

INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
DE MINAS GERAIS (IFMG)
CAMPUS BAMBUÍ
BACHARELADO EM ENGENHARIA DE COMPUTAÇÃO

Mirelle Silva Vieira

**UM ESTUDO SOBRE O PROCESSO DE CONTATO: FUNDAMENTOS,
MODELAGEM E APLICAÇÕES**

MIRELLE SILVA VIEIRA

**UM ESTUDO SOBRE O PROCESSO DE CONTATO: FUNDAMENTOS,
MODELAGEM E APLICAÇÕES**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Engenharia de Computação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais (IFMG) – *Campus Bambuí* para obtenção do grau de Bacharela em Engenharia de Computação.

Orientadora: Dra. Letícia Alves da Silva

Coorientadora: Dra. Tamara Aparecida Nogueira dos Anjos Soares

Catálogo na Fonte Biblioteca IFMG - Campus Bambuí

V658e Vieira, Mirelle Silva.
Um estudo sobre o processo de contato: fundamentos, modelagem e aplicações. / Mirelle Silva Vieira. – 2026.
59 f.; il.: color.

Orientadora: Dra. Leticia Alves da Silva.
Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) - Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais – Campus Bambuí, MG, Curso Bacharelado em Engenharia de Computação, 2026.

1. Modelos estocásticos. 2. Dinâmica de redes. 3. Propagação em sistemas complexos. I. Silva, Leticia Alves da. II. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais – Campus Bambuí, MG. III. Título.

CDD 004.42

Elaborada por Douglas Bernardes de Castro- CRB-6/2802

Mirelle Silva Vieira

UM ESTUDO SOBRE O PROCESSO DE CONTATO: FUNDAMENTOS, MODELAGEM E APLICAÇÕES

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Engenharia de Computação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais (IFMG) – *Campus Bambuí* para obtenção do grau de Bacharela em Engenharia de Computação.

Aprovado em 20 de Abril de 2026 pela banca examinadora:

Dra. Letícia Alves da Silva – IFMG – *Campus Bambuí* – (Orientadora)

Dra. Tamara Aparecida Nogueira dos Anjos Soares – IFMG - *Campus Bambuí* –
(Coorientadora)

Ciniro Aparecido Leite Nametala – IFMG - *Campus Bambuí*

Ronan Silva Ferreira – Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP)



Documento assinado eletronicamente por **Ciniro Aparecido Leite Nametala, Professor**, em 20/04/2026, às 12:22, conforme Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.



Documento assinado eletronicamente por **Letícia Alves da Silva, Professora**, em 23/04/2026, às 19:37, conforme Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.



Documento assinado eletronicamente por **RONAN SILVA FERREIRA, Usuário Externo**, em 23/04/2026, às 19:38, conforme Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.



Documento assinado eletronicamente por **Tamara Aparecida Nogueira dos Anjos Soares, Professora**, em 08/05/2026, às 18:59, conforme Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.



A autenticidade do documento pode ser conferida no site <https://sei.ifmg.edu.br/consultadocs> informando o código verificador **2694636** e o código CRC **77F157B0**.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho, em especial à minha família, aos amigos e aos professores, que me fizeram perceber a educação como um caminho possível.

RESUMO

Este trabalho tem como foco um estudo sobre o Processo de Contato, modelo estocástico utilizado para representar a propagação de infecções, comportamentos e informações em redes. A pesquisa parte da necessidade de compreender como sistemas compostos por múltiplos agentes interagem de forma aleatória ao longo do tempo. O principal objetivo deste trabalho foi investigar a formulação matemática, a dinâmica e as aplicações do Processo de Contato por meio de uma análise teórica e computacional. A metodologia envolve revisão sistemática da literatura, análise comparativa de diferentes abordagens e desenvolvimento de modelos computacionais. Os resultados destacam o papel de variáveis como a taxa de infecção, o tamanho da rede e a densidade inicial de infectados nos regimes subcrítico e supercrítico. Como contribuição, o trabalho apresenta uma síntese organizada sobre o modelo, reforçando seu potencial como ferramenta de modelagem de fenômenos complexos e incentivando sua aplicação em contextos interdisciplinares.

Palavras-chave: Modelos estocásticos. Dinâmica de redes. Propagação em sistemas complexos. Epidemiologia matemática.

ABSTRACT

This work focuses on a study of the Contact Process, a stochastic model used to represent the spread of infections, behaviors, and information in networks. The research stems from the need to understand how systems composed of multiple agents interact randomly over time. The main objective of this work is to investigate the mathematical formulation, dynamics, and applications of the Contact Process through theoretical and computational analysis. The methodology includes a systematic literature review, comparative analysis of different approaches, and the development of computational models. The results highlight the role of variables such as the infection rate, network size, and initial density of infected individuals in the subcritical and supercritical regimes. As a contribution, the study provides an organized synthesis of the model, reinforcing its potential as a tool for modeling complex phenomena and encouraging its application in interdisciplinary contexts.

Keywords: Stochastic models. Network dynamics. Propagation in complex systems. Mathematical epidemiology.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Ilustração de uma rede regular unidimensional composta por N sítios	10
Figura 2 - Rede de usuários do Facebook conectados por relações de amizade	14
Figura 3 - Abstração do problema das sete pontes de Königsberg.	15
Figura 4 - Representação Gráfica de um Grafo	16
Figura 5 - Um exemplo de grafo ponderado	17
Figura 6 - Um exemplo de grafo direcionado	17
Figura 7 - A diferença entre os diversos tipos de grafos	18
Figura 8 - Dois grafos simples e suas respectivas matrizes de adjacência	19
Figura 9 - Espaço de configurações do Processo de Contato em um anel com três sítios	21
Figura 10 -Comportamento do parâmetro de ordem para o Processo de Contato em função de λ	22
Figura 11 -Fluxograma do Algoritmo	32
Figura 12 -Evolução temporal da densidade de infectados no regime subcrítico com valor de λ igual a 0,9	35
Figura 13 -Evolução temporal da densidade de infectados no regime supercrítico com valor de λ igual a 1,5	36
Figura 14 -Evolução temporal da densidade de infectados no regime supercrítico com valor de λ igual a 10	36
Figura 15 -Ilustração da dinâmica de infecção (vermelho) e recuperação (azul) ao longo das iterações	37
Figura 16 -Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de N e ρ_0 , considerando diferentes valores de λ	38
Figura 17 -Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de λ e N , considerando diferentes valores de ρ_0	40
Figura 18 -Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de ρ_0 e λ , considerando diferentes valores de N	43
Figura 19 -Fluxograma da variação proposta do Processo de Contato	56

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
1.1	Objetivo	11
1.1.1	<i>Objetivo Geral</i>	11
1.1.2	<i>Objetivos Específicos</i>	11
1.2	Justificativa	11
1.3	Classificação da pesquisa	12
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	14
2.1	Redes Complexas	14
2.2	Teoria de Grafos	15
2.3	Tipos de Grafos	17
2.4	Matriz de Adjacência	18
2.5	Processo de Contato	20
2.5.1	<i>Características</i>	20
2.5.2	<i>Campo Médio</i>	22
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	27
4	METODOLOGIA	29
4.1	Pesquisa Bibliográfica	29
4.2	Simulação Computacional	29
4.2.1	<i>Simulação Analítica no GeoGebra</i>	30
4.2.2	<i>Simulação Computacional em Python</i>	30
5	RESULTADOS	35
5.1	Simulação Analítica no GeoGebra	35

5.2	Simulação Computacional em Python	36
5.2.1	<i>Influência da taxa de infecção λ</i>	37
5.2.2	<i>Influência da densidade inicial de infectados ρ_0</i>	40
5.2.3	<i>Influência do tamanho do sistema N</i>	42
6	CONCLUSÕES	46
	REFERÊNCIAS	47
	APÊNDICES	52
	APÊNDICE A - Código em Python da simulação do Processo de Contato (sorteio de apenas um indivíduo a cada unidade de tempo) .	53
	APÊNDICE B - Fluxograma da dinâmica do Processo de Contato - Variação Proposta (Análise simultânea)	56
	APÊNDICE C - Código em Python da simulação do Processo de Contato (todos os indivíduos são atualizados a cada unidade de tempo)	57

1 INTRODUÇÃO

Diversos sistemas são compostos por um alto número de elementos conectados entre si por meio de interações específicas. Eles estão presentes em várias áreas do nosso cotidiano. A *Internet*, por exemplo, é formada por computadores interligados por conexões de dados, e a sociedade, por sua vez, é constituída por indivíduos unidos por vínculos sociais (Caldarelli, 2007).

De forma geral, tais estruturas são chamadas de sistemas complexos, justamente pela dificuldade de prever seu comportamento com base apenas na análise isolada de seus componentes. Dada sua importância em diversos contextos, como na vida cotidiana, na ciência e na economia, é essencial desenvolver métodos capazes de compreendê-los, modelá-los matematicamente, fazer previsões e, eventualmente, controlá-los (Barabási, 2013).

