

UNIVERSIDADE EDUARDO MONDLANE FACULDADE DE CIÊNCIAS PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

UM MODELO METAPOPULACIONAL PARA A TRANSMISSÃO DA COVID-19: MEDIDAS DE INTERVENÇÃO GLOBAL E LOCAL - ESTUDO DE CASO EM MOÇAMBIQUE 2020-2021

Paulo Joaquim

Maputo Setembro/2024

UNIVERSIDADE EDUARDO MONDLANE FACULDADE DE CIÊNCIAS PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

UM MODELO METAPOPULACIONAL PARA A TRANSMISSÃO DA COVID-19: MEDIDAS DE INTERVENÇÃO GLOBAL E LOCAL - ESTUDO DE CASO EM MOÇAMBIQUE 2020-2021

Paulo Joaquim

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática da Universidade Eduardo Mondlane, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Matemática, especialização: Matemática Biológica.

Orientador: Prof. Doutor Sansão Agostinho Pedro

Maputo Setembro/2024

UNIVERSIDADE EDUARDO MONDLANE FACULDADE DE CIÊNCIAS PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

UM MODELO METAPOPULACIONAL PARA A TRANSMISSÃO DA COVID-19: MEDIDAS DE INTERVENÇÃO GLOBAL E LOCAL - ESTUDO DE CASO EM MOÇAMBIQUE 2020-2021

Paulo Joaquim

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática da Universidade Eduardo Mondlane, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Matemática, especialização: Matemática Biológica.

Aprovado em 16 de Setembro de 2024, por:

Prof. Doutor Grigori Chapiro (Arguente - UFJF)

Prof. Doutor Calisto Guambe (Presidente - UEM)

Prof. Doutor Sansão Agostinho Pedro (Orientador - UEM)

Maputo Setembro/2024

Dedicatória

i

Este trabalho é dedicado aos meus pais, à minha esposa e aos meus queridos filhos.

AGRADECIMENTOS

Agradeço sinceramente a todas as pessoas que contribuíram para a realização deste trabalho:

Primeiramente, gostaria de expressar minha profunda gratidão ao meu orientador, Prof. Doutor Sansão Agostinho Pedro, por sua orientação valiosa, apoio contínuo e insights preciosos ao longo deste projecto. Sua sabedoria e paciência foram fundamentais para o sucesso desta jornada. Da mesma forma, sou imensamente grato ao Prof. Doutor Daisuke Takahashi, pela monitoria inestimável no desenvolvimento do modelo computacional deste estudo. A sua competência e generosidade em compartilhar conhecimento foram essenciais para a realização desta pesquisa. Agradeço também à minha família, especialmente aos meus pais, Joaquim Saide e Cristina Chiumbo, por todo o amor incondicional, encorajamento constante e apoio emocional que sempre me proporcionaram. Sem o suporte e compreensão deles, este trabalho não seria possível. À minha esposa, Abiba Assane, expresso minha eterna gratidão pelo apoio inabalável, paciência infinita e compreensão durante todo este período desafiador. Seu carinho e presença me deram forças nos momentos mais difíceis. Não poderia deixar de mencionar meus amigos e colegas de curso, cujas discussões enriquecedoras, colaboração e momentos de descontração tornaram essa caminhada acadêmica ainda mais especial. Foram essenciais para transformar desafios em oportunidades de crescimento. Por fim, minha sincera gratidão vai para todas as instituições, organizações e indivíduos que, directa ou indirectamente, contribuíram para a concretização deste trabalho.

A todos vocês, meu mais profundo e sincero obrigado.

RESUMO

A disseminação da COVID-19 foi fortemente influenciada pela mobilidade e interações humanas dentro e entre diferentes regiões geográficas. O impacto da mobilidade na propagação do SARS-CoV-2 deve ser compreendido para que se possam elaborar medidas de intervenção eficazes e moldar políticas de saúde pública adequadas. Neste contexto, verificaram-se resistências ao cumprimento dos bloqueios em várias jurisdições, com parte da população a considerar que as restrições não deveriam ser aplicadas nas suas áreas. Indicadores claros sobre a aplicação de estratégias centralizadas ou descentralizadas para reabertura (ou fecho) de escolas e locais de trabalho são cruciais para desenhar estratégias de confinamento e desconfinamento que tragam benefícios tanto para a saúde pública como para a economia. Neste estudo, a transmissão do SARS-CoV-2 e os padrões de mobilidade entre as onze províncias de Moçambique foram simulados utilizando um modelo metapopulacional computacional com dinâmica estocástica. A mobilidade interprovincial foi determinada por uma matriz de transição, gerada com base num modelo de radiação e na matriz Origem-Destino. O modelo foi calibrado com base na população efectiva e nos casos activos durante a primeira onda de infecções, entre Março e Dezembro de 2020. Foram analisados o impacto da mobilidade interprovincial e a conectividade da cidade de Maputo na trajetória da epidemia, comparando-se estratégias descentralizadas de bloqueio e reabertura, baseadas em gatilhos de prevalência de infecção específicos de cada província, com uma estratégia centralizada aplicada a todo o país. Quatro cenários principais e um subcenário foram avaliados: ausência de mobilidade (C_1), mobilidade sem intervenção (C_2), mobilidade com intervenção global (C_3), mobilidade com intervenção local (C_4) e o subcenário de mobilidade com isolamento da cidade de Maputo ($C_{2(A)}$). A análise revelou uma contribuição significativa da mobilidade interprovincial para a rápida escalada da epidemia, com a cidade de Maputo a surgir como o epicentro inicial. No cenário com mobilidade (C_2) , o valor de \mathcal{R}_0 foi de 1.253767, representando um aumento de 10.05% em relação ao cenário sem mobilidade (C_1) ($\mathcal{R}_0 = 1.139293$). Além disso, registou-se um aumento de 19.54% no número de casos reportados no cenário com mobilidade em comparação com o cenário sem mobilidade. O subcenário de isolamento da cidade de Maputo $(C_{2(A)})$ evidenciou uma influência significativa da conectividade da cidade com o resto do país, resultando numa diminuição de 17.09% no número de casos cumulativos e uma redução de 3.20% no valor de \mathcal{R}_0 em comparação com o cenário de mobilidade sem restrições. O cenário de intervenção local (C_4) mostrou-se mais eficaz no adiamento do pico de infecções, com um atraso de 37 dias em relação ao cenário de intervenção global (C_3). No entanto, as reduções no número de casos cumulativos (1.30%) e no valor de \mathcal{R}_0 (2.31%) foram estatisticamente não significativas. Estes resultados destacam o papel crucial da incorporação de padrões de mobilidade nas estratégias de intervenção para conter a transmissão da COVID-19 e sublinham a eficácia de abordagens de intervenção regionalizadas no controle da disseminação do vírus.

Palavras-chave: Pandemia da COVID-19, Mobilidade interprovincial, Modelo metapopulacional estocástico, Modelo de radiação, Medidas de intervenção global e local, Moçambique

ABSTRACT

The spread of COVID-19 has been strongly influenced by mobility and human interactions within and between different geographical regions. The impact of mobility on the transmission of SARS-CoV-2 must be understood in order to develop effective intervention measures and shape appropriate public health policies. In this context, resistance to lockdown measures was observed in several jurisdictions, with parts of the population considering that restrictions should not apply to their areas. Clear indicators regarding the use of centralized or decentralized strategies for reopening (or closing) schools and workplaces are crucial for designing lockdown and exit strategies that benefit both public health and the economy. In this study, the transmission of SARS-CoV-2 and mobility patterns between the eleven provinces of Mozambique were simulated using a computational metapopulation model with stochastic dynamics. Interprovincial mobility was determined by a transition matrix, generated based on a radiation model and the Origin-Destination matrix. The model was calibrated using the effective population and active cases during the first wave of infections, between March and December 2020. The impact of interprovincial mobility and the connectivity of the city of Maputo on the epidemic trajectory were analyzed, comparing decentralized strategies of lockdown and reopening, based on infection prevalence triggers specific to each province, with a centralized strategy applied across the entire country. Four main scenarios and one sub-scenario were evaluated: absence of mobility (C_1), mobility without intervention (C_2), mobility with global intervention (C_3), mobility with local intervention (C_4), and the subscenario of mobility with isolation of the city of Maputo $(C_{2(A)})$. The analysis revealed a significant contribution of interprovincial mobility to the rapid escalation of the epidemic, with the city of Maputo emerging as the initial epicenter. In the mobility scenario (C_2), the \mathcal{R}_0 value was 1.253767, representing a 10.05% increase compared to the scenario without mobility (C_1) ($\mathcal{R}_0 = 1.139293$). Additionally, a 19.54% increase in reported cases was observed in the mobility scenario compared to the no-mobility scenario. The sub-scenario of isolating the city of Maputo $(C_{2(A)})$ demonstrated a significant influence of the city's connectivity with the rest of the country, resulting in a 17.09% reduction in cumulative cases and a 3.20% decrease in the \mathcal{R}_0 value compared to the unrestricted mobility scenario. The local intervention scenario (C_4) proved more effective in delaying the peak of infections, with a 37-day delay compared to the global intervention scenario (C_3). However, the reductions in cumulative cases (1.30%) and in the \mathcal{R}_0 value (2.31%) were statistically insignificant. These results highlight the crucial role of incorporating mobility patterns into intervention strategies to contain the transmission of COVID-19, as well as the effectiveness of region-specific intervention approaches in controlling the spread of the virus.

Keywords: COVID-19 pandemic, interprovincial mobility, stochastic metapopulation model, radiation model, Global and local intervention measures, Mozambique.

Lista de Figuras

1.1	Casos cumulativos por província moçambicana até 31 de Dezembro de 2020	4
3.1	Diagrama de fluxo da infecção por COVID-19.	11
3.2	Rede sintética de mobilidade interprovincial, onde 0 representa a Província do Niassa, 1 representa a	
	Província de Cabo Delgado, 2 representa a Província de Nampula, 3 representa a Província da Zambézia,	
	4 representa a Província de Tete, 5 representa a Província de Manica, 6 representa a Província de Sofala,	
	7 representa a Província de Inhambane, 8 representa a Província de Gaza, 9 representa a Província de	
	Maputo e por último 10 representa a Cidade de Maputo	12
3.3	Esquema de um modelo epidêmico de metapopulação com 3 subpopulações	14
3.4	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	17
3.5	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	18
3.6	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	18
3.7	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	19
3.8	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	19
3.9	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	19
3.10	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	20
3.11	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	20
3.12	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	21
3.13	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	21
3.14	Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais	21
3.15	Efeitos da variação de $\pm 30\%$ em cada parâmetro calibrado em torno do seu valor padrão (Tabela 3.5)	
	no tamanho final da epidemia.	27
3.16	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_0	28
3.17	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_1	29
3.18	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_2	29
3.19	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_3	30
3.20	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_4	30
3.21	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_5	30
3.22	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_6	31
3.23	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_7	31
3.24	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_8	32
3.25	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_9	32
3.26	Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_{10}	33
4.1	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província do Niassa, de Março de 2020 a Março de 2021	35
4.2	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Cabo Delgado, de Março de 2020 a Março de 2021	36

4.3	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Nampula, de Março de 2020 a Março de 2021	36
4.4	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província da Zambézia, de Março de 2020 a Março de 2021	37
4.5	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Tete, de Março de 2020 a Março de 2021.	37
4.6	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Manica, de Marco de 2020 a Marco de 2021.	38
4.7	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Sofala, de Marco de 2020 a Marco de 2021	38
4.8	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
	COVID-19, na província de Inhambane, de Marco de 2020 a Marco de 2021.	39
4.9	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	
,	COVID-19, na província de Gaza, de Marco de 2020 a Marco de 2021.	39
4.10	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	07
	COVID-19 na província de Manuto de Marco de 2020 a Marco de 2021	40
4 11	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	10
	COVID-19 na Cidade de Manuto de Marco de 2020 a Marco de 2021	40
4 12	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da	10
1.12	COVID-19 em Mocambique de Marco de 2020 a Marco de 2021	41
4 13	Comparação das curvas enidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro) e $2(4)$ (amarelo claro)	71
4.15	da COVID-19 em Mocambique, de Marco de 2020 a Marco de 2021	42
4 14	Comparação do número de casos cumulativos entre os cenários 2 e 2A por província mocambicana	42
л.1т Л 15	Comparação das curvas enidémica estimadas para cenérios 2 e 2A, por provincia moçamorcana.	72
4.15	(azul escuro) da COVID-19, na província do Niassa, de Marco de 2020 a Marco de 2021	43
4 16	Comparação das curvas enidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro) 3 (fúcsia claro) e 4	Ъ
4.10	(azul escuro) da COVID 19, na província de Cabo Delgado, de Marco de 2020 a Marco de 2021	11
1 17	Comparação das curvas enidémica estimadas para cenérios 2 (vermelho claro) 3 (fúcsia claro) e 4	
4.17	(azul escuro) da COVID 19, na província de Nampula, de Marco de 2020 a Marco de 2021	15
1 18	(azur escuro) da COVID-19, ha provincia de Nampula, de Março de 2020 a Março de 2021	45
4.10	(azul asqura) da COVID 10, na província da Zambázia, da Marca da 2020 a Marca da 2021	16
4 10	(azur escuro) da COVID-19, ha provincia de Zambezia, de Março de 2020 a Março de 2021	40
4.19	(arul asqure) da COVID 10, no províncio do Toto, do Marco do 2020 o Marco do 2021	17
4 20	(azur escuro) da COVID-19, ha provincia de Tete, de Março de 2020 a Março de 2021	4/
4.20	(anul assume) de COVID 10, no províncio de Manico, de Manico de 2020 e Marco de 2021	10
4 21	(azur escuro) da COVID-19, na provincia de Manca, de Março de 2020 a Março de 2021	40
4.21	Comparação das curvas epidemica estimadas para cenarios 2 (vermeino ciaro), 5 (lucsia ciaro) e 4	40
4 00	(azul escuro) da COVID-19, na provincia de Sofaia, de Março de 2020 a Março de 2021	49
4.22	Comparação das curvas epidemica estimadas para cenarios 2 (vermeino ciaro), 3 (fucsia ciaro) e 4	50
4.00	(azul escuro) da COVID-19, na provincia de Inhambane, de Março de 2020 a Março de 2021 $(1 - 2)^{2}$	50
4.23	Comparação das curvas epidemica estimadas para cenarios 2 (vermelho claro), 3 (fucsia claro) e 4	F 1
	(azul escuro) da COVID-19, na provincia de Gaza, de Março de 2020 a Março de 2021	51
4.24	Comparação das curvas epidêmica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4	
	(azul escuro) da COVID-19, na provincia de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021.	52
4.25	Comparação das curvas epidêmica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4	
	(azul escuro) da COVID-19, na Cidade de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021	53
4.26	Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4	
	(azul escuro) da COVID-19, em Moçambique, de Março de 2020 a Março de 2021	54

4.27 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 55 4.28 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 57 4.29 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de 58 reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 4.30 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 59 4.31 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 61 4.32 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 62 4.33 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 63 4.34 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 64 4.35 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 65 4.36 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 66 4.37 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 67 4.38 Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC). 68

Lista de Tabelas

Valores de fluxos diários em todo país	12
Termos de mobilidade interprovincial	13
Valores da população efectiva por província.	16
Valores de parâmetros por província.	16
Valores de parâmetros calibrados por província.	22
Valores de índice de sensibilidade de ordem total de parâmetros calibrados por província	26
Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 2	33
Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 3	34
Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 4	34
Datas de pico para cada cenário de simulação no Niassa.	56
Datas de pico para cada cenário de simulação em Cabo Delgado	57
Datas de pico para cada cenário de simulação em Nampula	58
Datas de pico para cada cenário de simulação na Zambézia	60
Datas de pico para cada cenário de simulação em Tete	61
Datas de pico para cada cenário de simulação em Manica	62
Datas de pico para cada cenário de simulação em Sofala	63
Datas de pico para cada cenário de simulação em Inhambane	64
Datas de pico para cada cenário de simulação em Gaza	65
Datas de pico para cada cenário de simulação na Província de Maputo	66
Datas de pico para cada cenário de simulação na Cidade de Maputo	67
Datas de pico para cada cenário de simulação em todo o país	68
	Valores de fluxos diários em todo país.

LISTA DE ABREVIATURAS

COVID-19	Doença do Coronavírus de 2019
SARS-CoV-2	Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavírus 2
IC	Intervalo de Confiança
OMS	Organização Mundial de Saúde
SIR	Susceptível-Infectado-Recuperado
EDO	Equações Diferenciais Ordinárias
EDE	Equações Diferenciais Parciais
MISAU	Ministério de Saúde
H1N1	Subtipo do vírus da Influenza
SARS	Síndrome Respiratória Aguda Grave
PIB	Produto Interno Bruto
GB	Gigabytes
RAM	Memória de Acesso Aleatório
SEIAHRD	Susceptível-Exposto-Infeccioso Sintomático-Infeccioso Assintomático-
	-Hospitalizado -Recuperado-Óbito
OD	Origem-Destino
ENN	Estado de Emergência Nacional
RMSE	Raiz do Erro Médio Quadrático
SC	Colocação Estocástica
PCE	Expansão de Caos Polinomial
ANOVA	Análise de Variância

SUMÁRIO

Li	sta de	e Figuras	v
Li	sta de	e Tabelas	viii
1	INT	RODUÇÃO	1
	1.1	Disseminação	1
	1.2	Contextualização	1
	1.3	Fundamentação Teórica	2
	1.4	Justificativa	3
	1.5	Perguntas de Pesquisa	4
	1.6	Objectivos	5
		1.6.1 Objectivo Geral	5
		1.6.2 Objectivos Específicos	5
2	REV	VISÃO DE LITERATURA	6
	2.1	Propagação Espacial de Doenças Infecciosas	6
	2.2	Medidas de Controle de Doenças Infecciosas	7
3	ME	TODOLOGIA	9
	3.1	Formalução do Modelo	9
		3.1.1 Modelo Epidémico Para Cada Subpopulação	9
		3.1.2 Mobilidade	11
		3.1.3 Medelo Metapopulacional	13
		3.1.4 Medidas de Intervenção	14
	3.2	Calibração do Modelo	15
		3.2.1 Dados	15
		3.2.2 Ferramentas	16
		3.2.3 Resultados	17
	3.3	Quantificação de Incerteza	22
		3.3.1 Colocação Estocástica	23
		3.3.2 Expansão de Caos Polinomial	23
		3.3.3 Índices de Sobol	24
	3.4	Análise de Sensibilidade	26
		3.4.1 Índice de Sensibilidade dos Parâmetros Calibrados	26
	3.5	Efeitos do Parâmetro β_i no Número de Casos Activos	28
	3.6	Cenários de Simulação	33
		3.6.1 Cenário 1 : Auséncia de Mobilidade	33
		3.6.2 Cenário 2 : Mobilidade Sem Intervenção	33
		3.6.3 Cenário 3 : Mobilidade com Intervenção Global	34

		3.6.4	Cenário 4 : Mobilidade com Intervenção Local	34
4	RES	SULTAI	DOS E DISCUSSÃO	35
	4.1	Result	ados	35
		4.1.1	Impacto da Mobilidade Interprovincial	35
		4.1.2	Isolamento da Cidade de Maputo	41
		4.1.3	Medidas de Intervenção Local versus Global	43
	4.2	Discus	são	55
5	CON	NCLUS	ÃO, LIMITAÇÕES E RECOMENDAÇÕES	69
	5.1	Conclu	usão	69
	5.2	Limita	ções	70
	5.3	Recom	nendações	71
Bi	bliogı	rafia		73
A	CÓI	DIGO F	ONTE	80
	A.1	Módul	lo 1: config.py	80
	A.2	Módul	lo 2: nodemodel.py	82
	A.3	Módul	lo 3: mozNetwork.py	88

Capítulo 1

INTRODUÇÃO

1.1 Disseminação

Esta pesquisa faz parte do projeto "OPTIMIZAÇÃO DAS MEDIDAS DE PREVENÇÃO DA COVID-19 DENTRO DOS COMPORTAMENTOS SOCIOCULTURAIS E PADRÕES DE MOVIMENTO DA POPULAÇÃO EM PAÍSES EM DESENVOLVIMENTO: UM ESTUDO DE CASO EM MOÇAMBIQUE", coordenado pelo Prof. Doutor Sansão Pedro, e ao mesmo tempo é a dissertação de mestrado do estudante Paulo Joaquim.

1.2 Contextualização

A COVID-19 é uma doença infecciosa causada pelo vírus chamado de Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavírus 2 (SARS-CoV-2). Seu surgimento foi marcado pela notificação do primeiro caso na cidade de Wuhan, na China, em 12 de Dezembro de 2019 (Chams et al., 2020; Ochani et al., 2021). Com o passar do tempo, a doença se espalhou pelo mundo e, como consequência, mais pessoas foram infectadas pelo vírus da COVID-19. Esse facto levou a Organização Mundial da Saúde (OMS) a declarar a COVID-19 como uma emergência de saúde global em 31 de Janeiro de 2020 e, 38 dias depois, como uma pandemia global, em 11 de Março de 2020.

Em Moçambique, o primeiro pronunciamento do Governo sobre a COVID-19 ocorreu em 14 de Março, três dias após a declaração de pandemia pela OMS. Destacam-se nesse pronunciamento o anúncio de primeiras medidas obrigatórias, que incluíam quarentena de 14 dias para todos os cidadãos provenientes de países com transmissão da COVID-19, suspensão de eventos com mais de 300 pessoas e restrições de viagens ao exterior (Cassy et al., 2021). Em 22 de Março de 2020, foi notificado o primeiro caso positivo para a COVID-19 em Moçambique, o que possivelmente levou o governo a criar a Comissão Técnico-Científica de Prevenção e Resposta à Pandemia da COVID-19 como órgão consultivo, conforme a resolução número 20/2020 de 25 de Março de 2020.

No entanto, 4 anos após a declaração de pandemia pela OMS, ou seja, até 08 de Abril de 2024, a base de dados da WORLDMETER (2024) indica que, no mundo haviam sido reportados um total de 704686810casos cumulativos, dos quais 7009958 foram declarados óbitos e 675552612 casos recuperados. Moçambique contabilizava um total de 233731 casos cumulativos, com 2250 mortes e 228805 recuperados. Portanto, comparando esses números com os de epidemias passadas, essa pandemia fica registrada como a maior crise global de saúde que a humanidade enfrentou desde a sua existência.

Desde os primeiros momentos da eclosão da pandemia, vários estudos abordando a temática de intervenções para a contenção da propagação dessa pandemia foram publicados. É importante ressaltar que esses estudos não foram realizados especificamente em Moçambique, mas em contextos internacionais diversos. Dentre esses estudos, alguns focaram em intervenções farmacêuticas (Patiño-Lugo et al., 2020; Yang et al., 2021; David et al., 2022), enquanto outros se concentraram em intervenções não-farmacêuticas (Azkur et al., 2020; Ciotti et al., 2022; Ashique et al., 2023). No intuito de encontrar melhores estratégias e personalizadas para uma determinada região, vários estudos

categorizam as intervenções não-farmacêuticas em global (centralizadas) e local (descentralizadas) (Karatayev et al., 2020; Gathergood and Guttman-Kenney, 2020; Li et al., 2022). É inquestionável o quão essas pesquisas ajudaram os governos a tomarem decisões informadas nos países onde tais estudos foram realizados. No entanto, o impacto da mobilidade interprovincial e a eficácia comparativa de medidas não-farmacêuticas (global e local) em Moçambique são questões abertas que requerem investigação aprofundada.

1.3 Fundamentação Teórica

Quando a COVID-19 se tornou uma preocupação global, a humanidade ainda não possuía vacinas para combatêla. Foi então que vários pesquisadores de diversas áreas optaram pela modelação epidemiológica como a principal ferramenta científica para enfrentar e minimizar os efeitos nefastos da pandemia. Esse cenário se justifica pelo aumento significativo no número de pesquisas publicadas na área da modelação epidemiológica, que quase dobrou a cada 20 dias no início dessa crise global de saúde sem precedentes (Lipshtat et al., 2021).

Os modelos epidemiológicos são geralmente descritos como representações matemáticas e/ou lógicas da epidemiologia relacionada à transmissão de doenças e processos relacionados (Weber and Forde-Folle, 2007). Essas representações matemáticas são elaboradas com base em suposições feitas pelo modelador, de acordo com o conhecimento sobre a dinâmica da doença e os objectivos do estudo (Li, 2018, pág. 3). No entanto, para facilitar a obtenção e análise dos dados previstos pelo modelo, é necessário transformar o modelo matemático em código de uma linguagem de programação específica. Em seguida, esse código é simulado em um ou mais cenários, dependendo dos objectivos do estudo, utilizando computadores.

O primeiro modelo usado para estudar doenças infecciosas é o modelo compartimental SIR (Suscetível, Infeccioso, Recuperado). Sua concepção remonta ao trabalho de Kermack and McKendrick (1927). Os compartimentos são subdivisões mutuamente exclusivas que representam o processo natural de transmissão de uma doença Kermack and McKendrick (1927). Desde então, vários modelos epidemiológicos foram desenvolvidos com base na modificação, extensão e adaptação das suposições por trás do modelo SIR prototípico.

Os modelos epidemiológicos podem ser categorizados de acordo com a maneira como lidam com a variabilidade, aleatoriedade e incerteza (determinísticos ou estocásticos), o tempo (intervalos contínuos ou discretos), o espaço (não-espaciais e espaciais) e a estrutura da população (mistura homogênea ou heterogênea). Essa categorização é essencial para entender que, em um modelo compartimental, a evolução dos compartimentos é regida por um conjunto de equações diferenciais ordinárias (EDOs) acopladas, no caso da dinâmica determinística do modelo. Por outro lado, quanto à dinâmica estocástica, temos que, se tanto o tempo quanto as variáveis de estado são contínuas, a evolução dos compartimentos é governada por meio de um sistema de equações diferencias estocásticas (EDE), caso contrario, se tanto o tempo quanto as variáveis são discretas ou se o tempo é contínuo e as variáveis discretas, a dinâmica do modelo é guiada por distribuições de probabilidade (Allen, 2008).

Os modelos epidemiológicos não-espaciais presumem uma população vivendo em uma área bem misturada, o que nem sempre reflete a realidade. Já os modelos espaciais consideram a heterogeneidade dos locais, o que influencia a transmissão da doença. Dentre os modelos espaciais, destacam-se os modelos metapopulacionais, que representam o impacto das viagens e a interligação das populações locais por meio da migração de indivíduos (Sattenspiel and Dietz, 1995; Arino and van den Driessche, 2003; Martcheva, 2015, pág. 15). Esses modelos estabelecem uma rede de locais interligados por uma matriz de transições, que determina o deslocamento dos indivíduos entre esses locais. Posteriormente, um modelo compartimental é implementado em cada local (Colizza and Vespignani, 2008; Balcan et al., 2010).

A matriz de transições pode ser gerada usando dados de mobilidade obtidos de diversas fontes, como brochuras de resultados do Recenseamento Geral da População, operadoras de telefonia móvel, sensores de tráfego rodoviário e empresas como Google e Facebook (Heydari et al., 2023). Em alguns casos, a geração da matriz de transições é feita usando um modelo de mobilidade, sendo o modelo de radiação o mais indicado pelo facto de não ter parâmetros livres e pela sua capacidade de prever padrões de deslocamento sem a necessidade de análise de regressão ou calibração para

dados existentes (Simini et al., 2012; Masucci et al., 2013; Tizzoni et al., 2014).

A formulação original do modelo de radiação, conforme estudada por Simini et al. (2012), é baseada na divisão natural de um país em subpopulações (Províncias, Distritos, etc), onde os indivíduos buscam empregos em duas etapas principais. Primeiramente, eles exploram oportunidades de emprego em todas as subpopulações, escolhendo a mais próxima de sua residência e com benefícios superiores ao melhor emprego disponível em sua própria subpopulação. Esse processo, aplicado proporcionalmente à população de cada subpopulação, influencia os fluxos de deslocamento diários em todo o país. O modelo de radiação é independente de parâmetros, tornando-o uma ferramenta valiosa na análise dos fluxos de deslocamento durante a pandemia da COVID-19 e em outras situações epidemiológicas.

Durante o período da pandemia da COVID-19, testemunhamos a introdução e aplicação de várias medidas para conter, controlar e erradicar a pandemia ao nível de cada país e consequentemente ao nível mundial. No entanto, é importante referir que, em situações de uma epidemia iminente, a implementação dessas medidas é fundamentada e baseada em informações sobre indicadores ou métricas referentes a evolução da doença no local onde essa está ocorrendo.

Portanto, aqui justifica-se o uso dos modelos epidemiológicos pois, esses são uma ferramenta muito importante tanto para identificar várias métricas correspondentes a dinâmica e evolução de uma doença infecciosa quanto para escrutinar as medidas de controle mais eficazes para minorar os danos da epidemia numa determinada área geográfica.

Uma das principais métricas que pode ser extraída através de modelos epidemiológicos chama-se número básico de reprodução (\mathcal{R}_0). O número básico de reprodução é um conceito simples, porém poderoso, para explicar a contagiosidade e transmissibilidade de uma doença infecciosa (Brauer et al., 2012). Os epidemiologistas têm usado com sucesso esse número para quantificar quantas novas infecções um único indivíduo infectado cria numa população totalmente suscetível (Brauer et al., 2012; Diekmann et al., 1990; Van den Driessche and Watmough, 2002). Durante a pandemia de COVID-19, o número básico de reprodução foi adotado como uma métrica ilustrativa para explicar e justificar a necessidade de diferentes estratégias de controle de surtos (Delamater et al., 2019): um surto continuará se o número de reprodução for superior a um, $\mathcal{R}_0 > 1$, e terminará se for inferior a um, $\mathcal{R}_0 < 1$ (Brauer, 2017).

