

Relatório Ciência de Redes

Gustavo Tironi e João Felipe Vilas Boas

27 de novembro de 2025

Sumário

1	Introdução	2
2	Modelo e metodologia	2
2.1	Modelo SIS e por que se $R_0 > 1$ a doença se fixa na rede?	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	5
3.3	Comparação ER vs livre de escala	7
3.4	Questão 3: estratégias de imunização	7
3.4.1	Relações teóricas da Robustez	8
4	Conclusões	9
A	Resultados da Questão 1	10
B	Resultados da Questão 2	11

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 por que se $R_0 > 1$ a doença se fixa na rede?

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.

Juntando isso ao fato de que cada suscetível possui k conexões na média, encontrando nós infectados com probabilidade i , chegamos a uma taxa de novas infecções:

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

onde $\langle k \rangle$ é o grau médio da rede. Para resolver, fazemos $\frac{di}{dt} = 0$:

$$\beta \langle k \rangle i(1 - i) - \mu i = 0$$

$$i [\beta \langle k \rangle (1 - i) - \mu] = 0.$$

As soluções são:

$$i^* = 0 \quad \text{ou} \quad \beta \langle k \rangle (1 - i) = \mu.$$

Para a solução $\beta\langle k\rangle(1-i) = \mu$, temos:

$$1-i = \frac{\mu}{\beta\langle k\rangle} \Rightarrow i^* = 1 - \frac{\mu}{\beta\langle k\rangle}.$$

Definindo $R_0 = \frac{\beta\langle k\rangle}{\mu}$, obtemos:

$$i^* = 1 - \frac{1}{R_0}.$$

E portanto, a prevalência endêmica estacionária é

$$i^* = \begin{cases} 0, & R_0 \leq 1, \\ 1 - \frac{\mu}{\beta\langle k\rangle}, & R_0 > 1. \end{cases} \quad (2)$$

Queremos 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. (2), 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 $R_0 \leq 1$.

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 $R_0 \leq 1$.

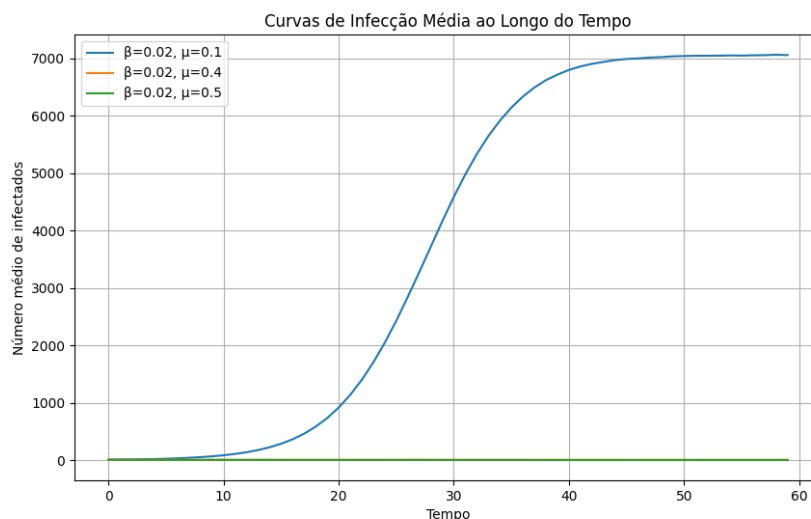


Figura 1: Questão 1 – rede Erdős–Rényi: curvas médias do número de infectados ao longo do tempo para os três cenários (β, μ) .

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) $\beta = 0,01, \mu = 0,30$.

