la pandemia.

2. El contexto Internacional del COVID19 y los modelos para su interpretación

El 31 de diciembre de 2019, el municipio de Wuhan en la provincia de Hubei, China, informó sobre un grupo de casos de neumonía con etiología desconocida. El 9 de enero de 2020, el Centro Chino para el Control y Prevención de Enfermedades informó un nuevo coronavirus como agente causante de este brote. El 30 de enero de 2020, el Director General de la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró que el brote era una emergencia de salud pública de importancia internacional (ESPII), aceptando los consejos del Comité de Emergencia del Reglamento Sanitario Internacional (RSI). El 11 de febrero, siguiendo las mejores prácticas de la Organización Mundial de la Salud (OMS) para nombrar nuevas enfermedades infecciosas humanas, la OMS denominó a la enfermedad, COVID-19 (por sus siglas en inglés), abreviatura de enfermedad por coronavirus 2019. El mismo día, el Comité Internacional de Taxonomía de Virus (ICTV, por sus siglas en inglés) anunció "coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2)" como el nombre del nuevo virus que causa la COVID-19. Finalmente, el 11 de marzo de 2020 el Director General de la OMS declaró la pandemia asociada con COVID-19.

Resumen de la situación global hasta el 15 de mayo de 2020, se han notificado a nivel global 4.534.786 casos confirmados de COVID-19. Del total de casos reportados, el número de defunciones incluidas ha superado las 300.000 con 307.101 defunciones reportadas. Se ha observado una disminución en el número de nuevos casos y de defunciones por COVID-19 reportados desde China desde febrero y un aumento acelerado en el número de casos y defunciones reportadas por países fuera de China, principalmente impulsados por algunos países europeos y los Estados Unidos de América. Al 15 de mayo de 2020, los Estados Unidos de América (87.493 defunciones), Reino Unido (34.075 defunciones), Italia (31.610 fallecidos), España (27.459 fallecidos) Francia (27.532 defunciones) aportan la mayor parte del total de defunciones a nivel global. La evaluación de riesgos de la OMS para COVID-19 a nivel mundial, se considera de riesgo: Muy Alto.

En este contexto, han surgido múltiples modelos de propagación del COVID-19 que se están proponiendo para adelantarse a las consecuencias, ayudando sobre todo a:

- describir las características del virus / enfermedad dada la falta de información. Por ejemplo, estimar el período de incubación o la transmisibilidad (el R0);
- pronosticar cuántos casos, muertes, hospitalizaciones u otros resultados pueden ocurrir en un lugar determinado durante un período de tiempo determinado; y
- comprender los efectos potenciales de las intervenciones y políticas al observar proyecciones y diferentes escenarios.

Dentro de los enfoques más usuales se encuentran:

Los modelos SEIR / SIR son una técnica de modelado epidemiológico común que divide a una población estimada en diferentes grupos ("compartimentos") como "susceptible", "expuesto", "infectado" y "eliminado / recuperado", y luego aplica un conjunto de reglas matemáticas sobre cómo las personas se mueven de un compartimento a otro, utilizando supuestos sobre el proceso de la enfermedad, la interacción social, las políticas de salud pública y otros aspectos.

Los modelos basados en agentes crean una comunidad simulada y siguen las interacciones y la propagación resultante de la enfermedad entre los individuos ("agentes") en esa comunidad, basados en suposiciones y reglas sobre cosas como el movimiento de los individuos y los patrones de interacción, otros comportamientos y riesgos, y las intervenciones y políticas de salud vigentes.

Los modelos de ajuste de curvas / extrapolación infieren tendencias sobre una epidemia en un lugar determinado al observar el estado actual y luego aplicar una aproximación matemática de la probable trayectoria de epidemia futura, que se extrae de las experiencias en otros lugares y / o suposiciones sobre la población, transmisión y políticas de salud pública vigentes.

En la tabla 1 se citan algunos aportes en este sentido:

Tabla 1. Modelos de simulación del COVID-19

Modelo	Tipo	Link de Referencia
Global Epidemic and Mobility Model (GLEAM)	Modelo basado en agentes	https://covid19.gleamproject.org/
CDDEP Model	Ajuste de la curva/extrapolación	https://cddep.org/covid-19/
Age-structured SEIR model for COVID-19	SEIR	https://github.com/kieshaprem/covid19-agestructureSEIR-wuhan-social-distancing

Fuente: Elaboración personal

Nuestro esfuerzo está centrado en proponer un modelo de simulación basado en agentes como una forma de acercarnos al problema desde la perspectiva de un sistema complejo, integrando un subconjunto de dimensiones, variables e interacciones. Este modelo permitirá desarrollar experimentos que ayuden a comprender y eventualmente predecir la dinámica emergente, configurando condiciones iniciales que determinarán situaciones muy distintas con el correr del tiempo. La curva de crecimiento de cada uno de los escenarios,

3. Materiales y métodos

El modelo presentado aquí es una simulación de múltiples agentes que visualiza la dinámica emergente de la interacción de diversos factores biológicos y sociales en el desarrollo de la pandemia de COVID-19.

Dada la escala de la pandemia y la complejidad de las estructuras sociales globales, la simulación puede no verse como un modelo preciso de aplicación universal. Sin embargo, la simulación puede adaptarse a los entornos locales para que los gobiernos puedan evaluar las intervenciones estratégicas y los resultados a nivel local, municipal y regional. A los fines de facilitar su aplicación práctica, sólo algunas de las variables que se consideran, juegan un papel crítico en el desarrollo de la pandemia han sido seleccionadas para su manipulación en el modelo.

Los parámetros posibles de configurar son los siguientes:

Población

- Población inicial por grupos de edad decenales
- Chance de infección por grupos de edad decenales
- Chance de muerte por grupos de edad decenales
- Número de personas que se desplazan por día
- Porcentaje de personas que se desplazan infectadas

Parámetros clínicos

- Capacidad de atención médica
- Población infectada inicial
- Duración promedio de infección
- Tiempo promedio hasta que los síntomas muestran
- Promedio de días para que sea posible el contagio
- Distancia máxima para que sea posible el contagio
- Posibilidad de tener una infección severa
- Factor multiplicador para la posibilidad de muerte en caso de una infección grave
- La probabilidad de supervivencia durante el tratamiento aumenta en un 50%
- Los pacientes en tratamiento están aislados y no son contagiosos.
- La infección no se puede contraer dos veces.

Parámetros de Interacción social

- Número de escuelas
- Número de universidades
- Número de sitios de hospitalidad
- Número de lugares de reunión para personas de 18 años de edad en adelante
- Número de lugares de reunión para personas de 60 años en adelante
- Número de líneas de transporte público
- Número de comercios alimenticios
- Número de ingresantes/visitantes a la ciudad por día

- Porcentaje de ingresantes/visitantes a la ciudad infectados
- Distancia real representada en metros para cada patch en NetLogo

Parámetros de respuestas institucionales

- Cuarentena completa o parcial: la primera opción, restringe todas las interacciones sociales, incluyendo el uso del transporte público y los ingresos de visitantes externos a la ciudad. La segunda opción, cierra todas las actividades públicas y privadas pero no restringe la posibilidad de las personas de salir fuera de casa.
- Distanciamiento social: indica a las personas mantener una distancia mínima establecida expresada en metros. El orden no se sigue con precisión, sino de forma más aleatoria y proporcional a la distancia establecida. Esta variable solo se tiene en cuenta cuando el bloqueo completo se establece en Desactivado.
- Priorizar adultos mayores: Cuando se activa, la simulación prioriza el acceso del paciente anciano (mayor de 60 años) a las camas de hospital.

