

MODELOS BASEADOS EM INDIVÍDUOS E REDES COMPLEXAS
NO CONTROLE DA BRUCELOSE BOVINA

Roniel Antonio de Araújo

Dissertação apresentada à Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” para a obtenção do título de Mestre em Biometria.

BOTUCATU
São Paulo - Brasil
Fevereiro de 2021

**MODELOS BASEADOS EM INDIVÍDUOS E REDES COMPLEXAS
NO CONTROLE DA BRUCELOSE BOVINA**

Roniel Antonio de Araújo

Orientadora: Prof^ª. Dr^ª. **Andriana S. L. O. Campanharo**

Coorientador: Prof. Dr. **Erivelton Geraldo Nepomuceno**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” para a obtenção do título de Mestre em Biometria.

BOTUCATU
São Paulo - Brasil
Fevereiro de 2021

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE-CRB 8/5651

Araujo, Roniel Antonio de.

Modelos baseados em indivíduos e redes complexas no controle da brucelose bovina / Roniel Antonio de Araujo. - Botucatu, 2021

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de Botucatu

Orientador: Andriana Susana Lopes de Oliveira
Campanharo

Coorientador: Erivelton Geraldo Nepomuceno
Capes: 90194000

1. Bovinos - Infecções. 2. Brucelose bovina. 3. Modelos matemáticos. 4. Biometria.

Palavras-chave: Brucelose bovina; Modelo baseado em indivíduos; Redes complexas.

ATA DA DEFESA PÚBLICA DA DISSERTAÇÃO DE MESTRADO DE RONIEL ANTONIO DE ARAÚJO, DISCENTE DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA, DO INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS - CÂMPUS DE BOTUCATU.

Aos 25 dias do mês de fevereiro do ano de 2021, às 13:30 horas, por meio de Videoconferência, realizou-se a defesa de DISSERTAÇÃO DE MESTRADO de RONIEL ANTONIO DE ARAÚJO, intitulada **Modelos Baseados em Indivíduos com Redes Complexas no Controle da Brucelose Bovina**. A Comissão Examinadora foi constituída pelos seguintes membros: Profa. Dra. ANDRIANA SUSANA LOPES DE OLIVEIRA CAMPANHARO (Orientador(a) - Participação Virtual) do(a) Departamento de Bioestatística / Instituto de Biociências de Botucatu - UNESP, Prof. Dr. MÁRCIO JÚNIOR LACERDA (Participação Virtual) do(a) Departamento de Engenharia Elétrica / Universidade Federal de São João Del-Rei, Prof. Dr. FERNANDO MANUEL RAMOS (Participação Virtual) do(a) Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais / INPE. Após a exposição pelo mestrando e arguição pelos membros da Comissão Examinadora que participaram do ato, de forma presencial e/ou virtual, o discente recebeu o conceito final: Aprovado_____. Nada mais havendo, foi lavrada a presente ata, que após lida e aprovada, foi assinada pelo(a) Presidente(a) da Comissão Examinadora.



Profa. Dra. ANDRIANA SUSANA LOPES DE OLIVEIRA CAMPANHARO

“Apesar dos nossos defeitos, precisamos enxergar que somos pérolas únicas no teatro da vida e entender que não existem pessoas de sucesso e pessoas fracassadas. O que existem são pessoas que lutam pelos seus sonhos ou desistem deles.”

Augusto Cury

Dedicatória

Dedico esse trabalho aos meus pais Roman e Marlene, a minha namorada Janielly, por todo amor, carinho, suporte e compreensão em todos esses anos e, dedico também, a toda minha família, que de alguma forma, colaborou para que esse trabalho fosse concluído.

Agradecimentos

Primeiramente quero agradecer à Deus por me amparar nos momentos difíceis que passei nessa caminhada, por dar-me forças para superar as dificuldades e mostrar-me que eu sou capaz e que estou no caminho certo.

Agradeço, de maneira especial, as pessoas que são minha base de vida, que são meus pais Ronan e Marlene, que mesmo de longe, eu sei que me apoiam e torcem para meu sucesso, não medindo esforços para me ajudar no que for preciso.

A minha orientadora Profa. Dra. Andriana Susana L. O. Campanharo e ao Prof. Dr. Erivelton G. Nepomuceno pela amizade, motivação, auxílio, dedicação e confiança ao longo desse trajeto.

À minha namorada, Janielly, pelo amor, carinho, amizade, conselhos, paciência, companhia em todos os momentos, sendo eles difíceis ou fáceis e por sempre me motivar e acreditar em mim.

A todos os meus amigos que fiz no Programa de Pós-Graduação em Biometria, em particular, Eduardo Ribeiro, Felipe Camargo, Lucas Ragiotto, Gustavo Tomanik, Lara Morena pelos excelentes momentos que compartilhamos, as grandes ajudas, risadas e por nossas amizades.

À banca examinadora deste trabalho, Prof. Dr. Fernando Ramos e Prof. Dr. Márcio Lacerda, pelas sugestões e comentários relevantes, visando o aprimoramento deste trabalho.

Aos funcionários exemplares Júnior, Arthur, Luiz que sempre estão à disposição para nos ajudar.

À todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Biometria pela oportunidade de convívio e pelos ensinamentos.

Agradeço o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Sumário

	Página
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	x
RESUMO	xi
ABSTRACT	xiii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REDES COMPLEXAS	4
2.1 Aspectos Históricos	5
2.2 Definição	6
2.3 Caracterizadores Topológicos	8
2.3.1 Grau de Conectividade	8
2.3.2 Coeficiente de Agrupamento	10
2.3.3 Comprimento do Menor Caminho	11
2.3.4 Comprimento do Salto Médio	13
2.4 Modelos de Redes Complexas	14
2.4.1 Modelo de Rede Regular	15
2.4.2 Modelo de Erdős & Rényi	16
2.4.3 Modelo de Watts & Strogatz	18
2.4.4 Modelo de Barabási & Albert	21
3 MODELAGEM DA BRUCELOSE BOVINA	26

	vii
3.1 Modelo Baseado em Indivíduos	28
3.1.1 Premissas Epidemiológicas	28
3.1.2 Formulação Matemática	31
3.1.3 Algoritmo do MBI	34
3.1.4 Simulações do MBI	34
4 MBI COM REDES COMPLEXAS	42
4.0.1 Algoritmo do MBI com Redes Complexas	42
4.0.2 Simulações do MBI com as Redes Complexas	43
5 CONCLUSÕES	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	55
APÊNDICES	61

Lista de Figuras

	Página
1 Rede de Amizades no Facebook, gerada por dados de 7 usuários diferentes. Fonte: blog.wesleycota.com	4
2 Representação esquemática das sete pontes de Königsberg e sua simplificação em forma de grafos.	6
3 Ilustração de redes com diferentes topologias.	7
4 Rede não-direcionada e direcionada com suas respectivas matrizes de adjacência.	8
5 Matriz de menores distâncias da rede representada na Figura 4(a).	12
6 Ilustração de uma rede com quatro vértices, direcionada e ponderada (com pesos).	14
7 Ilustração de uma rede regular de vizinhos mais próximos.	15
8 Ilustração esquemático modelo de Erdős & Rényi.	17
9 Ilustração do processo de transição de uma rede regular para uma rede aleatória, baseado em diferentes probabilidades.	20
10 Ilustração de uma rede do tipo livre de escala, gerada com 20 vértices, $N_0 = 2$ e $m = 1$	24
11 Ilustração do crescimento de uma rede de Barabási-Albert para $N_0 = 3$ e $m = 1$. Fonte: Brito (2012).	24
12 Diagrama de compartimentos, ilustrando a dinâmica da brucelose em uma população de fêmeas bovinas. Fonte: Adaptado de Amaku et al. (2009).	26
13 Fluxograma do MBI sem Redes para brucelose bovina.	35
14 Simulação do MBI sem redes para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 5 %.	36

15	Simulação do MBI sem redes para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 25 %.	37
16	Simulação do MBI sem redes para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 50 %.	38
17	Simulação do MBI sem redes para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 95 %.	39
18	Comparação das curvas de indivíduos infectados em dois tipos de estado: indivíduo infectado primíparo e indivíduo infectado múltiparo.	40
19	Fluxograma do MBI com Redes para brucelose bovina.	44
20	Comparação do MBI com Rede Aleatória (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta).	45
21	Comparação do MBI com Rede <i>Small World</i> (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta).	46
22	Comparação do MBI com Rede <i>Scale-Free</i> (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta).	47
23	Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente.	48
24	Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente.	49
25	Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente.	50
26	Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente.	51

Lista de Tabelas

	Página
1	Valores de k_i , $(A^3)_{ii}$ e C_i para cada um dos vértices da rede da Figura 4(a). 11
2	Descrição dos parâmetros usados no sistema de equações (22), segundo Amaku et al. (2009). 28
3	Transições em um MBI para brucelose bovina no tempo $t = t_0$ 33
4	Transições em um MBI para brucelose bovina no tempo $t = t_0 + \Delta t$. . . 33

MODELOS BASEADOS EM INDIVÍDUOS E REDES COMPLEXAS NO CONTROLE DA BRUCELOSE BOVINA

Autor: RONIEL ANTONIO DE ARAÚJO

Orientadora: Prof^ª. Dr^ª. ANDRIANA S. L. O. CAMPANHARO

Coorientador: Prof. Dr. ERIVELTON GERALDO NEPOMUCENO

RESUMO

As doenças infecciosas são responsáveis pelo maior número de mortes na população humana e animal. A brucelose, por exemplo, é a doença zoonótica mais comum em todo o mundo, dificultando gravemente a produtividade do gado e a saúde humana. Pelo seu grande potencial de perda econômica, a brucelose é especialmente preocupante em locais com importantes atividades agropecuárias. Diante desse cenário, métodos que possam auxiliar na prevenção e evitar a propagação da brucelose em bovinos, tornam-se cada vez mais necessários. Os modelos matemáticos vêm mostrando ser uma ferramenta muito útil na busca de estratégias de controle para essa doença infecciosa. Estratégias de modelagem, como Modelos Baseados em Indivíduos (MBI's) e estudos em Redes Complexas, têm sido crescentemente empregados na modelagem de processos infecciosos. Desse modo, esse trabalho buscou associar essas duas ferramentas matemáticas, MBI e Redes Complexas, de tal forma que no MBI proposto, fossem incorporados modelos de redes de contato mais realísticos para entender como ocorre a evolução da brucelose

em bovinos, visto que no MBI, as interações entre os indivíduos eram representadas por grafos completos, ou seja, todos estavam conectados entre si, situação que não ocorre na natureza. Dessa forma, foi implementado um MBI com os modelos de Redes Complexas e foram feitas simulações, afim de comparação entre as soluções produzidas pelos modelos de redes e o MBI, onde observou-se que tais modelos tinham comportamentos semelhantes ao MBI, e que ainda, a evolução da Brucelose é, de certa forma, sensível à topologia de rede utilizada.

Palavras-chave: Modelo baseado em indivíduos, Redes complexas, Brucelose bovina.

INDIVIDUAL - BASED MODELS AND COMPLEX NETWORKS IN THE CONTROL OF BOVINE BRUCELLOSIS

Author: RONIEL ANTONIO DE ARAÚJO

Adviser: Prof^a. Dr^a. ANDRIANA S. L. O. CAMPANHARO

Co-adviser: Prof. Dr. ERIVELTON GERALDO NEPOMUCENO

ABSTRACT

Infectious diseases are responsible for the highest number of deaths in the human and animal population. Brucellosis, for example, is the most common zoonotic disease worldwide, severely hindering livestock productivity and human health. Due to its great potential for economic loss, brucellosis is especially worrying in places with important agricultural activities. In view of this scenario, methods that can help prevent and avoid the spread of brucellosis in cattle are becoming increasingly necessary. The mathematical models have been shown to be a very useful tool in the search for control strategies for this infectious disease. Modeling strategies such as Individual-Based Models (IBM's) and Complex Network studies have been increasingly employed in modeling infectious processes. Thus, this work sought to associate these two mathematical tools, IBM and Complex Networks, in such a way that in the proposed IBM, more realistic network models were incorporated to understand how the evolution of brucellosis in cattle occurs, since the IBM, the

interactions between individuals were represented by complete graphs, that is, all were connected to each other, a situation that did not occur in nature. Thus, an IBM was implemented with the Complex Network models and simulations were performed to compare the solutions produced by the network models with the IBM, where it was observed that such models had similar behaviors to the IBM, and that still, the evolution of Brucellosis is, in a way, sensitive to the network topology used.

Keyword: Individual-Based Models, Complex Networks, Bovine Brucellosis.

1 INTRODUÇÃO

Na história da humanidade, as doenças infecciosas são a causa maior do número de mortes na população humana e animal. Representam ainda importantes problemas médicos em todo o mundo por sua alta frequência e gravidade dos quadros que podem apresentar (Ribeiro, 2017). Entende-se por doença infecciosa, ou doença transmissível, aquela causada por um agente biológico (por exemplo, vírus ou bactéria). Além do grande prejuízo em vidas humanas, as doenças infecciosas também atacam animais de valor econômico, podendo causar desde a redução de sua produtividade até sua mortalidade. Doenças infecciosas, em seus nomes populares *vaca louca*, *gripe aviária*, são exemplos de epidemias que geraram grandes prejuízos econômicos ao longo das décadas (Almeida, 2011). Recentemente, no final de 2019, uma nova versão de um vírus infeccioso é descoberto, chamado de Covid-19, um exemplo de doença infecciosa emergente que está gerando grandes problemas para a população mundial.

A brucelose é a doença zoonótica mais comum em todo o mundo, dificultando gravemente a produtividade do gado e a saúde humana (Corbel, 1997); (Pappas et al., 2006); (Ariza et al., 2007); (Franc et al., 2018). Mesmo que colocando a saúde humana em risco, a brucelose é uma doença que se manifesta, sobretudo em animais, causada por uma bactéria denominada *Brucella abortus*. Os bovinos são os hospedeiros naturais dessa bactéria, ocasionando frequentemente aborto em fêmeas e a inflamação do testículos (orquite) em machos (Amaku et al., 2009). Os sinais clínicos mais importantes nos bovinos são os abortos no terço final da gestação e o nascimento de bezerros fracos (Acha & Szyfres, 2003), desencadeando um aumento do intervalo entre partos, morte de bezerros, baixos índices reprodutivos, diminuição da produção de leite e carne e, conseqüentemente, importantes perdas econômicas

(Paulin & Ferreira Neto, 2002).

Pelo potencial de perda econômica, a brucelose é especialmente preocupante em locais com importantes atividades agropecuárias, como em países da América Central e do Sul. Segundo Monteiro (2004), no Brasil a brucelose bovina é endêmica, com prevalência mais elevadas em regiões com maior densidade de bovinos.

Diante desse cenário, métodos que possam auxiliar na prevenção e evitar a propagação da brucelose em bovinos tornam-se cada vez mais necessários. Em particular, os modelos matemáticos podem servir como ferramentas muito úteis na busca de estratégias de controle para essa doença infecciosa, podendo assim, por exemplo, entender sobre o impacto epidemiológico de uma vacina em um rebanho, buscando identificar a melhor forma de diminuir a prevalência da doença ou até mesmo erradicá-la. Em suma, a modelagem matemática tem o potencial de analisar os mecanismos de transmissão e a complexidade das características epidemiológicas das doenças infecciosas e pode indicar novas abordagens para prevenir e controlar futuras epidemias (Heesterbeek et al., 2015); (Li et al., 2017).

Algumas estratégias de modelagem da brucelose têm sido propostas na literatura através de uma abordagem compartimental por meio de equações diferenciais ordinárias (Abatih et al., 2015); (de Souza et al., 2016); (Tumwiine & Robert, 2017); (Nyerere et al., 2019); (Li et al., 2019), modelo baseado em agentes (Havas et al., 2014), modelo baseado em indivíduos (Silva, 2007); (Nepomuceno et al., 2018); (Lambert et al., 2020) e por meio da teoria de redes complexas (Roy et al., 2011); (Cipullo et al., 2016); (Savini et al., 2017); (Darbon et al., 2018).

Estudos recentes têm mostrado que as redes complexas constituem um suporte natural para o estudo da propagação de doenças infecciosas em humanos e animais (Newman, 2002); (Liljeros et al., 2001); (Kuperman & Abramson, 2001); (Sundaresan et al., 2007); (Lusseau et al., 2003). As redes complexas estão presentes em muitos aspectos do nosso dia a dia e podem ser expressas por grafos, que segundo Newman (2010), são conjuntos de vértices (nós), arestas (conexões, ligações ou links) e algum tipo de interação entre os indivíduos. Aplicando-se o conceito de redes na modelagem de uma doença infecciosa, Liljeros et al. (2001), Barabási (2009)

e Almeida (2011) afirmam que cada nó da rede constitui um indivíduo e suas arestas representam contatos entre os mesmos.

Os Modelos Baseados em Indivíduos (MBI's) e a teoria de redes complexas têm sido crescentemente empregados na modelagem de processos infecciosos (Newman, 2003); (Almeida, 2011); (Alvarenga, 2008). Um modelo MBI consiste de uma estrutura na qual ocorrem os relacionamentos entre um certo número de indivíduos, cujo comportamento é determinado por um conjunto de características (Nepomuceno, 2005). A ideia principal de um modelo MBI é tratar o indivíduo como uma unidade básica, sendo a população o nome dado ao conjunto de entidades discretas (indivíduos) da qual é composta. Sua ênfase é na interação entre os indivíduos, cujas características evoluem estocasticamente no tempo.

Uma das primeiras tentativas de descrever a dinâmica da brucelose em rebanhos bovinos usando MBI pode ser vista em Silva (2007). No entanto, existem outros trabalhos que usam MBI para modelar a brucelose (Yamamoto et al., 2008); (Treanor et al., 2010); (Nepomuceno et al., 2018), porém esses trabalhos não consideram especificamente o uso das redes complexas em conjunto com o MBI. Então, dado o estado da arte do modelo a ser estudado nesse trabalho, existe uma certa limitação ao uso apenas do MBI, que parte da hipótese de que os indivíduos estão totalmente conectados, interagindo entre si a todo momento, uma situação na qual não se observa em um rebanho dividido em grupos dentro de uma determinada fazenda, por exemplo. Sendo assim, a proposta deste trabalho, busca “quebrar” essa estrutura de homogeneidade que o MBI tem trabalhado, que parte dos modelos SIR (Alvarenga, 2008), trabalhando em diferentes topologias de redes complexas, para ampliar essa estrutura e tentar compensar essa deficiência do MBI.

2 REDES COMPLEXAS

Redes estão presentes em quase todos os aspectos de nossas vidas, sejam eles: tecnológicos, sociais (Figura 1), biológicos ou até mesmo econômicos (Brito, 2012).

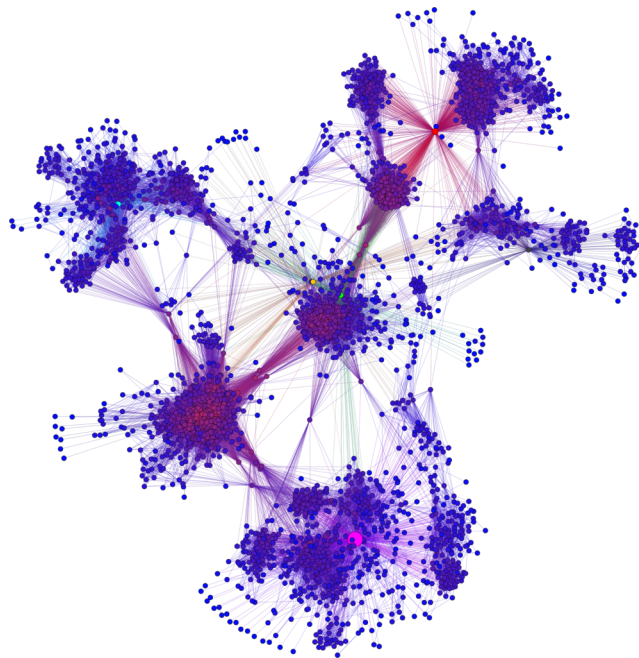


Figura 1: Rede de Amizades no Facebook, gerada por dados de 7 usuários diferentes.
Fonte: blog.wesleycota.com

Devido a generalidade e o caráter multidisciplinar, a teoria de redes complexas passou a ser muito utilizada nas mais diversas áreas de pesquisa, como: física, química, matemática, biologia, medicina, sociologia, computação, engenharia e astronomia (Rodrigues, 2007). Neste capítulo é apresentado um breve estudo de redes complexas, abordando a definição de uma rede complexa, seus aspectos históricos, algumas de suas propriedades topológicas e os principais modelos de redes vistos na literatura.

