



UNIVERSIDADE FEDERAL DE CATALÃO
INSTITUTO DE MATEMÁTICA E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM
E OTIMIZAÇÃO



MYCHELLE ALVES DE OLIVEIRA

O COMPORTAMENTO DE EPIDEMIAS EM REDES SMALL WORLD

CATALÃO (GO)

2025



UNIVERSIDADE FEDERAL DE CATALÃO
INSTITUTO DE MATEMÁTICA E TECNOLOGIA

Av. Dr. Lamartine Pinto de Avelar, número 1120, - Bairro Setor Universitário, Catalão/GO, CEP 75704-020
Telefone: - - <https://www.ufcat.edu.br>

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA)

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES
ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DE TESES E
DISSERTAÇÕES DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE CATALÃO (UFCAT)**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Catalão (UFCAT) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFCAT), sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei 9.610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFCAT é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o(a) autor(a) e o(a) orientador(a) Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação ou Tese?

Dissertação

2. Nome completo do autor: Mychelle Alves de Oliveira

Nome completo do(a) orientador(a):

Celso Vieira Abud

3. Título do trabalho

Título: *O COMPORTAMENTO DE EPIDEMIAS EM REDES SMALL WORLD*

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento: [x] SIM [] NÃO¹

[¹] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs.: Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor



Documento assinado eletronicamente por **Mychelle Alves de Oliveira**, **Usuário Externo**, em 01/02/2025, às 08:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **CELSO VIEIRA ABUD**, **Orientador(a)**, em 03/02/2025, às 08:16, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufcat.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0131499** e o código CRC **82F20356**.

Referência: Processo nº 23852.001414/2024-14

SEI nº 0131499

MYCHELLE ALVES DE OLIVEIRA

O COMPORTAMENTO DE EPIDEMIAS EM REDES SMALL WORLD

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem e Otimização, da Instituto de Matemática e Tecnologia, da Universidade Federal de Catalão (UFCAT), como requisito para obtenção do Título de Mestra em Modelagem e Otimização. **Área de concentração:** Ciências Exatas e da Terra.

Orientador: Professor Doutor Celso Vieira Abud.

CATALÃO (GO)

2025

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFCAT.

Oliveira, Mychelle Alves de
O comportamento de epidemias em redes Small World / Mychelle
Alves de Oliveira. - 2025.
55 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Celso Vieira Abud.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Catalão, Instituto
de Matemática e Tecnologia, Programa de Pós-Graduação em Modelagem
e Otimização, Catalão, 2025.

Bibliografia.

Inclui símbolos, gráfico, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Modelagem epidemiológica. 2. Modelo SIR. 3. Rede Small
World. 4. Campo médio. I. Abud, Celso Vieira, orient. II. Título.

CDU 51

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 02 da sessão de Defesa de Dissertação de **Mychelle Alves de Oliveira**, que confere o título de **Mestre(a) em Modelagem e Otimização**, na área de concentração em **Modelagem e Otimização**.

Aos oito dias de março de 2024, a partir das 09h30min, Sala J3 - Bloco J - UFCAT, reuniram-se os componentes da banca examinadora, professores **Dr. Celso Vieira Abud (PPGMO / IMTec / UFCAT), (orientador), Dr. Fran Sérgio Lobato (UFU), membro titular interno e Dr. Petrus Henrique Ribeiro dos Anjos (IF UFCAT), membro titular externo**, para, em sessão pública, procederem a avaliação da Dissertação intitulada “*O COMPORTAMENTO DE EPIDEMIAS EM REDES SMALL WORLD*”, de autoria de **Mychelle Alves de Oliveira**, discente do Programa de Pós-graduação em Modelagem e Otimização – PPGMO, da Universidade Federal de Catalão - UFCAT. A sessão foi aberta pelo presidente, que fez a apresentação formal dos membros da banca. Em seguida, a palavra foi concedida ao discente que, em 47 min procedeu a apresentação. Terminada a apresentação, cada membro da banca arguiu a examinanda. Terminada a fase de arguição, procedeu-se a avaliação da Dissertação, que foi considerado: (**X**) **Aprovado(a) ou () Reprovado(a)**. Cumpridas as formalidades de pauta, a presidência da mesa encerrou a sessão e, para constar, lavrou-se a presente ata que, depois de lida e aprovada, segue assinada pelos membros da banca examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **CELSO VIEIRA ABUD, Orientador(a)**, em 08/03/2024, às 16:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fran Sérgio Lobato, Usuário Externo**, em 08/03/2024, às 16:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **PETRUS HENRIQUE RIBEIRO DOS ANJOS, Professor(a) do Magistério Superior**, em 08/03/2024, às 16:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufcat.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0047133** e o código CRC **C5FE29DC**.

RESUMO

DE OLIVEIRA, M. A. *O Comportamento de Epidemias em Redes Small World*. 2024. 55 f. Dissertação (Mestrado) – Instituto de Matemática e Tecnologia, Universidade Federal de Catalão, Catalão – GO.

Com o surgimento de epidemias globais, como o surto de dengue e a pandemia ocasionada pela covid-19, vem a necessidade de compreender como se dá o espalhamento de doenças infecciosas. Buscando maior similaridade com conexões e contatos reais entre os seres humanos, foram analisados os modelos de redes complexas que são comumente utilizados para descrever e representar conexões e relações reais. Assim o presente trabalho visa entender o espalhamento de epidemias através de redes do tipo *Small World* (SW). Para isso foi utilizado o modelo de compartimento SIR (Suscetível - Infectado - Retirado) como dinâmica de interação estocástica entre os nós da rede. As simulações foram realizadas na linguagem de programação Python, mais especificamente com o pacote EoN (Epidemics on Network), que trabalha com simulações de epidemias em redes. Para analisar o comportamento da epidemia na rede, aplicou-se uma probabilidade estatística para mensurar o tempo de infecção. Foi realizada ainda uma aproximação pelo modelo do campo médio, que se demonstrou eficaz em redes mais densas.

Palavras-chaves: Modelagem epidemiológica, Modelo SIR, Rede Small World, Campo médio.

ABSTRACT

DE OLIVEIRA, M. A. *O Comportamento de Epidemias em Redes Small World*. 2024. 55 f. Master Thesis - Instituto de Matemática e Tecnologia, Universidade Federal de Catalão, Catalão – GO.

With the emergence of global epidemics, such as the dengue outbreak and the pandemic caused by Covid-19, there is a need to understand how infectious diseases spread. Seeking greater similarity with real connections and contacts between human beings, complex network models that are commonly used to describe and represent real connections and relationships were analyzed. Therefore, the present work aims to understand the spread of epidemics through *Small World* (SW) type networks. For this, the SIR compartment model (Susceptible - Infected - Withdrawn) was used as the dynamics of stochastic interaction between the network nodes. The simulations were carried out in the Python programming language, more specifically with the EoN (Epidemics on Network) package, which works with simulations of epidemics in networks. To analyze the behavior of the epidemic on the network, a statistical probability was applied to measure the infection time. An approximation using the mean field model was also carried out, which proved to be effective in denser networks.

Keywords: Epidemiological modeling, Model SIR, Small World Network, Mean Field.

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 – Diagrama de fluxo modelo SIR	20
Figura 2.2 – Curvas do modelo SIR	21
Figura 3.1 – Grafo de uma rede SW com $k = 4$	28
Figura 3.2 – Grafo de uma rede SW com $k = 2$	29
Figura 3.3 – Grafo de uma rede SW com $k = 6$	29
Figura 3.4 – Rede SW durante o período de infecção	32
Figura 3.5 – Gráfico do percentual de infectados Cidade A	34
Figura 3.6 – Gráfico do percentual de infectados Cidade B	34
Figura 4.1 – Gráfico do decaimento da curva de infectados para a cidade A	37
Figura 4.2 – Gráfico do decaimento da curva de infectados para a cidade B	38
Figura 4.3 – Gráfico do decaimento da curva de infectados	39
Figura 4.4 – Gráfico das curvas médias da ETI para a cidade A	40
Figura 4.5 – Gráfico das curvas médias da ETI para a cidade B	40
Figura 4.6 – Gráfico das curvas médias da ETI	41
Figura 4.7 – Histograma de infectados em cada tempo na cidade A	43
Figura 4.8 – Histograma de infectados em cada tempo na cidade B	44
Figura 4.9 – Gráfico da relação entre M_0 e N para a cidade A	44
Figura 4.10–Gráfico da relação entre M_0 e N para a cidade B	45
Figura 4.11–Comparação do comportamento do sistema de campo médio com a vari- ação de $\langle K \rangle$	45
Figura 4.12–Comparação do comportamento do sistema de campo médio com a vari- ação de r_0	46
Figura 4.13–Comparação da ETI da aproximação do campo médio com a ETI da simu- lação <i>Gillespie</i>	47
Figura 4.14–Aproximação da curva log-normal aplicada a cidade A	48
Figura 4.15–Aproximação da curva log-normal aplicada a cidade B	49
Figura 4.16–Curva log-normal aplicada a variação de r_0	50

LISTA DE TABELAS

Tabela 4.1 – Comparação entre as escalas de tempo ζ , calculada numericamente para a ETI e ζ_e , calculada de acordo com a equação 3	42
Tabela 4.2 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14	48
Tabela 4.3 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14	49
Tabela 4.4 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14	50

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	17
2	CONCEITOS PRELIMINARES SOBRE REDES COMPLEXAS E MODELA- GEM EPIDEMIOLÓGICA	19
2.1	Modelagem Epidemiológica	19
2.1.1	Modelo SIR determinístico	20
2.1.2	Modelo SIR estocástico	21
2.1.3	Aproximação do campo médio ao modelo SIR	22
2.2	Redes Complexas	24
2.2.1	Rede Aleatória	25
2.2.2	Rede Sem Escala	25
2.2.3	Rede Small-World	26
3	IMPLEMENTAÇÃO NUMÉRICA	27
3.1	Modelagem Epidemiológica utilizando Python	27
3.1.1	O pacote NetworkX	27
3.1.2	Epidemics on Networks - EoN	29
3.2	O Modelo de Gillespie_SIR	30
3.3	Delineamento dos Parâmetros com Dados Reais	32
4	ANÁLISES ESTATÍSTICA DOS TEMPOS DE INFECÇÃO	35
4.1	Estatística dos Tempos de Infecção (ETI)	35
4.1.1	Simulações para o Decaimento da ETI	36
4.1.2	Relação do Tempo de Escala com os Parâmetros do Sistema	41
4.1.3	Relação entre o Tamanho do Sistema e o Pico de Infecções	42
4.1.4	Comparação com o Modelo de Campo Médio	45
4.2	A Função Log-Normal como Modelo para Distribuição dos Tempos de In- fecção	46
5	CONCLUSÃO	51
	REFERÊNCIAS	53

Capítulo 1

INTRODUÇÃO

Redes podem ser definidas como um conjunto de objetos com conexões que representam interações entre esses objetos, também chamados de nós. Em sistemas complexos, tem-se utilizado cada vez mais os modelos de redes, denominando-as então como redes complexas (BOCCALETTI *et al.*, 2006). Diversos sistemas reais estão sendo estudados e representados através das redes complexas, assim como redes de transporte de pessoas e mercadorias (PEREIRA, 2016), sistemas biológicos (ALBERT, 2005) e, um exemplo particularmente interessante, o estudo do espalhamento de epidemias em redes complexas (GAGLIARDI; ALVES, 2005; PINTO, 2018; CHOQUE; HASE, 2015; MOORE; NEWMAN, 2000).

A topologia da rede adotada para cada sistema é uma característica importante, visto que é ela quem rege a forma como os nós da rede se organizam e se conectam. Algumas aplicações, utilizando de diferentes topologias de redes a fim de representar determinadas características reais, podem ser observadas no estudo de espalhamento de vírus de computador (PASTOR-SATORRAS; VESPIGNANI, 2001) e no estudo do controle populacional (HILL, 2020).

Uma das formas de demonstrar a disseminação de um vírus aplicada em uma rede é através de modelos matemáticos que possibilitam compreender como as doenças evoluem em diversos cenários, facilitando assim formulações políticas e até mesmo planejamento de emergência nos casos necessários (AL-SHEIKH, 2012). De forma geral, modelos epidemiológicos dividem a população em compartimentos, com taxas de transferência de um compartimento para o outro (BLACKWOOD; CHILDS, 2018).

Desde a pandemia causada pelo coronavírus SARS-CoV-2 (*Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 of the Genus Betacoronavirus*), em 2020, surgiram muitos estudos baseados em modelos computacionais, dentre os quais podemos citar (RODA *et al.*, 2020), que utilizou o modelo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) para prever a epidemia da covid-19 após a quarentena.

Diante do que foi apresentado o presente trabalho busca prever o que pode ocorrer

durante a propagação de uma doença em uma rede. Para isso, utilizou-se uma rede denominada *small world* (SW), muito utilizada para representar interações sociais (WATTS; STROGATZ, 1998), e aplicou-se como modelo de interação o modelo SIR, em que um nó suscetível pode se tornar infectado com uma taxa β e um nó infectado pode se tornar recuperado com uma taxa γ . As simulações foram realizadas utilizando a linguagem de programação Python, mais especificamente o pacote NetworkX, utilizado para gerar as redes, e o pacote EoN, que é utilizado para análise de epidemias em redes.

Este trabalho está estruturado como segue. No capítulo 2 estão os conceitos preliminares, base para o trabalho, sendo definido na seção 2.1 modelagem epidemiológica e como ela pode ser aplicada, e na seção 2.2 estão as definições de redes com os seus principais modelos e suas características. No capítulo 3 está descrito como foi realizada a implementação numérica, com a funcionalidade do pacote NetworkX, e do pacote EoN da linguagem de programação Python na seção 3.1 seguido da descrição do algoritmo *Gillespie_SIR*, que foi utilizado com base para programação, na seção 3.2. Fechando este capítulo na seção 3.3 foram realizadas simulações para delinear parâmetros para as simulações futuras. O capítulo 4 trás a parte probabilística do trabalho, sendo a seção 4.1 composta pela definição da Estatística dos Tempos de Infecção aplicada e seus resultados, seguida da seção 4.2 que apresenta a distribuição log-normal. O trabalho é finalizado com o capítulo 5 no qual foi apresentado as conclusões obtidas através da pesquisa.

Capítulo 2

CONCEITOS PRELIMINARES SOBRE REDES COMPLEXAS E MODELAGEM EPIDEMIOLÓGICA

O presente trabalho foca no estudo de redes complexas como delineamento de interação entre indivíduos de uma rede, para tanto se faz necessário estabelecer uma dinâmica para tal interação. Neste trabalho optou-se por estabelecer essa dinâmica conforme o modelo de compartimento SIR, o qual divide os indivíduos em três estados: S-Suscetível; I-Infectado e R-Recuperado. As principais definições sobre modelagem epidemiológica através do modelo SIR e sobre as Redes Complexas, que se fazem necessárias ao presente trabalho, estão apresentadas neste capítulo. Na seção 2.1 tem-se as principais definições de modelagem epidemiológica, com foco no modelo de compartimento SIR, seguido da aplicação da aproximação do campo médio homogêneo. Na seção 2.2 estão as definições de redes complexas.

2.1 Modelagem Epidemiológica

Estudos aplicando modelagem matemática em epidemiologias veem sendo utilizados desde 1790 quando Daniel Bernoulli decidiu estudar a transmissão da varíola, motivando outros matemáticos como Ronald Ross e Kermack a estudar modelos matemáticos que representassem as infecções recorrentes das epidemias (LUIZ, 2012).