Uma forma eficiente de representar essas estruturas é por meio de redes, nas quais os elementos são associados aos vértices, e as interações entre eles, às arestas (Newman, 2010). Entre os temas mais explorados nesse contexto, destaca-se a análise de processos de disseminação, como a transmissão de doenças ou o compartilhamento de informações, que se consolidou como um dos principais focos da Teoria das Redes (Pastor-Satorras; Vespignani, 2001; Newman, 2002; Pastor-Satorras; Castellano *et al.*, 2015; Cinelli *et al.*, 2021).

Por meio da construção de modelos epidêmicos, é possível obter informações para prever e compreender a propagação de patógenos, além de auxiliar na definição de políticas públicas voltadas à mitigação dos impactos (Balcan *et al.*, 2009; Gomes *et al.*, 2014; Villela *et al.*, 2017; Pinho *et al.*, 2010).

A pandemia da COVID-19 é um exemplo da aplicação desses estudos. No Brasil, em abril de 2022, o número de casos se aproximava dos 30 milhões, com mais de 660 mil mortes registradas (Moura *et al.*, 2022). Desde o início da crise sanitária, diversos cientistas, de diferentes áreas, concentraram esforços na compreensão e no enfrentamento dessa nova ameaça (Li *et al.*, 2020; Read *et al.*, 2021; Chinazzi *et al.*, 2020; Du *et al.*, 2020; Danon *et al.*, 2021; Arenas *et al.*, 2020; Aleta; Moreno, 2020).

O modelo abordado neste trabalho é o Processo de Contato, proposto por Harris (1974). Esse processo é um sistema de partículas interagentes que pode ser interpretado como um modelo para representar a propagação de uma infecção (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006).

Nesse modelo, cada sítio de uma rede d -dimensional representa um indivíduo que pode estar em um dos dois estados: infectado ou saudável. A evolução do sistema ocorre segundo uma dinâmica estocástica baseada em eventos elementares de infecção e recuperação. Essa dinâmica pode ser visualizada na Figura 1, que ilustra uma rede regular unidimensional com N sítios, onde os indivíduos infectados

são representados em preto. No instante t , observa-se que o sítio i possui seus dois vizinhos infectados.

Figura 1 – Ilustração de uma rede regular unidimensional composta por N sítios



Fonte: FERREIRA, 2009.

A propagação da infecção se dá por meio do contato direto entre indivíduos infectados e saudáveis, sendo controlada por um parâmetro de infecção, denotado por λ . Indivíduos infectados se recuperam com uma taxa unitária e permanecem suscetíveis à reinfecção. Para valores elevados de λ , a infecção pode se propagar indefinidamente pela população. Em contrapartida, quando λ é muito baixo, a extinção da infecção a longo prazo é inevitável (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006).

Cabe destacar que a infecção só pode ocorrer se o indivíduo estiver conectado a pelo menos um vizinho infectado. Nesse sentido, a configuração em que todos os indivíduos estão saudáveis é denominada estado absorvente. Uma vez atingido, o sistema permanece nessa condição indefinidamente, pois não há mecanismos que possibilitem o retorno da infecção. Esse estado, portanto, representa a extinção da epidemia. Assim, o sistema pode evoluir para dois cenários distintos: uma fase ativa, caracterizada pela propagação contínua da doença, ou uma fase absorvente, na qual todos os indivíduos permanecem saudáveis (Ferreira, 2009).

Além da propagação de epidemias, o Processo de Contato também tem se mostrado útil na modelagem de outros fenômenos dinâmicos, como a disseminação de comportamentos e ideias na *web*. Sua versatilidade permite, também, aplicações em áreas como Biologia, Química e Física, representando interações locais entre elementos e a evolução de estados ao longo do tempo (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006; Sander, 2011; Costa, 2022). Dessa forma, esse modelo se destaca como uma ferramenta para compreender e simular processos estocásticos que envolvem múltiplos agentes e dependem da estrutura das interações no sistema.

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo principal entender o Processo de Contato em rede unidimensional. No capítulo seguinte, serão apresentados os fundamentos teóricos e a definição formal do modelo, incluindo suas propriedades dinâmicas. Os capítulos subsequentes abordarão o referencial bibliográfico, a metodologia adotada, os resultados gerados por meio de simulações e análises e, por fim, as conclusões e perspectivas para trabalhos futuros.

1.1 Objetivo

Nesta seção, são apresentados o objetivo geral e os objetivos específicos deste trabalho.

1.1.1 Objetivo Geral

Este trabalho teve como objetivo geral compreender o Processo de Contato enquanto modelo matemático. Para isso, buscou-se investigar sua formulação matemática, sua dinâmica e suas possíveis aplicações em diferentes contextos, com base em um levantamento teórico e em uma análise crítica da literatura especializada.

1.1.2 Objetivos Específicos

Nesse contexto, propuseram-se os seguintes objetivos específicos:

- a) Realizar um levantamento bibliográfico sobre o Processo de Contato;
- b) Estudar os fundamentos matemáticos relacionados ao modelo;
- c) Analisar e comparar diferentes abordagens de modelagem do Processo de Contato, destacando suas vantagens e limitações;
- d) Desenvolver códigos em linguagem de programação, como Python, para simular e ilustrar o modelo em cenários específicos;
- e) Identificar aplicações do Processo de Contato em diferentes campos do conhecimento, como Epidemiologia, Ciência de Redes ou Física.

1.2 Justificativa

A relevância acadêmica da pesquisa reside na sistematização de conceitos essenciais, proporcionando uma ponte entre teoria e prática. Ao aliar embasamento teórico a simulações computacionais, espera-se que este estudo não apenas funcione como material introdutório para o público acadêmico e científico, mas também incentive investigações futuras em contextos mais complexos. Em resumo, este trabalho busca contribuir para o avanço do conhecimento sobre o Processo de Contato, oferecendo uma análise estruturada sobre o assunto.

Do ponto de vista prático, compreender o comportamento de modelos de propagação pode ter implicações reais em áreas como Epidemiologia, Ciência de Redes e Física. Isso pode, futuramente, auxiliar no desenvolvimento de soluções computacionais, políticas de controle de propagação, ou ainda, na criação de ferramentas de simulação com aplicações sociais e tecnológicas.

Portanto, o desenvolvimento deste trabalho é justificado pela necessidade

de aprofundamento teórico sobre o tema. Além disso, ele possui potencial para contribuir na formação acadêmica, na comunidade científica e na interface entre teoria matemática e aplicações reais.

Nesse sentido, este trabalho tem como resultado esperado a melhor compreensão sobre o Processo de Contato, um modelo matemático utilizado para a representação de fenômenos de propagação. Ao aprofundar o entendimento sobre suas propriedades e possibilidades de aplicação, o estudo busca contribuir tanto para a formação acadêmica quanto para a valorização da pesquisa em Matemática Aplicada no contexto do Instituto Federal de Minas Gerais (IFMG) – Campus Bambuí.

No âmbito regional, espera-se que o projeto incentive outros estudantes e pesquisadores da instituição e da região a explorarem temas interdisciplinares que unem Matemática, Ciência de Dados e modelagem de sistemas reais. Isso pode fortalecer a cultura científica local, especialmente nas áreas de ciências exatas e computação.

Do ponto de vista social, entender modelos como o Processo de Contato pode gerar impactos indiretos. Eles fornecem base teórica para aplicações em áreas como Epidemiologia, Ciências Sociais e Física. Esses modelos ajudam a analisar fenômenos como a propagação de doenças, ideias ou comportamentos.

Para a comunidade científica, este trabalho busca ser uma referência introdutória. Ele pode auxiliar pesquisadores que desejam entender ou aplicar o Processo de Contato em seus estudos. Além disso, aponta caminhos para investigações futuras.

1.3 Classificação da pesquisa

A abordagem metodológica adotada neste trabalho está em conformidade com as diretrizes e classificações estabelecidas no Anexo C – Classificação Metodológica do TCC, conforme disposto na Resolução n.º 02, de 13 de janeiro de 2025, do IFMG – Campus Bambuí (Instituto Federal de Minas Gerais, 2025). Assim, a pesquisa é classificada da seguinte forma:

- **Natureza da Pesquisa:** este trabalho caracteriza-se como uma pesquisa básica, uma vez que visa aprofundar o conhecimento teórico sobre o Processo de Contato. O foco principal reside na compreensão e sistematização do conhecimento, sem, necessariamente, a aplicação direta ou imediata em produtos ou processos tecnológicos.
- **Tipo de Objetivos:** do ponto de vista dos objetivos, trata-se de uma pesquisa exploratória. O intuito é proporcionar maior familiaridade com o Processo de Contato, investigar suas propriedades e discutir possíveis aplicações.
- **Procedimentos Metodológicos:** a metodologia adotada baseia-se em

pesquisa bibliográfica, com a análise de livros, artigos científicos e outras publicações que tratam do Processo de Contato e suas variações. Também foram realizadas simulações computacionais para ilustrar o comportamento do modelo em diferentes contextos.