2.1 Aspectos Históricos

A fundamentação matemática do estudo de redes está relacionada diretamente com a Teoria dos Grafos. Essa teoria foi introduzida pelo matemático Leonhard Euler no ano de 1736, na resolução do famoso problema das Sete Pontes de *Königsberg* (Antiga Prússia no século XVII, atual Kaliningrado, Rússia) (Rodrigues, 2007). Naquela época, o rio Pregel cortava a cidade de tal forma que ela se dividia em duas ilhas. Devido à dificuldade de transporte de cargas e pessoas através de barcos, sete pontes foram construídas entre as ilhas e suas margens. O problema clássico das pontes de *Königsberg* consistia em responder à seguinte questão: existe algum caminho pelo qual seja possível atravessar todas as sete pontes e retornar ao ponto de partida sem passar pela mesma ponte mais de uma vez? (Brito, 2012). Foi então que, em 1736, Leonhard Euler provou que não existia tal caminho, sendo a única maneira de satisfazer tal condição, somente se o número de regiões de terra (vértices) tivessem um número par de pontes (arestas) que as interligassem, ou que apenas duas regiões de terra tivessem um número ímpar de pontes. Para provar, ele modelou o problema das sete pontes como um grafo, transformando caminhos em arestas e suas intersecções em vértices (ver Figura 2).

Esse acontecimento, foi um dos precursores para que a teoria de redes complexas se generalizasse e tornasse de caráter multidisciplinar, sendo utilizada nas mais diversas áreas de pesquisa. Na área de computação, por exemplo, a teoria de redes complexas oferece suporte para o estudo da Internet, Teia Mundial e de aspectos de engenharia de *software*, assim como na biologia, em que a modelagem de interações entre os componentes celulares utilizando a teoria das redes complexas ajudou no desenvolvimento das pesquisas em biologia de sistemas (Rodrigues, 2007).

Com esses exemplos, pode-se observar que a teoria de redes complexas vêm oferecendo suporte para caracterização, análise e modelagem dos mais diversos tipos de sistemas complexos, tendo a computação como a responsável pelas ferramentas utilizadas na modelagem e simulação desses sistemas.

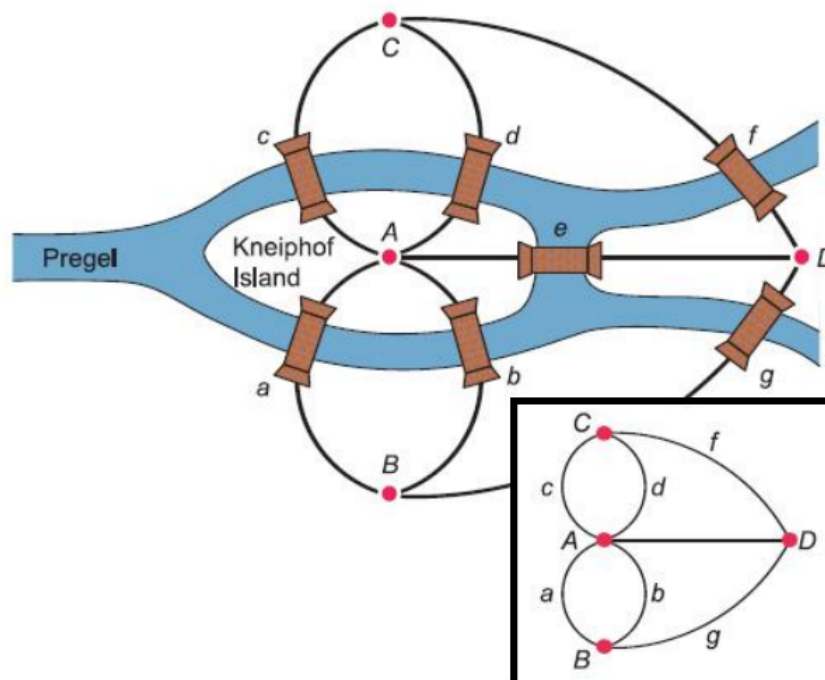
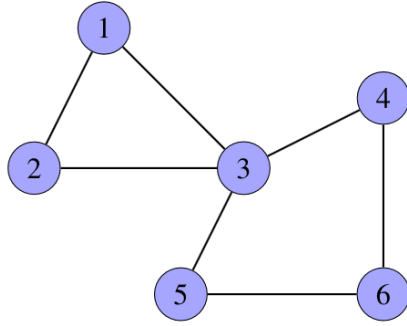


Figura 2: Representação esquemática das sete pontes de Königsberg e sua simplificação em forma de grafos. Cada porção de terra é um vértice e cada aresta é uma ponte. Fonte: (Brito, 2012).

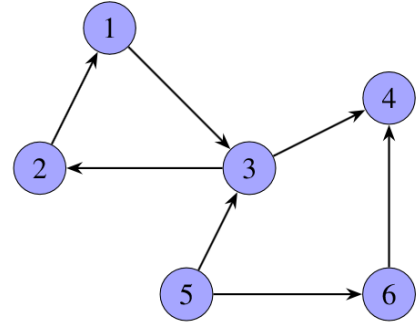
2.2 Definição

Matematicamente, uma rede $g = (\mathcal{N}, \mathcal{L})$ é formada por um conjunto de N vértices, $\mathcal{N} = \{n_1, n_2, \dots, n_N\}$ e um conjunto de M arestas, $\mathcal{L} = \{l_1, l_2, \dots, l_M\}$. As arestas presentes podem ser direcionadas - quando o sentido da ligação é considerado, e não-direcionadas - quando o sentido da ligação não é considerado. Se as arestas possuem intensidade, a cada aresta é associado um peso, e neste caso, a rede é representada por $g = (\mathcal{N}, \mathcal{L}, \mathcal{W})$, onde $\mathcal{W} = \{w_1, w_2, \dots, w_M\}$ constitui um conjunto de pesos das M arestas (Newman, 2010).

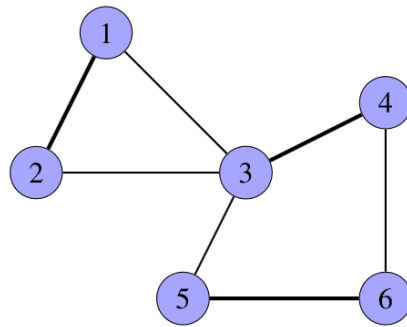
Em termos computacionais, uma rede complexa pode ser armazenada em uma estrutura de dados denominada *matriz de adjacência* (Figura 4). Se dois vértices n_i e n_j estiverem conectados, a posição a_{ij} da matriz de adjacência A será igual a um, caso contrário, será igual a zero. Em uma rede não-direcionada, tem-se que $a_{ij} = a_{ji}$ para $i = 1, 2, 3, \dots, N$ e $j = 1, 2, 3, \dots, N$, nesse caso, dizemos que a matriz



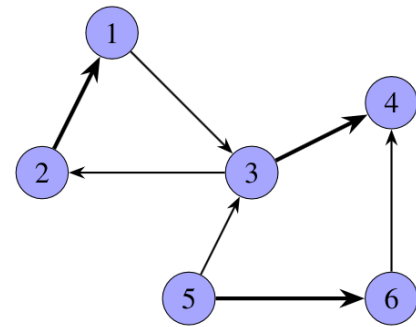
(a) Rede sem peso e sem direção.



(b) Rede sem peso e com direção.



(c) Rede com peso e sem direção.



(d) Rede com peso e com direção.

Figura 3: Ilustração de redes com diferentes topologias. As redes direcionadas possuem arestas com setas indicando a direção da conexão e as redes ponderadas (com pesos) possuem a intensidade de cada aresta representada pela espessura da mesma.

de adjacência A é simétrica (Figura 4(a)). Para o caso de uma rede direcionada, as linhas da matriz de adjacência A representam as ligações que partem do vértice n_i para o vértice n_j , e as colunas de A representam as ligações que chegam do vértice n_j para o vértice n_i (Figura 4(b)). Se a rede não possuir autoconexões, então os elementos da diagonal principal da matriz de adjacência A assumem o valor zero para todos os a_{ii} , com $i = 1, 2, 3, \dots, N$. Em uma rede com peso, a posição w_{ij} da matriz de adjacência W será igual ao peso da aresta entre n_i e n_j .

As redes complexas podem ser *estáticas*, quando não há variação do número de vértices, arestas ou na configuração das mesmas; ou *dinâmicas*, quando há a variação de pelo menos uma destas componentes. O tipo mais comum de rede é

aquele cujas arestas são direcionadas e com peso (Costa et al., 2007).

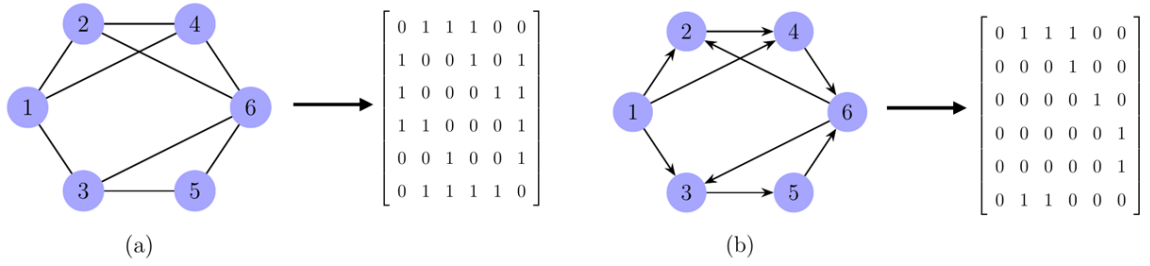


Figura 4: (a) Rede não-direcionada e sua respectiva matriz de adjacência (simétrica). (b) Rede direcionada e sua matriz de adjacência (não-simétrica).

2.3 Caracterizadores Topológicos

As pesquisas em redes complexas iniciaram-se com o esforço em definir medidas informativas (métricas) com a finalidade de analisar, caracterizar e diferenciar uma rede complexa. Os resultados principais dessas pesquisas, acarretaram na identificação de uma série de propriedades estatísticas comuns para grande parte das redes reais consideradas (Albert & Barabási, 2002; Newman, 2003), cujo as mesmas ficaram conhecidas como caracterizadores topológicos de uma rede. Nessa seção, serão apresentados alguns desses caracterizadores, são eles: Grau de Conectividade, Coeficiente de Agrupamento, Comprimento do Menor Caminho e Comprimento do Salto Médio.

2.3.1 Grau de Conectividade

O grau de conectividade k_i de um vértice n_i é obtido pelo número de arestas incidentes desse vértice em outros vértices. Para uma rede não-direcionada, podemos obter o grau de conectividade da mesma, através da seguinte equação:

$$k_i = \sum_{j=1}^N a_{ij} = \sum_{j=1}^N a_{ji} \quad (1)$$

onde a_{ij} , com $i = 1, 2, 3, \dots, N$ e $j = 1, 2, 3, \dots, N$, são elementos da matriz de adjacência A associada. Nota-se que, para uma rede não-direcionada, os dois so-

matórios resultam no mesmo valor de k_i , visto que A , para esse caso, é uma matriz de adjacência simétrica.

Para um rede direcionada, há dois tipos de graus de conectividade: o grau de conectividade de entrada, expresso por k_i^{in} , obtido pela quantidade de arestas que chegam ao vértice n_i pelo vértice n_j , e o grau de conectividade de saída, expresso por k_i^{out} , que é obtido pelo número de arestas que partem do vértice n_i para o vértice n_j . Para obter esses valores, são dadas as seguintes equações:

$$k_i^{in} = \sum_{j=1}^N a_{ji} \quad (2)$$

$$k_i^{out} = \sum_{j=1}^N a_{ij} \quad (3)$$

$$k_i = k_i^{in} + k_i^{out} \quad (4)$$

com $i \neq j$.

A partir do grau de conectividade é possível calcular a respectiva medida global, chamada grau de conectividade médio da rede, expresso por $\langle k \rangle$. Esse caracterizador é obtido pela média aritmética dos graus de conectividade sobre todos os vértices da rede. Matematicamente, tem-se que:

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i \quad (5)$$

Como exemplo, podemos calcular o grau de conectividade médio da Figura 4(a), onde é ilustrado uma rede não-direcionada e sem pesos.

$$\langle k \rangle = \frac{1}{6}(3 + 3 + 3 + 3 + 2 + 4) = \frac{18}{6} = 3. \quad (6)$$

Para uma rede direcionada e sem pesos, o cálculo realizado para obter o grau de conectividade médio é semelhante ao cálculo feito em (6), porém nesse caso devemos levar em consideração o grau de conectividade de entrada (k_i^{in}) e o grau de conectividade de saída (k_i^{out}) de cada vértice i .

2.3.2 Coeficiente de Agrupamento

O coeficiente de agrupamento, também chamado de transitividade, é o caracterizador topológico que representa uma alta ocorrência de subgrafos formados por três vértices totalmente conectados (Rodrigues, 2007). Essa propriedade é bem típica de redes de conhecimento, onde dois indivíduos com um amigo em comum são também conhecidos um do outro (Wasserman et al., 1994).

Dada uma rede g , não-direcionada e sem peso, suponha que um vértice n_i tenha k_i vizinhos, logo podem existir $k_i(k_i - 1)/2$ arestas entre tais vizinhos, porém isto ocorre quando todos os vizinhos de n_i estão conectados entre si. A razão entre o número E_i de arestas existentes pelo número total de arestas possíveis fornece o valor do coeficiente de agrupamento, expresso por C_i , do vértice n_i , dado por:

$$C_i = \frac{2E_i}{k_i(k_i - 1)} = \frac{(A^3)_{ii}}{k_i(k_i - 1)}, \quad (7)$$

onde A é a matriz de adjacência associada e $(A^3)_{ii}$ é o i -ésimo elemento da diagonal principal de $A^3 = A \cdot A \cdot A$. Por definição, quando $k_i = 0$ ou $k_i = 1$, $C_i = 0$. Para o cálculo do coeficiente de agrupamento médio, realiza-se uma média aritmética de todos os C_i com $i = 1, 2, 3, \dots, N$. Assim, temos:

$$\langle C \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i. \quad (8)$$

Segundo Fagiolo (2007), considerando-se uma rede ponderada e direcionada, o coeficiente de agrupamento C_i pode ser calculado através da seguinte expressão :

$$C_i = \frac{[W^{\frac{1}{3}} + (W^T)^{\frac{1}{3}}]_{ii}^3}{2[k_i^{total}(k_i^{total} - 1) - 2k_i^{\leftrightarrow}]}, \quad (9)$$

onde W^T é a matriz transposta da matriz de adjacência de peso W , k_i^{total} é o grau de conectividade total, expresso pela Equação (4) e k_i^{\leftrightarrow} é o grau de conectividade bilateral, dado por $k_i^{\leftrightarrow} = (A^2)_{ii}$.

Para exemplificar como é calculado o coeficiente de agrupamento, de acordo com as equações acima, considere novamente a Figura 4(a). Como esse exemplo se refere a um grafo não-direcionado e sem pesos, será utilizado a Equação (7).

Tabela 1: Valores de k_i , $(A^3)_{ii}$ e C_i para cada um dos vértices da rede da Figura 4(a).

Vértice	k_i	$(A^3)_{ii}$	C_i
1	3	2	$\frac{1}{3}$
2	3	4	$\frac{2}{3}$
3	3	2	$\frac{1}{3}$
4	3	4	$\frac{2}{3}$
5	2	2	1
6	4	4	$\frac{1}{3}$

Com base no valores da Tabela 1 e de acordo com a Equação (8), pode-se calcular o coeficiente de agrupamento médio, dado por:

$$\langle C \rangle = \frac{1}{6} \left(\frac{1}{3} + \frac{2}{3} + \frac{1}{3} + \frac{2}{3} + 1 + \frac{1}{3} \right) \approx 0,56 \quad (10)$$

Uma observação que pode ser feita quanto aos resultados obtidos para coeficiente de agrupamento é que, quanto mais próximo de 1, indica que todos os vizinhos de um determinado vértice estão conectados com todos os outros vértices da vizinhança, ou seja, a rede ficará mais próxima de ser um grafo completo.

2.3.3 Comprimento do Menor Caminho

O comprimento de menor caminho entre dois vértices n_i e n_j é dado pela extensão de todos os caminhos que conectam estes vértices cujos comprimentos são mínimos. Em uma rede não ponderada, o comprimento do menor caminho é o caminho com o menor número de arestas possíveis.

Segundo Costa et al. (2007), os menores caminhos entre todos os vértices em uma rede podem ser representados através de uma matriz de distâncias D , cujos os elementos d_{ij} representam o valor do menor caminho entre os vértices n_i e n_j .

A maior distância entre dois vértices n_i e n_j é denominada de *diâmetro da rede*, expresso por $d_{max} = \max_{ij} \{d_{ij}\}$ (Costa et al., 2007). Fazendo a média entre os

elementos não-nulos da matriz de distância D , podemos exprimir o menor caminho médio da rede $\langle L \rangle$, calculado pela seguinte equação:

$$\langle L \rangle = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N d_{ij}. \quad (11)$$

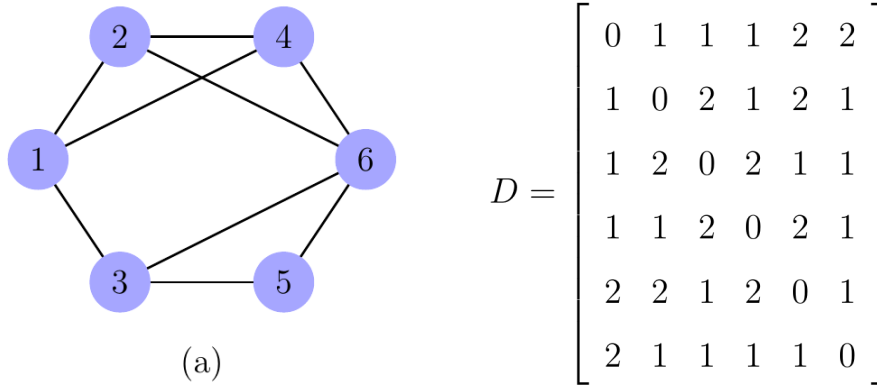


Figura 5: Matriz de menores distâncias da rede representada na Figura 4(a).

Baseado na Equação (11), o comprimento médio do menor caminho da rede acima é dado por:

$$\langle L \rangle = \frac{1}{6(6-1)} (1 + 1 + 1 + 2 + \dots + 2 + 1 + 1 + 1 + 1) = 1,4. \quad (12)$$

Para obter o valor de $\langle L \rangle$, foi utilizado o algoritmo de Floyd-Warshall (Apêndice A)(Floyd, 1962), pelo fato de ser um algoritmo de fácil implementação e complexidade de ordem cúbica (N^3). Porém, há outros métodos numéricos que também calculam o menor caminho entre dois vértices qualquer de uma rede complexa, tais como, os algoritmos de Dijkstra e Bellman-Ford.

Por outro lado, um problema que pode ocorrer na definição do menor caminho médio é que se há vértices desconectados, o valor de $\langle L \rangle$ diverge. Como uma forma de evitar tal problema, Latora & Marchiori (2001) propuseram uma medida chamada *eficiência global*, cujo o cálculo é feito utilizando a seguinte equação:

$$E_{global} = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \frac{1}{d_{ij}}. \quad (13)$$

O correspondente da eficiência global é a *média harmônica do menor caminho* (Rodrigues, 2007), expressa pela equação:

$$h = \frac{1}{E_{global}}. \quad (14)$$

A média harmônica do menor caminho é considerada uma medida mais apropriada para redes que possuem componentes desconectados, pois esta medida evita o problema da divergência que ocorre na Equação (13) (Rodrigues, 2007).