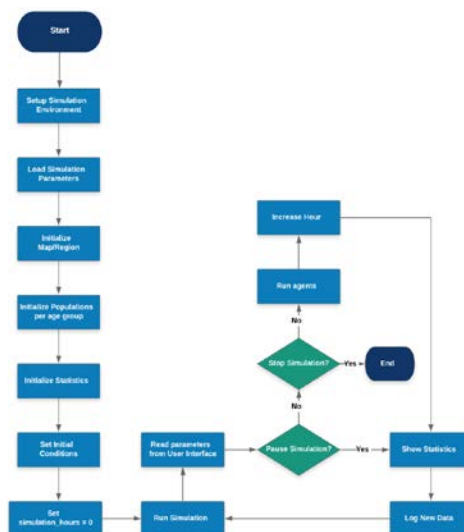
Implementación de la Simulación

Esta sección muestra en pseudocódigo la forma en que se ha implementado el modelo en el entorno de NetLogo. Para mayor claridad se ha estructurado en las siguientes partes:

- Estructura general del modelo (Figura 1).
- Mecanismo de acción de cada agente (Figura 2).
- Mecanismo de infección entre agentes (Figura 3).
- Mecanismo de interacción social entre agentes (Figura 4).

Estructura del modelo

Figura 1. Pseudocódigo del loop principal de simulación



La Figura 1 arriba, muestra un diagrama de flujo de la ejecución de la simulación. Este se puede resumir así:

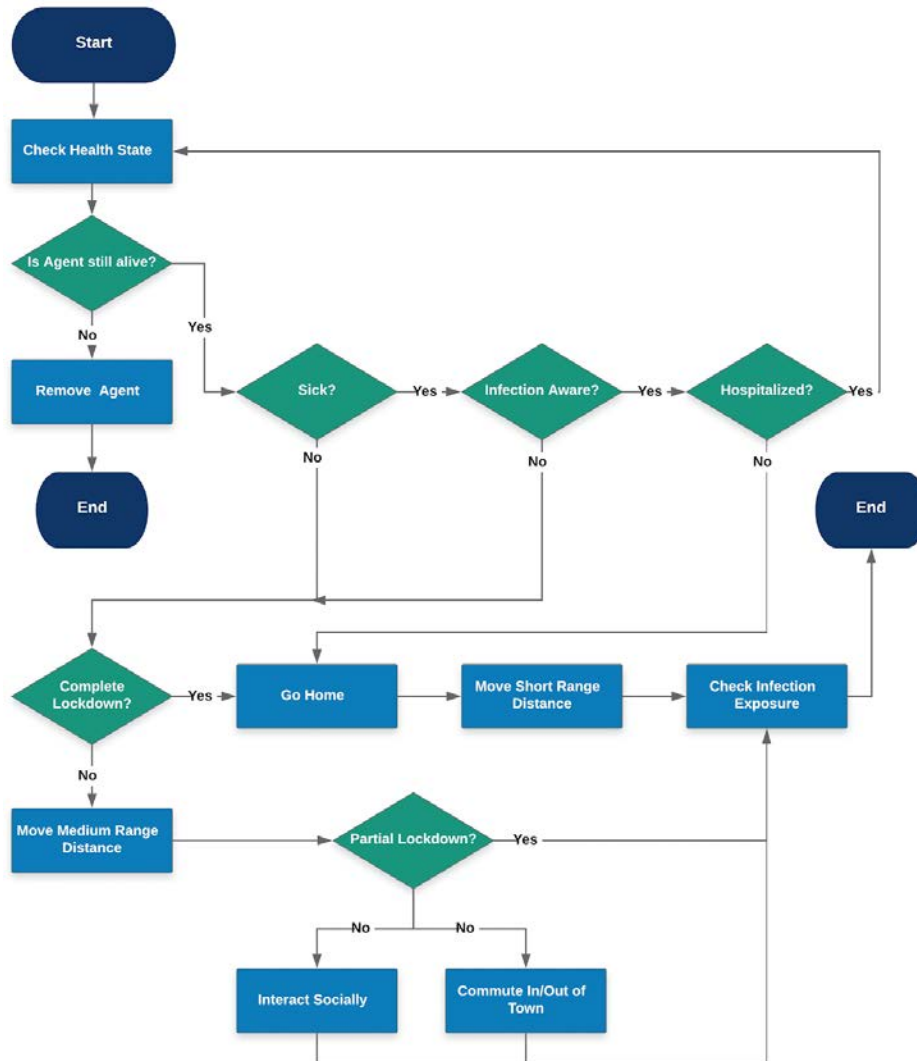
1. El entorno de Netlogo es inicializado incluyendo el área del mundo virtual donde se muestran el mapa y los agentes que representan la población.
2. Se cargan los parámetros con las condiciones iniciales y se inicializa el tiempo de simulación partiendo con simulation_hours = 0.
3. La simulación se ejecuta en un loop en donde cada iteración o tick es equivalente a una (1) hora.

4. Algunos de los parámetros configurables en la interface gráfica al ser modificados tienen un efecto en tiempo real sobre el comportamiento de los agentes y por ende en los resultados que se obtengan.
5. Para facilitar el ajuste de parámetros en tiempo real la simulación puede ser pausada mientras se ajustan los parámetros requeridos para luego continuar la ejecución con los nuevos valores.
6. La simulación ordena a todos los agentes que actúen (Gráfico 1).
7. Se incrementa el tiempo de simulación en una hora.
8. La interface gráfica muestra los valores actuales y registra datos para su posterior análisis.
9. El loop de simulación se repite hasta que el usuario ordene a través de la interface gráfica la terminación de la ejecución. El número de iteraciones también se puede determinar a través de la interface de comandos de Netlogo (*observer command line*) o utilizando el *Behaviour Space* para experimentos que requieren múltiples ejecuciones con diferentes parámetros.

Ejecución de los agentes:

El siguiente diagrama de flujo muestra el orden de ejecución de procesos para cada agente simulado:

Figura 2. Pseudocódigo mostrando los procesos y toma de decisiones dentro de un agente.



La Figura 2 muestra un diagrama de flujo del comportamiento de los agentes. Se puede resumir así:

Por cada iteración de la simulación los agentes ejecutan una serie de pasos.

1. Chequea el estado de salud del agente, verificando primeramente:
 - a. Si el agente ha contraído la enfermedad.
 - b. Si el agente requiere y obtiene atención médica.
 - c. Si el agente se ha recuperado de la enfermedad.
 - d. Si el agente no sobrevivió a la enfermedad.
2. Si el agente está vivo sus siguientes acciones dependerán si este se encuentra en alguno de los siguientes estados:
 - a. Sano.
 - b. Enfermo sin ser consciente de la infección.
 - c. Enfermo y es consciente de la infección.
 - d. Hospitalizado.

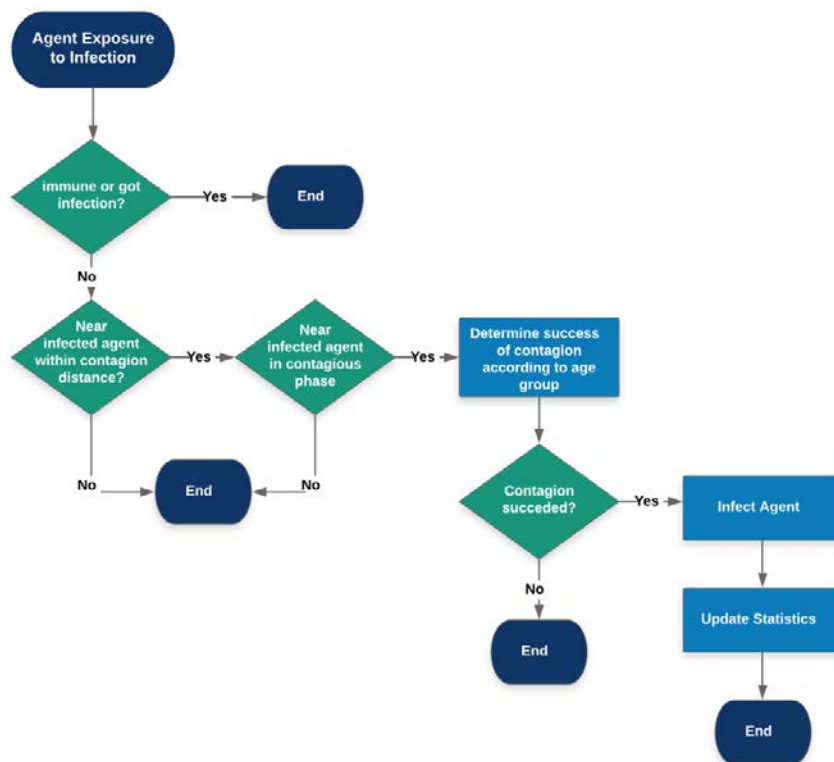
En cada caso el agente tomará diferentes acciones que repercutirán en la transmisión (ver Figura 3) de la enfermedad a otros agentes. Principalmente las acciones en donde el agente ha de interactuar con otros agentes como se muestra en la figura 4 [flowchart Social_Interactions].

