

Relatório Ciência de Redes

Gustavo Tironi e João Felipe Vilas Boas

25 de novembro de 2025

Sumário

1	Introdução	2
2	Modelo e metodologia	2
2.1	Modelo SIS e parâmetro básico de reprodução	2
2.2	Redes consideradas	3
2.3	Procedimento de simulação	3
3	Resultados numéricos e discussão	4
3.1	Questão 1: rede Erdős–Rényi (ER)	4
3.2	Questão 2: rede livre de escala	6
3.3	Comparação ER vs livre de escala	8
3.4	Questão 3: estratégias de imunização	8
4	Conclusões	10

1 Introdução

Modelos de propagação de epidemias em redes complexas permitem estudar como a estrutura de conexões entre indivíduos afeta a dinâmica de doenças infecciosas, vírus de computador ou informações. Neste trabalho consideramos o modelo SIS (suscetível–infectado–suscetível), no qual cada vértice pode estar em um de dois estados: suscetível (S) ou infectado (I). Vértices infectados transmitem a doença para seus vizinhos suscetíveis com probabilidade β (por unidade de tempo) e se recuperam, voltando ao estado suscetível, com probabilidade μ .

O enunciado propõe três tarefas principais:

- **Questão 1:** simular o modelo SIS em uma rede aleatória de Erdős–Rényi (ER) com $N = 10\,000$ vértices e grau médio $\langle k \rangle = 20$, para diferentes pares (β, μ) , e verificar a condição de fixação da epidemia com base em R_0 .
- **Questão 2:** repetir o estudo em uma rede livre de escala com expoente $\gamma = 2,5$, comparando o comportamento médio da epidemia com o obtido na rede ER.
- **Questão 3:** considerando a rede livre de escala do item (2-a), estudar estratégias de imunização de vértices e determinar quantos vértices precisam ser imunizados para impedir a fixação do estado endêmico.

A seguir descrevemos o modelo matemático, os algoritmos de simulação implementados e, em seguida, apresentamos e discutimos os resultados numéricos das três questões.

2 Modelo e metodologia

2.1 Modelo SIS e parâmetro básico de reprodução

No modelo SIS em uma rede, cada vértice i possui um estado $X_i(t) \in \{0, 1\}$, onde $X_i(t) = 0$ indica suscetível e $X_i(t) = 1$ indica infectado. A cada passo de tempo discreto:

- para cada vértice infectado, cada vizinho suscetível é infectado com probabilidade β ;
- cada vértice infectado se recupera com probabilidade μ , voltando ao estado suscetível.

No limite de mistura homogênea (ou em redes regulares), a dinâmica média da fração de infectados $i(t)$ pode ser aproximada por

$$\frac{di}{dt} \approx \beta \langle k \rangle i(1 - i) - \mu i, \quad (1)$$

onde $\langle k \rangle$ é o grau médio da rede. O parâmetro básico de reprodução é então

$$R_0 = \frac{\beta \langle k \rangle}{\mu}. \quad (2)$$

Neste modelo de campo médio, a prevalência endêmica estacionária (i.e., a fração de infectados no regime estacionário) é

$$i^* = \begin{cases} 0, & R_0 \leq 1, \\ 1 - \frac{\mu}{\beta \langle k \rangle}, & R_0 > 1. \end{cases} \quad (3)$$

Um dos objetivos centrais deste trabalho é comparar essa previsão de campo médio com os resultados das simulações em redes ER e em redes livres de escala, especialmente próximos ao limiar $R_0 = 1$.

2.2 Redes consideradas

Rede Erdős–Rényi (Questão 1). Para a Questão 1 foi implementada uma classe em Python que gera uma rede aleatória de Erdős–Rényi $G(n, p)$ com

- $N = 10\,000$ vértices;
- probabilidade de conexão $p = \frac{\langle k \rangle}{N - 1}$, com $\langle k \rangle = 20$.

Essa topologia corresponde a uma rede relativamente homogênea, em que os graus dos vértices estão concentrados em torno de $\langle k \rangle$.

