



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS E BIOLÓGICAS**



GABRIEL FERREIRA DA COSTA

**SIMULAÇÃO DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM REDES DE
MOBILIDADE TEMPORAIS**

**Ouro Preto,
2025**

GABRIEL FERREIRA DA COSTA

**SIMULAÇÃO DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM REDES DE
MOBILIDADE TEMPORAIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Departamento de Física da Universidade
Federal de Ouro Preto como requisito parcial
para obtenção do título de Bacharel em Física.
Área de concentração: Ciências Exatas.

Orientador: Prof. Dr. Vander Luis de Souza
Freitas.

**Ouro Preto,
2025**

SISBIN - SISTEMA DE BIBLIOTECAS E INFORMAÇÃO

C837s Costa, Gabriel Ferreira da.
Simulação de modelos epidemiológicos em redes de mobilidade
temporais. [manuscrito] / Gabriel Ferreira da Costa. - 2025.
61 f.: il.: color., gráf., tab., mapa.

Orientador: Prof. Dr. Vander Luis de Souza Freitas.
Monografia (Bacharelado). Universidade Federal de Ouro Preto.
Instituto de Ciências Exatas e Biológicas. Graduação em Física .

1. Sistemas dinâmicos - Redes Complexas. 2. Redes de sistemas
dinâmicos. 3. Epidemiologia. I. Freitas, Vander Luis de Souza. II.
Universidade Federal de Ouro Preto. III. Título.

CDU 517.938

Bibliotecário(a) Responsável: Sione Galvão Rodrigues - CRB6 / 2526



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO
REITORIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS E BIOLÓGICAS
COLEGIADO DO CURSO DE BACHARELADO EM FÍSICA



FOLHA DE APROVAÇÃO

Gabriel Ferreira da Costa

“Simulação de Modelos Epidemiológicos em Redes de Mobilidade Temporais”.

Monografia apresentada ao Curso de Bacharelado em Física da Universidade Federal de Ouro Preto como requisito parcial para obtenção do título de **BACHAREL em FÍSICA**.

Aprovada em 13 de março de 2025

Membros da banca

Doutor - Vander Luis de Souza Freitas - Orientador - Universidade Federal de Ouro Preto
Doutor - Romuel Figueiredo Machado - Universidade Federal de Ouro Preto
Doutor Alcides Volpato Carneiro de Castro e Silva - Universidade Federal de Ouro Preto

Vander Luis de Souza Freitas, orientador do trabalho, aprovou a versão final e autorizou seu depósito na Biblioteca Digital de Trabalhos de Conclusão de Curso da UFOP em 13/03/2025



Documento assinado eletronicamente por **Vander Luis de Souza Freitas, PROFESSOR DE MAGISTERIO SUPERIOR**, em 20/03/2025, às 15:05, 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 http://sei.ufop.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0879190** e o código CRC **D25DCCC2**.

Dedico este trabalho aos meus pais, Gilberto e Adriane, cuja força e amor sempre foram meu alicerce. Obrigado por acreditarem nos meus sonhos, mesmo quando pareciam distantes, por alimentarem minha sede de aprender e por lutarem incansavelmente para me oferecer o maior presente de todos: uma educação sólida, algo que nada neste mundo pode tirar de mim.

Vocês são minha base, meu porto seguro e a luz que guia meu caminho.

AGRADECIMENTOS

Agradeço profundamente ao meu irmão Bruno, pela irmandade, amizade e pelo apoio incondicional nos momentos difíceis. Sua presença sempre foi um alicerce para mim.

À República Adegá, agradeço por ser um espaço de verdadeira união e crescimento. Foi aqui que compartilhei momentos de aprendizado, amizade e superação com pessoas especiais. Agradeço especialmente a João Pedro, Daniel, Jorge, Evair, Joseir, Arthur, Romilton, Pedro Lucas, Danilo, Paulo, Hassan e Berenice por estarem ao meu lado em diferentes momentos dessa jornada.

Agradeço imensamente ao meu orientador, Professor Vander, pela orientação, paciência e apoio ao longo deste trabalho. Sua dedicação, competência e comprometimento foram essenciais para o meu desenvolvimento acadêmico e pessoal. Sou muito grato por toda a confiança e pelos valiosos ensinamentos, que certamente impactarão minha trajetória.

Também sou grato ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (**CNPq**) e à Universidade Federal de Ouro Preto (**UFOP**) pelo apoio financeiro por meio das bolsas de Iniciação Científica dos Editais 04/2022 PIBIC/CNPq-2022/23 e 05/2023 PIBIC/CNPq-2023/24. Agradeço ainda aos colaboradores do Laboratório de Computação de Sistemas Inteligentes (**CSILab**) e do Centro Nacional de Monitoramento e Alertas de Desastres Naturais (**Cemaden**) pela colaboração durante o desenvolvimento deste trabalho.

*“Estude muito o que mais lhe interessa da maneira
mais indisciplinada, irreverente e original possível.”
(Richard Feynman)*

RESUMO

Modelos SIR para metapopulações são amplamente utilizados para estudar a propagação de doenças infecciosas, mas geralmente assumem redes estáticas ou com fluxos fixos. No entanto, redes de mobilidade temporais apresentam variações dinâmicas que impactam diretamente a disseminação epidêmica. Esta monografia parte da hipótese de que é possível adaptar modelos epidemiológicos tradicionais para incorporar fluxos dinâmicos de entrada e saída nas metapopulações, garantindo que o sistema permaneça conservativo. Para isso, propõe-se a adaptação de um modelo SIR de metapopulações para redes de mobilidade temporais, considerando diferentes configurações topológicas, desde redes completamente conectadas até redes com restrições geográficas ou de infraestrutura de transporte. Utilizando dados sintéticos e reais de mobilidade, o estudo analisa diversos cenários e sua influência na propagação epidêmica. Os resultados indicam que a adaptação do modelo para utilizar redes temporais permite capturar melhor a dinâmica da propagação da doença, mantendo a conservação da população total ao longo do tempo. Além disso, a introdução de fluxos dinâmicos revelou padrões distintos de disseminação que não seriam observáveis em abordagens convencionais.

Palavras-chave: Redes complexas, redes de mobilidade, redes temporais, redes dinâmicas, epidemiologia.

ABSTRACT

SIR models for metapopulations are widely used to study the spread of infectious diseases, but they often assume static networks or fixed mobility flows. However, temporal mobility networks exhibit dynamic variations that directly impact epidemic dissemination. This monograph is based on the hypothesis that traditional epidemiological models can be adapted to incorporate dynamic inflow and outflow in metapopulations while ensuring that the system remains conservative. To this end, we propose adapting the SIR metapopulation model for temporal mobility networks, considering different topological configurations, ranging from fully connected networks to those with geographical or transportation infrastructure constraints. Using synthetic and real mobility data, the study analyzes various scenarios and their influence on epidemic spread. The results indicate that adapting the model to account for temporal networks better captures disease propagation dynamics while preserving the total population over time. Furthermore, introducing dynamic flows revealed distinct dissemination patterns that would not be observable in conventional approaches.

Keywords: Complex networks, mobility networks, temporal networks, dynamic networks, epidemiology.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – A figura apresenta o grafo que descreve a solução do famoso problema das sete pontes de Königsberg. Este desafio histórico, resolvido por Euler (1736), originou a teoria dos grafos. Fonte: Elaborado pelo autor.	13
Figura 2 – Distribuições de grau das redes (A, B e C). A Rede A é Erdos-Renyi (ERDÖS; RÉNYI, 1959), a Rede B é circular com distribuição de grau dada pela função Delta de Dirac (ARFKEN; WEBER; HARRIS, 2017) $p_k = \delta(k - 2)$, e a Rede C tem conexões predeterminadas. Fonte: Elaborado pelo autor.	16
Figura 3 – A figura ilustra como um labirinto pode ser representado como uma rede, onde os nós correspondem aos pontos de interseção e os links representam os caminhos entre eles. O cálculo do caminho mais curto entre dois nós é realizado utilizando o algoritmo de Dijkstra. Fonte: Elaborado pelo autor.	17
Figura 4 – Distribuição das métricas de centralidade em uma rede gerada pelo modelo de bloco estocástico (HOLLAND; LASKEY; LEINHARDT, 1983). Os nós são coloridos de acordo com os valores de centralidade (grau, proximidade, intermediação, autovetor e outras métricas) normalizados, destacando diferentes aspectos da importância estrutural de cada nó. Fonte: Elaborado pelo autor.	19
Figura 5 – Diagrama do pêndulo simples, com comprimento l e massa m em sua extremidade. Extraído de Thornton e Marion (2014).	21
Figura 6 – Ilustração do método de Euler. A inclinação $F(t_j, S(t_j))$ é usada para aproximar $S(t_{j+1})$ a partir de $S(t_j)$, comparando a solução aproximada (vermelha) com a exata (azul). Extraído de Siau, Kong e Bayen (2020).	23
Figura 7 – Comparação entre a solução numérica e a solução exata da EDO da Equação (2.23) utilizando o método de Euler com diferentes passos. Fonte: Elaborado pelo autor.	24
Figura 8 – Solução numérica e a solução exata da EDO da Equação (2.23) utilizando o método RK4. Fonte: Elaborado pelo autor.	27
Figura 9 – Diagrama esquemático do modelo SI, adaptado de Barabási (2016).	28
Figura 10 – Modelo SI para: a) β grande com disseminação rápida da doença e b) β pequeno com uma propagação mais lenta da doença. Fonte: Elaborado pelo autor.	29
Figura 11 – Diagrama esquemático do modelo SIS, adaptado de Barabási (2016).	29
Figura 12 – Modelo SIS para os casos a) $\beta > \gamma$ com a prevalência da doença e b) $\beta \leq \gamma$ com o desaparecimento da doença. Fonte: Elaborado pelo autor.	30
Figura 13 – Diagrama esquemático do modelo SIR, adaptado de Barabási (2016).	31

Figura 14 – Modelo SIR para os casos em que: a) $\beta > \gamma$ e b) $\beta \leq \gamma$. Fonte: Elaborado pelo autor.	32
Figura 15 – Quatro tipos de modelos de metapopulação (HARRISON, 2008) com diferentes níveis de conectividade, adaptado de Nouhuys (2009).	33
Figura 16 – Modelo SIR em uma rede metapopulacional de manchas, adaptado de Cao et al. (2023).	34
Figura 17 – Região Metropolitana de Belo Horizonte (RMBH). Fonte: Elaborado pelo autor.	39
Figura 18 – Linha temporal dos eventos analisados. Fonte: Elaborado pelo autor.	41
Figura 19 – Estação ferroviária de Xangai durante a corrida de transporte do Festival de Primavera de 2024. Extraído de Getty Images (2024).	41
Figura 20 – Comparação entre os maiores eventos migratórios periódicos do mundo. Extraído de McCarthy (2018).	42
Figura 21 – Representação da rede de mobilidade da China continental, utilizando uma matriz de <i>inflow</i> do dia 01 de janeiro de 2020. Fonte: Elaborado pelo autor.	43
Figura 22 – Redes de fluxo de entrada e saída antes e depois do bloqueio de viagens a Wuhan. Pontos representam as regiões da China continental e as arestas o fluxo de pessoas entre elas. Cores e larguras das arestas indicam a intensidade do fluxo. Cores dos nós representam a intermediação ponderada, com valores mais altos em vermelho e mais baixos em verde. Fonte: Elaborado pelo autor.	45
Figura 23 – Evolução temporal das métricas da rede durante o período analisado. Fonte: Elaborado pelo autor.	46
Figura 24 – Mapa de calor das normas de Frobenius entre pares de fluxos diários. Normas baixas indicam padrões similares pré-25 de janeiro, enquanto normas altas refletem mudanças após as restrições. Fonte: Elaborado pelo autor.	46
Figura 25 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada município da RMBH, considerando a rede completamente conectada. Fonte: Elaborado pelo autor.	49
Figura 26 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada município da RMBH, considerando a rede completamente conectada. Fonte: Elaborado pelo autor.	50
Figura 27 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada município da RMBH, considerando a restrição topológica. Fonte: Elaborado pelo autor.	50
Figura 28 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada município da RMBH, considerando a restrição topológica. Fonte: Elaborado pelo autor.	50
Figura 29 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada região da China continental. Fonte: Elaborado pelo autor.	51
Figura 30 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada região da China continental. Fonte: Elaborado pelo autor.	51

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
1.1	Objetivos	10
1.2	Contribuições	11
1.3	Organização da monografia	12
2	REVISÃO DA LITERATURA	13
2.1	Redes complexas	13
2.1.1	<i>Grau, grau médio e distribuição de graus</i>	15
2.1.2	<i>Caminhos e distâncias</i>	16
2.1.3	<i>Centralidade</i>	18
2.1.4	<i>Redes temporais</i>	20
2.2	Análise numérica	20
2.2.1	<i>Formulação do Problema de Valor Inicial para EDOs</i>	21
2.2.2	<i>Método de Euler</i>	22
2.2.3	<i>Métodos Preditivo-Corretor e Runge-Kutta</i>	24
2.3	Modelos epidemiológicos	27
2.3.1	<i>Modelo SI</i>	28
2.3.2	<i>Modelo SIS</i>	29
2.3.3	<i>Modelo SIR</i>	31
2.4	Metapopulações	32
2.5	Modelos de movimento de hospedeiro	34
2.6	Trabalhos relacionados	36
3	MATERIAIS E MÉTODOS	38
3.1	Dados de mobilidade sintéticos	38
3.2	Dados de mobilidade reais	40
3.3	Adaptação do modelo Euleriano e do modelo SIR Euleriano	47
4	RESULTADOS E DISCUSSÕES	49
4.1	Dados de mobilidade sintéticos	49
4.1.1	<i>Caso all-to-all</i>	49
4.1.2	<i>Caso com restrições topológicas</i>	50
4.2	Dados de mobilidade reais	51
4.3	Discussões	52
5	CONCLUSÃO	54
	REFERÊNCIAS	56

1 INTRODUÇÃO

Uma rede complexa é um grafo composto por vértices, representando entidades que compõem o sistema complexo em estudo, e arestas, as quais capturam as interações entre eles. Exemplos são redes de mobilidade, a Internet e redes sociais (BOCCALETTI et al., 2006; BARABÁSI, 2016).

Uma importante característica de redes reais é sua evolução no tempo (KIM; ANDERSON, 2012; NAOKI; PETTER, 2021). Há diversas formas de representação de redes temporais, como as redes agregadas e os grafos de eventos, transmissão e alcançabilidade (SANO, 2021). Métricas comuns, como grau e intermediação (*betweenness*), devem ser adaptadas a depender do tipo de representação, pois as noções de conectividade e caminho mínimo são, nesses casos, atreladas ao tempo.

Redes de mobilidade são caracterizadas por nós que representam localidades e links que denotam o fluxo de pessoas ou veículos entre um nó e outro, em uma dada janela de tempo (LAMOSA et al., 2021). No caso específico dessas redes, algumas bases de dados disponibilizam dados estáticos com uma ou mais camadas (CAVARARO, 2017; GOVERNO DO ESTADO DE SÃO PAULO, 2019) e outras com camadas e componente temporal (GALLOTTI; BARTHELEMY, 2015). Processos epidemiológicos, por exemplo, podem ser simulados com maior riqueza de detalhes quanto mais completa for a representação da rede.

Neste projeto, identificamos uma lacuna na literatura sobre modelos epidemiológicos para redes de mobilidade temporais que consideram fluxos de entrada e saída simultaneamente. Embora muitos estudos utilizem um único grafo, geralmente estático (LIPSHTAT; ALIMI; BENHORIN, 2021; ANUPRIYA; BANSAL; GRAHAM, 2022), os dados de mobilidade disponíveis revelam dinâmicas temporais nesses fluxos. Um exemplo é o Baidu Mobility Data (China Data Lab, 2020), que registra taxas diárias de mobilidade entre 303 regiões da China no período de janeiro a fevereiro de 2020. Partimos da premissa de que os modelos SIR com metapopulações (KERMACK; McKENDRICK, 1927; HARKO, 2014) podem ser adaptados para incorporar fluxos dinâmicos de entrada e saída, mantendo o número total de hospedeiros constante, mesmo quando a mobilidade é expressa como taxas de movimento. Nossa hipótese é que essa abordagem permitirá uma análise mais robusta das variações de mobilidade e suas implicações para o controle de doenças.

1.1 Objetivos

O objetivo geral deste estudo é desenvolver uma adaptação do modelo SIR de metapopulações para redes de mobilidade temporais, incorporando fluxos dinâmicos de entrada e saída dos nós, com diferentes configurações topológicas, garantindo a conservação do número total de

hospedeiros no sistema.

Os objetivos específicos são:

- Modificar o modelo SIR clássico para permitir simulações em redes metapopulacionais de mobilidade temporais, considerando fluxos de entrada e saída variáveis ao longo do tempo.
- Assegurar que a conservação do número total de hospedeiros seja mantida em todo tempo da simulação.
- Explorar diferentes cenários de mobilidade utilizando tanto dados reais quanto sintéticos, testando variações topológicas e heurísticas para a geração e processamento dos fluxos.

1.2 Contribuições

Esta investigação apresenta avanços na modelagem de redes temporais em processos epidemiológicos, considerando fluxos de entrada e saída de forma simultânea. A principal contribuição é a adaptação do modelo SIR de metapopulações para incorporar fluxos dinâmicos, mantendo a conservação do número total de hospedeiros. Além disso, exploramos diferentes topologias de redes e heurísticas para geração e processamento dos fluxos, utilizando tanto dados sintéticos quanto reais de mobilidade.

Ao longo da pesquisa, os resultados geraram produções científicas, incluindo apresentações em eventos nacionais:

- Resumo intitulado *The SIR metapopulation model in a temporal commuting network* submetido para apresentação de pôster no [Encontro de Outono da Sociedade Brasileira de Física \(EOSBF 2023\)](#).
- Resumo intitulado *The SIR metapopulation model in a temporal commuting network* submetido para apresentação de pôster no [Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional \(CNMAC 2024\)](#).
- Projeto apresentado como pôster no Seminário de Iniciação Científica (SEIC) do [Encontro de Saberes de 2023 da Universidade Federal de Ouro Preto \(UFOP\)](#).
- Resumo expandido intitulado *The SIR metapopulation model in a temporal commuting network* apresentado como pôster no [Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional \(CNMAC 2024\)](#) e publicado no *Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics*, v. 11 n. 1 (2025): CNMAC 2024.
- Projeto intitulado *The SIR metapopulation model in a temporal commuting network* a ser apresentado como pôster no Seminário de Iniciação Científica (SEIC) do [Encontro de Saberes de 2024 da Universidade Federal de Ouro Preto \(UFOP\)](#).