1. Exposición a la infección: El contagio ocurre por la transmisión de un agente infectado a un agente no infectado y no inmune. La figura [flowchart_infection_exposure] ilustra el mecanismo de contagio implementado en la simulación.

1. En caso de no sobrevivir la enfermedad actualiza los datos estadísticos y elimina al agente de la simulación.

Simulación de la exposición a la infección

Figura 3. Mecanismo de exposición a la infección

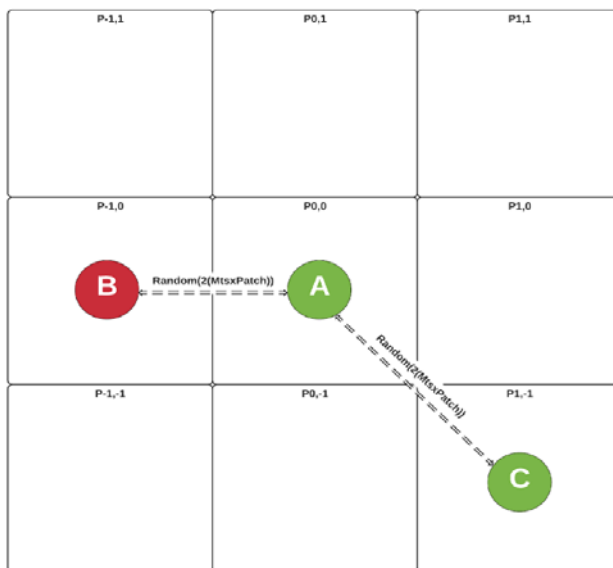


La figura 3 muestra un diagrama de flujo del mecanismo de contagio entre agentes. Este se puede resumir así:

Si el agente no ha sido infectado y se encuentra dentro de la distancia de contagio a otro agente infectado y que está en la fase de transmisión de la enfermedad, entonces el contagio se determinará por el valor en el parámetro *chance_of_infection* del grupo de edad al que pertenezca el agente.

La distancia máxima en la que puede ocurrir contagio es determinada por el parámetro *maximum_contagion_distance* la cual es expresada en metros. En la simulación, por cada iteración cada agente no infectado computa su distancia con respecto a otros agentes infectados que se encuentren en la cercanía. La cercanía en este caso corresponde a una vecindad de Moore, es decir, los agentes que se encuentren en las 8 celdas o *patches* que rodean al agente en cuestión. La figura 4 ilustra este mecanismo:

Figura 4. Cómputo de la distancia entre 3 agentes (A,B y C) en una vecindad de Moore



La figura 4 muestra 3 agentes. Los agentes A y C en color verde representan personas no contagiadas. El agente B en color rojo representa a una persona contagiada y posible transmisora. El agente A computa la distancia con respecto a su vecino B quien se encuentra a -1 Patch de distancia horizontalmente y a 0 Patch de distancia verticalmente. El cálculo de la distancia entre celdas vecinas se efectúa tomando en cuenta el parámetro *metres_per_patch* el cual representa una distancia lógica (*patch lógico o Plog*) dentro de cada *patch* determinada por un número aleatorio entre 1 y el valor especificado en *metres_per_patch*. Así, la distancia entre los agentes A y B se determina por:

$$\text{DistanciaAB} = \text{Random2}(\text{Mts} \times \text{Patch})$$

Los agentes A y B estarán en una distancia de posible contagio si se cumple la condición:

$$\text{DistanciaAB} \leq \text{maximum_contagion_distance}$$

Si se cumple la condición anterior entonces la probabilidad de que el agente A se contagie de B estará dada por:

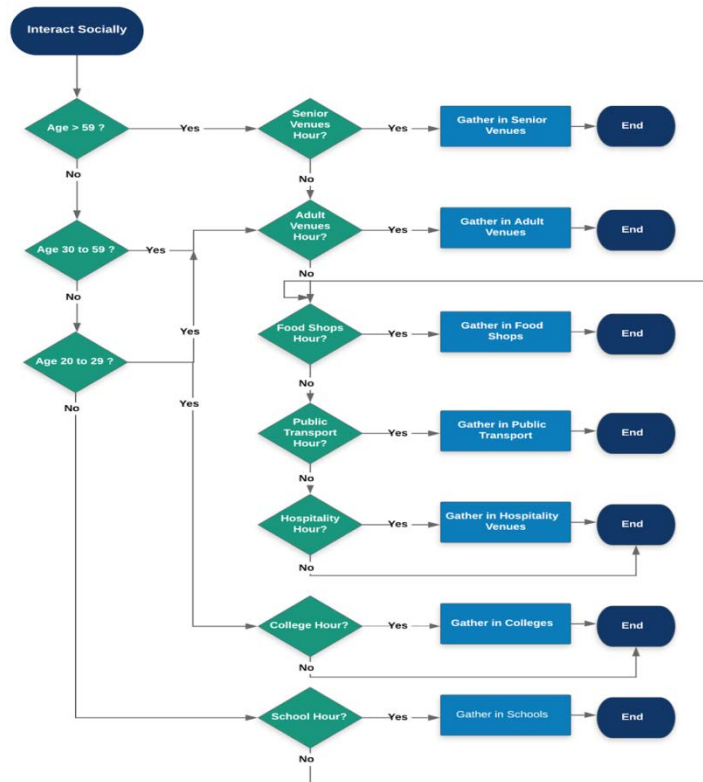
$$P_{\text{ContagioBA}} = \text{chance_of_infection}$$

Donde *chance_of_infection* es un parámetro expresado en porcentaje de acuerdo al grupo de edad de cada agente.

Simulación de la interacción social

El mecanismo para simular la interacción social que tiene cada agente se ejecuta teniendo en cuenta el grupo de edad al que pertenezca el agente. Los lugares de reunión funcionan como *clusters* en donde los agentes se reúnen con una determinada frecuencia. La gráfica siguiente muestra el flujo de decisión que un agente ejecuta al interactuar socialmente:

Figura 5. Pseudocódigo muestra los procesos de decisión tomados, en relación a la interacción social entre agentes



Cada agente dependiendo del grupo de edad al que pertenezca optará por un tipo de actividad La figura 5 muestra un diagrama de flujo de la interacción social de los agentes. Este se puede resumir así:

- Cada agente dependiendo del grupo de edad al que pertenezca optará por un tipo de actividad social para interactuar. La actividad social escogida dependerá de la hora del día.
- Cada actividad puede ejecutarse un número determinado de veces en el mismo día.

El propósito de este mecanismo es simular agrupaciones de personas en donde individuos de diferentes grupos de edades se congregan en áreas urbanas de tamaño limitado. Estas congregaciones permiten que se generen diferentes patrones de contagio que a su vez pueden ser estudiados en la simulación.