Rede livre de escala (Questões 2 e 3). Para a Questão 2 foi utilizada uma classe análoga que gera redes livres de escala por meio do modelo de configuração:

1. gera-se uma sequência de graus $\{k_i\}$ com distribuição de lei de potência $\mathbb{P}(k) \propto k^{-\gamma}$, com $\gamma = 2,5$;
2. ajusta-se a sequência para obter grau médio $\langle k \rangle \approx 20$;
3. constrói-se um grafo via *configuration model* e removem-se auto-laços.

Essa construção produz uma rede com poucos *hubs* de grau muito alto e muitos vértices de grau baixo, característica típica de redes livres de escala.

Na Questão 3, para estudar imunização, é fixada uma realização da rede livre de escala do cenário (2-a), com $N = 10\,000$ e $\langle k \rangle \approx 20$.

2.3 Procedimento de simulação

SIS nas Questões 1 e 2. Em ambas as questões, o algoritmo de simulação SIS é do tipo atualização síncrona:

1. Inicializa-se o estado dos vértices com todos suscetíveis, exceto 5 vértices infectados escolhidos aleatoriamente;
2. a cada passo de tempo, calcula-se um novo vetor de estados a partir do vetor corrente, aplicando as probabilidades de infecção (β) e recuperação (μ);
3. registra-se o número de vértices infectados a cada passo.

Para cada par de parâmetros (β, μ) são executadas em torno de 100 simulações independentes. Em cada simulação, é gerada uma nova rede aleatória (ER ou livre de escala); com isso, estamos promediando tanto sobre a dinâmica SIS quanto sobre diferentes realizações da rede, o que é razoável dado o foco em comportamento médio.

Para estimar a prevalência endêmica a partir das simulações, consideramos a fração de infectados na segunda metade da simulação e tiramos a média sobre todas as realizações.

SIS com imunização (Questão 3). Na Questão 3 consideramos a rede livre de escala usada no cenário (2-a) e fixamos sua topologia. Definimos três estratégias de imunização de vértices:

1. **Imunização aleatória:** escolhe-se um subconjunto de vértices uniformemente ao acaso e marca-se cada um como imunizado (estado permanente, que não pode ser infectado).
2. **Imunização de hubs:** ordenam-se os vértices por grau em ordem decrescente e imunizam-se primeiro os vértices de maior grau.
3. **Imunização de vizinhos:** escolhem-se vértices aleatórios e, para cada um deles, imuniza-se um de seus vizinhos, até atingir a fração desejada.

Para uma fração de imunizados f e uma estratégia fixa, o modelo SIS é simulado várias vezes (por exemplo, 50 simulações) e calculamos a prevalência média na segunda metade da trajetória, apenas entre os vértices não imunizados. Variamos f de 0 a 0,6 e buscamos o menor valor f_c para o qual a prevalência média cai abaixo de 1%.

3 Resultados numéricos e discussão

3.1 Questão 1: rede Erdős–Rényi (ER)

A Questão 1 pede para simular o modelo SIS em uma rede ER com $N = 10\,000$ e $\langle k \rangle = 20$, iniciando com 5 infectados, para os três conjuntos de parâmetros:

- (a) $\beta = 0,02$, $\mu = 0,10$,
- (b) $\beta = 0,02$, $\mu = 0,40$,
- (c) $\beta = 0,02$, $\mu = 0,50$.

Pelo modelo de campo médio, o parâmetro básico de reprodução é

$$R_0 = \frac{\beta \langle k \rangle}{\mu} = \frac{0,02 \times 20}{\mu} = \frac{0,4}{\mu}.$$

Assim:

- (a) $\mu = 0,10 \Rightarrow R_0 = 4,0 > 1$;
- (b) $\mu = 0,40 \Rightarrow R_0 = 1,0$ (limite crítico);
- (c) $\mu = 0,50 \Rightarrow R_0 = 0,8 < 1$.

