



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ
CAMPUS POETA TORQUATO NETO
CENTRO DE CIÊNCIAS DA NATUREZA
COORDENAÇÃO DO CURSO DE FÍSICA

João Edson Lopes Ferreira

**O MODELO SUSCETÍVEL-INFECTADO-REMOVIDO EM REDES DE
SOLOMON**

A R T I G O

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Coordenação do Curso de Licenciatura em Física da Universidade Estadual do Piauí Campus Poeta Torquato Neto como parte dos requisitos obrigatórios para a obtenção do título de Licenciado em Física.

Orientador: Prof. Dr. Gladstone de Alencar Alves

Teresina(PI), Junho de 2025

AGRADECIMENTOS

À DEUS, por sua bondade e misericórdia infinitas, pelos planos que determinou na minha vida antes mesmo de eu pensar em concretiza-los, e por me permitir trilhar esta jornada tão significativa.

À minha família, que atuaram como suporte durante esta trajetória, me apoiando, aconselhando e ajudando.

À minha mãe Francisca Batista Lopes, por tudo que me proporcionou, e por sempre ter batalhado para a evolução de minha instrução e minha construção de caráter como ser humano, a senhora sempre foi o meu melhor e maior exemplo de garra, fé e perseverança.

Ao meu pai Raimundo Francisco Ferreira (In Memórian), por todo o apoio, participação e preocupação para com meus estudos e minha vida em geral, o senhor me ensinou que mesmo com as adversidades que a vida nos apresenta, a desistência não é uma opção, para a conquista da vitória, as batalhas precisam ser enfrentadas. Muito obrigado por tudo, saudades eternas.

Ao meu segundo pai Josiel Abreu Souza, o senhor me ensinou que laços familiares não são constituídos somente através de ligações sanguíneas, e me guiou ao longo desses anos para ser um ser humano melhor, nunca deixando de me apoiar, e de ser coluna forte para que eu possa me inspirar, muito obrigado.

Às minhas irmãs Iuri Kelly Lopes Ferreira e Dina Kelly Lopes Ferreira, vocês foram peças fundamentais para o meu desenvolvimento, sempre agindo como protetoras e conselheiras, eu não poderia ter um melhor suporte do que esse, vocês são as melhores.

Ao meu irmão Dimas Loureiro Souza, pelo companheirismo, pelo apoio, pela ajuda e por sempre acreditar em minha capacidade e no meu potencial.

Aos meus cunhados Rafael Paulo da Silva e Ricardo Cesar Fernandes da Silva, por atuarem como verdadeiros irmãos, companheiros e auxiliadores durante esta minha trajetória, sou imensamente grato por tudo.

Ao meu Orientador Prof, Dr. Gladstone de Alencar Alves, por todo apoio e paciência, bem como o direcionamento e o auxílio para o desenvolvimento e conclusão deste projeto.

Aos meus Mestres, Professores da UESPI, em especial Professora Janete Batista de Brito, Professor Lenilson Torres Brito, Professora Nadja Vieira da Costa, Professor Antônio de Macedo Filho e Professora Edina Maria de Sousa Luz, que foram colunas fortes e guias nesta trajetória que está apenas começando. Muito obrigado por todos os conselhos, puxões de orelha e todo o conhecimento repassado.

Aos meus colegas de turma e amigos, que se tornaram apoios e me ajudaram a seguir em frente, vocês fizeram essa caminhada ser leve e gratificante, muito obrigado pelo companheirismo e pela resiliência mútua, que fez com que chegássemos até a conclusão desta trajetória conjunta.

A Universidade Estadual do Piauí (UESPI), instituição que me acolheu e em que pude evoluir academicamente.

Ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) e a Pró Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação (PROP) que foram os núcleos responsáveis para o desenvolvimento deste projeto.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), que através do Programa Residência Pedagógica, me proporcionou uma bolsa de estudos para mantimento e desenvolvimento de minhas atividades enquanto estudante.

O MODELO SUSCETÍVEL-INFECTADO-REMOVIDO EM REDES DE**SOLOMON****THE SUSCEPTIBLE-INFECTED-REMOVED MODEL ON SOLOMON NETWORKS****João Edson Lopes Ferreira[†]**Orientador: Prof. Dr. Gladstone de Alencar Alves[‡][†]*joaoedsonlf@aluno.uespi.br*, [‡]*gladstone@ccn.uespi.br*

TCC - Licenciatura em Física - CCN - UESPI | Teresina (PI), Junho de 2025

TCC - Licenciatura em Física - CCN - UESPI | Teresina(PI), Junho de 2025

Resumo

Este trabalho destaca o comportamento do modelo SIR (Susceptível-Infectado-Removido) em redes de Solomon, destacando o contexto histórico de que ao longo da história da humanidade, dentre as diversas doenças que se difundiram ao longo dos séculos, algumas rotuladas como peste apresentaram características epidêmicas, se manifestando através de um contágio rápido, alcançando um número significativo de pessoas em um território, se extinguindo após um período de tempo. Assim, a comunidade científica vem contribuindo para compreender e propor soluções para o combate de epidemias, através de modelos epidemiológicos, que auxiliam a entender como as doenças se espalham entre uma comunidade em um determinado território. Esses modelos utilizados são descritos através de equações diferenciais, em que as mesmas representam as interações entre os indivíduos da dinâmica por meio das ligações entre os vértices da rede, que possui uma estrutura geométrica. Tais ligações podem representar os mais diversos tipos de interações, sejam relações de trabalho, amizades, contexto familiar, entre outros. Portanto, neste trabalho estudamos o modelo SIR acoplado às redes de Solomon. Nossos resultados foram obtidos por meio do método de Monte Carlo e uso das funções de escala de tamanho finito.