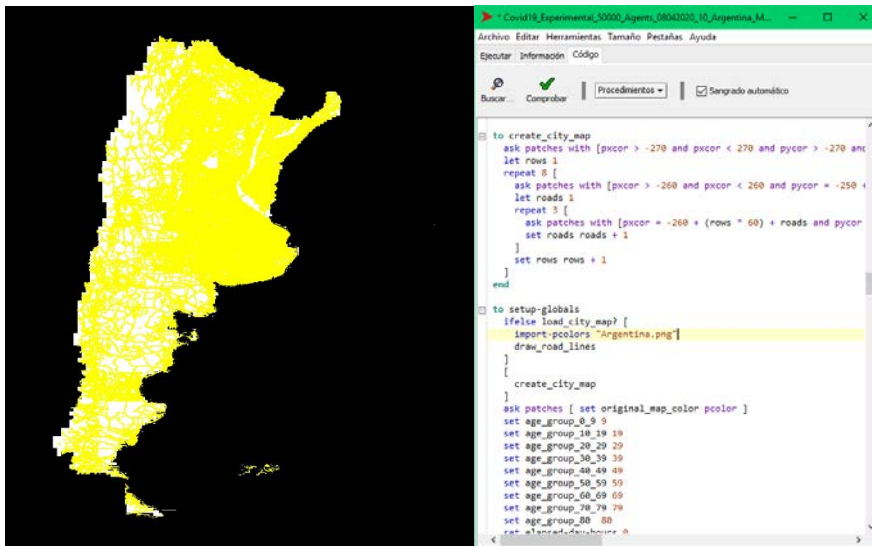
Para más detalles sobre la implementación del modelo al final de este documento se ha escrito el link al repositorio en Github donde se encuentra el código completo en Netlogo.

4. Delimitación geográfica del área de estudio

El área geográfica se representa digitalmente en el modelo mediante un mapa en formato .png (*Portable Network Graphics*), en color blanco deberá definirse el área de estudio (en nuestro ejemplo,

Argentina), en color negro el área excluida del análisis, y color amarillo, los principales ejes de circulación (rutas, calles, etcétera). La referencia al mapa digital que indica el área de estudio se debe indicar en `setup-globals > ifelse load_city_map > import-pcolors` (Figura 6).

Figura 6. Delimitación del área geográfica de estudio en el modelo COVID-19



Ajuste de la densidad de población en el área de estudio

Es requisito obtener el número de metros cuadrado por habitante del área geográfica que se desea examinar. Si la densidad está expresada en habitantes por kilómetro cuadrado, entonces:

$$M^2 \cdot \text{habitante} = 1000000 \text{m}^2 \text{habitantes} \cdot \text{Km}^2$$

Teniendo en cuenta el valor $M^2 \cdot \text{habitante}$ se calcula el número total de *patches* lógicos (*Plogs*) requeridos para simular una población de N agentes:

$$\text{TotalPlogs} = \text{Nagentes} (M^2 \cdot \text{habitante})$$

En el modelo, el valor *TotalPlogs* se ajusta multiplicando la resolución horizontal (*Hres*) y vertical (*Vres*) del área de simulación habitable (*patches* blancos) por el parámetro *metres_per_patch* ($M \cdot \text{Patch}$). En este caso el valor de $M \cdot \text{Patch}$ se obtiene así:

$$M \cdot \text{Patch} = \text{TotalPlogs} / (\text{Hres} \cdot \text{Vres})$$

Para el modelo del territorio de Argentina que se examinó se obtuvo que de media corresponden 1.340m^2 por habitante con una resolución rectangular de 540 *patches* horizontales x 530 *patches* verticales (286200). Obteniendo los siguientes parámetros para una población de 21050 agentes:

$$\text{TotalPlogs} = 21050 \times 1340$$

Con $\text{TotalPlogs} = 28207000$, el valor de $M \cdot \text{Patch}$ requerido se calcula: $M \cdot \text{Patch} = 28207000 / (540 \times 530) = 28207000 / 286200 \times 2$, obteniendo $M \cdot \text{Patch} = 10$ para una población de 21.050 agentes con 1.340m^2 por habitante.

¹ Se calculó a partir de los datos disponibles en: <https://www.sig.indec.gob.ar/censo2010/>

Presentación de la evolución del modelo

El modelo permite a los usuarios observar la evolución de la infección y el impacto en la población a lo largo del tiempo. Los indicadores de evolución que se presentan en la interface (Figura 7) al ejecutar el modelo son los siguientes:

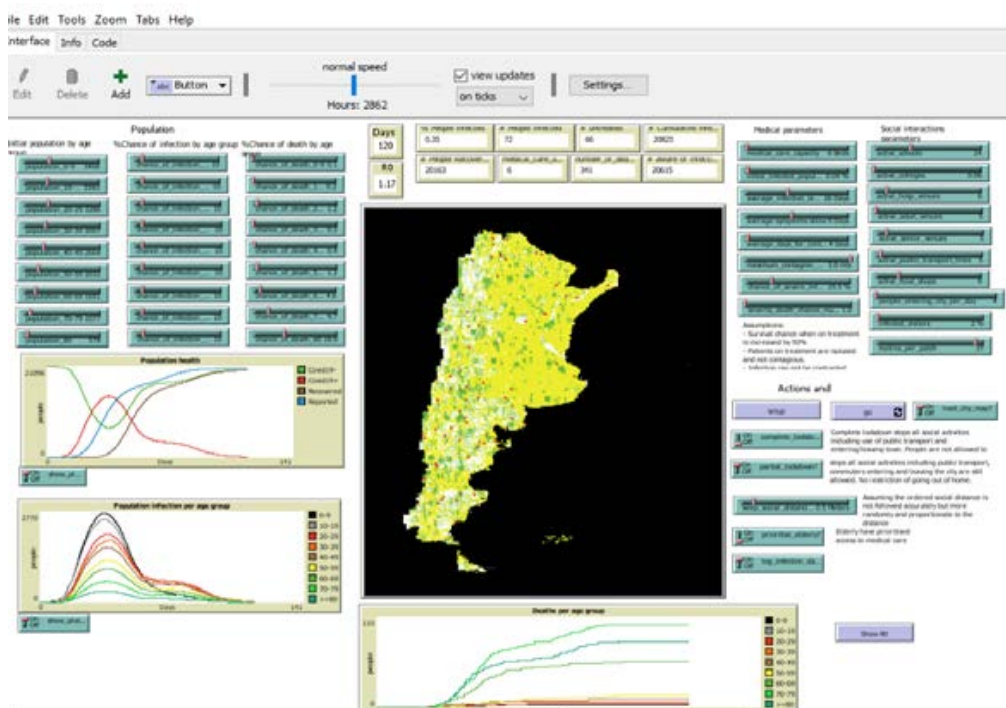
- Días: número de días transcurridos desde que comenzó la simulación, Número de reproducción (R0), Porcentaje y número de personas infectadas, Casos no tratados de personas infectadas, Personas infectadas que reciben atención médica, Personas recuperadas, Personas fallecidas y Atención médica utilizada: número de camas de hospital utilizadas

Figura 7. Indicadores de evolución del COVID-19 en el modelo en NetLogo

Days N/A	% People infected 0	# People infected 0	# untreated 0	# Cumulative infected 0
R0 N/A	# People Recovered 0	medical_care_used 0	number_of_deaths 0	# aware of infection 0

Cada tick de la simulación representa una hora. Las personas no infectadas se representan con puntos verdes en el mapa. Las personas infectadas se representan con puntos rojos. A medida que se ejecuta la simulación, aparecerán y se disiparán grupos de puntos verdes. Estos corresponden a las reuniones sociales de personas simuladas de diferentes grupos de edad en diferentes tipos de lugares y actividades durante el día. Las personas que utilizan el transporte público se reúnen principalmente a lo largo de las líneas amarillas en el mapa (Figura 8).