Se utilizássemos o mesmo campo médio homogêneo da Questão 1, o número básico de reprodução poderia ser escrito como

$$R_0^{(\text{hom})} = \frac{\beta \langle k \rangle}{\mu} \approx \frac{0,2}{\mu},$$

o que levaria, com $\langle k \rangle \approx 20$. Essa aproximação considera apenas o grau médio da rede e ignora a forte heterogeneidade de graus característica das redes livres de escala. Para redes complexas não correlacionadas, porém, a forma geral mais apropriada para o número básico de reprodução é

$$R_0^{(\text{complex})} = \frac{\beta}{\mu} \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle},$$

onde $\langle k \rangle$ e $\langle k^2 \rangle$ são, respectivamente, o primeiro e o segundo momentos da distribuição de graus. No código da Questão 2, antes de rodar as simulações, estimamos numericamente esses momentos na rede gerada pelo modelo de configuração, obtendo valores $\langle k \rangle_{\text{sim}}$ e $\langle k^2 \rangle_{\text{sim}}$ e definindo

$$\kappa_{\text{sim}} = \frac{\langle k^2 \rangle_{\text{sim}}}{\langle k \rangle_{\text{sim}}}.$$

Como em redes livres de escala com expoente $\gamma = 2,5$ o segundo momento $\langle k^2 \rangle$ é muito maior que $\langle k \rangle$, temos $\kappa_{\text{sim}} \gg 1$ e, portanto,

$$R_0^{(\text{complex})} = \frac{\beta}{\mu} \kappa_{\text{sim}} \gg 1$$

para os três pares de parâmetros (β, μ) considerados. Em outras palavras, mesmo nos cenários em que a aproximação homogênea $R_0^{(\text{hom})} \leq 1$ sugeriria extinção da epidemia, a expressão geral para redes complexas continua prevendo um regime endêmico, em acordo com o comportamento observado nas simulações.

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.

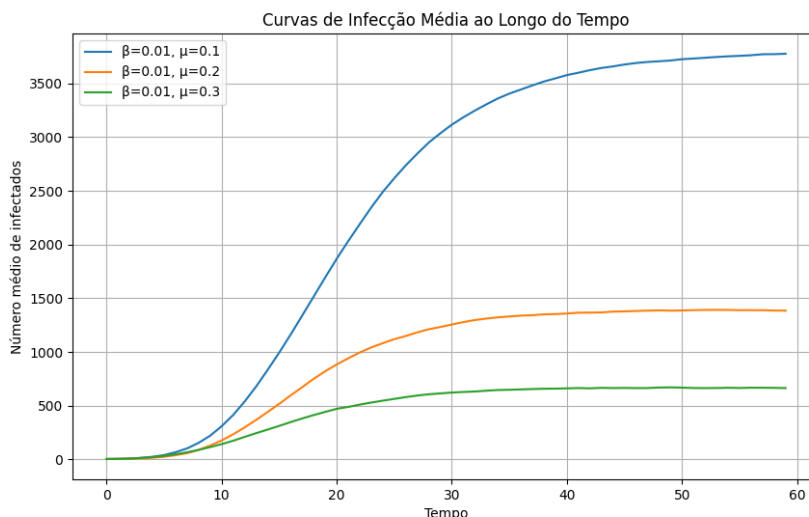
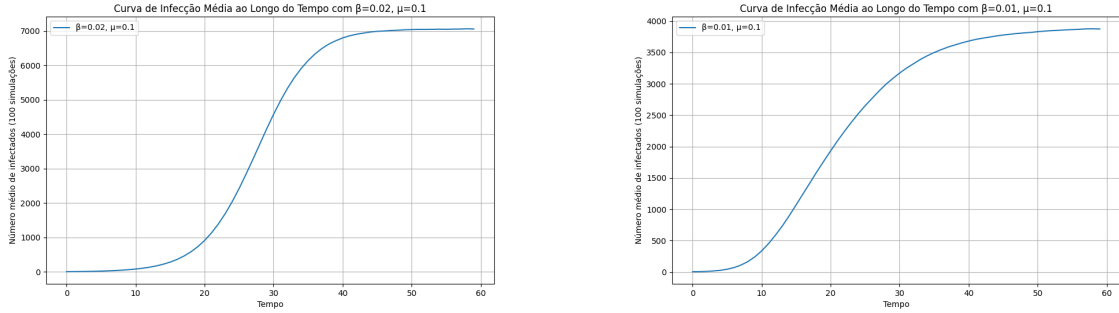


Figura 2: Questão 2 – rede livre de escala: curvas médias do número de infectados ao longo do tempo para os três cenários (β, μ) .