2.3.4 Comprimento do Salto Médio

Considerando uma rede ponderada e direcionada, através da matriz de adjacência com pesos W associada, pode-se obter a matriz de transição de Markov P , de tal forma que $\sum_j p_{ij} = 1$, onde cada elemento $p_{ij} = w_{ij} / \sum_j w_{ij}$ representa a probabilidade de transição de um vértice n_i para o vértice n_j . Sendo assim, é possível realizar um caminho aleatório sobre a rede e estimar o comprimento do salto médio, dado por:

$$\Delta = \frac{1}{S} \sum_{s=1}^S \delta_s(i,j), \quad (15)$$

onde, $s = S$ são os saltos de comprimento $\delta_s(i,j) = |i - j|$, onde $i, j = 1, 2, 3, \dots, N$ (Campanharo & Ramos, 2016).

Outra forma de calcular o comprimento do salto médio é utilizando a seguinte expressão:

$$\Delta = \frac{1}{N} \text{tr}(GP^T), \quad (16)$$

onde G é a matriz de ordem $N \times N$ com elementos $g_{ij} = |i - j|$, P^T é a matriz de transição de Markov transposta e tr é o traço da matriz resultante do produto de G por P^T . A Figura 6 ilustra uma rede com pesos e direção. Para o cálculo do comprimento do salto médio, foram obtidas as matrizes W , G e P^T associadas a essa rede, que são dadas por:

$$W = \begin{bmatrix} 0 & 2 & 0 & 3 \\ 2 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 3 & 0 & 2 & 0 \end{bmatrix} \quad G = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 & 3 \\ 1 & 0 & 1 & 2 \\ 2 & 1 & 0 & 1 \\ 3 & 2 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad P^T = \begin{bmatrix} 0.00 & 0.67 & 1.00 & 0.60 \\ 0.40 & 0.00 & 0.00 & 0.00 \\ 0.00 & 0.33 & 0.00 & 0.40 \\ 0.60 & 0.00 & 0.00 & 0.00 \end{bmatrix}$$

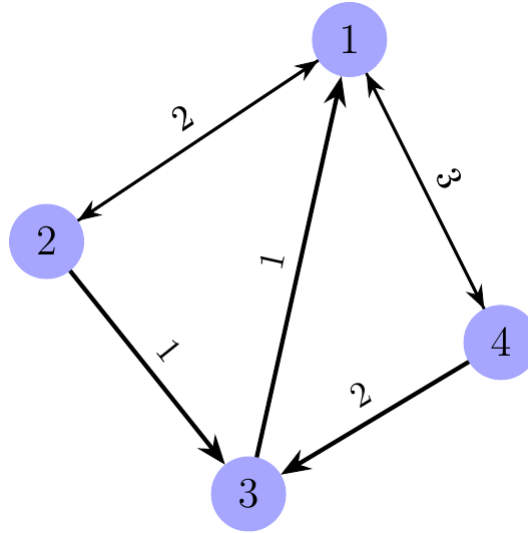


Figura 6: Ilustração de uma rede com quatro vértices, direcionada e ponderada (com pesos).

Com as informações obtidas nas matrizes acima e utilizando a Equação (16), o comprimento do salto médio da rede é dado por $\Delta = 1,85$.

2.4 Modelos de Redes Complexas

Muitas investigações teóricas e empíricas sobre redes reais, tais como Watts & Strogatz (1998), Barabási & Albert (1999) e Newman (2010) resultaram na elaboração de modelos de redes que abordam um conjunto de características próprias desses sistemas e que são muito úteis para a análise de vários outros sistemas complexos relacionados (Carneiro, 2017). A seguir, são apresentadas quatro classes da modelagem de redes vistas na literatura: *Modelo de Rede Regular*, *Modelo de Erdős & Rényi*, *Modelo de Watts & Strogatz* e *Modelo de Barabási & Albert*.

2.4.1 Modelo de Rede Regular

Um modelo de rede regular amplamente estudado na literatura é o modelo que se refere a rede de vizinhos mais próximos, definido por um grafo regular, onde todos os nós da rede possuem o mesmo grau e cada nó é conectado apenas a alguns dos seus vizinhos. Essa rede regular é construída de acordo com uma condição periódica de contorno, ou seja, a rede dispõe-se de N nós dispostos de maneira circular (formato de um anel, ver Figura 7) e cada nó i se conecta aos seus k vizinhos mais próximos em ambas direções (direita e esquerda, com $\frac{k}{2}$ vizinhos em cada lado), sendo k um inteiro positivo

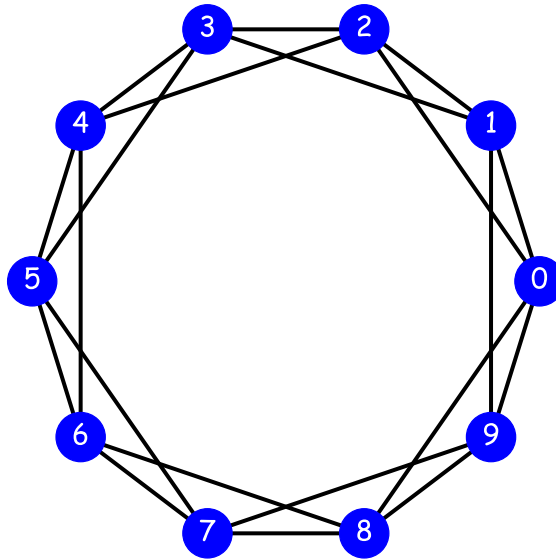


Figura 7: Ilustração de uma rede regular de vizinhos mais próximos com $N = 10$ e $k = 4$. A rede compõe-se de $\frac{Nk}{2} = 20$ arestas.

Segundo Watts & Strogatz (1998), para uma rede regular, temos que o resultado analítico do comprimento médio do menor caminho é dado por:

$$\langle L \rangle \approx \frac{N}{2k}. \quad (17)$$

Para a Figura 7, utilizando a equação (17), temos que o comprimento médio do menor caminho é aproximadamente $\langle L \rangle \approx 1,25$.

Pela Equação (17), nota-se que em uma rede regular, quando o número de vértices N é muito grande, o comprimento médio do menor caminho tende a divergir ($N \rightarrow \infty$).

2.4.2 Modelo de Erdős & Rényi

Em 1959, dois matemáticos húngaros, Paul Erdős e Alfred Rényi, criaram um modelo de rede baseado em ligações aleatórias, que ficou conhecido como *grafos aleatórios de Erdős e Rényi* (Erdős & Rényi, 1959). De acordo com este modelo, uma rede aleatória é construída a partir dos seguintes passos:

1. Inicialmente considera-se um conjunto de N vértices totalmente desconectados e uma probabilidade p , com $p \in [0, 1]$;
2. Um número aleatório κ entre 0 e 1 é sorteado para cada dois vértices da rede;
3. Em seguida, cada valor de κ é comparado à probabilidade p para verificar a existência de uma aresta entre os vértices. Se $\kappa < p$, a aresta é adicionada à rede conectando o dois vértices associado a ela. Cada par de vértice é considerado uma única vez.

Com base nos passos anteriores, temos que todas as ligações possuirão a mesma probabilidade de ocorrerem, ou seja, a rede gerada terá uma estrutura altamente homogênea. Outra observação que pode-se fazer é, quando $p = 0$, a rede terá todos os seus vértices desconectados, do contrário, quando $p = 1$, todos os vértices estarão conectados, tal que o coeficiente de agrupamento será máximo para cada vértice da rede ($C = 1$).

Para esse modelo de rede, onde se inicia a rede com N vértices, sendo que para cada par de vértices sua conexão dependerá de uma probabilidade p , espera-se que o grau de conectividade médio da rede seja dada por:

$$\langle k \rangle = \frac{2n}{N} = \frac{2E(N)}{N} = p(N - 1) \simeq pN, \quad (18)$$

onde, n é o número total de arestas, definido como uma variável aleatória de valor médio $E(N) = p[N(N - 1)/2]$, com $N \gg 1$ (Mendes, 2007).

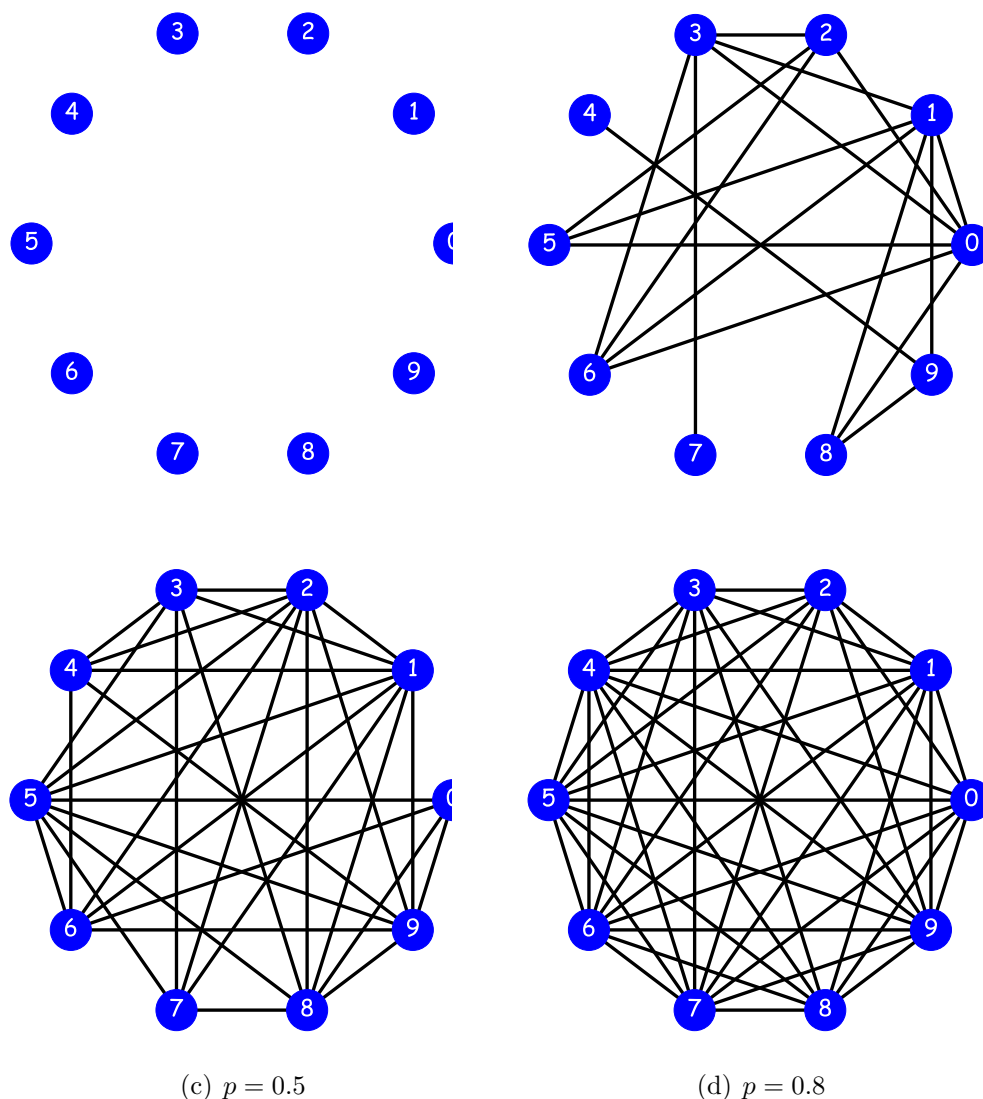


Figura 8: Ilustração esquemática do modelo de Erdős & Rényi. O exemplo mostra uma rede de $N = 10$ vértices para as seguintes probabilidade de conexão: $p = 0$, $p = 0.2$, $p = 0.5$ e $p = 0.8$. Note que, a medida que aumentamos a probabilidade de conexão dos vértices, mais completa é a rede gerada, ou seja, quando $p = 1$, tem-se uma rede totalmente conectada.

Erdős e Rényi também foram os primeiros a estudar a distribuição do grau de conectividade máxima e mínima de um grafo aleatório. Numa rede aleatória com probabilidade de conexão p , a conectividade k_i de um vértice i segue uma distribuição binomial (Mendes, 2007), expressa por:

$$P(k_i = k) = \binom{N-1}{k} p^k (1-p)^{N-1-k}, \quad (19)$$

onde o primeiro termo representa o número de diferentes combinações em que as conexões podem estar distribuídas, o segundo termo a probabilidade do vértice ter k_i ligações e o último termo representa a probabilidade de que as outras probabilidades estejam ausentes.

Quando N é grande ($N \rightarrow \infty$) e a conectividade média é mantida constante, essa distribuição tende à uma distribuição Poisson¹ (Rodrigues, 2007), que é expressa por:

$$P(k) \approx e^{-pN} \frac{(pN)^k}{k!} = e^{-\langle k \rangle} \frac{\langle k \rangle^k}{k!}, \quad (20)$$

onde $\langle k \rangle$ é o grau de conectividade médio.

Quanto ao comprimento médio do menor caminho, nesse modelo de redes essa medida obtém valores bem pequenos, podendo ser estimado pela seguinte expressão:

$$\langle L \rangle \approx \frac{\log N}{\log \langle k \rangle}. \quad (21)$$

Diversos sistemas na natureza e na sociedade, tais como redes de reações químicas, e a própria rede de Internet, foram inicialmente representados por grafos aleatórios. No entanto, estudos seguintes concluíram que a topologia e evolução de redes reais são regidos por princípios de organizações mais robustos e que tais não poderiam ser representadas por um modelo de rede puramente aleatório (Watts & Strogatz, 1998; Albert & Barabási, 2002).

2.4.3 Modelo de Watts & Strogatz

Watts & Strogatz (1998) observaram que em algumas redes reais, tais como redes biológicas, sociais e tecnológicas, a presença de *loops* (caminhos fechados) de ordem três era muito maior do que nas redes aleatórias com o mesmo número

¹A distribuição Poisson é uma distribuição de probabilidade discreta, cuja forma analítica é dada por $P(k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}$, onde λ é o parâmetro da distribuição.

de vértices e arestas. Esse foi o primeiro passo para afirmar que as redes reais não são completamente aleatórias, ou seja, essas redes reais poderiam ser altamente agrupadas, como as redes regulares, mas com características de pequeno caminho, como nos grafos aleatórios.

O conceito de redes mundo pequeno, em termos simples, descreve o fato de que apesar de seu tamanho amplo, na maior parte das redes há um menor caminho entre quaisquer dois vértices. A manifestação mais popular das redes mundo pequeno é a “separação de grau seis”, descoberta pelo psicólogo Milgran (Milgram, 1967), que concluiu que há em média um caminho de comprimento de seis pessoas entre a maioria de pares de pessoas nos Estados Unidos.

Com base nessa descoberta, Watts e Strogatz propuseram um modelo alternativo aos grafos aleatórios, chamado de modelo *small world de Watts-Strogatz*, onde o mesmo apresenta o efeito “mundo pequeno” com a presença de um grande número de *loops* de ordem três (Rodrigues, 2007). Para a obtenção desse modelo, assume-se que as redes não são completamente regulares e muito menos aleatórias, situando-se entre esses dois extremos. De certa forma, as redes de pequeno mundo podem ser geradas retirando conexões de uma rede regular e promovendo reconexões ou, simplesmente, acrescentando conexões entre os vértices. O processo de construção do modelo *small world*, baseia-se nas seguintes etapas:

1. Inicia-se com uma rede regular, formada por N vértices ligados a k vizinhos mais próximos em ambas direções (esquerda e direita, com $\frac{k}{2}$ vizinhos em cada direção, conforme a Seção 2.4.1);
2. O modelo é então criado fazendo a reconexão de uma fração das ligações existentes na rede. O processo de reconexão consiste em percorrer cada ligação da rede e com probabilidade fixa p , reconectar o vértice analisado a um novo vértice escolhido de maneira aleatória, com proibição de duplicações e autoconexões.

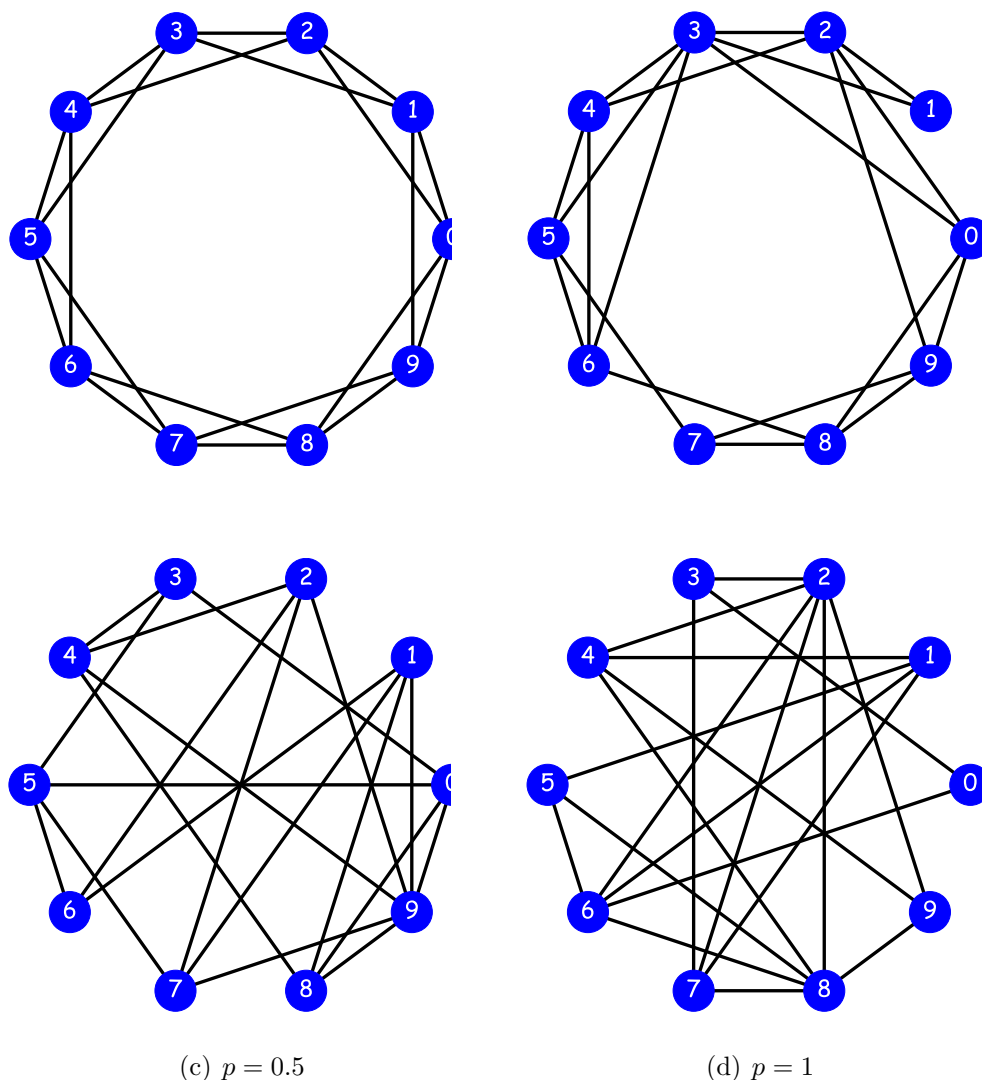


Figura 9: Ilustração do processo de transição de uma rede regular para uma rede aleatória, baseado em diferentes probabilidades. (a) Começamos com uma rede regular formada por $N = 10$ vértices ligados aos seus $k = 4$ vizinhos mais próximos, $\frac{k}{2} = 2$ vizinhos em cada direção, com $p = 0$. Em (b) é feita a reconexão de algumas arestas a outros vértices da rede escolhido de forma aleatória, com probabilidade $p = 0.1$. (c) O processo realizado nessa imagem é semelhante ao apresentado na imagem (b), porém com a probabilidade de reconexão $p = 0.5$. Em (d) tem-se uma rede aleatória, que foi construída à partir da reconexão de todas as arestas. As redes (b) e (c) que se localizam entre os extremos de uma rede puramente regular (a) e uma rede aleatória (d), são as chamadas redes de mundo pequeno.