Todo o código-fonte gerado foi e será preservado no repositório [Costa \(2023\)](#), com controle de versão, para ser utilizado em projetos futuros.

1.3 Organização da monografia

Esta monografia está organizada da seguinte maneira:

O Capítulo 2 traz uma revisão da literatura, com as principais definições utilizadas nesta investigação. Ele aborda os conceitos fundamentais necessários para a compreensão do modelo SIR em metapopulações e redes de mobilidade temporais, além de apresentar os principais trabalhos relacionados que servem de base para o desenvolvimento deste estudo.

O Capítulo 3 descreve os materiais e métodos adotados para alcançar os objetivos da pesquisa. O Capítulo apresenta a adaptação do modelo *SIR Euleriano* para redes de mobilidade temporais, com o foco na simulação com fluxos dinâmicos de entrada e saída. Além disso, são apresentados os dados que serão utilizados para testar a hipótese do estudo, considerando fluxos sintéticos e reais de mobilidade populacional.

O Capítulo 4 apresenta e analisa os resultados obtidos a partir das simulações realizadas. A seção discute o comportamento epidêmico em diferentes cenários e topologias de rede, considerando fluxos sintéticos e reais de mobilidade populacional. Também são apresentadas perspectivas futuras para a investigação, com sugestões de aprimoramentos no modelo e possíveis direções para estudos posteriores.

2 REVISÃO DA LITERATURA

Este Capítulo revisa a literatura, abordando conceitos-chave e trabalhos relevantes que fundamentam a investigação.

2.1 Redes complexas

Estamos rodeados por sistemas complexos, que envolvem interações em grande escala. Exemplos disso incluem sociedades com bilhões de indivíduos cooperando, infraestruturas de comunicação conectando milhões de telefones, computadores e satélites, e a atividade coordenada de bilhões de neurônios em nosso cérebro para compreender o mundo. Além disso, nossa fisiologia depende de inúmeras interações entre genes e metabolitos nas células (ALBERT; BARABÁSI, 2002).

Esses sistemas são chamados coletivamente de sistemas complexos devido à dificuldade em prever seu comportamento com base no conhecimento de seus componentes individualmente. Dada a importância desses sistemas em nossa vida cotidiana, na ciência e na economia, compreender, descrever matematicamente, prever e até controlar sistemas complexos se tornou um dos principais desafios intelectuais e científicos do século XXI (BARABÁSI, 2016; GLERIA; MATSUSHITA; SILVA, 2004).

Um recurso fundamental para abordar essa complexidade é a teoria dos grafos, que representa sistemas como conjuntos de nós interconectados por arestas (vide Figura 1). Redes complexas são grafos com padrões não triviais de conexão, como distribuição heterogênea de graus e modularidade, sendo amplamente utilizadas para modelar diversas estruturas do mundo real. As redes são uma poderosa abordagem para estudar fenômenos em áreas como biologia, sociologia, tecnologia e transporte (BARABÁSI, 2016).

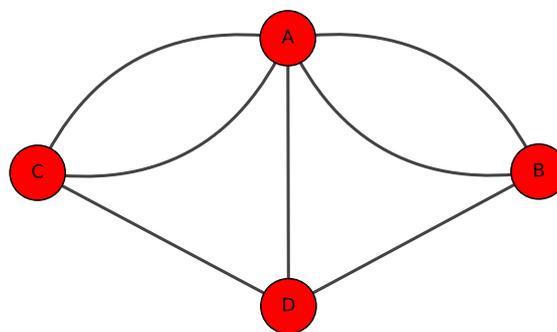


Figura 1 – A figura apresenta o grafo que descreve a solução do famoso problema das sete pontes de Königsberg. Este desafio histórico, resolvido por Euler (1736), originou a teoria dos grafos. Fonte: Elaborado pelo autor.

Os links de uma rede podem ser direcionados ou não direcionados, e essa distinção desempenha um papel crucial na modelagem de sistemas complexos. Redes com links direcionados, como a World Wide Web (WWW) ou chamadas telefônicas, têm conexões unilaterais, onde a direção importa, indicando que um nó está conectado a outro de forma diferente da recíproca. Por outro lado, redes não direcionadas, como relacionamentos ou linhas de transmissão elétrica, refletem conexões bidirecionais, onde a relação é simétrica. Além disso, algumas redes combinam ambos os tipos de conexões, como as redes metabólicas, onde algumas reações são reversíveis (bidirecionais) e outras são irreversíveis (direcionadas).

Uma rede é formalmente definida como um grafo $G(V, E)$, onde V é o conjunto de nós (ou vértices) e E é o conjunto das arestas (ou links) entre esses nós. Dentro deste contexto, muitas vezes trabalhamos com redes ponderadas, onde os pesos das arestas (w_{ij}) entre pares de nós (i e j) representam valores como fluxos, distâncias ou outras medidas relevantes para o sistema. Essa abordagem matemática permite a aplicação de técnicas de análise de grafos para entender a topologia e a dinâmica das redes complexas que permeiam nosso mundo (NEWMAN, 2018).

Dois parâmetros básicos fornecem uma visão inicial sobre a escala da rede:

- Número de nós (K): Refere-se ao tamanho da rede, ou seja, a cardinalidade do conjunto V .
- Número de arestas (L): Representa o total de conexões ou interações entre os nós, correspondendo à cardinalidade do conjunto E .

Uma descrição completa de uma rede pode ser dada via uma lista completa dos links (BARABÁSI, 2016). Para fins matemáticos, frequentemente representamos uma rede através de sua matriz de adjacência. A matriz de adjacência de uma rede direcionada de K nós possui K linhas e K colunas, sendo seus elementos:

$$A_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{se existe um link apontando do nó } i \text{ para o nó } j, \\ 0, & \text{se os nós } i \text{ e } j \text{ não estiverem conectados entre si.} \end{cases} \quad (2.1)$$

A matriz de adjacência de uma rede não direcionada possui duas entradas para cada link. Por exemplo, o link (1, 2) é representado como $A_{12} = 1$ e $A_{21} = 1$. Portanto, a matriz de adjacência de uma rede não direcionada é simétrica, $A_{ij} = A_{ji}$.

A matriz de adjacência desempenha um papel fundamental na análise de redes, pois permite representar de forma clara e concisa a conectividade entre os nós. Ela é especialmente útil para calcular propriedades como o grau dos nós, identificar subgrafos e realizar diversas análises matemáticas e estatísticas sobre a rede, encontrar caminhos mais curtos e identificar comunidades de nós.

2.1.1 Grau, grau médio e distribuição de graus

O grau de um nó, denotado por k_i , representa o número de links conectados a ele. Por exemplo, em uma rede de chamadas telefônicas, o grau pode indicar o número de contatos telefônicos de um indivíduo, enquanto em uma rede de citações científicas, representa o número de citações recebidas por um artigo (BARABÁSI, 2016).

Em redes não direcionadas, o grau total de links, L , pode ser expresso como:

$$L = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^K k_i, \quad (2.2)$$

onde o fator $\frac{1}{2}$ corrige o fato de que cada link é contado duas vezes, uma para cada nó que conecta.

O grau médio de uma rede não direcionada é dado por:

$$\langle k \rangle = \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K k_i = \frac{2L}{K}. \quad (2.3)$$

Para redes direcionadas, distinguimos o grau de entrada (k_i^{in}), representando o número de links que apontam para o nó i , e o grau de saída (k_i^{out}), representando os links que partem do nó i . O grau total de um nó é dado por:

$$k_i = k_i^{in} + k_i^{out}. \quad (2.4)$$

Nessas redes, o número total de links é expresso por:

$$L = \sum_{i=1}^K k_i^{in} = \sum_{i=1}^K k_i^{out}. \quad (2.5)$$

O grau médio de uma rede direcionada é dado por:

$$\langle k^{in} \rangle = \langle k^{out} \rangle = \frac{L}{K}. \quad (2.6)$$

A distribuição de graus, p_k , indica a probabilidade de que um nó selecionado aleatoriamente tenha grau k . Ela é normalizada de forma que:

$$\sum_{k=1}^{\infty} p_k = 1. \quad (2.7)$$

Para uma rede com K nós, a distribuição de graus pode ser calculada como:

$$p_k = \frac{K_k}{K}, \quad (2.8)$$

onde K_k é o número de nós com grau k . A partir disso, o número de nós de grau k pode ser obtido como $K_k = K p_k$.

A distribuição de graus desempenha um papel central na ciência de redes, pois determina muitas propriedades, como robustez e padrões de disseminação (BARABÁSI, 2016; NEWMAN, 2018). Por exemplo, o grau médio de uma rede também pode ser expresso como:

$$\langle k \rangle = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k. \quad (2.9)$$

Além disso, o formato funcional de p_k é crucial para caracterizar fenômenos como a resiliência da rede e a propagação de epidemias (BARABÁSI, 2016). Como ilustrado na Figura 2, diferentes tipos de redes podem exibir distribuições de grau variadas, como as redes Erdos-Renyi (ERDÖS; RÉNYI, 1959), circulares ou com conexões predeterminadas.

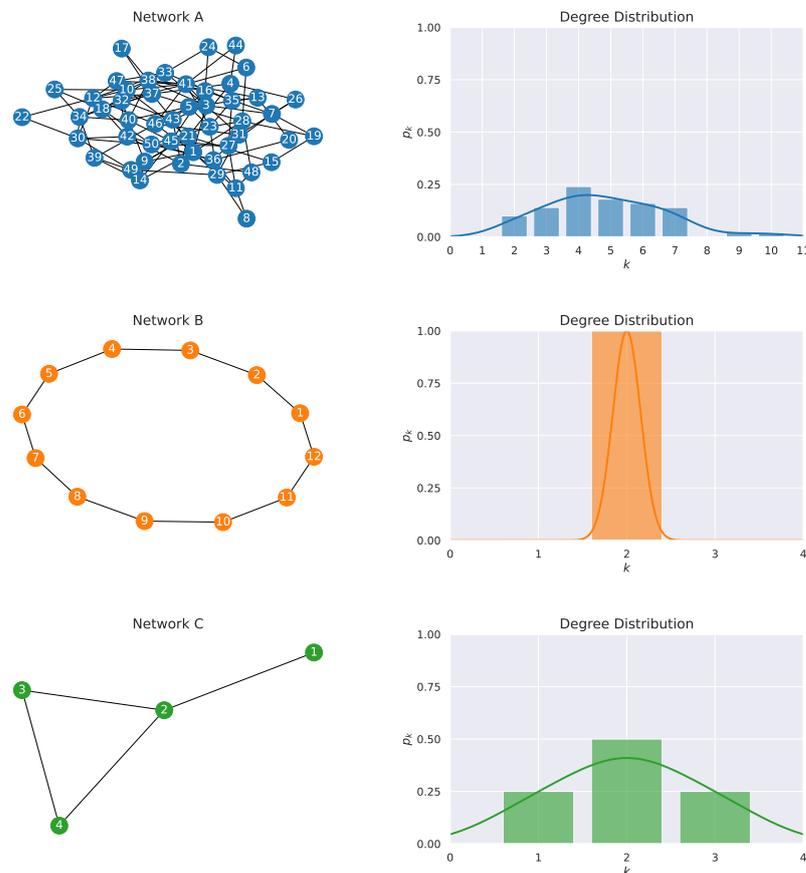


Figura 2 – Distribuições de grau das redes (A, B e C). A Rede A é Erdos-Renyi (ERDÖS; RÉNYI, 1959), a Rede B é circular com distribuição de grau dada pela função Delta de Dirac (ARFKEN; WEBER; HARRIS, 2017) $p_k = \delta(k - 2)$, e a Rede C tem conexões predeterminadas. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.1.2 Caminhos e distâncias

Em redes, a distância entre dois nós é representada pelo comprimento do caminho que os conecta, definido como a sequência de links entre eles. O caminho mais curto, ou geodésico,

entre dois nós i e j é aquele com o menor número de links, e sua distância é denotada por d_{ij} . Em redes não direcionadas, temos $d_{ij} = d_{ji}$, enquanto em redes direcionadas d_{ij} pode ser diferente de d_{ji} .

O diâmetro da rede, l_{\max} , é o maior caminho mais curto entre quaisquer dois nós, ou seja, a maior distância na rede. O comprimento médio do caminho, $\langle d \rangle$, é a média das distâncias entre todos os pares de nós, calculado por:

$$\langle d \rangle = \frac{1}{K(K-1)} \sum_{i \neq j} d_{ij}. \quad (2.10)$$

Em redes ponderadas, a distância entre dois nós pode ser calculada de diferentes formas, dependendo do que o peso do link representa. Se o peso w_{ij} entre os nós i e j representa a distância física, a distância l_{ij} ao longo do caminho mais curto será simplesmente o valor do peso. No entanto, se o peso representar uma quantidade como o número de pessoas ou veículos entre as cidades, a noção de distância pode ser dada pelo inverso do peso. Nesse caso, a distância l_{ij} ao longo do caminho mais curto é a soma dos inversos dos pesos:

$$l_{ij} = \min \left(\sum_{(i_k, i_{k+1}) \in P} w_{i_k i_{k+1}}^{-1} \right), \quad (2.11)$$

onde P é o conjunto de caminhos possíveis entre i e j . O diâmetro D da rede é o maior valor de l_{ij} entre todos os pares de nós:

$$D = \max_{i,j} (l_{ij}). \quad (2.12)$$

Esse cálculo pode ser feito eficientemente utilizando algoritmos como o de [Dijkstra \(1959\)](#) ou a busca em largura (BFS) ([SCHRIJVER, 2012](#)), como ilustrado na Figura 3, onde um labirinto é representado como uma rede e o cálculo do caminho mais curto entre dois nós é realizado utilizando o algoritmo de Dijkstra.

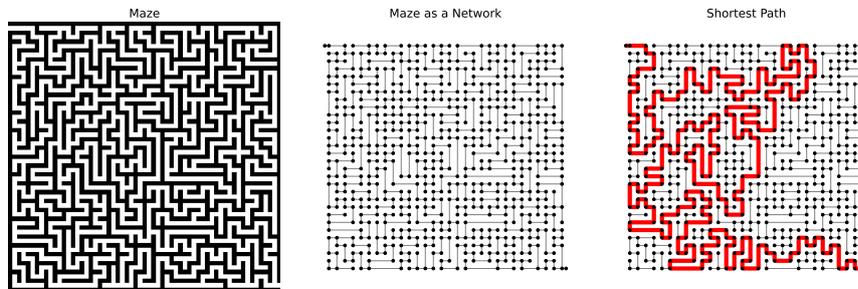


Figura 3 – A figura ilustra como um labirinto pode ser representado como uma rede, onde os nós correspondem aos pontos de interseção e os links representam os caminhos entre eles. O cálculo do caminho mais curto entre dois nós é realizado utilizando o algoritmo de Dijkstra. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.1.3 Centralidade

A centralidade em redes complexas é uma classe de métricas que quantifica a importância estrutural de um nó em relação aos demais na rede. Essas medidas têm raízes históricas nos primórdios da teoria dos grafos e ganharam destaque nas décadas de 1970 e 1980, quando começaram a ser aplicadas em redes sociais e de infraestruturas. Atualmente, são amplamente utilizadas para identificar nós que desempenham papéis cruciais em sistemas diversos, como redes sociais, biológicas e de transporte (BARABÁSI, 2016; NEWMAN, 2018).

Uma métrica frequentemente utilizada é a centralidade de proximidade (*closeness*), que mede quão perto um nó está de todos os outros na rede. Para um nó i , ela é definida como o inverso da soma das distâncias mais curtas d_{ij} entre o nó i e todos os outros nós j :

$$c_i = \frac{K - 1}{\sum_{j \neq i} d_{ij}}, \quad (2.13)$$

onde K é o número total de nós na rede. Esse fator de normalização ($K - 1$) garante que a centralidade de proximidade esteja no intervalo $[0, 1]$. Nós com alta centralidade de proximidade têm acesso eficiente a outras partes da rede.

A centralidade de grau, por sua vez, avalia a conectividade local de um nó e é definida como o número de arestas conectadas a ele, o que pode ser expresso por k_i . Em redes ponderadas, essa métrica é ajustada para considerar o somatório dos pesos das arestas conectadas a cada nó, conhecido como força (*strength*):

$$s_i = \sum_j w_{ij}, \quad (2.14)$$

onde w_{ij} representa o peso da aresta entre os nós i e j . Nós com alta centralidade de grau desempenham papéis importantes em interações locais, enquanto nós com alto *strength* indicam maior influência ou importância, considerando os pesos das conexões.

Outra métrica importante é a centralidade de intermediação (*betweenness*), que mede o número de vezes que um nó i atua como intermediário nos caminhos mais curtos entre pares de nós (j, k) . Ela é calculada como:

$$b_i = \sum_{j \neq k \neq i} \frac{\sigma_{jk}(i)}{\sigma_{jk}}, \quad (2.15)$$

onde σ_{jk} é o total de caminhos mais curtos entre j e k , e $\sigma_{jk}(i)$ representa os que passam por i . Em redes ponderadas, esses caminhos consideram os pesos das arestas, refletindo a influência de i na conectividade da rede. Nós com alta centralidade de intermediação geralmente controlam o fluxo de informações ou recursos entre regiões da rede, servindo como pontes.

Por fim, a centralidade de autovetor mede a influência de um nó em uma rede com base na importância dos nós aos quais ele está conectado. Ela resolve a seguinte equação de autovetor e autovalor (ARFKEN; WEBER; HARRIS, 2017):

$$\mathbf{Ax} = \lambda\mathbf{x}, \quad (2.16)$$

onde \mathbf{A} é a matriz de adjacência da rede, \mathbf{x} é o vetor de centralidade e λ é o maior autovalor. Nós com alta centralidade de autovetor estão conectados a outros nós igualmente importantes, refletindo uma medida global de influência na rede. Esse conceito é utilizado no algoritmo PageRank do Google (PAGE et al., 1999), que classifica páginas da web com base na importância dos links que as conectam.