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 3 mostra lado a lado a curva média na rede ER e 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 3: Comparação das curvas médias de infectados para casos com $R_0 > 1$ na rede ER (esquerda) e na rede livre de escala (direita).

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:

- **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%.

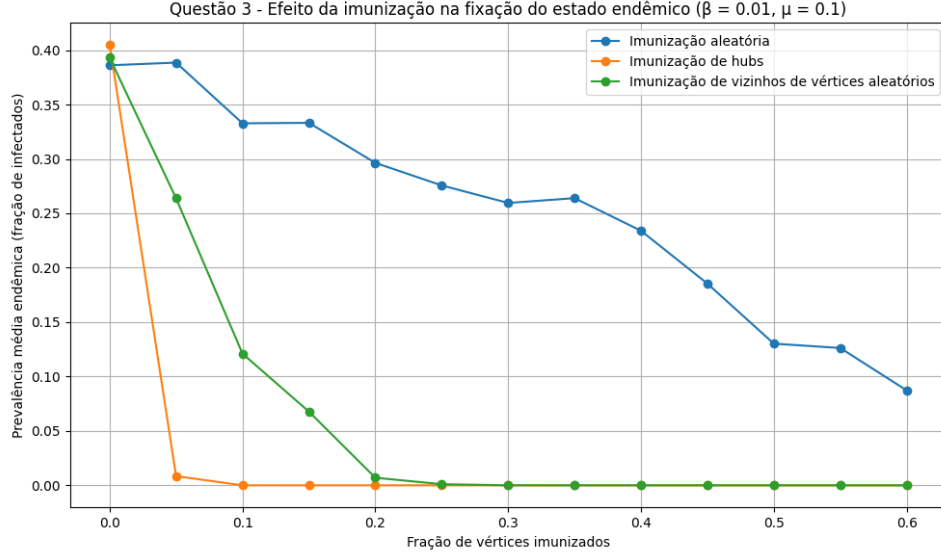


Figura 4: Questão 3: prevalência média de infectados (entre vértices não imunizados) em função da fração de vértices imunizados, para as três estratégias (aleatória, hubs e vizinhos).

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).
- 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.

3.4.1 Relações teóricas da Robustez

A imunização pode ser interpretada como a destruição do Componente Gigante (GC). Quando o GC deixa de existir, a rede se fragmenta em pequenos componentes e a epidemia não consegue mais se espalhar.

O critério clássico para a existência de um componente gigante é dado por:

$$\kappa > 2,$$

onde

$$\kappa = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}.$$

Então, para uma imunização efetiva, queremos reduzir κ para valores abaixo de 2.

Na **imunização aleatória**, cada nó é removido com probabilidade f , de forma uniforme. A probabilidade de remover um hub é extremamente baixa, pois tais nós são raros em redes de livre de escala. O limiar crítico é então:

$$f_c = 1 - \frac{1}{\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} - 1}.$$

Como em redes de livre escala, $\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \Rightarrow \infty$, então $f_c \approx 1$.

Para a **imunização de Hubs**, removemos diretamente os vértices de maior grau. Isso reduz drasticamente $\langle k^2 \rangle$. Com isso, conseguimos atingir $\kappa > 2$ com facilidade.