Abstract

This paper examines the behavior of the SIR model (Susceptible-Infected-Removed) on Solomon lattices, contextualizing within the historical context that throughout human history, among the many diseases that have spread across centuries, certain illnesses labeled as "plagues" have exhibited epidemic characteristics, manifesting through rapid contagion, affecting significant populations within territories, and eventually subsiding after a period of time. Within this context, the scientific community has contributed to understanding and proposing solutions to combat epidemics through epidemiological models, these models help elucidate how diseases spread within a community across a given territory. The models are described using differential equations, which represent interactions between individuals in the dynamics through network vertices and their connections, structured within a geometric framework. These connections can represent diverse interaction types, whether workplace relationships, friendships, family contexts, or others. Therefore, in this

work, we study the SIR model coupled to Solomon networks. Our results were obtained using the Monte Carlo method and finite-size scaling functions.

Palavras-chave: Modelo SIR; Redes de Solomon; Epidemias, Propagação Epidêmica

Keywords: SIR Model; Solomon Networks; Epidemics; Epidemic Propagation

Sumário

1 INTRODUÇÃO	5
2 REVISÃO LITERÁRIA	7
3 MODELO E IMPLEMENTAÇÃO	8
3.1 Desenvolvimento	10
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
5 CONCLUSÃO	16
Referências	16

1 INTRODUÇÃO

Uma epidemia se caracteriza através da manifestação coletiva de uma doença, que possui uma rápida taxa de propagação, seja por contato direto ou indireto, alcançando um número significativo de pessoas em um dado território, e após um período de tempo, se extingue ou é feita a manutenção da mesma em ciclos (como gripe, influenzas). De acordo com (REZENDE, 2009) diversas doenças de características epidêmicos e pandêmicos causaram impactos devastadores na humanidade, moldando sociedades, economias e sistemas de saúde, é notório citarmos as maiores e mais mortais epidemias já documentadas, que marcaram diferentes períodos históricos:

1. Peste de Atenas (430 - 426 a.C.)

- **Local:** Grécia antiga, durante a guerra do Peloponeso.
- **Possível agente:** *Salmonella enterica* *Febre tifoide*.
- **Mortes estimadas:** 75.000 - 100.000 (incluindo o líder Péricles).
- **Relato Histórico:** Tucídides descreveu os sintomas como febre, úlceras e gangrena.

2. Peste Antonina (Peste Galênica, 165 - 180 d.C.)

- **Local:** Império Romano (disseminada por tropas romanas).
- **Possível agente:** Varíola ou Sarampo.
- **Mortes estimadas:** 5 - 10 milhões (25 - 30% da população afetada).
- **Impacto:** Enfraqueceu o Império Romano, contribuindo para sua crise no século III.

3. Peste de Justiniano (541 - 549 d.C.)

- **Local:** Império Bizantino, Europa, Ásia e África.
- **Agente:** *Yersinia pestis* (mesma bactéria da Peste Negra).
- **Mortes estimadas:** 25 - 50 milhões (queda do Império Bizantino).
- **Primeira pandemia de peste registrada.**

4. Peste Negra (1347 - 1351)

- **Local:** Europa, Ásia e Norte da África.
- **Agente:** *Yersinia pestis* (transmitida por pulgas e ratos).
- **Mortes estimadas:** 75 - 200 milhões (30 - 60% da Europa morreu).
- **Consequências:** Queda do feudalismo, perseguição a minorias (judeus, acusados de espalhar a doença).

5. Varíola das Américas (século XVI)

- **Local:** Américas (após a chegada dos europeus).
- **Agente:** *Variola virus*.
- **Mortes estimadas:** 90% da população nativa (50 - 100 milhões).
- **Impacto histórico:** Facilitou a colonização europeia (ex: queda do Império Asteca).

6. Gripe Espanhola (1918 - 1919)

- **Local:** Global (durante a Primeira Guerra Mundial).
- **Agente:** Influenza A (H1N1).
- **Mortes estimadas:** 50 - 100 milhões (mais que a própria guerra).
- Chamada de "espanhola" porque a Espanha (neutra na guerra) noticiou livremente, enquanto outros países censuraram a informação.

7. COVID-19 (2019 - presente)

- **Local:** Global (primeiro caso registrado em Wuhan, China).
- **Agente:** SARS-CoV-2 (coronavírus).
- **Mortes estimadas:** aproximadamente 7 milhões (até 2024, mas pesquisas sugerem até 20 milhões).
- **Impacto:** Primeira pandemia da era da internet, com lockdowns globais e vacinas desenvolvidas em tempo recorde.

Levando em consideração as doenças enumeradas acima, pode-se concluir que doenças epidêmicas acompanham a humanidade há milênios e mudaram o curso da história ([UJ-VARI, 2015](#)), a Peste Negra acabou com o feudalismo, a varíola ajudou na colonização das Américas, influenciando migrações, guerras (a Gripe Espanhola (1918), que esteve presente na Segunda Guerra Mundial) e avanços médicos (A COVID-19 mostrou ao mundo como vírus se espalham rapidamente e resultou em um recorde tempo de desenvolvimento de vacinas), enquanto algumas (como varíola) foram erradicadas, outras (HIV, COVID-19) ainda desafiam a saúde global, fazendo com que o estudo e análise desses surtos, seja crucial para preparar respostas a futuras ameaças ([LIMA, 2024](#); [FAN et al., 2024](#)).