Uma outra métrica importante é a severidade, que pode ser mensurada de duas maneiras diferentes (Li, 2018, pág. 2): (a) quantificando o total de pessoas infectadas que podem necessitar de cuidados médicos. (b) quantificando número máximo de pessoas infectadas em qualquer momento, que, quando se trata de uma única onda é designada de magnitude de onde ou simplesmente de número total de casos (Grangeiro et al., 2010).

Dentre várias, uma terceira e não menos importante métrica o pico das infecções. Esta métrica indica quanto tempo durará até que o número de casos notificados num intervalo de tempo pré-estabelecido irá começar decair (Li, 2018, pág. 2).

Portanto, diante uma iminente epidemia, tendo a informação sobre as métricas acima referidas e de mais outras, usando um modelo epidemiológico incorporado de estratégias de controle, pode-se avaliar a eficácia dessas medidas simulando o modelo em tantos cenários quanto quisermos, comparando o impacto causado pelos cenários, sobre as métricas da evolução da epidemia.

1.4 Justificativa

Os dados sobre casos cumulativos da COVID-19 disponibilizados pelo MISAU (2020), apresentados na Figura 1.1, revelam que até 31 de dezembro de 2020, a evolução da pandemia foi heterogénea entre as províncias. No entanto, mesmo perante essa realidade, testemunhamos em Moçambique, o facto de que, desde a primeira onda das infecções da COVID-19, a coordenação das políticas de saúde inerentes ao controle da pandemia foi centralizada. Portanto, a motivação deste estudo reside na necessidade de desenvolver e documentar uma ferramenta científica capaz de captar o padrão de transmissão do SARS-CoV-2 em cada província moçambicana e propor soluções que possam servir de base para a construção de protocolos de controle de epidemias futuras em Moçambique. Este estudo utilizará métodos inovadores de modelação epidemiológica para abordar lacunas específicas na literatura actual no contexto moçambicano, fornecendo insights valiosos que contribuirão significativamente para o avanço da modelação

epidemiológica.



Figura 1.1: Casos cumulativos por província moçambicana até 31 de Dezembro de 2020.

Actualmente, há escassez de estudos publicados sobre modelos epidemiológicos que consideram aspectos como a heterogeneidade espacial de cada província na transmissão do vírus da COVID-19 em Moçambique, o impacto da mobilidade interprovincial na propagação do vírus entre as províncias e a eficácia comparativa das medidas de intervenção global (coordenação centralizada) e local (coordenação descentralizada), no âmbito de fechamento e reabertura de escolas e locais de serviços, durante a primeira onda da COVID-19 em Moçambique. Portanto, os achados deste estudo fornecerão uma referência valiosa para a comunidade científica e contribuirão significativamente para o conhecimento em relação à modelação epidemiológica e na formulação de políticas de saúde pública mais eficazes e adaptadas ao contexto moçambicano. Isso poderá auxiliar na mitigação dos impactos negativos de futuras epidemias na sociedade e na economia do país.

1.5 Perguntas de Pesquisa

- Qual é o impacto da mobilidade interprovincial na propagação do vírus da COVID-19?
- Qual é o efeito da conectividade da Cidade de Maputo com outras províncias na transmissão da COVID-19?
- Qual a eficácia comparativa das intervenções global e local no controle da pandemia da COVID-19 em Moçambique?

1.6 Objectivos

1.6.1 Objectivo Geral

• Desenvolver um modelo metapopulacional para análise do impacto da mobilidade interprovincial e da eficácia das intervenções global e local no controle da pandemia da COVID-19 em Moçambique durante o período de 2020-2021.

1.6.2 Objectivos Específicos

- Analisar o impacto da mobilidade interprovincial na transmissão da COVID-19;
- Investigar o impacto da conectividade entre cidade de Maputo e o resto das províncias na transmissão da COVID-19;
- Analisar a eficácia comparativa das medidas de intervenção global e local.

Capítulo 2

REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Propagação Espacial de Doenças Infecciosas

A movimentação de pessoas é um elemento essencial nos modelos de transmissão espacial de larga escala de doenças infecciosas.

Portanto, dependendo da doença infecciosa em análise, diferentes modalidades de mobilidade podem ter um impacto substancial na propagação geográfica da epidemia, enquanto outras podem ser menos relevantes, sendo essa determinação feita pelos padrões de transmissão e pela escala geográfica envolvida (Tizzoni et al., 2014). Para infecções altamente contagiosas, os deslocamentos quotidianos das pessoas representam a principal forma de disseminação espacial (Tizzoni et al., 2014). Globalmente, a aviação emerge como o principal meio de disseminação, como evidenciado durante a crise da SARS (Colizza et al., 2007b; Hufnagel et al., 2004) e da pandemia de H1N1 de 2009 (Khan et al., 2009; Balcan et al., 2009b)). Em âmbitos regionais menores, no entanto, os deslocamentos diários estão intimamente associados à propagação da gripe sazonal (Viboud et al., 2006; Charaudeau et al., 2014), influenciando a dinâmica epidêmica nas áreas periféricas do sistema de transporte aéreo (Balcan et al., 2009a). Por sua vez, a pandemia da COVID-19 não fugiu da regra de expansão territorial das outras crises de saúde pois, vários estudos indicam que os sistemas de transportes aéreo e terrestre como sendo os que contribuíram singnificativamente na propagação do SARS-Cov-2 pelo mundo (Falcão et al., 2022; Silva and Ribeiro, 2023).

Na China, Zhang et al. (2020) conduziram uma investigação sobre os factores que influenciam o número de casos importados em Wuhan, bem como a velocidade e o modo de disseminação da epidemia de COVID-19. Eles observaram que as viagens de voos e de comboios para fora de Wuhan estavam significativamente correlacionadas com o número de casos de COVID-19 na cidade de destino (Zhang et al., 2020). Outros factores que tiveram impacto na transmissão incluíram a distância de Hubei, o movimento populacional de Wuhan, o PIB e a densidade populacional urbana (Cuifang et al., 2020). Por sua vez, Huang et al. (2020) descobriram que a infecção por COVID-19 era espacialmente dependente, utilizando o índice de Moran no painel espacial, e que se espalhava principalmente da província de Hubei, localizada no centro da China, para áreas circundantes. Esses achados sugerem que a migração interprovincial desempenhou um papel significativo na primeira onda de transmissão da COVID-19 na China.

Os estudos mencionados anteriormente demonstram que a COVID-19 é uma doença que se propaga espacialmente. No entanto, conforme apontado por Tizzoni et al. (2014), um dos principais desafios enfrentados pelos modeladores ao tentar compreender e reproduzir essa propagação espacial em uma epidemia de doença infecciosa é a precisa captura dos movimentos populacionais entre diferentes locais ou regiões. Essa dificuldade é ainda mais agravada em países menos desenvolvidos, nos quais não existem dados ou estatísticas em nível nacional ou regional que rastreiem os movimentos de pessoas e viagens dos indivíduos por propósito, modo e outros indicadores (Garske et al., 2011). Moçambique é um país em desenvolvimento que não possui um sistema formal de rastreiamento de deslocamentos entre províncias, daí que, neste estudo optamos por utilizar o modelo de radiação para simular e gerar os deslocamentos diários de pessoas entre as províncias.

Um estudo realizado por Cassy et al. (2021) revelou que, entre Abril de 2020 e Março de 2021, foram registradas

mais de 300 milhões de conexões de telefonia móvel dentro do território moçambicano. Ao analisar esses dados, observou-se que as proporções mais significativas de movimentação de conexões ocorrem da Cidade de Maputo para outras províncias, enquanto as proporções de movimentação entre províncias da mesma região seguem um padrão sequencial mais acentuado (Cassy et al., 2021). Nesse estudo, Cassy et al. (2021), chegaram a duas conclusões segundo as quais, a disseminação do SARS-CoV-2 estava relacionada ao risco epidemiológico associado à cidade de Maputo; e, o padrão identificado também sugeria um maior risco epidemiológico de disseminação regional secundária e mais intensa após a introdução do vírus em uma determinada província.

Um dos objectivos fundamentais deste estudo é analisar a transmissão espacial da COVID-19 entre as províncias moçambicanas, o que nos permitirá avaliar o impacto da mobilidade na evolução da doença. Na próxima secção, abordamos as medidas de controle de doenças infecciosas.

2.2 Medidas de Controle de Doenças Infecciosas

Para combater e conter o surto do coronavírus da Síndrome Respiratória Aguda Grave 2 (SARS-CoV-2), tomadores de decisões em muitos países, incluindo Moçambique, introduziram as chamadas medidas de primeira linha de defesa contra uma nova doença infecciosa emergente, tais como testes, isolamento de casos, rastreamento de contactos e quarentena (Bauch et al., 2005; Longini Jr et al., 2005; Aleta et al., 2020). Adicionalmente, intervenções sócio-económicas custosas, como o fechamento de escolas e locais de trabalho, e outras medidas de distanciamento social, foram implementadas (Valle et al., 2013; Anderson et al., 2020).

Uma consequência positiva da implementação dessas medidas de distanciamento é a redução do número efectivo de reprodução do vírus da COVID-19 abaixo de um, o que pressupõe que cada indivíduo infeccioso, em média, infectava menos de uma pessoa (Anderson et al., 2020). Isso resultou em uma significativa redução no número de infecções e óbitos, aliviando a sobrecarga nos sistemas de saúde e preservando mais vidas humanas (de Souza Melo et al., 2021).

Enquanto as medidas de fechamento de escolas e locais de trabalho estavam em vigor, no outro lado da curva epidêmica, tomadores de decisão em vários quadrantes do mundo encontravam-se muito preocupados em saber como proceder com a reabertura.

Para responder a essa questão, um estudo realizado por Karatayev et al. (2020) na Província de Ontário, Canadá, concluiu que os bloqueios locais superam os bloqueios globais, indicando que estratégias de reabertura e reencerramento locais são recomendadas para o controle da pandemia. No entanto, os autores sugerem que a reabertura deve ser priorizada em locais onde a suspensão dessas actividades oferece pouco benefício adicional em termos de redução de riscos ou propagação da doença. Recomenda-se uma abordagem espacial na reabertura de escolas e locais de trabalho, considerando factores como densidade populacional, entre outros, de forma coordenada (Organization et al., 2005; Valle et al., 2013; Colizza et al., 2007a). Pelo contrário, em Moçambique, o processo de fechamento e reabertura de escolas e locais de trabalho foi gerido sem se ter em conta à heterogeneidade na evolução da COVID-19 e nem às características sócio-económicas de cada província. Como evidência constata-se em quase todas províncias, a existência de distritos abrangidos pelas medidas de fechamento onde, no período entre Março de 2020 a Março de 2021, não houve nenhum registo de casos positivos para a COVID-19 e noutros, o número de casos foi insignificante (Cassy et al., 2021). Como consequência várias pessoas foram social e economicamente prejudicadas, sem nenhuma razão.

As medidas locais para a contenção da COVID-19 podem, de facto, conduzir a menos restrições devido aos efeitos cooperativos, como sugerido por vários estudos. A implementação de estratégias regionais com medidas de contenção desencadeadas localmente pode diminuir significativamente a magnitude das restrições que os indivíduos enfrentam, conseguindo finalmente um equilíbrio entre o controle da epidemia e a manutenção do funcionamento social (Bittihn et al., 2021). Além disso, optimizar o equilíbrio entre o controle da epidemia e os custos socioeconómicos através de políticas de controle multi-escala pode ser crucial na gestão eficaz do surto (Reyna-Lara et al., 2022). Além disso, políticas específicas de área localizada, tais como a geo-fencing, têm sido propostas como alternativas viáveis aos bloqueamentos em toda a cidade, mostrando a eficácia de abordagens personalizadas na conquista da pandemia após

reduções de mobilidade (Guglielmi et al., 2020). Estes resultados destacam colectivamente a importância de esforços localizados e cooperativos na contenção da COVID-19 com restrições mínimas.

Neste estudo, além de buscarmos compreender a transmissão espacial da COVID-19, como discutido na secção anterior, também temos como objectivo avaliar a eficácia comparativa entre uma estratégia global de suspensão (intervenção global) e uma estratégia local de suspensão (intervenção local) do fechamento de escolas e dos locais de serviços em Moçambique.

Existem diversos estudos que abordam as temáticas da transmissão espacial e das estratégias de suspensão das actividades escolares e dos serviços em diferentes contextos internacionais, que não são exclusivos de Moçambique. Esses estudos podem fornecer fundamentos importantes para a formulação de políticas de saúde mais eficazes, principalmente nos contextos territoriais onde foram realizados.

No entanto, sabe-se que a generalização dos modelos epidemiológicos é muito desafiadora devido a vários factores destacados nos contextos fornecidos. A epidemiologia da paisagem enfatiza a disponibilidade limitada de dados de campo, dificultando a construção de modelos abrangentes (Scavuzzo et al., 2018). O modelo SINTRUE para COVID-19 sublinha a importância de considerar portadores assintomáticos e movimentos através das fronteiras administrativas, impactando a precisão do modelo (Ghatak et al., 2022). A investigação sobre modelos de previsão de risco de mortalidade revela variações significativas no desempenho em diferentes populações e regiões, influenciadas por mudanças nas variáveis clínicas e demográficas, particularmente raça (Sauver et al., 2012). Estas disparidades sublinham a complexidade da generalizabilidade, necessitando de uma compreensão mais profunda dos processos geradores de dados e da dinâmica de subgrupos para mitigar as variações de desempenho ao aplicar modelos em diversos contextos.

Portanto, no próximo capítulo, segue a descrição do processo de desenvolvimento de um modelo metapopulacional para transmissão da COVID-19, adaptado ao contexto moçambicano.

Capítulo 3

METODOLOGIA

No intuito de simular a transmissão da COVID-19 em Moçambique, desenvolvemos um modelo computacional utilizando a linguagem de programação Python na versão 3.10. Para esse propósito, usamos uma máquina Dell Inc. Latitude 5020, equipada com 8.0 GB de memória RAM e um processador 11th Gen Intel® CoreTM i7-1185G7 @ 3.00GHz x 8.

3.1 Formalução do Modelo

Como realizado em estudos análogos de Balcan et al. (2009a), Karatayev et al. (2020) e Ventura et al. (2022), o modelo computacional mencionado acima foi concebido em uma estrutura de metapopulação composta por onze (11) subpopulações (igual número de províncias moçambicanas), onde a transmissão do vírus da COVID-19 ocorre de forma independente, e os indivíduos em uma determinada subpopulação deslocam-se para outras subpopulações. A seguir, fornecemos a descrição das ferramentas concebidas para simular os processos de transmissão da doença, mobilidade dos indivíduos entre as subpopulações, acoplamento dos dois processos num modelo metapopulacional e medidas de intervenção, por último.

3.1.1 Modelo Epidémico Para Cada Subpopulação

Para descrever a dinâmica de transmissão do vírus da COVID-19 em cada província ou subpopulação *i*, implementamos um submodelo epidemiológico compartimental **SEIAHRD** estocástico e discreto. Neste modelo, cada compartimento representa um estado específico dos indivíduos durante o curso da infecção: **S** para suscetíveis, **E** para expostos, **I** para infecciosos sintomáticos, **A** para infecciosos assintomáticos, **H** para hospitalizados, **R** para recuperados e **D** para óbitos declarados. Assim sendo, em cada subpopulação *i*, a cardinalidade de cada um dos sete (7) compartimentos no tempo *t* é indicada por $S_i(t)$, $E_i(t)$, $I_i(t)$, $A_i(t)$, $H_i(t)$, $R_i(t)$ e $D_i(t)$, respectivamente.

Assumimos que não há perda de imunidade e nenhuma possibilidade de reinfecção dos indivíduos recuperados. No entanto, importa referir que, em uma subpopulação i, a inicialização do modelo de transmissão do vírus ocorre no parâmetro $START_DAY_i$, ou seja, quando $t = START_DAY_i$. Cada passo de simulação tem a duração de um dia, isto é, h = 1. Nesta escala temporal, a cardinalidade de cada compartimento depende da cardinalidade do dia anterior, além dos fluxos de entrada e saída de outros compartimentos ao longo do dia. Seja $B_{kl}(t)$ o número de transições individuais entre compartimentos, com k indicando o compartimento origem e l representando o destino. Considerando rótulos numéricos para compartimento: S = 1, E = 2, I = 3, A = 4, H = 5, R = 6, D = 7, fornecemos suas descrições detalhadas a seguir:

- $B_{12}(t)$ é o número de indivíduos que após um contacto com indivíduos infecciosos se tornum novos expostos;
- $B_{23}(t)$ é o número de novos casos sintimáticos;
- $B_{24}(t)$ é o número de novos casos assintimáticos;

- $B_{35}(t)$ é o número de novos casos hospitalizados;
- $B_{36}(t)$ é o número de novos casos recuperados após a infecção sintomática;
- B₄₆(t) é o número de novos casos recuperados após a infecção assintomática;
- $B_{56}(t)$ é o número de novos casos recuperados após a hospitalização;
- $B_{57}(t)$ é o número de novos óbitos;

A transição dos indivíduos entre compartimentos é um processo estocástico. Dessa forma, a quantidade de entradas e saídas em outros compartimentos em um dado dia é modelada por uma distribuição binomial, onde o número de experimentos corresponde ao número de indivíduos no compartimento atual. Seja Z(t) a cardinalidade de um compartimento em um instante t, e P_{kl} a probabilidade de um indivíduo transitar do compartimento k para o compartimento l. A variável aleatória Bkl (t), que segue uma distribuição binomial, é então definida como $B_{kl}(t) \sim Bin(Z_i(t), P_{kl})$. A transmissão da doença é assumida ocorrer por meio de contato próximo entre pessoas suscetíveis e infecciosas, sendo esse processo realizado com uma probabilidade $\lambda_i(t)$, expressa como força de infecção, dada pela equação

$$\lambda_i(t) = 1 - [1 - \beta_i(\xi + (1 - \xi)/N_i)]^{N_i^+}, \tag{3.1}$$

onde β_i representa a taxa de infecção, N_i é número total de indivíduos na subpopulação i, $N_i^+ = I_i(t) + A_i(t) + H_i(t)$ representa o número de casos activos e o parâmetro ξ controla se o processo de transmissão segue a incidência padrão, para $\xi = 0$ ou incidência dependente da densidade, para $\xi = 1$ (Karatayev et al., 2020).

Com base nas suposições mencionadas e nos estudos publicados por Lekone and Finkenstädt (2006); He et al. (2020), é construído o modelo compartimental estocástico em tempo discreto para a infecção por COVID-19 como:

$$S_{i}(t+h) = S_{i}(t) - B_{12}(t)$$

$$E_{i}(t+h) = E_{i}(t) + B_{12}(t) - B_{23}(t) - B_{24}(t)$$

$$I_{i}(t+h) = I_{i}(t) + B_{23}(t) - B_{35}(t) - B_{36}(t)$$

$$A_{i}(t+h) = A_{i}(t) + B_{24}(t) - B_{46}(t)$$

$$H_{i}(t+h) = H_{i}(t) + B_{35}(t) - B_{56}(t) - B_{57}(t)$$

$$R_{i}(t+h) = R_{i}(t) + B_{36}(t) + B_{46}(t) + B_{56}(t)$$

$$D_{i}(t+h) = D_{i}(t) + B_{57}(t),$$
(3.2)

onde

$$\begin{split} B_{12}(t) &\sim \operatorname{Bin}(S_i(t), P_{12}(t)), \quad B_{23}(t) \sim \operatorname{Bin}(E_i(t), P_{23}(t)), \\ B_{24}(t) &\sim \operatorname{Bin}(E_i(t), P_{24}(t)), \quad B_{35}(t) \sim \operatorname{Bin}(I_i(t), P_{35}(t)), \\ B_{36}(t) &\sim \operatorname{Bin}(I_i(t), P_{36}(t)), \quad B_{46}(t) \sim \operatorname{Bin}(A_i(t), P_{46}(t)), \\ B_{56}(t) &\sim \operatorname{Bin}(H_i(t), P_{56}(t)), \quad B_{57}(t) \sim \operatorname{Bin}(H_i(t), P_{57}(t)). \end{split}$$

As variáveis aleatórias acima envolvem distribuições binomiais B(n, p) com as seguintes probabilidades:

- $P_{12}(t) = \lambda_i(t)$, onde $\lambda_i(t)$ é a força de infecção;
- $P_{23} = \alpha(1 \rho)$, onde α é a taxa de incubação e (1ρ) é proporção de infecciosos sintomáticos;
- $P_{24} = \alpha \rho$, onde ρ é proporção de infecciosos assintomáticos;

- $P_{35} = \gamma_1 \mu$, onde γ_1 é taxa pela qual indivíduos sintomáticos se tornam recuperados e μ é a proporção de indivíduos hospitalizados;
- $P_{36} = \gamma_1(1-\mu);$
- $P_{46} = \gamma_2$, onde é taxa pela qual indivíduos assintomáticos se tornam recuperados;
- P₅₆ = γ_{3,i}(1 ω), onde γ_{3,i} é a taxa pela qual indivíduos assintomáticos se tornam recuperados e 1 ω é a proporção de indivíduos recuperados apois hospitalização;
- $P_{57} = \gamma_{3,i}\omega$, onde ω é a proporção de indivíduos declarados óbitos apois hospitalização.

Para uma perceção visual da dinâmica da transmissão da COVID-19 descrita no modelo epidémico acima, é apresentada a Figura 3.1 para o efeito.



Figura 3.1: Diagrama de fluxo da infecção por COVID-19.

3.1.2 Mobilidade

Para atender o aspecto metapopulacional, a mobilidade entre subpopulações é modelada como uma caminhada aleatória pelas arestas de um digrafo com V nós e M conexões direcionas Ventura et al. (2022). Como mostrado na Figura 3.2, o digrafo foi idealizado como uma rede sintética na qual cada nó corresponde ao centro de cada província moçambicana, e as conexões representam os fluxos de indivíduos devido às vias de acesso e mobilidade entre as províncias (Ajelli et al., 2010). A mobilidade é controlada por um parâmetro principal τ , chamado coeficiente de mobilidade, e pelos pesos T_{ij} das conexões existentes entre as subpopulações (nós) i e j (Ventura et al., 2022).

Portanto, cada peso T_{ij} é uma entrada de uma matriz de Origem-Destino (OD), gerada a partir da simulação do modelo de radiação implementado na biblioteca Python Sciki-mobility, conforme desenvolvida no trabalho de Pappalardo et al. (2022). Idealizado e concebido por Simini et al. (2012), o modelo de radição é expresso pela equação

$$\langle T_{ij} \rangle = T_i \frac{N_i N_j}{(N_i + K_{ij})(N_i + N_j + K_{ij})},$$
(3.3)

onde N_i é o número da população na província de partida i, N_j é o número da população na província de destino j, K_{ij} é a população total do círculo de raio centrado em i que corresponde a distância entre as províncias i e j mas excluindo a população de origem e destino, e por último $\sum_{j \neq i} T_{ij} \equiv T_i$ é o número total de viajantes que começam sua jornada no local i, o que é proporcional à população de origem.



Figura 3.2: Rede sintética de mobilidade interprovincial, onde **0** representa a Província do Niassa, **1** representa a Província de Cabo Delgado, **2** representa a Província de Nampula, **3** representa a Província da Zambézia, **4** representa a Província de Tete, **5** representa a Província de Manica, **6** representa a Província de Sofala, **7** representa a Província de Inhambane, **8** representa a Província de Gaza, **9** representa a Província de Maputo e por último **10** representa a Cidade de Maputo.

De acordo com Tizzoni et al. (2014), a matriz OD resultante da simulação do modelo de radiação representa os fluxos diários de deslocamento estimados para todo o país. A partir de nossa simulação, a matriz OD resultante é apresentada na Tabela 3.1, abaixo

		······································										
		DESTINO										
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	0	0	986	119	74	24	13	17	16	12	46	23
	1	396	0	1547	509	172	68	145	85	62	267	229
	2	111	1513	0	399	66	32	77	45	39	139	113
	3	196	214	1476	0	150	127	401	56	58	235	180
	4	61	73	89	310	0	626	434	30	21	81	43
ORIGEM	5	2	0	1	45	196	0	624	67	15	62	21
	6	16	1	54	515	66	646	0	97	42	111	55
	7	0	3	1	3	2	0	2	0	868	710	115
	8	0	2	3	1	0	2	1	897	0	779	129
	9	76	184	172	223	117	82	122	128	148	0	12447
	10	838	2275	1797	2471	1307	985	1400	1753	2006	21166	0

Tabela 3.1: Valores de fluxos diários em todo país.

Inspirados no trabalho de Ventura et al. (2022), assumimos que, a probabilidade de um individuo viajar duma subpopulação i para outra subpopulação vizinha j é dada pela equação

$$p_{ij} = \frac{\tau \sum_{j} T_{ij}}{N_i(0)},$$
(3.4)

onde τ é o coeficiente de mobilidade, τT_{ij} denota o número médio de pessoas esperadas para viajar de *i* para *j* e $N_i(0)$ é número de indivíduos residentes na subpopulação *i* no tempo t = 0. Da Equação 3.4, com $\tau = 1$ obtemos uma matriz de transições cuja distribuição estacionária é proporcional a distribuição da população pelas províncias no tempo t = 0. O modelo de radiação garante que $T_{ij} \neq T_{ji}$, como consequência, durante a simulação, o número total de indivíduos na subpopulação não é constante.

Como afirmamos acima, o deslocamento de indivíduos entre as subpopulações é um processo aleatório, portanto, o cálculo do número de indivíduos que viajam da subpopulação *i* para subpopulação *j* é feito através da amostragem multinomial para cada um dos cinco (5) compartimentos com permissão de realizar deslocamento entre as subpopulações (S, E, I, A e R), com o número de tentativas dado pelo número de indivíduos ($S_i(t), E_i(t), I_i(t), A_i(t) \in R_i(t)$) e probabilidade p_{ij} (Karatayev et al., 2020; Ventura et al., 2022). Importa referir que, dos cinco compartimentos, apenas os indivíduos do compartimento S são permitidos viajar para uma outra província *i* no período $t < START_DAY_i$.

Seja X cada um dos elementos pertencentes ao conjunto {S, E, I, A, R} dos compartimentos permitidos a viajar. Numa subpopulação *i*, num dado instante de tempo *t*, para cada compartimento X, após a realização das operações que determinam o número de indivíduos que viajam de *i* para *j*, o total de indivíduos do compartimento X que saem da subpopulação *i* para outras subpopulações *j* é representado pelo termo $\sum_j X_{ij}$. Por sua vez, o total de indivíduos que entram, vindos de diferentes subpopulações *j*, é indicado pelo termo $\sum_j X_{ji}$.

No entanto, em cada compartimento X, um indivíduo tem a possibilidade de-se deslocar da subpopulação i para uma das outras J = 10 subpopulações. Assim, em termos de distribuição multinomial, esse processo pode ser expresso como

$$(X_{i1}(t),\ldots,X_{iJ}(t)) \sim \text{Multinomial}(X_i(t),J,p_{i1},\ldots,p_{iJ}).$$
(3.5)

, onde (p_{i1}, \ldots, p_{iJ}) são dados pela Equação 3.4.

3.1.3 Medelo Metapopulacional

Utilizando a notação definida na secção anterior, apresentamos na Tabela 3.2 a notação específica do total de saídas e entradas para cada compartimento numa subpopulação *i*.

Compartimento	Termo de Saídas	Termo de Entradas
S	$\sum_{j} S_{ij}(t)$	$\sum_{j} S_{ji}(t)$
Е	$\sum_{j} E_{ij}(t)$	$\sum_{j} E_{ji}(t)$
I	$\sum_{j} I_{ij}(t)$	$\sum_{j} I_{ji}(t)$
Α	$\sum_{j} A_{ij}(t)$	$\sum_{j} A_{ji}(t)$
R	$\sum_{j} R_{ij}(t)$	$\sum_{j} R_{ji}(t)$

Tabela 3.2: Termos de mobilidade interprovincial.

Com essa notação específica, introduzimos os termos correspondentes à mobilidade interprovincial no modelo 3.2, o que nos leva à construção de um modelo metapopulacional para a transmissão da COVID-19, representado pelo sistema 3.6.

$$\begin{split} S_{i}(t+h) &= S_{i}(t) - B_{12}(t) - \sum_{j} S_{ij}(t) + \sum_{j} S_{ji}(t) \\ E_{i}(t+h) &= E_{i}(t) + B_{12}(t) - B_{23}(t) - B_{24}(t) - \sum_{j} E_{ij}(t) + \sum_{j} E_{ji}(t) \\ I_{i}(t+h) &= I_{i}(t) + B_{23}(t) - B_{35}(t) - B_{36}(t) - \sum_{j} I_{ij}(t) + \sum_{j} I_{ji}(t) \\ A_{i}(t+h) &= A_{i}(t) + B_{24}(t) - B_{46}(t) - \sum_{j} A_{ij}(t) + \sum_{j} A_{ji}(t) \\ H_{i}(t+h) &= H_{i}(t) + B_{35}(t) - B_{56}(t) - B_{57}(t) \\ R_{i}(t+h) &= R_{i}(t) + B_{36}(t) + B_{46}(t) + B_{56}(t) - \sum_{j} R_{ij}(t) + \sum_{j} R_{ji}(t) \\ D_{i}(t+h) &= D_{i}(t) + B_{57}(t) \end{split}$$
(3.6)

No entanto, importa referir que, partindo do modelo 3.6, podemos retornar ao modelo 3.2, bastando para tal considerarmos o parâmetro $\tau = 0$ na equação 3.4, eliminando assim todos os termos que representam a mobilidade interprovincial.

A figura 3.3 é uma representação visual do modelo 3.6 reduzido a três (3) subpopulações.



Figura 3.3: Esquema de um modelo epidêmico de metapopulação com 3 subpopulações.

Com base na descrição até aqui apresentada importa referir que, o processo de simulação do nosso modelo computacional, obedece o seguinte:

Num único passo de simulação, primeiro as regras da dinâmica de transmissão são realizadas em cada província, depois actualiza-se o número de indivíduos em cada estado. Posteriormente, as regras de mobilidade são aplicadas para quantificar o número de indivíduos a se deslocar através de cada ligação e após todos os fluxos terem sido calculados, o número de indivíduos em cada estado em todas províncias é actualizado. Desta forma, de acordo com Ventura et al. (2022), os resultados não dependem da ordem em que as visitas às subpopulações ocorrem para se realizar os cálculos.