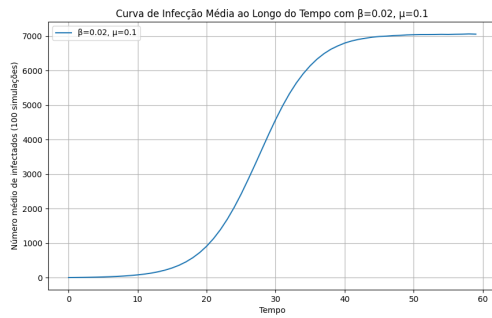
Na **imunização de vizinhos**, a probabilidade de que um nó qualquer seja vizinho ou esteja muito próximo de um hub é alta, uma vez que esses hubs tendem a se conectar com muitos nós da rede. É trivial perceber que, embora não estejamos escolhendo exatamente os hubs, em poucos passos de infecção acabamos alcançando muitos deles, senão todos. Portanto, essa estratégia atinge os hubs de forma indireta e, quando isso ocorre, a epidemia colapsa rapidamente.

4 Conclusões

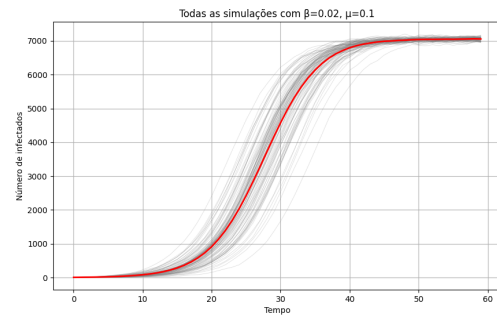
As simulações e análises realizadas permitem responder de forma completa às Questões 1, 2 e 3 do trabalho proposto:

- **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 vizinhos de vértices aleatórios é intermediário em desempenho, exigindo cerca de 20% de vértices imunizados para acabar com a epidemia.
 - imunizar apenas 5% dos vértices de maior grau é suficiente para eliminar a epidemia;

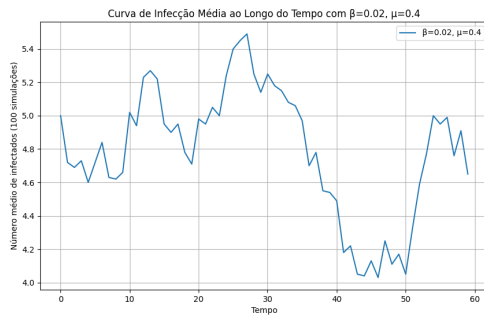
A Resultados da Questão 1



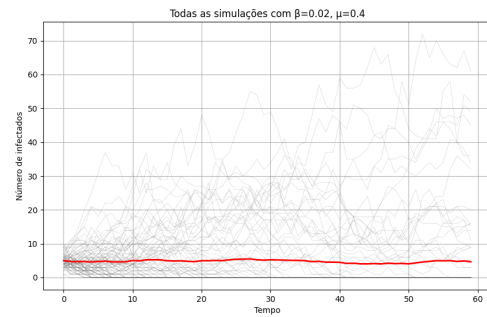
(a) Curva média (cenário a)



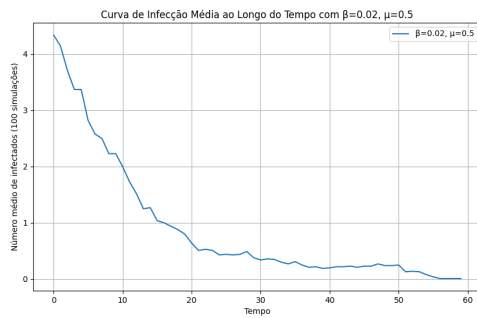
(b) Simulações individuais (cenário a)



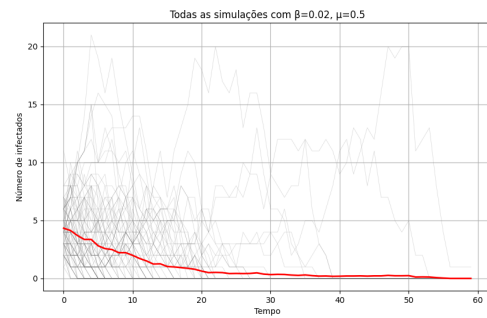
(c) Curva média (cenário b)