Existem vários modelos que consideram diversas situações que podem ocorrer durante um surto epidemiológico, o presente trabalho está voltado para um dos modelos compartimentais, ou seja, que são divididos em compartimentos que representam o estado de cada indivíduo, se ele pode ser infectado, se está infectado, se existe vacina ou não e assim em diante. Alguns exemplos desses modelos são: Modelo SIS (Suscetível - Infectado - Suscetível) no qual um indivíduo volta a se tornar suscetível após o período de infecção; ou o

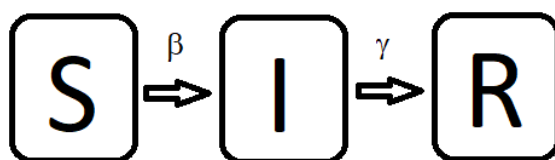
modelo SIRS (Suscetível - Infectado - Recuperado - Suscetível), que considera que o indivíduo só se torna suscetível novamente após se recuperar da infecção; ou ainda o modelo SEIR (Suscetível - Exposto - Infectado - Recuperado) no qual o indivíduo, para se tornar Infectado deve primeiro, ser exposto; e o modelo SIR (Suscetível - Infectado - Recuperado), o qual considera que um indivíduo não pode tornar a se infectar após se recuperar, e foi o modelo escolhido para se aplicar nas simulações deste trabalho.

Os modelos compartimentais podem ser manuseados de forma a se tornarem mais eficientes de acordo com necessidade de aplicação do mesmo. Nesses modelos, a população fica dividida em compartimentos, e existem duas principais formas de saber quantos indivíduos estão em cada estado/compartimento, a primeira é através de um conjunto de equações diferenciais ordinárias, que seria um modelo determinístico, e a segunda forma se trata de um modelo com equações diferenciais ordinárias estocásticas, em que a quantidade de indivíduos em cada compartimento são variáveis aleatórias.

2.1.1 Modelo SIR determinístico

O modelo de compartimentos SIR, divide a população em 3 estados: S - indivíduos suscetíveis, que podem contrair um vírus; I - indivíduos infectados, aqueles que já contraíram o vírus e podem infectar os indivíduos suscetíveis; R - indivíduos recuperados/retirados, representam aqueles que se curaram do vírus, ou morreram através dele ([ALVARENGA, 2008](#)).

Figura 2.1 – Diagrama de fluxo representando os estados do modelo SIR.



Fonte: Elaborada pela autora.

Em 1927 o Bioquímico William Ogilvy Kermack juntamente com o médico Anderson Gray McKendrick, propuseram o modelo de epidemiologia SIR que consiste em um conjunto de equações diferenciais que representam cada estágio S, I e R. Esse é um dos modelos mais utilizados para representar doenças infecciosas e analisar a sua disseminação ([LUIZ, 2012](#)).

O conjunto de equações diferenciais que representa o modelo SIR é:

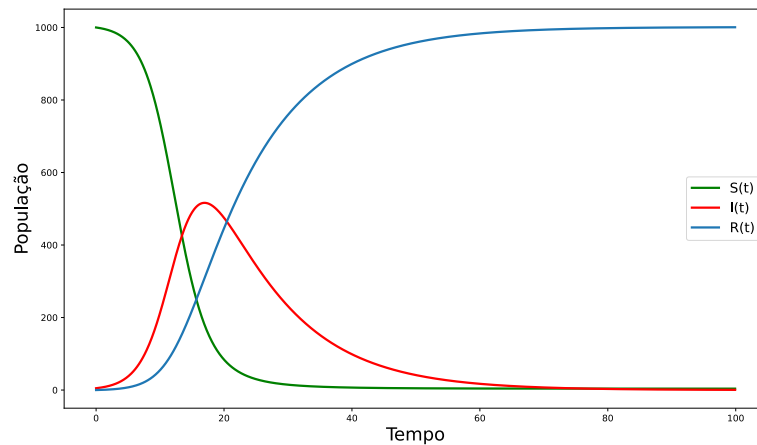
$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \gamma I(t) - \frac{\beta}{N} I(t)S(t); \\
\frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I(t)S(t)}{N} - \gamma I(t); \\
\frac{dR}{dt} &= \gamma I(t),
\end{aligned} \tag{2.1}$$

em que $N = S(t) + I(t) + R(t)$, β é a taxa de infecção, γ é a taxa de recuperação (ALVARENGA, 2008).

O modelo SIR considera que, uma vez que um indivíduo se torna infectado ele não voltará a ser suscetível, e uma vez recuperado ele não pode ser infectado novamente.

O gráfico da figura 2.2 representa as curvas do modelo, para uma população $N = 1000$, com $I_0 = 5$ infectados iniciais, sendo as taxas de transmissão $\beta = 0.0005$ e $\gamma = 0.09$. A curva decrescente, que representa os indivíduos suscetíveis (curva verde), representa os indivíduos suscetíveis. Na cor vermelha, está a representação da curva dos infectados que aumenta e após atingir o pico de infecção começa a decair. Por fim, a curva na cor azul é a curva dos removidos, que aumenta ao longo do tempo.

Figura 2.2 – Gráfico das curvas do modelo SIR com $N = 1000$ e $I_0 = 5$.



Fonte: Elaborada pela autora.

2.1.2 Modelo SIR estocástico

Os modelos epidemiológicos podem ser formulados de forma estocástica (probabilística) envolvendo uma rede implícita de conectividade entre os indivíduos. A principal diferença em relação ao modelo determinístico é que os compartimentos $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, em determinado tempo t , são considerados variáveis aleatórias. Da mesma forma que o modelo determinístico, não são considerados nascimentos ou mortes no modelo, assim:

$S(t) + I(t) + R(t) = N$. Como $R(t) = N - S(t) - I(t)$, a probabilidade de transição no modelo é uma probabilidade conjunta das variáveis $S(t)$ e $I(t)$. Assumindo que: cada indivíduo está em contacto com qualquer outro indivíduo (a rede de contatos é na verdade uma rede totalmente conectada); a infecção é transmitida através de uma ligação entre um indivíduo suscetível e um infectado a uma taxa τ (então τN corresponde a β); cada indivíduo infectado se recupera a uma taxa γ independentemente de todos os outros e da rede; e ambos os processos são Markovianos¹, define-se o seguinte sistema (KISS; MILLER; SIMON, 2017):

$$\begin{aligned} (S, I, R) &\xrightarrow{\tau SI} (S - 1, I + 1, R); \\ (S, I, R) &\xrightarrow{\gamma I} (S, I - 1, R + 1). \end{aligned} \quad (2.2)$$

No sistema 2.2, os estados S , I e R , representam a quantidade de indivíduos que permanecem no compartimento correspondente. Dessa forma, o sistema 2.2 representa a transição da variação de suscetíveis e infectados, considerando que a evolução do sistema é dada através da variação de somente um indivíduo em um pequeno intervalo de tempo e, para cada caso de ocorrência do sistema há uma probabilidade associada. Assim, a equação 2.2 a) assume que em um intervalo curto de tempo (δt) a probabilidade de um indivíduo suscetível tornar-se infectado é dado por $\frac{\beta}{N * S(t)I(t)}$. A equação 2.2 b) aponta que a probabilidade de um indivíduo infectado tornar-se recuperado ocorre com probabilidade $\gamma I(t)$. Como o modelo estocástico considera a evolução por indivíduo, é possível obter algumas propriedades não acessíveis ao modelo determinístico, Um exemplo é a distribuição de probabilidade de um indivíduo ser infectado em determinado período, que será estudado na presente dissertação.

2.1.3 Aproximação do campo médio ao modelo SIR

Devido à grande dimensão e complexidade dos modelos matemáticos exatos, que descrevem a propagação de processos em redes, estes tornam-se, algumas vezes, intratáveis ou até mesmo sem solução numérica. Uma alternativa para se evitar essa dificuldade é considerar quantidades esperadas dentro do sistema, como o número esperado de arestas onde um nó é suscetível enquanto o outro é infeccioso. Isso abre um leque de possibilidades para formular os chamados modelos de campo médio.

A aproximação de campo médio é um conceito bastante difundido em áreas como a Física e Biomatemática. De fato, ela possibilita aproximar processos estocásticos complexos, retornando soluções exatas no limite macroscópico do sistema. Assim, a derivação de aproximação de campo médio torna-se interessante no contexto de modelos epidemiológicos em redes complexas, uma vez que, através de uma análise sobre os parâmetros do sistema, espera-se obter um comportamento médio similar às médias das simulações estocásticas.

¹ A propriedade de Markov indica a possibilidade de fazer previsões futuras baseadas apenas no estado atual.

Para tanto a derivação de uma aproximação de campo médio deve identificar as quantidades de interesse do sistema, com a finalidade de obter equações que retratem como o valor médio de tais quantidades se alteram com o tempo.

Para aproximação de campo médio no modelo SIR em redes, pode-se considerar como variáveis de interesse a média do número de nós pertencentes a um determinado compartimento $[S](t)$, $[I](t)$ e $[R](t)$. A equação diferencial exata para o número esperado de nós em um determinado compartimento, pode ser obtida por argumentos heurísticos. Considerando que os principais parâmetros dos processos epidêmicos são as taxas de infecção (β) e recuperação (γ), a taxa de recuperação será γ vezes o número de nós infecciosos. A taxa de mudança de nós infectados $[I]$ depende, em uma aproximação de primeira ordem, do número de pares $[SI]$, ou seja, do número de pares cujas conexões estão entre um nó infectado e um nó suscetível. Por sua vez, a quantidade de nós infectados também é alterada pelos nós infectados que são recuperados à taxa γ , uma vez que no modelo SIR os nós infectados não se tornam suscetíveis novamente. Então, o número de nós infectados varia proporcionalmente a $\beta[SI] - \gamma[I]$. Por outro lado, a taxa de nós suscetíveis, $[S]$, decai à medida que os nós suscetíveis são infectados, o que pode ser representado pela expressão $-\beta[SI]$.

Portanto, para o modelo SIR em uma rede arbitrária (não direcionada e não ponderada), os valores esperados $[S]$, $[I]$ e $[R]$ satisfazem o seguinte sistema (KISS; MILLER; SIMON, 2017):

$$\begin{aligned} [\dot{S}] &= -\beta[SI]; \\ [\dot{I}] &= \beta[SI] - \gamma[I]; \\ [\dot{R}] &= \gamma[I]. \end{aligned} \tag{2.3}$$

Observe que, como $[S] + [I] + [R] = N$ no modelo SIR, uma das equações pode ser omitida do sistema. A dinâmica do número esperado de nós Suscetíveis, $[S]$, e nós Infectados, $[I]$, depende do número de pares $[SI]$. Logo, o sistema depende de pares, para os quais precisamos de uma equação adicional.

Ao assumirmos a homogeneidade da rede, ou seja, cada nó tem aproximadamente o mesmo número de conexões $k \approx \langle k \rangle$. E, supondo que os nós infectados sejam distribuídos aleatoriamente, em média cada nó suscetível possui $\langle k \rangle [I]$ vizinhos infectados. Aplicando essa suposição, o número total das arestas SI é aproximado por:

$$[SI] \approx \langle k \rangle [S][I] \tag{2.4}$$

Vale ressaltar que o sistema (2.3) é denominado de “primeira ordem”, pois considera a aproximação do número esperado de pares expresso em termos do número esperado de singletos.

Aplicando a Equação (2.4) no sistema (2.3), e considerando a densidade dos nós suscetíveis, infectados e recuperados, temos o novo sistema de equações diferenciais dado por:

$$\begin{aligned}\partial_t \rho_S(t) &= -\beta \langle k \rangle \rho_S(t) \rho_I(t) \\ \partial_t \rho_I(t) &= \beta \langle k \rangle \rho_S(t) \rho_I(t) - \gamma \rho_I(t) \\ \partial_t \rho_R(t) &= \gamma \rho_I(t)\end{aligned}\tag{2.5}$$

Cabe ressaltar que o modelo 2.5 pode ser melhorado, levando em consideração uma segunda aproximação dada pelo tripleto [ISI] e [SSI], que denotam a quantidade de suscetíveis ligados a dois infectados e a quantidade de suscetíveis ligado a um infectado e a outro suscetível, respectivamente. Tal aproximação acarretaria na dependência de outras duas novas equações diferenciais para o modelo descrito em 2.5 (para maiores detalhes sugerimos a referência (KISS; MILLER; SIMON, 2017)).

2.2 Redes Complexas

Redes complexas são estruturas de sistemas complexos representadas por meio de grafos, em que os objetos são representados por vértices e a forma com que se conectam uns aos outros são as arestas. Estudos utilizando as redes complexas iniciaram por volta dos anos 1930, com sociólogos que buscavam formas de estudar os comportamentos de uma sociedade (METZ *et al.*, 2007).

A rede complexa provém da teoria dos grafos com a junção de métodos estatísticos que caracterizam o comportamento dos nós da rede, podendo ser descrita pela expressão $G = (V, A)$, onde $V \neq \emptyset$ é um conjunto de vértices conectados por um conjunto de arestas A . É possível representar diversos sistemas através das redes complexas, assim como sistemas de internet (PASTOR-SATORRAS; VESPIGNANI, 2001), energia (ORTEGA, 2017), transporte (LIN; BAN, 2013) e sistemas neuronais (TELESFORD *et al.*, 2011).

Com a evolução dos estudos das redes complexas, novas formas de se modelar as redes foram apresentadas. Em 1959, Paul Erdős e Alfred Rényi, propuseram a teoria das redes aleatória em que cada vértice do grafo é conectado aleatoriamente, assim, todos possuem a mesma probabilidade p de se ligar por uma aresta (ERDŐS; RÉNYI *et al.*, 1960). Em 1967 (MILGRAM, 1967) realizou um estudo chegando a teoria dos seis graus de separação, a qual indica que estamos a seis “apertos de mão” de qualquer pessoa. Essa teoria também recebeu o nome de “*Small World*”. Baseado na teoria de Milgram e no modelo de Erdős e Rényi, em 1998 Duncan J. Watts e Steven Strogatz firmaram o conceito de rede pequeno mundo (WATTS; STROGATZ, 1998), que diferentemente do modelo das redes aleatórias, considera situações de pequenas aglomerações. Por fim, em 1999 Albert L. Barabási e Réka Albet propuseram um modelo de rede livre de escala, onde a distribuição dos nós segue uma lei de potência (BARABÁSI; ALBERT, 1999). As redes livres de escala surgiram pois Barabási e Al-

bert observaram que em muitas situações existem nós extremamente conectados e nós com poucas conexões, um exemplo pode ser visto no artigo (ALBERT; JEONG; BARABÁSI, 1999), em que analisaram as conexões entre as páginas de internet, e encontraram poucas páginas muito conectadas e muitas páginas pouco conectadas.

Na sequência, estão apresentados os principais modelos de redes e suas características.

2.2.1 Rede Aleatória

Trata-se de um modelo proposto inicialmente em 1959 por Paul Erdős e Alfred Rényi (ERDŐS; RÉNYI, 1959), conhecido como modelo Erdős-Rényi, trata-se de uma rede em que todos os nós devem ter aproximadamente a mesma quantidade de conexões, ou as mesmas oportunidades de receberem novas conexões.

Neste modelo a rede possui N vértices e k conexões aleatórias dentre as possibilidades possíveis descritas por $N * (N - 1) / 2$, e cada vértice é conectado aleatoriamente, com uma probabilidade de conexão p . A forma como ocorrem as conectividades neste modelo segue a distribuição de Poisson com limite máximo igual a quantidade vértices. O grau² médio pode ser calculado como $\langle k \rangle = p(N - 1)$.