"Aqueles que não conseguem lembrar o passado estão condenados a repeti-lo".
(George Santayana)

Deste modo, a comunidade científica, vem contribuindo nesta compreensão e propondo soluções para o combate e análise da propagação de epidemias. Tendo em vista que a relevância do tema aumentou nos últimos anos, foi proposto o estudo de modelos epidemiológicos, que ajudam a entender como as epidemias se espalham entre os indivíduos de um determinado território ([ALEX et al., 2020](#)). Sendo de conhecimento prévio que od

modelos utilizados para descrever epidemias são baseados em equações diferenciais. Nestas, podemos, a princípio, simplificar várias das características complexas das epidemias, como tempo de incubação e vias de transmissão, com objetivo de procurar uma solução para as equações (FERRAZ, 2020; BRAUER et al., 2008).

O estudo de propagação pode ser reinterpretado para descrever dinâmicas de contágio social, como transmissão de informações, opiniões, propagação de memes, propagação de apagões de energia e propagação de fake news (BRODY; MEIER, 2018). Porém o estudo de propagação utilizado se dá através das interações de indivíduos saudáveis e infectados, onde essas interações podem ser representadas por meio das ligações entre os vértices, que representam os indivíduos, sejam eles infectados ou não, presentes em uma estrutura geométrica (HELLEWELL et al., 2020).

2 REVISÃO LITERÁRIA

Tendo em vista os avanços nos estudos da medicina, bem também como a contribuição da comunidade científica, o estudo dos modelos epidemiológicos vem se fazendo cada vez mais presente e necessário, para analisar e propor soluções para o combate de doenças infecciosas que possam ter características epidêmicas. O modelo epidemiológico Suscetível-Infectado-Removido (SIR) é um dos modelos mais utilizados para entender a propagação de doenças infecciosas (SANTOS et al., 2020). Desenvolvido por Kermack e McKendrick (1927) ele descreve como uma doença se espalha e eventualmente desaparece.

É descrito por meio de equações diferenciais que representam a mudança nas proporções de suscetíveis, infectados e removidos ao longo do tempo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S I; \\ \frac{dI}{dt} = \beta S I - \gamma I; \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I. \end{cases} \quad (1)$$

Onde:

- β (**beta**) - Taxa de transmissão.
- γ (**gama**) - Taxa de recuperação ($1/\gamma$ = tempo médio infeccioso).
- R_0 (**Número básico de reprodução**) - β/γ (quantas pessoas um infectado contamina, em média).

As reações estequiométricas do modelo SIR são representadas como:



E descrevem duas regras de transição:

1. - Na equação 2, os indivíduos suscetíveis podem se tornar infectados ao terem contato com indivíduos infectados a uma taxa μ_I ;
2. - Na equação 3 os indivíduos infectados podem se recuperar, ou morrer, a uma taxa μ_R .

Assim, após um determinado período de tempo, a tendência seria o desaparecimento dos indivíduos infectados, porem de acordo com a razão μ_I/μ_R , a infecção se espalha pela malha antes de desaparecer, diferenciando somente a quantidade de pessoas, configurando um problema de percolação. Para aprimorar os resultados de estudos de propagações de doenças epidêmicas, é possível fazer uso de modelos complementares, onde são modificados os tipos de redes para uma melhor performance da dinâmica do estudo, faz-se destaque às "Redes de Solomon" (EREZ; HOHNISCH, 2004), que são um modelo teórico de estruturas bidimensionais que simulam interações sociais em contextos distintos na ciência de redes complexas, buscando conciliar os princípios de robustez, eficiência e tomada de decisões equilibradas (LIMA, 2017).

A palavra "Solomon" que em português significa "Salomão", faz alusão aos textos bíblicos, que destacam a sabedoria atribuída ao rei Salomão, filho do rei David de Israel. De acordo com as escrituras bíblicas, o mesmo herdou de seu pai um vasto império que se estendia desde a fronteira com o Egito ao rio Eufrates, sua sabedoria destacava-se na desenvoltura em manter um bom relacionamento com os reinos, os quais possuíam alianças com o império, alianças que foram conquistadas pelo seu pai ao longo de seu reinado, e que eram de extrema importância pois o desenvolvimento do reino em rotas comerciais e marítimas dependia dessas alianças.

Porém a possibilidade de que um dos reinos pertencente à aliança, causasse algo que influenciasse os demais, tornava certa a destruição das rotas marítimas e comerciais do império (LIBERMAN; ROZENCHAN, 2005; SANTOS, 2013). Fazendo alusão a ideia da dinâmica estudada, o objetivo é imaginar o comportamento dos indivíduos de um dos reinos, onde um indivíduo é suscetível a influenciar os demais, ou ser influenciado. Os indivíduos de seu reino diferem dos indivíduos de outros reinos que fazem parte das rotas comerciais (dinâmica), dessa forma, podemos simular um contexto atual de vizinhanças e chamar os indivíduos inseridos no mesmo reino de "vizinhança doméstica" e os indivíduos que fazem parte das rotas comerciais de "vizinhança do local de trabalho". Os dois podem ser aproximados através de duas cadeias de 'N' vértices cada.