As métricas de centralidade são aplicadas para análise de vulnerabilidades, estudos epidemiológicos e identificação de líderes em redes sociais (FREEMAN, 1977; WASSERMAN; FAUST, 1994). A Figura 4 mostra a distribuição dessas métricas em uma rede gerada pelo modelo de bloco estocástico (HOLLAND; LASKEY; LEINHARDT, 1983), com nós coloridos conforme seus valores de centralidade (grau, proximidade, intermediação, autovetor, entre outras). Essas métricas podem ser computacionalmente caras em redes grandes, no entanto, algoritmos eficientes, como o de Brandes (2001), reduzem essa complexidade.

Em suma, as métricas de centralidade oferecem poderosos insights sobre a estrutura e a dinâmica de redes complexas.

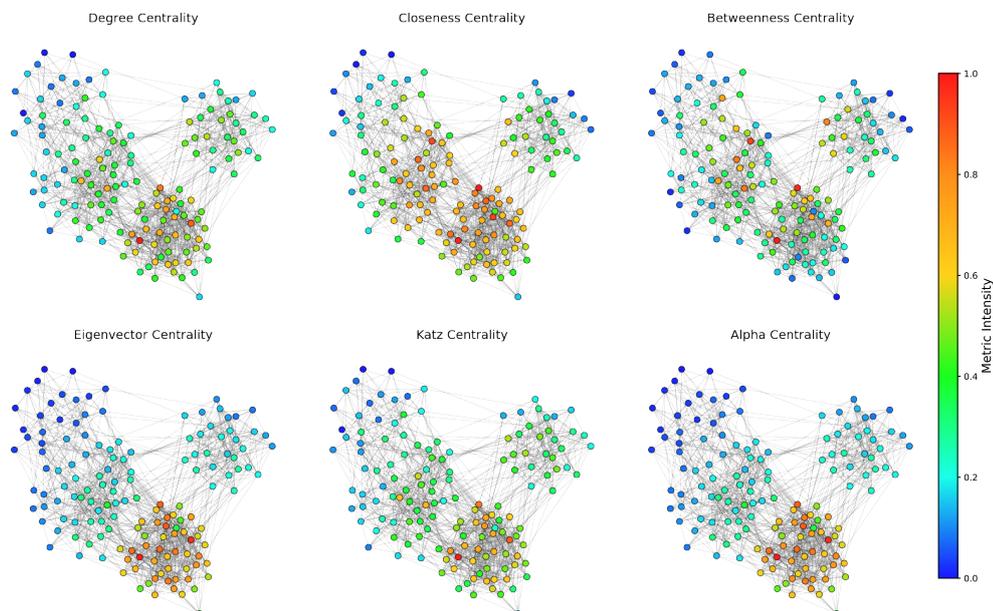


Figura 4 – Distribuição das métricas de centralidade em uma rede gerada pelo modelo de bloco estocástico (HOLLAND; LASKEY; LEINHARDT, 1983). Os nós são coloridos de acordo com os valores de centralidade (grau, proximidade, intermediação, autovetor e outras métricas) normalizados, destacando diferentes aspectos da importância estrutural de cada nó. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.1.4 Redes temporais

A compreensão de sistemas complexos, sejam eles biológicos, sociais ou tecnológicos, muitas vezes exige uma perspectiva de longo alcance que nos permita observar a organização global e suas interações. A modelagem de redes oferece uma abordagem valiosa para representar as conexões que compõem esses sistemas. No entanto, uma dimensão crucial muitas vezes negligenciada é o tempo.

Redes temporais preenchem essa lacuna ao não apenas considerarem quais unidades estão interconectadas, mas também quando essas interações ocorrem. Essa abordagem não se limita apenas a sistemas biológicos ou sociais, mas abrange uma ampla gama de contextos, desde infraestruturas tecnológicas até interações ecológicas. Ao incorporar o fator temporal, as redes temporais nos permitem capturar nuances e dinâmicas que podem ser essenciais para uma compreensão completa dos sistemas em estudo (HOLME; SARAMÄKI, 2012).

Tais redes são comumente utilizadas na modelagem de processos de disseminação, abrangendo desde a propagação de informações até a disseminação de doenças (HOLME; SARAMÄKI, 2012). Isso se deve ao fato de que, em tais redes, cada conexão entre elementos representa uma interação, e a sequência temporal dessas interações é cuidadosamente registrada.

As escalas de tempo, representadas por t_N e t_P , desempenham um papel fundamental na análise de redes temporais. O valor de t_N refere-se à escala de tempo característica para a evolução da própria rede, ou seja, quanto tempo leva para que a estrutura da rede se modifique de maneira significativa. Por outro lado, t_P representa a escala de tempo característica para a dinâmica do processo de propagação que ocorre sobre essa rede.

Em cenários onde t_N é consideravelmente maior do que t_P (ou seja, $t_N \gg t_P$), a rede evolui em um ritmo relativamente lento em comparação com a dinâmica do processo, tornando possível uma abordagem estática da rede para simplificar a modelagem do fenômeno em questão. No entanto, quando t_N e t_P são da mesma ordem de grandeza (ou seja, $t_N \sim t_P$), as redes temporais se destacam, pois a interação entre a evolução da rede e o processo de propagação torna-se significativa e não pode ser negligenciada. Por fim, em cenários onde a rede evolui rapidamente em relação ao processo (ou seja, $t_N \ll t_P$), pode ser apropriado usar uma abordagem de rede média no tempo para simplificar a modelagem.

Essa distinção entre as escalas de tempo nos permite escolher a abordagem mais adequada para cada situação, adaptando-a à natureza e à temporalidade dos processos em sistemas complexos.

2.2 Análise numérica

A análise numérica é o ramo da matemática que se dedica ao estudo e desenvolvimento de métodos e algoritmos para a resolução aproximada de problemas matemáticos, com foco na aplicação prática desses procedimentos em problemas de diversas áreas do conhecimento, como

física, engenharia, biologia e economia (GAUTSCHI, 2012). Entre os tópicos fundamentais dessa área, destaca-se o estudo de Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs), particularmente os Problemas de Valor Inicial (PVI), devido à sua ampla aplicação na modelagem de sistemas dinâmicos. Nesta seção, concentraremos nossa atenção nos métodos Runge-Kutta, uma família de técnicas iterativas que desempenham um papel central na solução numérica de PVIs. Exploraremos os fundamentos teóricos, a formulação matemática e as características desses métodos, enfatizando sua eficiência, precisão e versatilidade em diferentes contextos computacionais.

2.2.1 Formulação do Problema de Valor Inicial para EDOs

Uma equação diferencial estabelece uma relação entre uma função, sua variável independente e suas derivadas. No caso de uma *Equação Diferencial Ordinária (EDO)*, a variável independente é unidimensional, e as derivadas da função dependem dessa única variável (SI-AUW; KONG; BAYEN, 2020). Para fins desta análise, consideramos que uma EDO pode ser escrita na forma geral:

$$F \left(x, f(x), \frac{df(x)}{dx}, \frac{d^2 f(x)}{dx^2}, \dots, \frac{d^{n-1} f(x)}{dx^{n-1}} \right) = \frac{d^n f(x)}{dx^n}, \quad (2.17)$$

onde F é uma função arbitrária que combina os argumentos de entrada e n representa a ordem da equação diferencial. Essa formulação é conhecida como uma EDO de ordem n .

Como exemplo, considere um pêndulo de comprimento l , com uma massa m em sua extremidade, conforme ilustrado na Figura 5. O ângulo $\theta(t)$, que o pêndulo forma com a vertical ao longo do tempo, em presença de gravidade g , pode ser descrito pela equação diferencial que modela o movimento do pêndulo. Essa equação é obtida construindo o diagrama de forças, calculando as energias cinética e potencial, montando a Lagrangiana e, finalmente, aplicando a equação de Euler-Lagrange (THORNTON; MARION, 2014). O resultado dessa análise leva à seguinte equação de movimento:

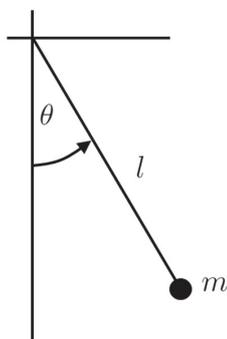


Figura 5 – Diagrama do pêndulo simples, com comprimento l e massa m em sua extremidade. Extraído de Thornton e Marion (2014).

$$ml\ddot{\theta}(t) = -mg \sin(\theta(t)). \quad (2.18)$$

Podemos simplificar a Equação (2.18) para:

$$\ddot{\theta}(t) + \frac{g}{l} \sin(\theta(t)) = 0. \quad (2.19)$$

A solução geral de uma equação diferencial é uma função $g(x)$ que satisfaz a equação. No entanto, encontrar soluções analíticas pode ser desafiador. Para EDOs de ordem n , uma solução particular é uma função $p(x)$ que não só resolve a equação, mas também satisfaz n condições específicas conhecidas, como valores iniciais para a função e suas derivadas.

Em muitos casos, essas condições iniciais são suficientes para determinar uma solução única. Para uma EDO de ordem n , os valores iniciais podem incluir $f(0), f'(0), \dots, f^{(n-1)}(0)$. Resolver uma EDO com base nessas condições é conhecido como um *Problema de Valor Inicial (PVI)*.

Embora o termo sugira que a variável independente seja o tempo, PVIs também podem descrever sistemas que evoluem em outras dimensões, como o espaço. No caso do pêndulo, a posição e a velocidade iniciais são suficientes para determinar seu movimento ao longo do tempo.

2.2.2 Método de Euler

Considere a equação diferencial ordinária de primeira ordem explicitamente definida:

$$\dot{S}(t) = F(t, S(t)), \quad (2.20)$$

onde F é uma função que retorna a derivada ou a taxa de variação do estado, dado um ponto de tempo t e o estado $S(t)$. Suponha que t seja uma sequência de pontos no intervalo $[t_0, t_f]$, com passo h . Sem perda de generalidade, assumimos $t_0 = 0$ e $t_f = Nh$, onde N é um número inteiro positivo.

A aproximação linear de $S(t)$ ao redor de t_j para t_{j+1} é dada por:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j) + (t_{j+1} - t_j)\dot{S}(t_j), \quad (2.21)$$

o que pode ser reescrito como:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j) + hF(t_j, S(t_j)). \quad (2.22)$$

A Equação (2.22) é conhecida como *Fórmula de Euler Explícita*, permitindo calcular uma aproximação do estado $S(t_{j+1})$ a partir do estado em $S(t_j)$. Partindo de um valor inicial

$S_0 = S(t_0)$, essa fórmula pode ser usada para integrar os estados até $S(t_f)$, gerando uma aproximação para a solução da equação diferencial. Como ilustrado na Figura 6, a inclinação $F(t_j, S(t_j))$ é usada para aproximar $S(t_{j+1})$ a partir de $S(t_j)$, comparando a solução aproximada (vermelha) com a exata (azul).

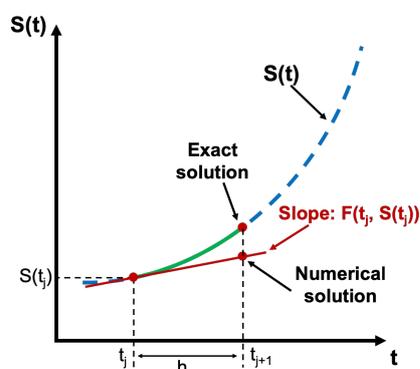


Figura 6 – Ilustração do método de Euler. A inclinação $F(t_j, S(t_j))$ é usada para aproximar $S(t_{j+1})$ a partir de $S(t_j)$, comparando a solução aproximada (vermelha) com a exata (azul). Extraído de [Siauw, Kong e Bayen \(2020\)](#).

Esse é o método mais simples e intuitivo para resolver problemas de valor inicial. Em qualquer ponto $(t_j, S(t_j))$, a função F é utilizada para determinar a direção do próximo estado e, em seguida, o estado é atualizado por um passo h . Embora existam métodos mais sofisticados e precisos, todos compartilham essa estrutura fundamental. Vale notar que, devido à simplicidade do método de Euler, o erro global é proporcional ao passo h , tornando-o menos preciso em situações onde h não é suficientemente pequeno.

Métodos que seguem essa abordagem são chamados de métodos de integração numérica para EDOs. Eles calculam os estados sucessivos com base no valor inicial e nas taxas de variação fornecidas por $F(t, S(t))$, avançando no tempo com o passo h .

Dado $F(t, S(t))$ como função que calcula $\dot{S}(t)$, uma sequência de pontos t no intervalo $[t_0, t_f]$ e um valor inicial $S_0 = S(t_0)$, os estados $S(t_j)$ para cada t_j podem ser calculados com os seguintes passos:

1. Armazene $S_0 = S(t_0)$ em um vetor S .
2. Calcule $S(t_1) = S_0 + hF(t_0, S_0)$.
3. Armazene $S_1 = S(t_1)$ em S .
4. Calcule $S(t_2) = S_1 + hF(t_1, S_1)$.
5. Armazene $S_2 = S(t_2)$ em S .
6. Repita o processo até calcular $S(t_f) = S_{f-1} + hF(t_{f-1}, S_{f-1})$.

7. Armazene $S_f = S(t_f)$ em S .

O vetor S resultante fornece uma aproximação da solução para o problema de valor inicial. Vamos abordar um problema envolvendo a EDO:

$$\dot{f}(t) = e^{-t}, \quad (2.23)$$

com a condição inicial $f(0) = -1$. Sabemos que a solução exata é dada por $f(t) = -e^{-t}$. Neste exemplo, iremos resolver esse problema de valor inicial no intervalo de $[0, 1]$, com passos de $h = 0,1$ e $h = 0,001$, utilizando o Método de Euler Explícito, empregando código Python (COSTA, 2025). A Figura 7 apresenta a comparação entre a solução numérica e a solução exata utilizando um passo de $h = 0,1$ e um passo menor, $h = 0,001$, destacando a diferença na precisão conforme o tamanho do passo.

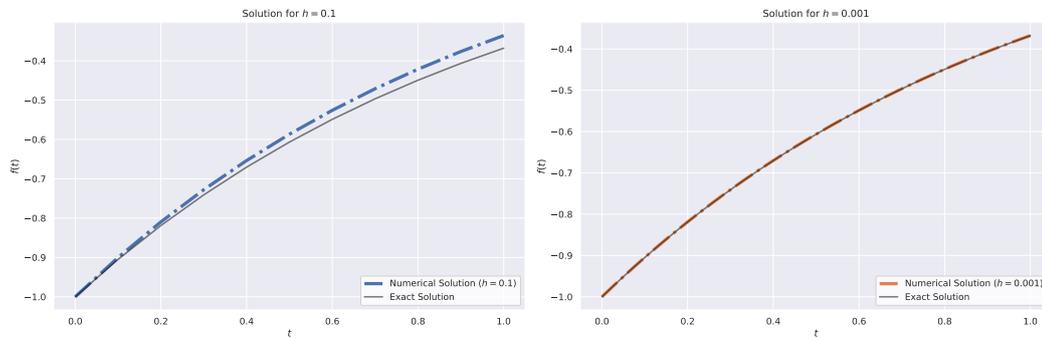


Figura 7 – Comparação entre a solução numérica e a solução exata da EDO da Equação (2.23) utilizando o método de Euler com diferentes passos. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.2.3 Métodos Preditivo-Corretor e Runge-Kutta

Dado um valor de tempo e estado, a função $F(t, S(t))$ retorna a taxa de variação de estado $\dot{S}(t)$. Os métodos preditivo-corretor melhoram a precisão em relação aos métodos não preditivo-corretor, realizando múltiplas consultas à função F em diferentes pontos (previsões) e, em seguida, utilizando uma média ponderada para corrigir e atualizar o estado. Esses métodos utilizam duas etapas: o preditor, uma fórmula explícita que estima a solução em t_{j+1} (como o método de Euler), e o corretor, que aprimora essa solução aplicando uma fórmula implícita (GAUTSCHI, 2012).

O método do ponto médio tem um passo de predição:

$$S\left(t_j + \frac{h}{2}\right) = S(t_j) + \frac{h}{2}F(t_j, S(t_j)). \quad (2.24)$$

Em seguida, é calculado o passo de correção:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j) + hF\left(t_j + \frac{h}{2}, S\left(t_j + \frac{h}{2}\right)\right), \quad (2.25)$$

que calcula a solução em $S(t_{j+1})$ a partir de $S(t_j)$, mas utilizando a derivada de $S(t_j + \frac{h}{2})$.

Os métodos de Runge-Kutta (RK) são amplamente utilizados para a solução de equações diferenciais. O método de Euler usa os dois primeiros termos da série de Taylor (STEWART, 2012) para aproximar a integração numérica, o que é linear:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j + h) = S(t_j) + h \cdot S'(t_j). \quad (2.26)$$

Podemos melhorar consideravelmente a precisão da integração numérica se mantivermos mais termos da série:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j + h) = S(t_j) + S'(t_j)h + \frac{1}{2!}S''(t_j)h^2 + \dots + \frac{1}{n!}S^{(n)}(t_j)h^n. \quad (2.27)$$

Para obter uma solução mais precisa, derivamos $S''(t_j), S^{(3)}(t_j), \dots, S^{(n)}(t_j)$. Esse trabalho extra pode ser evitado utilizando os métodos RK, que se baseiam em séries de Taylor truncadas, mas não exigem o cálculo dessas derivadas superiores.