- **Abordagem da Pesquisa:** a presente pesquisa adota uma abordagem quali-quantitativa. Do ponto de vista quantitativo, fundamenta-se na análise de modelos matemáticos, simulações computacionais e no tratamento formal e numérico de informações relacionadas ao Processo de Contato. Já no aspecto qualitativo, buscou-se contextualizar aplicações interdisciplinares do modelo e discutir suas limitações e potenciais, promovendo uma compreensão mais ampla e reflexiva do tema.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

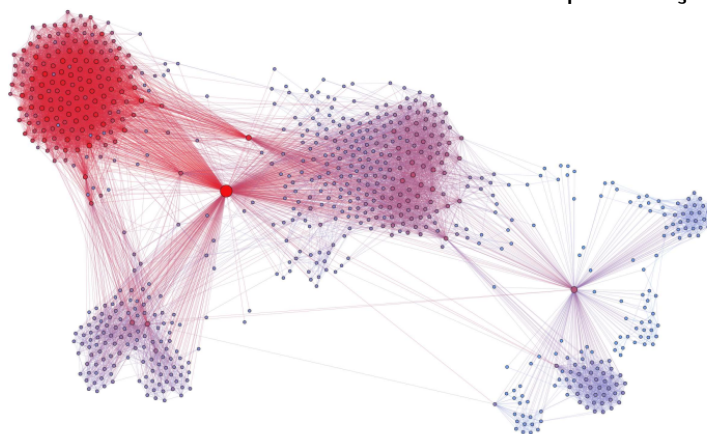
Neste capítulo, serão apresentados conceitos que servirão de base para a análise dos fenômenos dinâmicos. Inicialmente, introduz-se o tema das redes complexas, destacando sua importância na modelagem de sistemas reais. Em seguida, são explorados os elementos essenciais da teoria dos grafos, que fornece a base matemática para a representação e o estudo dessas redes. Por fim, apresenta-se o Processo de Contato, um modelo estocástico utilizado para representar a propagação de infecções em redes, enfatizando seu comportamento dinâmico e a ocorrência de transições de fase.

2.1 Redes Complexas

As redes complexas podem ser analisadas por meio de uma representação matemática abstrata fornecida pela teoria dos grafos. Nesse contexto, cada elemento do sistema é associado a um vértice, enquanto as interações ou relações entre eles são modeladas por arestas. Essa abordagem vem proporcionando avanços significativos, especialmente quando combinada com ferramentas da mecânica estatística e simulações computacionais (Strogatz, 2001).

A Figura 2 apresenta um exemplo da rede social *Facebook*, destacando dois perfis e seus respectivos amigos em comum. Nela, os vértices representam os usuários, e as ligações correspondem às relações de amizade, ilustrando uma típica estrutura de rede complexa.

Figura 2 – Rede de usuários do Facebook conectados por relações de amizade



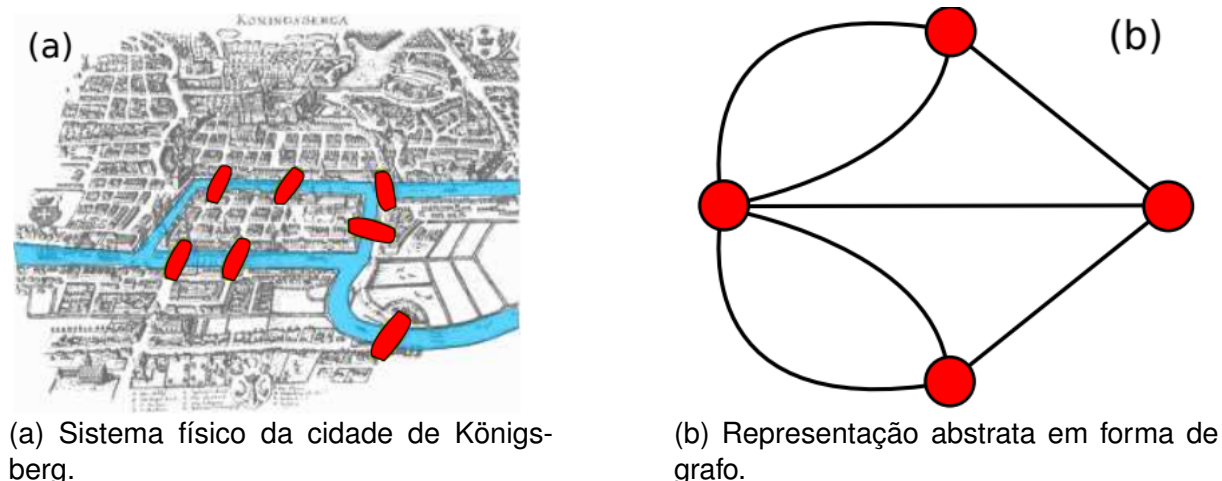
Fonte: COTA, 2016.

2.2 Teoria de Grafos

As definições apresentadas baseiam-se nos trabalhos de Essam e Fisher (1970) e Zhang e Chartrand (2006). Também são considerados estudos que tratam de propriedades específicas, como a correspondência em grafos ponderados de Umeyama (1988). Além disso, incluem-se trabalhos sobre caminhos mínimos de Smirnov (2018), características espectrais de Harary (1962) e técnicas de agrupamento de Schaeffer (2007). Por fim, destacam-se contribuições nacionais, como as de Oliveira, Rangel e Araujo (2013).

A Teoria dos Grafos teve seu marco inicial no ano de 1736, com os estudos do matemático suíço Leonhard Euler (1707–1783), ao resolver o problema das pontes de Königsberg. Naquela época, a cidade de Königsberg, atualmente Kaliningrado, localizada na Rússia, era cortada pelo rio Pregel e possuía sete pontes que conectavam suas margens e duas ilhas centrais. Quatro dessas pontes ligavam as margens do rio a uma das ilhas, duas conectavam a outra ilha às margens, e a última fazia a ligação entre as duas ilhas. Isso pode ser visto na Figura 3. O desafio consistia em determinar se seria possível realizar um percurso que atravessasse todas as pontes exatamente uma vez, sem repetições.

Figura 3 – Abstração do problema das sete pontes de Königsberg.



Fonte: COSTA, 2022.

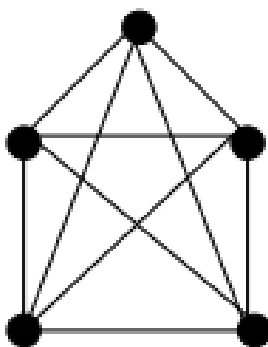
A Figura 3 ilustra o processo de abstração realizado pelo matemático ao tratar o problema. Na subfigura 3a, observa-se a configuração física original do sistema, composta pelas massas de terra separadas pelo rio Pregel e conectadas por sete pontes. Euler, ao buscar uma formulação matemática do problema, desconsiderou informações não essenciais, como as formas e dimensões das regiões e das pontes. Esse processo de simplificação resultou na estrutura esquemática representada em 3b, na qual os elementos relevantes do sistema são mantidos.

Essa forma de representar o sistema passou a ser conhecida como grafo, uma estrutura composta por elementos interligados que seguem determinadas regras. No exemplo de Königsberg, as porções de terra são denominadas vértices (ou nós), enquanto as pontes correspondem às arestas, que indicam as conexões entre os vértices.

Um grafo pode ser definido como uma estrutura matemática composta por um conjunto não vazio V de elementos, chamados vértices (ou nós), e por um conjunto E de pares não ordenados de vértices, denominados arestas. Um grafo é representado por $G = (V, E)$ ou, de forma abreviada, apenas por G .

Representações gráficas de grafos, geralmente, consistem em conjuntos de pontos, que simbolizam os vértices, conectados por linhas ou curvas, que indicam as conexões (ou arestas) entre eles. Isso está ilustrado na Figura 4.

Figura 4 – Representação Gráfica de um Grafo



Fonte: SILVA, 2007.

Um grafo $G = (V, E)$, no qual o conjunto V possui N elementos (ou seja, N vértices), é dito ter ordem N . De forma análoga, o tamanho de um grafo corresponde ao número M de suas arestas (isto é, ao número de elementos do conjunto E).

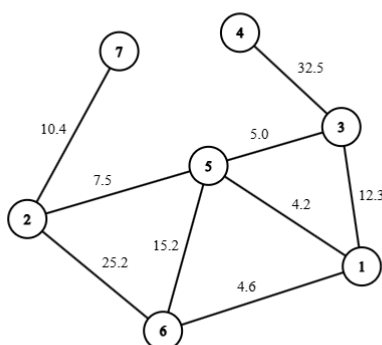
Quando uma aresta e liga os vértices v_1 e v_2 , diz-se que os vértices v_1 e v_2 são incidentes à aresta e . Alternativamente, pode-se dizer que a aresta e conecta v_1 e v_2 , que são seus vértices extremos. Os vértices v_1 e v_2 , conectados pela aresta e , são adjacentes ou vizinhos.

Um grafo finito é aquele cujo conjunto de vértices e conjunto de arestas possuem uma quantidade finita de elementos. Já um grafo é simples quando todas as arestas do conjunto E são compostas por elementos distintos de vértices do conjunto V .

2.3 Tipos de Grafos

Quando um número w é atribuído a uma aresta de um grafo, diz-se que essa aresta possui um peso w . Considera-se que os pesos são, em sua maioria, números reais positivos ($w > 0$). A presença de pesos é o que caracteriza o grafo como um grafo ponderado. A Figura 5 ilustra um exemplo desse conceito.