3 MODELO E IMPLEMENTAÇÃO

O modelo estudado (Modelo SIR) se enquadra como um dos modelos epidemiológicos mais fundamentais quando se trata de descrever a dinâmica de propagação de doenças in-

fecciosas em uma determinada população, sendo amplamente utilizado em epidemiologia, saúde pública e ciências sociais **KERMACK; MCKENDRICK**. É representado através de 3 estados:

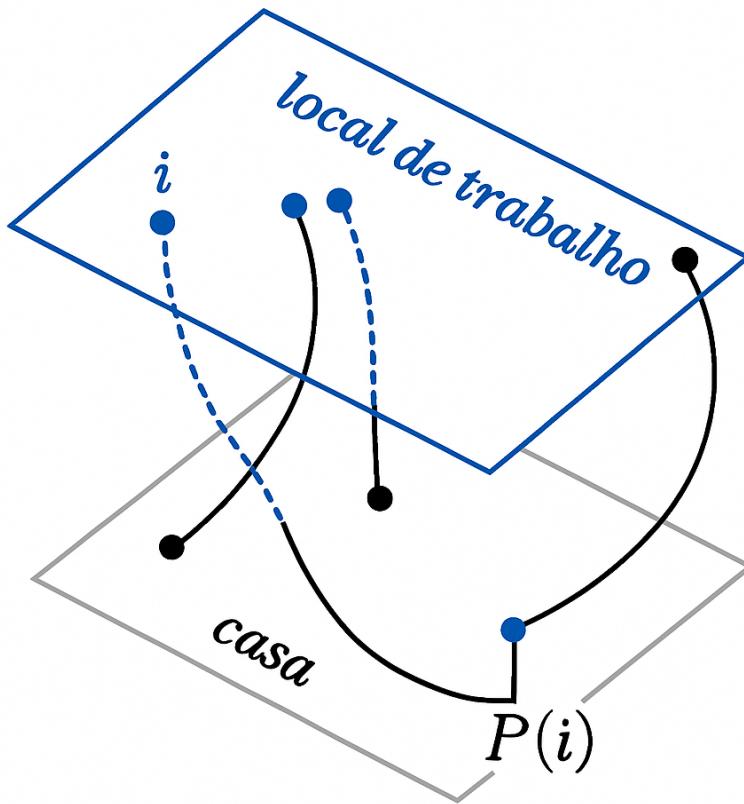
- Suscetíveis (S) - indivíduos que não estão infectados, porém não possuem imunização;
- Infectados (I) - indivíduos que contraíram a doença são capazes de infectar outros indivíduos;
- Removidos (R) - indivíduos que foram retirados da dinâmica, pois, contraíram a doença, se curaram e possuem imunização, ou então, morreram em decorrência da doença.

Levando em consideração que o modelo é aplicado ao longo do tempo, a população total N é constante (ignorando nascimentos, mortes não relacionadas ao contexto da dinâmica e migração). É descrito através de um sistema de equações diferenciais ordinárias [1](#). E através das equações estoicométricas (2) e (3), que representam as transições dos indivíduos entre os estados, assim, o modelo SIR pode ser expresso através de um processo de reação-difusão, onde os indivíduos podem mudar de estado e ir de um comportamento para outro. Analisando as equações estoicométricas, μ_I e μ_R são as taxas de reprodução e de recuperação, respectivamente. As equações foram mapeadas em redes de dinâmica Markoviana.

Nas Redes de Solomon, em suas respectivas cadeias, os indivíduos são numerados de $i=1$ até $i=L$, onde as condições de contorno são toroidais (estrutura que possui o formato geométrico de uma "rosquinha" ou um tubo fechado em loop). Dessa forma, os mesmos indivíduos i que aparecem na cadeia local de trabalho, aparecem na cadeia doméstica, mas em uma ordem diferente $P(i)$, que é uma permutação aleatória da ordem na cadeia local de trabalho. Exemplificando, um mesmo indivíduo ocupa dois vértices completamente diferentes i e $P(i)$ (duas cadeias diferentes) da rede de tamanho L , com $N=2L$ vértices ([LIMA, 2016](#)).

Nessas duas redes quadradas, é observada a interação de cada indivíduo com os vizinhos mais próximos. Portanto uma rede com indivíduos i , tendo interação com o indivíduo (vizinho) mais próximo, as variáveis de i interagem com as variáveis de $i \pm 1$, o mesmo ocorre com os vizinhos $P(i)$ e $P(i) \pm 1$ da outra rede em que P é a permutação dos números $i = 1, 2, 3, \dots, N$ ([MALARZ, 2003](#)). Todas as interações são dadas pela vizinhança do sítio (i) somado com a vizinhança do sítio $P(i)$.

Na Figura [1](#), cada diagrama representa uma dinâmica e rede diferentes. O diagrama superior representa a rede chamada de "local de trabalho" e o inferior representa a rede chamada de "casa". Cada ponto representa um vértice/indivíduo (i), e cada ligação de

Figura 1: Esboço da dinâmica de uma rede de Solomon

Fonte: Elaborado pelo autor.

pontos representadas pelas linhas ligando os mesmos, indica vizinhos mais próximos na outra rede. $P(i)$ é o local de permutação da rede "casa" do vértice (i) da rede "local de trabalho". Observa-se que vizinhos mais próximos na rede local de trabalho, não são necessariamente vizinhos mais próximos na outra rede 'casa'.

- **Análise de contexto geral**

O modelo SIR é uma ferramenta muito útil para entender a dinâmica de epidemias e para previsão do desenvolvimento de possíveis doenças que podem se tornar epidêmicas, fazendo possível analisar seus parâmetros de transmissão (β), suas taxas de recuperação (γ), e a média de quantos indivíduos suscetíveis podem ser infectados por um indivíduo infectado em um determinado período de tempo, assim auxiliando no planejamento de respostas de saúde pública (NEWMAN, 2002). Mesmo com a necessidade de modelos mais precisos e realistas para um mapeamento de taxas de propagação mais eficazes, o modelo SIR se mostra eficaz e com parâmetros bem aplicados, com resultados satisfatórios.