O método de Runge-Kutta de segunda ordem assume uma fórmula de integração da forma:

$$S(t + h) = S(t) + c_1 F(t, S(t))h + c_2 F(t + ph, S(t) + qhF(t, S(t)))h. \quad (2.28)$$

Tentamos encontrar os parâmetros c_1, c_2, p, q igualando a equação acima à série de Taylor de segunda ordem, o que nos dá:

$$S(t + h) = S(t) + S'(t)h + \frac{1}{2!}S''(t)h^2 = S(t) + F(t, S(t))h + \frac{1}{2!}F'(t, S(t))h^2. \quad (2.29)$$

Observando que $F'(t, s(t)) = \frac{\partial F}{\partial t} + \frac{\partial F}{\partial S} \frac{\partial S}{\partial t} = \frac{\partial F}{\partial t} + \frac{\partial F}{\partial S} F$, podemos reescrever a Equação (2.29) como:

$$S(t + h) = S + Fh + \frac{1}{2!} \left(\frac{\partial F}{\partial t} + \frac{\partial F}{\partial S} F \right) h^2. \quad (2.30)$$

Na Equação (2.28), podemos reescrever o último termo aplicando a série de Taylor em várias variáveis, o que nos dá:

$$F(t + ph, S + qhF) = F + \frac{\partial F}{\partial t} ph + qh \frac{\partial F}{\partial S} F, \quad (2.31)$$

assim a Equação (2.28) se torna:

$$S(t+h) = S + (c_1 + c_2)Fh + c_1 \left[\frac{\partial F}{\partial t}p + q \frac{\partial F}{\partial S}F \right] h^2. \quad (2.32)$$

Comparando as Equações (2.30) e (2.32), podemos facilmente obter:

$$c_1 + c_2 = 1, \quad c_2p = \frac{1}{2}, \quad c_2q = \frac{1}{2}. \quad (2.33)$$

Como a Equação (2.33) tem quatro incógnitas e apenas três equações, podemos atribuir qualquer valor a um dos parâmetros e determinar os outros. Uma escolha popular é:

$$c_1 = \frac{1}{2}, \quad c_2 = \frac{1}{2}, \quad p = 1, \quad q = 1. \quad (2.34)$$

Definimos também:

$$k_1 = F(t_j, S(t_j)), \quad (2.35)$$

$$k_2 = F(t_j + ph, S(t_j) + qhk_1). \quad (2.36)$$

A solução será dada por:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j) + \frac{1}{2}(k_1 + k_2)h. \quad (2.37)$$

O método de Runge-Kutta de quarta ordem (RK4) (DORMAND; PRINCE, 1980) é um método clássico para integrar EDOs com alta precisão. Ele é obtido a partir da série de Taylor utilizando abordagem similar à discutida no método de segunda ordem. Este método usa quatro pontos k_1, k_2, k_3 e k_4 . Uma média ponderada desses pontos é utilizada para produzir a aproximação da solução. A fórmula é dada por:

$$k_1 = F(t_j, S(t_j)), \quad (2.38)$$

$$k_2 = F\left(t_j + \frac{h}{2}, S(t_j) + \frac{1}{2}k_1h\right), \quad (2.39)$$

$$k_3 = F\left(t_j + \frac{h}{2}, S(t_j) + \frac{1}{2}k_2h\right), \quad (2.40)$$

$$k_4 = F(t_j + h, S(t_j) + k_3h). \quad (2.41)$$

A solução será então dada por:

$$S(t_{j+1}) = S(t_j) + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4). \quad (2.42)$$

Como indicado pelo seu nome, o método RK4 é de precisão quarta ordem, ou seja, $O(h^4)$. A Figura 8 apresenta a integração do problema da Equação (2.23) usando o RK4 (DORMAND; PRINCE, 1980) com um passo $h = 0.1$, já demonstrando uma ótima precisão. No entanto, a eficiência do RK4 depende do tamanho do passo h : passos grandes podem causar instabilidades, enquanto passos pequenos elevam o custo computacional, tornando o método menos viável para sistemas de grande escala.

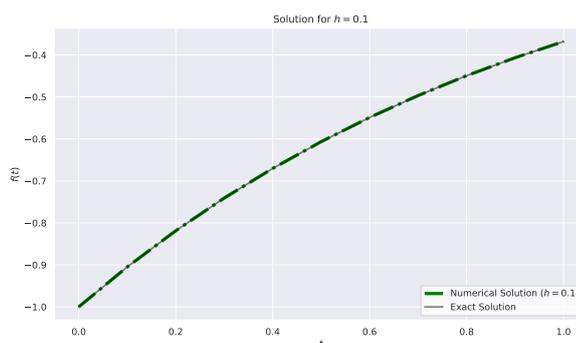


Figura 8 – Solução numérica e a solução exata da EDO da Equação (2.23) utilizando o método RK4. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.3 Modelos epidemiológicos

A modelagem em epidemiologia compartilha objetivos similares com a modelagem ecológica, centrando-se na compreensão da prevalência, distribuição e fatores que influenciam a incidência, propagação e persistência de doenças. Enquanto na ecologia, a quantificação precisa da abundância de espécies frequentemente é de grande interesse, na epidemiologia, o foco recai na categorização dos indivíduos de acordo com seu estado de infecção em uma população hospedeira (KEELING; ROHANI, 2008). Nesse contexto, os modelos epidemiológicos podem ser comparados aos modelos de metapopulação da ecologia (MACARTHUR; WILSON, 1967; LEVINS, 1969), onde cada indivíduo é considerado como um recurso para o patógeno, com processos de transmissão e recuperação análogos à dispersão e extinção. A modelagem matemática em epidemiologia tem uma longa história e tem sido aplicada desde o século XVIII, passando por desenvolvimentos conceituais e técnicos significativos. A modelagem de epidemias envolve duas abordagens principais: estocástica e determinística.

Nos modelos estocásticos, a aleatoriedade está presente nas variáveis, permitindo estimar distribuições de probabilidade de resultados possíveis, especialmente quando as flutuações aleatórias têm um papel significativo, como em populações pequenas ou em cenários com grandes variações imprevisíveis.

Por outro lado, os modelos determinísticos são empregados para grandes populações, como por exemplo para o estudo da tuberculose. Neles, a população é dividida em compartimentos representando diferentes estágios da epidemia. As transições entre esses compartimentos são

descritas por equações diferenciais.

2.3.1 Modelo SI

O modelo SI é a abordagem mais simples para descrever a propagação de doenças infecciosas. Nesse modelo, a população é dividida em dois compartimentos:

- **Suscetíveis (S)**: Indivíduos que ainda não foram infectados, mas estão suscetíveis à infecção.
- **Infectados (I)**: Indivíduos que contraíram a doença e são capazes de transmiti-la a outros.

Diferentemente do modelo SIR (que falaremos *a posteriori*), o modelo SI não considera a recuperação dos indivíduos infectados. Uma vez que uma pessoa foi infectada, ela permanece nesse estado indefinidamente, ou seja, não existe um compartimento de recuperados. Esse modelo é adequado para doenças de caráter crônico ou de longo prazo, onde a recuperação não ocorre durante o período de estudo (HETHCOTE, 2000). O diagrama esquemático do modelo SI pode ser representado conforme a Figura 9.

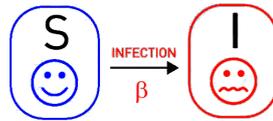


Figura 9 – Diagrama esquemático do modelo SI, adaptado de Barabási (2016).

A dinâmica do modelo SI é regida pelo sistema de equações diferenciais ordinárias a seguir, que descreve como a quantidade de indivíduos suscetíveis diminui à medida que a quantidade de infectados aumenta:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\frac{\beta SI}{N}, \\ \dot{I} = \frac{\beta SI}{N}, \end{cases} \quad (2.43)$$

sendo β a taxa de transmissão da doença (em unidades de tempo⁻¹), que define a probabilidade de um suscetível ser infectado em contato com um infectado. O modelo assume que todos os indivíduos infectados permanecem na classe I . A população total é conservada na dinâmica, de modo que:

$$S(t) + I(t) = N. \quad (2.44)$$

O parâmetro β é crucial para o crescimento da população infectada. Com β grande, a doença se espalha rapidamente, infectando uma parcela significativa da população. Caso contrário, a propagação é mais lenta, com menos infectados ao longo do tempo (vide Figura 10).

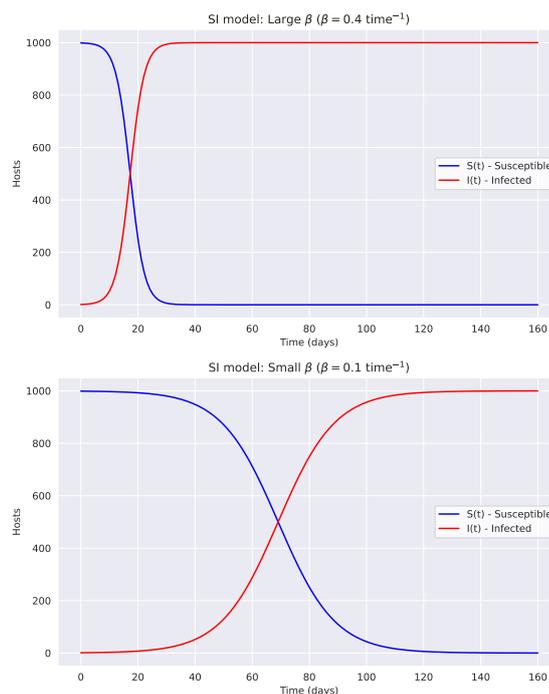


Figura 10 – Modelo SI para: a) β grande com disseminação rápida da doença e b) β pequeno com uma propagação mais lenta da doença. Fonte: Elaborado pelo autor.

2.3.2 Modelo SIS

Assim como no modelo SI, o modelo SIS também divide a população em dois compartimentos:

- **Suscetíveis (S)**: Indivíduos que ainda não foram infectados, mas podem ser infectados pela doença.
- **Infectados (I)**: Indivíduos que contraíram a doença e são capazes de transmiti-la a outros.

A diferença crucial entre o modelo SI e o modelo SIS é que, no SIS, os indivíduos infectados podem se recuperar e voltar ao compartimento de suscetíveis, permitindo que a infecção persista ou desapareça ao longo do tempo. Esse modelo é adequado para doenças onde a recuperação não confere imunidade, como infecções bacterianas, que podem reaparecer após o tratamento (BARABÁSI, 2016). O diagrama esquemático do modelo SIS pode ser representado conforme a Figura 11.

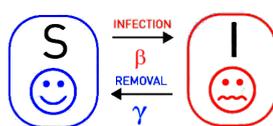


Figura 11 – Diagrama esquemático do modelo SIS, adaptado de Barabási (2016).

A dinâmica do modelo SIS é regida pelo sistema de equações diferenciais ordinárias a seguir:

$$\begin{cases} \dot{S} = \gamma I - \frac{\beta SI}{N}, \\ \dot{I} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \end{cases} \quad (2.45)$$

onde, β é a taxa de transmissão da doença e γ é a taxa de recuperação (ambas em unidades de tempo⁻¹). No modelo SIS, os indivíduos que se recuperam da doença retornam ao compartimento de suscetíveis, o que pode permitir a manutenção de surtos recorrentes. Assim como no modelo SI, a soma da população total é mantida constante ao longo do tempo. Se a taxa de transmissão β for significativamente maior que a taxa de recuperação γ , a doença pode persistir indefinidamente, com surtos recorrentes entre os suscetíveis. Em contrapartida, quando $\gamma > \beta$, a doença tende a desaparecer, pois a recuperação supera o ritmo de novos contágios (vide Figura 12).

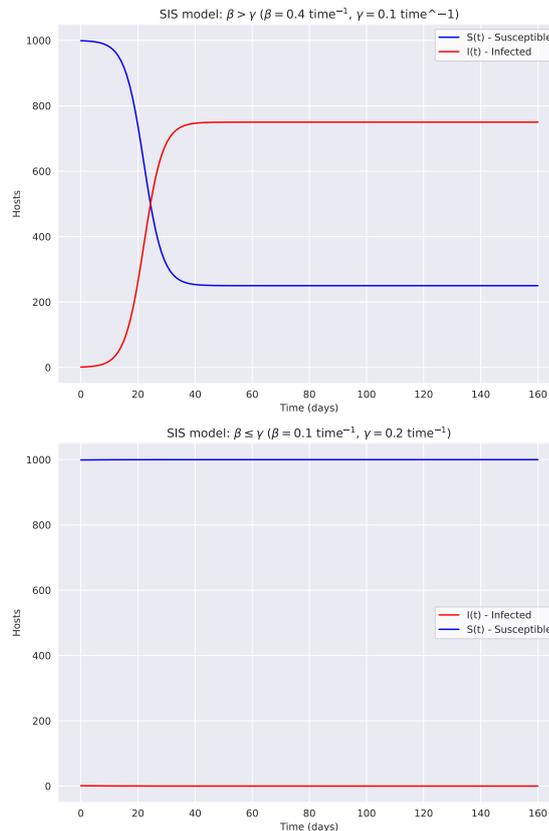


Figura 12 – Modelo SIS para os casos a) $\beta > \gamma$ com a prevalência da doença e b) $\beta \leq \gamma$ com o desaparecimento da doença. Fonte: Elaborado pelo autor.

Com o modelo SIS, conseguimos capturar de forma simples a realidade de várias doenças infecciosas recorrentes, como infecções respiratórias, onde os indivíduos podem ser reinfectados após o término do tratamento.

2.3.3 Modelo SIR

Um outro modelo epidêmico simples, porém poderoso, que podemos considerar é o modelo SIR. Neste, os membros da população progridem através de três compartimentos, da seguinte forma:

- **Suscetíveis (S)**: Aqui encontram-se os indivíduos que estão em risco de contrair a doença, mas que atualmente não estão infectados.
- **Infectados (I)**: Aqui, encontramos aqueles que já foram infectados pela doença e são atualmente contagiosos.
- **Removidos (R)**: Esta classe abrange os indivíduos que não podem mais contrair a doença, seja porque se recuperaram completamente, desenvolveram imunidade natural ou vieram a óbito.

O diagrama esquemático do modelo SIR pode ser representado conforme a Figura 13.



Figura 13 – Diagrama esquemático do modelo SIR, adaptado de [Barabási \(2016\)](#).

A evolução de uma epidemia, como a da gripe, muitas vezes ocorre em um ritmo muito mais acelerado em comparação com as mudanças na taxa de natalidade e mortalidade. Como resultado, modelos compartimentais simplificados frequentemente excluem considerações sobre nascimentos e mortes, um aspecto conhecido como dinâmica vital (ou demografia). O sistema SIR sem a influência da dinâmica vital, para uma população com N hospedeiros, pode ser representado por meio do seguinte conjunto de equações diferenciais ordinárias ([HETHCOTE, 2000](#)):

$$\begin{cases} \dot{S} = -\frac{\beta SI}{N}, \\ \dot{I} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \\ \dot{R} = \gamma I. \end{cases} \quad (2.46)$$

Apesar de sua não linearidade, este sistema possibilita uma solução analítica implícita ([HARKO, 2014](#)). Inicialmente, observe a seguinte relação:

$$\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0, \quad (2.47)$$

pode-se deduzir que:

$$S(t) + I(t) + R(t) = \text{constante} = N. \quad (2.48)$$

A invariabilidade da população N simplifica a análise, permitindo a consideração de apenas duas das três variáveis em questão. A taxa de transmissão, β , representa a probabilidade de um indivíduo infectado transmitir a doença a um suscetível, enquanto a taxa de recuperação, γ , indica a velocidade de recuperação. Esses parâmetros determinam o comportamento do modelo SIR: se $\beta > \gamma$, a doença se espalha; se $\beta \leq \gamma$, a doença desaparece (vide Figura 14).

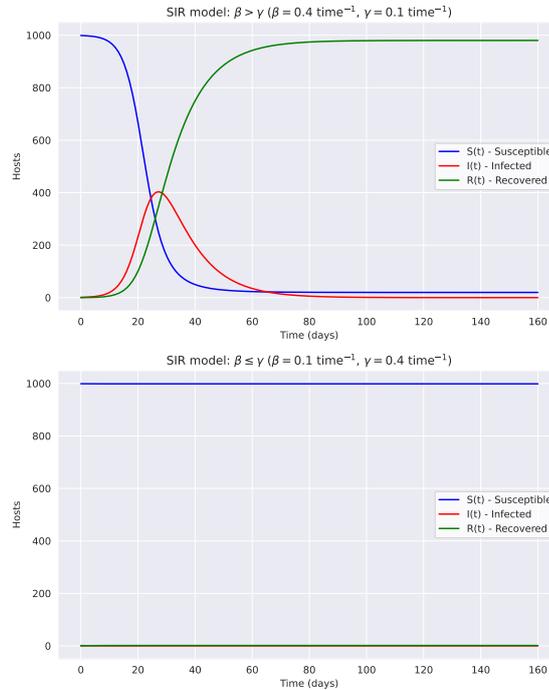


Figura 14 – Modelo SIR para os casos em que: a) $\beta > \gamma$ e b) $\beta \leq \gamma$. Fonte: Elaborado pelo autor.

Em conjunto, esses dois parâmetros do modelo nos fornecem o *número básico de reprodução* R_0 , uma medida representativa do número médio de infecções secundárias originadas a partir de um hospedeiro já infectado:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (2.49)$$

Quando $R_0 > 1$, a taxa de infecção supera a taxa de recuperação, o que resulta no crescimento da infecção em toda a população. Por outro lado, quando $R_0 < 1$, a infecção tende a desaparecer rapidamente, uma vez que as pessoas se recuperam mais rapidamente do que contribuem para a propagação da doença.

2.4 Metapopulações

As metapopulações são um conceito fundamental em ecologia que descrevem grupos de populações de uma mesma espécie ocupando diferentes áreas geograficamente separadas e interagindo em algum nível. Esse termo foi cunhado por [Levins \(1969\)](#) quando desenvolveu um

modelo para entender a dinâmica populacional de pragas de insetos em campos agrícolas. No entanto, esse conceito tem sido amplamente aplicado em ecologia para compreender como as espécies respondem a ambientes fragmentados, sejam eles fragmentados naturalmente, como ocorre em ilhas, ou como resultado de ações humanas, como a destruição de habitats naturais (vide Figura 15).

Uma metapopulação consiste em várias populações distintas que ocupam áreas de habitat adequadas, incluindo algumas áreas ocasionalmente desocupadas. Cada população interage relativamente de forma independente com as outras e está sujeita a eventos demográficos aleatórios que podem levar à extinção local. À medida que as populações diminuem, aumenta o risco de desaparecimento devido a fatores diversos. No entanto, a metapopulação como um todo é mais estável, pois indivíduos de populações bem-sucedidas frequentemente migram para áreas desocupadas devido à extinção de outras populações, um processo chamado *efeito de resgate*, crucial para a manutenção da metapopulação como um todo.

A Figura 15 ilustra configurações de populações em um gradiente de conectividade, começando com um habitat contínuo e progredindo para metapopulações fragmentadas e isoladas. À medida que a conectividade diminui, as populações passam de um bloco único para habitats fragmentados, sistemas continente-ilha e metapopulações sujeitas a colonizações e extinções, até atingirem um estado de não-equilíbrio, onde as populações isoladas não podem ser recolonizadas após extinções.