3.1.4 Medidas de Intervenção

Visando reduzir e controlar a transmissão da doença, implementamos uma medida de distanciamento social físico no modelo, consistindo no fechamento de escolas e locais de trabalho, conforme proposto por Karatayev et al. (2020). Representada pela função C(t), essa medida foi projectada para impactar na redução de uma proporção w de todos os contactos que podem ocorrer, seguindo a força de infecção dada pela equação 3.1. Assim, de acordo com Karatayev et al. (2020), a fracção de contactos remanescentes F após a activação da medida de distanciamento físico em uma província i, no tempo t, é dada pela equação

$$F_i(t) = w[1 - \epsilon C(t)] + (1 - w), \qquad (3.7)$$

onde w é a proporção de contactos em escolas e locais de trabalho, e ϵ é a eficácia do distanciamento físico. Portanto, inserindo a equação 3.2 em 3.1, a força de infecção incorporada da medida do distanciamento social físico é dada pela equação

$$\lambda_i(t) = 1 - [1 - F_i(t)\beta_i(\xi + (1 - \xi)/N_i)]^{N_i^+}.$$
(3.8)

Para fins de comparação e a fim de avaliar a estratégia mais eficaz, a medida de distanciamento social físico foi implementada em dois cenários principais: 1) **Cenário de Intervenção Global**, no qual a decisão de reabertura é tomada pelo governo central; e 2) **Cenário de Intervenção Local**, onde tal decisão é de responsabilidade dos governos provinciais.

Em Moçambique a medida de encerramento de escolas foi anunciada a 20 de Março de 2020 quando o país ainda não tinha nenhum caso testado positivo para a COVID-19, porém essa medida entrou em vigor a 23 de Março de 2020 quando o país tinha em suas estatísticas um caso testado positivo para a COVID-19.

Sucede que, de acordo com Cassy et al. (2021), em 30 de Marco de 2020 foi declarado pelo Presidente da República, o Estado de Emergência Nacional (EEN), com a duração de 30 dias a contar a partir de 1 de Abril de 2020, como forma de contenção da propagação do vírus da COVID-19, no país. Com o mesmo período de duração o EEN foi consecutivamente prorrogado por quatro vezes, e, seu fim, culminou com declaração do Estado de Calamidade Pública a 7 de Setembro de 2020 (Cassy et al., 2021).

Tomando como base a informação acima e de acordo com Karatayev et al. (2020), a medida de encerramento de escolas e locais de trabalho foi implementada em nosso modelo durante e após expirar o primeiro fechado $t_{inicial} = 9$, ou seja, durante a entrada em vigor do primeiro fechamento a 23 a 31 de Março de 2020 e a partir de 1 de Abril de 2020, respectivamente.

Em nosso modelo, após activação da intervenção, sua reactivação é reavaliada em cada $\delta_C = 30$ dias e, no cenário global, a desactivação ocorre quando o número de casos positivos activos de todo país N_G^+ cai abaixo do limiar νG , num dia de possível reactivação $t = t_G + \delta_C$, onde t_G e $t_G + \delta_C$ denotam a última vez em que a medida foi decretada pelo governo central e período de duração da última reactivação, respectivante. No entanto, para o cenário local, a desactivação em cada província *i*, ocorre quando o número de casos positivos activos da província N_i^+ cai abaixo do limiar νL , num dia de possível reactivação $t = t_{L,i} + \delta_C$, onde $t_{L,i}$ e $t_{L,i} + \delta_C$ denotam a última vez em que a medida foi decretada foi decretada pelo governo província (local) e período de duração da última reactivação na província, respectivante.

Portanto, de acordo com Karatayev et al. (2020), a função de fechamentos $C_i(t)$ é dada pela expressão:

$$C_{i}(t) = \begin{cases} 1 & t_{n=1} < t < t_{inicial} \\ 1 & t > t_{inicial} + t_{n=1}, \quad \left(N_{G}^{+} > \nu G \text{ ou } t < t_{G} + \delta_{C}\right) \\ 1 & t > t_{inicial} + t_{n=1}, \quad \left(N_{i}^{+} > \nu L \text{ ou } t < t_{L,i} + \delta_{C}\right) \\ 0 & \text{caso contrario.} \end{cases}$$
(3.9)

3.2 Calibração do Modelo

3.2.1 Dados

Durante a implementação e execução dos testes do modelo, observamos que, ao utilizar a população real de Moçambique como população inicial, o modelo projectava números de infecções superiores à realidade dos dados da COVID-19 no país. Para superar essa limitação e considerando o carácter metapopulacional do nosso modelo, inicialmente identificamos, em cada província, os distritos com o maior número de casos cumulativos na primeira onda da ocorrência de infecções da COVID-19 em Moçambique, conforme Cassy et al. (2021); MISAU (2020). Em seguida, extraímos o número de habitantes daqueles distritos com base nos dados do **IV Recenseamento Geral da População e Habitação de 2017**, disponíveis em Fernandes (2019). Após essa etapa, somamos o número de habitantes daqueles distritos para obter o presumível número da população inicial para cada província.

Dado o papel crucial da população inicial para o modelo, durante a calibração para dados de casos activos registados pelo MISAU (2020) durante o período de Março a Dezembro de 2020, que coincide com a primeira onda das infecções por COVID-19 em Moçambique, estimamos a população efectiva (N_i) para cada província. Essa estimativa foi

realizada por meio de várias calibrações usando diferentes valores fixos de N_i . Para cada província, N_i representa a fração da soma da população dos distritos com o maior número de casos, conforme mencionado anteriormente.

		1 1
Província	Distritos com Maior Número de Casos	População Efectiva (N_i)
Niassa	Lichinga, Muembe e Mecula	1330
Cabo Delgado	Pemba e Palma	3480
Nampula	Nampula e Nacala Porto	2534
Zambézia	Quelimane	3094
Tete	Tete e Cahora Bassa	1768
Manica	Chimoio	1006
Sofala	Beira	1600
Inhambane	Inhambane e da Maxixe	1704
Gaza	Cidade de Xai-Xai	1814
Maputo	Manhiça	13699
Cidade de Maputo	Nlhamakulo e KaMpfumo	35998

Tabela 3.3: Valores da população efectiva por província.

Tabela 3.4:	Valores de	parâmetros	por	província.
-------------	------------	------------	-----	------------

Parâmetro	Definição	Valor	Fonte	Província
α	Taxa de incubação de indivíduos Expostos	$1/5.1dias^{-1}$	Lauer et al. (2020)	
ρ	Proporção de indivíduos Assintomáticos	0.05	Cassy et al. (2021)	
γ_1	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Sintomáticos	$1/10 dias^{-1}$	Paulo et al. (2020)	
γ_2	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Asintomáticos	$1/9.5 dias^{-1}$	Byrne et al. (2020)	Todas
μ	Proporção de indivíduos indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.05	Sjödin et al. (2021)	
ω	Proporção de indivíduos declarados Óbitos	0.2	Sjödin et al. (2021)	
ξ	Parâmetro de controle da função de incidência	0.2	Karatayev et al. (2020)	
		67 (28/05/20)		Niassa
		17 (08/04/20)		Cabo Delgado
		63 (24/05/20)		Nampula
		64 (25/05/20)		Zambézia
		56 (17/05/20)		Tete
$START_DAY_i$	Data de notificação do 1° caso	56 (17/05/20)	MISAU (2020)	Manica
		50 (11/05/20)		Sofala
		50 (11/05/20)		Inhambane
		59 (20/05/20)		Gaza
		25 (16/04/20)		Maputo
		0 (22/03/20)		Cidade de Maputo

Em cada tentativa de calibração, consideramos o valor da Raiz do Erro Médio Quadrático (RMSE), descartando o valor de N_i e todo o processo de ajuste se o RMSE fosse maior que 0.4. Essa abordagem segue os trabalhos de Paulo et al. (2020) e Yerlanov (2021). Os valores das populações efectivas (N_i) resultantes desse processo podem ser encontrados na Tabela 3.3.

É importante salientar que, antes do processo de calibração, selecionamos os parâmetros passíveis de serem calibrados, nomeadamente β_i (taxa de infecção), $I_i(0)$ (número inicial de infecciosos) e $\gamma_{3,i}$ (taxa de recuperação de indivíduos hospitalizados). Os valores dos parâmetros que não foram obtidos por meio do processo de calibração estão apresentados na Tabela 3.4.

3.2.2 Ferramentas

Para calibração de modelos, ecossistema Python oferece diversas ferramentas, e, no nosso caso, optamos pela biblioteca Optuna, conforme desenvolvida no trabalho de Akiba et al. (2019). Optuna é uma estrutura de software projetada especificamente para otimização de hiperparâmetros em aprendizado de máquina. Entre os diversos algoritmos disponíveis no Optuna, escolhemos uma abordagem combinada de dois algoritmos de aprendizado de máquina: Hyperband, desenvolvido no trabalho de Li et al. (2017), e o Estimador Parzen Estruturado em Árvore (TPE), desenvolvido no trabalho de Bergstra et al. (2011). Essa combinação tem mostrado resultados promissores, como evidenciado no trabalho de Wang et al. (2018). Para avaliar a eficácia dos valores dos parâmetros obtidos no processo de optimização, utilizamos a raiz do erro médio quadrático (RMSE) como função objectivo:

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{t=1}^{T} (y_t - \hat{y}_t)^2}{T}}$$
(3.10)

onde T representa o período de calibração do modelo, y_t são os dados reais de casos activos, e \hat{y}_t são os casos ativos previstos pelo modelo. O cálculo do RMSE foi realizado utilizando a função .mean_squared_error() da biblioteca Sklearn, conforme descrito no trabalho de Pedregosa et al. (2011) e implementado por Di Domenico et al. (2020).

Devido à natureza metapopulacional que caracteriza o modelo e ao maior custo computacional, é importante observar que o processo de calibração foi conduzido de maneira separada e sequencial, ou seja, uma província pro cada vez. No total, foram realizadas 20000 tentativas para cada caso.

3.2.3 Resultados

Nesta subsecção, destacamos os resultados obtidos do processo de calibração cujo período coincide com a primeira onda de infecções por COVID-19, específica para cada província.

Província do Niassa



Figura 3.4: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Com um período de calibração de 28 de Maio a 28 de Outubro de 2020, alcançamos um RMSE de 0.123088. A curva resultante do ajuste está apresentada na Figura 3.4, e os valores dos parâmetros podem ser encontrados na Tabela 3.5.

Província de Cabo Delgado

O período de calibração foi de 08 de Abril a 08 de Outubro de 2020, resultando em um RMSE de 0.157462. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.5, com os valores dos parâmetros na Tabela 3.5.



Figura 3.5: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Nampula

O período de calibração abrangeu de 24 de Maio a 29 de Agosto de 2020, com um RMSE de 0.347830. A curva do ajuste está na Figura 3.6, e os valores dos parâmetros estão na Tabela 3.5.



Figura 3.6: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província da Zambézia

O período de calibração foi de 25 de Maio a 17 de Novembro de 2020, resultando em um RMSE de 0.197697. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.7, com os valores dos parâmetros na Tabela 3.5.



Figura 3.7: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Tete

Com um período de calibração de 17 de Maio a 17 de Novembro de 2020, alcançamos um RMSE de 0.165104. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.8, e os valores dos parâmetros podem ser encontrados na Tabela 3.5.



Figura 3.8: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Manica



Figura 3.9: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

O período de calibração foi de 17 de Maio a 28 de Outubro de 2020, resultando em um RMSE de 0.146461. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.9, com os valores dos parâmetros na Tabela 3.5.

Província de Sofala

O período de calibração abrangeu de 11 de Maio a 11 de Outubro de 2020, com um RMSE de 0.108163. A curva do ajuste está na Figura 3.10, e os valores dos parâmetros estão na Tabela 3.5.



Figura 3.10: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Inhambane

O período de calibração foi de 11 de Maio a 28 de Outubro de 2020, resultando em um RMSE de 0.168671. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.11, com os valores dos parâmetros na Tabela 3.5.



Figura 3.11: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Gaza

Com um período de calibração de 20 de Maio a 18 de Outubro de 2020, alcançamos um RMSE de 0.220529. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.12, e os valores dos parâmetros podem ser encontrados na Tabela 3.5.



Figura 3.12: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

Província de Maputo



Figura 3.13: Comparação de casos activos predictos pelo modelo com casos reais.

O período de calibração abrangeu de 16 de Abril a 17 de Novembro de 2020, com um RMSE de 0.194392. A curva do ajuste está na Figura 3.13, e os valores dos parâmetros estão na Tabela 3.5.

Cidade de Maputo

O período de calibração foi de 22 de Março a 17 de Novembro de 2020, resultando em um RMSE de 0.149267. A curva resultante do ajuste está na Figura 3.14, com os valores dos parâmetros na Tabela 3.5.





Podemos observar, nas Figuras 3.4 a 3.14, que o ajuste do modelo varia significativamente entre as províncias, com algumas apresentando um desempenho muito superior a outras. Essa discrepância pode ser atribuída a uma combinação de fatores, entre os quais a qualidade dos dados utilizados no ajuste desempenha um papel crucial. Dados de baixa qualidade, como os incompletos, inconsistentes ou com ruído, podem resultar em estimativas imprecisas e comprometer a capacidade do modelo de gerar previsões acuradas (Gupta, 2023). Além disso, a qualidade dos dados sobre casos activos pode variar substancialmente entre as províncias, reflectindo diferenças nos sistemas de vigilância epidemiológica, no acesso a testes, na eficiência da notificação e nos padrões de transmissão específicos de cada região.

Parâmetro	Definição	Valor	Fonte	Província
β_0	Taxa de transmissão	$0.00073 dias^{-1}$	Calibrado	Niassa
β_1	Taxa de transmissão	$0.00027 dias^{-1}$	Calibrado	Cabo Delgado
β_2	Taxa de transmissão	$0.00059 \ dias^{-1}$	Calibrado	Nampula
β_3	Taxa de transmissão	$0.0003 dias^{-1}$	Calibrado	Zambézia
β_4	Taxa de transmissão	$0.00051 dias^{-1}$	Calibrado	Tete
β_5	Taxa de transmissão	$0.000918 \ dias^{-1}$	Calibrado	Manica
β_6	Taxa de transmissão	$0.00053 dias^{-1}$	Calibrado	Sofala
β_7	Taxa de transmissão	$0.00052 dias^{-1}$	Calibrado	Inhambane
β_8	Taxa de transmissão	$0.00052 dias^{-1}$	Calibrado	Gaza
β_9	Taxa de transmissão	$0.0000622 dias^{-1}$	Calibrado	Maputo
β_{10}	Taxa de transmissão	$0.000025 dias^{-1}$	Calibrado	Cidade de Maputo
$\gamma_{3,0}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.056358 \ dias^{-1}$	Calibrado	Niassa
$\gamma_{3,1}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.055377 dias^{-1}$	Calibrado	Cabo Delgado
$\gamma_{3,2}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.030493 \ dias^{-1}$	Calibrado	Nampula
$\gamma_{3,3}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.056487 dias^{-1}$	Calibrado	Zambézia
$\gamma_{3,4}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.058510 \ dias^{-1}$	Calibrado	Tete
$\gamma_{3,5}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.054118 \ dias^{-1}$	Calibrado	Manica
$\gamma_{3,6}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.056095 dias^{-1}$	Calibrado	Sofala
$\gamma_{3,7}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.059089 dias^{-1}$	Calibrado	Inhambane
$\gamma_{3,8}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.054386 \ dias^{-1}$	Calibrado	Gaza
$\gamma_{3,9}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.055760 \ dias^{-1}$	Calibrado	Maputo
$\gamma_{3,10}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	$0.074640 \ dias^{-1}$	Calibrado	Cidade de Maputo
$I_0(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	3	Calibrado	Niassa
$I_1(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	5	Calibrado	Cabo Delgado
$I_2(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	20	Calibrado	Nampula
$I_{3}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	4	Calibrado	Zambézia
$I_4(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	4	Calibrado	Tete
$I_{5}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	2	Calibrado	Manica
$I_{6}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	4	Calibrado	Sofala
$I_{7}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	4	Calibrado	Inhambane
$I_{8}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	5	Calibrado	Gaza
$I_{9}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	5	Calibrado	Maputo
$I_{10}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	2	Calibrado	Cidade de Maputo

Tabela 3.5: Valores de parâmetros calibrados por província.

3.3 Quantificação de Incerteza

A quantificação de incertezas (UQ) é o processo de determinar o efeito das incertezas de entrada nas métricas de resposta de interesse. As incertezas nos resultados de um modelo podem surgir de diferentes fontes, no entanto, aqui discutimos quatro tipos principais.

O primeiro é a **incerteza de parâmetros**, que se refere às incertezas nos parâmetros do modelo cujos valores podem ser definidos diretamente pelo usuário através das entradas do modelo computacional. Um exemplo é a redução da taxa de transmissão devido à introdução de uma intervenção. Para a epidemia de COVID-19, uma redução significativa na taxa de transmissão foi registrada após a adoção de tais medidas (Kucharski et al., 2020; Prem et al., 2020; Cowling et al., 2020), porém a magnitude dessa redução é incerta.

O segundo tipo de incerteza, que chamamos de **incerteza intrínseca**, surge quando um modelo computacional é inerentemente estocástico. Em epidemiologia, muitos modelos são baseados em agentes e outros como no caso do nosso estudo, são governados por uma dinâmica estocastica, portanto, esses modelos, por natureza possuem estocasticidade interna. Os usuários do modelo muitas vezes têm pouco controle sobre essa estocasticidade interna, pois normalmente
só podem definir a semente do gerador de números aleatórios no início de uma simulação (Zhu and Sudret, 2021).

O terceiro tipo é a **incerteza da forma do modelo**, que se refere à incerteza ou erros na estrutura do próprio modelo (por exemplo, devido a mecanismos de transmissão que não estão representados no modelo). Esse tipo de incerteza não pode ser analisado por mudanças nas entradas do modelo, mas exige uma comparação com dados de observação independentes ou com outros modelos, como é procedido, por exemplo, na ciência climática (Flato et al., 2014).

O quarto tipo é a **incerteza das condições iniciais** é devido a imprecisões na especificação do estado inicial do modelo, ou seja, o estado da população simulada no início da execução do modelo (Gugole et al., 2021). Portanto, reconhecer a incerteza das condições iniciais não só é fundamental para interpretar os resultados da simulação, como também reforça a importância de estratégias para mitigar essa incerteza. Isso ajuda a garantir que os resultados do modelo possam capturar uma gama mais ampla de possíveis cenários epidemiológicos, melhorando a sua robustez e utilidade para a tomada de decisão em saúde pública.

Contudo, existem vários métodos de quantificação de incerteza em modelos computacionais e, dentre os quais destacamos os descritos abaixo.

3.3.1 Colocação Estocástica

Uma vez definida uma distribuição de entrada, as quantidades de saída de interesse tornam-se variáveis aleatórias. De acordo com Wright et al. (2020), o método de colocação estocástica (SC) cria uma aproximação polinomial de uma quantidade de interesse q no espaço estocástico $\psi \in \mathbb{R}^d$ por meio da seguinte expansão:

$$q(\psi) \approx \sum_{j=1}^{N_p} q_j(\psi_j) L(\psi)$$
(3.11)

Aqui, o espaço estocástico ψ é o espaço dos parâmetros de entrada incertos do código, para os quais funções de densidade de probabilidade (pdfs) independentes e especificadas pelo usuário devem ser fornecidas: $\psi_i \sim p(\psi_i)$, $i = 1, \ldots, d$. Além disso, q_j são as amostras do código que são computadas em uma grade multidimensional estruturada, e N_p é o número total de pontos de colocação, ou seja, o número total de avaliações do código. As amostras q_j são interpoladas para um ponto arbitrário dentro do espaço estocástico ψ por meio de polinômios de interpolação de Lagrange $L(\psi)$. Para a interpolação em várias dimensões (d > 1), $L(\psi)$ é construído como um produto tensorial de polinômios de Lagrange unidimensionais. Basta dizer que a construção por produto tensorial resulta em um aumento exponencial em N_p com o número de variáveis incertas d e a ordem polinomial escolhida, um exemplo do conhecido "problema da dimensionalidade" (Wright et al., 2020). No entanto, para valores moderados de d, os métodos SC e Expansão de Caos Polinomial (PCE) podem apresentar convergência exponencial com N_p , superando assim a amostragem de Monte Carlo (Eldred and Burkardt, 2009; Wright et al., 2020).

Segundo Eldred and Burkardt (2009), existem três principais usos da expansão SC (3.11). Primeiro, as N_p amostras do código q_j podem ser usadas para estimar os dois primeiros momentos de q no espaço estocástico, fornecendo uma predição da média e uma estimativa da incerteza de saída devido às distribuições prescritas nas entradas. Segundo, (3.11) actua como um modelo substituto computacionalmente barato para o código. Usando os polinômios de Lagrange, as amostras do código q_j (avaliadas em valores de parâmetros específicos ψ_j), podem ser interpoladas para uma localização não amostrada ψ . Finalmente, a expansão SC é adequada para análise de sensibilidade global baseada em variância.

3.3.2 Expansão de Caos Polinomial

O método PCE é uma técnica de expansão que está intimamente relacionada ao método SC apresentado na Seção 3.3.1. Enquanto no SC construímos funções de interpolação de Lagrange para coeficientes conhecidos, no PCE estimamos os coeficientes para funções base polinomiais ortogonais conhecidas (Eldred and Burkardt, 2009). Aqui, podemos aproximar a quantidade de interesse q com a seguinte expansão:

$$q(\psi) \approx \sum_{j=1}^{N_p} q_j(c_j) P_i(\psi)$$
(3.12)

Nesta equação, ψ , c_j e N_p são o parâmetro incerto, os coeficientes da expansão e o número de fatores de expansão, respectivamente. Os polinômios P_j são escolhidos de modo que sejam ortogonais às distribuições de entrada, o que difere da expansão SC na equação (3.11). Para calcular os coeficientes c_j , duas variantes foram implementadas: projeção espectral e regressão linear. Na variante de projeção espectral, projetamos a resposta contra cada função base (composta pelo conjunto de polinômios P_j) e exploramos suas propriedades de ortogonalidade para extrair cada coeficiente. Na variante de regressão linear (também conhecida como colocação por pontos), utilizamos um método de mínimos quadrados que minimiza uma diferença normada entre a expansão PC e a saída para um conjunto de amostras; os coeficientes c_j são então a solução do sistema linear resultante (Eldred and Burkardt, 2009; Wright et al., 2020).

Utilizando o método PCE, assim como o método SC, podemos obter os momentos estatísticos (média, desvio padrão, variância e percentil das quantidades de interesse, e também podemos fornecer uma análise de sensibilidade global na forma de índices de Sobol.

3.3.3 Índices de Sobol

Os índices de Sobol são medidas de sensibilidade baseadas na variância de uma função $q(\psi)$ em relação às suas entradas $\psi \in \mathbb{D}^d$ (Sobol, 2001). Como no caso do método SC, uma função de densidade de probabilidade independente $p(\psi_i)$ é atribuída a cada entrada ψ_j , o que torna este um método global. Métodos de sensibilidade local, por outro lado, medem a sensibilidade de q em algum ponto ψ_0 no domínio e são pouco informativos longe desse ponto. Outra vantagem dos métodos globais é que eles podem capturar a sensibilidade devido a interações de ordem superior (vários parâmetros mudando ao mesmo tempo)(Wright et al., 2020).

Os índices de Sobol são derivados da decomposição da análise de variância (ANOVA) de $q(\psi)$. Isso decompõe q em uma soma de funções base de dimensão de entrada crescente, que em sua forma expandida é dada por:

$$q(\psi) = q_{\phi} + q_1(\psi_1) + \dots + q_d(\psi_d) + q_{12}(\psi_1, \psi_2) + q_{13}(\psi_1, \psi_3) + \dots + q_{d-1}(\psi_{d-1}, \psi_d) + q_{1\dots d}(\psi_1, \dots, \psi_d)$$
(3.13)

Uma notação mais concisa é:

$$q(\psi) = \sum_{u \subseteq \mathcal{F}} q_u \tag{3.14}$$

onde u é um multi-índice e \mathcal{F} é o conjunto de potências de $\mathcal{V} := \{1, 2, ..., d\}$. Vamos definir ψ_u como $\psi_u := \{\psi_i | \forall_i \in u\}$, ou seja, o conjunto de todas as entradas com um índice em u. Além disso, u' é o complemento de u, ou seja, $u \cup u' := \mathcal{V}$ e $u \cap u' = \emptyset$.

Na decomposição ANOVA, as funções base q_u satisfazem as seguintes propriedades:

$$\int q_u(\psi_u)dp(\psi_u) = 0, \text{ se } u \neq \emptyset$$

$$\int q_u(\psi_u)q_v(\psi_v)dp(\psi_u \cup \psi_v) = 0, \text{ se } u \neq \emptyset$$
(3.15)

Ou seja, elas têm média zero e são ortogonais quando integradas sobre as distribuições. Essas propriedades se mantêm quando as funções base são definidas como

$$q_{\mathbf{0}} = \int q(\psi_u) dp(\psi)$$

$$q_u = \int q(\psi)dp(\psi_{u'}) - \sum_{w \subset u} q_w(\psi_w)$$
(3.16)

Para clarificar, escrevemos isso em termos de expectativas condicionais:

$$q_{\phi} = \mathbb{E}[q]$$

$$q_{\phi} = \mathbb{E}[q|\psi_i] - q_{\phi}$$

$$q_{\phi} = \mathbb{E}[q|\psi_i, \psi_j] - q_i - q_j - q_{\phi}$$

$$\dots$$
(3.17)

Assim, q_{\emptyset} representa a média de q_{ψ} , e as funções base q_i representam o efeito de variar um único parâmetro ψ_i , subtraída a média. Funções base como q_{ij} capturam o efeito de variar simultaneamente ψ_i e ψ_j , subtraídas todas as interações de ordem inferior, etc.

Portanto, as variâncias dessas funções base são as medidas de sensibilidade que desejamos aproximar. Como q_u tem média zero, estas são definidas como:

$$D_u := \mathbb{V}\mathrm{ar}[q_u] = \int q_u^2 dp(\psi_u), \quad u \neq \emptyset$$
(3.18)

Usando a propriedade de ortogonalidade das funções base, (3.18) pode ser reescrita como:

$$D_u = \int \left(\int q(\psi)dp(\psi_{u'})\right)^2 dp(\psi_u) - \sum_{w \subset u} D_w$$
(3.19)

A expressão (3.19) permite-nos calcular todos os D_u em ordem crescente, se pudermos calcular a primeira integral no lado direito. Os autores do trabalho (Tang et al., 2010) desenvolveram um método para aproximar essa integral usando a expansão SC (3.11) para $q(\psi)$, e técnicas semelhantes existem para o método PCE (Sudret, 2008). Para mais detalhes, consulte os trabalhos (Tang et al., 2010; Sudret, 2008). Portanto, uma vez que todas as amostras do código são obtidas, os índices de Sobol, que são definidos como:

$$S_u := \frac{D_u}{D} \tag{3.20}$$

podem ser aproximados em uma etapa de pós-processamento. Aqui, $D := \mathbb{V}ar[q] = \sum_{u \subseteq \mathcal{V}} D_u$ (Sobol, 2001). Note que todos os D_u são positivos, e que a soma de todos os S_u possíveis é igual a 1. Cada D_u mede a quantidade de variância na saída q que pode ser atribuída à combinação de parâmetros indexada por u.

Os métodos de quantificação de incerteza abordados — Colocação Estocástica (SC), Expansão de Caos Polinomial (PCE) e Índices de Sobol — fornecem abordagens robustas para analisar a incerteza em modelos computacionais. A SC cria uma aproximação polinomial de uma quantidade de interesse, interpolando amostras do modelo em um espaço estocástico, enquanto o PCE usa polinômios ortogonais para expandir essa quantidade, permitindo a estimativa dos momentos estatísticos e análise de sensibilidade. Ambos os métodos, SC e PCE, oferecem alternativas mais eficientes à amostragem de Monte Carlo, especialmente para problemas com dimensões moderadas. Já os Índices de Sobol, baseados na decomposição ANOVA, permitem uma análise de sensibilidade global detalhada, quantificando a contribuição individual e combinada dos parâmetros para a variância da saída do modelo. Assim, esses três métodos fornecem um panorama complementar: SC e PCE são eficazes para construir aproximações e modelos substitutos, enquanto os Índices de Sobol oferecem uma avaliação abrangente da sensibilidade, destacando as interações entre parâmetros. Em conjunto, esses métodos são ferramentas poderosas para melhorar a compreensão e controle de incertezas em modelos complexos.

Na presente versão do trabalho, optamos por não incluir os resultados da quantificação de incerteza, uma vez que, até a data de liberação deste documento, estivemos revisando como aplicar esses métodos utilizando a biblioteca

Python easyvvuq, desenvolvida por Richardson et al. (2020). Essa biblioteca oferece uma implementação acessível e eficiente das técnicas de Colocação Estocástica, Expansão de Caos Polinomial e Índices de Sobol. A compreensão e o domínio desses métodos são fundamentais para a análise robusta da incerteza nos modelos computacionais. Assim, em futuras versões deste trabalho, planejamos integrar os resultados obtidos com easyvvuq, alinhando-os com a discussão apresentada nesta seção. Esse passo será crucial para validar e enriquecer nossas análises, permitindo uma avaliação mais abrangente da incerteza e da sensibilidade dos nossos modelos.

3.4 Análise de Sensibilidade

Os resultados de ajuste do modelo apresentados na subsecção 3.2.3 foram obtidos mediante a alteração e modificação nos valores do parâmetros β_i , $I_i(0)$ e $\gamma_{3,i}$. Por esse motivo, uma análise de sensibilidade dos parâmetros modificados foi realizada. De acordo com Saltelli et al. (2008), a análise de sensibilidade revela como a variação dos parâmetros e das condições inicias do modelo matemático afecta as variáveis dependentes.