3.1 Desenvolvimento

Este trabalho foi desenvolvido através do Programa de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) na Universidade Estadual do Piauí, onde a dinâmica foi realizada por

meio de simulações computacionais em um programa executável utilizando a linguagem de programação FORTRAN. A cada simulação realizada usando um determinado número para tamanho de rede (L) que comporta um determinado número de vértices ' n ', em que o número de vértices eram o quadrado do tamanho da rede utilizada.

O processo de realização seguindo as regras das redes de dinâmica Markoviana, onde:

1. Começamos com 1 semente infectada, chamada de "paciente zero", escolhido de forma aleatória de uma rede com ' N ' indivíduos, o mesmo pode transitar entre as redes, assim tendo contato com indivíduos de suas redes vizinhas. Levando em consideração os estados da dinâmica (suscetíveis, infectados e removidos), o estado dos infectados começa com o paciente zero, e o estado dos removidos começa sem nenhum indivíduo inserido.
2. Depois, o estado do sistema é atualizado, escolhendo aleatoriamente um vértice infectado i , seguindo os seguintes protocolos:
 - Um número x aleatório no intervalo $[0, 1]$ é gerado. Se $x \leq \lambda$, o vértice infectado é removido do estado dos infectados e adicionado ao estado dos removidos;
 - Se $x > \lambda$, escolhemos aleatoriamente um vértice vizinho para adicionar ao estado infectado.
3. O passo (2) é repetido inúmeras vezes até que o sistema não possua mais indivíduos no estado infectado, ou seja, alcançando qualquer estado absorvente. Para cada passo da dinâmica, incrementamos o tempo de simulação por um intervalo de tempo $\frac{1}{N_i}$, onde N_i é o número de indivíduos infectados. A atualização do sistema é feita de forma assíncrona.

Com base nas regras citadas acima, as taxas de reprodução e recuperação são dadas por $\mu_R = \lambda$ e $\mu_i = 1 - \lambda$. No estado absorvente, outras variáveis podem ser obtidas, como o número de vértices removidos N_r em função de λ , expresso como:

$$N_r = \sum_{i=1}^n |\psi|. \quad (4)$$

Seguindo a teoria de percolação clássica, que estuda a conectividade em sistemas aleatórios, especialmente em redes e o estudo do crescimento epidêmico que depende da conectividade entre os indivíduos, foram obtidos os parâmetros de medida relacionados aos clusters (aglomerados) formados pelos vértices removidos N_r , portanto, foi determinada a distribuição do cluster $n_{cluster}(s)$, ou seja, o número de clusters com s vértices removidos. Esta distribuição foi medida usando o algoritmo Newman-Ziff, usado para estudar percolação em redes, com a característica de identificar se há cluster percolante como resultado da dinâmica.

Para a distribuição de clusters, é dado a fração de vértices removidos nos clusters finitos (não percolantes) com tamanho s :

$$P_s = \frac{s n_{cluster}(s)}{N_r}. \quad (5)$$

Gerando a seguinte identidade:

$$P_\infty + \frac{1}{N_r} \sum_s s n_{cluster}(s) = 1, \quad (6)$$

onde P_∞ é a fração de vértices removidos do aglomerado percolante e a soma exclui o aglomerado de percolação. A fase epidêmica então, é definida de forma geométrica, em que obtivemos um aglomerado percolante que imita uma propagação epidêmica que atinge os pontos mais remotos de uma rede.

Partindo da simulação realizada, a cada realização, o tamanho da rede era aumentado, aumentando o fator de aleatoriedade e por consequência aumentando o número de indivíduos da dinâmica. Para determinar os expoentes críticos e as variáveis, mostrando a fase epidêmica da doença. Iniciou-se com a rede de tamanho $L = 50$, e número de vértices $n = 2.500$, a segunda simulação com um tamamho de rede $L = 60$ e número de vértices $n = 3.600$, a terceira simulação com tamanho de rede $L = 70$ e número de vértices $n = 4.900$, e assim sucessivamente, com os tamanhos de rede L indo de 50 a 140, e os números de vértices ' n ' indo de 2.500 a 19.600. As simulações tiveram duraçãom de dias variáveis, sendo que as de tamanhos de rede menores eram feitas mais rápido, tendo duração de 1 dia, e a de tamanho maior tendo duração de 4 dias, ao total foram 13 dias de simulações para obter todos os resultados e gerar os 5 parâmetros principais, obtidos através de uma série de conjuntos de dados, que foram em seguida analisados.

Para fazer a análise desse conjunto de dados, foi utilizado o software "XMGRACE", em que os dados uma vez colocados e selecionados, plotavam gráficos, que permitiram a determinação dos principais parâmetros da pesquisa: **O Parâmetro de Ordem, Susceptibilidade e o Cumulante de Binder**.

O surto epidêmico resulta em um aglomerado de percolação na fase epidêmica, ou seja, $P_\infty \neq 0$. Portanto, o parâmetro de Ordem é a densidade de cluster percolante:

$$P = \langle P_\infty \rangle, \quad (7)$$

onde a média foi feita sobre um conjunto de realizações dinâmicas.

Outro parâmetro relevante é o tamanho médio do cluster (S), expresso como:

$$S = \frac{1}{N_r} \sum_s s^2 n_{cluster}(s). \quad (8)$$

onde $n_{cluster}$ é a distribuição do cluster e s é o tamanho dos clusters finitos (não perco-

lantes). Sendo definida pela seguinte média:

$$X = \langle S \rangle. \quad (9)$$

O Cumulante de Binder possibilita determinar o limiar epidêmico crítico de transição de fase não percolante para fase percolante e é obtido a partir da expressão:

$$U = P \frac{\langle M' \rangle}{\langle S' \rangle^2}. \quad (10)$$

onde S' e M' são respectivamente o tamanho médio do Cluster e tamanho médio quadrático do cluster.