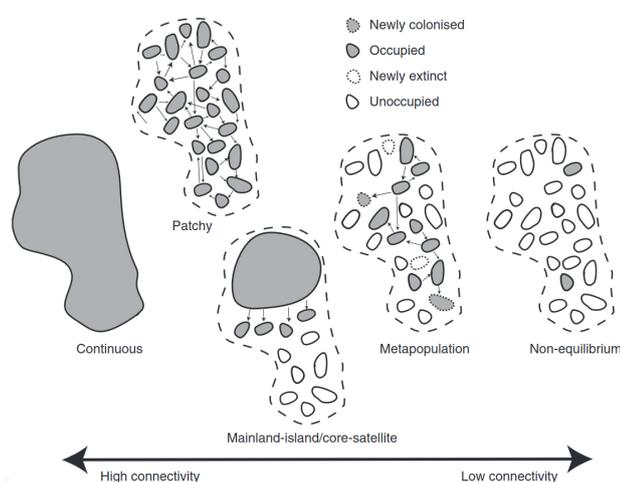


Figura 15 – Quatro tipos de modelos de metapopulação (HARRISON, 2008) com diferentes níveis de conectividade, adaptado de Nouhuys (2009).

Além disso, é importante destacar que, ao longo deste estudo, no contexto da propagação de doenças, trabalharemos com a suposição de que as populações em análise apresentam uma mistura homogênea, ou seja, todos os indivíduos de uma mesma população interagem igualmente entre si (ALLMAN; RHODES, 2003). Essa premissa implica que o risco de exposição à doença por parte dos não infectados é uniforme em relação aos indivíduos já infectados.

O termo *subpopulações* é frequentemente usado de forma sinônima com *populações locais* em contextos de metapopulação (HANSKI; GAGGIOTTI, 2004). Estas subpopulações ou populações locais são grupos de indivíduos de uma espécie que ocupam áreas específicas dentro da metapopulação maior e estão interligados por meio de movimento entre essas áreas. Elas desempenham um papel fundamental na dinâmica da metapopulação, influenciando a sobrevivência e a distribuição da espécie em todo o conjunto de áreas ocupadas.

A fusão de redes e modelos epidemiológicos aos modelos de metapopulação oferece uma perspectiva mais abrangente para a compreensão da propagação de doenças infecciosas em sistemas complexos. As metapopulações podem ser pensadas como nós de uma rede complexa de manchas espaciais (*patches*, em inglês), onde os links codificam os fluxos humanos de um lugar para outro e são responsáveis pela transmissão entre manchas (HAGENAARS; DONNELLY; FERGUSON, 2004) (vide Figura 16), reforçando a importância da abordagem integrada. Esses modelos de metapopulação fornecem a estrutura básica para analisar a interação entre hospedeiros em diferentes áreas, presumindo uma mistura homogênea e contatos aleatórios localmente, o que permite uma visão geral das populações ao longo do tempo, calibrada com dados censitários.

No contexto de nosso projeto, incorporamos esses conceitos para entender a dinâmica de transmissão de doenças infecciosas em uma escala mais ampla. Ao combinar modelos de metapopulação com modelos epidemiológicos, podemos examinar como a transmissão de doenças ocorre localmente, levando em consideração a mobilidade das espécies hospedeiras. Essa abordagem é fundamental para entender os mecanismos de propagação de doenças infecciosas em nosso sistema e desenvolver estratégias eficazes de prevenção e controle, especialmente em sistemas complexos onde a conectividade entre populações desempenha um papel crucial.

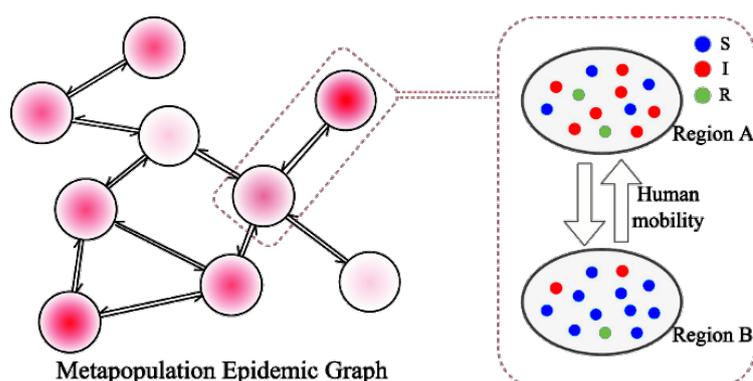


Figura 16 – Modelo SIR em uma rede metapopulacional de manchas, adaptado de Cao et al. (2023).

2.5 Modelos de movimento de hospedeiro

Modelos de movimentação de hospedeiros, como os Eulerianos e Lagrangianos, são essenciais para simular a movimentação de hospedeiros dentro de redes metapopulacionais. Em nosso estudo, adotamos a abordagem Euleriana, que não rastreia o comportamento individual

dos hospedeiros, sendo mais adequada para descrever a migração em larga escala. Em contraste, os modelos Lagrangianos seguem os indivíduos e são mais apropriados para descrever o comportamento de deslocamento humano, como o deslocamento diário para o trabalho ou viagens de curta duração (CITRON et al., 2021).

Para compreender a difusão geográfica das doenças em escalas espaciais variadas devido à mobilidade humana, a modelagem epidêmica adota a dinâmica de reação-difusão na metapopulação (BROCKMANN; HELBING, 2013). Em nosso estudo, empregamos o modelo Euleriano para descrever a difusão de hospedeiros entre metapopulações (CITRON et al., 2021), representado via o operador de transporte Ω_i (BARRAT; BARTHÉLEMY; VESPIGNANI, 2008) a seguir:

$$\dot{N}_i = \Omega_i(\{N\}) = \sum_j^K f_{ji}\{N_j\} - f_{ij}\{N_i\}, \quad (2.50)$$

onde N_i é o número de hospedeiros no local i , entre K subpopulações. O operador de transporte Ω_i , descrito na Equação (2.50), calcula o balanço entre os fluxos de entrada e saída em cada subpopulação i . Ele considera a diferença entre o total de hospedeiros que chegam ao local i a partir de outros locais j ($f_{ji}\{N_j\}$) e os que saem do local i para outros locais j ($f_{ij}\{N_i\}$). A matriz f_{ij} contém as taxas de viagem entre os locais, com $f_{ii} = 0$, e o objetivo é redistribuir os hospedeiros mantendo o número total constante ao longo do tempo:

$$N = \sum_{i=1}^K N_i. \quad (2.51)$$

Esse cálculo envolve $K(K-1)$ parâmetros. Combinando o modelo SIR com o Euleriano, geramos um conjunto de $3K$ equações para as subpopulações:

$$\begin{cases} \dot{S}_i = -\frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} + \Omega_i(\{S\}), \\ \dot{I}_i = \frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} - \gamma I_i + \Omega_i(\{I\}), \\ \dot{R}_i = \gamma I_i + \Omega_i(\{R\}). \end{cases} \quad (2.52)$$

Expandindo o operador de transporte na Equação (2.52):

$$\begin{cases} \dot{S}_i = -\frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} + \sum_j^K f_{ji}\{S_j\} - f_{ij}\{S_i\}, \\ \dot{I}_i = \frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} - \gamma I_i + \sum_j^K f_{ji}\{I_j\} - f_{ij}\{I_i\}, \\ \dot{R}_i = \gamma I_i + \sum_j^K f_{ji}\{R_j\} - f_{ij}\{R_i\}. \end{cases} \quad (2.53)$$

Assim, em cada subpopulação:

$$S_i(t) + I_i(t) + R_i(t) = N_i. \quad (2.54)$$

O operador de transporte Ω_i computa o balanço de fluxo de hospedeiros dos compartimentos S_i , I_i e R_i que viajam entre as subpopulações, garantindo a consistência do movimento entre as diferentes localidades.

2.6 Trabalhos relacionados

Nesta Seção, revisamos estudos que aplicaram modelos epidemiológicos em diversas redes, abrangendo contextos como a propagação de doenças infecciosas e informações em sistemas complexos. Destacamos os modelos utilizados, as características das redes e os principais resultados obtidos, com o objetivo de oferecer uma visão ampla das contribuições recentes no campo da epidemiologia de redes e como essas pesquisas se relacionam com a presente monografia.

Em [Ji et al. \(2023\)](#), os autores apresentam uma visão abrangente da dinâmica de propagação de sinais em redes complexas, exemplificando a partir de modelos epidêmicos, de Kuramoto, passeios aleatórios, reação-difusão e percolação. A pesquisa investiga a dinâmica de hospedeiros e patógenos, examinando fatores topológicos, como redes temporais e multicamadas, e propõe um quadro teórico para compreender a interação entre dinâmica e topologia, incluindo estudos sobre o controle de redes. Nosso trabalho se conecta a essa pesquisa ao explorar redes temporais e multicamadas, mas avançamos ao focar especificamente na mobilidade de hospedeiros em redes temporais, com a inclusão de fluxos de entrada e saída entre as subpopulações.

De forma semelhante, [Karsai et al. \(2011\)](#) analisaram a propagação de informações em redes de comunicação, utilizando o modelo SI e baseando-se em dados empíricos de sequências de contatos. Seu estudo destacou como a topologia da rede e a intermitência dos contatos afetam a velocidade de propagação. No entanto, os autores se limitaram a um único grafo (redes de chamadas ou e-mails), sem explorar a interação entre múltiplas redes. Nossa pesquisa avança ao considerar simultaneamente dois grafos (entrada e saída), permitindo capturar interações mais complexas e dinâmicas, como a propagação de doenças em redes de mobilidade temporais.

Outro trabalho relevante é o de [Keeling e Eames \(2005\)](#), que realizou um estudo abrangente na área da epidemiologia de doenças infecciosas, explorando uma ampla gama de modelos e estruturas de redes, incluindo SIR, SEIR e modelos baseados em agentes. Eles analisaram diferentes tipos de redes, como aleatórias, sem escala e de mundo pequeno, mas focaram principalmente em redes estáticas e de mistura completa. Em contraste, nossa pesquisa avança ao incorporar redes temporais e dinâmicas, que são mais adequadas para modelar sistemas reais, como a propagação de doenças em redes de mobilidade humana. Além disso, enquanto [Keeling e Eames \(2005\)](#) se concentraram em redes de contato individuais, nossa abordagem integra múltiplas camadas de interação, permitindo uma análise mais abrangente.

No contexto de modelos de metapopulações, [Citron et al. \(2021\)](#) investigaram modelos de movimento humano, aplicando modelos SIR, SIS e Ross-Macdonald para analisar a disseminação de doenças. O estudo ressaltou a importância da escolha do modelo de mobilidade adequado, com um estudo de caso sobre a malária na Ilha de Bioko. Os autores utilizaram em uma de suas abordagens a Euleriana, na qual os fluxos de indivíduos entre subpopulações são modelados através do operador de transporte Ω_i , que representa a diferença entre os hospedeiros que chegam e saem de cada local:

$$\dot{N}_i = \Omega_i(\{N\}) = \sum_j^K f_{ji}\{N_j\} - f_{ij}\{N_i\}.$$

No entanto, esse modelo assume uma única matriz fixa de taxas de mobilidade (f_{ij}), o que limita a flexibilidade na modelagem de variações temporais e estruturais nas redes de mobilidade temporais.

O projeto GLEAM ([Vespignani et al. \(2023\)](#)) é uma plataforma avançada para simulação de epidemias globais, combinando dados de mobilidade multiescalares com modelos estocásticos para prever padrões de disseminação de doenças infecciosas. Algumas de suas pesquisas envolvem redes dinâmicas de mobilidade ([BALCAN et al., 2009](#)), abrangendo deslocamentos de curta e longa distância, além de interações populacionais heterogêneas ([POLETTI; COLIZZA; BOËLLE, 2016](#)). Nossa pesquisa complementa essa abordagem ao integrar explicitamente redes dinâmicas e de mobilidade, permitindo capturar interações mais complexas e específicas entre indivíduos e populações.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

Para atingirmos os objetivos descritos no Capítulo 1, buscamos testar a hipótese de que a inclusão de fluxos dinâmicos de entrada e saída em redes de mobilidade temporais, com diferentes configurações topológicas, garantindo a conservação do número total de hospedeiros no sistema. Nosso enfoque atual concentra-se na simulação de um modelo *SIR Euleriano* em redes de mobilidade temporais específicas, sem a possibilidade de variação da granularidade temporal. As simulações são realizadas considerando fluxos sintéticos e reais para representar a mobilidade populacional, com a finalidade de analisar o comportamento epidêmico em diferentes cenários e topologias de rede.

3.1 Dados de mobilidade sintéticos

Para tratar sobre os dados sintéticos, modelamos dinâmicas de fluxo entre diferentes municípios. Esses dados permitem simular cenários variados de mobilidade populacional, criando tensores que descrevem fluxos de entrada e saída entre nós (municípios). Os dados são gerados conforme diferentes heurísticas, como fluxos aleatórios distribuídos segundo a distribuição de Dirichlet (CONNOR; MOSIMANN, 1969) para redes completamente conectadas ou fluxos limitados por topologias específicas. Dessa forma, simulamos tanto cenários de mobilidade irrestrita (todos os municípios conectados) quanto cenários com restrições geográficas ou de infraestrutura de transporte.

Os tensores w_{ji}^{in} e w_{ij}^{out} descrevem os fluxos de entrada e saída de pessoas entre municípios, com dimensões organizadas em dias \times nós \times nós. O tensor w_{ji}^{in} representa o fluxo de entrada no município i a partir do município j , enquanto o tensor w_{ij}^{out} representa o fluxo de saída do município i para o município j . Cada tensor inclui um índice de tempo implícito, refletindo a variação temporal dos fluxos ao longo dos dias.

Os valores desses tensores correspondem a taxas de pessoas que se deslocam entre os municípios, considerando a movimentação populacional entre os nós da rede. Dessa forma, cada elemento do tensor fornece o peso associado ao fluxo de entrada ou saída entre pares de municípios para um dia específico.

Neste caso sintético, focamos na construção e análise de uma rede representando a Região Metropolitana de Belo Horizonte (RMBH), composta por 34 municípios (vide Figura 17). Os nós da rede correspondem aos centroides dos municípios, e as arestas modelam os fluxos intermunicipais. Para calibrar a rede, utilizamos dados do Censo 2022 do IBGE (IBGE, 2023), incorporando informações como população, área e Produto Interno Bruto (PIB) de cada município. Na distribuição dos fluxos nas heurísticas, consideramos exclusivamente as populações de cada município.

Metropolitan Region of Belo Horizonte (RMBH) network.

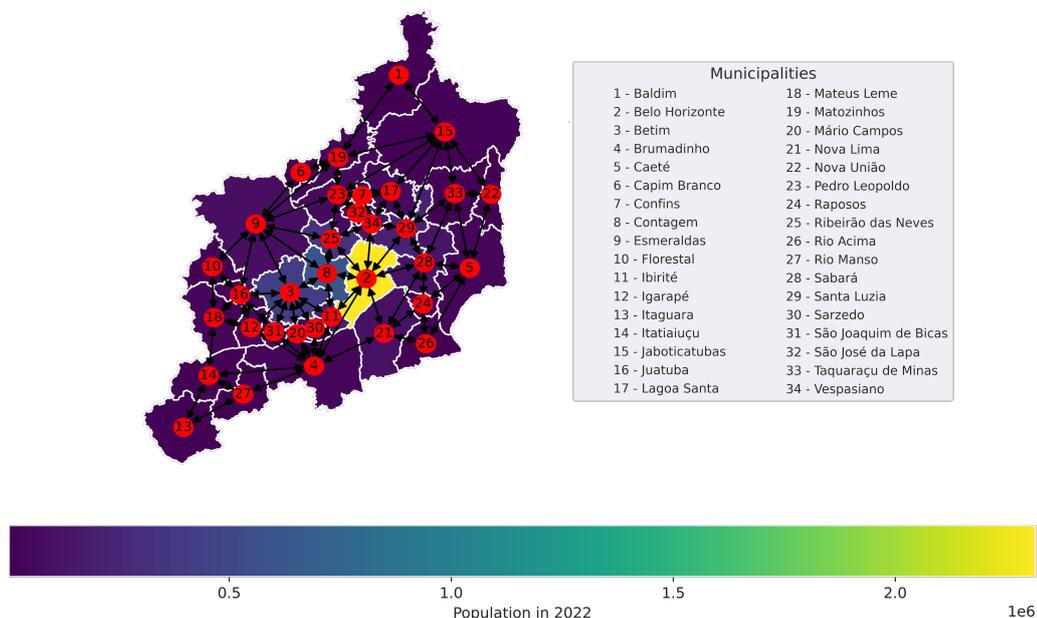


Figura 17 – Região Metropolitana de Belo Horizonte (RMBH). Fonte: Elaborado pelo autor.

A rede de mobilidade da RMBH foi construída a partir de bases geoespaciais ([Prefeitura de Belo Horizonte, 2018](#)) e populacionais ([IBGE, 2023](#)). Para isso, extraímos informações detalhadas sobre cada município, incluindo nome, população, área e PIB. Esses dados foram organizados em um *DataFrame* (vide Tabela 1) e associados a um *GeoDataFrame* contendo as geometrias dos municípios. Calculamos as coordenadas dos centroides para definir as posições dos nós na rede.

Em seguida, criamos um dígrafo onde cada nó representa um município da RMBH, e as arestas modelam os fluxos entre municípios que são vizinhos ou que possuem interações geográficas (municípios cujas áreas se tocam). Esta rede foi calibrada para refletir as conexões reais e a capacidade de movimentação entre os municípios, com base nas populações reais.

Para a geração dos fluxos, foram utilizadas as seguintes heurísticas:

Heurística 1: Fluxos em uma rede completamente conectada (*all-to-all*). Nesta heurística, consideramos que todos os municípios estão conectados entre si, permitindo a movimentação irrestrita de pessoas entre qualquer par de municípios. Fluxos aleatórios são gerados utilizando uma distribuição de Dirichlet, que garante que a soma dos fluxos em cada nó respeite uma proporção pré-definida da população total. A fração da população de cada município que se movimenta diariamente para outros municípios é parametrizada para garantir que os fluxos respeitem as capacidades populacionais e as taxas de movimentação.

Heurística 2: Fluxos em uma rede com restrições topológicas. Nesta heurística, as conexões entre os municípios são limitadas por restrições topológicas, como geográficas, que

impedem a movimentação direta entre certos pares de municípios. Os fluxos são gerados com base na topologia real da rede (vide Figura 17), respeitando essas limitações. As capacidades de movimentação são ajustadas para refletir as restrições impostas pela topologia da rede, garantindo que o total de entradas e saídas esteja consistente com a realidade. A implementação considera a topologia da RMBH para refletir um exemplo de uma rede real e temporal, em que os fluxos de mobilidade variam ao longo do tempo, com alterações diárias na quantidade de pessoas que se deslocam entre os municípios.