Na Figura 9, pode-se observar que, para $p = 0$ a rede é completamente regular, ou seja, as conexões da rede não mudam de lugar, diferentemente para $p = 1$, onde a rede resultante é de caráter aleatório. Portanto, o modelo *small world* situa-se entre a completa regularidade e a aleatoriedade. Algumas medidas topológicas desse modelo de rede são expressas abaixo.

- O grau de conectividade, com N vértices e k vizinhos é dado por:

$$\langle k \rangle = 2k. \quad (22)$$

- Como o modelo mundo pequeno situa-se entre os extremos de uma rede regular e aleatória, então espera-se que o comprimento do menor caminho desse modelo possua como limite inferior e superior o comprimento do menor caminho de uma rede aleatória e uma rede regular, respectivamente.

$$\frac{\log N}{\log \langle k \rangle} < \langle L \rangle < \frac{N}{4k}. \quad (23)$$

Observe que, o comprimento do menor caminho de uma rede mundo pequeno deve ser maior que o de uma rede aleatória e menor que o de uma rede regular. Segundo de Camargo & Eisencraft (2016), $\langle L \rangle$ aproxima-se mais do comprimento de menor caminho de uma rede aleatória do que de uma rede regular por possuir arestas de maior alcance.

- Quanto ao grau de conectividade média, sendo a rede com N vértices, construída com probabilidade fixa p , espera-se que seja dado por:

$$\langle \bar{C} \rangle \approx \frac{3k - 3}{4k - 2} (1 - p)^3 \quad (24)$$

onde o termo $\frac{3k - 3}{4k - 2}$ é o coeficiente de agrupamento médio de uma rede regular.

2.4.4 Modelo de Barabási & Albert

No ano de 1999, dois artigos escritos por Albert-László Barabási e Reka Albert causaram grande impacto no estudo de redes. Eles decidiram mapear a topologia das conexões entre as páginas da Teia Mundial (WWW - World Wide Web)

(Rodrigues, 2007). No entanto, essa tarefa se mostrou impossível de ser realizada, mas que de certa forma gerou alguns resultados parciais, onde eles verificaram que o modelo de rede aleatória de Erdős e Rényi não era adequado para ser aplicado a essa Teia Mundial. Tais observações se concretizaram quando eles verificaram que, em termos de topologia de rede, alguns nós eram muito mais conectados que a maioria (“*hubs*”) e que o número de conexões dos nós seguia uma distribuição do tipo lei de potência, expressa da seguinte forma:

$$P(k) \propto k^{-\gamma} \quad (25)$$

onde k é o número de conexões e γ é o expoente da lei de potência.

Nesse tipo de distribuição há uma grande possibilidade de existência de *hubs*, visto que há um grande número de nós com poucas conexões e uma quantidade reduzida de nós com um número elevado de conexões. Como o número de conexões não exhibe valor médio, Barabási & Albert denominaram esse tipo de topologia de rede de livre de escala (*scale-free*)(Vera & César, 2011).

Após o estudo da rede *WWW*, Barabási & Albert investigaram a rede dos filmes de Hollywood, onde consideraram que dois atores estavam conectados caso eles tivessem participado de um mesmo filme. Com essa informação, eles chegaram a conclusão de que, o número de atores que tinha exatamente k ligações com outros atores sofria um decaimento seguindo, coincidentemente, uma lei de potência. Esse foi então o “gatilho” para que começasse a sugerir diversos trabalhos sobre redes que apresentavam uma característica em comum: a distribuição do grau de conectividade dos nós das redes em estudo também seguia uma lei de potência. A cada novo sistema estudado notava-se que cada um possuía um valor de expoente (γ) diferente, porém os valores dos expoentes sempre estavam entre dois e três (Vera & César, 2011).

Esse modelo de rede é fundamentado no tempo e na quantidade de ligações dos nós, estabelecendo duas características principais: crescimento da quantidade de nós ao longo do tempo (redes crescentes) e ligações preferenciais (probabilidade de um nó receber conexão proporcional ao seu grau). De certa forma, essas características fazem com que o modelo de rede Barabási-Albert seja mais próximo das redes reais do

que o modelo de Erdős & Rényi (Choque & Moshé, 2015). Para mostrar isso, foram analisadas diversas redes como: amizade, colaboração científica, atores, conforme mostrado em Barabási (2009), Barabási (2013) e Albert & Barabási (2002).

Para a construção de uma rede de Barabási-Albert, os seguintes passos devem ser seguidos:

1. *Crescimento*: Inicia-se a rede com uma pequena quantidade de vértices N_0 conectados entre si. A cada passo de tempo t um novo vértice é adicionado à rede, e este se conectará a m ($m \leq N_0$) vértices diferentes já existentes na rede.
2. *Conexão preferencial*: Os m vértices com os quais o novo vértice se conectará, será escolhido considerando uma probabilidade Π de que o novo vértice se conecte com os m vértices escolhidos com base em seu grau de conectividade k_i , ou seja, a probabilidade de um vértice ser escolhido para receber a conexão do novo vértice é proporcional ao seu grau de conectividade. Essa probabilidade Π é dada pela seguinte expressão:

$$\Pi(k_i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j} \quad (26)$$

em que $\sum_j k_j$ é o somatório do grau de conectividade de todos os vértices existentes na rede.

Observe que, essa regra de ligação preferencial privilegia os vértices que têm maior grau de conectividade de tal forma que os nós mais conectados têm mais chances de adquirir ligações (ver Figura 10). É possível observar também que, somente os vértices mais antigos podem se tornar “polos” da rede onde, uma vez que essa decisão for estabelecida, os vértices recém chegados nunca poderão alcançá-los, ou seja, nunca poderão se tornar polos da rede. A Figura 11 representa essa situação.

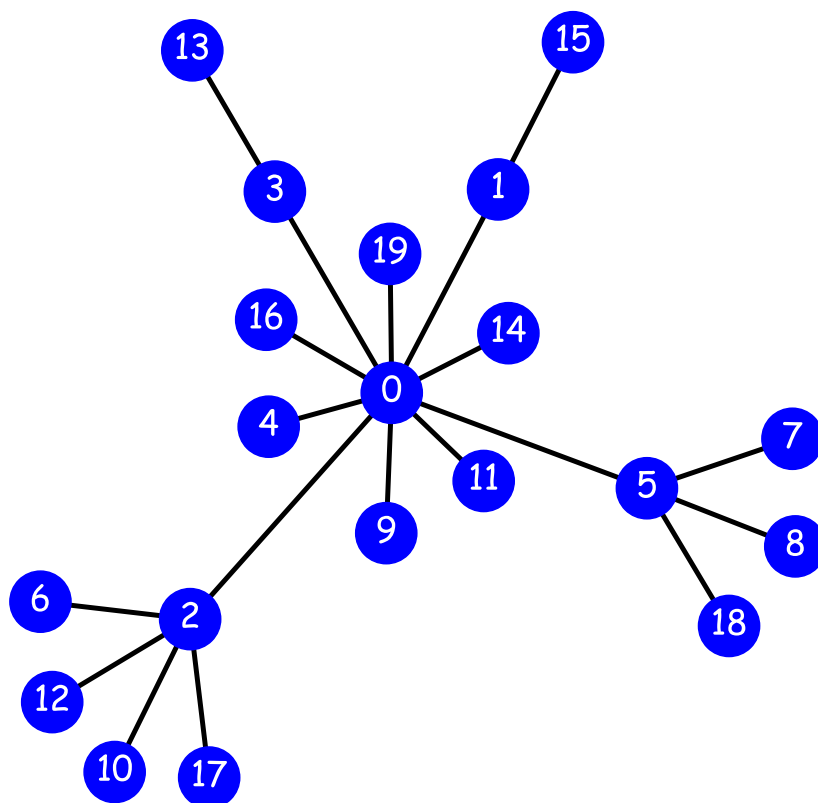


Figura 10: Ilustração de uma rede do tipo livre de escala, gerada com 20 vértices, $N_0 = 2$ e $m = 1$.

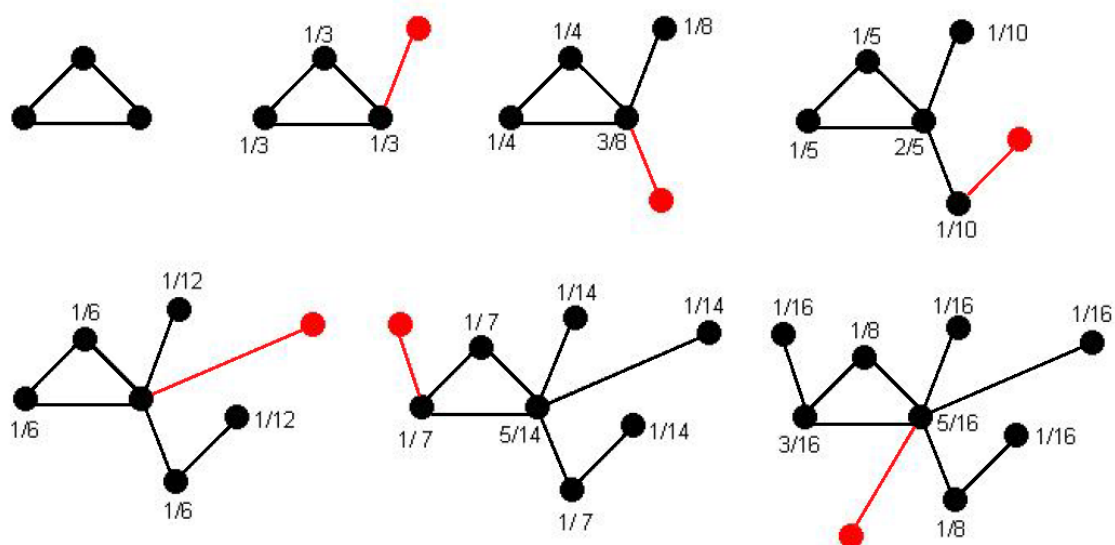


Figura 11: Ilustração do crescimento de uma rede de Barabási-Albert para $N_0 = 3$ e $m = 1$. Fonte: Brito (2012).

Uma rede livre de escala é considerada uma rede bem robusta e muito resistente à falha aleatória de um nó, isso porque a maioria dos nós são conectados com um nó com alto grau de conexão (*hubs*). Porém, há maior vulnerabilidade em relação a algum tipo de ataque direcionado a esses hubs, pois se há falha com os *hubs*, a chance da rede inteira desestruturar e ser desconectada é muito grande (Vera & César, 2011).

Algumas das medidas topológicas, como por exemplo, o grau de conectividade médio $\langle k \rangle$, para a distribuição do tipo livre de escala, é obtida de uma maneira diferente das medidas frequentemente encontradas nos modelos de Erdős & Rényi e Watts & Strogatz. Para uma rede livre de escala, o grau de conectividade médio pode ser estimado pela seguinte expressão:

$$\langle k \rangle \approx 2N_0 \quad (27)$$

Quanto ao comprimento médio do menor caminho para uma rede livre de escala, a estimativa feita pra obter tal medida é dada pela seguinte expressão:

$$\langle L \rangle \approx \frac{\log N}{\log(\log N)}. \quad (28)$$

3 MODELAGEM DA BRUCELOSE BOVINA

Como forma de controle da brucelose bovina, alguns trabalhos procuraram desenvolver métodos matemáticos que contribuíssem para a compreensão da disseminação e prevalência da brucelose em bovinos (Moreno, 2014; Barbosa et al., 2008). Dentre tais, podemos citar o trabalho de Amaku et al. (2009), que desenvolveu um modelo matemático compartimental para simular a dinâmica da brucelose em uma população bovina composta apenas por fêmeas (Figura 12).

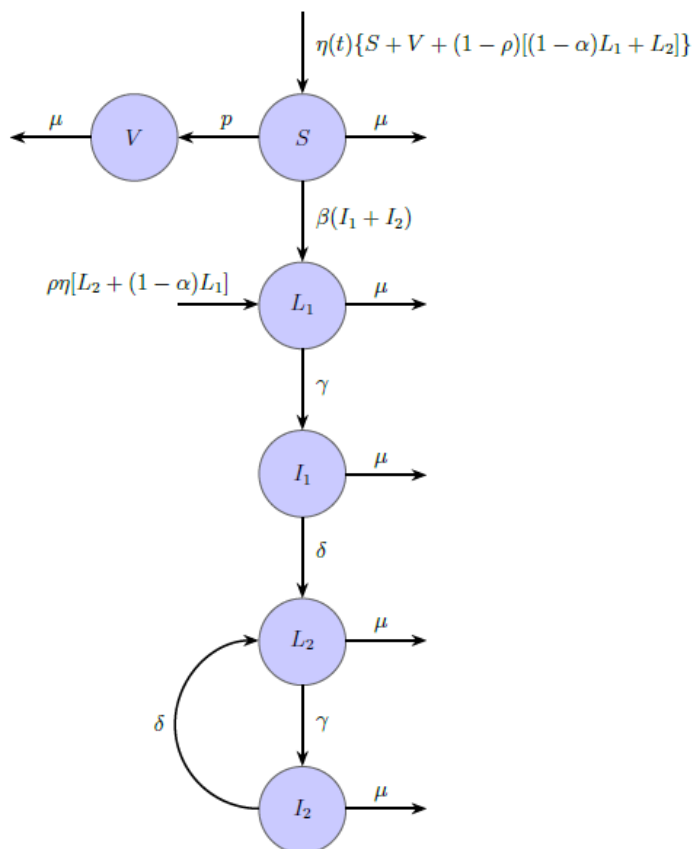


Figura 12: Diagrama de compartimentos, ilustrando a dinâmica da brucelose em uma população de fêmeas bovinas. Fonte: Adaptado de Amaku et al. (2009).

Para obter as principais características epidemiológicas, dividiu-se a população em seis compartimentos: fêmeas suscetíveis (S), fêmeas vacinadas (V), fêmeas portadoras latentes primíparas (L_1), fêmeas infecciosas primíparas (I_1), fêmeas portadoras latentes múltiparas (L_2) e fêmeas infecciosas múltiparas (I_2).

Baseado no diagrama de compartimentos da Figura 12, a dinâmica da brucelose em fêmeas bovinas pode ser descrita através do seguinte sistema de equações diferenciais:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= [1 - p]\eta\{S + V + (1 - \rho)[(1 - \alpha)L_1 + L_2]\} - (\mu + \phi)S \\
\frac{dV}{dt} &= p\eta\{S + V + (1 - \rho)[(1 - \alpha)L_1 + L_2]\} - \mu V \\
\frac{dL_1}{dt} &= \phi S + \rho\eta[L_2 + (1 - \alpha)L_1] - (\mu + \gamma)L_1 \\
\frac{dI_1}{dt} &= \gamma L_1 - (\delta + \mu)I_1 \\
\frac{dL_2}{dt} &= \delta(I_1 + I_2) - (\mu + \gamma)L_2 \\
\frac{dI_2}{dt} &= \gamma L_2 - (\mu + \delta)I_2
\end{aligned} \tag{29}$$

onde, $\phi = \beta(I_1 + I_2)$.

Tabela 2: Descrição dos parâmetros usados no sistema de equações (22), segundo Amaku et al. (2009).

Parâmetros	Descrição
p	Proporção da cobertura vacinal.
η	Taxa referente à natalidade e reposição de um indivíduo.
ρ	Taxa em que bezerras nascidas de mães infectadas tornam-se portadoras latentes.
α	Proporção de abortos em fêmeas infectadas primíparas.
μ	Taxa de mortalidade natural e descarte.
β	Coefficiente de transmissão, dado pelo número de contatos potencialmente infectantes <i>per capita</i> por unidade de tempo.
γ	Taxa de indivíduos com infecção latente.
δ	Taxa relativa ao período de infecção.

3.1 Modelo Baseado em Indivíduos

Um Modelo Baseado em Indivíduos (MBI) consiste de uma estrutura na qual ocorrem os relacionamentos entre um certo número de indivíduos, cujo comportamento é determinado por um conjunto de características (Nepomuceno, 2005). Segundo Grimm (1999), nesse tipo de estrutura cada indivíduo é tratado como uma entidade única e discreta que possui idade e ao menos mais uma característica que muda ao longo do ciclo da vida, como peso, posição social, entre outras.

3.1.1 Premissas Epidemiológicas

O MBI sugerido nesse trabalho, é desenvolvido com base no MBI proposto por Nepomuceno et al. (2018), cujo o mesmo foi construído a partir de um conjunto de premissas epidemiológicas usadas para descrever a dinâmica da brucelose bovina:

1. *Distribuição espacial*: Os indivíduos são distribuídos em uma área retangular. Para esse caso, considera-se duas situações:

- O número de indivíduos é o mesmo que o número de sítios da área retan-

gular. Nesta situação, todo movimento de um indivíduo envolve a troca de posição com outro indivíduo.

- O número de indivíduos é menor que o número de sítios, logo um indivíduo pode ocupar outra célula sem a necessidade de trocar com outro indivíduo.
2. *População constante*: A população de tamanho N será constante para todos os locais.
 3. *Categorias da população*: Existem seis categorias para a população: 0 (suscetíveis), 1 (vacinados), 2 (primíparas latentes), 3 (primíparas infecciosas), 4 (multíparas latentes) e 5 (multíparas infecciosas).
 4. *Caracterização do indivíduo*: Um indivíduo é caracterizado por um conjunto de n (para esse caso $n = 11$) características, onde C_1 é a categoria de cada fêmea, C_2 e C_3 são, respectivamente, a idade atual e a idade máxima (em anos) de cada fêmea, C_4 é o tempo em que uma fêmea se encontra em estado primípara latente, C_5 é o tempo máximo que uma fêmea estará no estado primípara latente. C_6 é o tempo em que uma fêmea se encontra no estado primípara infecciosa e C_7 o tempo máximo que uma fêmea estará no estado primípara infecciosa. C_8 é o tempo em que uma fêmea se encontra em estado múltipara latente e C_9 o tempo máximo que uma fêmea estará no estado múltipara latente. C_{10} é o tempo em que uma fêmea se encontra em estado múltipara infecciosa e C_{11} o tempo máximo que uma fêmea estará no estado múltipara infecciosa.
 5. *Mudança de categoria*: Uma vez em uma categoria, o indivíduo pode passar para outra categoria em cada instante de tempo. Neste trabalho, é adotado uma transição discreta entre categorias. As transições podem ocorrerem das seguintes maneiras:
 - 0, 1, 2, 3, 4, 5 \rightarrow 0. Isso significa que após a morte do indivíduo, outro nasce para manter a população constante. Caso um indivíduo não morra, poderá haver outras transições, conforme descrito a seguir.

- $0 \rightarrow 1$. Nessa transição um indivíduo é vacinado e o mesmo passa para a categoria 1.
 - $0 \rightarrow 2$. Um indivíduo suscetível pode-se tornar primíparo latente e passar para a categoria 2.
 - $2 \rightarrow 3$. Nessa transição uma fêmea primípara, à medida que o tempo passa, pode migrar para a categoria 3, onde ficam os indivíduos primíparos infecciosos.
 - $3 \rightarrow 4$. As primíparas infecciosas podem passar para a categoria 4, com o decorrer do tempo.
 - $4 \rightarrow 5$. Uma fêmea múltipara latente pode se tornar múltipara infecciosa em um determinado intervalo de tempo.
 - $3, 5 \rightarrow 2, 4$. Os indivíduos infecciosos podem retornar às categorias primíparas latentes e múltiparas latentes, respectivamente.
6. *Distribuição estatística*: É adotado a distribuição exponencial, expressa por $m(x) = \mu e^{-\mu x}$ para a mortalidade e o nascimento. Essa distribuição também será usada para a transição de latentes e infectados, a saber, $l(x) = \gamma e^{-\gamma x}$ e $i(x) = \delta e^{-\delta x}$, respectivamente, onde x é um número aleatório.
7. *Processo de infecção*: Cada contato entre um indivíduo suscetível e um soropositivo (ou infectado latente) pode causar um novo indivíduo latente, seguindo uma distribuição uniforme. Trata-se de um processo estocástico, no qual $\beta\%$ do indivíduos têm probabilidade de se tornarem latentes. No MBI, podemos alterar o valor de β de acordo com a localização individual ou qualquer outra característica C_n .
8. *Processo de aborto*: O processo de aborto em fêmeas ocorre em primíparas infectadas. No entanto, foi considerada uma taxa de aborto igual a zero para reduzir a complexidade do modelo. Observe que, para um rebanho onde não há abortos ($\alpha \rightarrow 0$), temos que $\eta(t) = \mu$, ou seja, as taxas de nascimento e mortalidade se compensam e mantêm a população constante, o que é consistente

com a premissa 2.