Se uma pequena alteração em parâmetro resulta em grande mudança no resultado do modelo, isso indica que o modelo é sensível a esse parâmetro específico. Por outro lado, se essa alteração não causa um grande impacto, o parâmetro tem baixa influência no modelo. Esse tipo de análise auxilia na compreensão do modelo matemático ao destacar os parâmetros mais relevantes, cujos valores devem ser ajustados com atenção. A seguir, apresentados os índices de sensibilidade dos três parâmetros calibrados.

3.4.1 Índice de Sensibilidade dos Parâmetros Calibrados

Parâmetro	Definição	índice de Sensibilidade de Ordem Total	Província
β_0	Taxa de transmissão	0.91629	
$\gamma_{3,0}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.004289	Niassa
$I_0(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.048863	
β_1	Taxa de transmissão	0.996447	
$\gamma_{3,1}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.006021	Cabo Delgado
$I_1(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.00602	
β_2	Taxa de transmissão	0.994025	
$\gamma_{3,2}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.005266	Nampula
$I_2(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.001509	
β_3	Taxa de transmissão	0.936683	
$\gamma_{3,3}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.003468	Zambézia
$I_{3}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.019712	
β_4	Taxa de transmissão	0.944146	
$\gamma_{3,4}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.003387	Tete
$I_4(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.025343	
β_5	Taxa de transmissão	0.892899	
$\gamma_{3,5}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.011075	Manica
$I_{5}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.109756	
β_6	Taxa de transmissão	0.957441	
$\gamma_{3,6}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.007587	Sofala
$I_{6}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.038655	
β_7	Taxa de transmissão	0.988197	
$\gamma_{3,7}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.006119	Inhambane
$I_{7}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.041436	
β_8	Taxa de transmissão	0.996368	
$\gamma_{3,8}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.004888	Gaza
$I_{8}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.015673	
β_9	Taxa de transmissão	0.975169	
$\gamma_{3,9}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.003755	Maputo
$I_{9}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.004843	
β_{10}	Taxa de transmissão	0.943092	
$\gamma_{3,10}$	Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Hospitalizados	0.00474	Cidade de Maputo
$I_{10}(0)$	Número inicial de Indivíduos Infecciosos	0.036218	

Tabela 3.6: Valores de índice de sensibilidade de ordem total de parâmetros calibrados por província.

Os índices de sensibilidade de um parâmetro são valores numéricos que quantificam o impacto desse parâmetro nos resultados do modelo. No entanto, de acordo com Herman and Usher (2017), os índices de sensibilidade de um parâmetro podem se classificados em:

- Índices de primeira ordem: medem a contribuição que um único parâmetro tem para a variância do resultado do modelo.
- 2. Índices de segunda ordem: medem a contribuição causada pela interacção de dois parâmetros, na variância do resultado do modelo.
- 3. **Índice de ordem total:** mede a contribuição para a variância do resultado do modelo, causada por um parâmetro, incluindo tanto seus efeitos de primeira ordem quanto todas as interacções de ordem superior.

A Tabela 3.6 apresenta os valores dos índices de sensibilidade de ordem total para o tamanho final da epidemia. Para obter esses valores, primeiro definimos um intervalo de [-30%, +30%] para cada parâmetro calibrado. Em seguida, geramos uma matriz de amostras que combina os valores dos parâmetros dentro desse intervalo, utilizando a função .sample_sobol() baseada no trabalho de Sobol (2001), e implementada na biblioteca Python SALib criada por Herman and Usher (2017). Com a amostra de combinações de valores dos parâmetros, instanciámos e executamos os submodelos epidemiológicos correspondentes a cada província, utilizando a função .evaluate() também implementada na biblioteca Python SALib de Herman and Usher (2017). Após a execução de cada submodelo, realizamos a análise de sensibilidade usando a função .analyse_sobol() da mesma biblioteca.

A Figura 3.15 complementa a apresentação visual dos resultados da Tabela 3.6, tornando-os mais claros e acessíveis. Com base nesses resultados, podemos inferir que o parâmetro β_i se destaca como o mais significativo, pois suas variações podem resultar em maior variação no tamanho final da epidemia para cada província.



Figura 3.15: Efeitos da variação de $\pm 30\%$ em cada parâmetro calibrado em torno do seu valor padrão (Tabela 3.5) no tamanho final da epidemia.

A predominância dos parâmetros de taxa de infecção (β_i) no impacto sobre o número cumulativo de casos em cada província pode ser explicada por vários factores fundamentais relacionados à dinâmica de transmissão de doenças

infecciosas. Em modelos epidemiológicos, β_i representa a probabilidade na qual os indivíduos susceptíveis contraem a infecção após um contacto com indivíduos infecciosos (Von Csefalvay, 2023, pág. 23). Este parâmetro é, portanto, diretamente responsável pela velocidade de propagação da doença na população e é considerado um dos principais determinantes do crescimento epidêmico.

A sensibilidade elevada de β_i é esperada porque pequenas variações nessa taxa podem levar a mudanças substanciais no número de novos casos, o que se traduz em um efeito amplificado no número cumulativo de casos ao longo do tempo. Em contraste, outros parâmetros como o número inicial de infectados ($I_i(0)$) e a taxa de recuperação de indivíduos hospitalizados ($\gamma_{3,i}$), embora importantes, têm um impacto menos direto na taxa de crescimento da epidemia. O número inicial de infectados determina o ponto de partida da epidemia, mas não altera a taxa de crescimento subsequente. Já a taxa de recuperação influencia a duração da infecciosidade, mas não afecta significativamente a taxa na qual novas infecções ocorrem, o que explica por que β_i tende a dominar a sensibilidade em diversas províncias.

3.5 Efeitos do Parâmetro β_i no Número de Casos Activos

Na secção anterior, ficou claro que entre os parâmetros calibrados, β_i é o mais relevante para prever o tamanho final da epidemia. Por esse motivo, nesta secção, com base nos dados do Cenário 3.6.1, simulamos e analisamos sua influência no número de casos activos para cada província, variando os valores de β_i de -30% a +30% em intervalos de 15% a partir do valor calibrado.

Para cada valor de β_i , exibimos curvas de casos activos, pois essas curvas foram usadas na calibração do modelo. Este parâmetro afecta directamente o número de casos, pois representa a taxa de infecção dos indivíduos. Portanto, se β_i aumentar, provocará um rápido crescimento da epidemia, resultando em um rápido aumento e antecipação do pico das curvas de casos activos. Por outro lado, se β_i diminuir, ocorrerá o oposto.

Província do Niassa

A Figura 3.16 ilustra as curvas do número de casos activos da Província do Niassa para diferentes valores do parâmetro β_0 usados na análise de sensibilidade. Verificamos que mudanças nesse parâmetro impactam significativamente a forma das curvas de casos activos. Para facilitar a interpretação dos resultados, ao lado da Figura 3.16, apresentamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_0 = 0.00073$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_0	15/09/20	
$\beta_0(+30\%)$	14/08/20	-31 dias
$\beta_0(+15\%)$	28/08/20	-18dias
$\beta_0(-15\%)$	28/09/20	+13dias
$\beta_0(-30\%)$	23/10/20	+34dias

Figura 3.16: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_0 .

Província de Cabo Delgado

A Figura 3.17 exibe as curvas do número de casos activos da Província de Cabo Delgado para diferentes valores do parâmetro β_1 utilizados na análise de sensibilidade. Notamos que alterações nesse parâmetro afetam a forma das curvas de casos activos. Ao lado da Figura 3.17, incluímos uma tabela que indica o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_1 = 0.00027$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_1	08/08/20	
$\beta_1(+30\%)$	07/07/20	$-32 \ dias$
$\beta_1(+15\%)$	19/07/20	$-20 \; dias$
$\beta_1(-15\%)$	05/09/20	$+28 \ dias$
$\beta_1(-30\%)$	21/10/20	$+74\ dias$

Figura 3.17: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_1 .

Província de Nampula

A Figura 3.18 mostra as curvas do número de casos activos da Província de Nampula para diferentes valores do parâmetro β_2 usados na análise de sensibilidade. Como esperado, mudanças nesse parâmetro influenciam a forma das curvas de casos activos. Para auxiliar na compreensão, ao lado da Figura 3.18, disponibilizamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_2 = 0.00059$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_2	18/07/20	
$\beta_{2}(+30\%$	08/07/20	$-10 \ dias$
$\beta_2(+15\%)$	12/07/20	$-06 \ dias$
$\beta_2(-15\%$	27/07/20	$+09 \ dias$
$\beta_2(-30\%$	10/08/20	$+23 \ dias$

Figura 3.18: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_2 .

Província da Zambézia

A Figura 3.19 exibe as curvas do número de casos activos da Província da Zambézia para diferentes valores do parâmetro β_3 utilizados na análise de sensibilidade. Observamos que variações nesse parâmetro afetam a forma das curvas de casos activos. Junto à Figura 3.19, fornecemos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_3 = 0.0003$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_3	26/09/20	
$\beta_{3}(+30\%)$	25/08/20	-32 dias
$\beta_3(+15\%)$	07/09/20	-19 dias
$\beta_3(-15\%)$	29/10/20	+33 dias
$\beta_3(-30\%)$	26/12/20	+91dias

Figura 3.19: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_3 .

Província de Tete

A Figura 3.20 mostra as curvas do número de casos activos da Província de Tete para diferentes valores do parâmetro β_4 usados na análise de sensibilidade. É evidente que mudanças nesse parâmetro impactam a forma das curvas de casos activos. Para facilitar a compreensão, ao lado da Figura 3.20, apresentamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_4 = 0.00051$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_4	12/09/20	
$\beta_4(+30\%)$	11/08/20	-32 dias
$\beta_4(+15\%)$	29/08/20	-14 dias
$\beta_4(-15\%)$	01/10/20	$+19 \ dias$
$\beta_4(-30\%)$	20/10/20	$+38\ dias$

Figura 3.20: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_4 .

Província de Manica



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_5	31/08/20	
$\beta_5(+30\%)$	11/08/20	-20 dias
$\beta_5(+15\%)$	26/08/20	$-05 \ dias$
$\beta_5(-15\%)$	14/09/20	$+14 \ dias$
$\beta_5(-30\%)$	31/10/20	+61dias

Figura 3.21: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_5 .

A Figura 3.21 exibe as curvas do número de casos activos da Província de Manica para diferentes valores do parâmetro β_5 utilizados na análise de sensibilidade. Verifica-se que alterações nesse parâmetro afetam a forma das curvas de casos activos. Junto à Figura 3.21, disponibilizamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_5 = 0.000918$.

Província de Sofala



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_6	02/09/20	
$\beta_6(+30\%)$	07/08/20	$-26 \ dias$
$\beta_6(+15\%)$	24/08/20	$-09 \ dias$
$\beta_6(-15\%)$	18/10/20	$+46 \ dias$
$\beta_6(-30\%)$	26/10/20	$+54 \ dias$

Figura 3.22: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_6 .

A Figura 3.22 mostra as curvas do número de casos activos da Província de Sofala para diferentes valores do parâmetro β_6 utilizados na análise de sensibilidade. Como esperado, mudanças nesse parâmetro influenciam a forma das curvas de casos activos. Ao lado da Figura 3.22, fornecemos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_6 = 0.00053$.

Província de Inhambane

A Figura 3.23 exibe as curvas do número de casos activos da Província de Inhambane para diferentes valores do parâmetro β_7 utilizados na análise de sensibilidade. Notamos que variações nesse parâmetro afetam a forma das curvas de casos activos. Junto à Figura 3.23, apresentamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_7 = 0.00052$.



Pico	Afastamento do Pico
04/09/20	
10/08/20	$-25 \ dias$
24/08/20	$-11 \ dias$
25/09/20	$+21 \ dias$
25/10/20	$+51 \ dias$
	Pico 04/09/20 10/08/20 24/08/20 25/09/20 25/10/20

Figura 3.23: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_7 .

Província de Gaza

A Figura 3.24 exibe as curvas do número de casos activos da Província de Gaza para diferentes valores do parâmetro β_8 utilizados na análise de sensibilidade. É claro que mudanças nesse parâmetro impactam a forma das curvas de casos activos. Para facilitar a compreensão, ao lado da Figura 3.24, disponibilizamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_8 = 0.00052$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_8	31/08/20	
$\beta_8(+30\%)$	09/08/20	-22 dias
$\beta_8(+15\%)$	20/08/20	-11dias
$\beta_8(-15\%)$	04/10/20	$+34 \ dias$
$\beta_8(-30\%)$	24/10/20	$+54\ dias$

Figura 3.24: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_8 .

Província de Maputo

A Figura 3.25 mostra as curvas do número de casos activos da Província de Maputo para diferentes valores do parâmetro β_9 utilizados na análise de sensibilidade. É evidente que variações nesse parâmetro afetam a forma das curvas de casos activos. Junto à Figura 3.25, fornecemos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_9 = 0.0000622$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_9	04/10/20	
$\beta_9(+30\%)$	16/08/20	-49 dias
$\beta_9(+15\%)$	07/09/20	$-27 \ dias$
$\beta_9(-15\%)$	04/12/20	$+61 \ dias$
$\beta_9(-30\%)$	27/02/21	$+146\ dias$

Figura 3.25: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_9 .

Cidade de Maputo

A Figura 3.26 exibe as curvas do número de casos activos da Cidade de Maputo para diferentes valores do parâmetro β_{10} utilizados na análise de sensibilidade. Observamos que mudanças nesse parâmetro influenciam a forma das curvas de casos activos. Ao lado da Figura 3.26, apresentamos uma tabela com o número de dias de afastamento do pico em relação à curva correspondente ao valor calibrado $\beta_{10} = 0.000025$.



Parâmetro	Pico	Afastamento do Pico
β_{10}	13/10/20	
$\beta_{10}(+30\%)$	10/08/20	-64 dias
$\beta_{10}(+15\%)$	29/08/20	$-45 \ dias$
$\beta_{10}(-15\%)$	24/11/20	$+42 \ dias$
$\beta_{10}(-30\%)$	07/03/21	

Figura 3.26: Curvas de casos activos geradas pelo modelo para diferentes valores β_{10} .

3.6 Cenários de Simulação

Para o presente estudo, qutro (4) cenários principais e um (1) subcen]ario de foram definidos conforme indicado nas subcções 3.6.1, 3.6.2, 3.6.3, 3.6.4 e na subsubsecção 3.6.2.1. Todavia, devido a dinâmica estocástica que caracteriza nosso modelo, para cada cenário, usamos a função .map() da classe .pool.ProcessPoll(), implementada na biblioteca Python pathos criada por McKerns and Aivazis (2010) e aprimorada por McKerns et al. (2012) para realizar 500 execuções paralelas, num período igual a 350 dias, ou seja, de 22 de Março de 2020 a 07 de Março de 2021. Após a simulação de cada cenário, calculamos a média dos resultados e salvamos em arquivos .*csv* para análise.

Devido a natureza metapopulacional do nosso modelo, para cada cenário de simulação, a análise dos resultados obtidos seguiu a abordagem espacial e hierárquica, ou seja, a análise foi realizada primeiro, ao nível de cada província moçambicana e por fim ao nível de todo o país.

Portanto, em todos cenários de simulação, seja para resultados de cada província ou ao nível de todo país, estimamos uma curva epidémica diária, usando a função $estimate_R()$ implementada na biblioteca EpiEstim, construída por Cori et al. (2022), na linguagem de programação R. Para cada curva epidémica extraímos dados referentes a magnitude de onda (tamanho final de epidemia ou simplesmente, número total de casos), pico de infecções e estimamos o número básica de reprodução (\mathcal{R}_0), usando método de máxima verosimilhança, baseado no trabalho de White et al. (2009), e implementada como função st.R0.ML() na biblioteca R0 construída por Boelle and Obadia (2023), na linguagem de programação R.

3.6.1 Cenário 1 : Auséncia de Mobilidade

Todos dados das Tabelas 3.3, 3.4 , 3.5 e $\tau=0.$

3.6.2 Cenário 2 : Mobilidade Sem Intervenção

Todos dados das Tabelas 3.3, 3.4, 3.5 e da Tabela 3.7.

Parâmetro	Definição	Valor	Fonte	Província
au	Coeficiente de mobilidade	0.78	Cassy et al. (2021)	Todas

Tabela 3.7: Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 2.

3.6.2.1 Cenário 2(A) : Mobilidade com Isolamento da Cidade de Maputo

Todos dados do Cenário 3.6.2 com $T_{10j} = 0$ e $T_{j10} = 0$.

3.6.3 Cenário 3 : Mobilidade com Intervenção Global

Todos dados do cenário 2 e da Tabela 3.8.

Tabela 3.8: Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 3.

Parâmetro	Definição	Valor	Fonte	Província
w	Proporção de contactos em escolas e locais de trabalho	0.32	Magaua (2021); Lisboa (2020); Comissal (2023)	
ϵ	Eficácia do distanciamento físico	0.64	Karatayev et al. (2020)	Tetter
δ_C	Período de duração mínima do fechamento	30	Cassy et al. (2021)	Totas
νG	Limite para fechar o país	3249	MISAU (2020)	

3.6.4 Cenário 4 : Mobilidade com Intervenção Local

Todos dados do cenário 2 e da Tabela 3.9

rubble de parametros de contros de contros para contratações de contros r					
Parâmetro	Definição	Valor	Fonte	Província	
w	Proporção de contactos em escolas e locais de trabalho	0.32	Magaua (2021); Lisboa (2020); Comissal (2023)		
ε	Eficácia do distanciamento físico	0.64	Karatayev et al. (2020)	Todas	
δ_C	Período de duração mínima do fechamento	30	Cassy et al. (2021)		
		81		Niassa	
		63		Cabo Delgado	
		113		Nampula	
		177		Zambézia	
		113		Tete	
νL	Limite para fechar a província	10	MISAU (2020)	Manica	
		42		Sofala	
		27		Inhambane	
		29		Gaza	
		723		Maputo	
		1871		Cidade de Maputo	

Tabela 3.9: Valores de parâmetros adicionais para simulações do cenário 4.

Capítulo 4

RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Resultados

Após a simulação de todos os cenários previstos, conforme descrito nos três primeiros parágrafos da secção 3.6, apresentamos agora os principais resultados do nosso estudo, divididos em três subsecções distintas. Na subsecção 4.1.1, apresentamos os resultados relativos ao impacto da mobilidade interprovincial na propagação do vírus SARS-CoV-2, na subsecção 4.1.2 destacamos os resultados inerentes ao impacto do isolamento da Cidade de Maputo e, por último na subsecção 4.1.3 mostramos os achados relacionados à as medidas de intervenção global e local.

4.1.1 Impacto da Mobilidade Interprovincial

Província do Niassa

A Figura 4.1 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província do Niassa. Com base nos dados desses cenários, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.198858$ (IC 95% [0.9377943 : 1.50439]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.232406$ (IC 95% [1.072967 : 1.406874]) para o cenário 2. Observa-se ainda na Figura 4.1 que, desde o início, o cenário 2 mostra um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 2514 casos no cenário 2 e 1044 casos no cenário 1, refletindo médias diárias de 9 e 4 casos, respectivamente.



Figura 4.1: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província do Niassa, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Cabo Delgado

A Figura 4.2 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Cabo Delgado. A partir desses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.202461$ (IC 95% [1.040095 : 1.380881]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.225259$ (IC 95% [1.079033 : 1.384102]) para o cenário 2. A Figura 4.2 igualmente mostra que, após 130 dias, o cenário 2 continua a apresentar um maior número de casos diários comparativamente ao cenário 1, como resultados temos, 3020 casos no cenário 2 e 2803 casos no cenário 1, resultando em médias diárias de 9 e 8 casos, respetivamente.



Figura 4.2: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Cabo Delgado, de Março de 2020 a Março de 2021.



Província de Nampula

Figura 4.3: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Nampula, de Março de 2020 a Março de 2021.

A Figura 4.3 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Nampula. Com base nesses dados, estimamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.052652$ (IC 95% [0.9906347 :

1.117209]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.191495$ (IC 95% [1.051056 : 1.343897]) para o cenário 2. A 4.3 de modo igual indica que, após 126 dias, o cenário 2 mantém um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 3054 casos no cenário 2 e 2419 casos no cenário 1, representando médias diárias de 10 e 8 casos, respetivamente.

Província da Zambézia

A Figura 4.4 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província da Zambézia. Com base nesses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.154296$ (IC 95% [1.040296 : 1.276363]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.211502$ (IC 95% [1.09486 : 1.336149]) para o cenário 2. Observa-se ainda na Figura 4.4 que, desde o início, o cenário 2 revela um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 4732 casos no cenário 2 e 2293 casos no cenário 1, refletindo médias diárias de 16 e 8 casos, respetivamente.



Figura 4.4: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província da Zambézia, de Março de 2020 a Março de 2021.



Província de Tete

Figura 4.5: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Tete, de Março de 2020 a Março de 2021.

A Figura 4.5 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Tete. Com base nesses dados, estimamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.168843$ (IC 95% [0.9638006 : 1.401077]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.198447$ (IC 95% [1.020354 : 1.3961262]) para o cenário 2. A Figura 4.5 também indica que, desde o início, o cenário 2 apresenta um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 2156 casos no cenário 2 e 1282 casos no cenário 1, resultando em médias diárias de 7 e 4 casos, respetivamente.

Província de Manica

A Figura 4.6 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Manica. A partir desses dados, estimamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.120676$ (IC 95% [0.8354727 : 1.464441]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.208787$ (IC 95% [1.031289 : 1.405543]) para o cenário 2. A Figura 4.6 igualmente mostra que, desde o início, o cenário 2 demonstra um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 2212 casos no cenário 2 e 591 casos no cenário 1, refletindo médias diárias de 7 e 2 casos, respetivamente.



Figura 4.6: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Manica, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Sofala



Figura 4.7: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Sofala, de Março de 2020 a Março de 2021.

A Figura 4.7 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Sofala. Com base nesses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.153015$ (IC 95% [0.9576835 : 1.373251]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.226888$ (IC 95% [1.084274 : 1.381457]) para o cenário 2. Na Figura 4.7 ainda observa-se que, desde o início, o cenário 2 revela um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 3295 casos no cenário 2 e 1107 casos no cenário 1, representando médias diárias de 11 e 4 casos, respetivamente.

Província de Inhambane

A Figura 4.8 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Inhambane. A partir desses dados, estimamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.15688$ (IC 95% [0.9664603 : 1.370798]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.215705$ (IC 95% [1.030211 : 1.422204]) para o cenário 2. A Figura 4.8 igualmente indica que, desde o início, o cenário 2 apresenta um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 2179 casos no cenário 2 e 1155 casos no cenário 1, refletindo médias diárias de 7 e 4 casos, respetivamente.



Figura 4.8: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Inhambane, de Março de 2020 a Março de 2021.



Província de Gaza

Figura 4.9: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Gaza, de Março de 2020 a Março de 2021.

A Figura 4.9 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Gaza. Com base nesses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.191335$ (IC 95% [1.006588 : 1.397393]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.206602$ (IC 95% [1.014337 : 1.421727]) para o cenário 2. Observa-se ainda na Figura 4.9 que, desde o início, o cenário 2 demonstra um número superior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 2052 casos no cenário 2 e 1344 casos no cenário 1, resultando em médias diárias de 7 e 5 casos, respetivamente.

Província de Maputo

A Figura 4.10 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na província de Maputo. A partir desses dados, estimamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.187562$ (IC 95% [1.07985 : 1.302198]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.25299$ (IC 95% [1.174257 : 1.335137]) para o cenário 2. A Figura 4.10 do mesmo modo indica que, entre os dias 186 e 259, o cenário 2 revela um número inferior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 11726 casos no cenário 2 e 10156 casos no cenário 1, representando médias diárias de 36 e 31 casos, respetivamente.



Figura 4.10: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na província de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021.



Cidade de Maputo

Figura 4.11: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, na Cidade de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021.

A Figura 4.11 mostra o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 na Cidade de Maputo. Com base nesses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), obtendo $\mathcal{R}_0 = 1.22533$ (IC 95% [1.126443 : 1.329794]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.293071$ (IC 95% [1.137887 : 1.461821]) para o cenário 2. Observa-se ainda na Figura 4.11 que , entre os dias 183 e 285, o cenário 2 apresenta um número inferior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 25714 casos no cenário 2 e 23143 casos no cenário 1, refletindo médias diárias de 73 e 66 casos, respetivamente.

Todo o País

A Figura 4.12 exibe o número diário de casos reportados nos cenários 1 e 2 em todo país. A partir desses dados, calculamos o número básico de reprodução (\mathcal{R}_0), resultando em $\mathcal{R}_0 = 1.139293$ (IC 95% [1.102165 : 1.177251]) para o cenário 1 e $\mathcal{R}_0 = 1.253767$ (IC 95% [1.218895 : 1.289242]) para o cenário 2. A Figura 4.12 igualmente indica que, entre os dias 183 e 305, o cenário 2 demonstra um número inferior de casos diários em relação ao cenário 1, como resultados temos, 56382 casos no cenário 2 e 47165 casos no cenário 1, resultando em médias diárias de 161 e 134 casos, respetivamente.



Figura 4.12: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 1 (azul claro) e 2 (vermelho claro) da COVID-19, em Moçambique, de Março de 2020 a Março de 2021.

4.1.2 Isolamento da Cidade de Maputo

A simulação do Cenário 2(A) resultou num crescimento mais lento da curva epidémica em comparação com o Cenário 2, após 100 dias de simulação, como é mostrado na Figura 4.13. No entanto, como consequência, para o Cenário 2(A) obtivemos um valor do número básico de reprodução $\mathcal{R}_0 = 1.21359$ (IC 95% [1.117702 : 1.251227]) e um total de 46749 casos, o que corresponde a uma média diária de 133 casos, para todo o país. O isolamento da Cidade de Maputo das restantes províncias diminui o número de casos cumulativos em todas as províncias, com exceção da Província de Maputo, onde se verifica um aumento total de 1974 casos, como é mostrado na Figura 4.14.



Figura 4.13: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro) e 2(A) (amarelo claro) da COVID-19 em Moçambique, de Março de 2020 a Março de 2021.



Figura 4.14: Comparação do número de casos cumulativos entre os cenários 2 e 2A, por província moçambicana.

4.1.3 Medidas de Intervenção Local versus Global

Província do Niassa

A Figura 4.15 mostra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos em relação ao cenário 2 na província do Niassa. A partir desses dados observamos que:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.074321(IC 95% [0.8126741 : 1.386886]), significando uma queda de 12.83% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de \mathcal{R}_0 e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de $\mathcal{R}_0 = 1.025804$ (IC 95% [0.7366222 : 1.382247]), indicando uma redução de 16.76%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 20.84% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 23.19% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 229 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 77 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 258 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 106 dias em comparação com o cenário 2.



Figura 4.15: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província do Niassa, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Cabo Delgado

A Figura 4.16 apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na província de Cabo Delgado. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.13828(IC 95% [0.8967573 : 1.419732]), significando uma queda de 7.10% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.051428(IC 95% [0.7800703 : 1.379458]), indicando uma redução de 14.19%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 17.95% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 23.58% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 197 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 44 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 251 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 98 dias em comparação com o
 cenário 2.



Figura 4.16: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Cabo Delgado, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Nampula

A Figura 4.17 ilustra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em comparação com o cenário 2 na província de Nampula. Os resultados revelam o seguinte: 1. Redução do Valor de R0 : •

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.040064(IC 95% [0.8097134 : 1.310453]), significando uma queda de 12.71% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.020496(IC 95% [0.7975317 : 1.281601]), indicando uma redução de 14.35%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 19.52% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 22.17% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 199 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 48 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 248 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 97 dias em comparação com o cenário 2.



Figura 4.17: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Nampula, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província da Zambézia

A Figura 4.18apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na província da Zambézia. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.112499(IC 95% [0.9065448 : 1.34752]), significando uma queda de 8.17% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.04697(IC 95% [0.8166718 : 1.316976]), indicando uma redução de 13.58%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 18.20% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 22.42% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 216 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 69 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 252 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 105 dias em comparação com
 o cenário 2.



Figura 4.18: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Zambézia, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Tete

A Figura 4.19 ilustra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em comparação com o cenário 2 na província de Tete. Os resultados revelam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.107518(IC 95% [0.8230296 : 1.451085]), significando uma queda de 7.59% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.057781(IC 95% [0.7488005 : 1.441904]), indicando uma redução de 11.74%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 21.34% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 24.26% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 202 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 41 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 240 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 79 dias em comparação com o
 cenário 2.



Figura 4.19: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Tete, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Manica

A Figura 4.20 apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na província de Manica. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.120676(IC 95% [0.8354727 : 1.464441]), significando uma queda de 7.29% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.029312(IC 95% [0.7248783 : 1.408954]), indicando uma redução de 14.85%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 23.01% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 27.17% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 223 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 81 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 305 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 163 dias em comparação com
 o cenário 2.



Figura 4.20: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Manica, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Sofala

A Figura 4.21 ilustra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em comparação com o cenário 2 na província de Sofala. Os resultados revelam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.136196(IC 95% [0.893579 : 1.419221]), significando uma queda de 7.39% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.068748(IC 95% [0.7992295 : 1.392988]), indicando uma redução de 12.89%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 21.76% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 25.86% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 203 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 48 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 264 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 109 dias em comparação com
 o cenário 2.



Figura 4.21: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Sofala, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Inhambane

A Figura fig: 4.22 apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na província de Inhambane. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.079279(IC 95% [0.8020442 : 1.414083]), significando uma queda de 11.22% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.031751(IC 95% [0.720642 : 1.42162]), indicando uma redução de 15.13%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 22.85% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 26.39% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 217 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 50 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 277 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 110 dias em comparação com
 o cenário 2.