2.2.2 Rede Sem Escala

O modelo de rede proposto em 1999 por Albert L. Barabási e Réka Albert, com a premissa de que em algumas redes o grau de conectividade são distribuídos por uma lei de potência, livre de escalas características, fato que nomeou o modelo "Scale free" em português "Sem escala" (BARABÁSI; ALBERT, 1999).

O conceito do modelo é aumentar a rede, conectando novos vértices aos vértices da rede com mais conexões. Ou seja, a rede inicia com um número pequeno de nós, e um a um novos nós são adicionados, com um número m de arestas, e se conectam aos nós que possuem maior grau de conexão. A probabilidade de um nó ser escolhido para receber uma nova conexão conforme a sua conectividade.

Visto que a rede é construída por etapas, os primeiros nós a serem inseridos na rede, terão mais chances de receber uma nova conexão, o que fará com que modelo possua poucos nós altamente conectados e muitos nós com poucas conexões. O grau médio da rede sem escala é dado por $\langle k \rangle = 2m$.

² O grau de um nó, é dado pelo número de arestas que são incidentes no mesmo (LOUREIRO; GOUSSEVSKAIA, 2015).

2.2.3 Rede Small-World

O estudo que o psicólogo Stanley Milgram realizou em 1967, e que está relatado em (MILGRAM, 1967), tinha o intuito de medir a distância entre as pessoas nos Estados Unidos. Assim, ele distribuiu cerca de 200 cartas, que foram entregues a voluntários, e essas cartas deveriam chegar a dois destinatários pré estabelecidos pela autora. Em suma, a pessoa com a carta deveria entrega-la para outra pessoa que conhecesse o destinatário, ou que conhecesse alguém que o conhecia. Ao final do estudo, um número considerável de cartas chegaram nas mãos dos destinatários, e em média elas precisaram de 6 intermediários para percorrer todo o caminho. Milgram, então, elaborou a teoria dos seis graus de separação, e logo em seguida o termo "*Small World*" ou "Pequeno Mundo" surgiu.

Em 1998, o sociólogo Duncan J. Watts juntamente com o físico Steven Strogatz, publicaram um artigo (WATTS; STROGATZ, 1998) no qual firmaram a teoria de redes *Small World* (SW) (também conhecida como rede de Watts-Strogatz). Tal teoria, surgiu pela verificação de que os grafos gerados pelo modelo de Erdos-Rényi não representavam bem algumas propriedades do mundo real, como pequenas aglomerações, e baseado no estudo de Milgram, a rede deveria ter algumas conexões com vértices mais próximos e outras conexões aleatórias. Essa particularidade da rede, gera pequenas aglomerações, o que torna a rede ideal para representar interações sociais.

A rede SW é gerada com N nós conectados a k nós vizinhos com uma probabilidade p . Ao se definir a probabilidade $p = 0$ assume-se uma rede completa, em que todos os nós possuem a mesma quantidade de ligações, e com $p = 1$, a rede se torna altamente aleatória. O grau médio da rede, para que não haja nós isolados, deve ser um número par, tal que:

$$N \gg k \gg \ln(N) \gg 1. \quad (2.6)$$

Capítulo 3

IMPLEMENTAÇÃO NUMÉRICA

Para as simulações numéricas serão realizadas simulações estocásticas, onde cada indivíduo estará conectado através de uma rede *Small World*, sendo a dinâmica de transição dada pelo modelo de compartimento SIR. Para tanto será utilizada a linguagem de programação Python, mais especificamente os pacotes EoN e NetworkX. O primeiro trata especificamente de epidemias em redes complexas e o segundo explora as redes complexas. Na seção 3.1 é apresentado o pacote NetworkX, como ele trabalha com a rede *Small World*(SW), e também as características do pacote EoN, assim como ele interage com o NetworkX e realiza a inserção do modelo de compartimento SIR na rede. Na seção 3.2 tem-se o funcionamento do algoritmo do *Gillespie_SIR*, o responsável por inserir o modelo de compartimento na rede. Por fim na seção 3.3 estão as simulações utilizando as ferramentas do python para delinear parâmetros que tenham similaridade com casos reais.

3.1 Modelagem Epidemiológica utilizando Python

Através da linguagem de programação Python é possível realizar simulações diversas com redes complexas. Dentre seus pacotes, o NetworkX é utilizado para gerar diversas redes e realizar manipulações na mesma. Já o pacote EoN(*Epidemics on Networks*) vem sendo desenvolvido e aprimorado com a finalidade de simular epidemias em redes. Utilizando ambos os pacotes em conjunto é possível gerar uma rede *Small World*, e dividi-la em compartimentos conforme o modelo SIR, seguindo os parâmetros de infecção e recuperação do modelo.

3.1.1 O pacote NetworkX

O NetworkX é um pacote da linguagem de programação Python (MARTELLI, 2006), que possui como principais funções a exploração e a representação de grafos (HAGBERG; SCHULT; SWART, 2008). Este pode ser utilizado juntamente com outros pacotes, como por

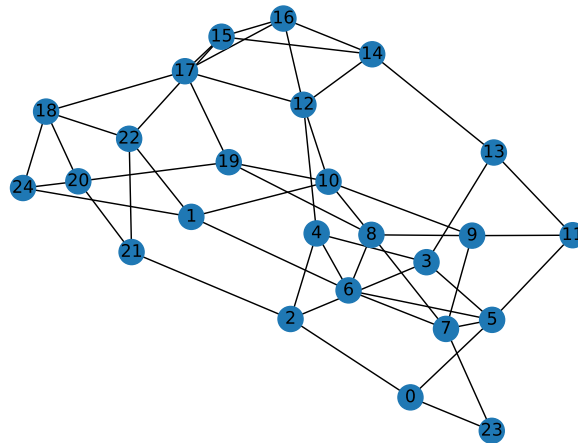
exemplo o Matplotlib, que permite que o grafo seja plotado (tenha sua representação gráfica).

O pacote NetworkX permite diversas manipulações em um grafo (HAGBERG; CONWAY, 2020), como adição e remoção de nós e o cálculo do grau de cada nó da rede, além de realizar a leitura de grafos existentes em arquivos e possuir comandos que geram redes complexas clássicas, apresentadas na seção 2.2.

Como já foi indicado anteriormente, neste trabalho a rede selecionada para as simulações foi a rede *Small World* de Watts Strogatz. Logo, utilizou-se dela para demonstrar a aplicabilidade do NetworkX.

A rede SW de Watts-Strogatz, é definida como uma rede clássica e pode ser gerada a partir do comando `nx.watts_strogatz_graph(N, k, p)`, que com a utilização de parâmetros como: $N = 25$, $p = 0,3$ e $k = 4$ resulta no grafo da figura 3.1.

Figura 3.1 – Grafo que representa a rede SW com $N = 25$, $p = 0,3$ e $k = 4$.

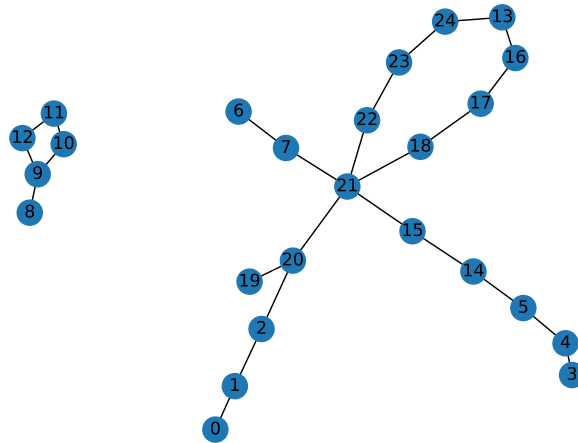


Fonte: Elaborada pela autora.

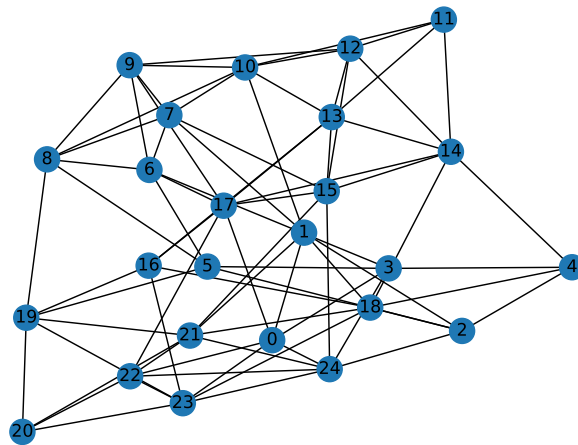
Na subseção 2.2.3, foi definido o conceito de grau médio para a rede SW, que deve ser um número par com $N \gg k \gg \ln(N) \gg 1$. Em uma rede menor, como a demonstrada na figura 3.1, pode-se perceber a influência do valor escolhido para k . Sendo $N = 25$ e $\ln(25) \approx 3,22$ o valor mínimo que k pode assumir, para que a rede não tenha nós isolados é de $k = 4$, valor par maior do que $\ln(25)$. As mudanças ocorridas na rede com a escolha de $k = 2$, menor do que o indicado, pode ser observada na figura 3.2, onde o número de conexões dos nós é bem menor, e existe um conjunto de nós isolado.

Sendo $k = 4$ o menor valor indicado para que a rede não possua nós isolados, um novo grafo representado pela figura 3.3 indica que com um valor maior, $k = 6$, os nós terão mais conexões.

Os grafos das figuras 3.1, 3.2 e 3.3 foram obtidos automaticamente pelo NetworkX.

Figura 3.2 – Grafo que representa a rede SW com $N = 25$, $p = 0,3$ e $k = 2$.

Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 3.3 – Grafo que representa a rede SW com $N = 25$, $p = 0,3$ e $k = 6$.

Fonte: Elaborada pela autora.

3.1.2 Epidemics on Networks - EoN

Epidemics on Networks (EoN) é um pacote de programação da linguagem Python utilizado como ferramenta para aproximação analítica e análise de epidemias em redes (MILLER; TING, 2019). Este pacote consiste em simulações estocásticas que permite a investigação de dinâmicas como os modelos SIR, SIS entre outros.

Com o EoN é possível realizar simulações com métodos markovianos ou não markovianos, como também pode se trabalhar hipóteses como contágio simples, onde um nó é induzido a mudar o seu estado atual pela influência de um único nó conectado a ele, independente de qual seja o estado dos outros nós conectados, ou casos de contágio complexos, em que um nó muda o seu estado atual influenciado pelo estado da maioria dos nós conectados a ele.

Existem dois algoritmos que permitem trabalhar diretamente com o modelo SIR no EoN. O primeiro é o *fast_SIR* com uma implementação orientada a eventos, e o segundo, que foi o escolhido para a realização das simulações deste trabalho, é o *Gillespie_SIR* que utiliza de uma simulação estocástica exata (KISS; MILLER; SIMON, 2017), e será abordado na próxima seção.

3.2 O Modelo de Gillespie_SIR

O Gillespie atua com as propriedades de uma cadeia Markoviana, analisando o estado atual de cada nó, seguindo as normas do modelo utilizado, neste caso o modelo SIR, onde um nó infectado não pode voltar a ser suscetível e um nó suscetível não pode passar a ser recuperado, e levando em consideração os parâmetros passados pelo usuário. Internamente o funcionamento do algoritmo¹ do *Gillespie_SIR* utiliza-se das taxas de infecção e de recuperação passadas pelo usuário para gerar novas taxas.

A primeira etapa do algoritmo consiste na infecção inicial dos nós, de forma aleatória baseado no parâmetro de entrada I_0 (infectados iniciais) assim é, possível identificar quais são os nós em posição de risco, ou seja, os nós suscetíveis que possuem vizinhos infectados. Em seguida é realizado o cálculo das taxas de infecção e recuperação. Para cada nó u em posição de risco, calcula-se uma taxa de infecção dada pela multiplicação da taxa de infecção β , recebida como parâmetro de entrada, pelo número de vizinhos infectados que esse nó possui. Se o nó possui apenas 1 nó vizinho infectado, sua taxa de infecção é o próprio β , se ele possui 3 nós vizinhos infectados sua taxa de infecção é 3β e assim por diante.

A taxa de recuperação de cada nó é a própria taxa de recuperação γ passado como parâmetro de entrada. Para encontrar a taxa total da rede T , precisa-se da taxa total de infecção e a taxa total de recuperação. Realizando o somatório das taxas de infecção individuais dos nós em risco obtem-se a taxa total de infecção T_{infec} , e para obter a taxa total de recuperação T_{rec} , basta multiplicar γ pelo número de nós infectados no tempo atual. Logo a taxa total da rede é dada por $T = T_{infec} + T_{rec}$.

A taxa total T é utilizada, principalmente, para gerar um parâmetro aleatório r , que pode assumir um valor entre 0 e T . Assim é feita uma comparação que indica se no tempo atual da simulação vai ocorrer uma recuperação ou uma infecção. Se esse novo parâmetro r for menor que a taxa total de recuperação T_{rec} então é selecionado um nó u infectado de forma aleatória para que ele seja recuperado e a taxa de infecção dos nós vizinhos a esse nó selecionado é recalculada.

Caso o valor do parâmetro r seja maior do que a taxa de recuperação total T_{rec} tem-se um tempo de infecção. Para esse caso, é selecionado um nó, dentre os nós em posição de risco, com uma probabilidade dada pela razão entre a taxa de infecção do nó pela taxa de

¹ Disponível no apêndice do livro: Mathematics of Epidemics on Networks (KISS; MILLER; SIMON, 2017).

infecção total da rede, $\frac{T_{infecção}(u)}{T_{infec}}$. O nó selecionado será removido da área de risco e passará a ser um nó infectado. Nessa etapa, é realizada uma análise dos nós vizinhos ao nó selecionado e caso algum vizinho não esteja em posição de risco, ele passa a estar em risco, sua taxa de infecção é calculada e as taxas totais da rede são atualizadas.

O processo é realizado até que a taxa total da rede T seja nula, ou até que o tempo máximo de simulação seja atingido. Os tempos de simulação são atualizados com uma distribuição exponencial de taxa T . Ao final desse processo o algoritmo retorna uma lista dos tempos de infecção, os indivíduos em cada estado S, I e R.

Código 1 – Linha principal Gillespie.

```

»>Import EoN
»>EoN.GillespieSIR( G, tau, gama, initial_infecteds = None, initial_recovereds =
None, rho = None, tmin = 0, tmax = inf, recovery_weight =
None, transmission_weight = None, return_full_data = False, sim_kwargs = None)

```

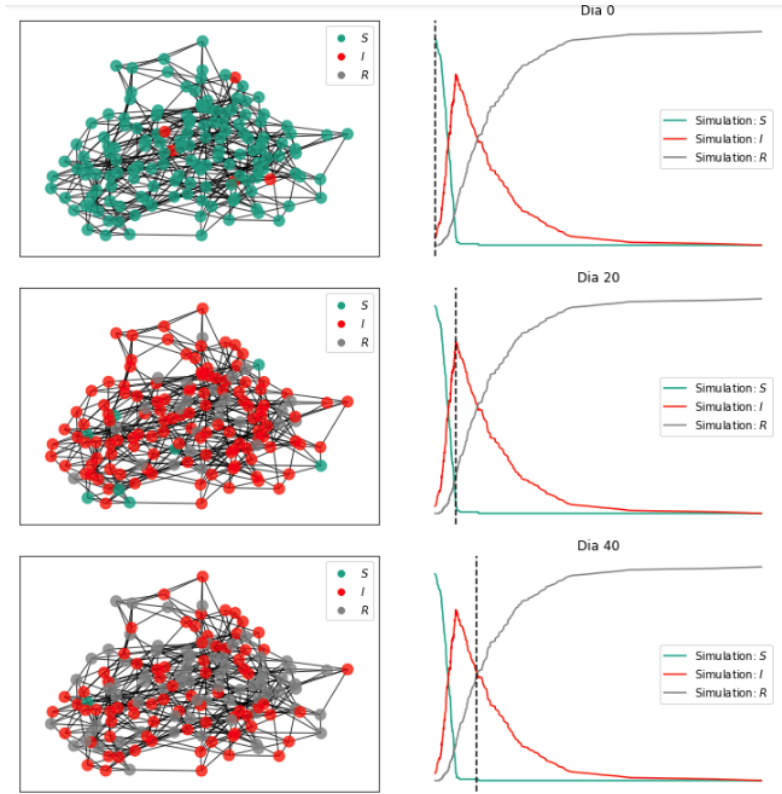
Para o seu funcionamento, o Gillespie deve receber alguns parâmetros como mostra o código 1: um grafo G (que deve ser definido pelo NetworkX), a taxa de transmissão " τ " (aqui neste trabalho denominou-se essa taxa de β , por se tratar da taxa de infecção do modelo SIR utilizado), a taxa de recuperação " γ ", quantidade inicial de infectados " $initial_infecteds$ ", quantidade inicial de recuperados " $initial_recovereds$ ", geralmente padronizado como nenhum, logo, não precisam necessariamente aparecer no código, " ρ " que representa a fração inicial da população que esta infectada (I_0/N), " $tmin$ " como o tempo inicial e " $tmax$ " como o tempo final para a simulação, " $recovery_weight$ " que defini um atributo do nó para o peso, " $transmission_weight$ " que defini os pesos para as arestas, " $return_full_data$ " que informa se um objeto deve ser retornado e é do tipo boolean, e por fim " sim_kwargs " que é um argumento com palavras chave.