9. *Processo de vacinação*: A vacinação é contínua e pulsada e será investigada em fêmeas suscetíveis S . Os animais de todas as idades podem ser vacinados sem distinção. Será considerado uma eficácia da vacina de 100% para os animais vacinados (elegíveis para a vacinação até certo ponto).

3.1.2 Formulação Matemática

Segundo Nepomuceno et al. (2018), em um MBI cada indivíduo pode ser representado por por:

$$I_{m,t} = [C_1 \ C_2 \ \dots \ C_n], \quad (30)$$

onde $1 \leq m \leq N$ é o tamanho da população, t é o instante em que um indivíduo apresenta um conjunto específico de características, C_n é uma característica do indivíduo e n é o número de características de cada indivíduo. A primeira característica (C_1) é definida pelo estado do ponto de vista epidemiológico, que pode ser, nesse caso: suscetível, vacinado, latente primípara ou múltipara, infectado primípara ou múltipara. As demais características (C_1, C_2, \dots, C_n) são a idade, a duração da infecção, o tempo de latência, o sexo ou qualquer outra característica que considere relevante. Portanto, a população pode ser expressa por:

$$P_t = [I_{1,t} \ I_{2,t} \ \dots \ I_{m,t}]^T, \quad (31)$$

em que $I_{m,t}$ é um indivíduo no instante t e P é uma matriz $m \times n$.

Essa formulação matemática do MBI permite adicionar várias características ao indivíduo, o que de certa forma, pode tornar o modelo mais realista. Nesse trabalho, as características dos indivíduos utilizadas foram baseadas nas características propostas por Nepomuceno et al. (2018). São elas:

- (a) $C_1 \in [0, 1, 2, 3, 4, 5]$. Nesse caso, o indivíduo pode estar no estado suscetível, vacinado, primípara latente, primípara infectado, múltipara latente e múltipara infectado, respectivamente.

- (b) C_2 é a idade do indivíduo em anos. A idade é adicionada Δt em cada transição.
- (c) C_3 é a idade máxima em que o indivíduo irá viver. O nascimento de um indivíduo é dado por:

$$C_3 = -\mu \ln(a_u), \quad (32)$$

onde μ é a expectativa de vida da população e a_u é uma variável aleatória uniformemente distribuída entre 0 e 1.

- (d) C_4 é o tempo em anos que o indivíduo se encontra em estado latente primário.
- (e) C_5 é o tempo máximo que o indivíduo se encontra em estado latente primário. Semelhante à característica C_3 , o tempo máximo em que o indivíduo está em um estado de latência é obtido por:

$$C_5 = -\gamma \ln(a_u), \quad (33)$$

onde γ é a taxa de indivíduos com infecção latente.

- (f) C_6 é o tempo em anos que o indivíduo está em um estado infectado primário.
- (g) C_7 representa o tempo máximo em anos em que o indivíduo infectado está no estado primário. Esse valor pode ser obtido pela seguinte equação:

$$C_7 = -\delta \ln(a_u), \quad (34)$$

em que δ é a taxa que determina o período de infecção.

- (h) C_8, C_9, C_{10} e C_{11} são características semelhantes a C_6 e C_7 , relacionadas ao tempo máximo em que os indivíduos permanecerão nas outras características.

Nota-se que, as características C_4 a C_{11} são descartadas para aqueles indivíduos suscetíveis e vacinados, assim como as características C_{10} e C_{11} são descartadas para indivíduos nos estados infectados latentes e múltiplos. Esses casos são considerados iguais a zero para todo t .

Baseados em Nepomuceno et al. (2018), as Tabelas 3 e 4 exemplificam possíveis transições decorrentes da interação entre os animais.

Tabela 3: Transições em um MBI para brucelose bovina no tempo $t = t_0$.

C_1	C_2	C_3	C_4	C_5	C_6	C_7	C_8	C_9	C_{10}	C_{11}
1	8.8	8.8	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0.7	6.8	0	0	0	0	0	0	0	0
1	2.7	6.4	0	0	0	0	0	0	0	0
2	3.4	16.3	0.6	0.6	0	0	0	0	0	0
5	1.5	5.7	0	0	0	0	0	0	0.41	0.41

Tabela 4: Transições em um MBI para brucelose bovina no tempo $t = t_0 + \Delta t$.

C_1	C_2	C_3	C_4	C_5	C_6	C_7	C_8	C_9	C_{10}	C_{11}
0	0	7.5	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0.8	6.8	0	0.9	0	0	0	0	0	0
1	2.8	6.4	0	0	0	0	0	0	0	0
3	3.5	16.3	0	0	0	0.7	0	0	0	0
4	1.6	5.7	0	0	0	0	0	0.8	0	0

Os exemplos apresentados nas Tabelas 3 e 4 mostram a mudança de estado de cinco indivíduos. As transições ocorrem em um intervalo de tempo (Δt) de 0.1 anos. Analisando a tabela, podemos descrever o que ocorreu em algumas transições:

- $I_{1,0} \rightarrow I_{1,1}$. O indivíduo, nesse caso vacinado, morre. No modelo ele é substituído por um novo indivíduo na categoria suscetível com $C_2 = 0$ e $C_3 = 7.5$.
- $I_{2,0} \rightarrow I_{2,1}$. O indivíduo torna-se primário latente. Seu período de latência é dado por $C_5 = 0.9$ (anos).
- $I_{3,0} \rightarrow I_{3,1}$. Não ocorreu mudanças no estado epidemiológico do indivíduo.
- $I_{4,0} \rightarrow I_{4,1}$. Nesse indivíduo o estado de latência acabou e passou desse estado para primário infectado, com tempo de infecção $C_7 = 0.7$ (anos).

- $I_{5,0} \rightarrow I_{5,1}$. O indivíduo retorna para o estado de multíparo latente. Seu início é dado por $C_9 = 0.8(\text{anos})$.

3.1.3 Algoritmo do MBI

Na Figura 13 é representado o fluxograma do MBI. A população inicial é determinada de maneira aleatória. Em cada instante de tempo, cada indivíduo é considerado e verifica-se através de distribuições probabilísticas qual a transição ocorrerá. Após todos os N indivíduos serem avaliados, o tempo de simulação é incrementado em Δt unidades de tempo. O algoritmo termina quando o tempo de simulação atinge o valor final t_f . Sendo assim, utilizando a formulação matemática da seção 3.1.2 e baseando-se no fluxograma, representado pela Figura 13, é feito o algoritmo do MBI para brucelose.

3.1.4 Simulações do MBI

Uma das principais estratégias para o controle da brucelose em bovinos baseia-se na vacinação dos indivíduos. Levando em consideração a vacina como a medida de controle da brucelose bovina usando o MBI para população constante, algumas simulações foram realizadas com o objetivo de avaliar o modelo proposto em um cenário compatível com o modelo 29. Para essa simulação foi considerado uma população constante de $N = 1700$ indivíduos, em um período $t_f = 20$ anos, com expectativa de vida da população $\mu = 8$ anos e a taxa de infecção de indivíduos em estado latente $\gamma = \frac{5}{3}$. Os valores dos demais parâmetros do modelo são baseados nos valores utilizados em Nepomuceno et al. (2018): $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. As condições iniciais são dadas por: $S_0 = 0.8N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.05N$ e $I_2 = 0.05N$. Para a representação de cada cenário, foram utilizadas diferentes taxas de vacinação, mais especificamente: 5%, 25%, 50% e 95%.

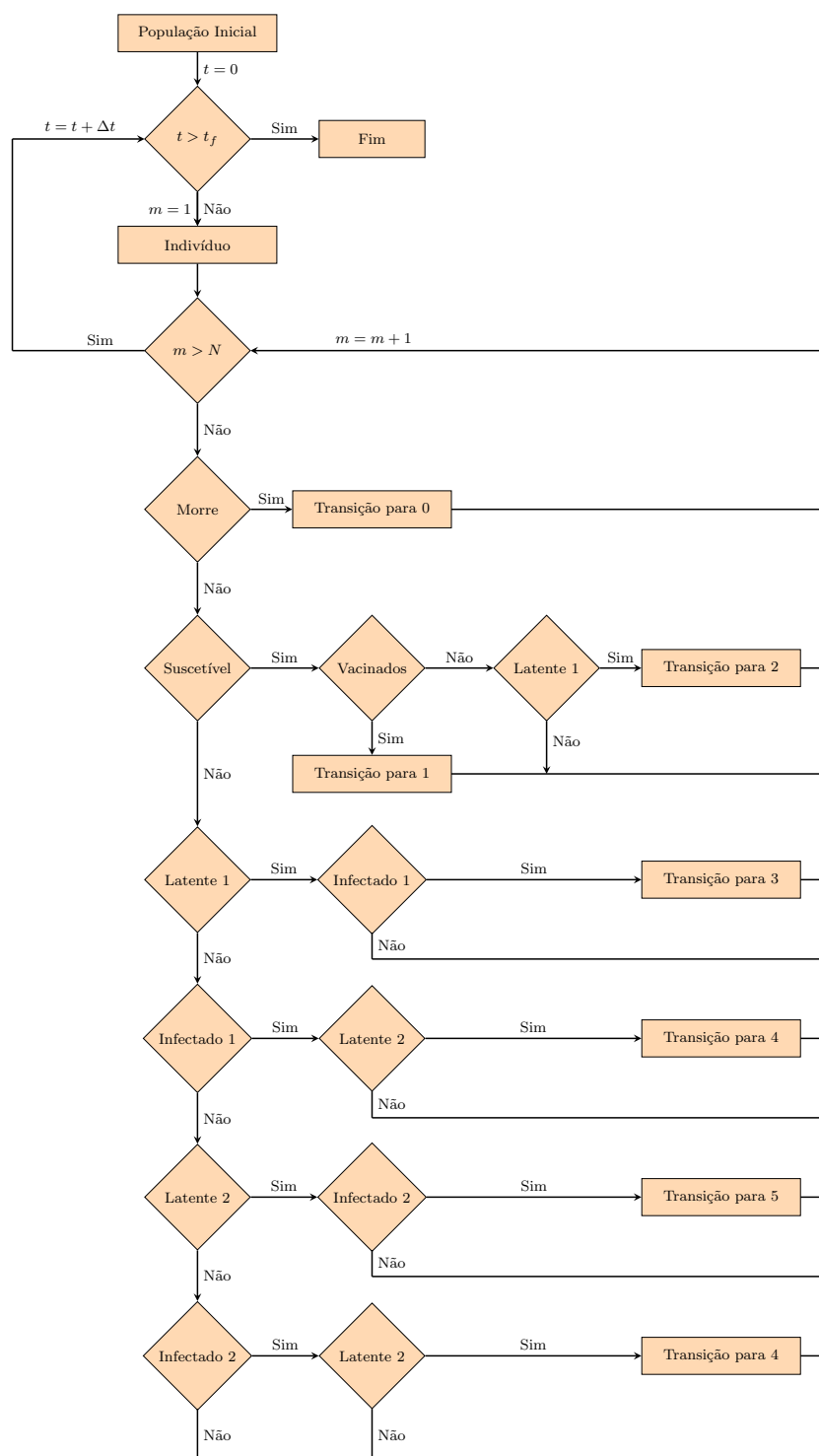


Figura 13: Fluxograma do MBI para brucelose bovina. A população inicial é determinada aleatoriamente. Para cada instante de tempo, cada indivíduo é avaliado de acordo com a formulação matemática descrita na seção 3.1.2. As transições indicam uma mudança para uma categoria diferente.

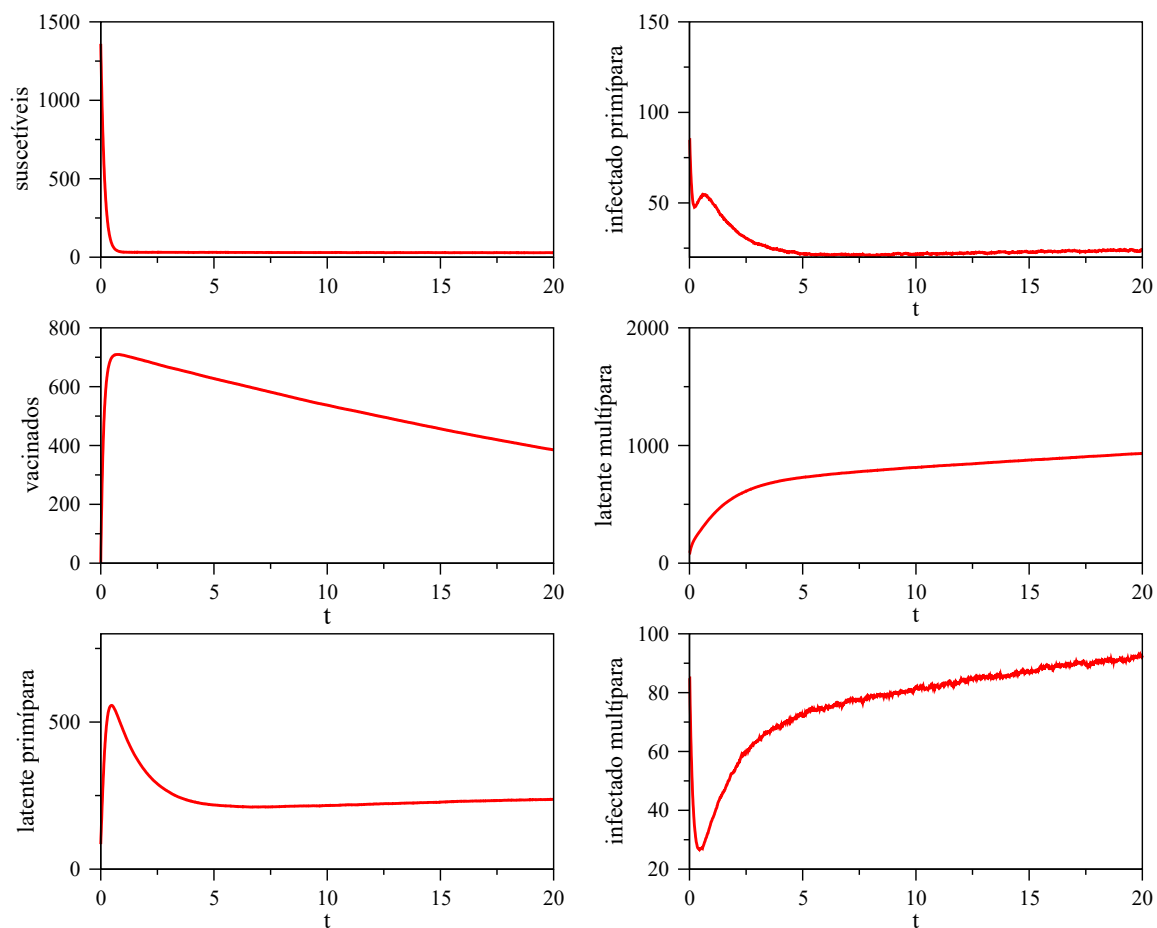


Figura 14: Simulação do MBI para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 5 %. As condições iniciais e os valores dos parâmetros foram descritos no início dessa seção. Cada curva gerada é obtida através da média aritmética de 400 simulações do MBI.

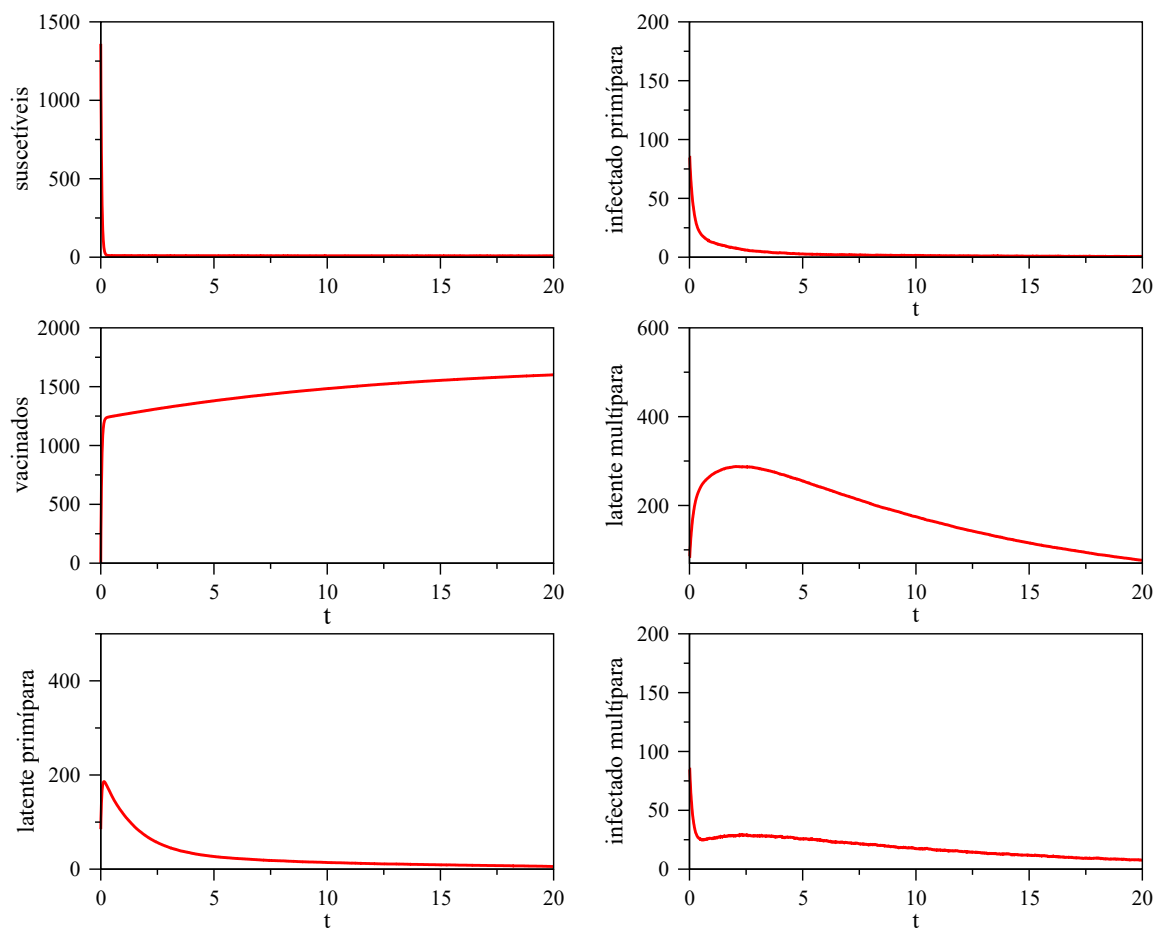


Figura 15: Simulação do MBI para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 25 %. As condições iniciais e os valores dos parâmetros são os mesmos utilizados pela Figura 14. Cada curva gerada é obtida através da média aritmética de 400 simulações do MBI.