Figura 4.22: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Inhambane, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Gaza

A Figura fig: 4.23 ilustra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em comparação com o cenário 2 na província de Gaza. Os resultados revelam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.082141(IC 95% [0.7854138 : 1.445551]), significando uma queda de 10.32% no valor de R0 após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.051016(IC 95% [0.7319929 : 1.451485]), indicando uma redução de 12.89%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 23.39% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 25.78% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 261 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 93 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 299 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 134 dias em comparação com o cenário 2.



Figura 4.23: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Gaza, de Março de 2020 a Março de 2021.

Província de Maputo

A Figura 4.24 apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na província de Maputo. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.147651(IC 95% [1.008527 : 1.299007]), significando uma queda de 8.41% no valor de R0 após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.139986(IC 95% [0.9754858 : 1.322013]), indicando uma redução de 9.02%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 195 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 34 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 237 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 76 dias em comparação com o cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 195 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 34 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 237 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 76 dias em comparação com o cenário 2.



Figura 4.24: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na província de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021.

Cidade de Maputo

A Figura 4.25 apresenta o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 na Cidade de Maputo. Os resultados revelam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.187542(IC 95% [1.089012 : 1.291804]), significando uma queda de 8.16% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.16832(IC 95% [1.052476 : 1.292392]), indicando uma redução de 9.65%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 14.53% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 15.81% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 198 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 43 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado 233 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 78 dias em comparação com o cenário 2.



Figura 4.25: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, na Cidade de Maputo, de Março de 2020 a Março de 2021.

Todo o País

A Figura 4.26 ilustra o impacto das intervenções global (cenário 3) e local (cenário 4) no número diário de casos reportados em relação ao cenário 2 em todo país. Os resultados indicam o seguinte:

- 1. Redução do Valor de \mathcal{R}_0 :
 - Cenário 3: A implementação de medidas de intervenção global resultou em uma redução do valor de R₀ em comparação com o cenário 2, sem intervenção. Observou-se um valor de R₀ = 1.187542(IC 95% [1.089012 : 1.291804]), significando uma queda de 5.29% no valor de R₀ após a aplicação dessas medidas.
 - Cenário 4: As medidas de intervenção local também contribuíram para a redução do valor de R₀ e com maior magnitude em comparação com as medidas globais. Observou-se um valor de R₀ = 1.16832(IC 95% [1.052476 : 1.292392]), indicando uma redução de 7.48%.
- 2. Magnitude de Onda:
 - Cenário 3: As medidas de intervenção global demonstraram sucesso na redução da magnitude de onda, resultando em uma diminuição de 12.76% no número total de casos em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: De maneira semelhante, as medidas de intervenção local apresentaram um impacto maior na redução da magnitude de onda e mostraram-se mais promissoras em comparação com as medidas globais. Observou-se uma redução significativa de 13.89% no número total de casos em relação ao cenário 2.
- 3. Afastamento do Pico:
 - Cenário 3: Verificou-se que as medidas de intervenção global foram eficazes em adiar o pico das infecções.
 O pico foi observado 198 dias após o início das medidas, representando um adiamento de 43 dias em comparação com o cenário 2.
 - Cenário 4: Da mesma forma, as medidas de intervenção local também contribuíram para o adiamento do
 pico das infecções e com uma extensão maior em comparação com as medidas globais. O pico foi observado
 235 dias após a implementação das medidas, implicando um adiamento de 80 dias em comparação com o
 cenário 2.



Figura 4.26: Comparação das curvas epidémica estimadas para cenários 2 (vermelho claro), 3 (fúcsia claro) e 4 (azul escuro) da COVID-19, em Moçambique, de Março de 2020 a Março de 2021.

4.2 Discussão

Dado o caráter metapopulacional do nosso modelo, os resultados foram discutidos seguindo uma hierarquia espacial. Inicialmente, discutimos os resultados de cada província e, por fim, os resultados do país como um todo. Antes de nos aprofundarmos nessa abordagem, a primeira observação a ser feita sobre os resultados do estudo é a consistência da variação do valor de \mathcal{R}_0 estimado, baseado nos dados das curvas epidémica dos 4 cenários, em todas as províncias e no país em geral, dentro do intervalo de confiança (0.94 - 1.57). Este intervalo foi obtido a partir de um estudo realizado por Dharmaratne et al. (2020) no Sri Lanka. A similaridade entre esses resultados se deve ao método de estimação usado (método de máxima verosimilhança), coincidindo com o método utilizado em nosso estudo, e ao crescimento lento do número de casos durante a primeira onda de COVID-19 no Sri Lanka (Mathieu et al., 2020), um padrão de evolução semelhante ao da primeira onda da pandemia em Moçambique.

Para facilitar a estética e a legibilidade das figuras a seguir, adotamos a seguinte notação: C_1 representa o Cenário 1, C_2 o Cenário 2, C_3 o Cenário 3, C_4 o Cenário 4 e por último $C_{2(A)}$ representa o cenário 2(A).

Província do Niassa

Na província do Niassa, a comparação entre os cenários C_1 (sem mobilidade) e C_2 (com mobilidade interprovincial), conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.27, revela um aumento expressivo no número total de casos com a implementação do C_2 . Especificamente, houve um incremento de 140.04% no número de infecções em C_2 em comparação com C_1 . Este aumento substancial demonstra o impacto negativo que a mobilidade interprovincial pode ter na disseminação da doença, reforçando a necessidade de intervenções mais rigorosas para mitigar a transmissão quando o movimento entre províncias é permitido.

No painel direito da Figura 4.27, observa-se uma elevação de 2.80% no valor do número básico de reprodução \mathcal{R}_0 no cenário C_2 em comparação com C_1 . Apesar deste aumento, a diferença é estatisticamente insignificante, visto que os valores de \mathcal{R}_0 para ambos os cenários estão dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso indica que, embora a mobilidade interprovincial possa ter influenciado o aumento do número total de casos, o impacto directo na transmissibilidade (reflectido pelo \mathcal{R}_0) não foi suficientemente grande para ser considerado significativo. É possível que outros factores, como a densidade populacional ou as medidas preventivas locais, tenham ajudado a amortecer esse efeito no valor de \mathcal{R}_0 .



Figura 4.27: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	25/08/2020	21/08/2020	5/11/2020	4/12/2020

Tabela 4.1: Datas de pico para cada cenário de simulação no Niassa.

Ao comparar os cenários $C_3 \in C_4$, ambos com mobilidade, mas com diferentes estratégias de intervenção, a análise mostra uma redução marginal no valor de $\mathcal{R}_0 \in C_4$ comparado com C_3 , com uma diferença de 4.52%. No entanto, esta diferença também não é estatisticamente significativa, pois os valores de \mathcal{R}_0 para ambos os cenários estão dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso sugere que as intervenções implementadas em C_4 podem não ter sido suficientemente mais eficazes do que as de C_3 para impactar significativamente a transmissibilidade do vírus.

No que diz respeito ao número total de casos, C_4 apresentou uma redução de 2.96% em relação a C_3 , como ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.27. Embora esta diferença não seja estatisticamente significativa, ela aponta para uma tendência de menor número de infecções em C_4 . Este resultado pode sugerir que as intervenções aplicadas em C_4 , apesar de não afetarem drasticamente a transmissibilidade, tiveram algum impacto em limitar a disseminação da doença.

Finalmente, conforme mostrado na Tabela 4.1, o C_4 demonstra uma eficácia superior em relação a C_3 no adiamento do pico de infecções, com um atraso de 29 dias. Este adiamento é relevante do ponto de vista epidemiológico, pois pode proporcionar mais tempo para que o sistema de saúde se prepare e responda à demanda crescente de recursos durante o pico da epidemia. Embora a redução no número de casos e no valor de \mathcal{R}_0 não seja estatisticamente significativa, o adiamento do pico sugere que as intervenções do cenário C_4 podem ser mais eficazes na gestão da carga sobre o sistema de saúde.

A implementação da mobilidade interprovincial em C_2 , sem medidas adicionais de controle, resultou em um aumento acentuado no número de casos, embora o impacto sobre a transmissibilidade (medido pelo \mathcal{R}_0) tenha sido limitado. Comparando os cenários com mobilidade e intervenção, C_4 , com estratégias de intervenção aprimoradas, apresentou uma leve redução no número de casos e um adiamento significativo do pico da epidemia em relação a C_3 . Esses resultados indicam que, embora as diferenças entre as intervenções possam não ser estatisticamente significativas em todos os aspectos, o cenário C_4 oferece vantagens importantes na gestão temporal da pandemia, o que pode ser crucial para mitigar a sobrecarga do sistema de saúde.

Província de Cabo Delgado

Na província de Cabo Delgado, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial), conforme evidenciado no painel esquerdo da Figura 4.28, resultou em um aumento no número total de casos, com um incremento de 7.74% em relação ao cenário C_1 (sem mobilidade). Embora esse aumento seja relativamente modesto em comparação com outras províncias, ele ainda reflete o impacto da mobilidade interprovincial na disseminação da doença, indicando que, mesmo com um incremento moderado, a circulação de pessoas entre províncias contribui para o aumento dos casos.

No painel direito da Figura 4.28, observa-se um aumento de 1.90% no valor do número básico de reprodução \mathcal{R}_0 no cenário C_2 em comparação com C_1 . Entretanto, essa diferença é estatisticamente insignificante, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 para ambos os cenários estão dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso sugere que, embora a mobilidade interprovincial tenha levado a um aumento no número de casos, não houve uma variação substancial na transmissibilidade do vírus, conforme refletido pela estabilidade nos valores de \mathcal{R}_0 .

A análise comparativa entre os cenários C_3 e C_4 , ambos com mobilidade, mas com diferentes estratégias de intervenção, revela que o C_4 apresentou uma redução marginal de 7.63% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 . No entanto, assim como nos cenários anteriores, essa diferença não é estatisticamente significativa, pois os valores de \mathcal{R}_0 estão localizados dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso indica que, apesar das diferentes abordagens de intervenção, o impacto sobre a taxa de transmissibilidade do vírus não foi suficientemente pronunciado para gerar uma diferença significativa entre os cenários.

Em termos de número total de casos, conforme mostrado no painel esquerdo da Figura 4.28, o cenário C_4 apresentou uma redução de 6.86% em comparação ao C_3 . Embora essa diferença também não seja estatisticamente

significativa, ela aponta para uma tendência de menor propagação da doença com as estratégias implementadas no C_4 . A redução, embora modesta, sugere que as medidas de intervenção adicionais em C_4 podem ter contribuído para conter a disseminação do vírus de forma mais eficaz do que em C_3 .

Um dos resultados mais marcantes é o adiamento do pico das infecções. De acordo com a Tabela 4.2, o cenário C_4 mostrou-se significativamente mais eficaz do que o C_3 neste aspecto proporcionando um adiamento do pico de infecções em 54 dias. Esse adiamento é particularmente importante, pois representa uma janela temporal mais ampla para que o sistema de saúde possa se preparar e gerenciar a demanda crescente durante o período de maior pressão. O adiamento do pico pode ser fundamental para evitar a sobrecarga hospitalar e garantir que recursos críticos estejam disponíveis durante os momentos de maior necessidade.



Figura 4.28: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	26/07/2020	22/08/2020	04/10/2020	27/11/2020

Tabela 4.2: Datas de pico para cada cenário de simulação em Cabo Delgado

Província de Nampula

Na província de Nampula, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.29, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou em um aumento significativo no número total de casos, com um incremento de 26.25% em comparação ao cenário C_1 (sem mobilidade). Esse aumento substancial sugere que a mobilidade interprovincial desempenha um papel crucial na amplificação da propagação da doença, aumentando o número total de infecções. Isso indica que, mesmo em áreas com intervenções básicas, o controle da mobilidade pode ser um factor determinante na mitigação de surtos.

Como mostrado no painel direito da Figura 4.29, houve um aumento de 13.19% no valor do número básico de reprodução, \mathcal{R}_0 , no cenário C_2 em comparação com C_1 . No entanto, essa variação não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 para ambos os cenários compartilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso significa que, apesar de o número total de casos ter aumentado substancialmente devido à mobilidade, o impacto directo sobre a transmissibilidade (\mathcal{R}_0) não foi suficientemente expressivo para se traduzir em uma diferença significativa dentro da precisão estatística.

Ao comparar os cenários $C_3 \,e\, C_4$, ambos caracterizados pela presença de mobilidade, mas com diferentes estratégias de intervenção, observa-se uma diferença marginal de 1.88% na redução do valor de \mathcal{R}_0 no C_4 em relação ao C_3 . Entretanto, essa diferença também não é estatisticamente significativa, pois os valores de \mathcal{R}_0 para $C_3 \,e\, C_4$ estão dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%. Esse resultado indica que as estratégias adicionais implementadas no cenário C_4 não foram suficientemente mais eficazes para reduzir significativamente a transmissibilidade da doença em comparação com as estratégias do C_3 .

Em relação ao número total de casos, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.29, o C_4 apresentou uma redução de 3.30% em comparação com o C_3 . Embora essa diferença não seja estatisticamente significativa, ela sugere que as intervenções no C_4 conseguiram conter o número total de casos de maneira um pouco mais eficaz do que no C_3 , mesmo que a magnitude dessa redução seja modesta.

Por outro lado, um resultado notável é o adiamento do pico das infecções. De acordo com a Tabela 4.3, o C_4 foi significativamente mais eficaz do que o C_3 nesse aspecto, proporcionando um adiamento do pico de infecções em 49 dias. Esse adiamento é de grande relevância epidemiológica, pois permite que o sistema de saúde tenha mais tempo para se preparar e responder à demanda por recursos hospitalares e tratamentos durante o período de maior pressão. Adiar o pico de infecções pode ajudar a suavizar a sobrecarga no sistema de saúde, evitando um colapso na oferta de cuidados médicos e garantindo que os recursos sejam distribuídos de forma mais eficiente.



Figura 4.29: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	13/07/2020	20/08/2020	06/10/2020	24/11/2020

Tabela 4.3: Datas de pico para cada cenário de simulação em Nampula

Província da Zambézia

Na província da Zambézia, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.30, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento significativo no número total de casos, registando-se um incremento de 106.37% em comparação ao cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento expressivo sugere que a mobilidade entre províncias contribui substancialmente para a disseminação da doença, expondo o impacto negativo da circulação de
pessoas na transmissão do vírus. Este resultado evidencia a necessidade de uma gestão rigorosa da mobilidade para mitigar a expansão dos surtos.

No painel direito da Figura 4.30, observa-se um aumento de 4.96% no valor do número básico de reprodução, \mathcal{R}_0 , no cenário C_2 em comparação com o C_1 . No entanto, esta diferença não é estatisticamente significativa, dado que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Isto implica que, apesar do aumento significativo no número total de casos, a transmissibilidade do vírus (\mathcal{R}_0) não sofreu uma variação estatisticamente relevante, sugerindo que o principal efeito da mobilidade é no volume de infecções, e não tanto na intensidade da transmissão.

Ao comparar os cenários $C_3 \,\mathrm{e}\, C_4$, ambos caracterizados pela presença de mobilidade, mas com diferentes estratégias de intervenção, verifica-se que o cenário C_4 apresentou uma redução de 5.86% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 . No entanto, esta redução não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 para os cenários C_3 e C_4 encontram-se no mesmo intervalo de confiança de 95%. Este resultado sugere que, apesar das estratégias de intervenção mais rigorosas aplicadas no cenário C_4 , o impacto sobre a transmissibilidade do vírus permaneceu dentro dos limites estatisticamente aceitáveis para ambos os cenários.

Relativamente ao número total de casos, como mostrado no painel esquerdo da Figura 4.30, o C_4 registou um número ligeiramente inferior de casos em comparação ao C_3 , com uma diferença de 5.17%. Embora esta diferença não seja estatisticamente significativa, ela indica uma ligeira vantagem das medidas implementadas no C_4 na redução do número total de infecções, reforçando a importância de intervenções mais rigorosas para o controlo da propagação do vírus.

Outro aspecto importante a destacar é o adiamento do pico de infecções. De acordo com a Tabela 4.4, o cenário C_4 demonstrou ser significativamente mais eficaz do que o C_3 nesse aspecto, proporcionando um adiamento de 36 dias no pico das infecções. Este adiamento oferece uma vantagem crucial para o sistema de saúde, permitindo maior tempo para a preparação e adaptação face ao aumento da procura por cuidados médicos, o que pode contribuir para evitar a sobrecarga do sistema e melhorar a resposta ao surto.



Figura 4.30: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	08/09/2020	04/08/2020	23/10/2020	28/11/2020

Tabela 4.4: Datas de pico para cada cenário de simulação na Zambézia

Província de Tete

Na província de Tete, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.31, a implementação do cenário C_2 , que considera mobilidade interprovincial, resultou num aumento expressivo no número total de casos, com um incremento de 68.17% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento significativo reflete o impacto direto da mobilidade na propagação do vírus, sugerindo que a circulação entre províncias acelera a transmissão da doença na região.

No painel direito da Figura 4.31, observa-se um aumento de 2.53% no valor do número básico de reprodução, \mathcal{R}_0 , no cenário C_2 em relação ao C_1 . No entanto, esta variação é estatisticamente insignificante, dado que os valores de \mathcal{R}_0 em ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Embora o aumento do número de casos seja significativo, a mobilidade não teve um efeito relevante na alteração do ritmo de propagação do vírus, conforme indicado pela estabilidade do \mathcal{R}_0 .

A análise comparativa entre os cenários C_3 e C_4 , ambos envolvendo mobilidade com diferentes intervenções, mostra que o C_4 apresentou uma redução de 4.49% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 , conforme indicado no painel direito da Figura 4.31. No entanto, esta diferença também não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de C_3 e C_4 partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Isto sugere que, apesar das medidas de intervenção mais rigorosas no cenário C_4 , não houve uma diferença substancial no índice de transmissibilidade.

Relativamente ao número total de casos, embora a diferença não seja estatisticamente significativa, o cenário C_4 apresentou um menor número total de casos em comparação com o C_3 , correspondendo a uma redução de 3.71%, como mostrado no painel esquerdo da Figura 4.31. Este resultado, embora modesto, aponta para a eficácia potencial das intervenções adicionais do C_4 em termos de mitigação da propagação da doença, o que pode ser relevante na gestão do número de casos e na pressão sobre os serviços de saúde.

Quanto ao adiamento do pico de infecções, de acordo com os dados da Tabela 4.5, o cenário C_4 demonstrou maior eficácia do que o C_3 , ao proporcionar um adiamento de 38 dias no pico das infecções. Este adiamento é um fator crucial, pois permite um alívio na pressão sobre o sistema de saúde ao oferecer mais tempo para a implementação de medidas de contenção e resposta, além de otimizar a alocação de recursos durante o período de maior incidência.

Tendo em conta que C_1 é um cenário sem mobilidade, C_2 é um cenário com mobilidade interprovincial, e, C_3 e C_4 são cenários com mobilidade más com diferentes estratégias de intervenção. pense como especialista em modelação epidemiológica e melhore a seguinte analise de resultados, o texto deve ser formatado em latex e portugues de Portugal:

Na província de Tete, conforme demonstrado no painel esquerdo da Figura 4.31, a implementação do C_2 resultou em um aumento significativo no número total de casos, registando um incremento de 68.17% em comparação com o C_1 .Como ilustrado no painel direito da Figura 4.31, observa-se um aumento de 2.53% no valor de \mathcal{R}_0 do C_2 em relação ao C_1 , no entanto tal aumento é insignificante visto que os valores de \mathcal{R}_0 de C_1 e C_2 compatilham o mesmo intervalo de confiança de 95%.

A análise comparativa revela que, em termos de redução do valor de \mathcal{R}_0 , como apresentado no painel direito da Figura 4.31, apresentando uma diferença de 4.49% o C_4 demostrou um desempenho não significativo comparado com o C_3 , uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de C_4 e C_3 estão no mesmo intervalo de confiança de 95%. Em relação à redução no número total de casos, embora não seja estatisticamente significativa, como mostrado no painel esquerdo da Figura 4.31, o C_4 apresenta um menor número total de casos em comparação com o C_3 , correspondendo a uma diferença de 3.71%. Quanto ao adiamento do pico das infecções, de acordo com a Tabela 4.5, o C_4 demonstra ser mais eficaz do que o C_3 , proporcionando um adiamento de 38 dias.



Figura 4.31: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	20/08/2020	30/08/2020	09/10/2020	05/11/2020

Tabela 4.5: Datas de pico para cada cenário de simulação em Tete

Província de Manica

Na província de Manica, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.32, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento substancial no número total de casos, com um incremento de 274.28% em relação ao cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento acentuado sublinha o impacto adverso da mobilidade interprovincial na propagação da epidemia, indicando que o relaxamento das restrições de mobilidade entre províncias teve um papel central no aumento da transmissão.

No painel direito da Figura 4.32, observa-se um aumento de 4.63% no valor do número básico de reprodução, \mathcal{R}_0 , no cenário C_2 em comparação com o C_1 . No entanto, esta diferença não é estatisticamente significativa, dado que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Assim, o aumento considerável no número total de casos no cenário C_2 não está diretamente associado a um aumento significativo da taxa de transmissão, mas sim ao impacto da maior mobilidade populacional que amplificou a disseminação da infeção.

A comparação entre os cenários C_3 e C_4 , ambos com mobilidade, mas sob diferentes intervenções, revela que o C_4 proporcionou uma redução de 8.15% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 . No entanto, esta diferença também não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 nos dois cenários se encontram dentro do mesmo intervalo de confiança de (95%). Assim, apesar de o C_4 incluir medidas de controlo mais rigorosas, não houve uma redução estatisticamente relevante na transmissibilidade.

Em relação ao número total de casos, o cenário C_4 apresenta uma redução de 5.40% em comparação com o C_3 , conforme mostrado no painel esquerdo da Figura 4.32. Embora esta diferença não seja estatisticamente significativa, sugere que o C_4 , com medidas mais rigorosas, conseguiu conter ligeiramente o número total de infeções.

Por fim, o adiamento do pico das infeções é um dos aspetos mais notáveis do desempenho do cenário C_4 . De acordo com a Tabela 4.6, o C_4 foi capaz de adiar o pico em 82 dias em comparação com o C_3 , o que representa um ganho considerável em termos de tempo para preparar e alocar recursos no sistema de saúde. Este adiamento do pico

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	14/08/2020	11/08/2020	30/10/2020	20/01/2021



pode ser crítico para evitar a sobrecarga dos serviços de saúde e para permitir que as autoridades respondam de forma mais eficaz ao aumento de casos, distribuindo a procura por recursos ao longo de um período de tempo maior.

Tabela 4.6: Datas de pico para cada cenário de simulação em Manica

Figura 4.32: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Província de Sofala

Na província de Sofala, conforme apresentado no painel esquerdo da Figura 4.33, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento expressivo no número total de casos, com um crescimento de 197.65% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento substancial evidencia o forte impacto da mobilidade interprovincial na propagação da doença, sugerindo que a movimentação entre províncias amplifica significativamente a transmissão da infeção.

No painel direito da Figura 4.33, observa-se um aumento de 6.41% no valor do número básico de reprodução, \mathcal{R}_0 , no cenário C_2 em relação ao C_1 . No entanto, este aumento não é estatisticamente significativo, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários se encontram no mesmo intervalo de confiança de **95%**. Isto sugere que, embora a mobilidade tenha levado a um grande aumento de casos, a taxa de transmissão intrínseca não variou de forma significativa.

A análise comparativa entre os cenários C_3 e C_4 , ambos com mobilidade mas com diferentes estratégias de intervenção, revela que o C_4 proporcionou uma redução de 5.94% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 . No entanto, tal como observado no caso do C_2 , esta diferença não é significativa, pois os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%.

Relativamente à redução no número total de casos, o cenário C_4 apresenta uma diminuição de 5.24% em comparação com o C_3 , conforme demonstrado no painel esquerdo da Figura 4.33. Embora esta redução não seja estatisticamente significativa, o C_4 demonstra uma tendência de maior eficácia na contenção do número de infeções.

Um dos aspectos mais relevantes da análise é o adiamento do pico das infeções. De acordo com a Tabela 4.7, o cenário C_4 foi capaz de adiar o pico epidémico em 61 dias em comparação com o C_3 . Este adiamento pode ter

Sofala Sofala 3500 C_4 3000 Número total de casos 2500 C_3 Cenários 20001500 C_2 1000 500 C_1 0 1.0 C_3 C_4 1.2 C_1 C_2 0.81.4 \mathcal{R}_0 Cenários

implicações cruciais na capacidade de resposta do sistema de saúde, proporcionando tempo adicional para a preparação de recursos e mitigação do impacto da pandemia.

Figura 4.33: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	23/08/2020	23/08/2020	10/10/2020	10/12/2020

Tabela 4.7: Datas de pico para cada cenário de simulação em Sofala

Província de Inhambane

Na província de Inhambane, conforme apresentado no painel esquerdo da Figura 4.34, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento expressivo no número total de casos, com um crescimento de 88.66% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento significativo reflete o impacto da mobilidade interprovincial na propagação da infeção, indicando que a circulação de pessoas entre províncias contribui diretamente para a intensificação da transmissão.

Embora o aumento no valor de \mathcal{R}_0 observado no cenário C_2 , de 5.08% em relação ao C_1 , seja visível no painel direito da Figura 4.34, este incremento não é estatisticamente significativo, dado que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários compartilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Isso sugere que, apesar do aumento no número total de casos, a mobilidade interprovincial não resultou numa alteração substancial na taxa básica de reprodução da doença.

A comparação entre os cenários C_3 e C_4 , ambos envolvendo mobilidade com diferentes estratégias de intervenção, revela que o cenário C_4 apresentou uma redução de 4.40% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 , conforme indicado no painel direito da Figura 4.34. No entanto, essa diferença também não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%.

Em relação ao número total de casos, o cenário C_4 apresenta uma ligeira vantagem em comparação com o C_3 , registando uma redução de 4.58%, como ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.34. Embora esta redução não seja estatisticamente significativa, ela indica uma tendência de maior eficácia do C_4 em controlar o número de infeções.

Por fim, em termos de adiamento do pico das infeções, o cenário C_4 mostra uma maior eficácia comparativa em relação ao C_3 . De acordo com a Tabela 4.8, o C_4 conseguiu adiar o pico em 60 dias, o que pode ser determinante para aliviar a pressão sobre os serviços de saúde, permitindo uma resposta mais organizada e eficaz à pandemia.

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	14/08/2020	05/09/2020	24/10/2020	23/12/2020

Tabela 4.8: Datas de pico para cada cenário de simulação em Inhambane



Figura 4.34: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Província de Gaza

Na província de Gaza, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.35, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento expressivo no número total de casos, registando um crescimento de 52.68% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento significativo destaca o impacto da mobilidade interprovincial na propagação da infeção, evidenciando que a circulação de pessoas entre províncias tem uma contribuição relevante para a intensificação da transmissão.

Apesar do aumento observado no valor de \mathcal{R}_0 no cenário C_2 , com um incremento de 1.28% em relação ao C_1 , como apresentado no painel direito da Figura 4.35, este aumento não é estatisticamente significativo, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Isto sugere que, embora tenha ocorrido um aumento substancial no número total de casos, a mobilidade interprovincial não teve um efeito relevante na taxa de reprodução básica da infeção.

Ao comparar os cenários C_3 e C_4 , que incluem mobilidade com diferentes estratégias de intervenção, verifica-se que o cenário C_4 apresentou uma redução de 2.88% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 , conforme apresentado no painel direito da Figura 4.35. Contudo, esta diferença não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%.

Em termos de redução no número total de casos, o cenário C_4 revelou um desempenho ligeiramente melhor em comparação com o C_3 , registando uma diferença de 3.12%, como ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.35. Embora esta diferença não seja estatisticamente significativa, indica uma tendência de maior eficácia do cenário C_4 na contenção do número de infeções.

No que diz respeito ao adiamento do pico de infeções, o cenário C_4 demonstrou ser mais eficaz do que o C_3 , proporcionando um adiamento de 38 dias, conforme indicado na Tabela 4.9. Este adiamento pode ser crucial para permitir uma melhor preparação dos serviços de saúde, distribuindo a carga de casos ao longo de um período mais longo e possibilitando uma gestão mais eficiente da resposta à pandemia.

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	21/08/2020	03/09/2020	07/12/2020	14/01/2021

Tabela 4.9: Datas de pico para cada cenário de simulação em Gaza



Figura 4.35: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Província de Maputo

Na província de Maputo, como evidenciado no painel esquerdo da Figura 4.36, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento significativo no número total de casos, com um incremento de 15.46% em relação ao cenário C_1 (sem mobilidade). Este resultado sugere que a mobilidade interprovincial pode ter contribuído para a propagação da infeção, refletindo a importância de estratégias de contenção mais rigorosas.

Em relação ao valor de \mathcal{R}_0 , conforme ilustrado no painel direito da Figura 4.36, observa-se um aumento de 5.21% no cenário C_2 em comparação com o C_1 . No entanto, este aumento não é estatisticamente significativo, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Portanto, apesar do crescimento no número total de casos, a variação no valor de \mathcal{R}_0 indica uma continuidade nas dinâmicas de transmissão, sem uma alteração substancial na taxa de reprodução.

A análise comparativa dos cenários C_3 e C_4 , que envolvem mobilidade com diferentes intervenções, revela que o cenário C_4 apresentou uma redução de 4.52% no valor de \mathcal{R}_0 em relação ao C_3 , como demonstrado no painel direito da Figura 4.36. Contudo, esta diferença não é estatisticamente significativa, dado que os valores de \mathcal{R}_0 de C_3 e C_4 permanecem dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%.

No que concerne ao número total de casos, o cenário C_4 registou um número ligeiramente inferior ao C_3 , correspondendo a uma diferença de 0.69%, conforme mostrado no painel esquerdo da Figura 4.36. Embora esta diferença não seja estatisticamente significativa, ela sugere que as intervenções implementadas no C_4 podem ter tido um efeito positivo, ainda que limitado, no controlo da disseminação da infeção.