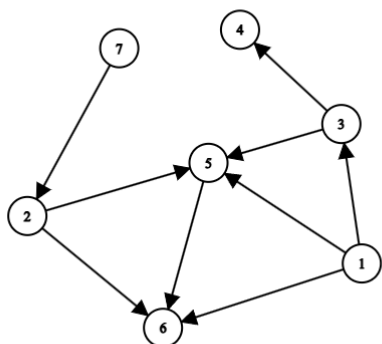
Figura 5 – Um exemplo de grafo ponderado



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

Um grafo direcionado (ou dígrafo) é um tipo de grafo no qual todas as arestas possuem uma direção definida, ou seja, cada aresta conecta dois vértices em uma ordem específica. Nesse contexto, cada aresta direcionada é caracterizada por um sentido: um de seus extremos é denominado ponto de origem, e o outro é chamado de ponto de destino. A Figura 6 apresenta um exemplo visual de um grafo direcionado.

Figura 6 – Um exemplo de grafo direcionado



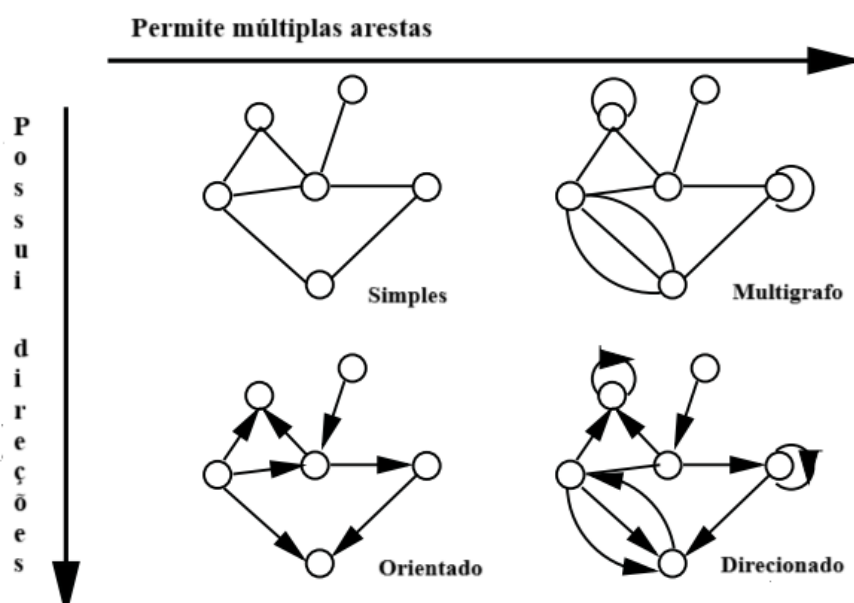
Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

Em grafos direcionados, pode ocorrer de uma aresta ter o mesmo vértice como ponto de partida e de chegada. Quando isso acontece, essa aresta é chamada de laço, pois conecta um vértice a ele mesmo. Além disso, é possível que existam múltiplas arestas direcionadas entre dois mesmos vértices, representando diferentes conexões com a mesma origem e o mesmo destino.

Um multigrafo é uma estrutura composta por dois conjuntos disjuntos: um conjunto de vértices e um conjunto de arestas, sendo que cada aresta é associada a um ou dois vértices. Diferentemente dos grafos orientados, no multigrafo, não há atribuição de direção às arestas. No entanto, admite-se a existência de laços e arestas múltiplas.

Conforme apresentado na Figura 7, é possível observar visualmente as distinções estruturais entre os diversos tipos de grafos discutidos nesta seção.

Figura 7 – A diferença entre os diversos tipos de grafos



Fonte: Adaptado de Caldarelli, 2007.

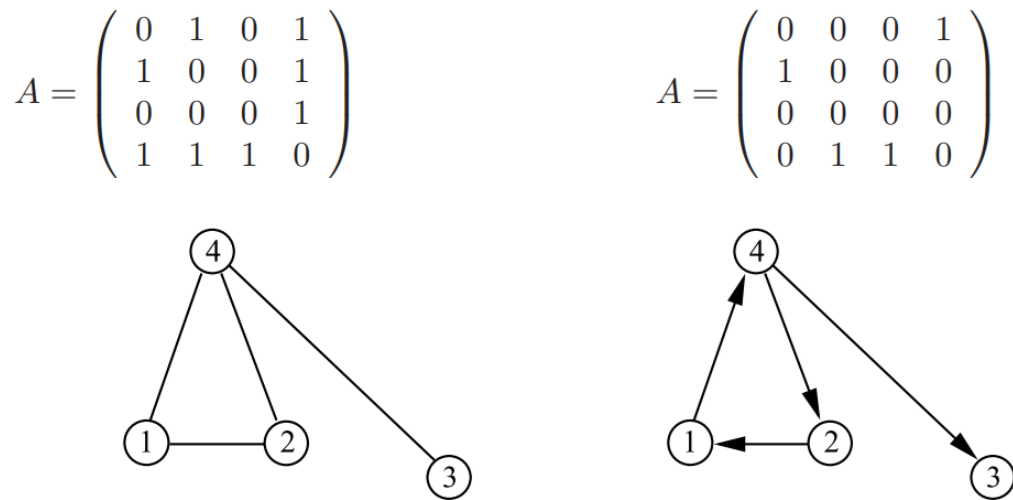
2.4 Matriz de Adjacência

É possível representar um grafo por meio de uma matriz de adjacência, denotada por A . Essa matriz possui dimensão $N \times N$, em que N corresponde ao número total de vértices do grafo. Cada entrada a_{ij} da matriz indica a presença ou ausência de uma aresta entre os vértices i e j , sendo definida conforme mostra a Equação 2.1.

$$a_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{se os vértices } i \text{ e } j \text{ estão conectados;} \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (2.1)$$

A Figura 8 ilustra dois exemplos de grafos juntamente com suas respectivas matrizes de adjacência. À esquerda, apresenta-se um grafo simples, no qual as arestas não possuem direção. Já à direita, observa-se um grafo direcionado, em que cada aresta possui uma orientação específica entre os vértices.

Figura 8 – Dois grafos simples e suas respectivas matrizes de adjacência



Fonte: CALDARELLI, 2007.

Pode-se obter, a partir da matriz de adjacência, o grau k_i de um vértice i . Esse grau corresponde à quantidade de arestas conectadas a esse vértice, ou seja, ao número de seus vizinhos mais próximos. O valor de k_i pode ser calculado pela Equação 2.2.

$$k_i = \sum_{j=1}^N A_{ij} \quad (2.2)$$

Um caminho entre dois vértices i e j , denotado por P_{ij} , corresponde a uma sequência ordenada de $n + 1$ vértices interligados por n arestas, de forma a conectá-los. A partir deste conceito, é possível definir a distância entre dois vértices de uma rede. Trata-se da quantidade de arestas presentes no menor caminho que liga os vértices i e j , sendo essa distância representada por l_{ij} . A distância média entre os vértices da rede, por sua vez, é obtida conforme expressa a equação 2.3 ao se calcular a média de todas as distâncias mínimas possíveis entre pares de vértices (Dorogovtsev; Mendes, 2004).

$$\langle \ell \rangle = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i \neq j} l_{ij} \quad (2.3)$$

2.5 Processo de Contato

Nesta seção, serão apresentadas duas subseções destinadas à compreensão teórica do modelo estudado. A primeira aborda as principais características do Processo de Contato. Em seguida, será explorada a técnica de campo médio, uma abordagem determinística que permite obter uma descrição aproximada do comportamento coletivo do sistema a partir de médias estatísticas. Nesse método, propriedades individuais do sistema são substituídas por quantidades estatísticas, tratando os elementos do sistema como equivalentes. Para isso, considera-se um conjunto de realizações do sistema preparadas sob as mesmas condições iniciais, permitindo analisar propriedades coletivas, como a densidade de indivíduos infectados.

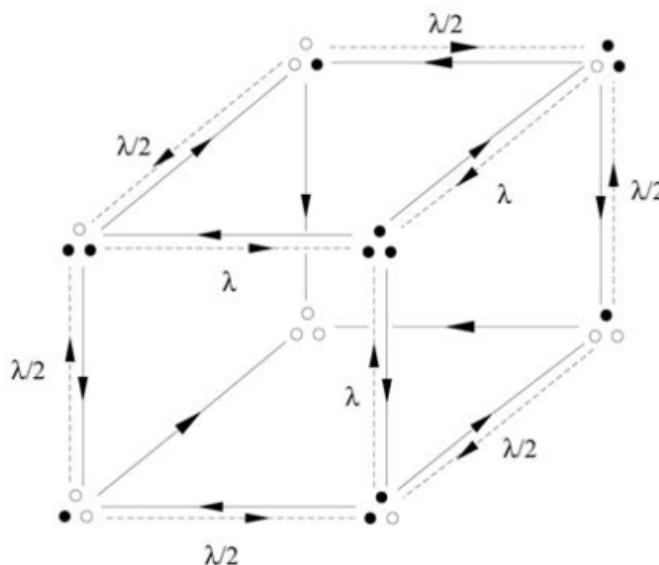
2.5.1 Características

Considera-se uma rede hipercúbica d -dimensional, na qual cada vértice corresponde a um indivíduo do sistema. Nessa estrutura, os vértices dizem respeito aos pontos do espaço d -dimensional com coordenadas inteiras, e dois vértices são conectados por uma aresta quando diferem em apenas uma coordenada por uma unidade. Como consequência, cada vértice possui exatamente $2d$ vizinhos mais próximos.