Figura 8. Interface de usuario del modelo de simulación COVID-19 en NetLogo



5. Resultados

Aplicación del modelo al caso COVID-19 en Argentina

El primer caso confirmado de la pandemia de enfermedad por coronavirus de 2019-2020 en Argentina se dio a conocer el 3 de marzo de 2020. Al 25 de abril de 2020, se confirmaron 3.780 casos de personas infectadas y 173 muertes en total (Gráfico 1).

El 7 de marzo, el Ministerio de Salud confirmó la primera muerte del país y de América Latina. Un hombre de 64 años que había viajado a París, Francia; tenía enfermedades preexistentes que complicaron su cuadro.

El 20 de marzo de 2020 se aplicó la cuarentena total a nivel nacional, inicialmente hasta el 31 de marzo, luego extendida hasta el 13, 26 de abril, 10 de mayo sucesivamente. En esta última fecha, si bien las restricciones de movilidad en muchos casos se mantienen, se comienzan a flexibilizar las economías locales en muchas ciudades de Argentina que reportaron muy pocos casos. Esta flexibilización es desigual en las ciudades, pero en todos los casos, la movilidad resultante es diferente a la observada anteriormente,

La primera cuarentena ordenada en Argentina por efectos del COVID-19 se inició a partir del día 20 de Marzo del 2020. A dicha fecha se encontraban reportados 158 casos, y el primero de ellos se había reportado el día 3 de marzo.

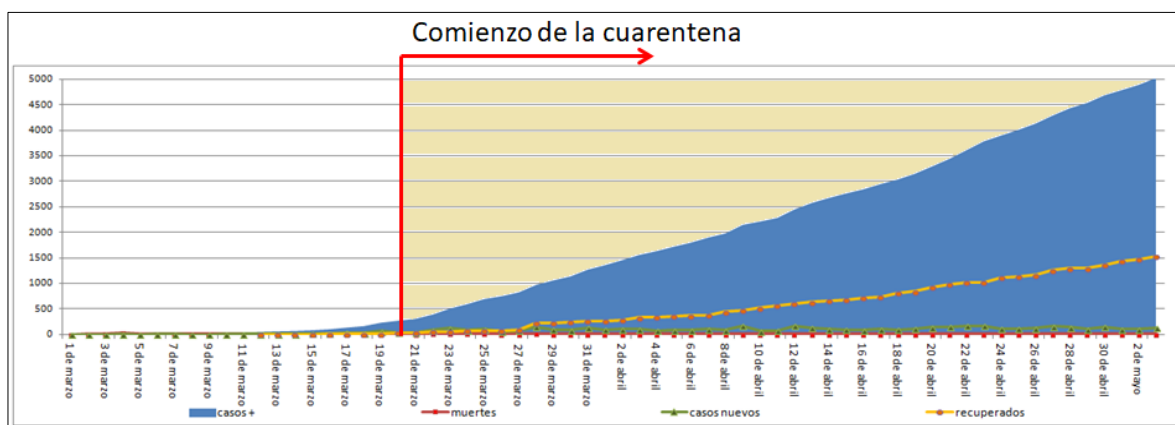
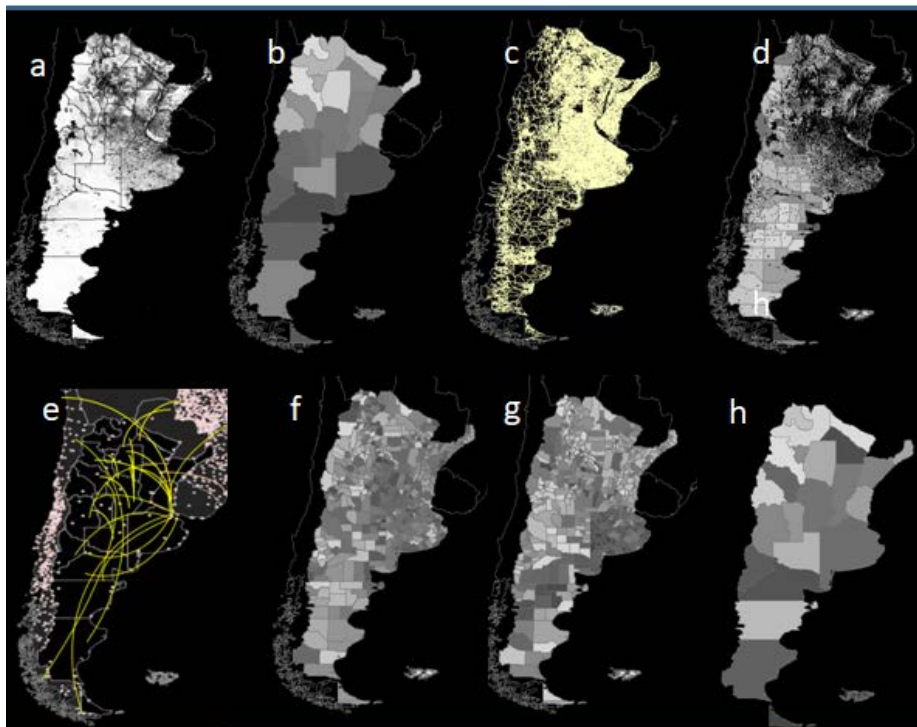


Gráfico 1. Evolución del COVID-19 en Argentina hasta el 2/05/2020

Fuente: Ministerio de Salud de la Nación

La configuración de los parámetros incorporados en el modelo se realiza utilizando información proveniente de distintas fuentes de información. El mapa 1 muestra la distribución espacial de las variables incluidas en el modelo para la República Argentina y las fuentes correspondientes.

Mapa 1. Parámetros incluidos en el modelo en Argentina



- a) Densidad poblacional de adultos mayores de 60 años, Argentina. Fuente: INDEC, Censo 2010
- b) Cambio en la movilidad de la población, Argentina según provincias Fuente: <https://covid.grandata.com/distancing>
- c) Vías de comunicación terrestres de Argentina Fuente: Ministerio de Transporte de la Nación
- d) Establecimientos educativos de todos los niveles y tipos de financiamiento Fuente: Ministerio de Educación; Consejo Nacional Interuniversitario
- e) Aeropuertos y rutas aéreas de Argentina Fuente: Ministerio de Turismo y Deportes
- f) Cantidad de camas sanitarias por cada 1000 habitantes Fuente: Sistema Integrado de Información Sanitario Argentino, Ministerio de Salud de la Nación
- g) Población ocupada en actividades relacionadas con los servicios Fuente: INDEC, Censo 2010
- h) Tasa COVID19+ cada 1000 hab según provincia. Fuente: Ministerio de Salud de la Nación

Para simular el comportamiento del COVID-19 en Argentina, se selecciona una muestra de 21050 personas, desagregadas proporcionalmente en grupos decenales de edad según la distribución real de la población. Dado que se trabaja con una muestra de población y no con el total, es importante mencionar en este punto que los resultados obtenidos no serán presentados en términos absolutos, sino que se analizará específicamente la tendencia temporal y la evolución del ratio de crecimiento diario de los infectados reportados².

En cada uno de los cuatro escenarios analizados, parte de las variables se configuran de manera similar. Estas variables de configuración similar, son:

² Existe una discusión no acabada respecto de la cantidad de infectados reportados y la subestimación de este número en Argentina debido a la cantidad de testeos que se realizan. Sin embargo, no es objetivo principal de este trabajo discutir sobre ese aspecto, sino hacer uso de ese valor como insumo para evaluar tendencias e impacto de las variables asociadas.

a. Distribución proporcional de la población según grupo de edad (Tabla 2):

Tabla 2. Población según grupos de edad.

