

1. Preparação e Estruturação de Dados:

A preparação dos dados é crucial para a análise de redes, abrangendo etapas como limpeza, normalização e categorização das variáveis. Conforme as práticas sugeridas por Newman (2010) e Barabási (2016), os dados são organizados em tabelas estruturadas, identificando claramente as entidades (nós) e suas interações (arestas), essenciais para a modelagem de redes complexas.

2. Construção da Rede:

Utilizando técnicas descritas por Watts e Strogatz (1998), a matriz de adjacência é construída para representar as relações entre as entidades. A manipulação de dados, feita através da biblioteca pandas em Python, apoia a criação de uma estrutura de rede robusta, baseada em métodos de análise de rede multidimensional propostos por Borgatti et al. (2009).

3. Visualização e Análise de Rede com Gephi e NetworkX

Para a visualização e análise de redes, o software Gephi é utilizado conforme as recomendações de Bastian et al. (2009), oferecendo uma interface gráfica avançada para otimização de layouts e análise visual. O layout da rede é otimizado utilizando o algoritmo Force Atlas 2, conforme descrito por Jacomy et al. (2014), que destaca as características topológicas e facilita a interpretação da estrutura da rede. Paralelamente, a biblioteca NetworkX do Python é empregada para realizar análises computacionais complexas e manipulações de rede diretamente no código. NetworkX permite a implementação de algoritmos de análise de rede, cálculo de métricas e modelagem de processos dinâmicos nas redes, complementando a análise visual realizada no Gephi com uma abordagem programática e detalhada.

4. Métricas de Rede:

Métricas de rede, como grau, excentricidade e centralidade de proximidade, são calculadas com base nas definições de Freeman (1978). A centralidade de intermediação é calculada seguindo as técnicas de Brandes (2001), identificando nós que atuam como pontes críticas dentro da rede.

5. Interpretação de Dados e Insights:

A análise dos dados se fundamenta nas métricas de rede e na visualização. A identificação de clusters, seguindo os princípios de Girvan e Newman (2002), permite descobrir comunidades dentro da rede, essenciais para a compreensão de processos biológicos complexos.

6. Contribuição para a Literatura Científica:

A combinação de dados nutricionais e biomarcadores em modelos de rede oferece insights inovadores, conforme discutido por Christakis e Fowler (2007). A análise holística proporcionada pelos estudos de redes complexas oferece uma nova perspectiva para a pesquisa em saúde pública e epidemiologia, alinhada com as abordagens de Papin et al. (2004) e Barabási et al. (2011).

1. Newman, M.E.J. (2010). *Networks: An Introduction*. Oxford University Press, Oxford, UK.
2. Barabási, A.-L. (2016). *Network Science*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
3. Watts, D.J., Strogatz, S.H. (1998). Collective dynamics of ‘small-world’ networks. *Nature*, 393(6684), 440–442.
4. Borgatti, S.P., Mehra, A., Brass, D.J., Labianca, G. (2009). Network analysis in the social sciences. *Science*, 323(5916), 892–895.
5. Bastian, M., Heymann, S., Jacomy, M. (2009). Gephi: An Open Source Software for Exploring and Manipulating Networks. *International AAAI Conference on Weblogs and Social Media*.
6. Jacomy, M., Venturini, T., Heymann, S., Bastian, M. (2014). ForceAtlas2, a continuous graph layout algorithm for handy network visualization designed for the Gephi software. *PLOS ONE*, 9(6), e98679.
7. Freeman, L.C. (1978). Centrality in social networks conceptual clarification. *Social Networks*, 1(3), 215–239.
8. Brandes, U. (2001). A faster algorithm for betweenness centrality. *The Journal of Mathematical Sociology*, 25(2), 163–177.
9. Girvan, M., Newman, M.E.J. (2002). Community structure in social and biological networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(12), 7821–7826.
10. Christakis, N.A., Fowler, J.H. (2007). The spread of obesity in a large social network over 32 years. *New England Journal of Medicine*, 357, 370–379.
11. Papin, J.A., Reed, J.L., Palsson, B.Ø. (2004). Hierarchical thinking in network biology: the unbiased modularization of biochemical networks. *Trends in Biochemical Sciences*, 29(12), 641–647.
12. Barabási, A.-L., Gulbahce, N., Loscalzo, J. (2011). Network medicine: a network-based approach to human disease. *Nature Reviews Genetics*, 12(1), 56–68.