Tabela 1 – Tabela de municípios, da Região Metropolitana de Belo Horizonte (RMBH), contendo suas características gerais.

Município	População (número absoluto de pessoas)	Área (km ²)	PIB (milhões de R\$)
Balduim	7.492	556,30	201,30
Belo Horizonte	2.315.560	331,40	105.829,70
Betim	411.846	344,10	33.132,90
Brumadinho	38.915	639,40	4.624,90
Caeté	38.776	542,50	1.074,90
Capim Branco	10.663	95,30	123,40
Confins	7.350	42,40	485,70
Contagem	621.863	194,70	36.479,80
Esmeraldas	85.598	909,70	973,10
Florestal	8.045	194,20	142,80
Ibirité	170.537	72,40	3.203,50
Igarapé	45.847	110,90	967,30
Itaguara	13.846	410,50	402,50
Itatiaiuçu	12.966	295,10	6.934,80
Jaboticatubas	20.406	1.115,00	297,90
Juatuba	30.716	97,00	1.437,20
Lagoa Santa	75.145	229,40	2.189,40
Mateus Leme	37.841	301,40	1.079,70
Matozinhos	37.618	252,50	1.506,20
Mário Campos	15.900	35,20	198,00
Nova Lima	111.697	429,30	21.042,60
Nova União	5.909	172,10	107,50
Pedro Leopoldo	62.580	292,80	1.939,10
Raposos	16.279	72,20	193,70
Ribeirão das Neves	329.794	155,10	5.181,70
Rio Acima	10.261	228,40	472,50
Rio Manso	5.568	231,50	113,70
Sabará	129.380	302,50	4.201,70
Santa Luzia	219.132	235,20	5.290,60
Sarzedo	36.844	62,10	2.191,00
São Joaquim de Bicas	34.348	71,80	1.083,40
São José da Lapa	26.090	47,90	625,20
Taquaraçu de Minas	4.224	329,30	65,90
Vespasiano	129.246	71,00	3.020,50

3.2 Dados de mobilidade reais

Utilizamos os dados do Baidu Mobility Data ([China Data Lab, 2020](#)), coletados por meio de aplicativos e serviços da Baidu, uma empresa multinacional chinesa especializada em tecnologia de internet e inteligência artificial. Esses dados cobrem o período de janeiro a

fevereiro de 2020, logo antes do início da pandemia de COVID-19, mas incluindo eventos-chave como o início do Chunyun (10 de janeiro), o bloqueio de viagens em Wuhan (23 de janeiro), o Ano Novo Lunar (25 de janeiro) e o fim do Festival da Primavera (18 de fevereiro). A Figura 18 apresenta uma linha temporal desses eventos durante o período de análise.



Figura 18 – Linha temporal dos eventos analisados. Fonte: Elaborado pelo autor.

O Festival da Primavera, ou período do Chunyun, representa a maior migração anual do mundo, quando milhões de pessoas retornam às suas cidades natais para celebrar o Ano Novo Chinês. Esse fenômeno, que dura cerca de 40 dias, envolve deslocamentos em larga escala por diversos meios de transporte, sobrecarregando a infraestrutura do país. Em 2020, foram registradas mais de três bilhões de viagens (WONG, 2020), intensificando os fluxos populacionais. A Figura 19 ilustra a movimentação na estação ferroviária de Xangai durante o Chunyun de 2024, enquanto a Figura 20 compara sua magnitude com outros eventos migratórios globais.

No entanto, em 2020, esse intenso fluxo populacional coincidiu com o início da pandemia de COVID-19. Como resposta, em 23 de janeiro, a China impôs um bloqueio rigoroso em Wuhan para conter a disseminação do vírus. O bloqueio de viagens a Wuhan incluiu a suspensão do transporte público e o fechamento de aeroportos e estações ferroviárias, visando limitar a propagação do vírus para outras regiões. Até 23 de fevereiro de 2020, a China implementou uma resposta de emergência nacional, restringindo viagens e adotando medidas de distanciamento social para conter a transmissão (TIAN et al., 2020).



Figura 19 – Estação ferroviária de Xangai durante a corrida de transporte do Festival de Primavera de 2024. Extraído de Getty Images (2024).

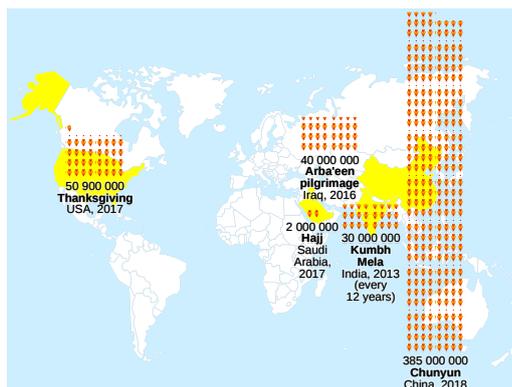


Figura 20 – Comparação entre os maiores eventos migratórios periódicos do mundo. Extraído de McCarthy (2018).

Os dados da Baidu Mobility são organizados em matrizes diárias de fluxos de entrada (*inflow*) e saída (*outflow*) entre 369 regiões chinesas. Cada matriz de *inflow* descreve a taxa de pessoas que se deslocam de uma cidade i para uma cidade j , em relação ao total de entradas na cidade j , enquanto as matrizes de *outflow* representam a distribuição de saídas da cidade j para outras regiões. Cada nó possui no máximo 100 conexões de entrada e 100 de saída.

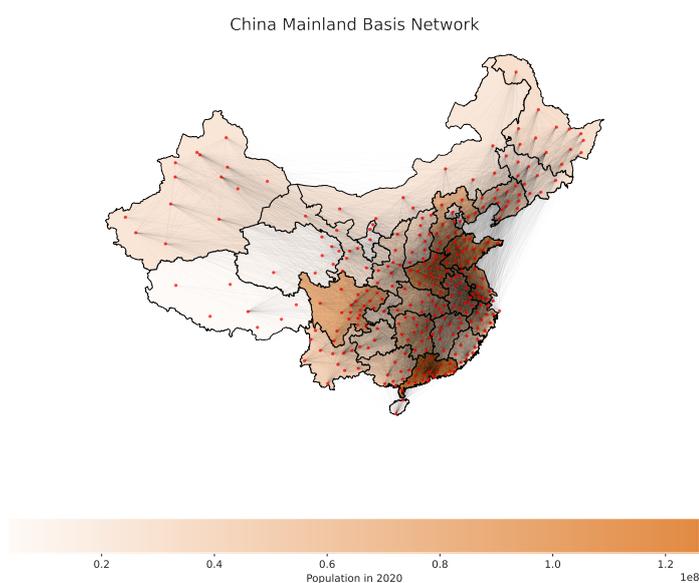
O pré-processamento desses dados foi realizado por Freitas et al. (2022), que removeu regiões sem códigos e coordenadas geográficas disponíveis, resultando em fluxos diários entre 303 regiões ao longo dos 60 dias. Esses fluxos foram organizados em tensores w_{ji}^{in} e w_{ij}^{out} , representando respectivamente os fluxos de entrada e saída de pessoas entre as regiões para um tempo t implícito. Cada tensor possui dimensões de dias \times nós \times nós.

Para garantir que as populações dos nós permanecessem constantes durante a simulação, foi implementado um ajuste nos fluxos de entrada e saída de cada nó (COSTA, 2023), visando minimizar desequilíbrios populacionais. Esse ajuste redistribui os fluxos para manter a soma total de entradas e saídas aproximadamente constante. A redistribuição é realizada iterativamente, considerando a capacidade máxima de movimentação de cada nó, definida como uma porcentagem da sua população inicial. Esse processo é essencial para evitar variações artificiais nas populações ao longo do tempo, que poderiam comprometer a coerência do modelo epidemiológico e a integração das equações diferenciais. O ajuste inclui ainda um fator de limitação nos fluxos, conforme a máxima porcentagem de viajantes permitida por nó.

Para calibrar os 303 nós das redes diárias, realizamos *scraping* no site *City Population* (BRINKHOFF, 2024) para obter as populações de 2020 e associá-las aos nós da rede. Com bases geoespaciais, estruturamos um *GeoDataFrame* contendo coordenadas dos nós, polígonos, área, perímetro e população das províncias, calculada pela soma das populações dos nós contidos em cada polígono. A Tabela 2 apresenta essas características, e a Figura 21, a rede da China continental calibrada.

Tabela 2 – Tabela de províncias da China continental contendo suas características gerais.

Província	População (número absoluto de pessoas)	Área (km ²)	Perímetro (km)
Anhui	61.027.171	13,37	30,86
Beijing	21.893.095	1,74	9,37
Chongqing	32.054.159	7,71	27,17
Fujian	41.540.086	10,90	41,94
Gansu	25.019.832	43,61	81,92
Guangdong	126.012.510	15,52	52,62
Guangxi	50.126.806	20,93	42,64
Guizhou	38.562.148	15,98	34,07
Hainan	10.081.232	2,90	13,94
Hebei	74.610.235	19,51	48,83
Heilongjiang	31.850.088	54,48	70,13
Henan	99.365.518	16,14	33,26
Hubei	57.752.558	17,56	36,48
Hunan	66.444.865	19,39	34,14
Jiangsu	84.748.017	9,73	29,25
Jiangxi	45.188.634	15,28	27,65
Jilin	24.073.453	21,31	43,30
Liaoning	42.591.407	15,59	40,62
Neimongol	24.049.154	129,07	133,99
Ningxiahuizu	7.202.654	5,28	19,04
Qinghai	5.923.958	69,40	63,55
Shaanxi	39.529.999	20,37	40,12
Shandong	101.527.454	15,46	42,40
Shanxi	34.915.616	15,98	25,95
Sichuan	83.674.866	45,73	60,21
Tianjin	13.866.009	1,21	8,65
Xinjiang Uygur	25.852.345	175,09	86,09
Xizang	3.648.101	114,20	78,29
Yunnan	47.209.278	34,28	58,07
Zhejiang	64.567.588	9,28	27,29

Figura 21 – Representação da rede de mobilidade da China continental, utilizando uma matriz de *inflow* do dia 01 de janeiro de 2020. Fonte: Elaborado pelo autor.

Os *hubs* de mobilidade, como Pequim, Xangai e Wuhan, conectam diversas regiões com altos fluxos de pessoas e desempenham funções econômicas, políticas e culturais. Durante a COVID-19, a redução dos fluxos em Wuhan após o bloqueio influenciou a disseminação do vírus. Com as restrições, Wuhan tornou-se um elo local dentro de Hubei, enviando mais de 20% do fluxo de entrada para 11 regiões da província (FREITAS et al., 2022). Isso não significa um aumento no número de viajantes, mas que a maioria dos recém-chegados a essas cidades vinha da capital provincial.

Além da redução dos fluxos em Wuhan após o bloqueio, observou-se um efeito de transbordamento nas cidades vizinhas. Conforme identificado por Pang et al. (2022), houve um aumento inesperado na mobilidade dessas cidades imediatamente após o bloqueio, atribuído à migração de indivíduos que buscaram sair da província antes da implementação de restrições locais. Esse fenômeno evidencia a necessidade de considerar a mobilidade regional ao formular políticas de contenção, evitando deslocamentos massivos que possam intensificar a disseminação do vírus.

A análise desses dados é essencial para compreender a propagação do vírus, pois as variações nos padrões de mobilidade refletem a evolução da pandemia. Durante o período analisado, há grandes flutuações nos deslocamentos, com picos durante o feriado do Ano Novo Chinês e quedas substanciais devido às restrições de viagem.

Com a declaração da pandemia pela OMS em 11 de março de 2020 e as restrições de mobilidade, os deslocamentos foram drasticamente reduzidos, especialmente a partir do bloqueio de Wuhan em 23 de janeiro (CUCINOTTA; VANELLI, 2020; LI et al., 2020). Pequim, Xangai e Wuhan tiveram grande influência nos fluxos de entrada e saída de pessoas, sendo analisados por métricas como intermediação ponderada (b_w), proximidade ponderada (c_w) e diâmetro (l_{\max}).

Durante o período de restrições, os fluxos caíram para menos da metade (DONG; DU; GARDNER, 2020). Após o confinamento, houve recuperação, mas sem retorno aos níveis pré-pandemia (LAI et al., 2020). A Figura 22 mostra as redes de fluxo de entrada e saída antes e depois do bloqueio de viagens a Wuhan, com mudanças visíveis nas conexões entre as cidades. Os pontos representam regiões da China, enquanto as arestas indicam os fluxos de pessoas. As cores e larguras das arestas refletem a intensidade do fluxo, e as cores dos nós representam a intermediação ponderada, variando do verde (baixo) ao vermelho (alto).

A Figura 23 apresenta a evolução temporal dessas métricas. Todas apresentam transição entre o bloqueio de Wuhan (23 de janeiro) e o Ano Novo Lunar (25 de janeiro), especialmente nas redes de fluxo de entrada. Antes do bloqueio, os nós tinham importância similar nos caminhos mais curtos, enquanto após a restrição, a centralidade de alguns nós aumentou. Pequim, por exemplo, perdeu sua posição de destaque, conforme observado por Tan et al. (2021), que verificou quedas acentuadas nos fluxos de saída das grandes cidades. Essas mudanças são visíveis na Figura 24, que exibe o mapa de calor das normas de Frobenius (DEMMELE, 1997) entre pares de fluxos diários.



Figura 22 – Redes de fluxo de entrada e saída antes e depois do bloqueio de viagens a Wuhan. Pontos representam as regiões da China continental e as arestas o fluxo de pessoas entre elas. Cores e larguras das arestas indicam a intensidade do fluxo. Cores dos nós representam a intermediação ponderada, com valores mais altos em vermelho e mais baixos em verde. Fonte: Elaborado pelo autor.

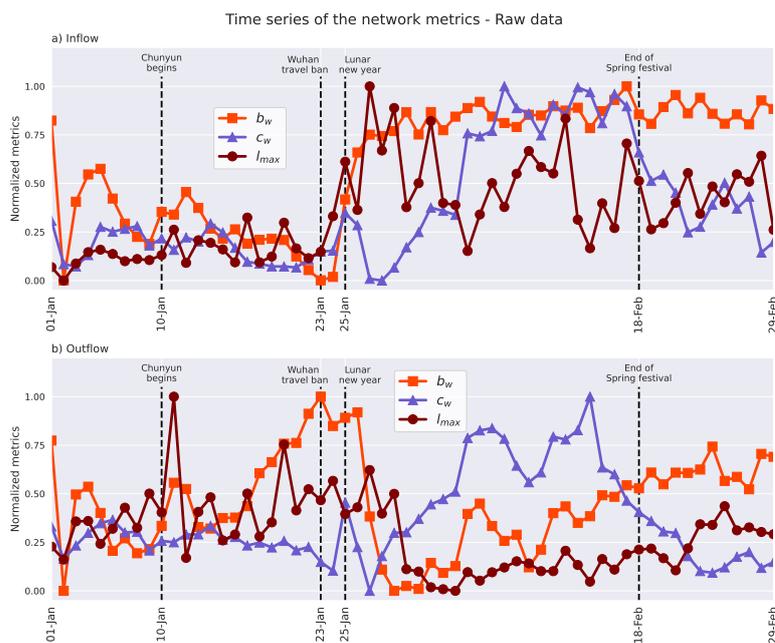


Figura 23 – Evolução temporal das métricas da rede durante o período analisado. Fonte: Elaborado pelo autor.

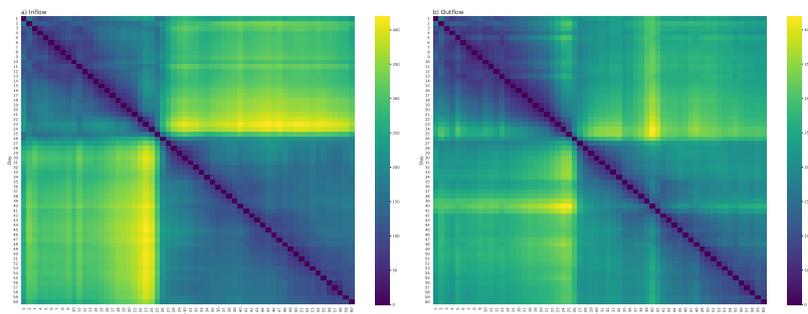


Figura 24 – Mapa de calor das normas de Frobenius entre pares de fluxos diários. Normas baixas indicam padrões similares pré-25 de janeiro, enquanto normas altas refletem mudanças após as restrições. Fonte: Elaborado pelo autor.

Essas variações na mobilidade são fundamentais para modelar a propagação epidêmica, pois redefinem as interações entre regiões e influenciam diretamente a disseminação do vírus. A análise dos fluxos de mobilidade revelou mudanças na importância de algumas cidades na rede de deslocamento, especialmente após as restrições impostas na China durante a pandemia de COVID-19. A análise dos dados permitiu quantificar esses impactos e compreender como intervenções como o bloqueio de Wuhan, em 23 de janeiro, alteraram os padrões de mobilidade regional.

3.3 Adaptação do modelo Euleriano e do modelo SIR Euleriano

Nesta Seção, apresentamos a adaptação do modelo Euleriano e do modelo SIR Euleriano para integrar os dados de mobilidade sintéticos e reais em redes metapopulacionais, utilizando tensores de entrada e saída de fluxos temporais, em vez de uma única matriz de taxas de viagem, como é tradicionalmente feito. Essa abordagem permite uma maior flexibilidade na modelagem da dinâmica de movimentação, pois captura variações temporais e topológicas nos fluxos de hospedeiros entre diferentes subpopulações.

O modelo Euleriano clássico é baseado em uma única matriz (f_{ij}) que descreve as taxas de migração de hospedeiros entre as subpopulações. No entanto, essa matriz impõe uma estrutura estática aos fluxos, o que limita sua capacidade de representar mudanças temporais e a complexidade das redes reais. Para superar essa limitação, substituímos a matriz de taxas por dois tensores: um tensor de fluxos de entrada (w_{ji}^{in}) e outro de fluxos de saída (w_{ij}^{out}) , ambos variando no tempo e entre diferentes configurações topológicas da rede.