Através do trabalho de [TOMÉ; ZIFF](#), pôde-se apresentar as relações de escala que foram utilizadas para encontrar as razões críticas, sendo elas:

$$P \approx N^{-\beta/\nu} f_P(N^{1/\nu}|\lambda - \lambda_c|), \quad (11)$$

$$U \approx f_U(N^{1/\nu}|\lambda - \lambda_c|), \quad (12)$$

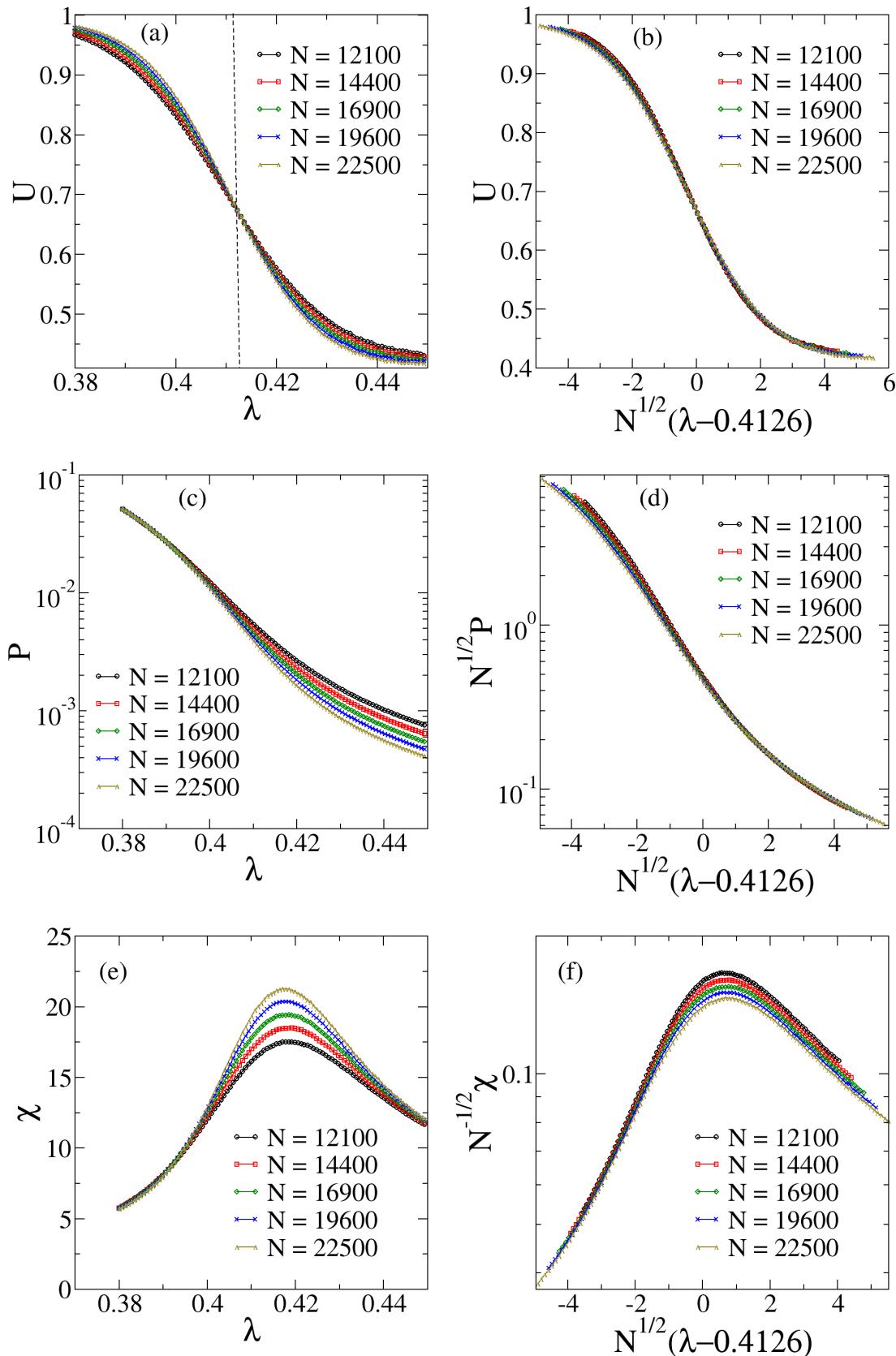
$$\chi \approx N^{\gamma/\nu} f_\chi(N^{1/\nu}|\lambda - \lambda_c|). \quad (13)$$

Por fim, os gráficos obtidos através da simulação foram colapsados para cada um dos parâmetros. Cada conjunto de dados, contendo as informações dos diferentes tamanhos de rede, gera um gráfico, que através das equações para o eixo (x) e (y) de cada parâmetro, gera um gráfico diferente com os dados colapsados. Para utilizar essas equações, foi determinado o ponto crítico, estimado através da interseção das linhas X e Y do gráfico antes do colapso. O processo de obtenção dos dados colapsados se dá através da importação dos dados através do XMGRACE, que permite que os gráficos sejam plotados para o determinado parâmetro, após, utiliza-se as equações [11](#), [12](#) e [13](#).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Iniciando a apresentação de nossos resultados numéricos do Modelo Suscetível Infectado Removido em redes de Solomon. Primeiramente se destacam os resultados do Cumulante de Binder nas Figs. [2a](#) e [2b](#). Através do Cumulante de Binder, descrito na Eq. [\(10\)](#) pudemos estimar o limiar epidêmico para as Redes de Solomon (Figura [2b](#)). A estimativa do limiar crítico é obtida por meio do cruzamento das curvas para diferentes tamanhos de rede (L).