Da Eq. (3), obtemos as prevalências teóricas:

- (a) $i_{\text{teórico}}^* = 1 - 0,10/0,4 = 0,75$, isto é, 75% de infectados em média;
- (b) e (c) $i_{\text{teórico}}^* = 0$, pois $R_0 \leq 1$.

A Tabela 1 resume os valores teóricos e simulados (a fração simulada é a média na segunda metade da simulação), tanto para a rede ER (Questão 1) quanto para a rede livre de escala (Questão 2).

Tabela 1: Resumo dos resultados das Questões 1 e 2. A prevalência simulada corresponde à média da fração de infectados na segunda metade da simulação. Os valores de R_0 são calculados pela fórmula de campo médio $R_0 = \beta \langle k \rangle / \mu$ com $\langle k \rangle = 20$.

Questão	Rede	Cenário	β	μ	R_0	$i_{\text{teórico}}^*$ (%)	i_{sim}^* (%)
1	ER	(a)	0,02	0,10	4,00	75,0	66,3
1	ER	(b)	0,02	0,40	1,00	0,0	0,05
1	ER	(c)	0,02	0,50	0,80	0,0	0,00
2	LF	(a)	0,01	0,10	2,00	50,0	35,9
2	LF	(b)	0,01	0,20	1,00	0,0	13,6
2	LF	(c)	0,01	0,30	0,67	0,0	6,6

Na rede ER, observamos que:

- No cenário (a), a fração de infectados cresce rapidamente a partir dos 5 infectados iniciais e se estabiliza em um platô em torno de 66%, próximo do valor teórico 75%.
- Nos cenários (b) e (c), a prevalência simulada é praticamente nula, compatível com a previsão de extinção da epidemia para $R_0 \leq 1$.

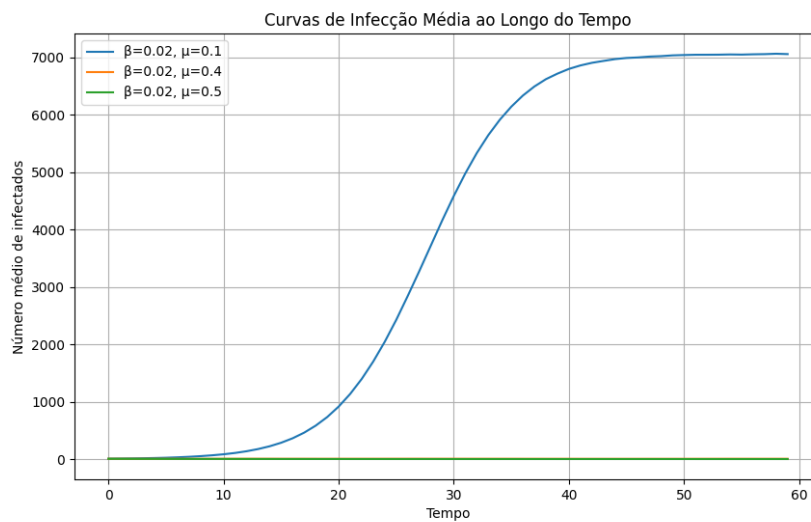


Figura 1: Questão 1 – rede Erdős–Rényi: curvas médias do número de infectados ao longo do tempo para os três cenários (β, μ) .

As curvas individuais de cada simulação e as curvas médias por cenário estão guardadas nos arquivos de imagem da pasta **resultados_1**. Uma forma organizada de incluí-las é colocá-las em um apêndice:

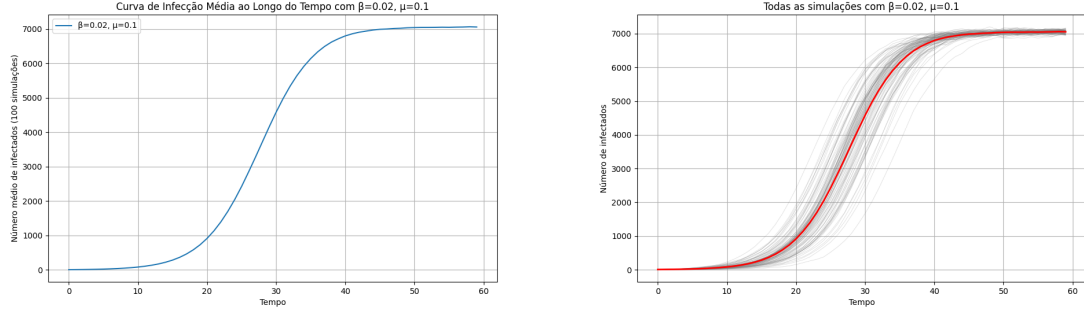


Figura 2: Questão 1, cenário (a): curva média de infectados (esquerda) e todas as simulações individuais (direita) na rede ER.

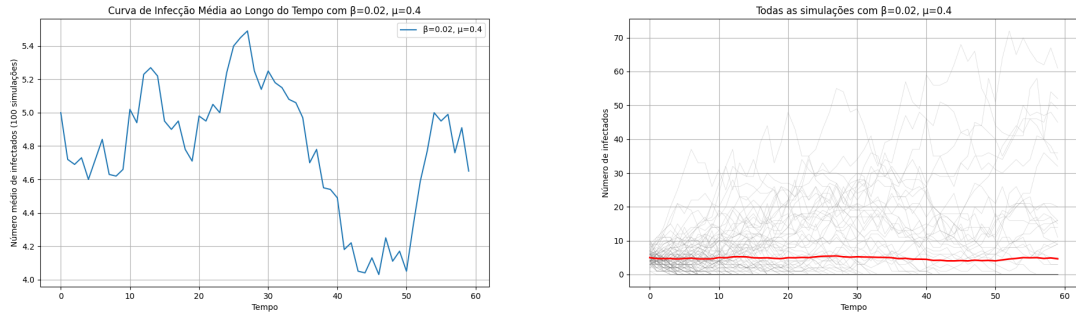


Figura 3: Questão 1, cenário (b): curva média de infectados (esquerda) e todas as simulações individuais (direita) na rede ER.

3.2 Questão 2: rede livre de escala

Na Questão 2 repetimos o experimento, agora em uma rede livre de escala com $N = 10\,000$, $\langle k \rangle \approx 20$ e expoente $\gamma = 2,5$. Os parâmetros são:

- (a) $\beta = 0,01$, $\mu = 0,10$,
- (b) $\beta = 0,01$, $\mu = 0,20$,
- (c) $\beta = 0,01$, $\mu = 0,30$.

O parâmetro de reprodução, pelo mesmo campo médio homogêneo, é

$$R_0 = \frac{0,01 \times 20}{\mu} = \frac{0,2}{\mu},$$

de forma que:

- (a) $\mu = 0,10 \Rightarrow R_0 = 2,0 > 1$;
- (b) $\mu = 0,20 \Rightarrow R_0 = 1,0$;
- (c) $\mu = 0,30 \Rightarrow R_0 \approx 0,67 < 1$.

A Tabela 1 mostra que, na rede livre de escala, os resultados diferem significativamente do caso ER:

- No cenário (a), com $R_0 = 2$, a prevalência simulada é de aproximadamente 36%, abaixo da previsão de campo médio de 50%, mas ainda claramente endêmica.