Para demonstrar uma aplicação do *Gillespie_SIR*, juntamente com o EoN, foi realizada uma simulação de como se da a disseminação de um vírus em uma rede SW. Como resultado é possível visualizar a rede com os nós suscetíveis (na cor verde), infectados (na cor vermelha) e recuperados (na cor cinza) em cada tempo de simulação, juntamente com o gráfico que apresenta as curvas do modelo SIR.

Os valores utilizados para essa demonstração foram $N = 150$, $k = 6$, $p = 0,3$, $I_0 = 5$, $\gamma = 0,023$ e $\beta = 0,082$. Na figura 3.4 tem-se o resultado da simulação, na qual aparece os tempos de simulação escolhidos. Ao lado esquerdo esta a representação da rede, com os nós coloridos de acordo com seu estado, e ao lado direito o gráfico das curvas do modelo SIR, em verde a curva de suscetíveis, e vermelho a curva de infectados e em cinza a curva de recuperados.

No primeiro instante, dia 0, é possível observar a rede com os 5 nós infectados inicialmente I_0 , logo em seguida, no dia 20, é possível observar a predominância dos nós infectados na rede, e ao observar o gráfico da direita, esse instante representa o pico de infecção

Figura 3.4 – Rede SW durante o período de infecção gerada com $N = 150$, $k = 6$, $p = 0,3$, $I_0 = 5$, $\gamma = 0,023$ e $\beta = 0,082$.



Fonte: Elaborada pela autora.

dessa rede, o momento em que o número de infectados passa a diminuir. Vale observar que o último instante de simulação (dia 40), não representa o fim da simulação.

Em todas as redes com conectividade limitada (fixa) a prevalência do estado estacionário é sempre nulo, ou seja, a infecção sempre desaparece.

3.3 Delineamento dos Parâmetros com Dados Reais

Em 2020 o mundo foi acometido pela pandemia causada pelo vírus da Covid-19 (ORGANIZATION., 2020), a qual teve diversas variantes. No intuito de delinear parâmetros que possam representar similaridade com um caso ocorrido, foram coletados dados sobre o vírus em um período no qual a variante predominante foi a Ômicron, ao final do ano de 2021 e início do ano de 2022, de duas cidades brasileiras. A primeira cidade, neste trabalho representada como cidade **A**, está no interior de São Paulo, e conta com cerca de 4500 habitantes. A segunda cidade, **B**, localiza-se no sudeste de Goiás e possui, aproximadamente, 100000 habitantes.

Os dados coletados referem-se aos boletins diários disponíveis nos sites das prefeituras de ambas as cidades que apresentam os valores cumulativos de infectados e recuperados. Assim, para encontrar o percentual de infectados a cada dia, adotou-se a seguinte estratégia:

1º Coletar os dados durante um período de tempo, que para a cidade **A**, foi do dia 03/01/2022 ao dia 25/02/2022 e para a cidade **B** foi do dia 03/01/2022 ao dia 18/03/2022. O período da cidade **B** é maior visto que nesta cidade o vírus levou mais tempo para se espalhar.

2º Encontrar a quantidade de novas infecções por dia. Para tanto, utilizou-se a subtração do número de infectados total do dia com o número de infectados total do dia anterior. Analogamente, calcula-se a quantidade de novas recuperações. Por fim, ao realizar a subtração dos novos infectados com os novos recuperados obtêm-se os novos infectados da rede.

3º A última etapa consistiu em somar os novos infectados com os infectados do dia anterior. Assim foi possível obter o número de infectados atual, ou seja, quantos indivíduos da cidade estão infectados em um determinado dia. Para encontrar o percentual de infectados, basta dividir o valor encontrado por N , o número total de indivíduos da cidade.

Com esses valores encontrados para ambas as cidades, pode-se gerar a curva do percentual de infectados por dia. Buscou-se, então, gerar uma curva através das simulações de uma rede SW e a dinâmica de interação de estados dado pelo modelo *Gillespie_SIR*. Os dados utilizados para a cidade **A** foram: $N = 4500$, $k = 12$, $p = 0,5$, $\gamma = 0,625$, $\beta = 0,105$ e $I_0 = 8$.

Na figura 3.5 tem-se a representação das curvas, sendo os círculos vermelhos os dados coletados no site da prefeitura da cidade **A**, em cinza 100 simulações do Gillespie e em azul a média dessas simulações. A diferença no comportamento das curvas em cinza pode ser explicada pela premissa de que a cada simulação, o Gillespie seleciona diferentes nós para infectar inicialmente, caso esses nós estejam mais isolados, ou não infectem nenhum outro nó vizinho, o vírus morre e não ocorre disseminação na rede.

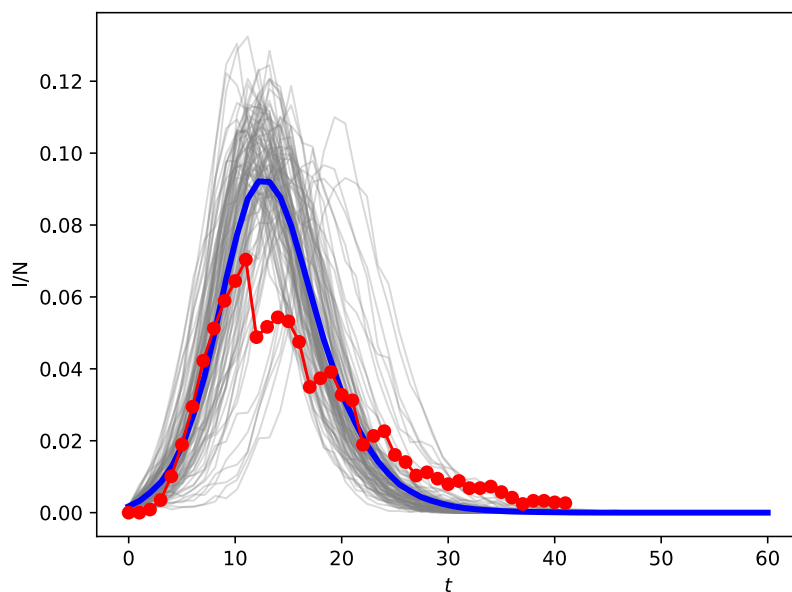
De forma similar, foi feita a simulação do *Gillespie_SIR* para a cidade **B**, sendo utilizado os seguintes parâmetros: $N = 100.000$, $k = 8$, $p = 0,5$, $\gamma = 0,555$, $\beta = 0,115$ e $I_0 = 25$. Essa aplicação é demonstrada na figura 3.6.

Para a cidade **A**, de acordo com a fórmula $N \gg k \gg \ln(N) \gg 1$, o valor ideal que o grau médio poderia assumir é de $k = 10$, para que todos os nós estejam conectados, no entanto o valor utilizado foi de $k = 12$ tornando a rede bem conectada. Por outro lado, o valor ideal de k para a cidade **B** é de $k = 12$, e o valor utilizado foi $k = 8$, tornando assim possível a existência de nós isolados na rede da cidade **B**.

Com a taxa de infecção β e a taxa de recuperação γ , passadas através do modelo SIR, é possível calcular a taxa de espalhamento do vírus definida como $r_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ (PASTOR-SATORRAS; VESPIGNANI, 2001). O valor da taxa de espalhamento para a cidade **A** e para cidade **B**, foram bem próximos, sendo de $r_0 = 0.168$ para a primeira e $r_0 = 0.207$ para a segunda.

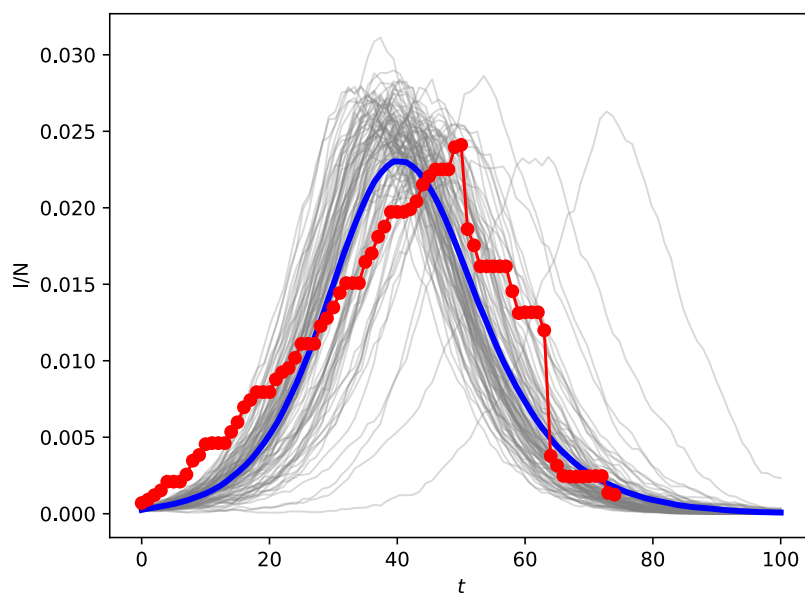
É importante salientar que os valores utilizados para as simulações foram escolhidos de forma arbitrária para se obter certa similaridade entre as simulações e os dados. Ou seja,

Figura 3.5 – Gráfico do percentual de infectados ao longo do tempo para a Cidade A.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 3.6 – Gráfico do percentual de infectados ao longo do tempo para a Cidade B.



Fonte: Elaborada pela autora.

no decorrer do trabalho as menções aos parâmetros das cidades **A** e **B** serão realizadas apenas para que as análises tenham certa representatividade com dados reais.

Capítulo 4

ANÁLISES ESTATÍSTICA DOS TEMPOS DE INFECÇÃO

Objetiva-se neste capítulo estudar o comportamento de uma epidemia em uma rede Small-World com tamanhos distintos, e como os parâmetros topológicos podem influenciar esse comportamento. Para tanto, foi definido uma Estatística dos Tempos de Infecção (ETI) em redes simuladas pela biblioteca EoN juntamente com o NetworkX da linguagem de programação Python. Na seção 4.1 é realizado um estudo sobre a probabilidade de permanência da epidemia e as principais características encontradas. A seção 4.2 possui definições da distribuição log-normal e como a mesma pode contribuir com os resultados encontrados.

4.1 Estatística dos Tempos de Infecção (ETI)

Para simular o comportamento do modelo SIR em uma rede SW com N nós, utilizou-se os pacotes NetworkX e EoN da linguagem de programação Python. A utilização, em conjunto, desses pacotes permite a utilização do comando, `transmission_tree()` que retorna uma lista dos tempos de infecção de cada nó " j ", do tipo $T^j = \{T^1, T^2, \dots, T^N\}$. Repare que se um nó não se torna infectado, logo o seu tempo de infecção será nulo. Uma vez que T é uma variável contínua, é possível definir uma função de densidade de probabilidade $P(T)$, onde $P(T)dT$ é a probabilidade de se encontrar um nó infectado em um tempo T_i e $T_i + dT$.

Definindo $\rho(\tau)$ como a distribuição dos tempos de infecção com tempos $T > \tau$ tem-se:

$$\rho(\tau) = \int_{\tau}^{T_f} P(T) dT. \quad (4.1)$$

Numericamente, a equação 4.1 pode ser calculada como:

$$\rho(\tau) = \frac{N_{T>\tau}}{N_{TOTAL}}, \quad (4.2)$$

onde $N_{T>\tau}$ é o número de nós infectados no tempo $T > \tau$ e N_{Total} é o número total de nós infectados durante a simulação. A quantidade $\rho(\tau)$ é uma distribuição cumulativa denominada Estatística dos Tempos de Infecção (ETI). A Estatística de Tempos de Infecção evidencia como a epidemia é eliminada da rede.

A função $\rho(\tau)$ é decrescente em τ , iniciando em $\rho(0) = 1$ devido a normalização da função $P(T)$, isto é, $\int_0^\infty P(T)dT = 1$.

Devido às características dos modelos de compartimento epidemiológicos, espera-se dois tipos de distribuições para a função $\rho(\tau)$:

(i) decaimento exponencial

$$\rho(\tau) \approx \exp\left(-\frac{\tau}{\zeta}\right), \quad (4.3)$$

(ii) decaimento do tipo lei de potencia

$$\rho(\tau) \approx \tau^{-\gamma}. \quad (4.4)$$

Os casos que apresentam decaimento exponencial são típicos de modelos em que a epidemia é considerada não persistente, ou seja, não há um considerável número de infecções que ocorrem após um longo período de tempo. Esse é o caso do modelo SIR, por exemplo. Uma vez que não há realimentação no sistema o decaimento sob lei de potencia indica a existência de tempos em que se observa infecções após um período muito longo, definindo a persistência da epidemia. Esse caso pode ser identificado no modelo SIS ([PASTOR-SATORRAS; VESPIGNANI, 2001](#)).