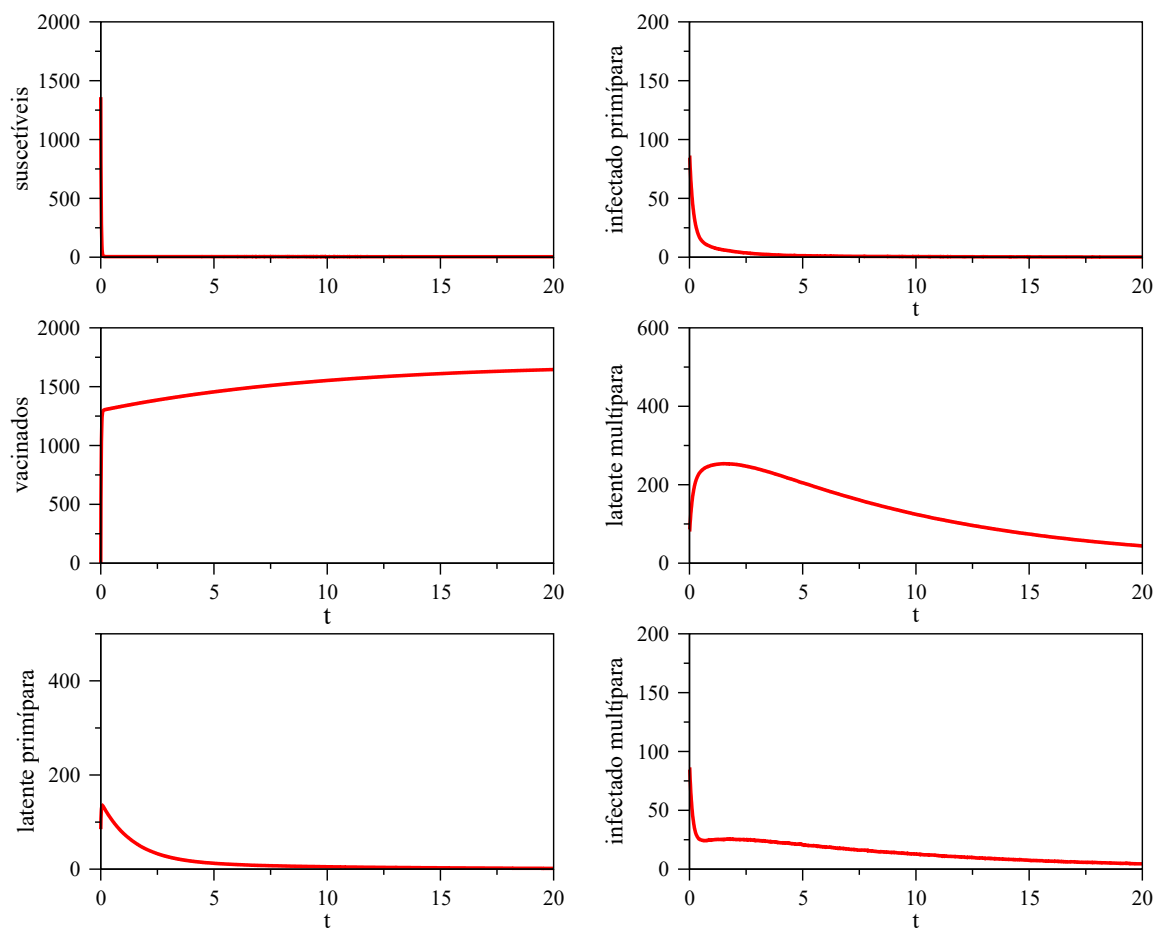


Figura 16: Simulação do MBI para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 50 %. As condições iniciais e os valores dos parâmetros são os mesmos utilizados pela Figura 14. Cada curva gerada é obtida através da média aritmética de 400 simulações do MBI.

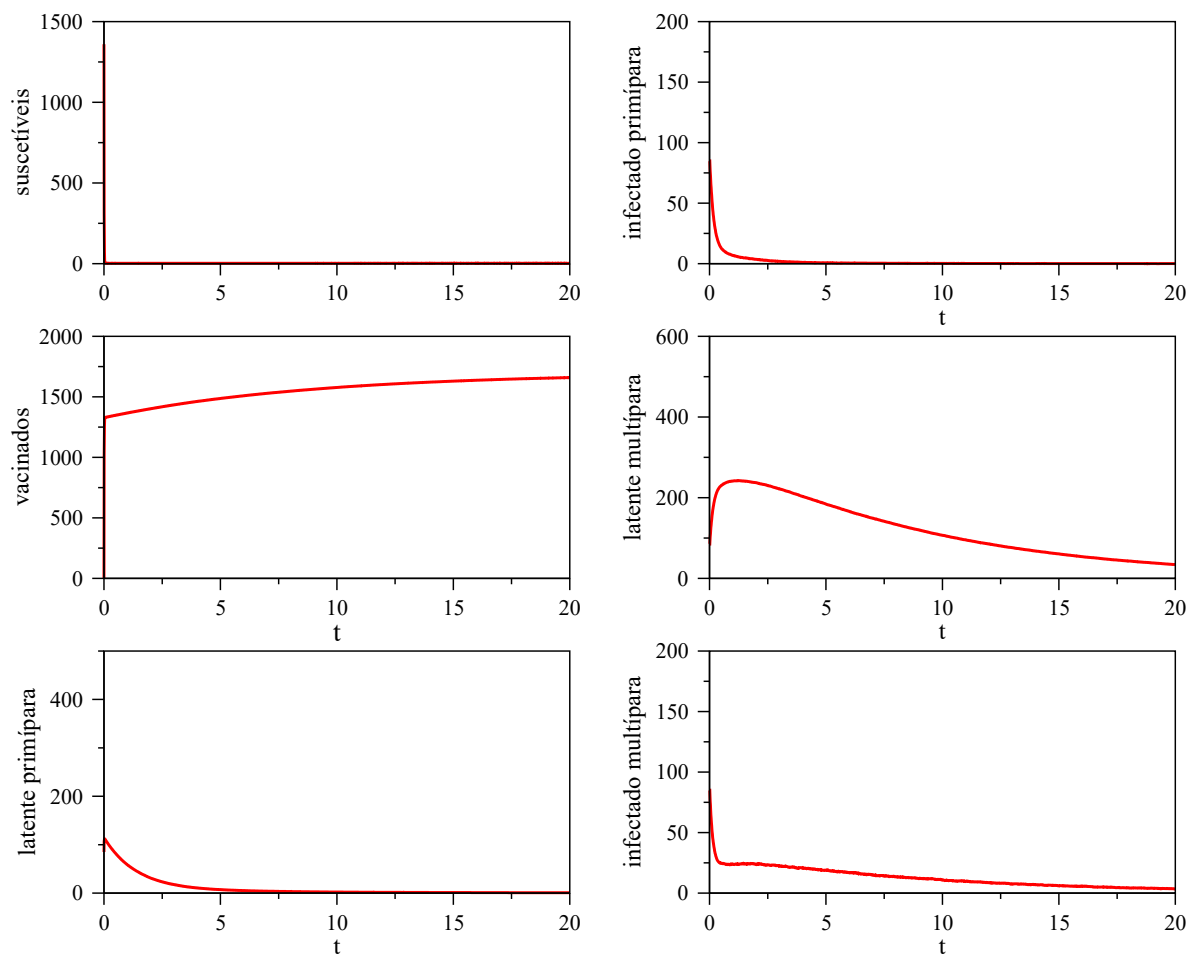


Figura 17: Simulação do MBI para brucelose bovina, considerando uma taxa de vacinação de 95 %. As condições iniciais e os valores dos parâmetros são os mesmos utilizados pela Figura 14. Cada curva gerada é obtida através da média aritmética de 400 simulações do MBI.

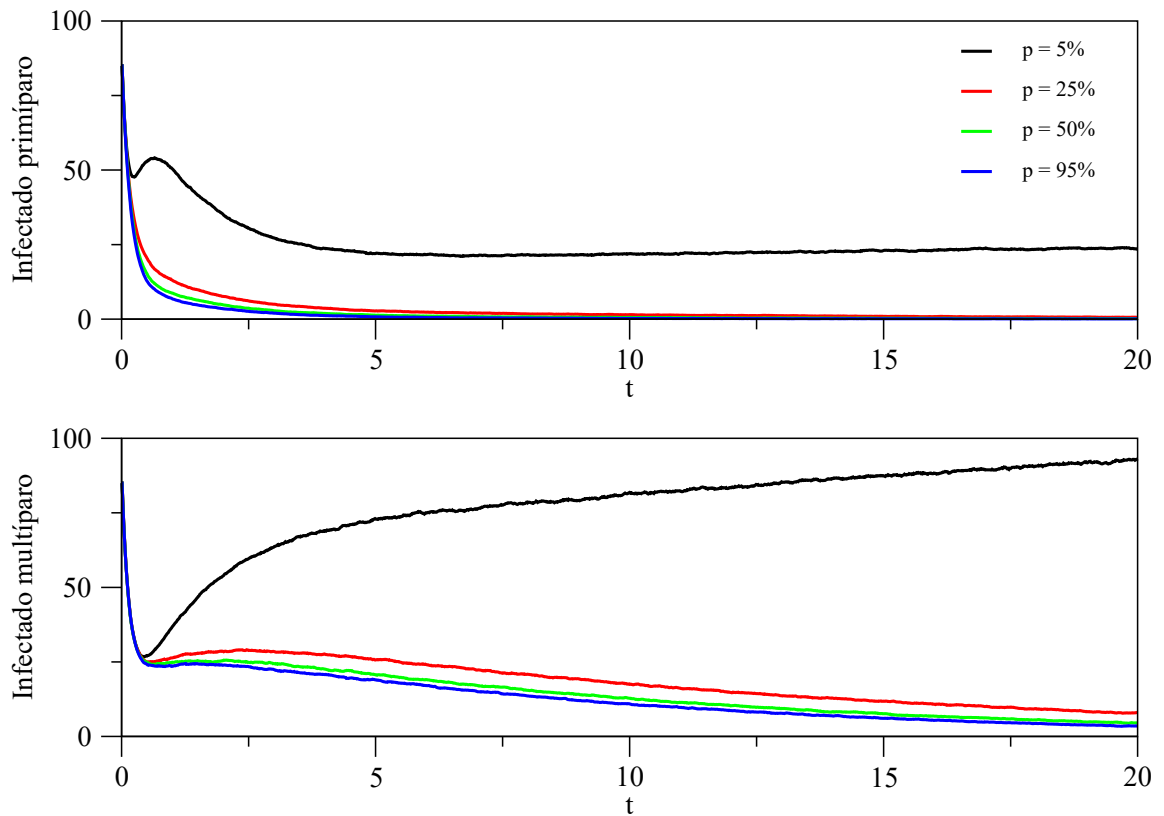


Figura 18: Comparação das curvas de indivíduos infectados em dois tipos de estado: indivíduo infectado primário e indivíduo infectado múltiparo. Ambos estados são submetidos a quatro taxas de vacinação distintas. As curvas são uma média de 400 simulações do MBI.

Todas as simulações realizadas buscavam a erradicação da doença. Analisando a dinâmica da doença apresentada nos quatros cenários e a comparação vista na Figura 18, pode-se observar que para uma taxa de vacinação **igual ou superior à 25%**, os resultados obtidos foram significativos, mostrando que o controle por vacinação é, de certa forma, eficiente na erradicação da doença, onde temos que para os indivíduos infectados primários, a erradicação ocorre em um período de tempo curto quando se comparado aos indivíduos infectados múltiparos, onde nota-se que o período de erradicação da doença é mais longo devido à expectativa de vida. Aplicando-se uma taxa de vacinação muito baixa, observa-se que a dinâmica da doença é diferente comparada com os demais cenários, isso porque essa proporção de vacina aplicada não foi o suficiente para erradicar a doença, o que era de se esperar. Observa-se

também que, os resultados obtidos com taxa de vacinação de 50% e 95%, apresentam diferenças quase que insignificantes. Resultados similares foram encontrados por Nepomuceno et al. (2018), onde o mesmo além de utilizar esse método para o combate a doença, propõem a utilização da vacinação pulsada como uma estratégia eficaz para a erradicação da doença, utilizando uma proporção menor de vacinas.

4 MBI COM REDES COMPLEXAS

Vários são os tipos possíveis de redes de contato para modelar a transmissão de doenças infecciosas, que vão desde de situações em que cada indivíduo pode interagir com qualquer outro indivíduo com a mesma probabilidade, ou seja, supõe-se que a população de indivíduos estudados se misturam homogeneamente (Nepomuceno, 2005). Ou também, considerar uma situação extremamente regular de contatos, em que cada indivíduo tem um número de contatos igual e a transmissão estritamente local, isto é, uma interação entre os vizinhos mais próximos (Monteiro et al., 2006).

Essas situações apresentadas, são abordagens que não se vê na realidade. No entanto, segue a questão: como representar as interações entre os indivíduos, para que o espalhamento de uma doença ocorra efetivamente de acordo como que se observa na natureza? (Alvarenga, 2008). Uma maneira de modelar as interações entre os indivíduos pode ser feita através de modelos de redes, como as redes aleatórias, onde os indivíduos tem em média o mesmo número de contatos, ou por meio de redes do tipo *scale-free*, em que alguns indivíduos tem maior número de contatos que outros (Alvarenga, 2008).

Neste capítulo será feita a modelagem da propagação da Brucelose, incorporando ao MBI proposto por Nepomuceno et al. (2018), a estrutura de redes aleatórias proposta por Erdős & Rényi (1959), redes *small world* proposta por Watts & Strogatz (1998) e rede *scale-free*, proposta por Barabási & Albert (1999).

4.0.1 Algoritmo do MBI com Redes Complexas

A adaptação do MBI com redes complexas pode ser vista através do fluxograma apresentado na Figura 19. Semelhante ao fluxograma para o MBI sem redes, a população inicial continua sendo determinada de maneira aleatória. Então, para

cada instante de tempo, considera-se cada indivíduo e através de uma distribuição probabilística, verifica-se se haverá ou não transição do indivíduo para outra categoria. Diferentemente do MBI sem redes, o indivíduo infectado poderá transmitir a doença para outro indivíduo, caso os mesmos estejam conectados entre si. Após todos os indivíduos serem avaliados, o tempo de simulação sofre um incremento de Δt unidades de tempo. Por fim, o algoritmo termina quando o tempo de simulação atinge o valor final definido por t_f .

4.0.2 Simulações do MBI com as Redes Complexas

Para cada tipo de rede estudada, foram obtidas as curvas médias de indivíduos suscetíveis, vacinados, latentes primíparos, infectados primíparos, latentes múltiparos e infectados múltiparos, com base em 400 simulações distintas do MBI correspondente.

As Figuras 20, 21 e 22, ilustram uma comparação entre as estruturas de redes, com o modelo MBI implementado no Capítulo 3. De uma maneira geral, para esse modelo em estudo, nota-se que, redes complexas com diferentes topologias, resultam em comportamentos semelhantes ao do MBI, porém com um número menor de indivíduos em cada compartimento, isso porque, com a inserção das redes ao MBI, aquela estrutura de homogeneidade que o MBI apresenta, onde todos indivíduos estão conectados entre si, agora será “quebrada”, pois será a topologia da rede que irá guiar a conexão entre esses indivíduos. Ou seja, a evolução da doença é sensível à topologia de rede utilizada.

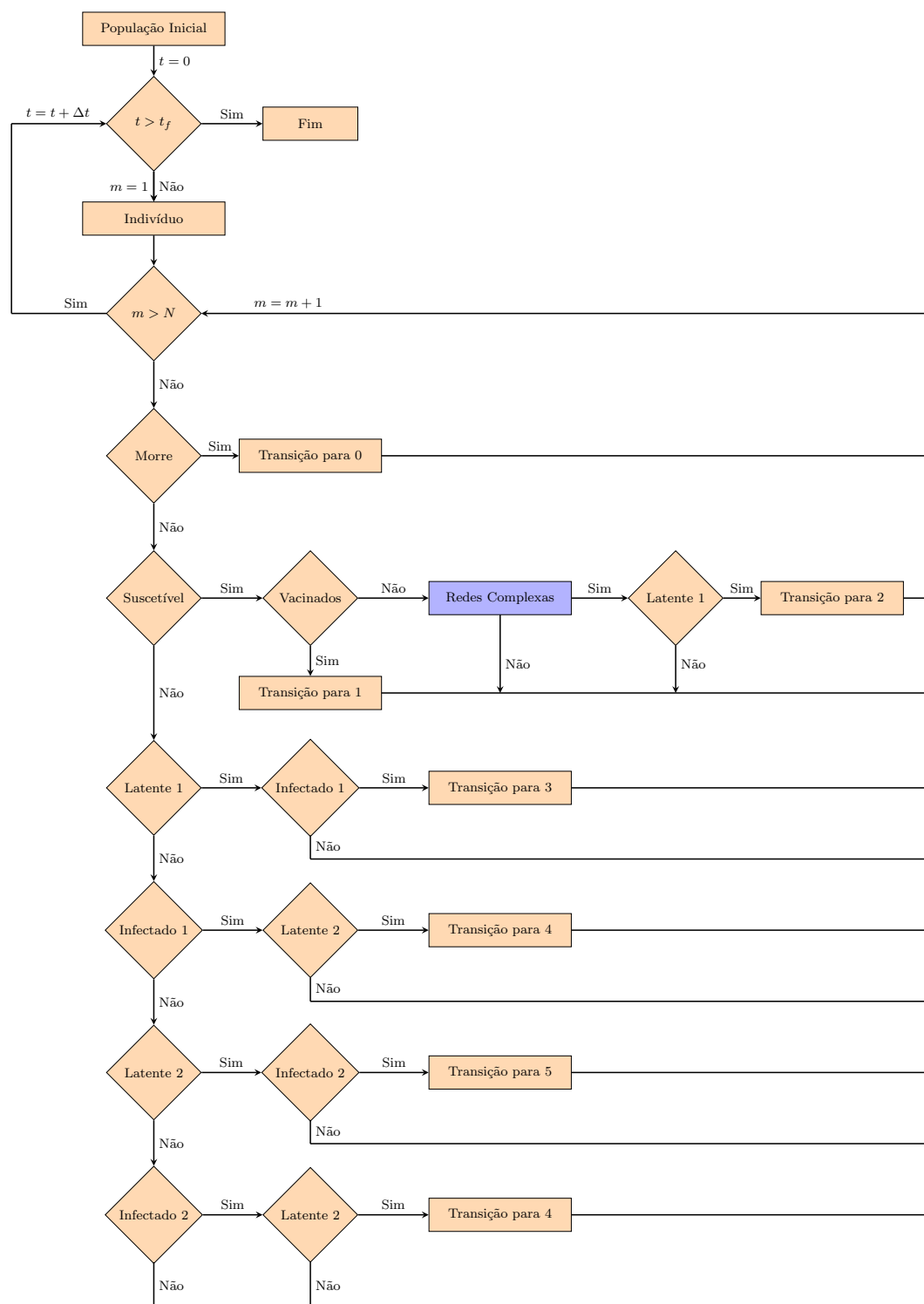


Figura 19: Fluxograma do MBI com Redes para brucelose bovina. Semelhante a Figura 13, cada indivíduo é avaliado de acordo com a formulação matemática descrita na seção 3.1.2. Porém, nesse caso, se o indivíduo não for vacinado ele é acrescentado na rede, podendo transmitir a doença caso o mesmo seja um indivíduo infectado.