Por último, no que diz respeito ao adiamento do pico das infecções, de acordo com a Tabela 4.10, o cenário C_4 demonstrou ser mais eficaz do que o C_3 , proporcionando um adiamento de 42 dias. Este adiamento é um indicador importante, pois permite que os sistemas de saúde se preparem melhor para enfrentar a carga de casos, potencialmente mitigando o impacto da pandemia.

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	18/09/2020	29/08/2020	02/10/2020	23/12/2020

Tabela 4.10: Datas de pico para cada cenário de simulação na Província de Maputo



Figura 4.36: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cidade de Maputo

Na Cidade de Maputo, conforme demonstrado no painel esquerdo da Figura 4.37, a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento significativo no número total de casos, com um incremento de 11.11% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este aumento indica que a mobilidade interprovincial pode ter contribuído de forma substancial para a propagação da infeção na região.

No painel direito da Figura 4.37, é observado um aumento de 5.53% no valor de \mathcal{R}_0 no cenário C_2 em relação ao C_1 . Contudo, é importante ressaltar que este aumento não é estatisticamente significativo, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de ambos os cenários partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%. Este resultado sugere que, apesar do incremento no número de casos, a dinâmica de transmissão não se alterou de forma significativa.

A análise comparativa entre os cenários C_3 e C_4 revela que, em termos de redução do valor de \mathcal{R}_0 , o cenário C_4 apresentou uma diferença de 1.62% em relação ao C_3 , conforme ilustrado no painel direito da Figura 4.37. No entanto, esta diferença não é estatisticamente significativa, visto que os valores de \mathcal{R}_0 de C_4 e C_3 estão dentro do mesmo intervalo de confiança de 95%.

Quanto à redução no número total de casos, conforme indicado no painel esquerdo da Figura 4.37, o cenário C_4 apresenta um número total de casos inferior ao C_3 , com uma diferença de 1.50%. Embora essa redução não seja estatisticamente significativa, ela sugere que as intervenções adotadas no C_4 podem ter um impacto positivo, mesmo que modesto, no controle da infeção.

Por fim, em relação ao adiamento do pico das infecções, de acordo com a Tabela 4.11, o cenário C_4 demonstrou ser mais eficaz do que o C_3 , proporcionando um adiamento de 35 dias. Este adiamento é um indicador relevante, pois permite uma melhor preparação dos sistemas de saúde para lidar com a carga de casos, minimizando o impacto da pandemia.



Figura 4.37: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	02/10/2020	23/08/2020	05/10/2020	29/10/2020

Tabela 4.11: Datas de pico para cada cenário de simulação na Cidade de Maputo

Todo o País

A análise dos cenários de mobilidade e intervenções ao nível nacional revela, conforme ilustrado no painel esquerdo da Figura 4.38, que a implementação do cenário C_2 (mobilidade interprovincial) resultou num aumento significativo no número total de casos, com um incremento de 19.54% em comparação com o cenário C_1 (sem mobilidade). Este resultado sugere que a mobilidade interprovincial teve um papel crucial na propagação da infeção em todo o país.

No painel direito da Figura 4.38, observa-se um aumento de 10.05% no valor de \mathcal{R}_0 no cenário C_2 em relação ao C_1 . Este aumento é estatisticamente significativo, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de C_1 e C_2 estão localizados em intervalos de confiança de 95% diferentes. Este achado reforça a necessidade de medidas rigorosas para controlar a transmissão da infeção, especialmente em contextos de mobilidade.

A análise do cenário $C_{2(A)}$, que isola a Cidade de Maputo das restantes províncias, revela uma diminuição significativa de 17.09% no número de casos cumulativos e uma redução de 3.20% no valor de \mathcal{R}_0 em comparação com o C_2 . No entanto, a diminuição do valor de \mathcal{R}_0 não é estatisticamente significativa, pois os intervalos de confiança de $C_{2(A)}$ e C_2 intersecam-se, formando um conjunto não vazio. Este resultado indica que, embora a estratégia de isolamento tenha mostrado uma tendência favorável, a evidência não é suficiente para afirmar uma diferença clara na transmissão do vírus.

A análise comparativa entre os cenários C_3 e C_4 revela que, em termos de redução do valor de \mathcal{R}_0 , conforme apresentado no painel direito da Figura 4.38, o cenário C_4 apresentou uma diferença de 2.31% em relação ao C_3 . No entanto, essa diferença não é estatisticamente significativa, uma vez que os valores de \mathcal{R}_0 de C_4 e C_3 partilham o mesmo intervalo de confiança de 95%.

Em relação à redução no número total de casos, como indicado no painel esquerdo da Figura 4.38, o cenário C_4 apresenta um número total de casos inferior ao C_3 , com uma diferença de 1.30%. Embora essa redução não seja estatisticamente significativa, sugere uma tendência positiva no impacto das intervenções aplicadas no cenário C_4 .

Por fim, quanto ao adiamento do pico das infecções, de acordo com a Tabela 4.12, o cenário C_4 demonstrou ser mais eficaz do que o C_3 , proporcionando um adiamento de 37 dias. Este adiamento é um indicador positivo, pois permite um melhor gerenciamento da carga de casos nos serviços de saúde, possibilitando uma resposta mais eficaz à crise.



Figura 4.38: Painel esquerdo: Número total de casos para cada cenário; Painel direito: O número básico de reprodução estimado para cada cenário. Os pontos pretos são as estimativas medianas dos números de reprodução, enquanto as barras finas delimitam os intervalos de confiança de 95% (IC).

Cenário	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 4
Pico	14/09/2020	23/08/2020	05/10/2020	11/11/2020

Tabela 4.12: Datas de pico para cada cenário de simulação em todo o país.

Capítulo 5

CONCLUSÃO, LIMITAÇÕES E RECOMENDAÇÕES

5.1 Conclusão

Actualmente, a pandemia de COVID-19 é considerada a maior crise global de saúde pública de todos os tempos, pela extensão geográfica por esta alcançada e pelo número de infecções e número de mortes causadas. Entre 22 de março de 2020 e 8 de abril de 2024, Moçambique registrou 2250 óbitos por COVID-19, correspondendo a cerca de 9.6% do total de casos cumulativos. A modelação epidemiológica é uma ferramenta essencial no combate a epidemias como a COVID-19, pois, de acordo com Li (2018), a modelagem epidemiológica "... pode proporcionar uma compreensão dos mecanismos subjacentes à transmissão e propagação de doenças, ajudar a identificar factores-chave no processo de transmissão, sugerir medidas eficazes de controle e prevenção, e fornecer uma estimativa da gravidade e escala potencial da epidemia."

Observando a escassez de estudos publicados que consideram aspectos como a heterogeneidade espacial de cada província na transmissão do vírus da COVID-19 em Moçambique, o impacto da mobilidade interprovincial na propagação do vírus entre as províncias e a eficácia comparativa das medidas de intervenção global (coordenação centralizada) e local (coordenação descentralizada), desenvolvemos um modelo metapopulacional para analisar o impacto da mobilidade interprovincial e a eficácia das intervenções global e local no controle da pandemia de COVID-19 em Moçambique durante o período de 2020-2021.

No nosso modelo, definimos e executamos quatro cenários principais e um subcenário de simulação. O primeiro cenário, o mais básico, corresponde ao nosso modelo calibrado, onde simulamos a transmissão do vírus em cada província, considerando a ausência de mobilidade entre as províncias, partindo do pressuposto de que as número total da população em cada província é constante ao longo do tempo. No segundo cenário, além da transmissão da doença, incluímos e simulamos a mobilidade interprovincial. O terceiro cenário é uma extensão do segundo, onde além da transmissão da doença e da mobilidade interprovincial, introduzimos a medida de intervenção global, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de serviços, considerando o número de casos activos em todo o território moçambicano como condição limite para essas acções. O quarto cenário é uma alternativa ao terceiro; é uma extensão do segundo, mas com a introdução da medida de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de intervenção local, que consistiu no fechamento e reabertura de escolas e locais de serviços o número de casos activos da própria província como condição limite. Por sua vez, o subcenário é uma variante do segundo cenário que consistiu no isolamento da Cidade de Maputo do resto do país.

Portanto, ao analisar os resultados de todos os cenários de simulação para as onze províncias moçambicanas e para o país como um todo, identificámos três principais achados que se destacam:

1. A mobilidade interprovincial acelerou a evolução da pandemia, aumentando a transmissibilidade e o número diário de casos. Com base no nosso modelo, concluímos que a mobilidade interprovincial teve um papel

crucial na disseminação da COVID-19 durante a primeira onda de infecções em Moçambique. Este resultado é apoiado pelo estudo de LingHu and Ren (2022), que observou: "*Na primeira onda do surto de COVID-19 na China, a epidemia espalhou-se rapidamente devido à migração interprovincial de Wuhan para a província de Hubei e para o resto da China.*" Assim, a nossa investigação preenche uma lacuna de conhecimento ao demonstrar empiricamente o impacto da mobilidade interprovincial na transmissibilidade da COVID-19 em diferentes províncias de Moçambique. Esta contribuição é única, pois explora a heterogeneidade espacial na propagação do vírus, um aspecto que tem sido pouco abordado em estudos anteriores.

- 2. A conectividade da Cidade de Maputo com o resto do país revelou-se um factor determinante no impacto da mobilidade interprovincial na transmissão da COVID-19 durante a primeira onda de infeções, ao reduzir significativamente o número de casos cumulativos. Apesar da redução no valor de R₀ não ser estatisticamente significativa, o isolamento de Maputo poderia ter minimizado a transmissão da doença de forma substancial. Este achado é corroborado por (Cassy et al., 2021, pág. 24), que referiu: "Destaca-se que maiores proporções de conexões se movimentam entre cada uma das outras províncias para Maputo... a disseminação da transmissão de SARS-CoV-2 teve relação com o risco epidemiológico decorrente da cidade de Maputo, tendo esta cidade registado maiores níveis de transmissão." A nossa contribuição é única, pois apresenta estimativas numéricas que indicam o potencial impacto positivo que o isolamento da Cidade de Maputo poderia ter tido na transmissibilidade e no número de casos cumulativos da primeira onda.
- 3. As intervenções locais são mais eficazes no adiamento do pico da epidemia, embora tenham um impacto estatisticamente insignificante na redução do valor de R₀ e na magnitude da onda quando comparadas com intervenções globais. O adiamento do pico é fundamental, pois permite mais tempo para que os sistemas de saúde se preparem, aumentando a capacidade hospitalar e adquirindo mais recursos, como equipamentos de protecção individual. Este resultado é consistente com o estudo de Moghadas et al. (2020), que sublinhou: "Adiar o pico da epidemia proporciona uma janela de tempo que facilita a mobilização emergencial para expandir a capacidade hospitalar." Embora a redução do R₀ seja igualmente importante para o controle da epidemia, ao reduzir a transmissibilidade do vírus, a intervenção local parece ser a mais adequada para o contexto moçambicano durante a primeira onda, em comparação com abordagens globais. Este achado também é suportado por Breda et al. (2022), que observou: "A redução do R₀ diminui o potencial de transmissão da doença e conduz ao controlo mais rápido da epidemia." Assim, a nossa pesquisa contribui de forma única ao fornecer uma comparação empírica entre as intervenções centralizadas e descentralizadas no controlo da COVID-19 em Moçambique, especialmente no que diz respeito ao fecho e reabertura de escolas e serviços, um tema pouco discutido em trabalhos anteriores.

5.2 Limitações

Na ciência, a perfeição absoluta é inatingível, e nosso estudo, assim como muitos outros estudos científicos, possui suas limitações.

A primeira limitação que gostaríamos de destacar é a restrição de recursos computacionais. A falta de um computador de alto desempenho impediu a realização simultânea dos processos de calibração e simulação para análise de sensibilidade dos parâmetros em todas as províncias. Para contornar essa restrição, realizamos as análises de forma sequencial, abordando uma província de cada vez. No entanto, para superar as limitações impostas pela capacidade computação em nuvem. Isso permitirá a execução simultânea dos processos de calibração e simulação para todas as províncias, resultando em uma análise mais integrada e eficiente.

Outra limitação do nosso estudo diz respeito à suposição de que a taxa de transmissão de cada província é constante ao longo do tempo. No entanto, durante a primeira onda de infecções por COVID-19 em Moçambique, várias intervenções foram implementadas para limitar a propagação da doença, o que implica que a taxa de transmissão pode não ter sido constante em cada província. Estudos futuros devem incorporar a variação temporal das taxas de transmissão. Recomenda-se a coleta detalhada de dados sobre intervenções específicas e seu impacto nas taxas de transmissão em cada província. Modelos que possam ajustar dinamicamente essas taxas ao longo do tempo e entre diferentes regiões proporcionarão previsões mais precisas.

Além disso, encontramos uma limitação no valor elevado da raiz do erro médio quadrático (RMSE) obtido durante a calibração do submodelo de transmissão para a província de Nampula. Esse elevado valor de RMSE indica uma discrepância significativa entre os dados observados e os modelados, o que pode afectar a precisão das previsões para essa região. Por tanto, dada a utilização de algoritmos de machine learning na calibração, em estudos futuros recomenda-se a exploração de métodos de ensemble e validação cruzada para aprimorar ainda mais a precisão dos submodelos. Além disso, aumentar a quantidade e a diversidade dos dados de entrada, pode ajudar a reduzir o RMSE e melhorar a robustez dos modelos. Experimentos adicionais com diferentes algoritmos de machine learning e ajustes finos de hiperparâmetros também podem contribuir para uma calibração mais precisa.

A próxima limitação está associada à ausência de quantificação de incerteza no nosso modelo. Apesar da importância dessa abordagem para garantir uma análise robusta dos nossos resultados, a quantificação de incertezas ainda não foi realizada devido à necessidade de um melhor entendimento e implementação de técnicas como a Colocação Estocástica, Expansão de Caos Polinomial e Índices de Sobol, usando a biblioteca Python easyvvuq. Estudos futuros, devem incorpor a quantificação de incerteza póis, tal permitirá a validação e a verificação da robustez do modelo, aumentando o assim, a confiança nas projeções geradas pelo modelo.

Além disso, outra limitação do estudo diz respeito à confiabilidade dos dados epidemiológicos disponíveis em Moçambique. As restrições na testagem e a possibilidade de subnotificações, especialmente no início da pandemia, podem ter influenciado os dados utilizados no modelo, levando a possíveis subestimações no número de casos e óbitos. O uso de dados subnotificados pode ter afetado a acurácia das previsões e a interpretação dos resultados. Portanto, estudos futuros devem procurar incorporar métodos que ajustem para subnotificações ou buscar fontes de dados mais completas e representativas para melhorar a robustez do modelo e suas previsões.

A última limitação identificada refere-se à ausência de subcenários dentro dos cenários de intervenção. Não variamos os parâmetros *Limite para fechar o país* (νG) e *Limite para fechar a província* (νL). A inclusão de tais variações poderia ter aumentado a robustez e a credibilidade dos resultados das simulações dos cenários de intervenção. Portanto, em estudos futuros, recomenda-se a construção de subcenários que variem os parâmetros *Limite para fechar o país* (νG) e *Limite para fechar a província* (νL). Explorar uma gama de valores para esses parâmetros ajudará a entender melhor como diferentes estratégias de intervenção podem afetar a propagação da doença. Isso pode aumentar a credibilidade dos resultados de simulação em diferentes contextos de política pública.

5.3 Recomendações

Tendo em conta os dois primeiros achados e as limitações do estudo, os tomadores de decisão em saúde pública em Moçambique podem utilizar os resultados desta investigação como uma ferramenta estratégica para o planeamento de políticas eficazes no controle de futuras epidemias semelhantes à COVID-19. Compreender o papel da mobilidade interprovincial na aceleração da transmissibilidade do vírus e no aumento dos casos diários é essencial para implementar medidas de gestão da mobilidade entre províncias. Estas medidas podem incluir restrições temporárias de mobilidade, mecanismos de controle nas fronteiras provinciais e campanhas de sensibilização para reduzir deslocações desnecessárias. Ao controlar eficazmente a mobilidade interprovincial, os decisores podem mitigar a propagação do vírus, proteger a saúde pública e prevenir surtos generalizados.

Contudo, é importante que os tomadores de decisão estejam cientes das limitações do estudo e do impacto que estas podem ter na aplicabilidade dos resultados. A ausência de quantificação de incertezas no modelo compromete a robustez das previsões, uma vez que não foram avaliadas adequadamente as margens de erro associadas às projecções. Isso pode limitar a confiança nas estimativas fornecidas e, consequentemente, influenciar a tomada de decisões com base em resultados que carecem de uma análise mais precisa da incerteza.

Além disso, a confiabilidade dos dados epidemiológicos utilizados no modelo, afectada pela subnotificação de

casos e óbitos devido a limitações na testagem, pode ter distorcido os resultados. A subnotificação pode resultar em subestimação da verdadeira magnitude da epidemia, o que pode comprometer a eficácia das políticas de controle baseadas nesses dados. Os decisores devem estar cientes de que as estratégias baseadas em informações incompletas podem não refletir o cenário real da pandemia.

Finalmente, com base no terceiro achado, os responsáveis pela formulação de políticas em Moçambique podem otimizar as suas estratégias de resposta a epidemias futuras. O estudo demonstra que intervenções locais são mais eficazes para adiar o pico da epidemia, proporcionando um tempo valioso para a preparação dos sistemas de saúde, embora tenham um impacto limitado na redução imediata do valor de \mathcal{R}_0 e na magnitude da onda, quando comparadas com intervenções globais. Este conhecimento pode ser aplicado no planeamento de intervenções mais direcionadas para o controle de surtos localizados, o que é particularmente relevante em províncias ou regiões com menor capacidade hospitalar.

Ao priorizar intervenções locais, como o isolamento de áreas específicas com alta transmissão e a gestão de recursos a nível provincial, Moçambique poderá aumentar a sua capacidade de resposta e evitar a sobrecarga dos sistemas de saúde. No entanto, é importante que essas decisões considerem as limitações apresentadas, de modo a maximizar a eficácia das estratégias e mitigar os impactos negativos decorrentes da incerteza nos dados e nas projecções.

Bibliografia

- Ajelli, M., Gonçalves, B., Balcan, D., Colizza, V., Hu, H., Ramasco, J. J., Merler, S., and Vespignani, A. (2010). Comparing large-scale computational approaches to epidemic modeling: agent-based versus structured metapopulation models. *BMC infectious diseases*, 10(1):1–13.
- Akiba, T., Sano, S., Yanase, T., Ohta, T., and Koyama, M. (2019). Optuna: A next-generation hyperparameter optimization framework. In *Proceedings of the 25th ACM SIGKDD international conference on knowledge discovery* & data mining, pages 2623–2631.
- Aleta, A., Martin-Corral, D., Pastore y Piontti, A., Ajelli, M., Litvinova, M., Chinazzi, M., Dean, N. E., Halloran, M. E., Longini Jr, I. M., Merler, S., et al. (2020). Modelling the impact of testing, contact tracing and household quarantine on second waves of covid-19. *Nature Human Behaviour*, 4(9):964–971.
- Allen, L. J. (2008). An introduction to stochastic epidemic models. In *Mathematical epidemiology*, pages 81–130. Springer.
- Anderson, S. C., Edwards, A. M., Yerlanov, M., Mulberry, N., Stockdale, J. E., Iyaniwura, S. A., Falcao, R. C., Otterstatter, M. C., Irvine, M. A., Janjua, N. Z., et al. (2020). Quantifying the impact of covid-19 control measures using a bayesian model of physical distancing. *PLoS computational biology*, 16(12):e1008274.
- Arino, J. and van den Driessche, P. (2003). A multi-city epidemic model. *Mathematical Population Studies*, 10(3):175–193.
- Ashique, S., Gupta, K., Gupta, G., Mishra, N., Singh, S. K., Wadhwa, S., Gulati, M., Dureja, H., Zacconi, F., Oliver, B. G., et al. (2023). Vitamin d—a prominent immunomodulator to prevent covid-19 infection. *International journal of rheumatic diseases*, 26(1):13–30.
- Azkur, A. K., Akdis, M., Azkur, D., Sokolowska, M., van de Veen, W., Brüggen, M.-C., O'Mahony, L., Gao, Y., Nadeau, K., and Akdis, C. A. (2020). Immune response to sars-cov-2 and mechanisms of immunopathological changes in covid-19. *Allergy*, 75(7):1564–1581.
- Balcan, D., Colizza, V., Gonçalves, B., Hu, H., Ramasco, J. J., and Vespignani, A. (2009a). Multiscale mobility networks and the spatial spreading of infectious diseases. *Proceedings of the national academy of sciences*, 106(51):21484–21489.
- Balcan, D., Gonçalves, B., Hu, H., Ramasco, J. J., Colizza, V., and Vespignani, A. (2010). Modeling the spatial spread of infectious diseases: The global epidemic and mobility computational model. *Journal of computational science*, 1(3):132–145.
- Balcan, D., Hu, H., Goncalves, B., Bajardi, P., Poletto, C., Ramasco, J. J., Paolotti, D., Perra, N., Tizzoni, M., Van den Broeck, W., et al. (2009b). Seasonal transmission potential and activity peaks of the new influenza a (h1n1): a monte carlo likelihood analysis based on human mobility. *BMC medicine*, 7:1–12.
- Bauch, C. T., Lloyd-Smith, J. O., Coffee, M. P., and Galvani, A. P. (2005). Dynamically modeling sars and other newly emerging respiratory illnesses: past, present, and future. *Epidemiology*, 16(6):791–801.

- Bergstra, J., Bardenet, R., Bengio, Y., and Kégl, B. (2011). Algorithms for hyper-parameter optimization. *Advances in neural information processing systems*, 24.
- Bittihn, P., Hupe, L., Isensee, J., and Golestanian, R. (2021). Local measures enable covid-19 containment with fewer restrictions due to cooperative effects. *EClinicalMedicine*, 32.
- Boelle, P.-Y. and Obadia, T. (2023). Estimation of r0 and real-time reproduction number from epidemics. https://github.com/tobadia/R0.
- Brauer, F. (2017). Mathematical epidemiology: Past, present, and future. Infectious Disease Modelling, 2(2):113-127.
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C., and Castillo-Chavez, C. (2012). *Mathematical models in population biology and epidemiology*, volume 2. Springer.
- Breda, D., De Reggi, S., Scarabel, F., Vermiglio, R., and Wu, J. (2022). Bivariate collocation for computing r0 in epidemic models with two structures. *Computers & Mathematics with Applications*, 116:15–24.
- Byrne, A. W., McEvoy, D., Collins, A. B., Hunt, K., Casey, M., Barber, A., Butler, F., Griffin, J., Lane, E. A., McAloon, C., et al. (2020). Inferred duration of infectious period of sars-cov-2: rapid scoping review and analysis of available evidence for asymptomatic and symptomatic covid-19 cases. *BMJ open*, 10(8):e039856.
- Cassy, A., Marrufo, T., and Chicumbe, S. (2021). Covid-19 em moçambique: Relatório do 1º ano, 2020-2021. Technical report, Instituto Nacional de Saúde, Moçambique.
- Chams, N., Chams, S., Badran, R., Shams, A., Araji, A., Raad, M., Mukhopadhyay, S., Stroberg, E., Duval, E. J., Barton, L. M., et al. (2020). Covid-19: a multidisciplinary review. *Frontiers in public health*, 8:383.
- Charaudeau, S., Pakdaman, K., and Boëlle, P.-Y. (2014). Commuter mobility and the spread of infectious diseases: application to influenza in france. *PloS one*, 9(1):e83002.
- Ciotti, M., Ciccozzi, M., Pieri, M., and Bernardini, S. (2022). The covid-19 pandemic: viral variants and vaccine efficacy. *Critical reviews in clinical laboratory sciences*, 59(1):66–75.
- Colizza, V., Barrat, A., Barthelemy, M., Valleron, A.-J., and Vespignani, A. (2007a). Modeling the worldwide spread of pandemic influenza: baseline case and containment interventions. *PLoS medicine*, 4(1):e13.
- Colizza, V., Barrat, A., Barthélemy, M., and Vespignani, A. (2007b). Predictability and epidemic pathways in global outbreaks of infectious diseases: the sars case study. *BMC medicine*, 5:1–13.
- Colizza, V. and Vespignani, A. (2008). Epidemic modeling in metapopulation systems with heterogeneous coupling pattern: Theory and simulations. *Journal of theoretical biology*, 251(3):450–467.
- Comissal, H. (2023). Estatísticas e indicadores do ensino superior em moçambique 2020. Technical report, Ministério de Ciência, Tecnologias e Ensino Superior.
- Cori, A., Kamvar, Z., Stockwin, J., Jombart, T., Dahlqwist, E., FitzJohn, R., Thompson, R., Nash, R., Wardle, J., and Bhatia, S. (2022). EpiEstim v2.2-4: A tool to estimate time varying instantaneous reproduction number during epidemics. https://github.com/mrc-ide/EpiEstim.
- Cowling, B. J., Ali, S. T., Ng, T. W., Tsang, T. K., Li, J. C., Fong, M. W., Liao, Q., Kwan, M. Y., Lee, S. L., Chiu, S. S., et al. (2020). Impact assessment of non-pharmaceutical interventions against coronavirus disease 2019 and influenza in hong kong: an observational study. *The Lancet Public Health*, 5(5):e279–e288.
- Cuifang, Q., Liren, Y., Zixuan, Y., SHANG, L., Guilan, X., Ruiqi, W., Shanshan, W., and Wenfang, Y. (2020). The influencing factors of interprovincial transmission and development of covid-19: Data analysis based on 30 provinces and cities in china. *Xi'an jiao tong da xue xue bao. Yi xue ban*, (5):757.

- David, J., Bragazzi, N. L., Scarabel, F., McCarthy, Z., and Wu, J. (2022). Non-pharmaceutical intervention levels to reduce the covid-19 attack ratio among children. *Royal Society Open Science*, 9(3):211863.
- de Souza Melo, A., da Penha Sobral, A. I. G., Marinho, M. L. M., Duarte, G. B., Vieira, A. A., and Sobral, M. F. F. (2021). The impact of social distancing on covid-19 infections and deaths. *Tropical Diseases, Travel Medicine and Vaccines*, 7:1–7.
- Delamater, P. L., Street, E. J., Leslie, T. F., Yang, Y. T., and Jacobsen, K. H. (2019). Complexity of the basic reproduction number (r0). *Emerging infectious diseases*, 25(1):1.
- Dharmaratne, S., Sudaraka, S., Abeyagunawardena, I., Manchanayake, K., Kothalawala, M., and Gunathunga, W. (2020). Estimation of the basic reproduction number (r0) for the novel coronavirus disease in sri lanka. *Virology Journal*, 17:1–7.
- Di Domenico, L., Pullano, G., Sabbatini, C. E., Boëlle, P.-Y., and Colizza, V. (2020). Impact of lockdown on covid-19 epidemic in île-de-france and possible exit strategies. *BMC medicine*, 18(1):1–13.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., and Metz, J. A. J. (1990). On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r 0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of mathematical biology*, 28:365–382.
- Eldred, M. and Burkardt, J. (2009). Comparison of non-intrusive polynomial chaos and stochastic collocation methods for uncertainty quantification. In 47th AIAA aerospace sciences meeting including the new horizons forum and aerospace exposition, page 976.
- Falcão, V., da Silva, C. F. A., da Silva, F. G. F., Negri, N. A. R., de Andrade, M. O., and da Silva Queiroz, H. (2022). Contribution of international air transport at the entrance of covid-19 in brazil. *Ciencia y Poder Aéreo*, 17(2):23–35.
- Fernandes, R. B. F. (2019). Iv recenseamento geral da populaÇÃo e habitaÇÃo 2017. Technical report, Instituto Nacional de Estatistica.
- Flato, G., Marotzke, J., Abiodun, B., Braconnot, P., Chou, S. C., Collins, W., Cox, P., Driouech, F., Emori, S., Eyring, V., et al. (2014). Evaluation of climate models. In *Climate change 2013: the physical science basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*, pages 741–866. Cambridge University Press.
- Garske, T., Yu, H., Peng, Z., Ye, M., Zhou, H., Cheng, X., Wu, J., and Ferguson, N. (2011). Travel patterns in china. *PloS one*, 6(2):e16364.
- Gathergood, J. and Guttman-Kenney, B. (2020). The english patient: evaluating local lockdowns using real-time covid-19 & consumption data. *arXiv preprint arXiv:2010.04129*.
- Ghatak, A., Singh Patel, S., Bonnerjee, S., and Roy, S. (2022). A generalized epidemiological model with dynamic and asymptomatic population. *Statistical Methods in Medical Research*, 31(11):2137–2163.
- Grangeiro, A., Escuder, M. M. L., and Castilho, E. A. (2010). Magnitude e tendência da epidemia de aids em municípios brasileiros de 2002-2006. *Revista de Saúde Pública*, 44:430–441.
- Guglielmi, S., Dotti Sani, G. M., Molteni, F., Biolcati, F., Chiesi, A. M., Ladini, R., Maraffi, M., Pedrazzani, A., and Vezzoni, C. (2020). Public acceptability of containment measures during the covid-19 pandemic in italy: how institutional confidence and specific political support matter. *International Journal of Sociology and Social Policy*, 40(9/10):1069–1085.
- Gugole, F., Coffeng, L. E., Edeling, W., Sanderse, B., De Vlas, S. J., and Crommelin, D. (2021). Uncertainty quantification and sensitivity analysis of covid-19 exit strategies in an individual-based transmission model. *PLoS computational biology*, 17(9):e1009355.