	Población total Argentina: 45.376.763		
Población de 0 a 9	7.476.394	16,476	3.468
Población de 10 a 19	7.077.796	15,598	3.283
Población de 20 a 29	7.084.005	15,612	3.286
Población de 30 a 39	6.482.663	14,286	3.007
Población de 40 a 49	5.743.626	12,658	2.664
Población de 50 a 59	4.381.897	9,657	2.033
Población de 60 a 69	3.560.538	7,847	1.652
Población de 70 a 79	2.323.393	5,120	1.078
Población de 80 y más	1.246.451	2,747	578
			21050

Fuente: INDEC

b. Parámetros médicos

Medical_care_capacity: 6,5 camasx1000.
Initial_infected_population: 0.04%
Average_infection_length: 26 días.
Average_symptoms_show: 10 días.
Average_days_for_contagion: 4 días.
Maximum_contagion_distance: 2.0 mts.
Chance_of_severe_infection: 16.5%
Severity_death_chance_multiplier: 1.2

c. Parámetros de interacción social

Active_schools: 13
Active_colleges: 2
Active_hospitality_venues: 13
Active_adult_venues: 6
Active_senior_venues: 4
Active_public_transport_lines: 9
Active_food_shops: 25
People_entering_city_per_day: 0
Infected_visitors: 0
Metres_per_patch: 10

* **%people infected:** 0,04 es equivalente a 8 personas infectadas en la simulación. Esta cifra indica tanto los casos identificados como los no identificados dentro de la simulación. Mientras que *Aware of Infection* 0 indica en el momento de inicio de la simulación con 0 casos reportados, indicando que los casos existentes están latentes, sin tratamiento y con posibilidad de contagiar a otros.

Luego, para distinguir y analizar las diferencias en el comportamiento de cada uno, se modifica en cada uno de ellos, y como se detalla a continuación, los parámetros que refieren a la restricción de la movilidad y a la distancia social mínima.

De esta manera, se analizaron cuatro escenarios posibles para la evolución del COVID-19 en Argentina. En todos los casos, se parte de 8 personas infectadas entre los 21.050 agentes que conforman la muestra, hasta llegar a los 128 casos acumulados de infectados reportados, equivalente a la cantidad de personas que se encontraban infectadas al finalizar el día previo al comienzo de la cuarentena en el país.

Escenario 1

En el primer escenario, los 128 casos se alcanzan el día 18 de la simulación, partiendo de las condiciones iniciales mencionadas anteriormente. En ese momento, se activa el bloqueo parcial de la ciudad (*Partial_Lockdown = true*) y se ordena una distancia social mínima (KSD) de 1,5 metros con

el propósito de simular las condiciones de cuarentena implementadas en Argentina. Se mantienen las restricciones indicadas hasta llegar al día 90 de la simulación.

Escenario 2

En este caso, no se aplica ningún tipo de restricción a lo largo del período considerado. Se comienza partiendo de considerar 8 personas infectadas, como en el escenario 1, y se desactiva la opción *partial_lockdown* (*Partial_Lockdown=false*) y no se indica ninguna distancia social mínima.

Escenario 3

La simulación se ejecuta de la misma manera que en el escenario 1, pero luego se levanta la cuarentena parcial el día 10 de mayo hasta completar los 90 días de simulación.

Escenario 4

La simulación se ejecuta de la misma manera que en el escenario 1, pero luego se levanta la cuarentena parcial el día 26 de abril, y se simula hasta completar los 90 días.

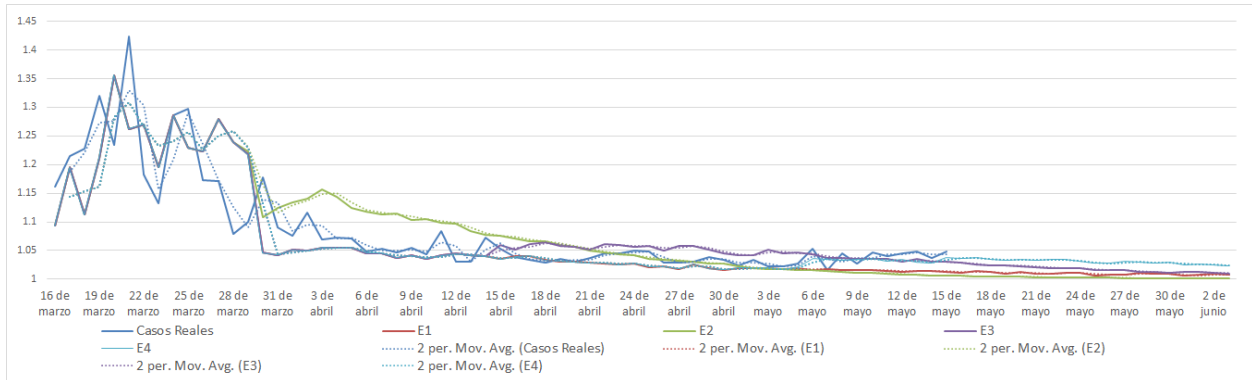
Escenario 1		Escenario 2		Escenario 3		Escenario 4	
PL se activa al día 18 de la simulación Corresponde al día al 20 de marzo de 2020, cuando se registran 158 casos positivos en Argentina	Se mantiene hasta el día 90 de la simulación (30 de mayo de 2020)	PL no se activa	Se finaliza sin cuarentena en el día 90 de simulación	PL se activa al día 18 de la simulación Corresponde al día al 20 de marzo de 2020, cuando se registran 158 casos positivos en Argentina	Se mantiene hasta el día 63 de la simulación (10 de mayo de 2020)	PL se activa al día 18 de la simulación Corresponde al día al 20 de marzo de 2020, cuando se registran 158 casos positivos en Argentina	Se mantiene la cuarentena hasta el día 48 de la simulación (26 de abril de 2020)
KSD	1,5 a partir de la implementación de la cuarentena	KSD	0	KSD	1,5 a partir de la implementación de la cuarentena	KSD	1,5 a partir de la implementación de la cuarentena
IV	0 (mientras dura activo PL)	IV	0,0004	IV	0 (mientras dura activo PL)	IV	0 (mientras dura activo PL)
PECPD	0 (mientras dura activo PL)	PECPD	4	PECPD	0 (mientras dura activo PL)	PECPD	0 (mientras dura activo PL)

KSD = Keep social distance
IV = Infected visitors
PECPD = People entering city per day
PL = Partial lockdown

Como se mencionaba anteriormente, el resultado más importante que se quiere mostrar en este modelo, es la tasa de crecimiento diario de personas infectadas reportadas. En el gráfico 2, se muestra el comportamiento de esa tasa en cada uno de los escenarios planteados, en relación a la tasa real de crecimiento que se registra en Argentina. Se observa que si bien al principio de la aparición de la pandemia en el país y del momento en que se empiezan a registrar los casos, las curvas tienen un comportamiento muy inestable (mucha variación diaria, producto no tanto de la naturaleza de la enfermedad, sino de los procedimientos de registro y aparición de personas infectadas), en la medida en que el tiempo, la cantidad de casos y la adaptación del sistema de salud al registro, las curvas se vuelven más estables a lo largo del tiempo, y con comportamientos similares. Es posible detectar en los valores que toma la tasa de crecimiento, el impacto en cada uno de los escenarios de la mayor o menor restricción de movilidad, y de la aplicación de la distancia social entre personas.

En el siguiente apartado, se aplican una serie de métricas y análisis que permiten concluir por un lado que, independientemente de la cantidad de población inicial con la que se configure el escenario, se obtienen comportamientos de tasas de crecimiento diario de personas infectadas similares y con muy bajo error estadístico, constituyéndose en una métrica importante para ser analizada y utilizada con fines predictivos.