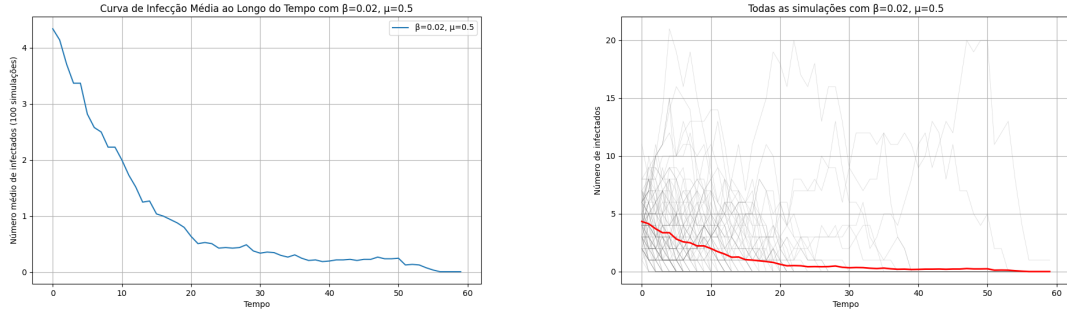


Figura 4: Questão 1, cenário (c): curva média de infectados (esquerda) e todas as simulações individuais (direita) na rede ER.

- No cenário (b), embora o campo médio homogêneo preveja $i_{\text{teórico}}^* = 0$, observamos uma prevalência média simulada de cerca de 14%, indicando que a epidemia *não* se extingue na rede livre de escala.
- No cenário (c), mesmo com $R_0 < 1$ no modelo homogêneo, a simulação mostra um regime com prevalência média em torno de 6,6%.

Esse comportamento reflete o efeito de vértices de grau muito alto, que atuam como hubs e mantêm a doença circulando, mesmo em condições em que o modelo homogêneo apontaria para extinção. Na prática, o limiar epidêmico em redes livres de escala com expoente $\gamma \leq 3$ tende a ser muito pequeno ou mesmo a desaparecer no limite termodinâmico.

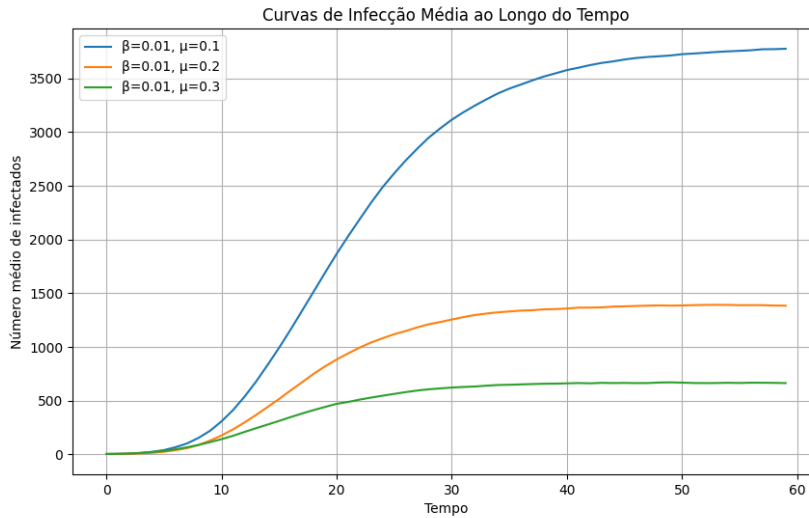


Figura 5: Questão 2 – rede livre de escala: curvas médias do número de infectados ao longo do tempo para os três cenários (β, μ) .

Além dessa visualização mais sintética, o código gerou figuras detalhadas para cada cenário na pasta `resultados_2`:

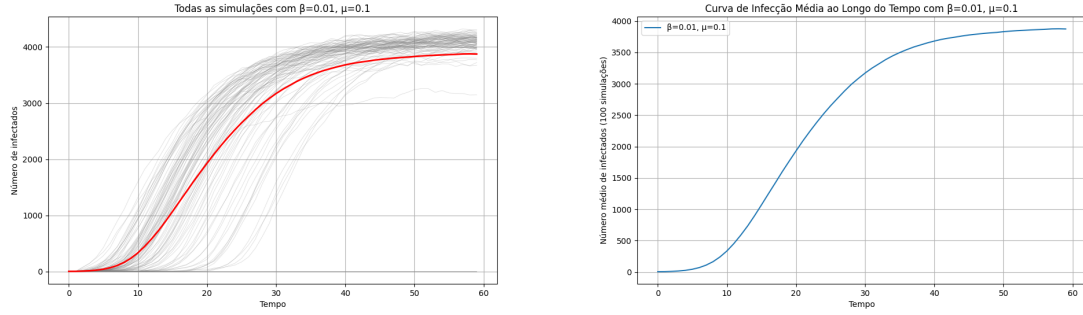


Figura 6: Questão 2, cenário (a): todas as trajetórias individuais com a curva média em vermelho (esquerda) e curva média isolada (direita) na rede livre de escala.