- Gupta, N. (2023). On the calibration of compartmental epidemiological models. Master's thesis, New York University Tandon School of Engineering.
- He, S., Tang, S., Rong, L., et al. (2020). A discrete stochastic model of the covid-19 outbreak: Forecast and control. *Math. Biosci. Eng*, 17(4):2792–2804.
- Herman, J. and Usher, W. (2017). Salib: An open-source python library for sensitivity analysis. *Journal of Open Source Software*, 2(9):97.
- Heydari, S., Huang, Z., Hiraoka, T., de León Chávez, A. P., Ala-Nissila, T., Leskelä, L., Kivelä, M., and Saramäki, J. (2023). Estimating inter-regional mobility during disruption: Comparing and combining different data sources. *Travel Behaviour and Society*, 31:93–105.
- Huang, R., Liu, M., and Ding, Y. (2020). Spatial-temporal distribution of covid-19 in china and its prediction: A data-driven modeling analysis. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 14(03):246–253.
- Hufnagel, L., Brockmann, D., and Geisel, T. (2004). Forecast and control of epidemics in a globalized world. *Proceedings of the national academy of sciences*, 101(42):15124–15129.
- Karatayev, V. A., Anand, M., and Bauch, C. T. (2020). Local lockdowns outperform global lockdown on the far side of the covid-19 epidemic curve. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(39):24575–24580.
- Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc R Soc A*, 115:700–721.
- Khan, K., Arino, J., Hu, W., Raposo, P., Sears, J., Calderon, F., Heidebrecht, C., Macdonald, M., Liauw, J., Chan, A., et al. (2009). Spread of a novel influenza a (h1n1) virus via global airline transportation. *New England journal of medicine*, 361(2):212–214.
- Kucharski, A. J., Russell, T. W., Diamond, C., Liu, Y., Edmunds, J., Funk, S., Eggo, R. M., Sun, F., Jit, M., Munday, J. D., et al. (2020). Early dynamics of transmission and control of covid-19: a mathematical modelling study. *The lancet infectious diseases*, 20(5):553–558.
- Lauer, S. A., Grantz, K. H., Bi, Q., Jones, F. K., Zheng, Q., Meredith, H. R., Azman, A. S., Reich, N. G., and Lessler, J. (2020). The incubation period of coronavirus disease 2019 (covid-19) from publicly reported confirmed cases: estimation and application. *Annals of internal medicine*, 172(9):577–582.
- Lekone, P. E. and Finkenstädt, B. F. (2006). Statistical inference in a stochastic epidemic seir model with control intervention: Ebola as a case study. *Biometrics*, 62(4):1170–1177.
- Li, L., Jamieson, K., DeSalvo, G., Rostamizadeh, A., and Talwalkar, A. (2017). Hyperband: A novel bandit-based approach to hyperparameter optimization. *The journal of machine learning research*, 18(1):6765–6816.
- Li, M. Y. (2018). An introduction to mathematical modeling of infectious diseases, volume 2. Springer.
- Li, Y., Undurraga, E. A., and Zubizarreta, J. R. (2022). Effectiveness of localized lockdowns in the covid-19 pandemic. *American Journal of Epidemiology*, 191(5):812–824.
- LingHu, Y. and Ren, S. (2022). Analysis of the impact of interprovincial migration on the first wave of covid-19 transmission in china. *SAGE Open*, 12(1):21582440221085572.
- Lipshtat, A., Alimi, R., and Ben-Horin, Y. (2021). Commuting in metapopulation epidemic modeling. *Scientific reports*, 11(1):15198.
- Lisboa, O. (2020). Covid-19 afecta empresas em moçambique. https://www.rfi.fr/pt/mo%C3%A7ambique/ 20200410-covid-19-afecta-empresas-em-mo%C3%A7ambique.

- Longini Jr, I. M., Nizam, A., Xu, S., Ungchusak, K., Hanshaoworakul, W., Cummings, D. A., and Halloran, M. E. (2005). Containing pandemic influenza at the source. *Science*, 309(5737):1083–1087.
- Magaua, E. A. M. (2021). Anuário estatístico 2020 moçambique. Technical report, Instituto Nacional de Estatistica.
- Martcheva, M. (2015). An introduction to mathematical epidemiology, volume 61. Springer.
- Masucci, A. P., Serras, J., Johansson, A., and Batty, M. (2013). Gravity versus radiation models: On the importance of scale and heterogeneity in commuting flows. *Physical Review E*, 88(2):022812.
- Mathieu, E., Ritchie, H., Rodés-Guirao, L., Appel, C., Giattino, C., Hasell, J., Macdonald, B., Dattani, S., Beltekian, D., Ortiz-Ospina, E., and Roser, M. (2020). Coronavirus pandemic (covid-19). *Our World in Data*. https://ourworldindata.org/coronavirus.
- McKerns, M. and Aivazis, M. (2010). Pathos: a framework for heterogeneous computing. *See http://trac. mystic. cacr. caltech. edu/project/pathos.*
- McKerns, M. M., Strand, L., Sullivan, T., Fang, A., and Aivazis, M. A. (2012). Building a framework for predictive science. *arXiv preprint arXiv:1202.1056*.
- MISAU (2020). Covid-19 boletins diários. https://www.misau.gov.mz/index.php/ covid-19-boletins-diarios [Acesso em: 30 de Junho de 2023].
- Moghadas, S. M., Shoukat, A., Fitzpatrick, M. C., Wells, C. R., Sah, P., Pandey, A., Sachs, J. D., Wang, Z., Meyers, L. A., Singer, B. H., et al. (2020). Projecting hospital utilization during the covid-19 outbreaks in the united states. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(16):9122–9126.
- Ochani, R., Asad, A., Yasmin, F., Shaikh, S., Khalid, H., Batra, S., Sohail, M. R., Mahmood, S. F., Ochani, R., Hussham Arshad, M., et al. (2021). Covid-19 pandemic: from origins to outcomes. a comprehensive review of viral pathogenesis, clinical manifestations, diagnostic evaluation, and management. *Infez Med*, 29(1):20–36.
- Organization, W. H. et al. (2005). Who global influenza preparedness plan: the role of who and recommendations for national measures before and during pandemics. Technical report, World Health Organization.
- Pappalardo, L., Simini, F., Barlacchi, G., and Pellungrini, R. (2022). scikit-mobility: A python library for the analysis, generation, and risk assessment of mobility data. *Journal of Statistical Software*, 103(1):1–38.
- Patiño-Lugo, D. F., Vélez, M., Velásquez Salazar, P., Vera-Giraldo, C. Y., Vélez, V., Marín, I. C., Ramírez, P. A., Quintero, S. P., Castrillón Martínez, E., Pineda Higuita, D. A., et al. (2020). Non-pharmaceutical interventions for containment, mitigation and suppression of covid-19 infection. *Colombia Medica*, 51(2).
- Paulo, C. M., Fontinele, F. N., and Cintra, P. H. P. (2020). Forecasting covid-19 pandemic in mozambique and estimating possible scenarios. *arXiv preprint arXiv:2007.13933*.
- Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., Blondel, M., Prettenhofer, P., Weiss, R., Dubourg, V., Vanderplas, J., Passos, A., Cournapeau, D., Brucher, M., Perrot, M., and Duchesnay, E. (2011). Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 12:2825–2830.
- Prem, K., Liu, Y., Russell, T. W., Kucharski, A. J., Eggo, R. M., Davies, N., Flasche, S., Clifford, S., Pearson, C. A., Munday, J. D., et al. (2020). The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the covid-19 epidemic in wuhan, china: a modelling study. *The lancet public health*, 5(5):e261–e270.
- Reyna-Lara, A., Soriano-Paños, D., Arenas, A., and Gómez-Gardeñes, J. (2022). The interconnection between independent reactive control policies drives the stringency of local containment. *Chaos, Solitons & Fractals*, 158:112012.

- Richardson, R. A., Wright, D. W., Edeling, W., Jancauskas, V., Lakhlili, J., and Coveney, P. V. (2020). Easyvvuq: a library for verification, validation and uncertainty quantification in high performance computing. *Journal of open research software*, 8(1).
- Saltelli, A., Ratto, M., Andres, T., Campolongo, F., Cariboni, J., Gatelli, D., Saisana, M., and Tarantola, S. (2008). *Global sensitivity analysis: the primer*. John Wiley & Sons.
- Sattenspiel, L. and Dietz, K. (1995). A structured epidemic model incorporating geographic mobility among regions. *Mathematical biosciences*, 128(1-2):71–91.
- Sauver, J. L. S., Grossardt, B. R., Leibson, C. L., Yawn, B. P., Melton III, L. J., and Rocca, W. A. (2012). Generalizability of epidemiological findings and public health decisions: an illustration from the rochester epidemiology project. In *Mayo Clinic Proceedings*, volume 87, pages 151–160. Elsevier.
- Scavuzzo, J., Espinosa, M., Di Fino, E., Abril, M., Peralta, G., and Scavuzzo, C. (2018). Spatial generalization of epidemiological models based on the normalized environmental distance ned concept. In 2018 IEEE Biennial Congress of Argentina (ARGENCON), pages 1–6. IEEE.
- Silva, G. C. and Ribeiro, E. M. S. (2023). The impact of brazil's transport network on the spread of covid-19. *Scientific Reports*, 13(1):2240.
- Simini, F., González, M. C., Maritan, A., and Barabási, A.-L. (2012). A universal model for mobility and migration patterns. *Nature*, 484(7392):96–100.
- Sjödin, H., Rocklöv, J., and Britton, T. (2021). Evaluating and optimizing covid-19 vaccination policies: A case study of sweden. *medRxiv*, pages 2021–04.
- Sobol, I. M. (2001). Global sensitivity indices for nonlinear mathematical models and their monte carlo estimates. *Mathematics and computers in simulation*, 55(1-3):271–280.
- Sudret, B. (2008). Global sensitivity analysis using polynomial chaos expansions. *Reliability engineering & system safety*, 93(7):964–979.
- Tang, G., Iaccarino, G., and Eldred, M. (2010). Global sensitivity analysis for stochastic collocation. In 51st AIAA/ASME/ASCE/AHS/ASC Structures, Structural Dynamics, and Materials Conference 18th AIAA/ASME/AHS Adaptive Structures Conference 12th, page 2922.
- Tizzoni, M., Bajardi, P., Decuyper, A., Kon Kam King, G., Schneider, C. M., Blondel, V., Smoreda, Z., González, M. C., and Colizza, V. (2014). On the use of human mobility proxies for modeling epidemics. *PLoS computational biology*, 10(7):e1003716.
- Valle, S. Y. D., Mniszewski, S. M., and Hyman, J. M. (2013). Modeling the impact of behavior changes on the spread of pandemic influenza. *Modeling the interplay between human behavior and the spread of infectious diseases*, pages 59–77.
- Van den Driessche, P. and Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical biosciences*, 180(1-2):29–48.
- Ventura, P. C., Aleta, A., Rodrigues, F. A., and Moreno, Y. (2022). Modeling the effects of social distancing on the large-scale spreading of diseases. *Epidemics*, 38:100544.
- Viboud, C., Bjørnstad, O. N., Smith, D. L., Simonsen, L., Miller, M. A., and Grenfell, B. T. (2006). Synchrony, waves, and spatial hierarchies in the spread of influenza. *science*, 312(5772):447–451.
- Von Csefalvay, C. (2023). Computational Modeling of Infectious Disease: With Applications in Python. Elsevier.

- Wang, J., Xu, J., and Wang, X. (2018). Combination of hyperband and bayesian optimization for hyperparameter optimization in deep learning. *arXiv preprint arXiv:1801.01596*.
- Weber, S. and Forde-Folle, K. (2007). Use of epidemiological models for the management of animal diseases.
- White, L. F., Wallinga, J., Finelli, L., Reed, C., Riley, S., Lipsitch, M., and Pagano, M. (2009). Estimation of the reproductive number and the serial interval in early phase of the 2009 influenza a/h1n1 pandemic in the usa. *Influenza and other respiratory viruses*, 3(6):267–276.
- WORLDMETER (2024). Covid coronavirus statistics worldometer. https://www.worldometers.info/ coronavirus/.
- Wright, D. W., Richardson, R. A., Edeling, W., Lakhlili, J., Sinclair, R. C., Jancauskas, V., Suleimenova, D., Bosak, B., Kulczewski, M., Piontek, T., et al. (2020). Building confidence in simulation: applications of easyvvuq. *Advanced Theory and Simulations*, 3(8):1900246.
- Yang, W., Shaff, J., and Shaman, J. (2021). Effectiveness of non-pharmaceutical interventions to contain covid-19: a case study of the 2020 spring pandemic wave in new york city. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(175):20200822.
- Yerlanov, M. (2021). Effective population size in infectious disease models. Master's thesis, Simon Fraser University.
- Zhang, Y., Zhang, A., and Wang, J. (2020). Exploring the roles of high-speed train, air and coach services in the spread of covid-19 in china. *Transport Policy*, 94:34–42.
- Zhu, X. and Sudret, B. (2021). Global sensitivity analysis for stochastic simulators based on generalized lambda surrogate models. *Reliability Engineering & System Safety*, 214:107815.

Apêndice A

CÓDIGO FONTE

A.1 Módulo 1: config.py

edge = [(0, 1, {"peso": 986}), (0, 2, {"peso": 119}), (0, 3, {"peso": 74}), (0, 4, {"peso": 24}) ,(0, 5, {"peso": 13}), (0, 6, {"peso": 17}), (0, 7, {"peso": 16}), (0, 8, {"peso": 12}),(0, 9, {"peso": 46}), (0, 10, {"peso": 23}), (1, 0, {"peso": 396}), (1, 2, {"peso": 1547}), (1, 3, {"peso": 509}), (1, 4, {"peso": 172}),(1, 5, {"peso": 68}), (1, 6, {"peso": 145}), (1, 7, {"peso": 85}), (1, 8, {"peso": 62}) ,(1, 9, {"peso": 267}), (1, 10, {"peso": 229}), (2, 0, {"peso": 111}), (2, 1, {"peso": 1513}), (2, 3, {"peso": 399*0.8}), (2, 4, {"peso": 66}),(2, 5, {"peso": 32}), (2, 6, {"peso": 77}), (2, 7, {"peso": 45}), (2, 8, {"peso": 39}) ,(2, 9, {"peso": 139}), (2, 10, {"peso": 113}), 8 (3, 0, {"peso": 196}), (3, 1, {"peso": 214}), (3, 2, {"peso": 1476}), (3, 4, {"peso": 9 150}),(3, 5, {"peso": 127}), (3, 6, {"peso": 401}), (3, 7, {"peso": 56}), (3, 8, {"peso": 59}, (3, 9, {"peso": 235}), (3, 10, {"peso": 180}), 10 (4, 0, {"peso": 61}), (4, 1, {"peso": 73}), (4, 2, {"peso": 89}), (4, 3, {"peso": 310}), (4, 5, {"peso": 626}), (4, 6, {"peso": 434}), (4, 7, {"peso": 30}), (4, 8, {"peso": 21}), (4, 9, {"peso": 81}), (4, 10, {"peso": 43}), (5, 0, {"peso": 2}), (5, 1, {"peso": 0}), (5, 2, {"peso": 1}), (5, 3, {"peso": 45}), (5, 4, {"peso": 169}), (5, 6, {"peso": 624}), (5, 7, {"peso": 67}), (5, 8, {"peso": 15}), (5, 9, {"peso": 62}), (5, 10, {"peso": 21}), 14 (6, 0, {"peso": 16}), (6, 1, {"peso": 1}), (6, 2, {"peso": 54}), (6, 3, {"peso": 515}), 15 (6, 4, {"peso": 66}), (6, 5, {"peso": 646}), (6, 7, {"peso": 94}), (6, 8, {"peso": 42}), (6, 9, {"peso": 11}), (6, 10, {"peso": 55}), 16 (7, 0, {"peso": 0}), (7, 1, {"peso": 3}), (7, 2, {"peso": 1}), (7, 3, {"peso": 3}), (7, 4, {"peso": 2}), (7, 5, {"peso": 0}), (7, 6, {"peso": 2}), (7, 8, {"peso": 868}), (7, 9, {" peso": 710}), (7, 10, {"peso": 115}), 18 (8, 0, {"peso": 0}), (8, 1, {"peso": 2}), (8, 2, {"peso": 3}), (8, 3, {"peso": 1}), (8, 19 4, {"peso": 0}), (8, 5, {"peso": 2}), (8, 6, {"peso": 1}), (8, 7, {"peso": 897}), (8, 9, {" peso": 779}), (8, 10, {"peso": 129}), 20 (9, 0, {"peso": 76}), (9, 1, {"peso": 184}), (9, 2, {"peso": 172}), (9, 3, {"peso": 223}) , (9, 4, {"peso": 117}), (9, 5, {"peso": 82}), (9, 6, {"peso": 122}), (9, 7, {"peso": 128}), (9, 8, {"peso": 148}), (9, 10, {"peso": 12447}),

22	
23	(10, 0, {"peso": 838}), (10, 1, {"peso": 2275}), (10, 2, {"peso": 1797}), (10, 3, {"peso"
	: 2471}), (10, 4, {"peso": 1307}), (10, 5, {"peso": 985}), (10, 6, {"peso": 1400}), (10, 7, {
	"peso": 1753}),(10, 8, {"peso": 2006}), (10, 9, {"peso": 21166}),
24	
25]
26	
27	

Listing A.1: Origin-Destination Matrix

adaa MC Out - [
$e_{uge_{int}} = 0$
$(0, 1, \{peso : 986\}), (0, 2, \{peso : 119\}), (0, 3, \{peso : 74\}), (0, 4, \{peso : 24\})$
,(0, 5,{"peso": 13}), (0, 6, {"peso": 17}), (0, 7,{"peso": 16}), (0, 8, {"peso": 12}),(0, 9,{
"peso": 46}), (0, 10, {"peso": 0}),
(1, 0, {"peso": 396}), (1, 2, {"peso": 1547}), (1, 3, {"peso": 509}), (1, 4, {"peso":
172}),(1, 5, {"peso": 68}), (1, 6, {"peso": 145}), (1, 7, {"peso": 85}), (1, 8, {"peso": 62})
.(1, 9, {"peso": 267}), (1, 10, {"peso": 0}),
(2) {"noco", 111) (2) {"noco", 1513) (2 } {"noco", 200*0 }) (2) { {"noco",
$(2, 0, \{ peso : III_{j}\}, (2, 1, \{ peso : III_{j}\}, (2, 3, \{ peso : JJJ 0, (2, 4, \{ peso : G 0, (2, 4, \{ peso : G 0, (2, 4, \{ peso : G 0, (2, 4, (1, 2))\})$
001),(2, 3, 1 peso . 321), (2, 0, 1 peso . 71), (2, 7, 1 peso . 431), (2, 6, 1 peso . 331)
,(2, 9, {"peso": 139}), (2, 10, {"peso": 0}),
(3, 0, {"peso": 196}), (3, 1, {"peso": 214}), (3, 2, {"peso":1476}), (3, 4, {"peso":
150}),(3, 5, {"peso": 127}), (3, 6, {"peso": 401}), (3, 7, {"peso": 56}), (3, 8, {"peso":
59}, (3, 9, {"peso": 235}), (3, 10, {"peso": 0}),
(4, 0, {"peso": 61}), (4, 1, {"peso": 73}), (4, 2, {"peso": 89}), (4, 3, {"peso": 310}),
(4, 5, {"peso": 626}), (4, 6, {"peso": 434}), (4, 7, {"peso": 30}), (4, 8, {"peso": 21}), (4,
9. {"neso": 81}). (4. 10. {"neso": 0}).
o, (peee : oly), (1, le, (peee : o)),
(F
(3, 0, 1) peso . 2)), $(3, 1, 1)$ peso . 0)), $(3, 2, 1)$ peso . 1)), $(3, 3, 1)$ peso . 4)), $(3, 4)$
4, { peso : 109}), (5, 6, { peso : 624}), (5, 7, { peso : 67}), (5, 8, { peso : 15}), (5, 9,
{"peso": 62}), (5, 10, {"peso": 0}),
(6, 0, {"peso": 16}), (6, 1, {"peso": 1}), (6, 2, {"peso": 54}), (6, 3, {"peso": 515}),
(6, 4, {"peso": 66}), (6, 5, {"peso": 646}), (6, 7, {"peso": 94}), (6, 8, {"peso": 42}), (6,
9, {"peso": 11}), (6, 10, {"peso": 0}),
(7, 0, {"peso": 0}), (7, 1, {"peso": 3}), (7, 2, {"peso": 1}), (7, 3, {"peso": 3}), (7,
4, {"peso": 2}), (7, 5, {"peso": 0}), (7, 6, {"peso": 2}), (7, 8, {"peso": 868}), (7, 9, {"
peso": 710}). (7, 10, {"peso": 0}).
(8 0 {"neso": 0}) (8 1 {"neso": 2}) (8 2 {"neso": 3}) (8 3 {"neso": 1}) (8
4, 1 peso . $0, 1, 0, 3, 1$ peso . $2, 1, 1, 0, 0, 1$ peso . $1, 1, 0, 1, 1$ peso . $0, 1, 1, 0, 3, 1$
peso : //9}), (8, 10, { peso : 0}),
(9, 0, {"peso": 76}), (9, 1, {"peso": 184}), (9, 2, {"peso": 172}), (9, 3, {"peso": 223})
, (9, 4, {"peso": 117}), (9, 5, {"peso": 82}), (9, 6, {"peso": 122}), (9, 7, {"peso": 128}),
(9, 8, {"peso": 148}), (9, 10, {"peso": 0}),
(10, 0, {"peso": 0}), (10, 1, {"peso": 0}), (10, 2, {"peso": 0}), (10, 3, {"peso": 0}),
(10, 4, {"peso": 0}), (10, 5, {"peso": 985}), (10, 6, {"peso": 0}), (10, 7, {"peso": 0}),(10.
8. {"peso": 0}). (10. 9. {"peso": 0}).
1
, ,

Listing A.2: Origin-Destination Matrix, with Maputo-City Isolation

```
botao = [81, 63, 113, 177, 113, 10, 42, 27, 29, 723, 1871] # Cada elemento da lista é um
limiar para fechar uma província.
nu_g=sum(botao) # Limiar para fechar o país.
```

Listing A.3: Limiares para fechar as províncias e todo o país.

A.2 Módulo 2: nodemodel.py

```
# Importar pacotes e módulos
          import collections as cl # Container de tipos de dados.
                                   # Simualções numéricas e processamento de dados.
4
          import numpy as np
          import pandas as pd
                                   # Guardar, carregar e analisar dados.
5
                                    # Carregar dados de entrada do modelo.
6
          import config
          class NodeModel(cl.UserDict):
              statelist = list("SEIAHRD") # Lista de compartimentos do modelo epidemico.
10
              transitions = [("S", "E"), ("E", ("I", "A")), ("I", ("H", "R")), ("A", "R"),
                               ("H", ("R", "D"))] # Lista das trasições entre os compartimentos.
              def __init__(self, model, N, I0, beta, start_day, xi, alpha, rho, mu, gamma_1,
14
                  gamma_2, gamma_3, omega, node_ID, nu_1):
                   """ Cria uma instância do objecto NodeMOdel.
16
18
                  Parâmetros:
19
                  model : Modelo computacional que simula a transmissão da doença e a mobilidade em
20
                           todas as subpopulações em simultâneo.
                  N : Número de indivíduos residentes na subpopulação i no tempo t = 0.
23
24
                  IQ : Número inicial de infecciosos.
25
26
                  beta : Taxa de infecção.
28
                  start_day : Data de notificação do primeiro caso (controla a inicialização do
29
                               modelo).
30
                  xi : Parâmetro de controle da função de incidência.
33
                  alpha : Taxa de incubação de indivíduos Expostos.
34
35
                  rho : Proporção de indivíduos Assintomáticos.
36
                  mu : Proporção de indivíduos indivíduos Infecciosos Hospitalizados.
38
30
                  gamma_1 : Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Sintomáticos.
40
41
                  gamma_2 : Taxa de recuperação de indivíduos Infecciosos Asintomáticos.
42
43
                  gamma_3 : Taxa de recuperação de indivíduos Hospitalizados.
44
45
                  omega : Proporção de indivíduos declarados Óbitos.
46
```