Os tensores de fluxos são utilizados para descrever a quantidade de hospedeiros que chegam ao nó i vindos do nó j e a quantidade que sai de i em direção a j , respectivamente, em um determinado instante t (implícito). Dessa forma, o operador de transporte Ω_i , que computa o balanço de fluxos para cada subpopulação, é redefinido para considerar essas variações temporais:

$$\dot{N}_i = \Omega_i(\{N\}) = \sum_j^K w_{ji}^{in} \{N_j\} - w_{ij}^{out} \{N_i\}, \quad (3.1)$$

onde N_i representa o número de hospedeiros no local i no tempo t (implícito), e o balanço entre os fluxos de entrada e saída é atualizado continuamente ao longo do tempo. Isso permite uma representação dinâmica e precisa da redistribuição de hospedeiros entre as subpopulações, preservando o número total de indivíduos ao longo do tempo:

$$N = \sum_{i=1}^K N_i. \quad (3.2)$$

Com essa adaptação, o modelo SIR Euleriano para a dinâmica epidêmica entre subpopulações é modificado da seguinte maneira:

$$\begin{cases} \dot{S}_i = -\frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} + \sum_j^K w_{ji}^{in} \{S_j\} - w_{ij}^{out} \{S_i\}, \\ \dot{I}_i = \frac{\beta_i S_i I_i}{N_i} - \gamma I_i + \sum_j^K w_{ji}^{in} \{I_j\} - w_{ij}^{out} \{I_i\}, \\ \dot{R}_i = \gamma I_i + \sum_j^K w_{ji}^{in} \{R_j\} - w_{ij}^{out} \{R_i\}. \end{cases} \quad (3.3)$$

Com isso, cada compartimento (S_i, I_i, R_i) é atualizado em função dos fluxos temporais de entrada e saída, levando em consideração as interações entre as subpopulações e a dinâmica de mobilidade. O uso dos tensores de fluxo nos permite modelar de maneira mais precisa

como as epidemias se espalham em cenários complexos de mobilidade, capturando tanto a heterogeneidade temporal quanto espacial da rede.

Nossa contribuição com essa adaptação é a introdução dos tensores temporais de fluxos de entrada e saída no modelo SIR Euleriano, ampliando a capacidade de análise de cenários de mobilidade complexos e proporcionando uma abordagem mais robusta para simular a propagação de doenças em redes metapopulacionais dinâmicas.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Neste Capítulo, apresentamos e analisamos os resultados das simulações do modelo Euleriano e SIR Euleriano baseadas nos dados descritos no Capítulo 3.

4.1 Dados de mobilidade sintéticos

Foram gerados tensores sintéticos de fluxo para 45 dias, limitando a mobilidade a 10% da população do nó. Com $\beta_i = 0.9 \text{ tempo}^{-1}$, $\gamma = 0.1 \text{ tempo}^{-1}$ e 1 hospedeiro infectado por nó, utilizou-se o método numérico *RK45* (DORMAND; PRINCE, 1980) com passo de $h = 10^{-3}$ para a integração temporal. Para cada um dos casos descritos na Seção 3.1, no modelo Euleriano de fluxo, as subpopulações permaneceram constantes (vide Figura 25 e Figura 27), enquanto, no modelo SIR Euleriano, evoluíram conforme o tamanho e as condições iniciais (vide Figura 26 e Figura 28).

4.1.1 Caso *all-to-all*

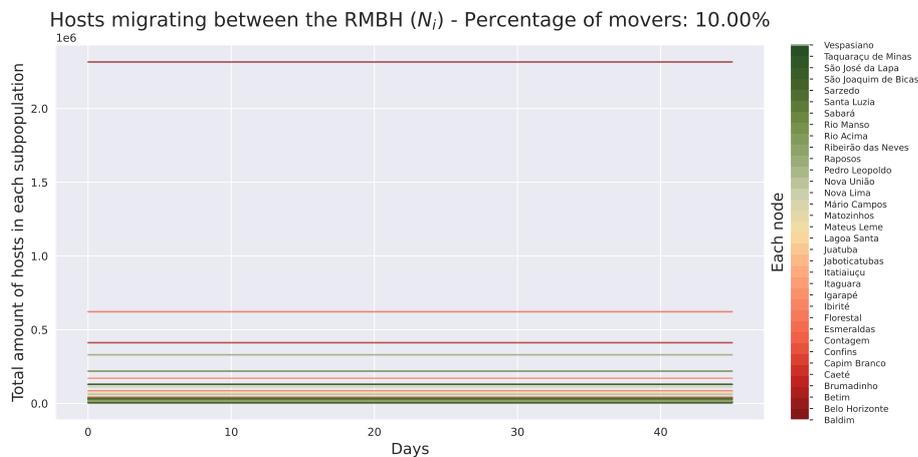


Figura 25 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada município da RMBH, considerando a rede completamente conectada. Fonte: Elaborado pelo autor.

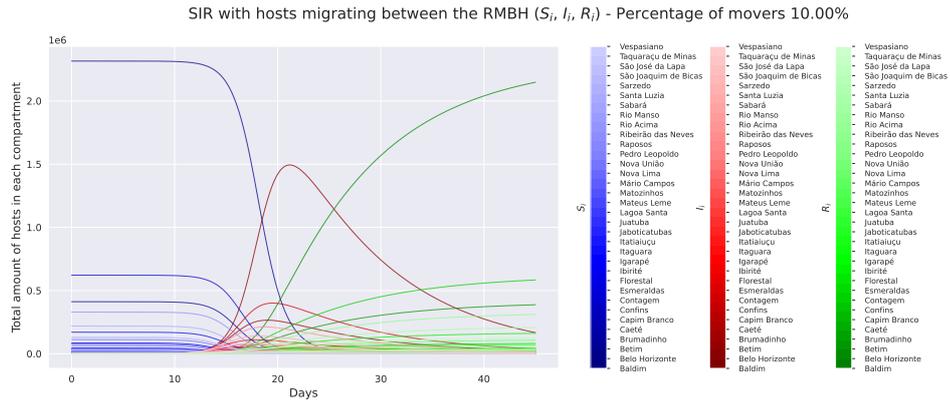


Figura 26 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada município da RMBH, considerando a rede completamente conectada. Fonte: Elaborado pelo autor.

4.1.2 Caso com restrições topológicas

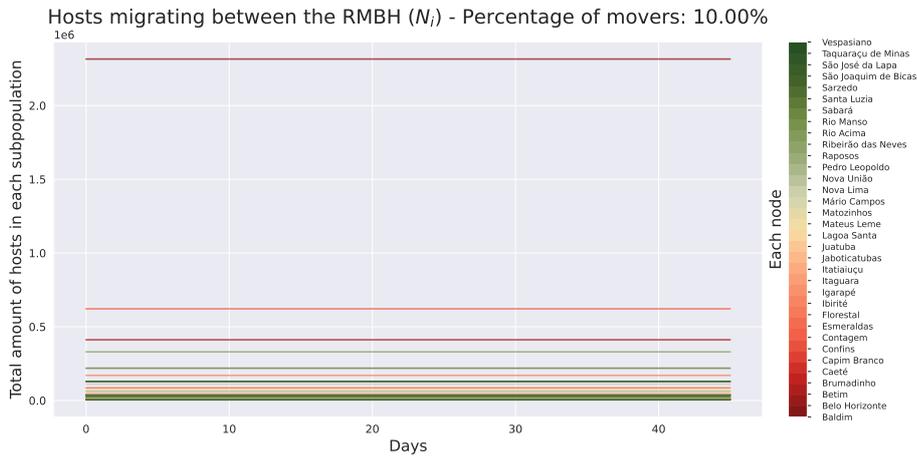


Figura 27 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada município da RMBH, considerando a restrição topológica. Fonte: Elaborado pelo autor.

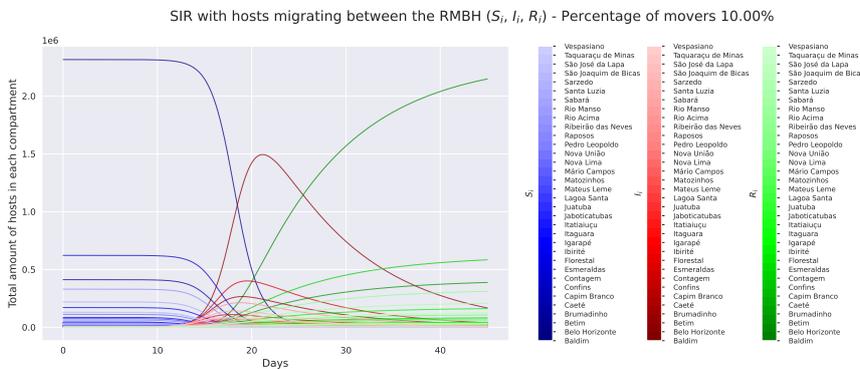


Figura 28 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada município da RMBH, considerando a restrição topológica. Fonte: Elaborado pelo autor.

4.2 Dados de mobilidade reais

Os tensores de fluxo, após passarem pelo processamento descrito na Seção 3.2, foram ajustados para limitar a mobilidade a 10% da população de cada nó. Essa escolha foi adotada de forma consistente em todos os conjuntos de dados utilizados, incluindo tanto os dados reais quanto os sintéticos, para garantir uma comparação equilibrada entre os cenários, mantendo a mobilidade controlada de maneira uniforme. Com $\beta_i = 0.9$ e $\gamma = 0.1$ e 1 infectado por nó, utilizou-se o mesmo método numérico dos dados sintéticos com um passo de $h = 10^{-3}$. A integração temporal foi realizada para cada região da China continental, conforme mostrado nas Figuras 29 e 30. A Figura 29 apresenta a evolução temporal da Equação (3.1), enquanto a Figura 30 ilustra a dinâmica do sistema da Equação (3.3).

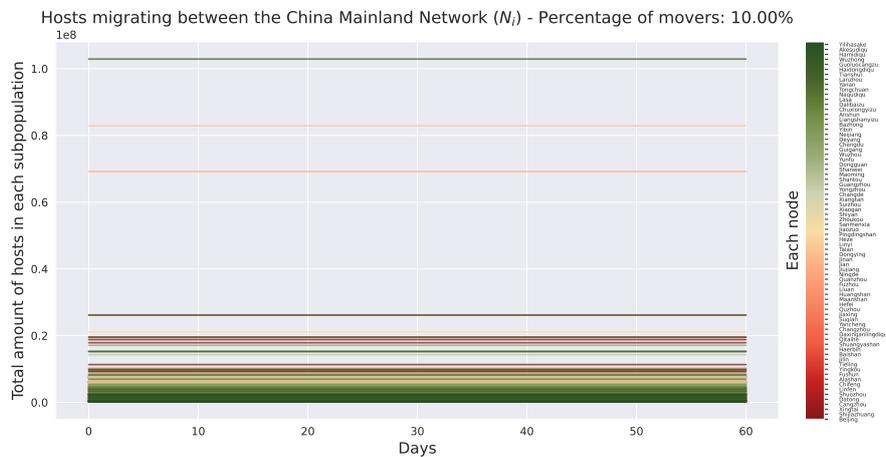


Figura 29 – Integração temporal da Equação (3.1) para cada região da China continental. Fonte: Elaborado pelo autor.

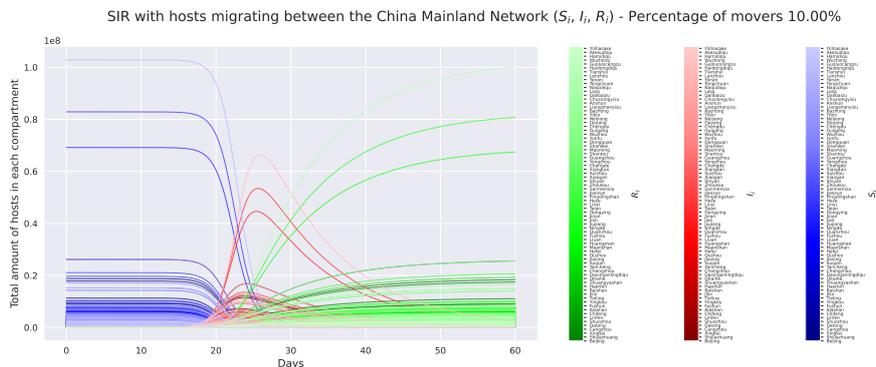


Figura 30 – Integração temporal do sistema da Equação (3.3) para cada região da China continental. Fonte: Elaborado pelo autor.

Com essas condições iniciais, os três maiores picos de infectados foram observados nas regiões de Chongqing, Xangai e Pequim. É notável que, entre os dias 20 e 25 de janeiro,

período marcado pelas restrições de viagens a Wuhan (23 de janeiro) e o Ano Novo Lunar (25 de janeiro), a curva de infectados da maioria das regiões apresentou um acentuado crescimento. Esse aumento coincide com o período de intensa movimentação populacional durante o Festival de Primavera, destacando como eventos de grande mobilidade podem acelerar a disseminação de doenças. O bloqueio de Wuhan, embora necessário, também gerou o efeito de transbordamento, com aumento inesperado na mobilidade nas cidades vizinhas, evidenciando a complexidade da dinâmica de propagação em cenários de restrições e fluxos populacionais massivos.

4.3 Discussões

Concluimos com sucesso os objetivos de revisar a literatura sobre métodos para o problema abordado, adaptar um modelo SIR de metapopulações em redes de mobilidade temporais considerando fluxos de entrada e saída, e simular esse modelo em diferentes topologias.

Os resultados observados na simulação com os dados do Baidu Mobility Data ([China Data Lab, 2020](#)) destacam a importância de sincronizar medidas de contenção em nível regional para evitar efeitos de transbordamento, como o aumento inesperado da mobilidade em cidades vizinhas após o bloqueio de Wuhan. Além disso, o pico de infectados no período do Ano Novo Lunar reforça a necessidade de planejar intervenções que considerem eventos de grande mobilidade, como o Festival da Primavera, que podem acelerar a disseminação de doenças. Esses insights sugerem que estratégias de controle epidêmico devem ser adaptadas não apenas às características epidemiológicas, mas também aos padrões de mobilidade e aos contextos socioculturais das regiões afetadas.

O modelo utilizado é conservativo, o que significa que, ao longo da simulação, o total de hospedeiros em cada nó se mantém constante, desde que as matrizes de taxas de movimentação entre os nós somem 1. Essa dependência das matrizes de taxas para garantir a conservação populacional foi um dos motivos para o processamento dos dados, que visou ajustar as taxas de forma que as condições do modelo fossem atendidas adequadamente.

A aleatorização dos valores de β_i e γ poderia enriquecer o comportamento dinâmico do sistema. Além disso, pode ser interessante explorar, em investigações futuras, as características sociais e geográficas de cada subpopulação, como PIB e área, para agregar mais parâmetros ao modelo, levando em consideração esses fatores e aumentando o realismo das simulações. Outra abordagem promissora seria utilizar métodos de aprendizado de máquina e otimização, aliados a registros de casos de COVID-19 e dados socioeconômicos, para calibrar os parâmetros β_i e γ de modo a refletir com maior precisão a realidade de cada região. Essa combinação de técnicas poderia melhorar a acurácia do modelo e fornecer insights mais robustos para políticas de controle epidemiológico.

Há também um problema em aberto que pode ser resolvido no futuro: seria atribuir o número exato de viajantes que entram e saem das cidades, em vez de usar apenas uma

porcentagem que baliza toda a movimentação com base na cidade de menor população. Na prática, o movimento de pessoas varia dependendo da cidade, e se esse número for conhecido, as taxas de fluxo podem ser calculadas a partir desses dados reais.

Como uma perspectiva futura, ainda podemos simular os processos em redes temporais com diferentes escalas de tempo e comparar os resultados com o caso estático. Para abordar isto, podemos explorar a variação da resolução temporal das redes. Podemos começar com a resolução padrão de uma rede por dia (considerada como *baseline*) e compará-la com resoluções mais espaçadas, como uma rede a cada 2 ou 3 dias. Utilizando o modelo SIR Euleriano, podemos analisar o impacto dessas diferentes escalas de tempo na propagação da doença. Após a simulação, podemos comparar os resultados obtidos em cada resolução com o da *baseline*, aplicando métricas como a norma de Frobenius (DEMMELE, 1997) e a correlação de Pearson (MORETIN; BUSSAB, 2017.). Isso permitiria quantificar as diferenças nas trajetórias das subpopulações para avaliar a acurácia da modelagem em diferentes escalas de tempo.

Ademais, para completar as comparações entre redes temporais e redes estáticas, poderíamos utilizar uma única rede média, agregada ao longo do período total de dias, calculando os fluxos médios entre os nós e simulando a dinâmica epidemiológica nessas condições. Essa abordagem ajudaria a entender como a variabilidade temporal influencia os resultados e poderia contribuir para o aprimoramento das estratégias de controle epidemiológico.

5 CONCLUSÃO

O objetivo principal deste estudo foi adaptar o modelo SIR de metapopulações para redes de mobilidade temporais, levando em conta fluxos dinâmicos de entrada e saída entre os nós. Para isso, modificamos as equações do modelo SIR de metapopulações clássico, ajustando-o para lidar com dois tensores de fluxos temporais — um para entrada e outro para saída — garantindo a conservação do número total de hospedeiros durante a simulação, por meio da adaptação das matrizes de taxa, cuja soma tem de ser igual a 1.

Durante o desenvolvimento, enfrentamos desafios técnicos relacionados à adaptação do modelo a diferentes topologias de redes, especialmente devido à qualidade e quantidade limitadas de dados disponíveis. O processamento para ajustar as taxas de mobilidade foi uma tarefa exigente, mas a solução proposta se mostrou promissora, fornecendo uma base sólida para simulações futuras.

Os resultados das simulações, usando dados do Baidu Mobility Data, revelaram insights importantes para estratégias de controle epidêmico em contextos de alta mobilidade, como o observado durante o bloqueio de Wuhan e o pico de infectados no Ano Novo Lunar. Esses dados sugerem que intervenções devem considerar tanto os parâmetros epidemiológicos quanto os padrões de mobilidade e características socioculturais, otimizando medidas de contenção e prevenção.

Este estudo também abre espaço para melhorias e futuras investigações. A aleatorização dos parâmetros β_i e γ poderia enriquecer o comportamento do sistema. A incorporação de características sociais e geográficas, como PIB e área geográfica, pode contribuir para uma modelagem mais precisa. Técnicas de aprendizado de máquina e otimização podem ser aplicadas para calibrar os parâmetros do modelo, aprimorando a acurácia das previsões.