Em cada sítio i , o indivíduo pode assumir um dos dois estados possíveis: saudável ou infectado, representados, respectivamente, por $\sigma_i = 0$ e $\sigma_i = 1$. O estado de cada indivíduo evolui conforme as seguintes regras: indivíduos infectados podem se recuperar e se tornarem saudáveis ($\sigma_i = 1 \rightarrow \sigma_i = 0$) a uma taxa unitária, independentemente do estado de seus vizinhos; já indivíduos saudáveis podem ser infectados a uma taxa proporcional a $\frac{n\lambda}{2d}$, em que n representa o número de vizinhos infectados, e d , a dimensão do sistema. Dessa forma, a fração de vizinhos infectados é dada por $\frac{n}{2d}$ (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006).

A Figura 9 apresenta as possíveis transições de configuração em uma rede unidimensional ($d = 1$). Nesse tipo de rede, adotam-se condições de contorno periódicas, isto é, o último sítio à direita é considerado vizinho do primeiro sítio à esquerda, e vice-versa. No diagrama, utiliza-se o círculo preenchido ($\bullet$) para representar um indivíduo infectado, enquanto o círculo vazio ($\circ$) indica um indivíduo saudável.

Figura 9 – Espaço de configurações do Processo de Contato em um anel com três sítios



Fonte: DICKMAN, DICKMAN E BARBOSA, 2006.

Partindo de uma configuração inicial do tipo $(\bullet \bullet \bullet)$, na qual os três indivíduos estão infectados, é possível alcançar um dos seguintes estados: $(\circ \bullet \bullet)$, $(\bullet \circ \bullet)$ ou $(\bullet \bullet \circ)$, em que um dos indivíduos inicialmente infectados se recupera. A partir do estado $(\circ \bullet \bullet)$, o sistema pode evoluir para $(\circ \circ \bullet)$ ou $(\circ \bullet \circ)$, caso outro indivíduo infectado se recupere, ou retornar ao estado $(\bullet \bullet \bullet)$ se o único indivíduo saudável for reinfectado.

Seguindo a evolução do estado $(\circ \circ \bullet)$, podem ocorrer transições para $(\circ \bullet \bullet)$ ou $(\bullet \circ \bullet)$ por meio da reinfecção de um dos indivíduos saudáveis, ou, ainda, para o estado $(\circ \circ \circ)$, no qual todos os indivíduos estão saudáveis. Este último é denominado estado absorvente, pois o sistema, uma vez nele, não pode mais evoluir.

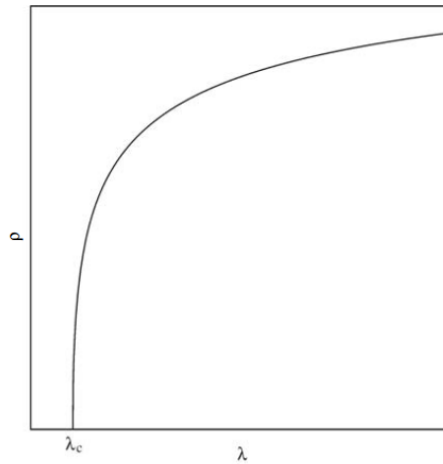
A dinâmica de permanência da epidemia no sistema depende diretamente do parâmetro de infecção, denotado por λ . Quando λ assume valores muito baixos, a tendência é que a infecção desapareça com o tempo, resultando na extinção da epidemia. Em contrapartida, valores elevados de λ favorecem a propagação contínua da infecção, permitindo sua manutenção indefinida na rede (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006).

Existe, portanto, um valor limiar desse parâmetro, chamado de parâmetro crítico e representado por λ_c , que delimita a transição entre esses dois comportamentos. Esse ponto crítico separa dois estados estacionários possíveis: um estado absorvente, no qual a infecção é erradicada, e um estado ativo, em que a epidemia persiste no tempo. A ocorrência dessa mudança caracteriza uma transição de fase contínua entre os dois regimes dinâmicos (Dickman; Dickman; Barbosa, 2006).

O parâmetro de ordem é uma grandeza utilizada para diferenciar duas fases distintas em um sistema. Neste trabalho, adota-se como parâmetro de ordem

a densidade estacionária de indivíduos infectados, representada por ρ . A Figura 10 mostra o comportamento de ρ em função do parâmetro de infecção λ , caracterizando a transição de fase contínua do sistema. Para $\lambda \leq \lambda_c$, tem-se $\rho = 0$, correspondente ao estado absorvente, caracterizado pela ausência de indivíduos infectados. Quando λ ultrapassa o valor crítico λ_c , o sistema passa para um estado estacionário ativo, no qual $\rho > 0$, indicando a persistência da infecção.

Figura 10 – Comportamento do parâmetro de ordem para o Processo de Contato em função de λ



Fonte: DICKMAN, DICKMAN E BARBOSA, 2006.

O crescimento da densidade de sítios ativos, ρ , próximo ao ponto crítico do Processo de Contato, segue uma lei de potência, representada pela equação 2.4:

$$\rho \sim (\lambda - \lambda_c)^\beta \quad (2.4)$$

Nessa expressão, β é um expoente crítico que caracteriza a natureza da transição. Ela mostra que, ao se aproximar do ponto crítico pelo lado da fase ativa ($\lambda > \lambda_c$), mesmo pequenos aumentos em λ resultam em um crescimento contínuo de ρ . Esse expoente não depende dos detalhes específicos do modelo, como regras microscópicas ou parâmetros numéricos, sendo determinado por propriedades mais gerais, como a dimensionalidade, as simetrias e o tipo de interação do sistema. Modelos que compartilham essas características pertencem à mesma classe de universalidade (Marro; Dickman, 2005).

2.5.2 Campo Médio

Visando compreender o comportamento geral do modelo, são empregadas, por exemplo, técnicas de campo médio, com ênfase na aproximação por agrupamentos. Esse método baseia-se no tratamento como independentes dos eventos asso-

ciados a sítios afastados por determinada distância. Na aproximação de sítios, cada um é considerado isolado dos demais, enquanto, na aproximação de pares, assume-se independência entre sítios separados por duas ou mais constantes de rede. Com essa abordagem, a probabilidade conjunta pode ser fatorada, simplificando a análise.

Em sistemas em equilíbrio, os métodos de campo médio são tradicionalmente aplicados à energia livre (Salinas, 1997; Cardy, 1996). No entanto, ao se considerar sistemas fora do equilíbrio, como é o caso do modelo estudado neste trabalho, a abordagem deve ser adaptada: a análise é conduzida com base na dinâmica do sistema, a qual é, geralmente, representada por uma equação mestra, sendo a distribuição estacionária de probabilidade frequentemente desconhecida.

Considera-se o Processo de Contato, conforme definido na seção anterior, em uma dimensão espacial. O estado do sítio i é representado pela variável σ_i , em que $\sigma_i = 1$ indica que o sítio está ocupado por um indivíduo infectado, e $\sigma_i = 0$ corresponde a um indivíduo saudável. A probabilidade de que o sítio i esteja infectado no tempo t é denotada por $P(\sigma_i(t) = 1) \equiv \rho(t)$. Analogamente, $1 - \rho(t)$ representa a probabilidade de que o sítio i não esteja infectado.

A Tabela 1 apresenta as taxas de mudança associadas a cada evento do Processo de Contato unidimensional, considerando a aproximação ao nível de sítios. Nessa tabela, o símbolo $\bullet$ representa um indivíduo infectado, enquanto $\circ$ caracteriza um indivíduo saudável.

Tabela 1 – Taxas de mudança para o Processo de Contato unidimensional no nível da aproximação de sítios.

Processo	Taxa	ΔN
$\bullet \circ \bullet \rightarrow \bullet \bullet \bullet$	$\lambda \rho^2(1 - \rho)$	+1
$\bullet \circ \circ \rightarrow \bullet \bullet \circ$	$\frac{\lambda}{2} \rho(1 - \rho)^2$	+1
$\circ \circ \bullet \rightarrow \circ \bullet \bullet$	$\frac{\lambda}{2} \rho(1 - \rho)^2$	+1
$\bullet \rightarrow \circ$	ρ	-1

Fonte: Marro e Dickman (1999).

No primeiro evento, ocorre a infecção do indivíduo localizado no sítio central, com taxa λ . Considerando cada sítio de forma independente e assumindo homogeneidade espacial, a probabilidade de ocorrência dessa configuração é expressa por $\rho^2(1 - \rho)$.

Cada contribuição para a equação de evolução é obtida pelo produto entre a taxa de transição do evento e a variação no número de partículas, representada por ΔN . Dessa forma, levando em conta os quatro eventos possíveis apresentados na Tabela 1, a equação de evolução para ρ pode ser determinada após manipulações algébricas apropriadas.