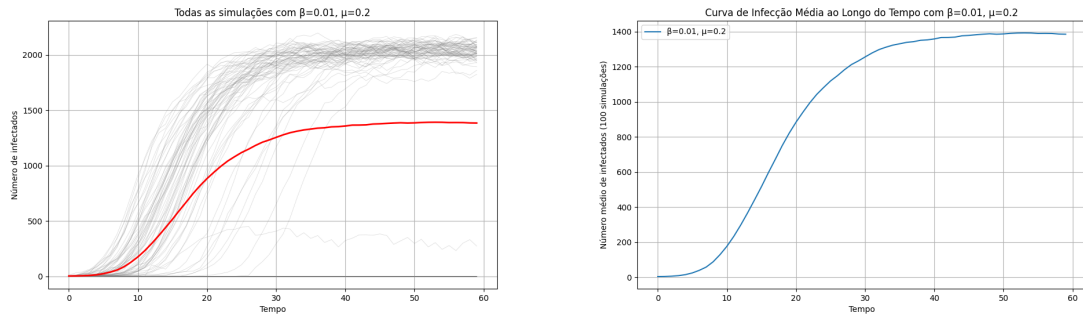


Figura 7: Questão 2, cenário (b): todas as trajetórias individuais (esquerda) e curva média (direita) na rede livre de escala.

3.3 Comparação ER vs livre de escala

Para visualizar diretamente a diferença entre as duas topologias, podemos comparar as curvas médias do cenário com $R_0 > 1$ em cada rede (cenário (a) em ambas). A Figura 9 mostra lado a lado a curva média na rede ER e na rede livre de escala.

De forma qualitativa, podemos destacar:

- Na rede ER, a dinâmica segue de perto a previsão de campo médio: há um limiar claro em $R_0 \approx 1$, abaixo do qual a epidemia se extingue e acima do qual surge um estado endêmico bem definido.
- Na rede livre de escala, por outro lado, mesmo nos cenários em que o campo médio homogêneo preveja extinção ($R_0 \leq 1$), a simulação mostra prevalências positivas significativas. Isso indica que a heterogeneidade nos graus torna a rede muito mais vulnerável à propagação da doença, diminuindo efetivamente o limiar epidêmico.

3.4 Questão 3: estratégias de imunização

Na Questão 3 consideramos a rede livre de escala da Questão 2, cenário (a), com $\beta = 0,01$ e $\mu = 0,10$ (ou seja, $R_0 = 2$ no modelo homogêneo). Sem imunização, a prevalência endêmica observada nas simulações é de aproximadamente 39% dos vértices não imunizados.

Foram testadas três estratégias de imunização, variando a fração f de vértices imunizados entre 0 e 0,6:

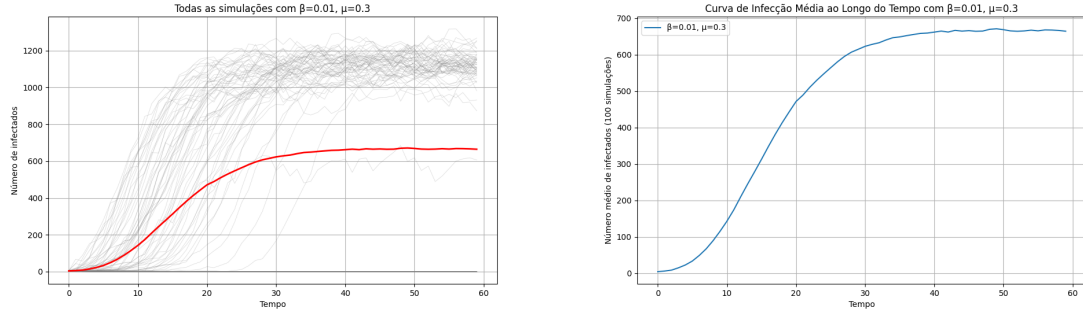
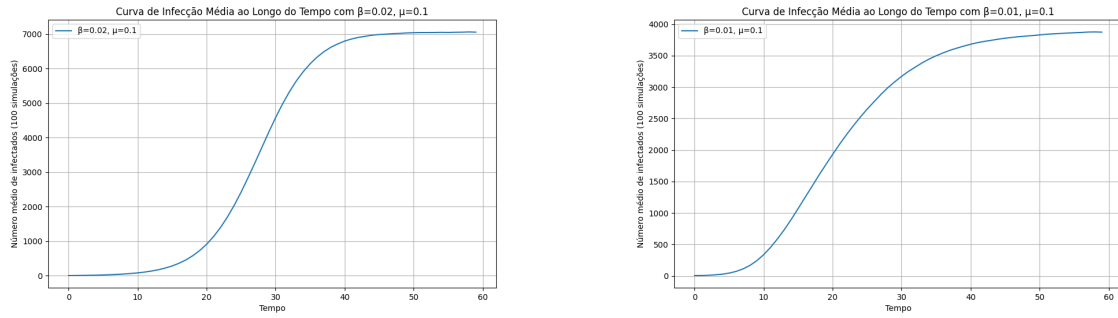


Figura 8: Questão 2, cenário (c): todas as trajetórias individuais (esquerda) e curva média (direita) na rede livre de escala.



(a) Rede ER, $\beta = 0,02$, $\mu = 0,10$.

(b) Rede livre de escala, $\beta = 0,01$, $\mu = 0,10$.

Figura 9: Comparação das curvas médias de infectados para casos com $R_0 > 1$ na rede ER (esquerda) e na rede livre de escala (direita).

- **Imunização aleatória (random):** mesmo imunizando até $f = 0,6$ (ou seja, cerca de 6 000 vértices num total de 10 000), a prevalência simulada permanece acima de 8%. Nenhum limiar f_c com prevalência abaixo de 1% foi encontrado no intervalo de frações testado.
- **Imunização de hubs (hubs):** imunizando apenas a fração $f = 0,05$ (aproximadamente 500 vértices de maior grau), a prevalência já cai para cerca de 0,85%, isto é, abaixo de 1%. Para frações maiores, a prevalência torna-se essencialmente nula.
- **Imunização de vizinhos (neighbors):** ao imunizar vizinhos de vértices escolhidos aleatoriamente, é necessário chegar a $f \approx 0,20$ (cerca de 2 000 vértices) para que a prevalência caia abaixo de 1%.

Os resultados numéricos são resumidos graficamente na Figura 10, gerada pelos códigos da Questão 3 na pasta `resultados_3`.

Há ainda um arquivo adicional `resultados_3/Figure_1.png` com o mesmo conteúdo, que pode ser utilizado como figura alternativa caso se queira modificar o layout ou o nível de detalhamento.

A partir dos resultados, podemos resumir os limiares críticos aproximados de fração imunizada f_c da seguinte forma:

- **Imunização aleatória:** nenhum limiar $f_c \leq 0,6$ (o vírus persiste mesmo com 60% dos vértices imunizados).