Outro ponto a ser abordado futuramente é o número exato de viajantes que entram e saem das cidades, substituindo a abordagem simplificada baseada em porcentagens, o que permitiria calcular as taxas de fluxo a partir de dados reais.

Futuramente, o estudo pode ser expandido para analisar redes temporais em diferentes escalas de tempo. Comparar redes com resoluções temporais variadas ajudaria a entender o impacto da granularidade temporal na propagação da doença. A aplicação de métricas como a norma de Frobenius e a correlação de Pearson pode quantificar as diferenças entre as simulações, oferecendo uma avaliação mais detalhada da acurácia do modelo.

Por fim, comparações entre redes temporais e estáticas, usando uma rede agregada ao longo do tempo para calcular fluxos médios, podem fornecer uma visão mais ampla de como a variabilidade temporal afeta os resultados da dinâmica.

Este projeto não apenas contribuiu para a compreensão da propagação de doenças em redes complexas, mas também adaptou um modelo canônico, o SIR de metapopulações, para redes de mobilidade temporais. Essa adaptação, incorporando fluxos dinâmicos de entrada e saída, garantindo a conservação do número total de hospedeiros, oferece uma abordagem mais flexível e precisa para modelar a propagação de doenças em cenários de mobilidade realista, ampliando a aplicabilidade do modelo original em estudos de epidemiologia e mobilidade.

REFERÊNCIAS

- ALBERT, R.; BARABÁSI, A.-L. Statistical mechanics of complex networks. *Reviews of Modern Physics*, 2002. American Physical Society (APS), v. 74, n. 1, p. 47–97, jan 2002. Citado na página 13.
- ALLMAN, E. S.; RHODES, J. A. *Mathematical Models in Biology: An Introduction*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2003. Citado na página 33.
- ANUPRIYA; BANSAL, P.; GRAHAM, D. J. Modelling the propagation of infectious disease via transportation networks. *Scientific Reports*, 2022. v. 12, n. 1, p. 20572, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41598-022-24866-3>>. Citado na página 10.
- ARFKEN, G.; WEBER, H.; HARRIS, F. *Física Matemática: Métodos Matemáticos para Engenharia e Física*. Grupo GEN, 2017. Publicação: 07/08/2017. ISBN 9788535287349. Disponível em: <<https://www.grupogen.com.br/livro-fisica-matematica-metodos-matematicos-para-engenharia-e-fisica-george-arfken-hans-weber-e-frank-harris-9788535287349>>. Citado 3 vezes nas páginas 7, 16 e 19.
- BALCAN, D. et al. Multiscale mobility networks and the spatial spreading of infectious diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2009. v. 106, n. 51, p. 21484–21489, 2009. Disponível em: <<https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.0906910106>>. Citado na página 37.
- BARABÁSI, P. M. A.-L. *Network Science*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2016. Citado 10 vezes nas páginas 7, 10, 13, 14, 15, 16, 18, 28, 29 e 31.
- BARRAT, A.; BARTHÉLEMY, M.; VESPIGNANI, A. *Dynamical Processes on Complex Networks*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2008. Citado na página 35.
- BOCCALETTI, S. et al. Complex networks: Structure and dynamics. *Physics Reports*, 2006. v. 424, n. 4, p. 175–308, 2006. ISSN 0370-1573. Citado na página 10.
- BRANDES, U. A faster algorithm for betweenness centrality*. *The Journal of Mathematical Sociology*, 2001. Routledge, v. 25, n. 2, p. 163–177, 2001. Citado na página 19.
- BRINKHOFF, T. *City Population - Population Statistics in Maps and Charts for Cities, Agglomerations and Administrative Divisions*. 2024. Accessed: 2024-02-06. Disponível em: <<https://www.citypopulation.de/>>. Citado na página 42.
- BROCKMANN, D.; HELBING, D. The hidden geometry of complex, network-driven contagion phenomena. *Science*, 2013. v. 342, n. 6164, p. 1337–1342, 2013. Citado na página 35.
- CAO, Q. et al. Mepognn: Metapopulation epidemic forecasting with graph neural networks. In: AMINI, M.-R. et al. (Ed.). *Machine Learning and Knowledge Discovery in Databases*. Cham: Springer Nature Switzerland, 2023. p. 453–468. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 34.
- CAVARARO, R. *Ligações rodoviárias e hidroviárias, 2016: redes e fluxos do território*. [S.l.]: IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2017. ISBN 9788524044175. Citado na página 10.

- China Data Lab. *Baidu Mobility Data*. [S.l.]: Harvard Dataverse, 2020. Citado 3 vezes nas páginas 10, 40 e 52.
- CITRON, D. T. et al. Comparing metapopulation dynamics of infectious diseases under different models of human movement. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021. v. 118, n. 18, p. e2007488118, 2021. Citado 2 vezes nas páginas 35 e 37.
- CONNOR, R. J.; MOSIMANN, J. E. Concepts of independence for proportions with a generalization of the dirichlet distribution. *Journal of the American Statistical Association*, 1969. [American Statistical Association, Taylor & Francis, Ltd.], v. 64, n. 325, p. 194–206, 1969. ISSN 01621459, 1537274X. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/2283728>><http://www.jstor.org/stable/2283728>. Citado na página 38.
- COSTA, G. F. software, *Simulation of epidemiological models in temporal mobility networks*. 2023. Disponível em: <<https://github.com/gabrielxcosta/Simulation-of-epidemiological-models-in-temporal-mobility-networks>>. Citado 2 vezes nas páginas 12 e 42.
- COSTA, G. X. *Computational Physics*. 2025. Acesso em: 14 jan. 2025. Disponível em: <<https://github.com/gabrielxcosta/Physics/tree/main/Computational%20Physics>>. Citado na página 24.
- CUCINOTTA, D.; VANELLI, M. Who declares covid-19 a pandemic. *Acta Biomedica*, 2020. Atenei Parmensis, v. 91, n. 1, p. 157–160, March 19 2020. ISSN 2531-6745. Disponível em: <<https://doi.org/10.23750/abm.v91i1.9397>>. Citado na página 44.
- DEMMELE, J. W. *Applied Numerical Linear Algebra*. [S.l.]: Society for Industrial and Applied Mathematics, 1997. Citado 2 vezes nas páginas 44 e 53.
- DIJKSTRA, E. W. A note on two problems in connexion with graphs. *Numerische Mathematik*, 1959. v. 1, n. 1, p. 269–271, 1959. ISSN 0945-3245. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/BF01386390>>. Citado na página 17.
- DONG, E.; DU, H.; GARDNER, L. An interactive web-based dashboard to track covid-19 in real time. *The Lancet Infectious Diseases*, 2020. Elsevier, v. 20, n. 5, p. 533–534, 2020. ISSN 1473-3099. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30120-1](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30120-1)>. Citado na página 44.
- DORMAND, J.; PRINCE, P. A family of embedded runge-kutta formulae. *Journal of Computational and Applied Mathematics*, 1980. v. 6, n. 1, p. 19–26, 1980. ISSN 0377-0427. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0771050X80900133>>. Citado 3 vezes nas páginas 26, 27 e 49.
- ERDÖS, P.; RÉNYI, A. On random graphs i. *Publicationes Mathematicae Debrecen*, 1959. v. 6, p. 290–297, 1959. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 16.
- EULER, L. Solutio problematis ad geometriam situs pertinentis. *Commentarii Academiae Scientiarum Imperialis Petropolitanae*, 1736. v. 8, p. 128–140, 1736. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 13.
- FREEMAN, L. C. A set of measures of centrality based on betweenness. *Sociometry*, 1977. [American Sociological Association, Sage Publications, Inc.], v. 40, n. 1, p. 35–41, 1977. ISSN 00380431, 23257938. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/3033543>><http://www.jstor.org/stable/3033543>. Citado na página 19.

FREITAS, V. L. S. et al. The effects of covid-19 on chinese commuting patterns in early 2020. In: SANTOS, L. B. L.; PEREIRA, M. de A. (Ed.). *GEOINFO*. [S.l.]: MCTIC/INPE, 2022. p. 317–322. Citado 2 vezes nas páginas 42 e 44.

GALLOTTI; BARTHELEMY. The multilayer temporal network of public transport in great britain. *Scientific Data*, 2015. Springer Science and Business Media LLC, v. 2, n. 1, jan 2015. Citado na página 10.

GAUTSCHI, W. *Numerical Analysis*. 2. ed. New York: Birkhäuser, 2012. ISBN 978-0-8176-8258-3. Disponível em: <<https://link.springer.com/book/10.1007/978-0-8176-8259-0>>. Citado 2 vezes nas páginas 21 e 24.

Getty Images. *Estação ferroviária de Xangai durante a corrida de transporte do Festival de Primavera de 2024*. 2024. Disponível em: <https://www.gettyimages.com.br/search/2/image?phrase=shanghai+railway+station>. Acesso em: 4 fev. 2025. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 41.

GLERIA, I.; MATSUSHITA, R.; SILVA, S. D. Sistemas complexos, criticalidade e leis de potência. *Revista Brasileira de Ensino de Física*, 2004. v. 26, n. 2, p. 1–14, 2004. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbef/a/T5LKgJHpdMJrXZnNsML5pRJ/?lang=pt>>. Citado na página 13.

GOVERNO DO ESTADO DE SÃO PAULO. *Pesquisa Origem e Destino: 50 anos*. [S.l.: s.n.], 2019. Citado na página 10.

HAGENAARS, T.; DONNELLY, C.; FERGUSON, N. Spatial heterogeneity and the persistence of infectious diseases. *Journal of Theoretical Biology*, 2004. v. 229, n. 3, p. 349–359, 2004. Citado na página 34.

HANSKI, I.; GAGGIOTTI, O. E. *Ecology, Genetics, and Evolution of Metapopulations*. [S.l.]: Burlington, 2004. Citado na página 34.

HARKO. Exact analytical solutions of the susceptible-infected-recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates. *Applied Mathematics and Computation*, 2014. Elsevier BV, v. 236, p. 184–194, jun 2014. Citado 2 vezes nas páginas 10 e 31.

HARRISON, S. Local extinction in a metapopulation context: an empirical evaluation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2008. v. 42, n. 1-2, p. 73–88, 01 2008. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 33.

HETHCOTE, H. W. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 2000. v. 42, n. 4, p. 599–653, 2000. Citado 2 vezes nas páginas 28 e 31.

HOLLAND, P. W.; LASKEY, K. B.; LEINHARDT, S. Stochastic blockmodels: First steps. *Social Networks*, 1983. v. 5, n. 2, p. 109–137, 1983. ISSN 0378-8733. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0378873383900217>>. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 19.

HOLME, P.; SARAMÄKI, J. Temporal networks. *Physics Reports*, 2012. v. 519, n. 3, p. 97–125, 2012. Temporal Networks. Citado na página 20.

IBGE. *CENSO 2022 - Tabela 4714 - População Residente, Área territorial e Densidade demográfica*. 2023. SIDRA - Sistema IBGE de Recuperação Automática. Consultado em 24 de janeiro de 2024. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br>>. Citado 2 vezes nas páginas 38 e 39.

Jl, P. et al. Signal propagation in complex networks. *Physics Reports*, 2023. v. 1017, p. 1–96, 2023. Signal propagation in complex networks. Citado na página 36.

KARSAI, M. et al. Small but slow world: How network topology and burstiness slow down spreading. *Physical Review E*, 2011. American Physical Society (APS), v. 83, n. 2, feb 2011. Citado na página 36.

KEELING, M. J.; EAMES, K. T. Networks and epidemic models. *Journal of The Royal Society Interface*, 2005. v. 2, n. 4, p. 295–307, 2005. Citado na página 36.

KEELING, M. J.; ROHANI, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2008. ISBN 9780691116174. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/j.ctvc4gk0>><http://www.jstor.org/stable/j.ctvc4gk0>. Citado na página 27.

KERMACK; McKENDRICK. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. R. Soc. Lond.*, 1927. 1927. Citado na página 10.

KIM, H.; ANDERSON, R. Temporal node centrality in complex networks. *Phys. Rev. E*, 2012. American Physical Society, v. 85, p. 026107, Feb 2012. Citado na página 10.

LAI, S. et al. Effect of non-pharmaceutical interventions to contain covid-19 in china. *Nature*, 2020. Nature Publishing Group, v. 585, n. 7825, p. 410–413, 2020. ISSN 1476-4687. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2293-x>>. Citado na página 44.

LAMOSA, J. D. et al. Topological indexes and community structure for urban mobility networks: Variations in a business day. *PLOS ONE*, 2021. Public Library of Science, v. 16, n. 3, p. 1–17, 03 2021. Citado na página 10.

LEVINS, R. Some demographic and genetic consequences of environmental heterogeneity for biological control. *Bulletin of the Entomological Society of America*, 1969. Entomological Society of America, v. 15, n. 3, p. 237–240, 1969. Citado 2 vezes nas páginas 27 e 32.

LI, Q. et al. Early transmission dynamics in wuhan, china, of novel coronavirus–infected pneumonia. *New England Journal of Medicine*, 2020. v. 382, n. 13, p. 1199–1207, 2020. Disponível em: <<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001316>>. Citado na página 44.

LIPSHTAT, A.; ALIM, R.; BEN-HORIN, Y. Commuting in metapopulation epidemic modeling. *Scientific Reports*, 2021. v. 11, n. 1, p. 15198, 2021. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41598-021-94672-w>>. Citado na página 10.

MACARTHUR, R. H.; WILSON, E. O. *The Theory of Island Biogeography*. Princeton, N.J.: Princeton University Press, 1967. 203 p. Citado na página 27.

MCCARTHY, N. *Chinese New Year: The World's Largest Human Migration Is About To Begin*. 2018. Accessed: 2025-01-17. Disponível em: <<https://www.forbes.com/sites/niallmccarthy/2018/02/14/chinese-new-year-the-worlds-largest-human-migration-is-about-to-begin-infographic/>>. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 42.

MORETIN, P. A.; BUSSAB, W. d. O. *Estatística básica /*. 9.ed.. ed. São Paulo:: Saraiva,, 2017. Citado na página 53.

NAOKI, M. J. C. M.; PETTER, H. Concurrency measures in the era of temporal network epidemiology: a review. *Journal of the Royal Society Interface*, 2021. The Royal Society, Feb 2021. Citado na página 10.

NEWMAN, M. *Networks*. 2nd. ed. [S.l.]: Oxford University Press, 2018. ISBN 9780198805090. Citado 3 vezes nas páginas 14, 16 e 18.

NOUHUYS, S. van. Metapopulation ecology. In: _____. *Encyclopedia of Life Sciences*. [S.l.]: John Wiley & Sons, Ltd, 2009. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 33.

PAGE, L. et al. *The PageRank Citation Ranking: Bringing Order to the Web*. [S.l.], 1999. Previous number = SIDL-WP-1999-0120. Disponível em: <<http://ilpubs.stanford.edu:8090/422-/>><http://ilpubs.stanford.edu:8090/422/>. Citado na página 19.

PANG, Z. et al. Spill-over effect of wuhan travel ban on population flow in the outbreak stage of covid-19 in china. *Cities*, 2022. v. 120, p. 103404, 2022. ISSN 0264-2751. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264275121003036>>. Citado na página 44.

POLETTI, C.; COLIZZA, V.; BOËLLE, P.-Y. Quantifying spatiotemporal heterogeneity of mers-cov transmission in the middle east region: A combined modelling approach. *Epidemics*, 2016. v. 15, p. 1–9, 2016. ISSN 1755-4365. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1755436515000961>>. Citado na página 37.

Prefeitura de Belo Horizonte. *Bases Geográficas da Legislação Urbanística*. 2018. Portal da Prefeitura de Belo Horizonte. Criado em 19 de fevereiro de 2018, atualizado em 8 de agosto de 2024, consultado em 17 de setembro de 2024. Disponível em: <<https://prefeitura.pbh.gov.br/politica-urbana/planejamento-urbano/base-de-dados>>. Citado na página 39.

SANO, H. H. *Modelagem e análise da robustez de redes aéreas temporais - Dissertação (Mestrado em Ciência da Computação)*. [S.l.]: Instituto de Ciência e Tecnologia, Universidade Federal de São Paulo. São José dos Campos, 2021. Citado na página 10.

SCHRIJVER, A. On the history of the shortest path problem. In: *Documenta Mathematica, Extra Volume: Optimization Stories*. Zürich, Switzerland: European Mathematical Society, 2012. p. 155–167. Disponível em: <<https://ems.press/books/dms/251/4930>>. Citado na página 17.

SIAUW, T.; KONG, Q.; BAYEN, A. *Python Programming and Numerical Methods: A Guide for Engineers and Scientists*. Elsevier, 2020. ISBN 978-0-12-819549-9. Disponível em: <<https://shop.elsevier.com/books/python-programming-and-numerical-methods/kong/978-0-12-819549-9>>. Citado 3 vezes nas páginas 7, 21 e 23.

STEWART, J. *Cálculo*. 7. ed. [S.l.]: Cengage Learning, 2012. Citado na página 25.

TAN, S. et al. Mobility in china, 2020: a tale of four phases. *National Science Review*, 2021. v. 8, n. 11, p. nwab148, 08 2021. ISSN 2095-5138. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/nsr/nwab148>>. Citado na página 44.

THORNTON, S. T.; MARION, J. B. *Classical Dynamics of Particles and Systems*. [S.l.]: Cengage Learning, 2014. ISBN 9788131518472. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 21.

TIAN, H. et al. An investigation of transmission control measures during the first 50 days of the covid-19 epidemic in china. *Science*, 2020. American Association for the Advancement of Science, v. 368, n. 6491, p. 638–642, May 2020. Disponível em: <<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb6105>>. Citado na página 41.

VESPIGNANI, A. et al. *Global Epidemic and Mobility Model*. 2023. Accessed: 2024-09-18. Disponível em: <<https://www.gleamproject.org>>. Citado na página 37.

WASSERMAN, S.; FAUST, K. *Social Network Analysis: Methods and Applications*. [S.l.]: Cambridge University Press, 1994. (Structural Analysis in the Social Sciences). Citado na página 19.

WONG, M. H. *The world's largest annual human migration is about to take place in China*. 2020. Accessed: 2025-02-06. Disponível em: <<https://edition.cnn.com/travel/article/chunyun-2020-lunar-new-year-travel-rush-china/index.html>>. Citado na página 41.