A seguir, é apresentado o desenvolvimento algébrico que conduz à expres-

são da derivada temporal da densidade de infectados ($\frac{d\rho}{dt}$), com base nos eventos de transição descritos na Tabela 1:

$$\begin{aligned}\frac{d\rho}{dt} &= \lambda\rho^2(1-\rho) + \frac{\lambda}{2}\rho(1-\rho)^2 + \frac{\lambda}{2}\rho(1-\rho)^2 - \rho \\ \frac{d\rho}{dt} &= \lambda\rho^2(1-\rho) + \lambda\rho(1-\rho)^2 - \rho \\ \frac{d\rho}{dt} &= \lambda\rho(1-\rho)(\rho + (1-\rho)) - \rho \\ \frac{d\rho}{dt} &= \lambda\rho(1-\rho) - \rho \\ \frac{d\rho}{dt} &= \lambda\rho - \lambda\rho^2 - \rho \\ \frac{d\rho}{dt} &= \rho(\lambda - 1) - \lambda\rho^2\end{aligned}$$

A equação resultante corresponde à equação de Malthus-Verhulst (Herrndörfer, 1994). Ela descreve a evolução temporal da densidade populacional ρ . Considera-se um sistema com reprodução, mas cujo crescimento é limitado por fatores ambientais, como a disponibilidade de recursos. O modelo admite solução analítica simples, e o regime estacionário ocorre quando $\frac{d\rho}{dt} = 0$; nesse caso, a expressão se reduz a:

$$\begin{aligned}\frac{d\rho}{dt} = 0 &\Leftrightarrow \rho(\lambda - 1) - \lambda\rho^2 = 0 \\ &\Leftrightarrow \rho((\lambda - 1) - \lambda\rho) = 0 \\ &\Leftrightarrow \rho = 0 \text{ ou } \rho = \frac{\lambda - 1}{\lambda} = 1 - \frac{1}{\lambda}\end{aligned}$$

Para valores de $\lambda \leq 1$, a única solução estacionária é o estado de vácuo, $\rho = 0$. Já para $\lambda > 1$, além do vácuo, existe uma solução estacionária ativa dada por $\rho = 1 - \frac{1}{\lambda}$. O ponto crítico $\lambda_c = 1$ marca a transição entre esses regimes, caracterizada por uma mudança contínua, porém singular, na densidade estacionária.

Os cálculos a seguir mostram a resolução da Equação Diferencial Ordinária anterior, o que permite apresentar ρ de forma explícita:

$$\frac{d\rho}{dt} = \rho((\lambda - 1) - \lambda\rho) \Leftrightarrow \frac{1}{\rho((\lambda - 1) - \lambda\rho)} d\rho = dt$$

Fazendo a decomposição em frações parciais:

$$\begin{aligned}\frac{1}{\rho((\lambda-1)-\lambda\rho)} &= \frac{A}{\rho} + \frac{B}{(\lambda-1)-\lambda\rho} \\ &= \frac{A((\lambda-1)-\lambda\rho)}{\rho((\lambda-1)-\lambda\rho)} + \frac{B\rho}{\rho((\lambda-1)-\lambda\rho)}\end{aligned}$$

Multiplicando ambos os lados por $\rho((\lambda-1)-\lambda\rho)$:

$$\begin{aligned}1 &= A\lambda - A - A\lambda\rho + B\rho \\ 1 &= (-A\lambda + B)\rho + A(\lambda-1)\end{aligned}$$

Logo,

$$-A\lambda + B = 0 \quad \text{e} \quad A(\lambda-1) = 1.$$

Onde $A = \frac{1}{\lambda-1}$ e $B = \lambda A = \frac{\lambda}{\lambda-1}$. Segue que:

$$\begin{aligned}\left[\frac{1}{\lambda-1} \frac{1}{\rho} + \frac{\lambda}{\lambda-1} \frac{1}{(\lambda-1)-\lambda\rho} \right] d\rho &= dt \\ \frac{1}{\lambda-1} \ln|\rho| + \frac{\lambda}{\lambda-1} \left(-\frac{1}{\lambda} \ln|(\lambda-1)-\lambda\rho| \right) &= t + C \\ \frac{1}{\lambda-1} \ln|\rho| - \frac{1}{\lambda-1} (\ln|(\lambda-1)-\lambda\rho|) &= t + C \\ \frac{1}{\lambda-1} \ln \left| \frac{\rho}{(\lambda-1)-\lambda\rho} \right| &= t + C \\ \ln \left| \frac{\rho}{(\lambda-1)-\lambda\rho} \right| &= (\lambda-1)(t + C).\end{aligned}$$

Escrevendo $\mu = \lambda - 1$, vem:

$$\begin{aligned}\ln \left| \frac{\rho}{\mu - \lambda\rho} \right| &= \mu t + C \\ \left| \frac{\rho}{\mu - \lambda\rho} \right| &= ce^{\mu t}\end{aligned}$$

Se $\mu - \lambda\rho > 0$, então:

$$\begin{aligned}\frac{\rho}{\mu - \lambda\rho} &= ce^{\mu t} \\ \rho &= ce^{\mu t}(\mu - \lambda\rho) \\ \rho + c\lambda\rho e^{\mu t} &= c\mu e^{\mu t} \\ \rho(1 + c\lambda e^{\mu t}) &= c\mu e^{\mu t} \\ \rho(t) &= \frac{c\mu e^{\mu t}}{1 + c\lambda e^{\mu t}} \\ \rho(t) &= \frac{c\mu}{e^{-\mu t} + c\lambda} \\ \rho(t) &= \frac{\mu}{c^{-1}e^{-\mu t} + \lambda}\end{aligned}$$

Da condição inicial $\rho(0) = \rho_0$:

$$c = \frac{\rho_0}{\mu - \lambda\rho_0}.$$

Finalmente,

$$\rho(t) = \frac{\mu\rho_0}{(\mu - \lambda\rho_0)e^{-\mu t} + \rho_0\lambda}. \quad (2.5)$$

Sejam $\mu = \lambda - 1$ e $\rho_0 \geq 0$ o tamanho inicial da população. À medida que o tempo cresce, isto é, para $t \gg |\mu|^{-1}$, a densidade $\rho(t)$ aproxima-se do valor estacionário: $1 - \lambda^{-1}$ se $\mu > 0$, ou zero, caso contrário. No ponto crítico, $\mu = 0$, a população decai de modo algébrico:

$$\rho(t) = \frac{\rho_0}{1 + \rho_0 t}.$$

Para valores de λ inferiores a 1, o sistema evolui para a fase absorvente, que se configura como estável. No entanto, quando $\lambda \geq 1$, esse cenário se inverte, e a fase absorvente torna-se instável.

De forma resumida, têm-se:

- $\rho = 0$, para $\lambda \leq 1$ (regime subcrítico)
- $\rho = 1 - \frac{1}{\lambda}$, para $\lambda > 1$ (regime supercrítico)

No caso subcrítico, o sistema não mantém indivíduos infectados no estado final, caracterizando um estado absorvente. Já no regime supercrítico, o estado $\rho = 0$ perde a estabilidade, e o sistema converge para um estado ativo com densidade positiva de infectados

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Processos de Contato em redes complexas constituem um tema recente de estudo na Física Estatística fora do equilíbrio. Esses processos também estão presentes em áreas aplicadas, como a Epidemiologia, as Redes de Computadores e as Redes de Comunicação (Yang *et al.*, 2008).

Dentre os estudos sobre processos com transição de fase fora do equilíbrio termodinâmico, destaca-se o trabalho de revisão realizado por Dickman, Dickman e Barbosa (2006), que analisa o Processo de Contato. O estudo enfatiza o uso da abordagem de campo médio, destacando sua aplicação em modelos de propagação de doenças infecciosas. Como exemplo prático, os autores aplicam a metodologia a um modelo voltado para a transmissão da malária em uma população, ilustrando como as equações de campo médio podem descrever o comportamento coletivo da dinâmica epidêmica e identificar os limiares de transição entre os estados livre de doença e epidêmico persistente.

O trabalho de Ferreira (2009) abordou o estudo da teoria de escalonamento de tamanho finito aplicada ao Processo de Contato em redes complexas, utilizando os modelos de Watts-Strogatz (WS) e Barabási-Albert (BA). Por meio de simulações quase estacionárias, foram analisadas as propriedades críticas associadas à transição de fase, destacando como diferentes topologias de rede afetam o comportamento dinâmico de sistemas com estado absorvente.

Em sua tese, Mata (2015) investigou o comportamento de processos epidêmicos em redes heterogêneas, com ênfase nos modelos SIS (suscetível-infectado-suscetível) e Processo de Contato. Para isso, propôs o aprimoramento das abordagens de campo médio *quenched* e campo médio heterogêneo, por meio de aproximações de pares que consideram explicitamente as correlações dinâmicas entre vértices vizinhos. Essa metodologia permitiu estimar com maior precisão os limiares epidêmicos e caracterizar as relações de escala dos expoentes críticos associados à transição de fase para o estado absorvente nesses sistemas.

Na investigação das condições em que o Processo de Contato apresenta múltiplas transições de fase, destaca-se o trabalho de Schonmann (2001), revisado por Santos (2022). Nessa abordagem, para grafos infinitos, conectados e com grau limitado, a constante desigual de arestas pode ser comparada com uma função dos graus mínimo e máximo do grafo, possibilitando a identificação de múltiplas transições de fase.