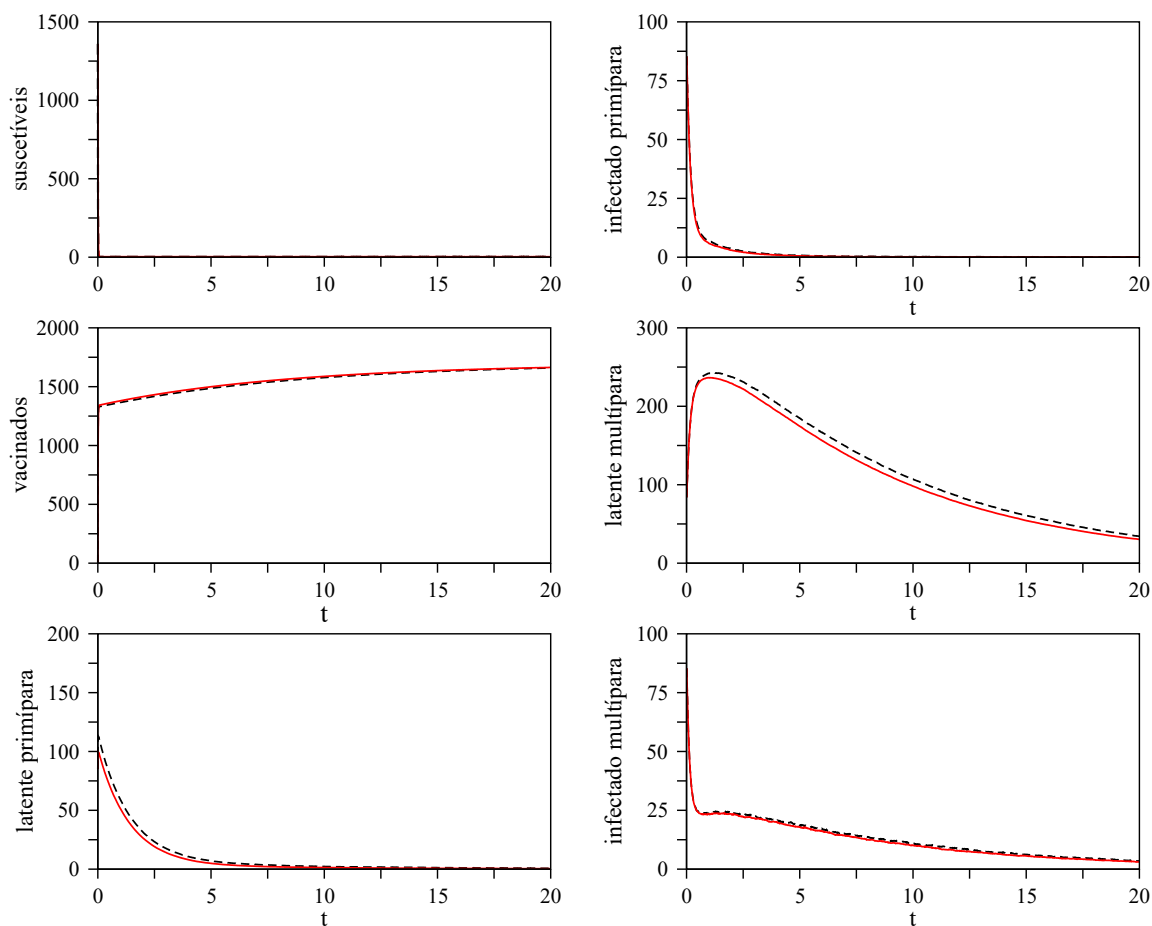


Figura 20: Comparação do MBI com Rede Aleatória (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta). Os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 1700$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.8N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.05N$ e $I_2 = 0.05N$. A taxa de vacinação foi mantida em 95%. Para o parâmetro p (probabilidade fixa de conexão) da Rede Aleatória, adotou-se o valor de 0.5

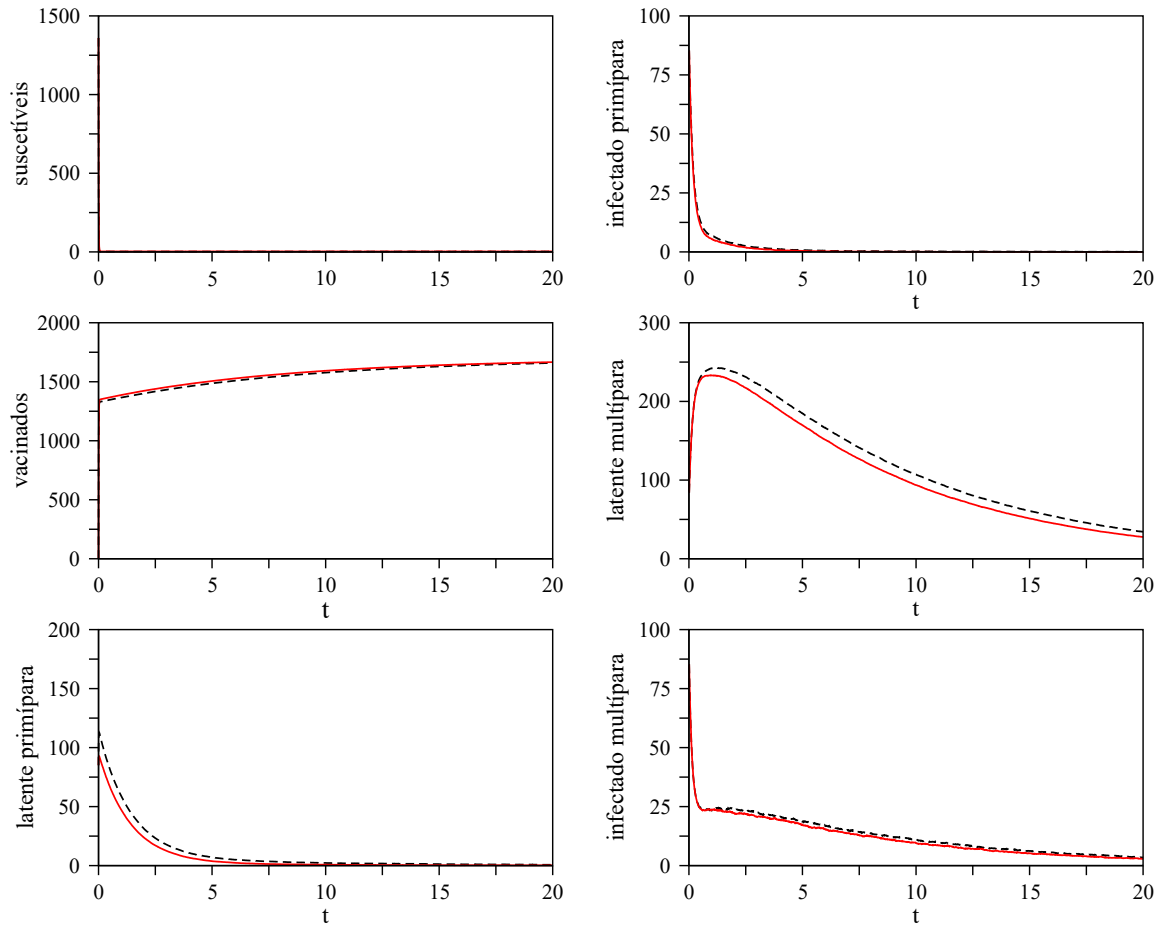


Figura 21: Comparação do MBI com Rede *Small World* (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta). Os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 1700$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.8N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.05N$ e $I_2 = 0.05N$. A taxa de vacinação foi mantida em 95%. Para os parâmetros p (probabilidade fixa de conexão) e k (número de vizinhos mais próximos) da Rede *Small World*, adotou-se os valores de 0.3 e 70, respectivamente.

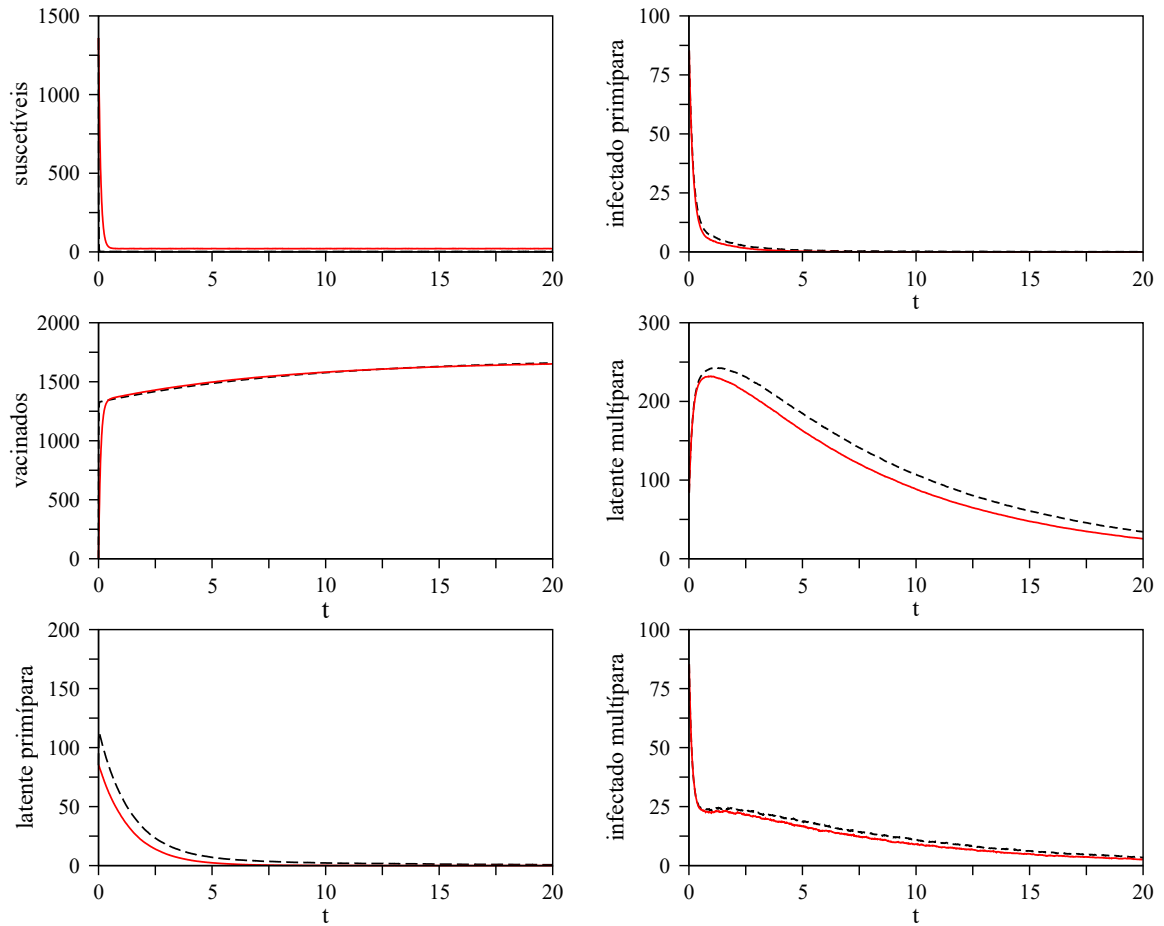


Figura 22: Comparação do MBI com Rede *Scale-Free* (linha contínua vermelha) e o MBI sem Redes (linha tracejada preta). Os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 1700$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.8N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.05N$ e $I_2 = 0.05N$. Manteu-se a taxa de vacinação fixa em 95%. Para o parâmetro n_0 (quantidade inicial de vértices da rede conectados entre si) da Rede *Scale-Free*, adotou-se o valor 70.

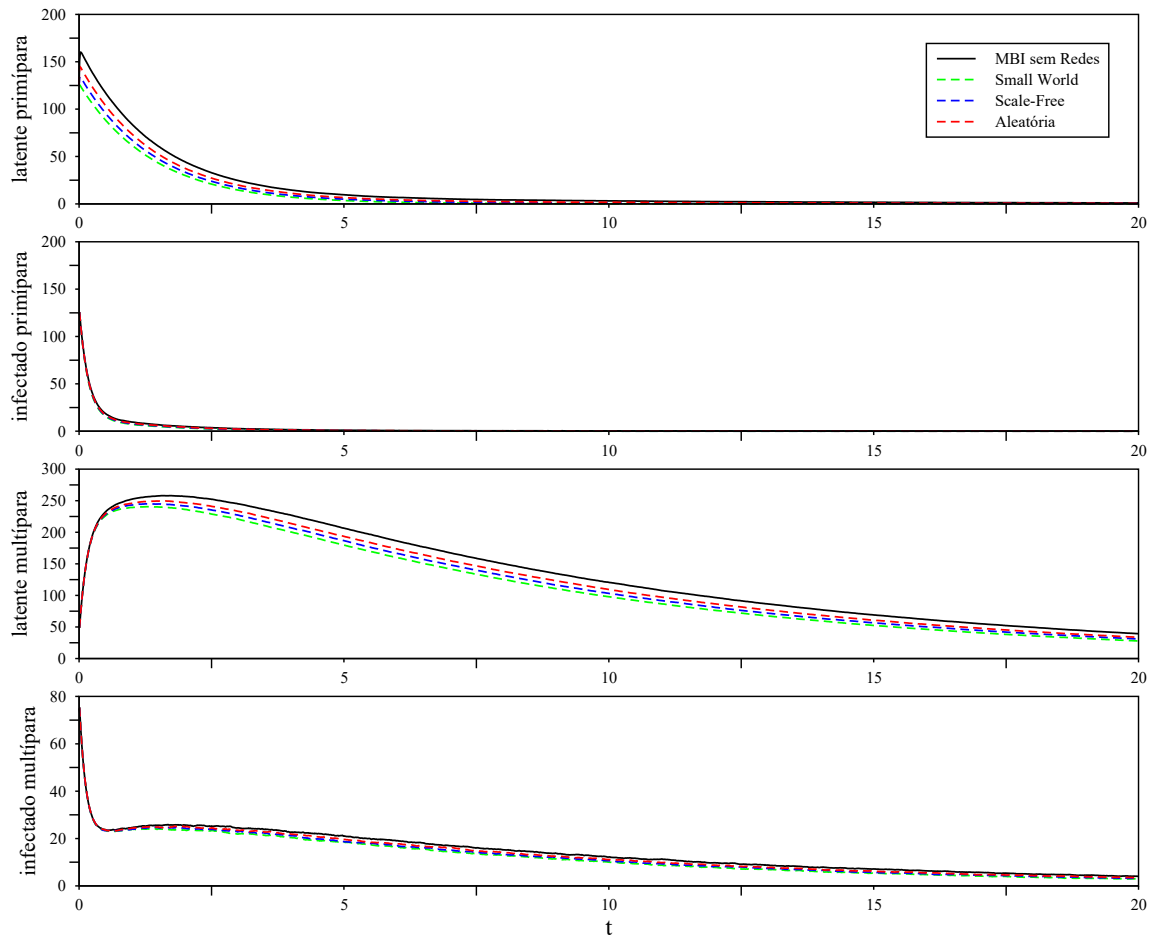


Figura 23: Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente. Os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 2500$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.85N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.02N$ e $I_2 = 0.03N$. Manteu-se a taxa de vacinação fixa em 95%. Para os parâmetros dos modelos de redes p , k e n_0 , adotaram-se os valores 0.6, 100 e 400, respectivamente.

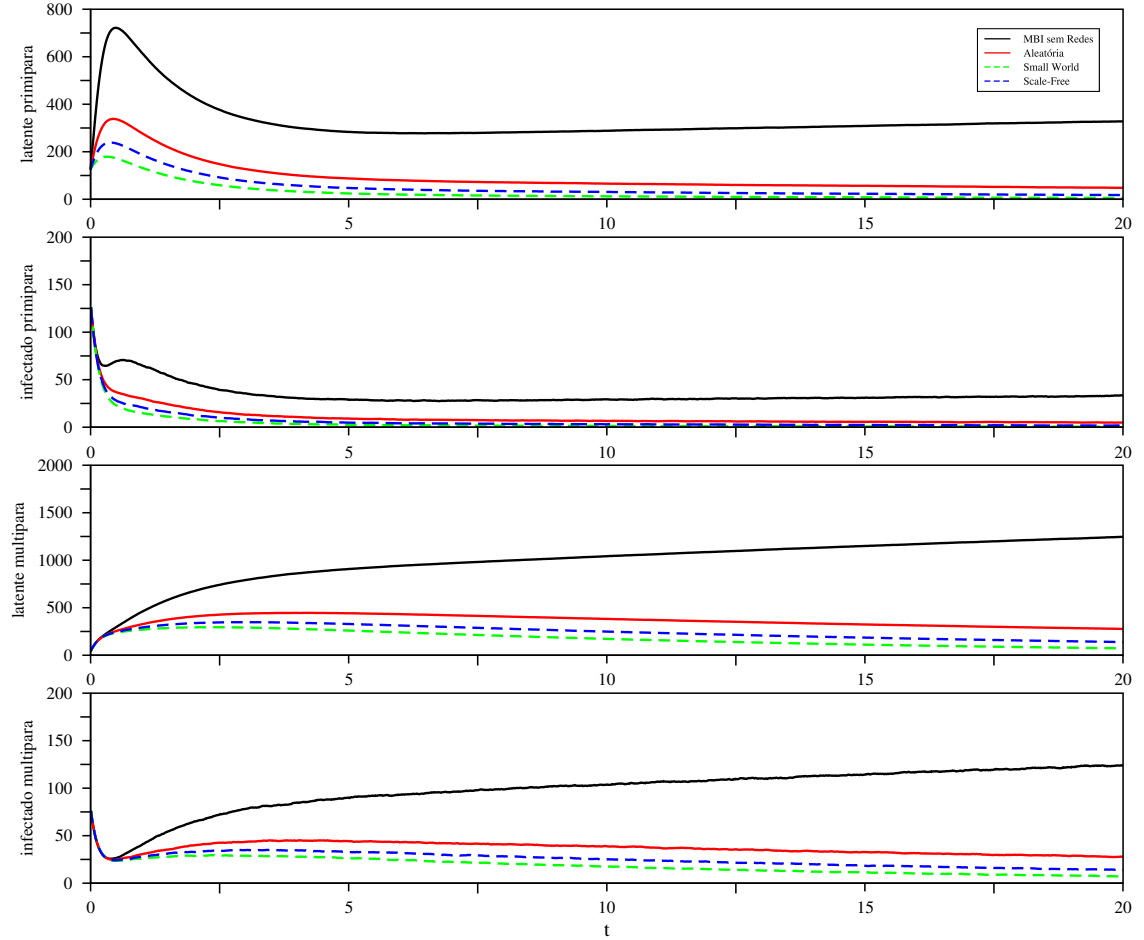


Figura 24: Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente. os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 2500$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.85N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.02N$ e $I_2 = 0.03N$. A taxa de vacinação para esse cenário foi mantida em 5%. Para os parâmetros dos modelos de redes p , k e n_0 , foram adotados os valores 0.6, 100 e 400, respectivamente.

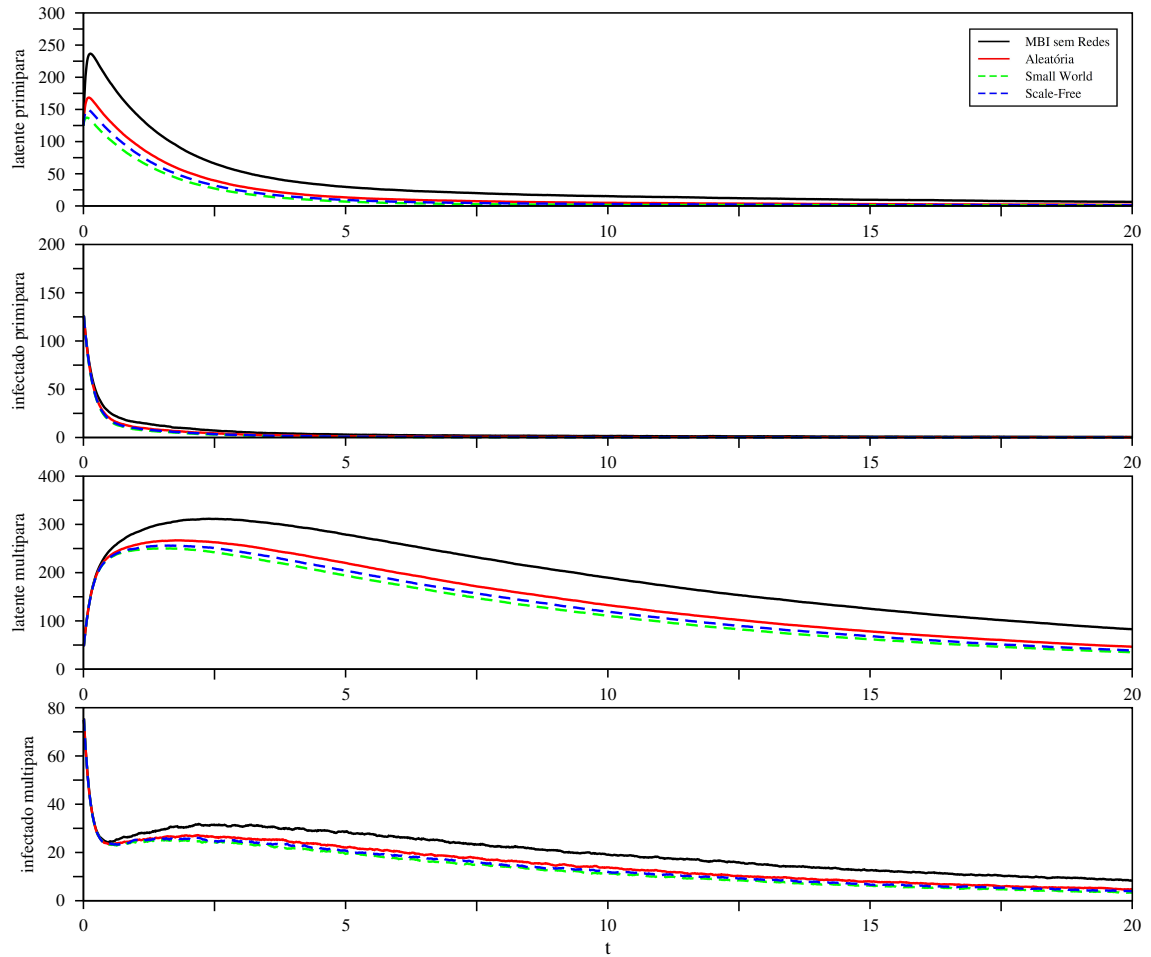


Figura 25: Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente. os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 2500$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.85N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.02N$ e $I_2 = 0.03N$. A taxa de vacinação para esse cenário foi mantida em 25%. Para os parâmetros dos modelos de redes p , k e n_0 , foram adotados os valores 0.6, 100 e 400, respectivamente.