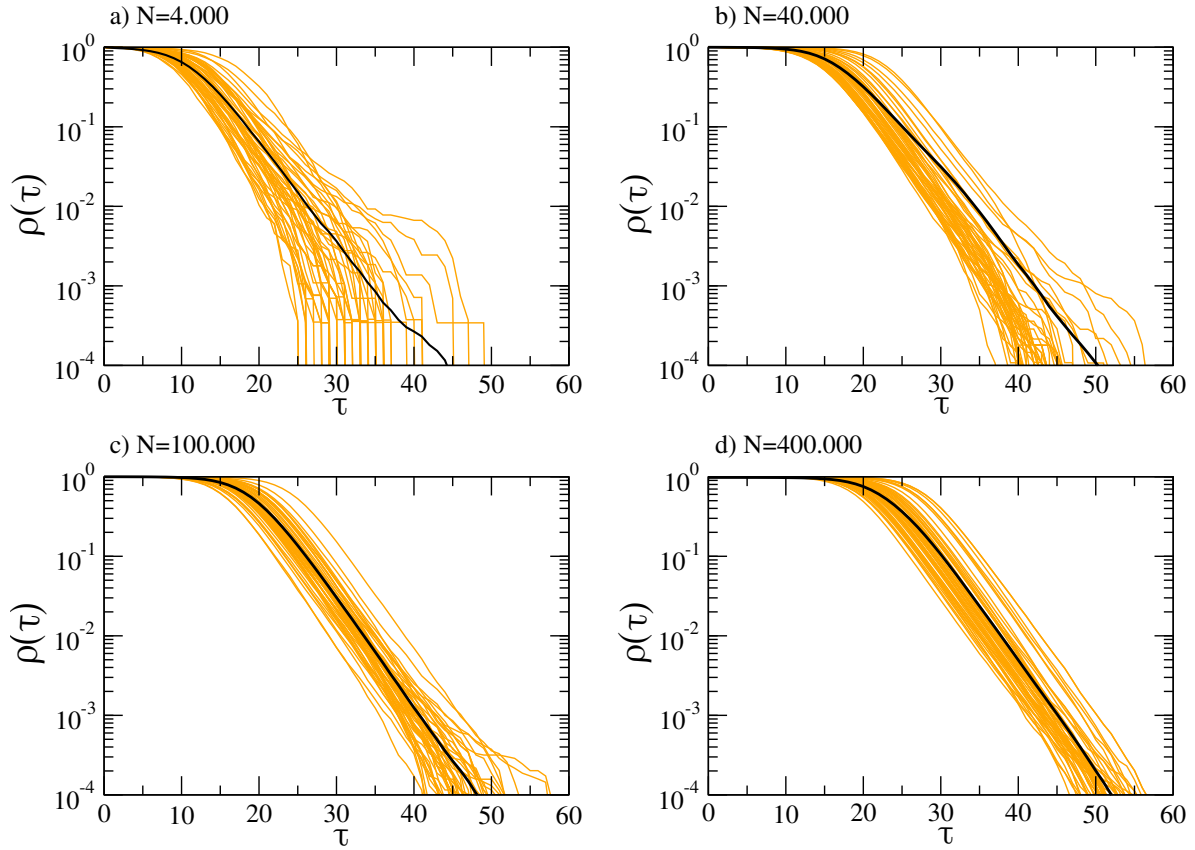
4.1.1 Simulações para o Decaimento da ETI

Foram realizadas 50 simulações em que cada uma recebeu uma rede SW, que foi gerada fixando os parâmetros: N , quantidade de nós; k número médio de conexões; p a probabilidade dos nós se conectarem; β e γ que são a taxas de infecção e recuperação, respectivamente; e a quantidade de infectados iniciais I_0 . Ao fim de cada simulação, a equação 4.2 é calculada e obtêm-se uma curva da estatística dos tempos de infecção durante o período de análise.

Com a finalidade de investigar o comportamento de uma epidemia em uma rede SW de tamanhos distintos, foram realizadas simulações para redes de tamanhos N igual a 4.000, 40.000, 100.000 e 400.000. Na figura (4.1) as taxas utilizadas foram: $\beta = 0,105$, $\gamma = 0,625$, $k=12$ e $I_0 = 8$. Tais parâmetros foram baseados na simulação da figura 3.5, representando a cidade **A**.

De forma similar, com dados baseados na figura 3.6 da cidade **B**, obteve-se as curvas da figura 4.2. Os parâmetros utilizados foram: $\beta = 0,115$, $\gamma = 0,555$, $k=8$ e $I_0 = 25$.

Figura 4.1 – Gráfico semi-log do decaimento da curva de infectados para diferentes tamanhos da rede com parâmetros $\beta = 0,105$, $\gamma = 0,625$, $k = 12$ e $I_0 = 8$ (cidade **A**). Em laranja estão as curvas obtidas pelas simulações e em preto a média das simulações.



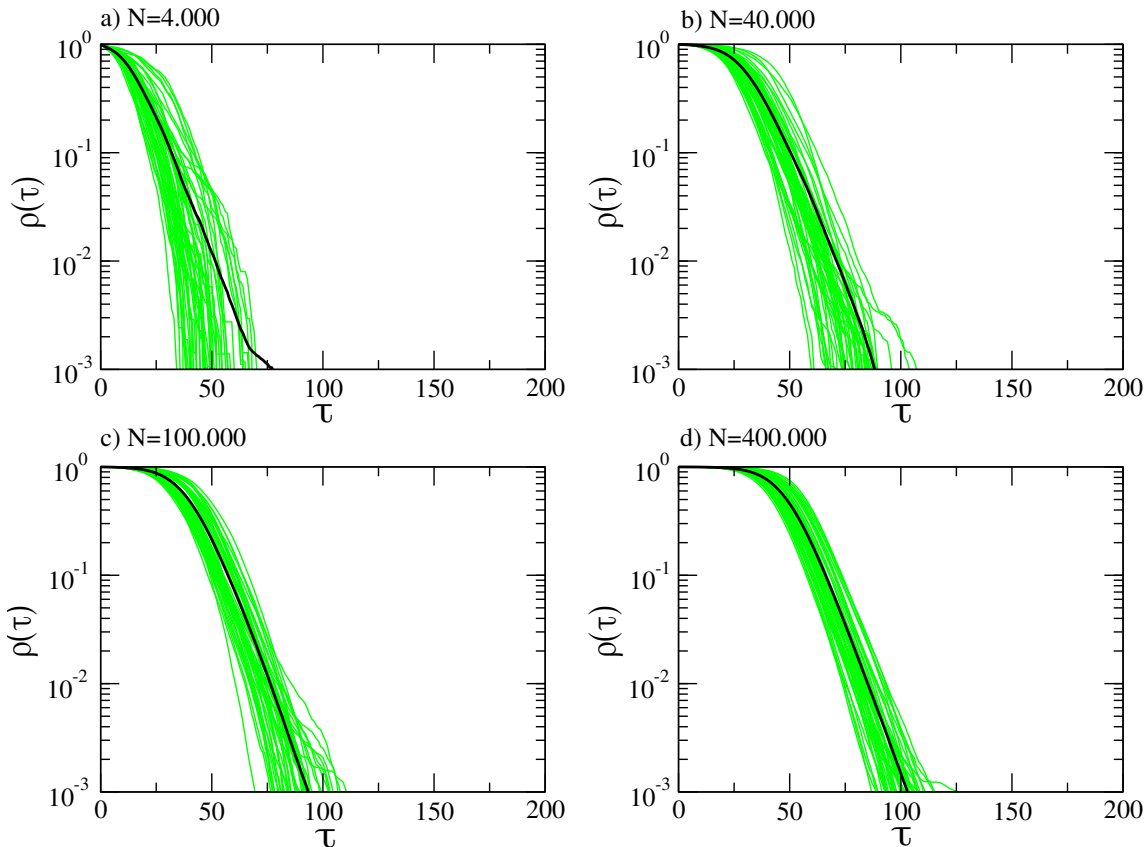
Fonte: Elaborada pela autora.

Pelas figuras 4.1 e 4.2 é possível observar que a característica do decaimento é semelhante, mesmo o tamanho das redes sendo diferentes. A principal diferença se encontra no momento em que se inicia o decaimento, visto que o número de infectados inicialmente foi o mesmo para todas as redes, na cidade **A** $I_0 = 8$ e na cidade **B** $I_0 = 25$, espera-se que o início do decaimento aconteça em um período menor para uma rede com $N=4.000$, enquanto que para uma rede com $N=400.000$, maior e com mais indivíduos suscetíveis o decaimento demore mais para iniciar.

Um ponto interessante para análise dá-se pela escala do tempo τ . Por exemplo, considerando a figura 4.1 e 4.2 (a) para $N=4.000$ verifica-se que a probabilidade de um nó se infectar transcorrido 40 dias de simulações é consideravelmente menor para a cidade **A**. Outro fato é que o espalhamento da epidemia foi mais "eficiente" na cidade **A**, tendo em vista o menor tempo de permanência da epidemia. Ou seja, comparando os parâmetros relacionados à cidade **A** com os parâmetros da cidade **B** em uma rede de mesmo tamanho, a epidemia se espalhou e, também, foi eliminada da rede mais rapidamente no caso simulado para a cidade **A** do que na cidade **B**. Muito provavelmente, tal fato está relacionado com o

número médio de conexões $\langle k \rangle$ relativamente maior na cidade **A**. Em contra partida, é possível observar que leva mais tempo para se iniciar o decaimento da curva ETI nas simulações considerando os parâmetros da cidade **B**. Isso se deve ao fato do número de infectados iniciais adotado no segundo caso ser bastante superior.

Figura 4.2 – Gráfico semi-log do decaimento da curva de infectados para diferentes tamanhos da rede com parâmetros: $\beta = 0,115$, $\gamma = 0,555$, $k = 8$ e $I_0 = 25$ (cidade **A**). Em verde estão as curvas obtidas pelas simulações e em preto a média das simulações.

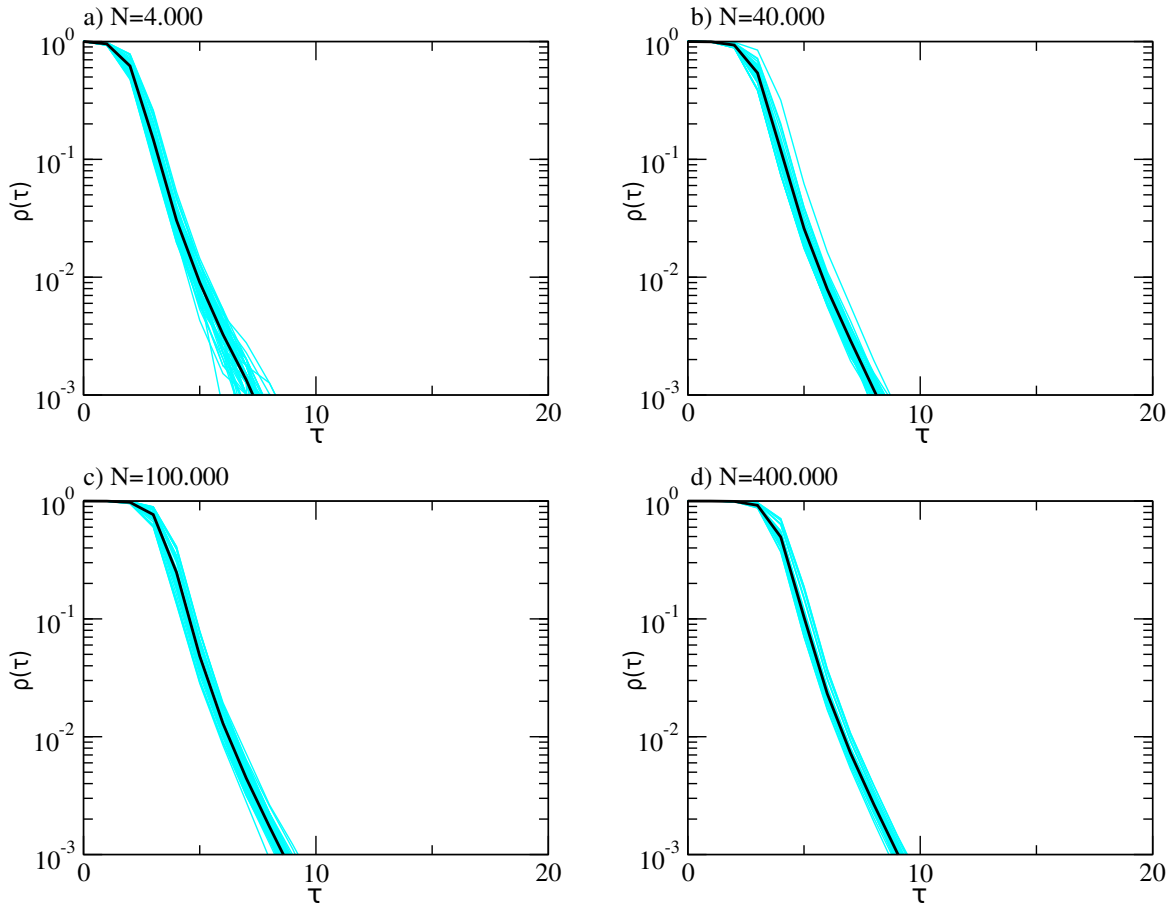


Fonte: Elaborada pela autora.

Uma terceira simulação foi realizada, considerando $I_0 = 10$, $\gamma = 0,680$ e $\beta = 0,272$ e um valor para o número médio de conexões, ligeiramente, maior que nos casos anteriores, $\langle k \rangle = 14$. Pela figura 4.3 é possível observar que o comportamento do decaimento das curvas é semelhante ao comportamento das curvas anteriores, sendo válido salientar que a epidemia com essas características tem sua disseminação de forma mais rápida. Comparando as simulações obtidas nas figuras 4.1, 4.2 e 4.3 verifica-se que conforme o valor de $\langle k \rangle$ e r_0 aumentam a variação entre as simulações diminui.

Nos gráficos das figuras 4.4 e 4.5, estão representadas as curvas médias da ETI, para a cidade **A** e a cidade **B**, respectivamente, seguidas pelas curvas média da terceira simulação realizada na figura 4.6. Apesar de em ambos os casos, o início do decaimento ocorrer em tempos diferentes, a característica do decaimento é a mesma, sendo $\zeta = 3.2$ para a cidade

Figura 4.3 – Gráfico semi-log do decaimento da curva de infectados para diferentes tamanhos da rede com parâmetros: $\beta = 0,272$, $\gamma = 0,680$, $\langle k \rangle = 14$ e $I_0 = 10$. Em azul estão as curvas obtidas pelas simulações e em preto a média das simulações.



Fonte: Elaborada pela autora.

A, $\zeta = 8.6$ para a cidade **B** e $\zeta = 0.64$ para a última simulação. Portanto, conclui-se que o tamanho da rede não altera o decaimento da ETI, ou seja, a ocorrência de infecções segue um comportamento semelhante independente do tamanho da rede.

A quantidade $\rho(\tau)$ é, portanto, para o modelo SIR estocástico, descrita por um decaimento exponencial do tipo:

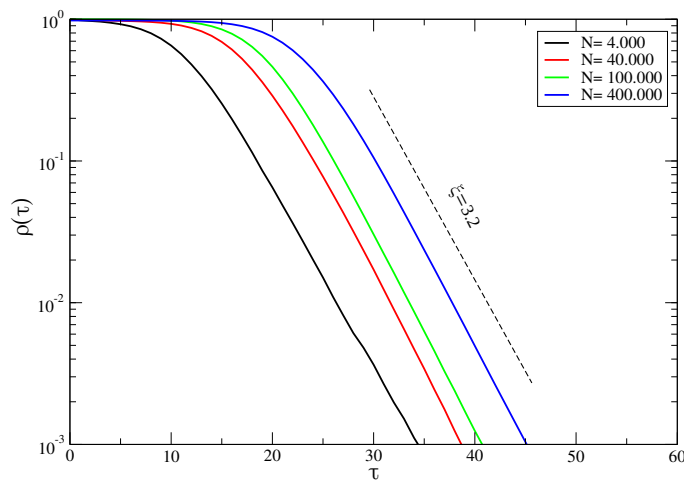
$$\rho(\tau) \approx \exp\left(-\frac{\tau}{\zeta}\right). \quad (4.5)$$

Como se trata de uma distribuição de probabilidade cumulativa e τ representa um intervalo de tempo de infecção, ζ deve representar um tempo de escala específico da epidemia.