Por fim, o trabalho de Brito *et al.* (2025) investigou transições de fase e fenômenos críticos no modelo de processo de contato em redes quadradas aplicadas à modelagem epidemiológica. Nesse estudo, os autores implementaram simulações de Monte Carlo para diferentes tamanhos de rede (variando de $L = 110$ a $L = 150$,

correspondendo a um número de sítios entre 12.100 e 22.500) e aplicaram o método de escala de tamanho finito. Os resultados indicaram uma transição de fase contínua, compatível com a classe de universalidade de campo médio para percolação.

Após a análise da literatura consultada, identificou-se uma necessidade de materiais didáticos que abordassem de forma acessível a simulação de processos dinâmicos, como o Processo de Contato, em diferentes tipos de redes. É importante destacar que, embora diversos trabalhos apresentem importantes avanços teóricos e resultados numéricos, poucos disponibilizam os códigos utilizados nas simulações, dificultando tanto a reprodutibilidade dos estudos quanto o uso pedagógico desses modelos em contextos interdisciplinares ou de iniciação científica.

4 METODOLOGIA

Neste capítulo, são apresentadas as etapas metodológicas adotadas para a realização do estudo. A pesquisa foi conduzida em duas frentes principais: (i) levantamento e análise bibliográfica, e (ii) simulação computacional em rede unidimensional.

4.1 Pesquisa Bibliográfica

A primeira etapa da pesquisa consistiu na realização de um levantamento bibliográfico com foco nas características do Processo de Contato. O objetivo foi compreender a estrutura matemática do modelo, sua dinâmica de propagação, as condições que levam à transição entre estados e suas aplicações em diferentes áreas.

Também foram abordados, ao longo do estudo, conceitos relacionados a redes complexas, teoria dos grafos e à representação computacional de grafos. Esses tópicos contribuem para a compreensão da propagação de epidemias em estruturas topológicas, permitindo a análise dos fenômenos envolvidos.

A fundamentação teórica foi construída a partir da consulta a livros, artigos científicos e dissertações disponíveis em bases acadêmicas e repositórios institucionais. A seleção do material priorizou trabalhos atualizados, garantindo a consistência conceitual e metodológica da pesquisa.

A análise foi orientada por estudos que tratam de temas como transições de fase em sistemas com estado absorvente, abordagens de campo médio e simulações quase estacionárias. Esses estudos forneceram ferramentas e estruturas teóricas para a modelagem e simulação de processos epidêmicos em redes.

Além disso, foram destacadas as contribuições de autores como Harris (1974), Marro e Dickman (2005), Ferreira (2009) e Mata (2015), que forneceram embasamento teórico para o desenvolvimento da etapa seguinte.

4.2 Simulação Computacional

Com o objetivo de complementar a fundamentação teórica e analisar o comportamento do Processo de Contato, foram desenvolvidas duas abordagens de simulação: uma analítica, utilizando a plataforma GeoGebra, e outra computacional, por meio da linguagem Python. Ambas as abordagens permitiram investigar a dinâmica de propagação da infecção e os efeitos da variação do parâmetro λ na densidade de infectados ao longo do tempo.

4.2.1 Simulação Analítica no GeoGebra

Foi realizada uma simulação utilizando a plataforma GeoGebra, com o objetivo de investigar o comportamento da densidade de infectados ao longo do tempo. A simulação foi conduzida com base na solução analítica aproximada do modelo, apresentada na Fundamentação Teórica, na parte referente ao Processo de Contato e à abordagem de campo médio, conforme descrito na Equação 2.5.

Além disso, foram inseridas outras duas expressões na simulação: uma representando o regime supercrítico, em que $\lambda > 1$, e outra correspondente a uma constante igual a 1. Esta última foi utilizada como referência para o caso extremo em que todos os indivíduos estão infectados, ou seja, quando a densidade atinge seu valor máximo possível.

Foram considerados três cenários distintos na simulação, variando o valor de λ : um caso subcrítico com $\lambda = 0,9$, um caso supercrítico com $\lambda = 1,5$ e um caso supercrítico com $\lambda = 10$. Em todos os casos, a densidade inicial de indivíduos infectados foi fixada em $\rho_0 = 0,1$.

4.2.2 Simulação Computacional em Python

Além da simulação da densidade de infectados ao longo do tempo, foi desenvolvido um código em Python com visualização gráfica da evolução do Processo de Contato em uma rede unidimensional. O objetivo dessa simulação visual foi ilustrar qualitativamente a propagação da infecção e o comportamento estocástico do sistema.

A linguagem Python foi escolhida devido à familiaridade prévia e à ampla disponibilidade de bibliotecas voltadas à modelagem numérica e visualização. O desenvolvimento foi guiado pela documentação oficial da linguagem, que oferece suporte abrangente às suas funcionalidades (Foundation, 2024).

A simulação computacional do modelo de processo de contato foi implementada utilizando-se as bibliotecas NumPy, matplotlib e networkx. O sistema é composto por uma cadeia linear unidimensional de indivíduos, com condições periódicas de contorno, de modo que cada sítio possui dois vizinhos imediatos, sendo que cada indivíduo pode assumir dois estados: saudável ou infectado.

Inicialmente, o sistema é configurado com N indivíduos, dos quais o número inicial de indivíduos infectados é definido pelo usuário no início da simulação. A partir dessa escolha, constrói-se a configuração inicial do sistema, de modo que exatamente essa quantidade de indivíduos esteja no estado infectado, enquanto os demais são considerados saudáveis.

Essa configuração é representada computacionalmente por uma lista con-

tendo valores binários, em que o valor 1 indica um indivíduo infectado, e o valor 0, um indivíduo saudável. Inicialmente, a lista é composta por I entradas com valor 1, correspondentes aos indivíduos infectados escolhidos pelo usuário, e por $N - I$ entradas com valor 0. Em seguida, essa lista é embaralhada aleatoriamente.

A evolução temporal do sistema foi modelada por meio de uma dinâmica discreta, estruturada em unidades de tempo sucessivas. Em cada unidade de tempo, apenas um indivíduo é selecionado aleatoriamente para possível atualização de estado.

No início de cada unidade de tempo, calcula-se a densidade global de indivíduos infectados no sistema. Após o cálculo da densidade ρ , um indivíduo é escolhido ao acaso dentre os N indivíduos do sistema.

Caso o indivíduo selecionado esteja saudável, a probabilidade de infecção depende do estado de seus vizinhos imediatos. Quando ambos os vizinhos estão infectados, a probabilidade de infecção é maior do que no caso em que apenas um vizinho se encontra infectado. Se nenhum vizinho estiver infectado, não ocorre infecção. Essas probabilidades são expressas em função da taxa de infecção λ e da densidade global ρ , conforme apresentado na Tabela 1.

Por outro lado, se o indivíduo selecionado estiver infectado, ele pode se recuperar com uma probabilidade proporcional à densidade global de infectados, representando o processo de recuperação do modelo.

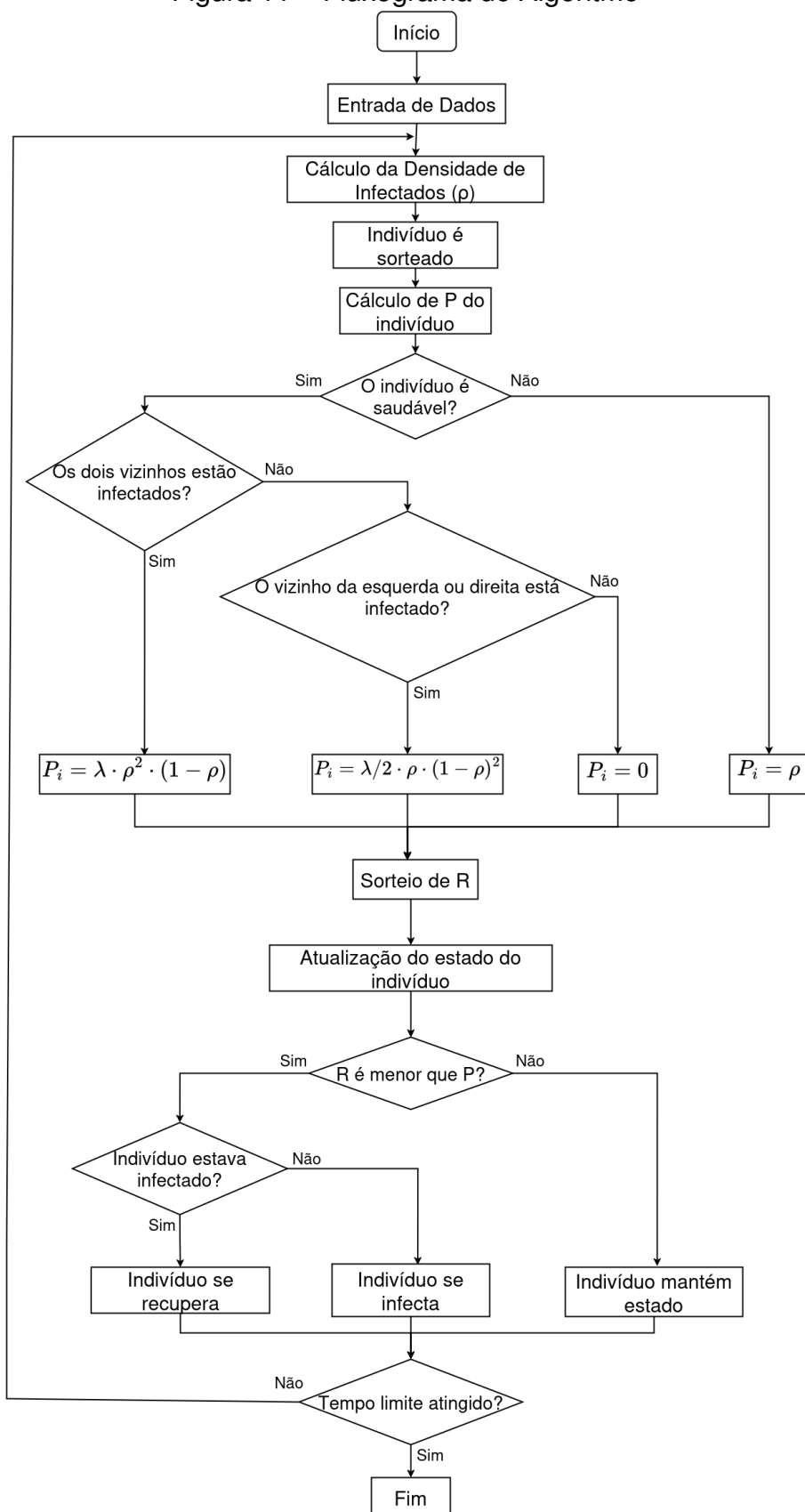
Uma vez determinada a probabilidade P associada ao evento possível, sorteia-se um número aleatório uniforme no intervalo $[0, 1)$. O estado do indivíduo selecionado é atualizado apenas se o número sorteado for inferior à probabilidade P ; caso contrário, o indivíduo mantém seu estado atual. Esse procedimento introduz explicitamente a natureza estocástica da dinâmica.