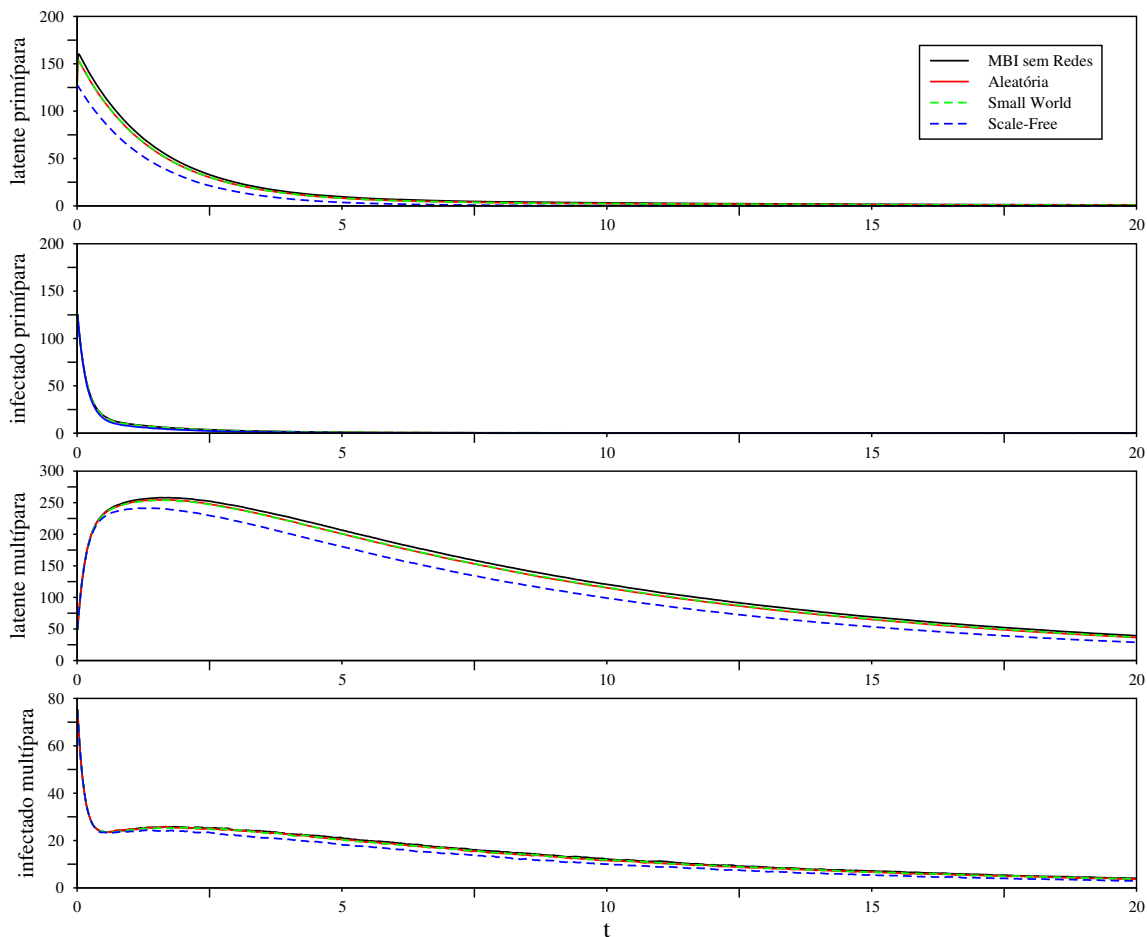


Figura 26: Comparação do MBI com os três modelos de redes simultaneamente. Os parâmetros utilizados na simulação foram: $N = 2500$, $\mu = 8$, $\gamma = \frac{5}{3}$, $\beta = 7.98 \times 10^{-2}$ e $\delta = \frac{1}{6}$. Condições iniciais: $S_0 = 0.85N$, $V_0 = 0$, $L_1 = 0.05N$, $I_1 = 0.05N$, $L_2 = 0.02N$ e $I_2 = 0.03N$. A taxa de vacinação foi mantida em 95%. Para os parâmetros dos modelos de redes p , k e n_0 , adotaram-se os valores 0.95, 2400 e 2450, respectivamente.

As Figuras 23, 24 e 25 mostram os quatro modelos (Modelo MBI, MBI com redes aleatórias, MBI com redes *Small World* e MBI com redes *Scale-Free*) simultaneamente considerando um número médio de 400 simulações e considerando diferentes taxas de vacinação. Essa mesma simulação foi feita variando-se apenas os valores dos parâmetros dos modelos de redes, como é mostrado na Figura 26.

Observe que, nas Figuras 23, 24 e 25 os modelos de redes apresentam uma dinâmica semelhante ao modelo MBI. Entretanto, quando fazemos a variação dos parâmetros das redes, como mostra a Figura 26, nota-se que a dinâmica dos modelos de redes, ficam cada vez mais próximas ao modelo MBI. Em particular, no caso da rede aleatória, ao ampliar o parâmetro p , relativo à conexão dos indivíduos, ao máximo, temos que o modelo se aproxima de uma rede totalmente conectada, o que seria praticamente equivalente ao modelo MBI.

5 CONCLUSÕES

Neste trabalho foi feito um estudo sobre uma doença infecciosa, mais especificamente uma zoonose, chamada de Brucelose Bovina, com foco na modelagem computacional. Essas pesquisas foram baseadas, principalmente, em estudos realizados por Nepomuceno et al. (2018), onde o mesmo propõem um Modelo Baseado em Indivíduos para o controle da Brucelose Bovina, e também em modelos de redes complexas.

Com as pesquisas feitas, observou-se que o MBI, mesmo sendo uma ferramenta eficiente para a modelagem de doenças infecciosas, em específico a Brucelose, apresentava limitações em sua estrutura. Uma dessas limitações era trabalhar com estruturas de interação entre indivíduos de forma homogênea, onde todos estavam conectados com todos, situação que não se observa na realidade. Sendo assim, foi proposto a implementação do MBI, em conjunto com modelos de redes complexas, para modelar a propagação da Brucelose. Dessa forma, foi feita a comparação entre as soluções produzidas pelos modelos de redes e o MBI, onde observou-se que tais modelos tinham comportamentos semelhantes ao MBI, e que ainda, a evolução da Brucelose é, de certa forma, sensível à topologia de rede utilizada. Ainda, foi possível notar que, em particular, a redes aleatórias, quando ampliado o seu parâmetro ao máximo, conseguimos mostrar que suas soluções são praticamente equivalentes as soluções produzidas pelo MBI.

Portanto, a pesquisa desenvolvida nesse trabalho mostra que o uso do MBI juntamente com as redes complexas, pode ser uma ferramenta eficaz na modelagem de doenças infecciosas, como é o caso da Brucelose.

Para trabalhos futuros, há possibilidade de: fazer as simulações numéricas e buscar validar o modelo usando tais soluções, de forma a verificar se essas, condizem

com a dinâmica real da doença em estudo, através do dados gerados pelo modelo com dados reais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABATIH, E.; ET AL. Mathematical analysis of the transmission dynamics of brucellosis among bison. **Mathematical Methods in the Applied Sciences**, v.38, n.17, p.3818–3832, 2015.

ACHA, P. N.; SZYFRES, B. **Zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al hombre ya los animales: Volumen III: Parasitosis**. Organizacion Panamericana de la Salud, 2003.

ALBERT, R.; BARABÁSI, A.-L. Statistical mechanics of complex networks. **Reviews of modern physics**, v.74, n.1, p.47, 2002.

ALMEIDA, A. C. L. Modelos matemáticos de propagação de epidemias baseados em redes sociais e detecção de clusters de doenças, 2011. Tese de doutorado - Universidade Federal de Minas Gerais.

ALVARENGA, L. R. Modelagem de Epidemias Através de Modelos Baseados em Indivíduos. Belo Horizonte, 2008. 74p. Dissertação (mestrado em engenharia elétrica) - Universidade Federal de Minas Gerais.

AMAKU, M.; DIAS, R. A.; FERREIRA NETO, J. S.; FERREIRA, F. Modelagem matemática do controle de brucelose bovina por vacinação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, p.135–141, 2009.

ARIZA, J.; ET AL. Perspectives for the treatment of brucellosis in the 21st century: the Ioannina recommendations. **PLoS Med**, v.4, n.12, p.e317, 2007.

BARABÁSI, A. L. **Linked - A Nova Ciência das Redes**. São Paulo: Leopardo Editora, 2009.

BARABÁSI, A.-L. Network science. **Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences**, v.371, n.1987, p.20120375, 2013.

BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. **Science**, v.286, n.5439, p.509–512, 1999.

BARBOSA, A. M.; DE SOUZA OLIVEIRA, E.; LACERDA, M. J.; SILVA, M. X.; NEPOMUCENO, E. G. Investigação da propagação espacial da Brucelose Bovina: Modelagem e Controle. **Congresso Brasileiro de Automática**, 2008.

BRITO, S. G. D. A. Contribuição ao estudo de redes complexas: modelo de afinidade com métrica, 2012. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

DE CAMARGO, A. L.; EISENCRAFT, M. Mapeamento de séries financeiras em redes complexas. **Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**, v.4, n.1, 2016.

CAMPANHARO, A. S.; RAMOS, F. M. Hurst exponent estimation of self-affine time series using quantile graphs. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, v.444, p.43–48, 2016.

CARNEIRO, M. G. Redes complexas para classificação de dados via conformidade de padrão, caracterização de importância e otimização estrutural, 2017. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo.

CHOQUE, C.; MOSHÉ, F. Modelos de propagação de epidemias em redes complexas, 2015. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo.

CIPULLO, R. I.; ET AL. Cattle movement network, herd size, and bovine brucellosis in the State of Mato Grosso, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, v.37, n.5, p.3777–3792, 2016.

CORBEL, M. J. Brucellosis: an overview. **Emerging infectious diseases**, v.3, n.2, p.213, 1997.

- COSTA, L. F.; RODRIGUES, F. A.; TRAVIESO, G.; VILLAS, P. R. Characterization of complex networks. **Advances in Physics**, v.56, 2007.
- DARBON, A.; ET AL. Network-based assessment of the vulnerability of Italian regions to bovine brucellosis. **Preventive veterinary medicine**, v.158, p.25–34, 2018.
- ERDŐS, P.; RÉNYI, A. On random graphs. **Publicationes Mathematicae**, v.6, 1959.
- FAGIOLO, G. Clustering in complex directed networks. **Physical Review E**, v.76, n.2, p.026107, 2007.
- FLOYD, R. W. Algorithm 97: Shortest Path. **Communications of the ACM**, v.5, n.6, p.345, 1962.
- FRANC, K. A.; ET AL. Brucellosis remains a neglected disease in the developing world: a call for interdisciplinary action. **BMC public health**, v.18, n.1, p.1–9, 2018.
- GRIMM, V. Ten years of individual-based modelling in ecology: what have we learned and what could we learn in the future? **Ecological modelling**, v.115, n.2-3, p.129–148, 1999.
- HAVAS, K.; ET AL. A Brucellosis Disease Control Strategy for the Kakheti Region of the Country of Georgia: An Agent-Based Model. **Zoonoses and public health**, v.61, n.4, p.260–270, 2014.
- HEESTERBEEK, H.; ET AL. Modeling infectious disease dynamics in the complex landscape of global health. **Science**, v.347, n.6227, 2015.
- KUPERMAN, M.; ABRAMSON, G. Small World Effect in an Epidemiological Model. **Phys. Rev. Lett.**, v.86, n.13, p.2909–2912, 2001.
- LAMBERT, S.; ET AL. An individual-based model to assess the spatial and individual heterogeneity of *Brucella melitensis* transmission in Alpine ibex. **Ecological Modelling**, v.425, p.109009, 2020.

- LATORA, V.; MARCHIORI, M. Efficient behavior of small-world networks. **Physical review letters**, v.87, n.19, p.198701, 2001.
- LI, M.-T.; ET AL. Modeling direct and indirect disease transmission using multi-group model. **Journal of Mathematical Analysis and Applications**, v.446, n.2, p.1292–1309, 2017.
- LI, M.-T.; ET AL. Asymptotic analysis of endemic equilibrium to a brucellosis model, 2019.
- LILJEROS, F.; EDLING, C. R.; AMARAL, L. A. N.; STANLEY, H. E.; ÅBERG, Y. The web of human sexual contacts. **Nature**, v.411, n.6840, p.907–908, 2001.
- LUSSEAU, D.; ET AL. The bottlenose dolphin community of Doubtful Sound features a large proportion of long-lasting associations. **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v.54, n.4, p.396–405, 2003.
- MENDES, G. A. Contribuições ao estudo das redes complexas: modelo de qualidade, 2007. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Rio Grande do Norte.
- MILGRAM, S. The small world problem. **Psychology today**, v.2, n.1, p.60–67, 1967.
- MONTEIRO, L.; CHIMARA, H.; BERLINCK, J. C. Big cities: shelters for contagious diseases. **Ecological Modelling**, v.197, n.1-2, p.258–262, 2006.
- MONTEIRO, L. A. R. C. Prevalencia e fatores de risco associados à Brucelose bovina em rebanhos de Mato Grosso do Sul, 2004. Dissertação (Mestrado) - .
- MORENO, E. Retrospective and prospective perspectives on zoonotic brucellosis. **Frontiers in microbiology**, v.5, p.213, 2014.
- NEPOMUCENO, E. G. Dinâmica, Modelagem e Controle de Epidemias. Belo Horizonte, 2005. Tese de doutorado - Universidade Federal de Minas Gerais.
- NEPOMUCENO, E. G.; ET AL. Individual-based modelling and control of bovine brucellosis. **Royal Society open science**, v.5, n.5, p.180200, 2018.

- NEWMAN, M. **Networks: An Introduction**. Oxford University Press., 2010.
- NEWMAN, M. E. The structure and function of complex networks. **SIAM review**, v.45, n.2, p.167–256, 2003.
- NEWMAN, M. E. J. The spread of epidemic disease on networks. **Physical Review Letters**, v.66, p.016128, 2002.
- NYERERE, N.; ET AL. Mathematical model for the infectiology of brucellosis with some control strategies, 2019.
- PAPPAS, G.; PAPADIMITRIOU, P.; AKRITIDIS, N.; CHRISTOU, L.; TSIANOS, E. V. The new global map of human brucellosis. **The Lancet infectious diseases**, v.6, n.2, p.91–99, 2006.
- PAULIN, L.; FERREIRA NETO, J. A experiência brasileira no combate à brucelose bovina. **Arquivos do instituto biológico**, v.69, n.2, p.105–12, 2002.
- RIBEIRO, R. Um estudo das doenças Brucelose e Babesiose bovina com população não constante, 2017. Dissertação de mestrado - Universidade Federal de Alfenas.
- RODRIGUES, F. A. Caracterização, classificação e análise de redes complexas. São Carlos, 2007. Tese de doutorado - Universidade de São Paulo.
- ROY, S.; ET AL. A network control theory approach to modeling and optimal control of zoonoses: case study of brucellosis transmission in sub-Saharan Africa. **PLoS Negl Trop Dis**, v.5, n.10, p.e1259, 2011.
- SAVINI, L.; ET AL. Development of a forecasting model for brucellosis spreading in the Italian cattle trade network aimed to prioritise the field interventions. **PLoS One**, v.12, n.6, p.e0177313, 2017.
- SILVA, M. X. Estudo Multidimensional da brucelose em Minas Gerais e adequação de um modelo baseado em indivíduos para rabanhos bovinos., 2007. Tese de doutorado - Universidade Federal de Minas Gerais.

DE SOUZA, V. A. F.; ET AL. Mathematical modeling of bovine brucellosis control using the RB51 vaccine. **Semina: Ciências Agrárias**, v.37, n.5Supl2, p.3767–3776, 2016.

SUNDARESAN, S. R.; FISCHHOFF, I. R.; DUSHOFF, J.; RUBENSTEIN, D. I. Network metrics reveal differences in social organization between two fission–fusion species, Grevys zebra and onager. **Oecologia**, v.151, n.1, p.140–149, 2007.

TREANOR, J. J.; ET AL. Vaccination strategies for managing brucellosis in Yellowstone bison. **Vaccine**, v.28, p.F64–F72, 2010.

TUMWIINE, J.; ROBERT, G. A mathematical model for treatment of bovine brucellosis in cattle population. **Journal of Mathematical Modeling**, v.5, n.2, p.137–152, 2017.

VERA, A. M.; CÉSAR, A. C. Propriedades de redes complexas de telecomunicações. **Mestrado, Universidade de São Paulo**, 2011.

WASSERMAN, S.; FAUST, K.; ET AL. **Social network analysis: Methods and applications**. Cambridge university press, 1994. 8v.

WATTS, D. J.; STROGATZ, S. H. Collective Dynamics of “Small World” Networks. **Letters to Nature**, v.393, 1998.

YAMAMOTO, T.; ET AL. Evaluation of surveillance strategies for bovine brucellosis in Japan using a simulation model. **Preventive veterinary medicine**, v.86, n.1-2, p.57–74, 2008.

APÊNDICES

Apêndice A

Algoritmo de Floyd - Warshall

O algoritmo de Floyd-Warshall calcula os caminhos mais curtos entre todos os pares de vértices de um grafo direcionado (ou não-direcionado) e ponderados que, eventualmente, possua arcos com pesos negativos, mas que não possuam ciclos de custo negativo.

A princípio, o algoritmo compara os caminhos entre os vértices i e j , passando por k vértices intermediários. Em outras palavras, todos os caminhos entre cada par de vértices são analisados. Para tal, tem-se uma matriz de distância $L_{n \times n}$ onde, a cada iteração, corresponderá a uma nova matriz L , cujos valores são modificados utilizando uma fórmula de recorrência:

$$L_{ij}^n = \min\{L_{ik}^{n-1} + L_{kj}^{n-1}, L_{ij}^{n-1}\}.$$

De uma maneira geral, o algoritmo se baseia nos seguintes passos:

1. Determina-se inicialmente a matriz L^0 , cujos valores correspondem aos comprimentos dos arcos se os mesmos existirem, caso contrário, toma-se como valor ∞ . Faça também os elementos da diagonal principal de L^0 tomarem valores iguais a zero, ou seja, não se considera autoconexão.

2. Depois, calcula-se as matrizes L^1 de L^0 , L^2 de L^1 até se obter L^n de L^{n-1} . A matriz final L^n é a matriz que apresenta as distâncias mínimas entre todos os nós da rede.

Abaixo segue uma implementação em pseudocódigo do algoritmo de Floyd-Warshall:

L é a matriz de adjacência.

Entrada: Matriz de pesos $D = \{d_{ij}\}$ para todas as arestas $\{i,j\}$

```

1  $L \leftarrow D$ ;
2 para  $k \leftarrow 1$  até  $n$  faça
3   para  $i \leftarrow 1$  até  $n$  faça
4     para  $j \leftarrow 1$  até  $n$  faça
5       se  $L[i,k] + L[k,j] < L[i,j]$  então
6          $L[i,j] \leftarrow L[i,k] + L[k,j]$ ;
7       fim
8     fim
9   fim
10 fim

```