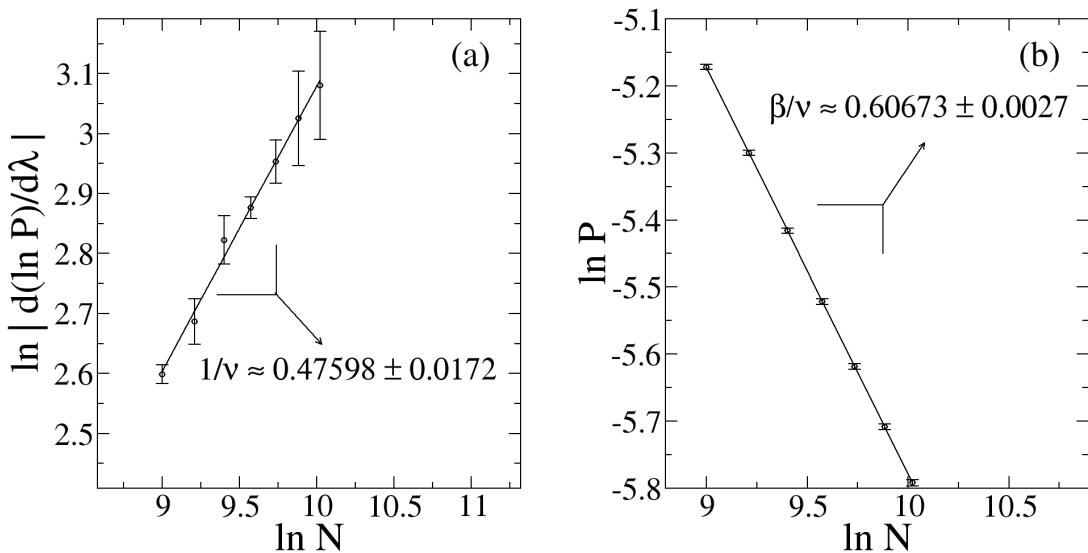
Após a determinação do Cumulante de Binder, mostramos os resultados numéricos referentes ao Parâmetro de Ordem nas Figs. [2c](#) e [2d](#), definido através da fração de vértices infectados em estado estacionário. O Parâmetro de Ordem depende criticamente da topologia da rede e da taxa de infecção (λ) e nos ajuda a estimarmos o limiar epidêmico (λ_c). Observa-se na Figura [2c](#) pode-se perceber que as curvas tem uma forma sigmoidal, indicando uma transição de fase contínua da fase epidêmica pra fase endêmica.

Figura 2: Dados numéricos para o Cumulante de Binder U , Parâmetro de Ordem P e Susceptibilidade χ 

Fonte: Elaborado pelo autor.

Analizando a Figura 2, nos painéis (a), (c) e (e), mostramos os dados numéricos para o Cumulante de Binder U, Parâmetro de Ordem P e Susceptibilidade χ antes do colapso de dados, e nos painéis (b), (d) e (f), mostramos os parâmetros colapsados por meio das equações 11, 12 e 13. Representando uma fase de transição contínua de uma fase epidêmica para uma fase endêmica, através do aumento da taxa de recuperação λ . O Cumulante de Binder nos permite estimar o limiar epidêmico. O Parâmetro de Ordem, que é definido através da probabilidade de uma semente infectada começar uma epidemia, cai para zero no limiar epidêmico no limite da rede. A Susceptibilidade, que é definida como o tamanho médio do cluster finito, diverge no limiar epidêmico.

Figura 3: Regressões dos dados para obtenção das raízes críticas de cada parâmetro



Fonte: Elaborado pelo autor

Analizando a Figura 3, nos painéis (a) e (b), mostramos estimativas das funções de escala $1/\mu$ e β/μ da escala de regressão finita de $\ln |\frac{d(\ln P)}{d\lambda}|$ e $\ln P$ no limiar epidêmico $\lambda_c = 0.4126$ como função de $\ln N$.

Tabela 1: valores críticos estimados da Figura 3.

Limiar Epidêmico	$1/\nu$	β/ν
$\lambda_c = 0.4126$	0.47598 ± 0.0172	0.60673 ± 0.0027
	1/2	1/2

Para a discussão dos valores dos expoentes críticos, estimamos as razões $1/\nu$ e β/ν , usando as funções de escala de tamanhos finitos de $\ln |\frac{d(\ln P)}{d\lambda}|$ e $\ln P$, avaliadas no limiar crítico λ_c , para extrair os dados de $\frac{d(\ln P)}{d\lambda}$, realizamos regressões lineares do logaritmo do Parâmetro de Ordem próximo do limiar epidêmico. A Figura 3a apresenta os dados de $\ln |\frac{d(\ln P)}{d\lambda}|$ em função de $\ln N$, o que nos permitiu estimar valores numéricos de $1/\nu$ mostrados na Tabela 1. Prosseguindo com a análise das razões dos expoentes críticos, a Figura 3b mostra o logaritmo do Parâmetro de Ordem no limiar epidêmico em função de $\ln N$, assim, a regressão de tamanho finito forneceu as estimativas de β/ν listada na

Tabela 1.