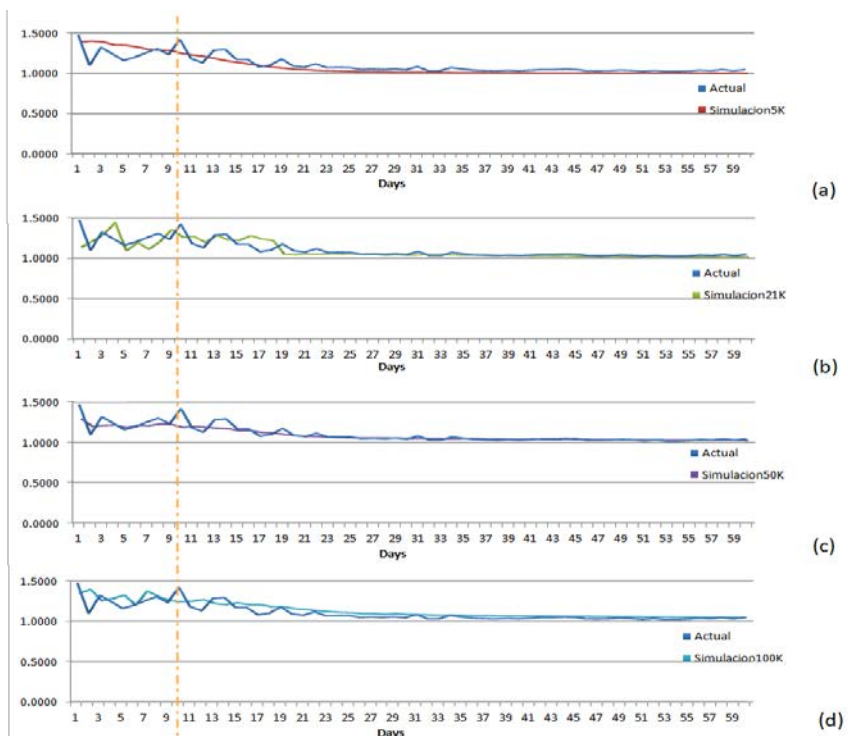
Gráfico 2. Tasa de crecimiento diario de personas infectadas reportadas reales y escenarios simulados



Fuente: elaboración personal

Como se mencionó anteriormente, más allá de analizar los resultados de la evolución de casos, es la tasa de crecimiento diario la que resulta de máxima utilidad para comprender la dinámica del contagio, mostrando su escala de crecimiento a través del tiempo. La tasa de crecimiento al día N se obtiene por: $Ratio_{Dia_N} = \frac{Casos_{Dia_N}}{Casos_{Dia_{N-1}}}$. A los fines de analizar la sensibilidad del modelo a diferentes tamaños poblacionales, el gráfico 3 presenta los resultados de este cálculo para los datos reales y simulados, variando la cantidad de agentes empleados en cada experimento: 5.000, 21.000, 50.000 y 100.000.

Gráfico 3. Comparación de la tasa de crecimiento diario reales vs. simulados empleando 5000, 21.000, 50.000 y 100.000 agentes



Fuente: elaboración personal

El gráfico 3 muestra la tasa de crecimiento diario del número de casos confirmados de COVID-19 en Argentina desde el 12 de Marzo al 10 de Mayo. La línea punteada vertical marca el momento en que se inició la cuarentena en el país. Gráfico 3 (a) real vs. simulación con 5000 agentes, (b) real vs. simulación con 21.000 agentes, (c) real vs. simulación con 50.000 agentes, (d) real vs. simulación con 100.000 agentes.

A simple vista la tasa de crecimiento es similar en todas las poblaciones de agentes. Sin embargo, para tener una medida más exacta con respecto a los datos actuales se aplicó el *Root Mean Squared Error* (RMSE) para cuantificar el error que hay entre los datos reales y simulados. La tabla 3 muestra dicha comparación:

Tabla 3. Comparativa RMSE de 4 poblaciones de agentes vs datos reales

Población de Agentes	RMSE
5000	0.072
21000	0.076
50000	0.052
100000	0.070

Fuente: elaboración personal

La tabla comparativa muestra que la simulación con 50000 agentes tuvo el menor error con respecto al conjunto de datos actuales.

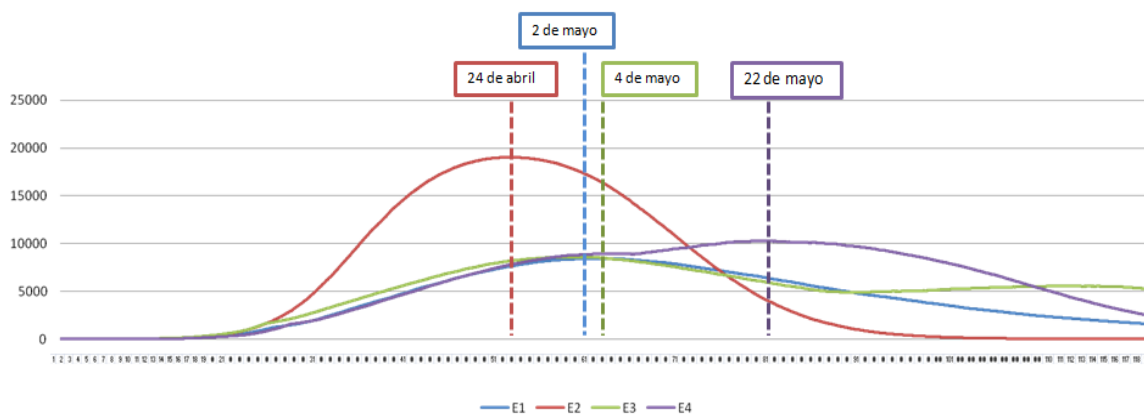
El gráfico 4 muestra la distribución en el tiempo de los casos positivos de COVID-19 en los cuatro escenarios analizados. Si se consideran las condiciones del escenario 1, la curva de casos positivos asciende levemente hasta llegar a un máximo de personas contagiadas el día 2 de mayo (día 60 de la simulación). Luego desciende muy suavemente hasta el final de la simulación.

El escenario 2, que refleja la situación en que no se hubiera aplicado ninguna restricción, refleja el crecimiento acelerado y hasta niveles que casi duplican el resto de los escenarios. El pico máximo en este caso, se alcanza el día 24 de abril.

El escenario 3, presenta el caso en que se aplica la cuarentena el día 20 de marzo, y se mantiene, con restricciones similares, a lo largo de 52 días (hasta el 10 de mayo), y luego se completan los 90 días de análisis, sin restricción más que la distancia social. Puede observarse que en este caso la curva también se crece suavemente a lo largo del tiempo, presenta un pico el día 4 de mayo, momento en el que comienza a descender de manera lenta pero constante. El día 10 de mayo, cuando se levantan las restricciones se invierte el sentido de crecimiento, y pasa de ser negativo a positivo, y no vuelve a sobrepasar los valores alcanzados durante la primera etapa.

El escenario 4 simula una situación similar al escenario 3, pero el levantamiento total de la cuarentena sucede el día 27 de abril. Allí se observa que luego de ser levantada la cuarentena, la curva de casos COVID-19 positivos, que durante el período con aislamiento social preventivo descendía, invierte su sentido y comienza a crecer nuevamente. En este caso el ascenso es notorio, y es el momento en que alcanza su pico máximo de alrededor del día 22 de mayo, para luego comenzar a descender nuevamente.

Gráfico 4. Evolución de casos COVID-19 positivos simulados según escenarios 1, 2, 3 y 4



Fuente: elaboración personal

6. Conclusiones

Los modelos de predicción son importantes para poder optimizar la utilización de recursos y evitar la propagación del virus en la población.

Se aplicó el software NetLogo, para evaluar los posibles escenarios futuros, ajustando las proyecciones con los datos reales relevados de diferentes fuentes de información. Esta herramienta permite estudiar la dinámica del crecimiento de casos de COVID19, los fallecimientos, los casos reportados y los contagiados, y tener una idea aproximada respecto de la evolución de la enfermedad en nuestro país. Los pronósticos a nivel nacional indican que es probable que las muertes sigan aumentando en las próximas semanas, como también la cantidad de infectados. La rapidez con que aumentarán sigue siendo muy incierta, aunque pareciera haberse acelerado mínimamente la tasa de crecimiento en los últimos días.