(d) Simulações individuais (cenário b)



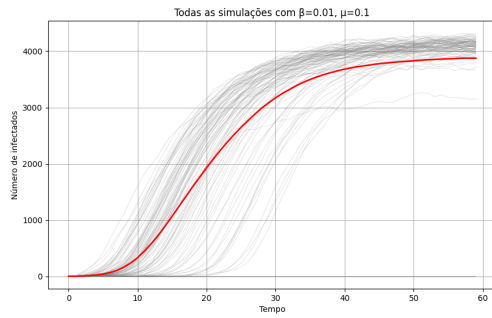
(e) Curva média (cenário c)



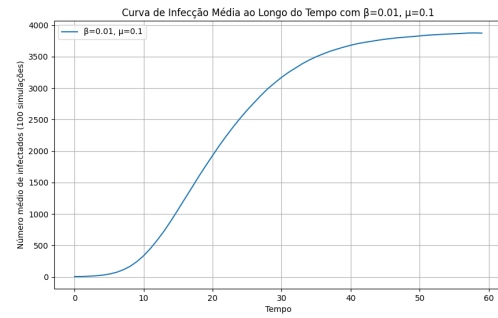
(f) Simulações individuais (cenário c)

Figura 5: curvas médias e simulações individuais para os cenários (a), (b) e (c) da questão 1.

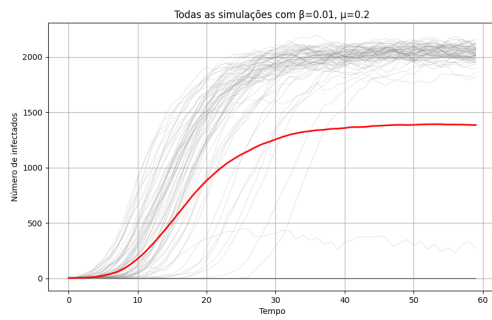
B Resultados da Questão 2



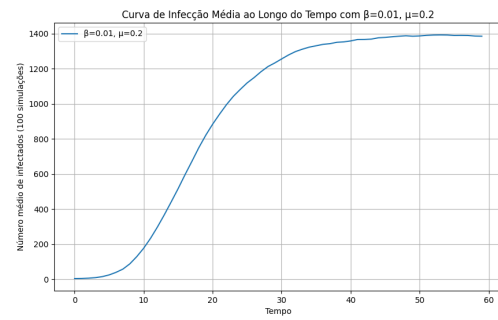
(a) Trajetórias individuais + média (cenário a)



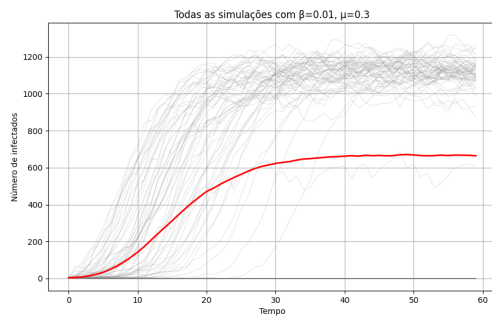
(b) Curva média isolada (cenário a)



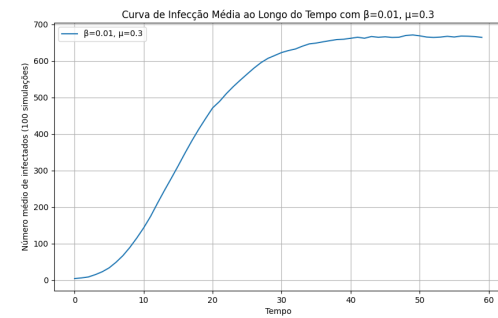
(c) Trajetórias individuais (cenário b)



(d) Curva média (cenário b)



(e) Trajetórias individuais (cenário c)



(f) Curva média (cenário c)

Figura 6: Curvas médias e trajetórias individuais para os cenários (a), (b) e (c) da Questão 2 na rede livre de escala.