Pela equação 4.5, que demonstra a relação entre ζ e τ , é possível observar que quanto menor for o valor de ζ o decaimento da curva ocorrerá mais rapidamente. Sendo assim, com $\zeta = 3,2$ para a cidade **A**, $\zeta = 8,6$ para a cidade **B**, e $\zeta = 0,64$ para a terceira simulação, a cauda

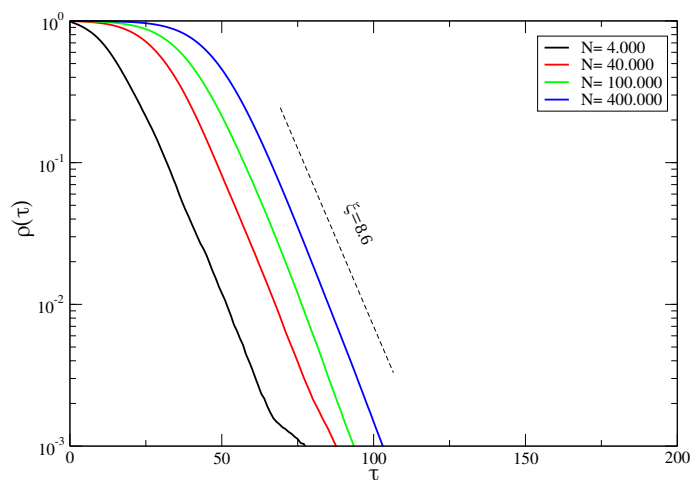
gerada com os dados da terceira simulação decai mais rapidamente do que a cauda gerada com os dados de ambas as cidades. Tendo em vista que os valores da taxa de espalhamento da cidade **A** e da cidade **B** são bem próximos, $r_0 = 0,168$ e $r_0 = 0,207$ com uma diferença relativamente alta no valor de $\langle k \rangle$ utilizado, conjecturamos que os valores de ζ devem se relacionar aos valores atribuídos aos parâmetros: $\langle k \rangle$, γ e β .

Figura 4.4 – Gráfico semi-log das curvas médias da probabilidade da Estatística dos Tempos de Infecção (ETI) de um vírus em redes SW de diferentes tamanhos para a cidade **A**.



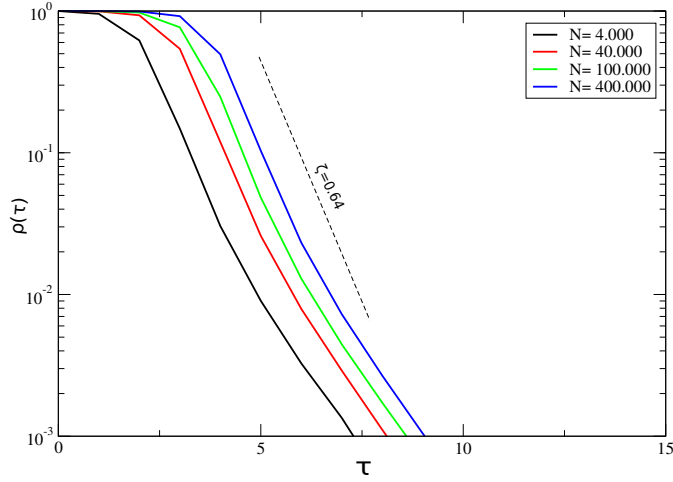
Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 4.5 – Gráfico semi-log das curvas médias da probabilidade da Estatística dos Tempos de Infecção (ETI) de um vírus em redes SW de diferentes tamanhos para a cidade **B**.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 4.6 – Gráfico semi-log das curvas médias da probabilidade da Estatística dos Tempos de Infecção (ETI) de um vírus em redes SW de diferentes tamanhos.



Fonte: Elaborada pela autora.

4.1.2 Relação do Tempo de Escala com os Parâmetros do Sistema

De acordo com (BARTHÉLEMY *et al.*, 2005), durante a fase de espalhamento da epidemia, o crescimento do número de indivíduos infectados no modelo SIR em redes complexas é uma função exponencial, cujo expoente é dado por um tempo de escala, ζ_e , que é dependente do primeiro e do segundo momentos da distribuição dos graus dos nós na rede, assim como das taxas de infecção e recuperação do modelo. Mais especificamente,

$$\zeta_e \approx \frac{\langle k \rangle}{\beta \langle k^2 \rangle - (\beta + \gamma) \langle k \rangle}, \quad (4.6)$$

onde $\langle k^2 \rangle$ é o segundo momento definido por:

$$\langle k^2 \rangle = \sum_{k_{min}}^{\infty} k^2 p_k, \quad (4.7)$$

sendo p_k a distribuição dos graus da rede.

De fato, a equação 4.6 implica na dependência do tempo de escala com a heterogeneidade, da rede, $\kappa = \langle k^2 \rangle / \langle k \rangle$. Para redes homogêneas, como é o caso da rede WS, $\kappa = \langle k \rangle + 1$. Assim, o tempo de escala se aproxima de:

$$\zeta_e \approx \frac{1}{\beta \langle k \rangle - \gamma} \quad (4.8)$$

Embora o tempo de escala ζ_e esteja relacionado diretamente com a fase de espalhamento de indivíduos infectados e o tempo de escala ζ da ETI esteja relacionado com a fase de supressão da epidemia, buscou-se a partir das simulações realizadas nas figuras 4.4, 4.5 e

Tabela 4.1 – Comparação entre as escalas de tempo ζ , calculada numericamente para a ETI e ζ_e , calculada de acordo com a equação 3.

β	γ	$\langle k \rangle$	ζ	ζ_e	ζ/ζ_e
0,105	0,625	12	3,20	1,5748	2,032
0,115	0,555	8	8,60	2,7397	3,139
0,115	0,555	14	2,00	0,9479	2,110
0,680	0,272	14	0,64	0,3197	2,002

4.6, analisar uma possível relação do expoente ζ da ETI em contraponto ao expoente ζ_e . Na tabela 4.1 têm-se a comparação dos valores, bem como a razão entre os expoentes.

A partir dos valores da razão entre os expoentes de escala, conforme mostrado na tabela 4.1, verifica-se que possivelmente o expoente ζ da ETI se aproxima de $\zeta = 2\zeta_e$, ou seja:

$$\zeta \approx \frac{2}{\beta \langle k \rangle - \gamma}. \quad (4.9)$$

Ressalta-se que o caso dado pela segunda linha da tabela 4.1 diverge da definição apresentada pela equação 4.9. Tal fato ocorre devido ao valor baixo de $\langle k \rangle$, pois a depender do tamanho N da rede a condição para que não haja nós desconectados em uma rede WS (veja equação 2.6) pode não ser satisfeita. Perceba pela terceira linha da tabela 4.1 que, aumentando o valor de $\langle k \rangle$ a relação ζ/ζ_e se aproxima de 2.

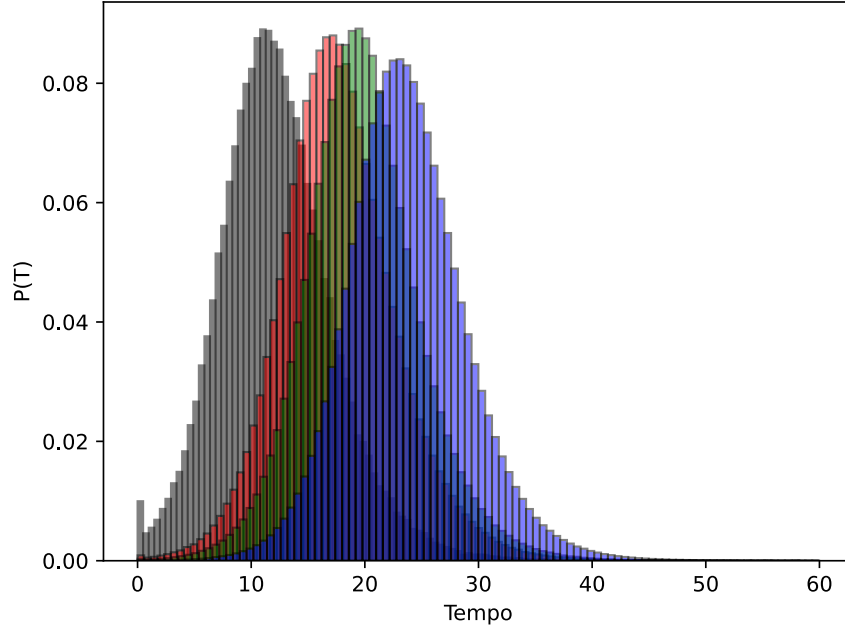
4.1.3 Relação entre o Tamanho do Sistema e o Pico de Infecções

Como observado na sub-seção anterior, a característica do decaimento das curvas da ETI mostrada nas figuras 4.4, 4.5 e 4.6 são semelhantes, enquanto o tempo em que se inicia o decaimento é diferente. Sendo assim, para investigar a relação existente entre o número de nós N com o início do decaimento da curva, buscou-se uma representação da probabilidade de se encontrar um indivíduo infectado em um determinado intervalo de tempo T e $T + \Delta T$ através de histogramas.

Para obtenção dos histogramas, utilizou-se os dados das simulações realizadas para as figuras 4.4 e 4.5, contabilizando a quantidade de nós que se infectaram no intervalo de tempo de 1 dia. Os histogramas normalizados estão mostrados nas figuras 4.7 e 4.8.

Em ambas as figuras, o gráfico na cor preta representa a rede com $N=4.000$, em vermelho o gráfico para $N=40.000$, o gráfico na cor verde é para $N=100.000$ e em azul para $N=400.000$. Os histogramas permitem visualizar que $P(T)$, ou seja, a probabilidade de encontrar nós infectados no intervalo de tempo de T e $T + dT$, é uma distribuição simétrica em torno do pico, com uma cauda prolongada à direita. Nesta distribuição a moda M_o (pico) indica o período de maior infecção na rede, juntamente com o início do decaimento da infecção da epidemia. Logo, os picos dos histogramas estão diretamente relacionados aos diferentes tempos que se iniciam os decaimentos das figuras 4.4 e 4.5.

Figura 4.7 – Histograma de infectados em cada tempo para $N = 4.000$ (preto), $N = 40.000$ (vermelho), $N = 100.000$ (verde) e $N = 400.000$ (azul).



Fonte: Elaborada pela autora

Para investigar a relação entre o tamanho da rede com o tempo em que se encontra o pico de infecções no modelo, realizou-se um estudo entre o tamanho da rede e os valores da moda M_o apresentados pelos histogramas das figuras 4.4 e 4.5.

Nas figuras 4.9 e 4.10 tem-se a representação da relação entre a moda M_o dos histogramas com o número N de indivíduos da rede. O comportamento linear na escala semi-logarítmica evidencia a relação de forma exponencial entre o tamanho da rede e o decaimento da ETI:

$$N \approx A_0 \exp(\alpha M_o). \quad (4.10)$$

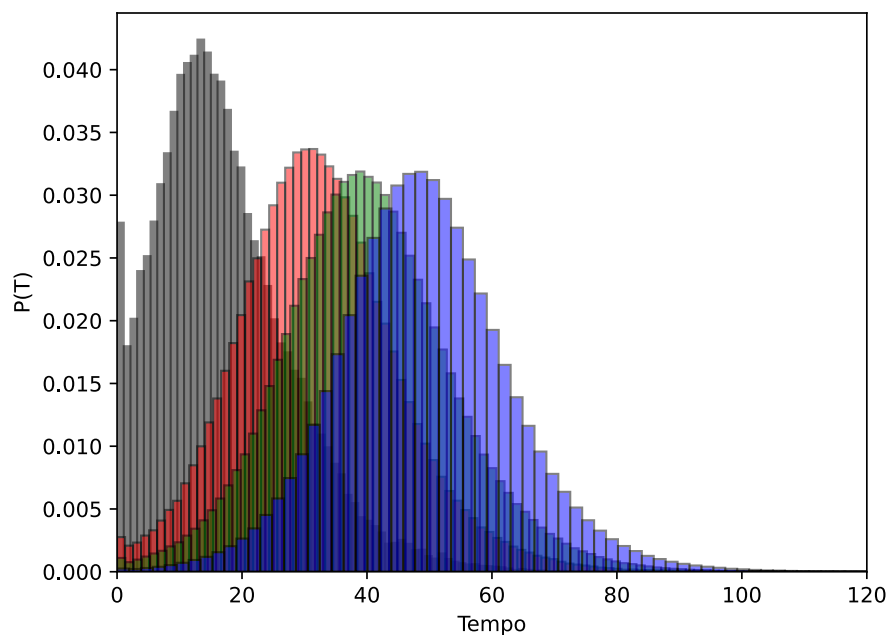
Em termos da moda, pode-se reescrever a equação 4.10 como:

$$M_o \approx \frac{1}{\alpha} (\ln(N) - \ln(A_0)). \quad (4.11)$$

Logo, o pico de infecção, ou seja, "o dia que ocorre a maior quantidade de indivíduos infectados", é dado pela equação 4.11, que depende do tamanho N da rede e dos valores fixos de α e A_0 .

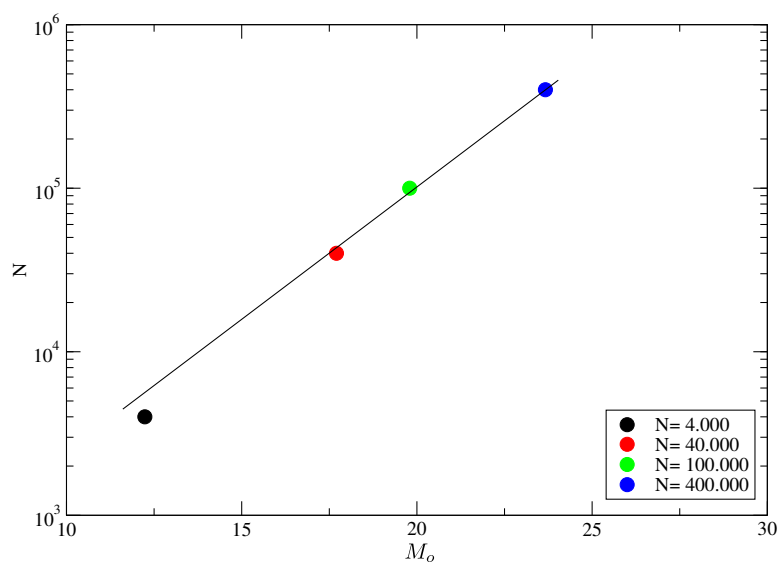
A partir de uma curva de ajuste não linear para os pontos definidos pela figura 4.9 ($\langle k \rangle = 12$, $\beta = 0,105$, $\gamma = 0,625$ e $I_0 = 8$), obteve-se os valores de $\alpha = 0,37$ e $A_0 = 66,17$. Analogamente, para os pontos definidos pela figura 4.10 ($\langle k \rangle = 8$, $\beta = 0,115$, $\gamma = 0,555$ e $I_0 = 25$), foram encontrados os valores de $\alpha = 0,15$ e $A_0 = 206,5$.

Figura 4.8 – Histograma de infectados em cada tempo para $N = 4.000$ (preto), $N = 40.000$ (vermelho), $N = 100.000$ (verde) e $N = 400.000$ (azul).



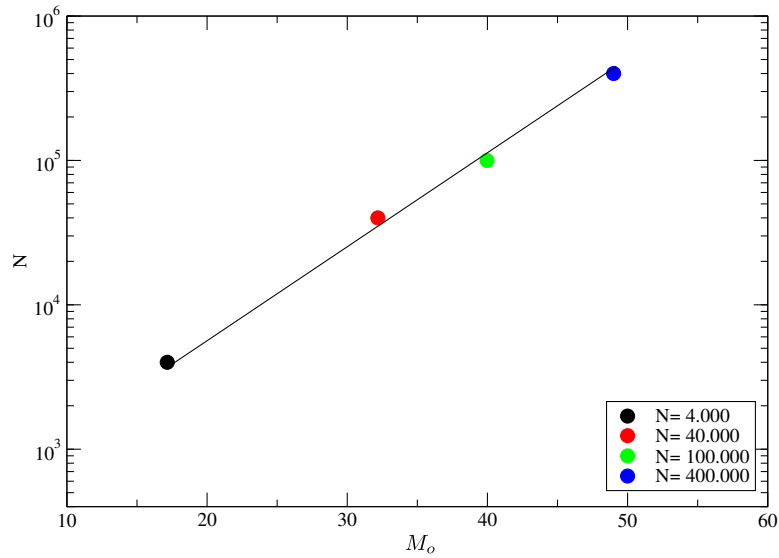
Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 4.9 – Gráfico semi-log da relação entre a moda dos histogramas com o número de nós da rede para a cidade A.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 4.10 – Gráfico semi-log da relação entre a moda dos histogramas com o número de nós da rede para a cidade B.