Estimamos que o sistema possui correção logarítmica, porém é algo que não pode ser confirmado com clareza. Com base nisso, os valores obtidos de $1/\nu$ e β/ν , são os valores utilizados para o colapso das curvas, onde o expoente utilizado ($1/2$), não foi possível obter em algumas regressões, como por exemplo a de γ/ν , seja por conta de erros estatísticos ou por valores não satisfatórios na execução do programa em variáveis como série temporal, entre outros, fazendo com que seja complicado se obter esse valor para essas razões. Portanto, as regressões ajudaram a estimar o valor das razões críticas usadas no colapso dos dados, assim, observa-se que esta dinâmica desenvolvida, acoplada à estrutura geométrica utilizada, pertence à classe de campo médio para percolação, onde os colapsos dos dados, as análises das figuras e das regressões, fornecem evidências de que o expoente utilizado é favorável para a obtenção das razões críticas.

5 CONCLUSÃO

Nós realizamos a simulação do Modelo Suscetível-Infectado-Removido em Redes de Solomon, visando a compreensão da dinâmica do modelo em redes que possuem propriedades específicas, tais como alto grau de heterogeneidade. O estudo permitiu a análise da dinâmica de propagação de doenças com características epidêmicas em estruturas que apresentam características próximas as redes de mundo pequeno (small world). Assim, destacando a influência da topologia da rede na região crítica do sistema. Ao longo do desenvolvimento deste trabalho, foram investigadas observáveis fundamentais da dinâmica, tais como o Cumulante de Binder, Parâmetro de ordem e a Flutuação do parâmetro de ordem, que nos permitiram observar e coletar informações valiosas sobre as transições de fase e o comportamento crítico do modelo. Nossos resultados numéricos sugerem o surgimento de correções logarítmicas para o colapso das curvas da flutuação do parâmetro de ordem. As regressões ajudaram a estimar as razões críticas usadas para o colapso dos dados, assim, observa-se que a dinâmica acoplada a essa estrutura geométrica utilizada, se enquadra em campo médio para percolação, confirmado que os valores para β , γ e ν utilizados, foram satisfatórios para o colapso e obtenção dos dados. Através destes resultados foi possível analisar numericamente os parâmetros necessários deste trabalho, como por exemplo o ponto crítico ($\lambda_c = 0.4126$), bem como os valores das razões críticas. Portanto, destaca-se uma contribuição deste estudo para a compreensão da dinâmica do modelo SIR em redes de Solomon, e os resultados obtidos são de utilidade para o desenvolvimento de estratégias de controle de doenças pertencentes ao estado endêmico, porém com características epidêmicas, antes que evoluam para uma epidemia em si, fazendo com que este estudo reforce a importância da compreensão e aplicação de modelos epidemiológicos para a disseminação de doenças.

Referências

- ALEX, Arenas et al. Matamalas joan t, soriano-panos david, steinegger benjamin. **medRxiv**, 2020.
- BRAUER, Fred et al. **Mathematical epidemiology**. [S.l.]: Springer, 2008. v. 1945.
- BRODY, D; MEIER, D. How to model fake news. arxiv. **arXiv preprint arXiv:1809.00964**, 2018.
- EREZ, T; HOHNISCH, M. Statistical economics on solomon networks. **arXiv preprint cond-mat/0406369**, Citeseer, 2004.
- FAN, Qin et al. Modeling covid-19 spread using multi-agent simulation with small-world network approach. **BMC Public Health**, Springer, v. 24, n. 1, p. 672, 2024.
- FERRAZ, Amélia Ricon. As grandes pandemias da história. **Revista de Ciência Elementar**, Casa das Ciências, v. 8, n. 2, 2020.
- HELLEWELL, Joel et al. Feasibility of controlling covid-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. **The Lancet Global Health**, Elsevier, v. 8, n. 4, p. e488–e496, 2020.
- KERMACK, W O; MCKENDRICK, A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character**, The Royal Society, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927.
- LIBERMAN, Hilda; ROZENCHAN, Nancy. Recontando salomão. 2005.
- LIMA, Érica Cavalcante. Contra as doenças, conhecimento: a importância da difusão de informações no enfrentamento das epidemias ao longo da história: a importância da difusão de informações no enfrentamento das epidemias ao longo da história. **Revista Docentes**, v. 9, n. 27, p. 151–157, 2024.
- LIMA, FWS. Equilibrium and nonequilibrium models on solomon networks. **International Journal of Modern Physics C**, World Scientific, v. 27, n. 11, p. 1650134, 2016.
- LIMA, FWS. Equilibrium and nonequilibrium models on solomon networks with two square lattices. **International Journal of Modern Physics C**, World Scientific, v. 28, n. 08, p. 1750099, 2017.
- MALARZ, Krzysztof. Social phase transition in solomon network. **International Journal of Modern Physics C**, World Scientific, v. 14, n. 05, p. 561–565, 2003.
- NEWMAN, Mark EJ. Spread of epidemic disease on networks. **Physical review E**, APS, v. 66, n. 1, p. 016128, 2002.
- REZENDE, Joffre Marcondes de. À sombra do plátano: crônicas de história da medicina. Editora Fap-Unifesp, 2009.
- SANTOS, GBM et al. Epidemic outbreaks on two-dimensional quasiperiodic lattices. **Physics Letters A**, Elsevier, v. 384, n. 2, p. 126063, 2020.
- SANTOS, MICHEL ALVES DOS. Davi e salomão. **Atualidade Teologica**, v. 16, n. 42, 2013.

TOMÉ, Tânia; ZIFF, Robert M. Critical behavior of the susceptible-infected-recovered model on a square lattice. **Physical Review E—Statistical, Nonlinear, and Soft Matter Physics**, APS, v. 82, n. 5, p. 051921, 2010.

UJVARI, Stefan Cunha. **A História da humanidade contada pelo vírus**. [S.l.]: Editora Contexto, 2015.