47

```
node_ID : ID de indentificação da província.
48
49
                   nu_l : Limiar de fechar a província.
50
51
52
                   super().__init__()
                   self.model = model
53
                   self.N = N
54
                   self.I0 = I0
                   self.beta = beta
56
                   self.start_day = start_day
57
                   self.xi = xi
58
                   self.alpha = alpha
59
                   self.rho = rho
60
                   self.mu = mu
61
                   self.gamma_1 = gamma_1
62
                   self.gamma_2 = gamma_2
63
64
                   self.gamma_3 = gamma_3
65
                   self.omega = omega
                   self.node_ID = node_ID
66
                   self.nu_l = nu_l
67
                   self.set_all_individuals_to("S")
68
                   self["soc_dist_yet"] = True # True antes de activação de nehuma medida.
69
                   self["simulation_on"] = False # True em t = start_day.
70
                   self["soc_dist_act"] = False # True no período de activação das medidas.
71
                   self["soc_dist_over"] = False # True após a desactivação das medidas.
                   if self.start_day == 0:
74
                   self["simulation_on"] = True
75
                   self.initialization()
76
                   self._set_pop_size()
78
79
               def _set_pop_size(self):
80
                   """Atribui o valor N ao tamanho da população da subpopulação."""
81
                   self["size"] = self.N
82
83
               def pop_size(self):
84
                    """Retorna o tamanho da população na subpopulação."""
85
                   return self["size"]
86
87
               def _set_num(self, state, num):
88
                   """ Atribui o valor num como número de indivíduos num determinado estado "state".
89
                   .....
90
                   self["num_" + state] = num
91
92
               def num(self, state):
93
                   """Retorna o número de indivíduos num determinado estado "state". """
94
                   return self["num_" + state]
95
96
97
               def num_in_statelist(self, statelist):
                   """Retorna a soma de indivíduos numa determinada lista de estados "statelist"."""
98
                   return sum(self.num(state) for state in statelist)
99
100
               def _add_num_nofix(self, state, num_add):
101
                    """Adiciona um determinado número de indivíduos ao estado em cada subpopulação.
102
                   .....
103
                   self["num_" + state] += num_add
104
105
               def add_num(self, state, num_add):
106
```

```
"""Adiciona um determinado número de indivíduos ao estado em cada nó.
107
                   Isto também altera o número de indivíduos nesse nó.
108
109
                   self["num_" + state] += num_add
                   self["size"] += num_add
               def set_all_individuals_to(self, state):
                   """Define o estado de todos os indivíduos em cada subpopulação."""
114
                   for other_state in self.statelist:
                        self._set_num(other_state, 0)
116
                        self._set_num(state, self.N)
118
119
               def change_state(self, from_state, to_state, num, to_other_state=None,
                    other_num=None):
120
                   """Altera o número de individuos de from_state to_state,no mesmo nó ni."""
                   if to_other_state is not None and other_num is not None:
124
125
                        self._add_num_nofix(from_state, -num)
                        self._add_num_nofix(to_state, num)
                        self._add_num_nofix(from_state, -other_num)
                        self._add_num_nofix(to_other_state, other_num)
128
                   else:
                        self._add_num_nofix(from_state, -num)
130
                        self._add_num_nofix(to_state, num)
               def set_tochange(self, from_state, to_state, num, to_other_state=None,
                    other_num=None):
134
                   .....
135
                   Prepara o número de indivíduos que irá trasitar de from_state para
136
                   to_state, no mesmo nó ni.
138
                   if to_other_state is not None and other_num is not None:
139
140
                        self["tochange_{}_{}".format(from_state, to_state)] = num
141
                        self["tochange_{}_{}".format(from_state, to_other_state)] = other_num
142
143
                   else:
                        self["tochange_{}_{}".format(from_state, to_state)] = num
144
145
               def tochange(self, from_state, to_state):
146
147
                   Retorna o número de indivíduos que irá trasitar de from_state para
148
                   to_state, no mesmo nó ni.
149
                   .....
150
                   return self["tochange_{}_{}".format(from_state, to_state)]
               def apply_state_changes(self, from_state, to_state, to_other_state=None):
153
                   """Consolida as alterações de estado marcadas como 'tochange' em cada nó."""
                   if to_other_state is not None:
                        self.change_state(from_state, to_state, self.tochange(from_state, to_state),
156
157
                        to_other_state, self.tochange(from_state, to_other_state))
                   else:
158
                        self.change_state(from_state, to_state,
159
                        self.tochange(from_state, to_state))
160
161
               def initialization(self, Susceptivel="S", Sintomatico="I"):
162
                   """ Muda os indivíduos self.IO de 'S' para 'I'."""
163
164
                   self.change_state(Susceptivel, Sintomatico, self.I0)
165
166
```

```
def gen_foi_basic(self, infect_list=("I", "A", "H")):
167
                     ""Retorna a probablidade de infecção sem as medidas de intervenção."""
168
                   inf_pop = self.num_in_statelist(infect_list)
169
                   pop_size = self.pop_size() - self.num("D")
                   pinf = 1 - (1 - self.beta*(self.xi + (1 - self.xi) / pop_size)) ** inf_pop
                   return pinf
               def gen_foi_physical_dist(self, infect_list=("I", "A", "H")):
174
                   """Retorna a probabiliade de infecção com activação das medidas de intervenção.
       .....
                   inf_pop = self.num_in_statelist(infect_list)
                   pop_size = self.pop_size() - self.num("D")
                   epsilon = self.model.epsilon
178
                   F = self.model.w * (1 - epsilon) + (1 - self.model.w)
179
                   pinf = 1 - (1 - F*self.beta*(self.xi + (1 - self.xi) / pop_size)) ** inf_pop
180
                   return pinf
181
182
               def epidemic_step(self, basic=False):
183
                   """Calcula e executa transições em todos os estados."""
184
185
                   rn = np.random
186
                   if basic:
187
                       # Sem activação das medidas de intervenção.
188
189
                       pinf = self.gen_foi_basic()
190
                       num_exp = rn.binomial(self.num("S"), pinf)
191
192
                        num_sympt, num_asymt = rn.multinomial(self.num("E"),
193
                        [self.alpha * (1 - self.rho), self.alpha * self.rho, 0])[:-1]
194
195
196
                       num_hosp, num_rec_1 = rn.multinomial(self.num("I"),
                        [self.gamma_1 * self.mu, self.gamma_1 * (1 - self.mu), 0])[:-1]
197
198
                       num_rec_2 = rn.binomial(self.num("A"), self.gamma_2)
199
200
                       num_rec_3, num_death = rn.multinomial(self.num("H"),
201
                        [self.gamma_3 * (1 - self.omega), self.gamma_3 * self.omega,0])[:-1]
203
                       self.set_tochange("S", "E", num_exp)
204
                        self.set_tochange("E", "I", num_sympt, "A", num_asymt)
205
                       self.set_tochange("I", "H", num_hosp, "R", num_rec_1)
206
                        self.set_tochange("A", "R", num_rec_2)
207
                       self.set_tochange("H", "R", num_rec_3, "D", num_death)
208
                   else:
209
                        # Com medidas de intervenção.
                        pinf = self.gen_foi_physical_dist()
                        num_exp = rn.binomial(self.num("S"), pinf)
214
                       num_sympt, num_asymt = rn.multinomial(self.num("E"),
                        [self.alpha * (1 - self.rho), self.alpha * self.rho, 0])[:-1]
216
                        num_hosp, num_rec_1 = rn.multinomial(self.num("I"),
                        [self.gamma_1 * self.mu, self.gamma_1 * (1 - self.mu), 0])[:-1]
218
                       num_rec_2 = rn.binomial(self.num("A"), self.gamma_2)
220
                        num_rec_3, num_death = rn.multinomial(self.num("H"),
                        [self.gamma_3 * (1 - self.omega), self.gamma_3 * self.omega,0])[:-1]
224
                        self.set_tochange("S", "E", num_exp)
225
```

```
self.set_tochange("E", "I", num_sympt, "A", num_asymt)
226
                        self.set_tochange("I", "H", num_hosp, "R", num_rec_1)
                        self.set_tochange("A", "R", num_rec_2)
228
                        self.set_tochange("H", "R", num_rec_3, "D", num_death)
230
               def step_basic(self):
                    """Realiza as transisões entre os estados, em cenários sem medidas de intervenção
                    .....
                    self.epidemic_step(basic=True)
234
                    for s1, s2 in self.transitions:
                        if type(s2) == tuple:
236
                        self.apply_state_changes(s1, s2[0], s2[1])
                    else:
238
                        self.apply_state_changes(s1, s2)
240
               def step_soc_activation(self):
241
                    """Realiza as transisões entre os estados, em cenários com medidas de intervenção
242
                    .....
243
                    self.epidemic_step(basic=False, ex=False)
244
                    for s1, s2 in self.transitions:
245
                        if type(s2) == tuple:
246
                            self.apply_state_changes(s1, s2[0], s2[1])
247
                        else:
248
249
                            self.apply_state_changes(s1, s2)
250
               def epidemic_iter_basic(self):
251
                    """ Executa um passo de simulação, em cenários sem medidas de intervenção.
252
                    .....
253
                    if self["simulation_on"]:
254
255
                        self.step_basic()
256
                    if self.start_day == self.model.step:
257
                        self["simulation_on"] = True
258
                        self.initialization()
259
               def epidemic_iter_global(self, infec_list=("I", "A", "H")):
261
                    """Executa um passo de simulação, em cenários com medidas de intervenção global.
262
                    .....
263
                    if self["soc_dist_act"]:
264
                        if self["simulation_on"]:
265
                        # Simução com activação do Estado de Emergência Nacional.
266
                        self.step_soc_activation()
267
                        else:
268
                        if self.start_day == self.model.step:
269
                        self["simulation_on"] = True
270
                        self.initialization()
                        inf_pop = self.model.total_num_in_statelist(infec_list)
274
                        # Verifica codições para desactivação do Estado de Emergênia Naciocional.
275
                        if (self.model.nu_g > inf_pop) and (self.model.counter_1 % self.model.delta_C
                        == 0):
276
                        self["soc_dist_act"] = False
                        self["soc_dist_over"] = True
278
279
                    elif self["soc_dist_over"]:
280
                        if self["simulation_on"]:
281
                            self.step_basic()
282
283
```

```
else:
284
                        if self["soc_dist_yet"]:
285
                            if self["simulation_on"]:
286
                                 inf_pop = self.model.total_num_in_statelist(infec_list)
287
                                 if (inf_pop == 1) and (self.model.step < self.model.t_start):</pre>
288
                                 # Primeiro fechamento
289
                                 # First close
290
                                 self.step_soc_activation()
291
                            else:
292
                                 self.step_basic()
293
                        else:
294
                            if self.start_day == self.model.step:
295
                                 self["simulation_on"] = True
296
                                 self.initialization()
297
298
                            if self.model.step > 1 + self.model.t_start:
299
                                 self["soc_dist_yet"] = False
300
                                 self["soc_dist_act"] = True
301
302
                def epidemic_iter_local(self, infec_list=("I", "A", "H")):
303
                    """Executa um passo de simulação, em cenários com medidas de intervenção local.
304
                    .....
305
                    if self["soc_dist_act"]:
306
                        if self["simulation_on"]:
307
                        # Simução com activação do Estado de Emergência
                                                                                 Nacional.
308
                        self.step_soc_activation()
309
                        else:
                        if self.start_day == self.model.step:
311
                        self["simulation_on"] = True
312
                        self.initialization()
313
314
                        inf_pop = self.num_in_statelist(infec_list)
                        # Verifica codições para desactivação do Estado de Emergênia Naciocional.
317
318
                        if (self.nu_l > inf_pop) and (self.model.counter_1 % self.model.delta_C == 0)
       :
                        self["soc_dist_act"] = False
                        self["soc_dist_over"] = True
                    elif self["soc_dist_over"]:
                        if self["simulation_on"]:
324
                        self.step_basic()
325
                    else:
326
                        if self["soc_dist_yet"]:
                            if self["simulation_on"]:
328
                                 inf_pop =
                                                 self.model.total_num_in_statelist(infec_list)
329
                                 if (inf_pop == 1) and (self.model.step <</pre>
                                                                                 self.model.t_start):
330
                                 # Primeiro fechamento
                                 # First close
333
                                 self.step_soc_activation()
334
                             else:
                                 self.step_basic()
335
                        else:
336
                            if self.start_day == self.model.step:
                                 self["simulation_on"] = True
338
                                 self.initialization()
340
                            elif self.model.step > 1 + self.model.t_start and self.node_ID ==10:
341
                                 self["soc_dist_yet"] = False
342
```

```
self["soc_dist_act"] = True
343
                             else:
344
                                  if self.node_ID != 10:
345
                                      if self.model.step == self.start_day:
346
                                           self["simulation_on"] = True
347
                                           self.initialization()
348
                                           self["soc_dist_yet"] = False
349
                                           self["soc_dist_act"] = True
350
351
```

Listing A.4: Módulo do modelo epidémico para cada subpopulação.

A.3 Módulo 3: mozNetwork.py

```
# Importar pacotes e módulos
           import networkx as nx
                                             # Construir e analisar gráfos
4
           import numpy as np
                                             # Cálculos, Simualções numéricas e processamento de dados
5
           import pandas as pd
                                             # Guardar, carregar e analisar dados.
6
           import config
                                             # Carregar dados de entrada do modelo.
           from nodemodel import NodeModel # Modelo epidemico para cada nó.
8
                                            # Acesser variáveis no sistema
           import sys
9
           import time
                                             # Contagem de tempo.
           import pathos.pools as pp
                                             # Multiprocessamento.
           class MozNetwork(nx.DiGraph):
14
               statelist = list("SEIAHRD") # Lista de compartimentos do modelo epidemico.
15
16
               movelist = list("SEIAR")  # Lista de compartimentos permitidos a viajar.
               def __init__(self,
18
                            edges_data=config.edges,
19
                            beta_0=0.00073,
20
                            beta_1=0.00027,
                            beta_2=0.00059,
                            beta_3=0.0003.
24
                            beta_4=0.00051,
                            beta_5=0.000918,
25
                            beta_6=0.00053,
26
                            beta_7=0.00052,
28
                            beta_8=0.00052,
                            beta_9=0.0000622,
29
                            beta_10=0.000025,
30
                            xi=0.2,
                            10_{0}=3,
                            I0_{1=5},
                            10_{2} = 20,
34
                            I0_3=4,
35
                            10_{4}=4,
36
                            I0_5=2,
38
                            I0_6=4,
                            I0_7=4,
39
                            I0_8=5.,
40
                            10_{9=5},
41
                            I0_10=2,
42
43
                            w=0.32,
                            epsilon=0.64,
44
```

```
alpha=1 / 5.1,
45
                             rho=0.2,
46
                             mu=0.05,
47
                             gamma_1=1 / 10,
48
                             gamma_2=1 / 9.5,
49
                             gamma_3_0=0.056358,
50
                             gamma_3_1=0.055377,
51
                             gamma_3_2=0.030493,
52
                             gamma_3_3=0.056487,
                             gamma_3_4 = 0.058510,
54
                             gamma_3_5=0.054118,
55
                             gamma_3_6=0.056095,
56
                             gamma_3_7=0.059089,
57
                             gamma_3_8 = 0.054386,
58
                             gamma_3_9=0.055760,
59
                             gamma_3_{10}=0.07464,
60
                             omega=0.2,
61
                             tau=0.78,
62
63
                             nu_g=config.nu_g):
                    """Cria uma inst â ncia do objecto Digrafo, MozNetwork."""
64
65
                    super().__init__()
66
                    self.beta_0 = beta_0
67
                    self.beta_1 = beta_1
68
                    self.beta_2 = beta_2
69
                    self.beta_3 = beta_3
70
                    self.beta_4 = beta_4
                    self.beta_5 = beta_5
                    self.beta_6 = beta_6
73
                    self.beta_7 = beta_7
74
                    self.beta_8 = beta_8
75
76
                    self.beta_9 = beta_9
                    self.beta_10 = beta_10
                    self.xi = xi
78
                    self.I0_0 = I0_0
79
                    self.I0_1 = I0_1
80
81
                    self.I0_2 = I0_2
                    self.I0_3 = I0_3
82
                    self.I0_4 = I0_4
83
                    self.I0_5 = I0_5
84
                    self.I0_6 = I0_6
85
                    self.I0_7 = I0_7
86
                    self.I0_8 = I0_8
87
                    self.I0_9 = I0_9
88
                    self.I0_{10} = I0_{10}
89
                    self.w = w
90
                    self.w_ex = w_ex
91
                    self.epsilon = epsilon
92
                    self.alpha = alpha
93
94
                    self.rho = rho
95
                    self.mu = mu
                    self.gamma_1 = gamma_1
96
                    self.gamma_2 = gamma_2
97
                    self.gamma_3_0 = gamma_3_0
98
                    self.gamma_3_1 = gamma_3_1
99
                    self.gamma_3_2 = gamma_3_2
100
                    self.gamma_3_3 = gamma_3_3
101
                    self.gamma_3_4 = gamma_3_4
102
                    self.gamma_3_5 = gamma_3_5
103
                    self.gamma_3_6 = gamma_3_6
104
```

105		Sell. yamma_5_/ – yamma_5_/
106		self.gamma_3_8 = gamma_3_8
107		<pre>self.gamma_3_9 = gamma_3_9</pre>
108		<pre>self.gamma_3_10 = gamma_3_10</pre>
109		self.omega = omega
110		self_tau = tau
111		
112		self.t_start = 9
113		self.delta_C = 30
114		<pre>self.step = 1</pre>
115		<pre>self.counter_1 = None</pre>
116		<pre>selfadd_nodes()</pre>
117		<pre>self.add_edges_from(edges_data)</pre>
118		<pre>self.make_travel_arrays()</pre>
119		
120	def	add nodes(self).
120	uci	"""Cria uma instância de objecte NedeMedel em cada nó """
121		cila uma instancia do objecto nodenodel em cada no.
122		seif.add_node(0, model=Nodenodef(seif, N=1550, 10=seif.10_0, beta=seif.beta_0,
123		start_day=6/, x1=self.x1, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,
124		gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_0,
125		omega=self.omega, node_ID=0, nu_l=config.botao[0]))
126		
127		<pre>self.add_node(1, model=NodeModel(self, N=3480, I0=self.I0_1, beta=self.beta_1,</pre>
128		start_day=17, xi=self.xi, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,
129		gamma 1=self.gamma 1.gamma 2=self.gamma 2.gamma 3=self.gamma 3 1.
130		omega=self omega node ID=1 nu l=config hotao[1]))
121		omega-seriiomega, noac_is-i, na_i-coniigisocao[i]))
151		calf add mode() model-NedeModel(calf N=2024 ID=calf ID) beta-calf beta)
132		self.add_node(2, model=Nodenodel(self, N=2554, IW=self.IW_2, beta=self.beta_2,
133		start_day=63, x1=self.x1, alpna=self.alpna, rno=self.rno, mu=self.mu,
134		gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_2,
135		<pre>omega=self.omega, node_ID=2, nu_l=config.botao[2]))</pre>
136		
137		<pre>self.add_node(3, model=NodeModel(self, N=3094, I0=self.I0_3, beta=self.beta_3,</pre>
138		start_day=64, xi=self.xi, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,
139		gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_3,
140		omega=self.omega. node ID=3. nu l=config.botao[3]))
141		
142		self add node(4 model-NodeModel(self N-1768 IN-self IN 4 beta-self beta 4
142		start day-16 vi-colf vi alpha-colf alpha vha-colf vha wu-colf vu
143		start_uay=s6, x1=self.x1, aipna=self.aipna, rho=self.rho, mu=self.mu,
144		gamma_l=self.gamma_l, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_4,
145		omega=self.omega, node_ID=4, nu_l=config.botao[4]))
146		
147		<pre>self.add_node(5, model=NodeModel(self, N=1006, I0=self.I0_5, beta=self.beta_5,</pre>
148		<pre>start_day=56, xi=self.xi, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,</pre>
149		<pre>gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_5,</pre>
150		omega=self.omega, node_ID=5, nu_l=config.botao[5]))
151		
152		self.add node(6. model=NodeModel(self. N=1600. T0=self.T0 6. heta=self heta 6
152		start day = 50 vi = 0.2 alpha-self alpha rho-self rho mu-self mu
153		$\alpha_{amma} = 1 - 1 + 1 + 1 + 1 + 1 + 1 + 1 + 1 + 1 +$
134		yamma_i-seii.yamma_i, yamma_iseii.yamma_i, yamma_i, yamma_iseii.yamma_ju,
155		omega=seif.omega, node_iD=0, nU_i=Config.botao[b]))
156		
157		<pre>self.add_node(7, model=NodeModel(self, N=1704, I0=self.I0_7, beta=self.beta_7,</pre>
158		<pre>start_day=50, xi=0.2, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,</pre>
159		<pre>gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_7,</pre>
160		<pre>omega=self.omega, node_ID=7, nu_l=config.botao[7]))</pre>
161		
162		<pre>self.add node(8. model=NodeModel(self. N=1814. I0=self.I0 8. beta=self.beta 8.</pre>
162		start day=59. xi=0.2. alpha=self alpha rho=self rho mu-self mu
100		a_{1} a_{2} a_{3} a_{2} a_{2} a_{3} a_{3
164		yamma_i-seii.yamma_i, yamma_i-seii.yamma_i, yamma_s=seii.yamma_jo,

```
omega=self.omega, node_ID=8, nu_l=config.botao[8]))
165
166
                 self.add_node(9, model=NodeModel(self, N=13699, I0=self.I0_9, beta=self.beta_9,
167
                 start_day=25, xi=0.2, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,
168
                 gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_9,
169
170
                 omega=self.omega, node_ID=9, nu_l=config.botao[9]))
                 self.add_node(10, model=NodeModel(self, N=35998, I0=self.I0_10, beta=self.beta_10
                 start_day=0, xi=0.2, alpha=self.alpha, rho=self.rho, mu=self.mu,
                 gamma_1=self.gamma_1, gamma_2=self.gamma_2, gamma_3=self.gamma_3_10,
174
                 omega=self.omega, node_ID=10, nu_l=config.botao[10]))
175
             # ______
             178
179
             def total_num(self, state):
180
                 """Retorna o número total de indivíduos num determinado estado "state"."""
181
182
                 return sum(self.nodes[ni]["model"].num(state) for ni in self.nodes())
183
184
             def total_num_in_statelist(self, statelist):
185
                 """Retorna a soma total de indivíduos numa determinada
186
                 lista de estados "statelist"."""
187
188
                 return sum(self.total_num(state) for state in statelist)
189
190
             def total_population(self):
191
                 """Retorna o número total da população."""
192
                 return sum(self.nodes[ni]["model"].pop_size() for ni in self.nodes())
193
194
             # ______
195
             196
             def set_weight(self, ni, nj, weight):
197
                 """ Atribui o valor weight ao atributo "peso". """
198
                 self.edges[ni, nj]["peso"] = weight
199
             def weight(self, ni, nj):
201
                 """Retorna o valor do peso de cada conexão."""
202
                 return self.edges[ni, nj]["peso"]
203
204
             def make_travel_arrays(self):
205
                 """A partir dos pesos armazenados nas arestas, crie as matrizes de deslocamento
206
                 de cada nó. É armazenado como um array numpy no atributo do nó "travel_array".
207
                 .....
208
                 for ni in self.nodes():
                     trav = np.fromiter((self.weight(ni, nj) for nj in self.neighbors(ni)),
                            dtype=float)
                    self.nodes[ni]["travel_array"] = trav
214
             def travel_array(self, ni):
                 """Retorna todos os pesos de conexões de saída, em forma de um "travel_array".
215
      .....
                 return self.nodes[ni]["travel_array"]
216
             def move_individuals(self, from_ni, to_nj, state, num):
218
                 """Move num indivíduos de from_ni para to_nj, no estado.
                 Isto também altera o tamanho da população em cada nó.
220
                 self.nodes[from_ni]["model"].add_num(state, -num)
```

```
self.nodes[to_nj]["model"].add_num(state, num)
               def set_tomove(self, from_ni, state, num_list):
22.5
                    """Sets the nums of individuals that will move from_ni to neighbors, in state.
226
                   num_list is a list in same order as self.neighbors(from_ni)
228
                   self.nodes[from_ni]["tomove_{}".format(state)] = num_list
229
230
               def tomove(self, from_ni, state):
                   """ Retorna o número de indivíduos que do estado "state"
                   que viajam para outros nós. """
                   return self.nodes[from_ni]["tomove_{}".format(state)]
234
               def compute_nums_tomove(self):
236
                   """Calcula as probabilidades de um indivíduo viajar, apois isso,
                   determina o número de viajantes de cada estado em cada nó. """
238
                   for ni in self.nodes():
239
240
                        travel_p = list(self.tau * self.travel_array(ni) /self.nodes[ni]["model"].N)
241
                        travel_p.append(0.)
242
243
                        # Determine o número de viajantes em cada estado, para cada vizinho.
244
                        # Apaga o último elemento (que é 'não viajantes').
245
246
                        for state in self.movelist:
                            nums = np.random.multinomial(self.nodes[ni]["model"].num(state),
247
248
                                     travel_p)[:-1]
                            for nj in self.neighbors(ni):
249
                                if self.nodes[ni]["model"]["simulation_on"] and
250
                                self.nodes[nj]["model"]["simulation_on"]:
251
                                     self.set_tomove(ni, state, nums)
252
253
                                else:
                                    if state == "S":
254
255
                                         self.set_tomove(ni, state, nums)
                                     else:
256
                                         self.set_tomove(ni, state, 0*nums)
257
258
259
               def apply_moves(self, state):
                    """Consolida viagens individuais entre todos os nós vizinhos, no estado "state".
260
       .....
                   for ni in self.nodes():
261
                        for nj, num in zip(self.neighbors(ni), self.tomove(ni, state)):
262
                        if self.nodes[ni]["model"]["simulation_on"] and
263
                        self.nodes[nj]["model"]["simulation_on"]:
264
                            self.move_individuals(ni, nj, state, num)
265
                        else:
266
                            if state == "S":
267
                                self.move_individuals(ni, nj, state, num)
268
                            else:
269
                                self.move_individuals(ni, nj, state, 0*num)
               def network_epidemic_iter_basic(self):
                   """Simula um passo da dinâmica da transmissão da doença em todos os nós."""
273
                   self.nodes[0]["model"].epidemic_iter_basic()
274
                   self.nodes[1]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[2]["model"].epidemic_iter_basic()
276
                   self.nodes[3]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[4]["model"].epidemic_iter_basic()
278
                   self.nodes[5]["model"].epidemic_iter_basic()
279
                   self.nodes[6]["model"].epidemic_iter_basic()
280
                   self.nodes[7]["model"].epidemic_iter_basic()
281
```

```
self.nodes[8]["model"].epidemic_iter_basic()
282
                   self.nodes[9]["model"].epidemic_iter_basic()
283
                   self.nodes[10]["model"].epidemic_iter_basic()
2.84
285
286
287
               def network_epidemic_iter_mobility(self):
                   """Simula um passo da dinâmica da transmissão da doença e da
288
                   mobilidade em todos os nós."""
                   self.nodes[0]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[1]["model"].epidemic_iter_basic()
292
                   self.nodes[2]["model"].epidemic_iter_basic()
293
                   self.nodes[3]["model"].epidemic_iter_basic()
294
                   self.nodes[4]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[5]["model"].epidemic_iter_basic()
296
                   self.nodes[6]["model"].epidemic_iter_basic()
2.97
                   self.nodes[7]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[8]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[9]["model"].epidemic_iter_basic()
                   self.nodes[10]["model"].epidemic_iter_basic()
301
302
                   # Calar e aplicar as regras de mobilidade.
303
                   self.compute_nums_tomove()
304
                   for state in self.movelist:
                       self.apply_moves(state)
306
307
               def network_epidemic_iter_global(self):
                   """Simula um passo da dinâmica da transmissão da doença e da
                   mobilidade com intervenção global em todos os nós."""
311
                   self.nodes[0]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[1]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[2]["model"].epidemic_iter_global()
314
                   self.nodes[3]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[4]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[5]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[6]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[7]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[8]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[9]["model"].epidemic_iter_global()
                   self.nodes[10]["model"].epidemic_iter_global()
                   # Calar e aplicar as regras de mobilidade.
                   self.compute_nums_tomove()
325
                   for state in self.movelist:
326
                       self.apply_moves(state)
328
               def network_epidemic_iter_local(self):
                   """Simula um passo da dinâmica da transmissão da doença e da
330
                   mobilidade com intervenção local em todos os nós."""
                   self.nodes[0]["model"].epidemic_iter_local()
                   self.nodes[1]["model"].epidemic_iter_local()
334
                   self.nodes[2]["model"].epidemic_iter_local()
                   self.nodes[3]["model"].epidemic_iter_local()
336
                   self.nodes[4]["model"].epidemic_iter_local()
                   self.nodes[5]["model"].epidemic_iter_local()
338
                   self.nodes[6]["model"].epidemic_iter_local()
339
                   self.nodes[7]["model"].epidemic_iter_local()
340
                   self.nodes[8]["model"].epidemic_iter_local()
341
```

```
self.nodes[9]["model"].epidemic_iter_local()
342
                    self.nodes[10]["model"].epidemic_iter_local()
343
344
                    # Calar e aplicar as regras de mobilidade.
345
                    self.compute_nums_tomove()
346
                    for state in self.movelist:
347
                        self.apply_moves(state)
348
349
               def simulation_basic(self, tmax):
350
                    """ Executa simulações sem mobilidade."""
351
                    statecount = dict()
352
                    for state in self.statelist:
353
                        statecount[state] = np.zeros((tmax + 1, len(self)), dtype=int)
354
355
                    current_statecount = {state:[self.nodes[ni]["model"].num(state) for ni in
356
                        self.nodes()] for state in self.statelist}
357
358
                    for state in self.statelist:
359
                         statecount[state][0] = [self.nodes[ni]["model"].num(state) for
360
                         ni in self.nodes]
361
362
                    t_0 = 0.
363
                    i_0 = 1
364
365
                    for i_t, t in enumerate(np.arange(tmax)):
366
                        self.network_epidemic_iter_basic()
367
368
                        self.step += 1
369
                        self.counter_1 = self.step - self.t_start
370
371
                        for state in self.statelist:
373
                             current_statecount[state] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
                                                  for ni in self.nodes()]
374
                             statecount[state][i_t + i_0] = current_statecount[state]
375
376
                    return statecount
377
378
               def simulation_mobility(self, tmax):
379
                    """Executa simulações com mobilidade sem intervenção."""
380
                    statecount = dict()
381
382
                    for state in self.statelist:
                        statecount[state] = np.zeros((tmax + 1, len(self)), dtype=int)
383
384
                    current_statecount = {state:[self.nodes[ni]["model"].num(state)
385
                                          for ni in self.nodes()] for state in self.statelist}
386
387
                    for state in self.statelist:
388
                         statecount[state][0] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
389
                                              for ni in self.nodes]
390
391
392
                    t_0 = 0.
                    i_0 = 1
393
                    for i_t, t in enumerate(np.arange(tmax)):
394
395
                        self.network_epidemic_iter_mobility()
396
397
                        self.step += 1
398
                        self.counter_1 = self.step - self.t_start
399
400
                        for state in self.statelist:
401
```
```
current_statecount[state] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
402
                                                   for ni in self.nodes()]
403
                             statecount[state][i_t + i_0] = current_statecount[state]
404
405
                    return statecount
406
407
408
               def simulation_global(self, tmax):
409
                    """Executa simulações com mobilidade e intervenção global."""
410
                    statecount = dict()
411
                    for state in self.statelist:
412
                        statecount[state] = np.zeros((tmax + 1, len(self)), dtype=int)
413
414
                    current_statecount = {state:[self.nodes[ni]["model"].num(state)
415
                                 for ni in self.nodes()] for state in self.statelist}
416
417
                    for state in self.statelist:
418
                        statecount[state][0] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
419
                                              for ni in self.nodes]
420
421
                    t_0 = 0.
422
                    i_0 = 1
423
                    for i_t, t in enumerate(np.arange(tmax)):
424
425
                        self.network_epidemic_iter_global()
427
                        self.step += 1
428
                        self.counter_1 = self.step - self.t_start
429
430
                        for state in self.statelist:
431
                             current_statecount[state] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
432
433
                                                   for ni in self.nodes()]
                             statecount[state][i_t + i_0] = current_statecount[state]
434
435
                    return statecount
436
437
438
                def simulation_local(self, tmax):
439
                    """Executa simulações com mobilidade e intervenção local."""
440
                    statecount = dict()
441
442
                    for state in self.statelist:
                        statecount[state] = np.zeros((tmax + 1, len(self)), dtype=int)
443
444
                    current_statecount = {state:[self.nodes[ni]["model"].num(state) for ni in
445
                                          self.nodes()] for state in self.statelist}
446
447
                    for state in self.statelist:
448
                        statecount[state][0] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
449
                                              for ni in self.nodes]
450
451
452
                    t_0 = 0.
453
                    i_0 = 1
                    for i_t, t in enumerate(np.arange(tmax)):
454
455
                        self.network_epidemic_iter_mobility()
456
457
                        self.step += 1
458
                        self.counter_1 = self.step - self.t_start
459
460
                        for state in self.statelist:
461
```

```
current_statecount[state] = [self.nodes[ni]["model"].num(state)
462
                                           for ni in self.nodes()]
463
                        statecount[state][i_t + i_0] = current_statecount[state]
464
465
                 return statecount
467
             # ______
468
             469
      if __name__ == "__main__":
471
             BASIC = False
                                # True se simula sem mobilidade.
472
             ACT_Global = False # True se simula com mobilidade e intervenção global.
473
                                # True se simula com mobilidade sem medidas de intervenção.
474
             Mobility = False
             num_processes = 16
                               # Número de processos num sistema.
475
             num_exec = 500
                                # Número de execuções paralelas.
476
             tmax = 350
                                # Número de passos de simulação.
477
             delta C = 30
                                # Duração mínima dos fechamentos.
478
             Out_MC = False
                                # True se simula mobilidade com isolamento da cidade de Maputo.
480
             model = MozNetwork() # Instância do modelo metapopulacional
481
             num nodes = len(model)
482
483
484
             class SimResBunch(object):
485
                 """Objecto Armazém de dados de simulação paralela."""
486
487
                 def __int__(self, statecount=None):
488
                 self.statecount = statecount # Variavel que armazena os dados.
490
491
             def execute sim(i ex):
492
                 """Executa um dado cenário de simulação."""
493
                 out = SimResBunch()
494
495
                 model = MozNetwork()
406
497
                 if BASTC:
                 out.statecount = model.simulation_basic(tmax=tmax)
499
                 elif Mobility:
500
                 out.statecount = model.simulation_mobility(tmax=tmax)
501
502
                 elif ACT_Global:
                 out.statecount = model.simulation_global(tmax=tmax)
503
                 else:
504
                 out.statecount = model.simulation_local(tmax=tmax)
505
                 svs.stdout.flush()
506
507
                 return out
508
509
510
             # ______
511
             # COMANDO DE EXECUCÃO PARALELA
512
             513
             print("Simulações iniciaram")
514
             t0 = time.time()
515
516
             # Execuções paralelas
517
             pool = pp.ProcessPool(nodes=num_processes)
518
             sim_outputs = pool.map(execute_sim, range(num_exec))
519
             print()
521
```

```
print("Periodo de duração de simulações: {:0.3f} s".format(time.time() - t0))
523
             # ______
524
             # PROCESSAMENTO DE DADOS
525
526
             # _____
             nodes = model.nodes()
527
             statelist = list("SEIAHRD")
528
529
             # Lista para Processameto e Exportação de dados.
530
             avg_statecount = {state: np.zeros((tmax + 1, num_nodes), dtype=float)
531
                                   for state in statelist}
532
533
             # Atribui o resultado das simulações paralelas à variável "statecount".
534
535
             for i_exec, sim_out in enumerate(sim_outputs):
                 statecount = sim_out.statecount
536
537
             # Soma as simulações paralelas.
538
             for state in statelist:
                 avg_statecount[state] += statecount[state]
540
541
             # Calcular a média das simulações paralelas.
542
             for state in statelist:
543
544
                avg_statecount[state] /= num_exec
545
```

Listing A.5: Módulo do modelo metapopulacional.