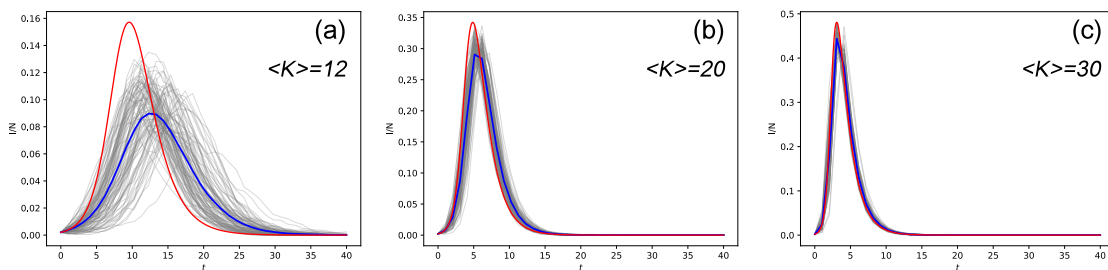


Fonte: Elaborada pela autora.

4.1.4 Comparação com o Modelo de Campo Médio

Como demonstrado na seção 2.1.3, é possível realizar uma aproximação do campo médio através da equação 2.5, que depende do grau médio $\langle K \rangle$ da rede e das taxas de infecção e recuperação, β e γ , do modelo epidemiológico. Sendo assim podemos observar a influência desses parâmetros no comportamento do sistema de campo médio.

Figura 4.11 – Comparação do comportamento do sistema de campo médio (curva em vermelho) com a curva da simulação com variação do parâmetro $\langle K \rangle$, mantendo $r_0 = 0,2$ (curva vermelha).

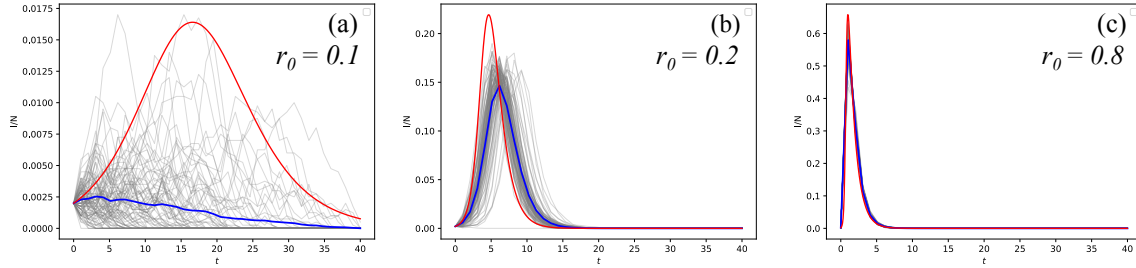


Fonte: Elaborada pela autora.

Para a figura 4.11 foram utilizadas as taxas utilizadas anteriormente para a cidade A, $\beta = 0,105$ e $\gamma = 0,625$, variando o valor do grau médio. As curvas em cinza representam 100 simulações realizadas pelo Gillespie e a curva em azul é a média dessas simulações, a curva vermelha representa a aproximação do campo médio calculada pela equação 2.3. É possível

observar que quanto mais conexa for a rede, com um grau médio maior, mais a curva do campo médio se aproxima da curva gerada pelas simulações.

Figura 4.12 – Comparação do comportamento do sistema de campo médio (curva em vermelho) com a curva da simulação com variação do parâmetro r_0 , mantendo $\langle K \rangle = 12$ (curva vermelha).



Fonte: Elaborada pela autora.

Na figura 4.12 foi mantido o valor do grau médio em $\langle K \rangle = 12$ com uma variação da razão $r_0 = \frac{\beta}{\gamma}$, que foi realizada fixando o valor de $\gamma = 1$ e alterando apenas o valor de β . Nota-se que o comportamento é similar ao caso anterior, a aproximação do campo médio tem maior compatibilidade com a simulação com r_0 próximo de 1.

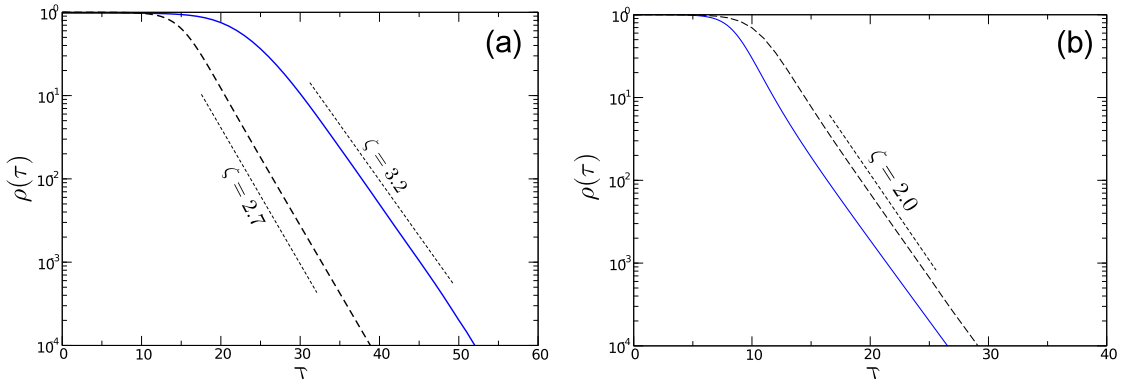
Podemos ainda verificar se existe aproximação do campo médio para a taxa de decaimento da ETI. Para a figura 4.13 foram realizadas simulações para $N=400.000$, com $r_0 = 0,168$ e $\langle K \rangle = 12$, na figura (a), e $r_0 = 0,207$ e $\langle K \rangle = 14$ na figura (b). Em ambas as figuras tem-se em azul a média de 50 simulações, e a linha tracejada representa a aproximação do campo médio. O decaimento do campo médio na figura 4.13 (a) é próximo ao decaimento gerado pela simulação, sendo uma boa aproximação considerando que para o tamanho da rede escolhido o valor de $\langle K \rangle = 12$ representa uma rede conexa porém não muito densa, e o valor de r_0 está mais próximo de 0 do que de 1. Já na figura 4.13 (b) podemos observar que o decaimento da aproximação do campo médio é praticamente o mesmo da simulação quando aumentamos o valor do grau médio para $\langle K \rangle = 14$.

Assim, pode-se verificar que o modelo de campo médio de primeira ordem, dado pelo sistema 2.5 garante uma certa compatibilidade com as simulações do modelo SIR estocástico para valores altos de $\langle K \rangle$ e r_0 . Considerando as simulações realizadas nesta dissertação, observa-se uma aderência razoável do modelo de campo médio às simulações quando $\langle K \rangle > 12$ e $r_0 > 0.2$.

4.2 A Função Log-Normal como Modelo para Distribuição dos Tempos de Infecção

A distribuição log-normal pode ser definida como uma função de densidade de probabilidade de uma variável x , tal qual possua logaritmo descrito por uma distribuição normal. A log-normal tem sua aplicação restrita a variáveis positivas, $x > 0$, e pode ser descrita

Figura 4.13 – Comparação da curva do decaimento dado pela ETI das simulações (curvas azuis) com a ETI da aproximação do campo médio (curvas tracejadas).



Fonte: Elaborada pela autora.

pela equação:

$$f(x) = \frac{1}{x\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(\frac{-(\ln(x) - \mu)^2}{2(\sigma)^2}\right), \quad (4.12)$$

com $\mu \in (-\infty, +\infty)$ e $\sigma > 0$.

A principal característica da distribuição log-normal que a diferencia das demais funções de densidade de probabilidade, é que em sua representação gráfica é possível perceber uma simetria na distribuição em torno do seu pico, porém com uma cauda de distribuição maior à direita, o que indica que o seu pico não é a média da distribuição e sim a moda M_o . Sendo assim as variáveis μ e σ da equação não são, respectivamente, a média $E(x)$ e a variância $Var(x)$ da distribuição, que por sua vez, podem ser calculadas através das expressões:

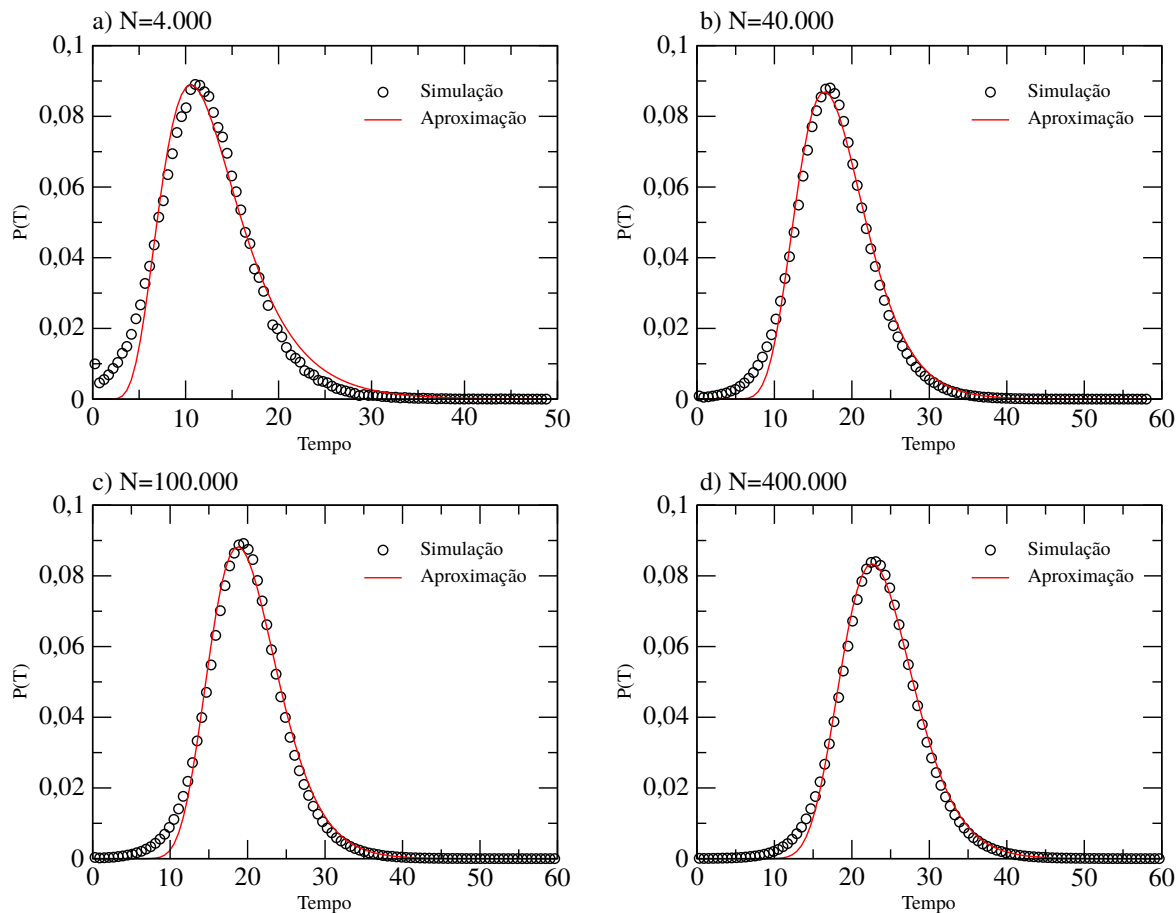
$$E(x) = \exp\left(\mu + \frac{\sigma^2}{2}\right) \quad (4.13)$$

$$Var(x) = [\exp(\sigma^2) - 1] \exp(2\mu + \sigma^2) \quad (4.14)$$

As variáveis da função, μ e σ , estão diretamente relacionadas com o pico da distribuição e o prolongamento de sua cauda. Ao se fixar um valor específico para μ e variar o valor de σ , é possível notar que o pico vai tender a zero e a cauda será maior, conforme o valor de σ aumenta.

Analisando os histogramas das figuras 4.7 e 4.8 nota-se que eles possuem uma distribuição simétrica em torno do pico, porém com uma cauda mais acentuada à direita, indicando uma assimetria. Logo a curva dos histogramas podem ser descritas pela função de densidade de probabilidade log-normal. A figura 4.14 mostra a relação da curva da equação 4.12 da log-normal com os pontos dos histogramas gerados para a simulação da cidade A.

Figura 4.14 – Aproximação da distribuição log-normal (curva em vermelho) com a curva do histograma para a cidade A (curva pontilhada).



Fonte: Elaborada pela autora.

Na figura 4.14, assim como nas próximas figuras a serem apresentadas, a curva de aproximação (vermelha) foi obtida através de um ajuste não linear dos dados (círculos pretos), oferecendo como entrada a equação 4.12 para que se obtenha os valores dos parâmetros μ e σ . O software utilizado para o ajuste foi o *Xmgrace* (Linux) na função *Non-linear Curve Fitting*.

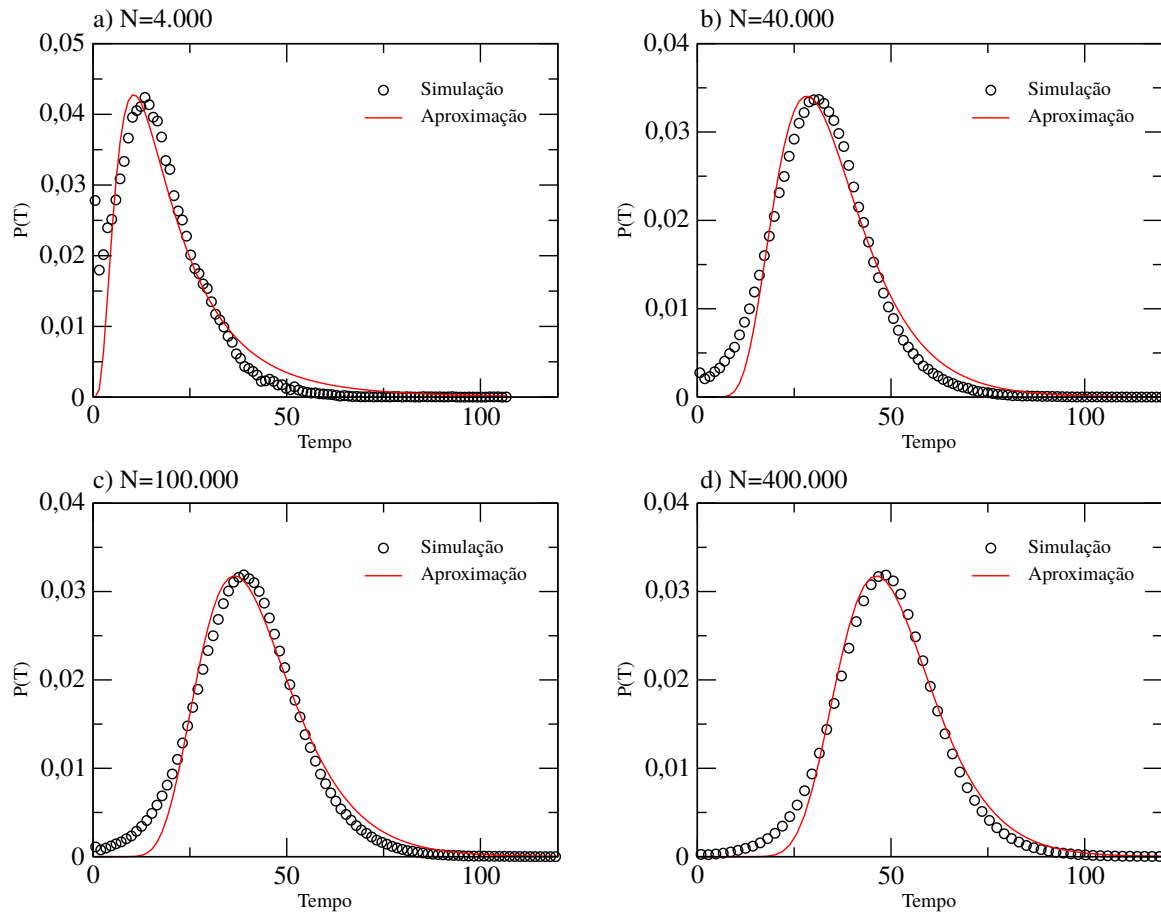
A tabela 4.2 indica os valores de μ e σ encontrados para as curvas da figura 4.14, seguidos pelos valores da média (E), variância (Var) e desvio padrão (SD).