Es interesante observar que los modelos que incorporan una fuerte reducción de la movilidad social, sugieren que continuarán ocurriendo nuevas muertes, pero con un ritmo de crecimiento moderado, y que no alcanza valores elevados a lo largo de los días analizados y hasta llegar al día 90 de simulación.

Contrariamente, el escenario 2 que no incorpora ningún tipo de reducción de contacto sugiere que las muertes y los contagios totales pueden continuar aumentando rápidamente y por un período sostenido de tiempo.

Los pronósticos a nivel local, variarán ampliamente, lo que refleja el impacto que tienen las especificidades y las configuraciones iniciales a partir de las que surge y se atraviesa la pandemia. Las diferencias en las fases epidémicas tempranas, el momento de las intervenciones y los

supuestos específicos del modelo en relación a la interacción social, los recursos humanos y materiales, el comportamiento de cada una de las poblaciones, la respuesta real del sistema de salud, configuran escenarios bien disímiles a lo largo del territorio. No obstante esto, el aislamiento social es, en todos los casos, la medida que impacta de manera positiva y más fuertemente en la ayuda a la prevención y la ralentización del contagio.

Los modelos basados en agentes, son softwares complejos, que ofrecen resultados sencillos de comprender y utilizar. Desde una visión pedagógica y educativa son muy útiles para comprender e investigar procesos poblacionales, sus interacciones, cambios, relaciones, dinámicas y comportamientos.

También se proponen una oportunidad interesante para comprender desde la práctica, algunos conceptos que explican los procesos poblacionales, modificando los parámetros que definen el modelo, y observar y comprender con mayor profundidad esa complejidad sistémica que modelan.

Además, es posible experimentar y elaborar escenarios futuros, manipulando los parámetros que se incluyen. Esto permite entender la manera en que cada uno de esos parámetros impacta en el modelo, y cuánto es el peso que cada uno de ellos tiene dentro en cada uno de los escenarios.

En el presente modelo se pudo determinar qué factores tienen mayor incidencia en los resultados finales. En particular se estableció que, principalmente conseguir un considerable descenso de la movilidad de la población es fundamental para lograr que las curvas se mantengan relativamente manejables por el sistema de salud.

Además, permitió entender más acabadamente la manera en que las variables interactúan entre sí. Esto es poder entender cómo el efecto de una variable sobre la respuesta se ve afectado por el valor de otra variable y viceversa. Esto también pone en evidencia que, sin llegar a ser modelos extremadamente complejos, obtenemos resultados que no necesariamente resultan intuitivos.

Si bien el uso de modelos y la simulación basada en agentes no debe considerarse como un instrumento que reemplace a la experimentación en contextos reales cuando sea posible, o que nos lleve a utilizar sus resultados para esgrimir pronósticos acabados y exactos del comportamiento de sistemas sociales, debe ponerse de relieve la importancia de ser una herramienta que permite comprender la dinámica general los fenómenos poblacionales y sociales desde una perspectiva de la investigación, pero también didáctica y pedagógica.

Sugerencias para no concluir:

- Permitir las chances de infección y muerte discriminando varones y mujeres.
- Obtener la distribución de los agentes desde un *shapefile* de unidades espaciales (polígonos), otorgando mayor realismo a la distribución espacial de la población de base.
- Guardar los resultados en unidades espaciales, de modo de conocer la posible evolución en cada subarea de estudio.
- Reemplazar chances de infección por tasas discriminadas por grupos de edad.
- Aplicar el modelo a diferentes áreas y regiones.
- Realizar un análisis de sensibilidad de los parámetros incluidos en el modelo.
- Utilizar parámetros de otros países y analizar análisis comparativos.
- Partir de casos confirmados localizados no aleatoriamente, para conocer la posible dispersión desde una localización geográfica conocida.

7. Código del modelo:

https://github.com/cjimero/netlogo_covid19_contagion_dynamics

8. Bibliografía

Aguilera Ontiveros, A. & López Paredes, A. (2001). *Modelado Multiagente de sistemas socioeconómicos: una introducción al uso de la inteligencia artificial en la investigación social*. San Luis Potosí, El colegio de San Luis.

Builder, C. & Banks, S. (1991). Artificial Societies: A Concept for Basic Research on the Societal Impacts of Information Technology, en *Rand Report P-7740*, Santa Mónica.

Chinazzi, M., Davis, J. T., Ajelli, M., Gioannini, C., Litvinova, M., Merler, S., Pastore y Piontti, A., Mu, K., Rossi, R., Sun, K., Viboud, C., Xiong, X., Yu, H., Halloran, M. E., Longini & I. M., Vespignani, A. (2020). The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak. *Science* 24 Vol. 368, Issue 6489, pp. 395-400. DOI: 10.1126/science.aba9757. <https://science.sciencemag.org/content/368/6489/395>

Díaz Resquin, M. C. Bioing, Ascolani, J. Díaz, C. A, Díaz, F. H. Bioing & M. Peña Morena Lighuen. (2020). *Modelación Matemática de la propagación del COVID-19: Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA), Argentina*. Recuperado de <https://saludbydiaz.com/2020/04/08/modelacion-matematica-de-la-propagacion-del-covid-19-area-metropolitana-de-buenos-aires-amba/>

Epstein, J.M. (2009). Modeling to contain pandemics, *Nature*, 460:687, <http://dx.doi.org/10.1038/460687a>.

Epstein, J.M. & Axtell, R. (1996). *Growing Artificial Societies: Social Science from the Bottom Up*, MIT Press.

García, R. (2006). *Sistemas Complejos. Conceptos, método y fundamentación epistemológica de la investigación interdisciplinaria*. Barcelona, Gedisa.

Giddens, A. (1984). *The constitution of Society*, Polity Press, Cambridge.

Gilbert, N. y Conte, R. (1995). *Artificial Societies*, UCL Press, Londres.

Gilbert, N. y Troitzsch, K. G. (2005). *Simulation for the Social Scientist*, 2d ed., Open University Press.

Heppenstall, A. & Crooks, A. (2016). *Agent based modeling in geographical systems*. AccessScience from McGraw-Hill Education. <http://dx.doi.org/10.1036/1097-8542.YB160741>.

Kiesha, P. (2020). *COVID-19 Age Structure SEIR Wuhan Social distancing* (Repositorio git). <https://github.com/kieshaprem/covid19-agestructureSEIR-wuhan-social-distancing>

Matteucci, S. D. & Buzai, G. D. (Compiladores) (1998). *Sistemas Ambientales complejos: herramientas de análisis espacial*. Buenos Aires, EUDEBA.

Reynoso, C. (2010). *Análisis y diseño de la ciudad compleja. Perspectiva desde la antropología urbana*. Editorial SB, Buenos Aires, Argentina.

Schueller, E., Klein, E., Tseng, K., Kapoor, G., Joshi, I., Sriram, A., Nandi, A. & Laxminarayan, R. (2020). *COVID-19 in India: Potential Impact of the Lockdown and Other Longer-Term Policies*. CEDEP Report. The Center For Disease Dynamics, Economics & Policy, Washington D.C. & New Delhi. Recuperado de <https://cddep.org/publications/covid-19-india-potential-impact-of-the-lockdown-and-other-longer-term-policies/>

Weisstein, E.W. (2020) Moore Neighborhood. *From MathWorld--A Wolfram Web Resource*. Recuperado de <https://mathworld.wolfram.com/MooreNeighborhood.html>.

Wilensky, U. (1999). *NetLogo*. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL.

Yang, C. & Wilensky, U. (2011). *NetLogo epiDEM Travel and Control model*. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/epiDEMTravelandControl>. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL.



Esta obra se encuentra bajo Licencia Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0. Internacional. Reconocimiento - Permite copiar, distribuir, exhibir y representar la obra y hacer obras derivadas siempre y cuando reconozca y cite al autor original. No Comercial – Esta obra no puede ser utilizada con fines comerciales, a menos que se obtenga el permiso.