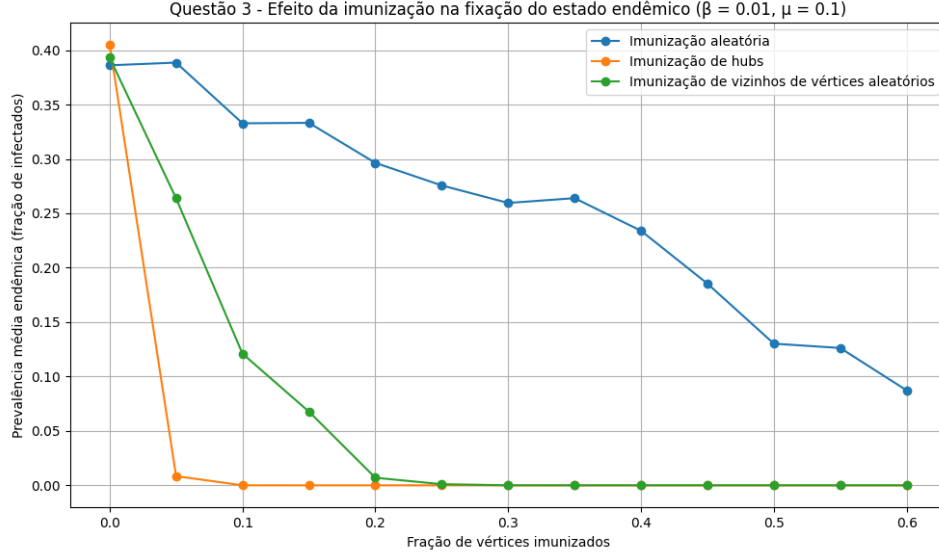


Figura 10: Questão 3: prevalência média de infectados (entre vértices não imunizados) em função da fração de vértices imunizados, para as três estratégias (aleatória, hubs e vizinhos).

- Imunização de hubs: $f_c \approx 0,05$, ou seja, imunizar cerca de 5% dos vértices de maior grau é suficiente para praticamente eliminar o estado endêmico.
- Imunização de vizinhos: $f_c \approx 0,20$, exigindo imunizar cerca de 20% da população.

Esses resultados ilustram um ponto central da teoria de redes: em redes livres de escala, imunizar aleatoriamente é muito ineficiente, pois é improvável que se atinjam os hubs mais importantes. Em contrapartida, estratégias direcionadas aos vértices de maior grau são extremamente eficazes na elevação do limiar epidêmico.

4 Conclusões

As simulações e análises realizadas permitem responder de forma completa às Questões 1, 2 e 3 do trabalho proposto:

- **Questão 1:** em uma rede Erdős–Rényi homogênea, a condição $R_0 = \beta \langle k \rangle / \mu > 1$ é um bom indicador de fixação da epidemia. O cenário (a), com $R_0 = 4$, leva a um estado endêmico com prevalência próxima dos 75% previstos. Já nos cenários (b) e (c), com $R_0 \leq 1$, a epidemia se extingue, em acordo com a teoria de campo médio.
- **Questão 2:** em uma rede livre de escala com expoente $\gamma = 2,5$, a heterogeneidade de graus altera profundamente o limiar epidêmico. Mesmo para parâmetros em que o modelo homogêneo preveja extinção ($R_0 \leq 1$), as simulações mostram prevalências endêmicas significativas (da ordem de 14% e 7% nos cenários (b) e (c)). Isso ilustra o fato de que, em redes altamente heterogêneas, o limiar epidêmico efetivo pode ser muito menor que a previsão simples baseada apenas em $\langle k \rangle$.
- **Questão 3:** ao estudar estratégias de imunização na rede livre de escala, verificamos que:

- imunização aleatória é pouco eficaz, exigindo frações muito altas de vértices imunizados para reduzir a prevalência;
- imunizar apenas 5% dos vértices de maior grau é suficiente para eliminar o estado endêmico;
- imunizar vizinhos de vértices aleatórios é intermediário em desempenho, exigindo cerca de 20% de vértices imunizados para obter o mesmo efeito.

Assim, o trabalho ilustra de forma clara a relação entre o parâmetro R_0 , a estrutura da rede subjacente e a eficácia de diferentes estratégias de controle. Redes homogêneas se comportam de maneira próxima à teoria de campo médio, enquanto redes livres de escala são muito mais vulneráveis à persistência da epidemia, mas, ao mesmo tempo, extremamente sensíveis a intervenções direcionadas aos hubs.