Tabela 4.2 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14.

$N \times 10^3$	μ	σ	E	Var	SD
4	2,51113	0,393611	13,31105	29,69177	5,44901
40	2,87322	0,268826	18,34493	25,22099	5,02205
100	2,98623	0,234539	20,36330	23,44909	4,84242
400	3,16159	0,206789	24,11829	25,41364	5,04119

Conforme observado pela figura 4.14, é notável o ajuste da função log-normal aos dados de $P(T)$ (distribuição dos tempos de infecção). É perceptível, também, que houve pouca variação quanto ao desvio padrão (SD), mesmo comparando tamanhos de redes diferentes.

Figura 4.15 – Aproximação da distribuição log-normal (curva em vermelho) com a curva do histograma para a cidade **B** (curva pontilhada).



Fonte: Elaborada pela autora.

De forma análoga, a mesma comparação foi realizada com as curvas do histograma da cidade **B** como mostra a figura 4.15.

Os valores dos parâmetros utilizados nas curvas da figura 4.15 estão na tabela 4.3.

Tabela 4.3 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14.

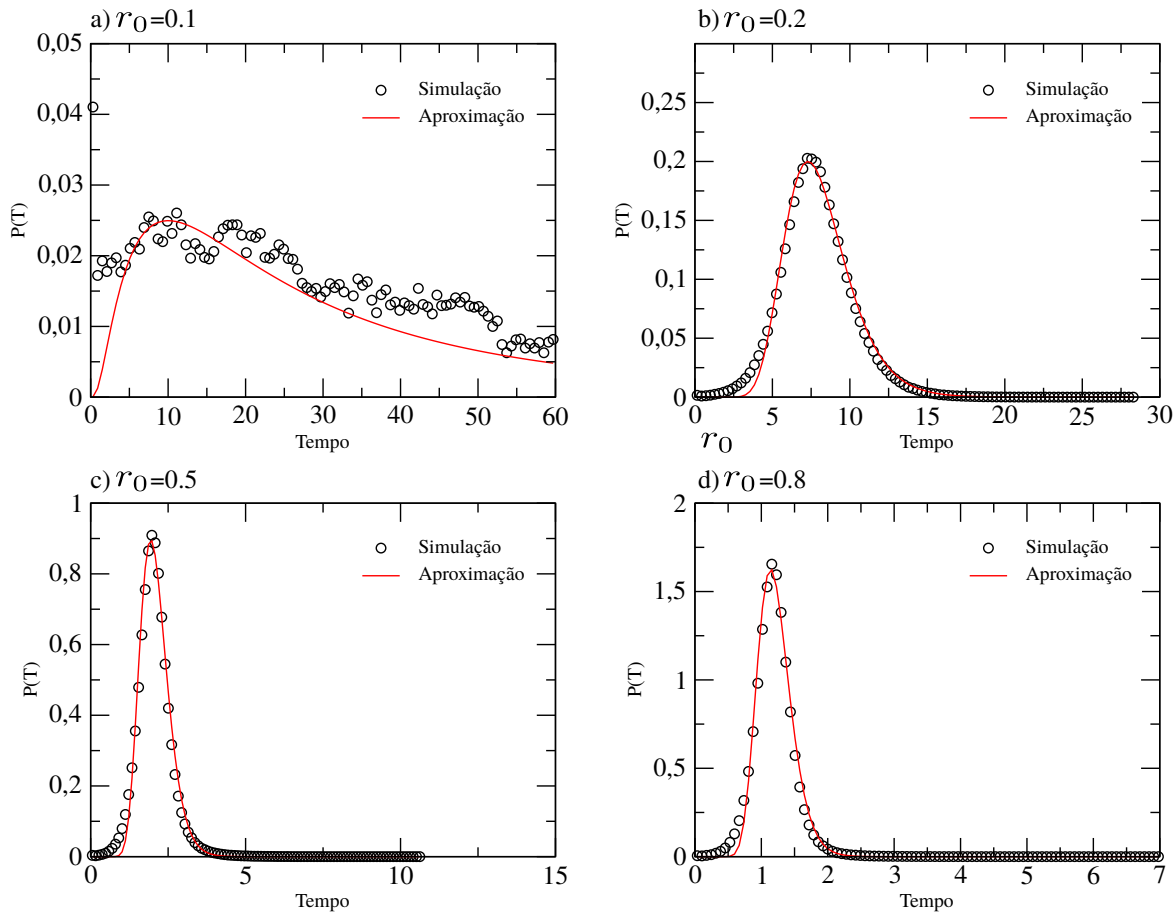
$N \times 10^3$	μ	σ	E	Var	SD
4	2,83652	0,696879	21,74405	295,60415	17,19314
40	3,48961	0,384644	35,28950	198,57846	14,09178
100	3,70445	0,32578	42,84188	205,51155	14,33567
400	3,90213	0,262326	51,24087	187,04423	13,67641

Assim como no caso anterior, houve pouca variação quanto ao desvio padrão (SD) embora um valor superior se comparado ao caso da tabela 4.2

Realizou-se, ainda, uma aproximação considerando um valor fixo de $\langle k \rangle = 12$ e variando a taxa de transmissão r_0 . Os resultados estão apresentados na figura 4.16 e os valores da aproximação para μ e σ constam na tabela 4.4.

Nas figuras 4.14 e 4.15 em que existe a variação no tamanho da rede, N , é possível

Figura 4.16 – Aproximação da distribuição log-normal (curva em vermelho) com a curva da variação da relação das taxas de transmissão r_0 (curva pontilhada).



Fonte: Elaborada pela autora.

Tabela 4.4 – Valores de μ e σ obtidos pelo ajuste da função log-normal nos dados da figura 4.14.

r_0	μ	σ	E	Var	SD
0,1	3,27173	0,983981	42,77010	2987,67315	54,65961
0,2	2,0572	0,263924	8,10132	4,73460	2,17591
0,5	0,712583	0,223817	2,09097	0,22459	0,47391
0,8	0,174157	0,210530	1,21692	0,06711	0,25906

observar que conforme N aumenta, o valor de σ diminui e o valor de μ aumenta. Já na figura 4.16 em que o valor de N é fixo e existe uma variação de r_0 , conforme esse parâmetro aumenta o valor de σ e μ diminuem. Ademais, pelos resultados da figura 4.16 pode-se afirmar que a função log-normal retrata, relativamente bem, a distribuição dos infectados ao longo da simulação e para diferentes taxas r_0 . Contudo, o ajuste é mais fidedigno aos dados quando $r_0 > 0,2$.

Capítulo 5

CONCLUSÃO

Neste trabalho foi desenvolvido um estudo numérico computacional, afim de compreender o comportamento de uma epidemia na rede pequeno mundo (*Small World*). Definindo a Estatística dos Tempos de Infecção (ETI) como a probabilidade de distribuição dos eventos de infecção em um intervalo de tempo, e aplicando a uma rede pequeno mundo com uma dinâmica de interação dada pelo modelo SIR, foi possível identificar através da ETI que o tamanho da rede não influencia no espalhamento do vírus. Para os casos analisados o decaimento se dá de forma exponencial.

A partir do cálculo da ETI, foi possível obter a taxa de decaimento da distribuição dos tempos de infecção ζ , o qual teve um valor de 3.2 para a cidade **A**, 8.6 para a cidade **B** e 0.64 para a terceira simulação. Era de se esperar que esse valor fosse diferente para cada uma dessas simulações, visto que as propriedades do vírus (parâmetros) atribuídas a cada uma também foi diferente. Foi possível ainda realizar uma aproximação entre o expoente ζ com o tempo de escala ζ_e , demonstrando que o valor de ζ depende dos parâmetros: $\langle k \rangle$, β e γ .

As simulações também mostraram que é possível realizar uma aproximação através do campo médio para redes mais densas e/ou para redes com $r_0 > 0.2$. Além disso, ao identificar que a curva de infectados em cada tempo possui um comportamento descrito pela distribuição log-normal, dois novos parâmetros foram encontrados, σ e μ . Conjectura-se que exista uma relação destes parâmetros com as taxas de transmissão β e γ que represente o decaimento da curva ζ .

REFERÊNCIAS

AL-SHEIKH, S. A. Modeling and analysis of an seir epidemic model with a limited resource for treatment. *Global Journal of Science Frontier Research Mathematics and Decision Sciences*, v. 12, n. 14, p. 56–66, 2012. Citado na página 17.

ALBERT, R. Scale-free networks in cell biology. *Journal of cell science*, Company of Biologists, v. 118, n. 21, p. 4947–4957, 2005. Citado na página 17.

ALBERT, R.; JEONG, H.; BARABÁSI, A.-L. Diameter of the world-wide web. *nature*, Nature Publishing Group UK London, v. 401, n. 6749, p. 130–131, 1999. Citado na página 25.

ALVARENGA, L. de R. Modelagem de epidemias através de modelos baseados em indivíduos. 2008. Citado 2 vezes nas páginas 20 e 21.

BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. *science*, American Association for the Advancement of Science, v. 286, n. 5439, p. 509–512, 1999. Citado 2 vezes nas páginas 24 e 25.

BARTHÉLEMY, M. *et al.* Dynamical patterns of epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks. *Journal of theoretical biology*, Elsevier, v. 235, n. 2, p. 275–288, 2005. Citado na página 41.

BLACKWOOD, J. C.; CHILDS, L. M. An introduction to compartmental modeling for the budding infectious disease modeler. Taylor & Francis, 2018. Citado na página 17.

BOCCALETTI, S. *et al.* Complex networks: Structure and dynamics. *Physics reports*, Elsevier, v. 424, n. 4-5, p. 175–308, 2006. Citado na página 17.

CHOQUE, F. M. C.; HASE, M. O. Modelos de propagação de epidemias em redes complexas. 2015. Citado na página 17.

ERDŐS, P.; RÉNYI, A. On random graphs i. *Publicationes mathematicae*, v. 6, n. 1, p. 290–297, 1959. Citado na página 25.

ERDŐS, P.; RÉNYI, A. *et al.* On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci.*, v. 5, n. 1, p. 17–60, 1960. Citado na página 24.

GAGLIARDI, H. F.; ALVES, D. Redes complexas e modelagem de epidemias. In: *XXVIII Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional*. [S.l.: s.n.], 2005. Citado na página 17.

HAGBERG, A.; CONWAY, D. Networkx: Network analysis with python. URL: <https://networkx.github.io>, 2020. Citado na página 28.

HAGBERG, A. A.; SCHULT, D. A.; SWART, P. J. Exploring network structure, dynamics, and function using networkx. In: VAROQUAUX, G.; VAUGHT, T.; MILLMAN, J. (Ed.). *Proceedings of the 7th Python in Science Conference*. Pasadena, CA USA: [s.n.], 2008. p. 11 – 15. Citado na página 27.

HILL, M. K. *Understanding environmental pollution*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2020. Citado na página 17.

KISS, I. Z.; MILLER, J. C.; SIMON, P. L. *Mathematics of Epidemics on Networks*. [S.l.]: Springer, 2017. Citado 4 vezes nas páginas 22, 23, 24 e 30.

LIN, J.; BAN, Y. Complex network topology of transportation systems. *Transport reviews*, Taylor & Francis, v. 33, n. 6, p. 658–685, 2013. Citado na página 24.

LOUREIRO, A. A. F.; GOUSSEVSKAIA, O. Grafos. Disponível em: [http://homepages.dcc.ufmg.br/loureiro/md/md Grafos. pdf](http://homepages.dcc.ufmg.br/loureiro/md/md%20Grafos.pdf). Acessado em, v. 20, 2015. Citado na página 25.

LUIZ, M. H. R. Modelos matemáticos em epidemiologia. 2012. Citado 2 vezes nas páginas 19 e 20.

MARTELLI, A. *Python in a Nutshell*. [S.l.]: "O'Reilly Media, Inc.", 2006. Citado na página 27.

METZ, J. *et al.* Redes complexas: conceitos e aplicações. São Carlos, SP, Brasil., 2007. Citado na página 24.

MILGRAM, S. The small world problem. *Psychology Today*, v. 2, p. 60–67, 1967. Citado 2 vezes nas páginas 24 e 26.

MILLER, J. C.; TING, T. Eon (epidemics on networks): a fast, flexible python package for simulation, analytic approximation, and analysis of epidemics on networks. *Journal of Open Source Software*, The Open Journal, v. 4, n. 44, p. 1731, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.21105/joss.01731>>. Citado na página 29.

MOORE, C.; NEWMAN, M. E. Epidemics and percolation in small-world networks. *Physical Review E*, APS, v. 61, n. 5, p. 5678, 2000. Citado na página 17.

ORGANIZATION., W. H. *Naming the Coronavirus Disease (COVID-19) and the Virus that Causes it*. 2020. Citado na página 32.

ORTEGA, A. V. Implementando o modelo de distribuição de energia através do uso de redes complexas. Universidade Estadual Paulista (UNESP), 2017. Citado na página 24.

PASTOR-SATORRAS, R.; VESPIGNANI, A. Epidemic spreading in scale-free networks. *Physical review letters*, APS, v. 86, n. 14, p. 3200, 2001. Citado 4 vezes nas páginas 17, 24, 33 e 36.

PEREIRA, R. R. D. Método de análise de vulnerabilidade utilizando redes complexas: aplicação na rede de transporte aéreo brasileira. 2016. Citado na página 17.

PINTO, E. R. Estudo da dinâmica de epidemias em redes complexas. Universidade Estadual Paulista (Unesp), 2018. Citado na página 17.

RODA, W. C. *et al.* Why is it difficult to accurately predict the covid-19 epidemic? *Infectious disease modelling*, Elsevier, v. 5, p. 271–281, 2020. Citado na página [17](#).

TELESFORD, Q. K. *et al.* The brain as a complex system: using network science as a tool for understanding the brain. *Brain connectivity*, Mary Ann Liebert, Inc. 140 Huguenot Street, 3rd Floor New Rochelle, NY 10801 USA, v. 1, n. 4, p. 295–308, 2011. Citado na página [24](#).

WATTS, D. J.; STROGATZ, S. Collective dynamics of small-world networks. *Nature*, v. 393, p. 440–442, 1998. Citado 3 vezes nas páginas [18](#), [24](#) e [26](#).