Ao final de cada unidade de tempo, o estado do sistema é atualizado, e a nova densidade de indivíduos infectados é calculada e impressa, permitindo acompanhar a evolução temporal da propagação ou extinção da infecção ao longo da simulação.

Com o objetivo de sintetizar a lógica da simulação computacional, foi elaborado um fluxograma que representa, de forma esquemática, as etapas da dinâmica de atualização do sistema. Ele está presente na Figura 11.

Para fins de visualização, foi criada uma representação gráfica da rede linear, na qual cada indivíduo era exibido como um nó. Indivíduos saudáveis foram representados na cor azul, e indivíduos infectados, na cor vermelha. A cada iteração, o estado da rede era atualizado e exibido graficamente, permitindo acompanhar visualmente o avanço ou a extinção da infecção ao longo do tempo. O código-fonte utilizado nas simulações encontra-se disponível no APÊNDICE A.

Figura 11 – Fluxograma do Algoritmo



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

Para sistemas de pequeno porte ($N = 10$), foram realizadas simulações com dois valores distintos de tempo total. Simulações com $T = 20$ unidades de tempo foram utilizadas exclusivamente para a geração das representações gráficas da rede, permitindo a visualização da dinâmica espacial da infecção. Já as simulações com $T = 100$ unidades de tempo foram empregadas na análise quantitativa do sistema, por meio do cálculo da densidade de infectados ao longo do tempo.

Para sistemas com $N > 10$, a função de visualização da rede não foi utilizada, uma vez que a representação gráfica dos estados individuais torna-se pouco intuitiva com o aumento do número de nós. Nesses casos, a análise concentrou-se no gráfico da densidade de infectados, $\rho(t)$, que permite caracterizar a dinâmica global do sistema ao longo do tempo.

Para investigar separadamente a influência de cada parâmetro sobre a dinâmica do sistema, adotou-se um planejamento sistemático de simulações, no qual foram combinados diferentes valores de N , λ e ρ_0 . Os valores considerados encontram-se apresentados na Tabela 2, totalizando 48 configurações distintas.

Tabela 2 – Valores dos parâmetros utilizados nas simulações

Parâmetro	Valores considerados
N	$\{10; 50; 100; 500\}$
λ	$\{0,2; 0,8; 1,2; 10\}$
ρ_0	$\{0,1; 0,2; 0,3\}$

Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

Cada simulação foi executada ao longo de 2000 unidades de tempo. Em cada passo, a densidade de infectados $\rho(t)$ foi registrada, permitindo a análise da evolução temporal do sistema.

Para a análise de cada efeito específico, subconjuntos dessas simulações foram selecionados de modo que apenas um parâmetro variasse, mantendo-se os demais fixos. Esse procedimento permitiu isolar o impacto individual de cada parâmetro sobre a evolução do sistema.

A principal grandeza analisada foi a densidade de infectados, $\rho(t)$. Para sistemas de pequeno porte ($N = 10$), a evolução espacial da infecção também foi analisada qualitativamente por meio das representações gráficas da rede. Para sistemas de maior porte, a análise concentrou-se na evolução temporal de $\rho(t)$, por meio de gráficos que evidenciam o comportamento médio do sistema.

Além disso, para cada combinação de parâmetros (N, λ, ρ_0) , foi gerada uma série temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ ao longo da simulação. A partir dessas séries, foram construídos gráficos comparativos nos quais múltiplas curvas são apresentadas simultaneamente.

Em particular, para analisar o efeito da taxa de infecção λ , foram agrupadas, em um mesmo gráfico, curvas correspondentes a diferentes valores de λ , mantendo fixos N e ρ_0 . De forma análoga, para investigar os efeitos de tamanho, foram comparadas curvas obtidas para diferentes valores de N , mantendo fixos λ e ρ_0 . Por fim, para avaliar a influência das condições iniciais, foram construídos gráficos comparando diferentes valores de ρ_0 , com N e λ fixos.

Essa estratégia de visualização permitiu identificar, de forma direta, as diferenças no comportamento dinâmico do sistema em função de cada parâmetro, facilitando a análise comparativa entre os diferentes regimes observados.

Por fim, cabe ressaltar que, nessa abordagem de implementação do modelo, a cada unidade de tempo, um indivíduo é sorteado e analisa-se a sua mudança de estado. Como alternativa, pode-se considerar uma versão em que, a cada unidade de tempo, sejam analisadas as possíveis mudanças de estado de todos os indivíduos simultaneamente. Implementou-se, então, uma variação da abordagem descrita anteriormente, cujo fluxograma e cuja implementação correspondentes encontram-se apresentados, respectivamente, nos APÊNDICES B e C.

No entanto, essa abordagem apresenta maior complexidade algorítmica, uma vez que, a cada unidade de tempo, é necessário calcular e armazenar as probabilidades de transição de estado para todos os indivíduos do sistema, bem como realizar a atualização simultânea de seus estados. Esse procedimento implica um custo computacional proporcional ao número total de indivíduos N em cada passo temporal.

Diante disso, optou-se por focar em uma dinâmica na qual apenas um indivíduo é sorteado e potencialmente atualizado a cada unidade de tempo. Essa estratégia reduz o custo computacional por passo temporal e simplifica a implementação, além de permitir uma interpretação mais direta da natureza estocástica do processo.

5 RESULTADOS

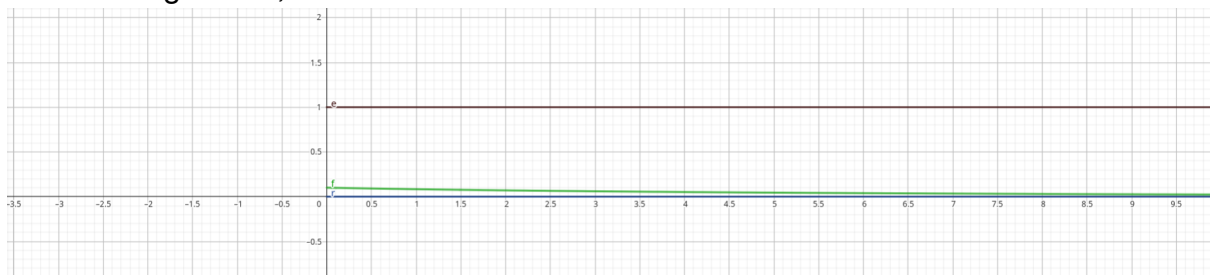
Neste capítulo, são apresentados, primeiramente, os resultados da simulação da Equação 2.5, que descreve a evolução da densidade de infectados ao longo do tempo. Em seguida, são discutidos os resultados da simulação computacional do modelo em uma dimensão.

5.1 Simulação Analítica no GeoGebra

Na simulação, a função representada pela linha preta corresponde à constante igual a 1. A linha verde representa a evolução temporal da densidade de infectados ($\rho(t)$), enquanto a linha azul indica o valor estacionário esperado da densidade no regime subcrítico ou supercrítico, a depender do caso.

No regime subcrítico, em que $\lambda < 1$ ($\lambda = 0,9$), a densidade de infectados decresce ao longo do tempo, tendendo a zero. Esse comportamento indica que a infecção não se propaga e desaparece progressivamente, levando o sistema ao estado absorvente livre de doença. Isso pode ser visto na Figura 12.

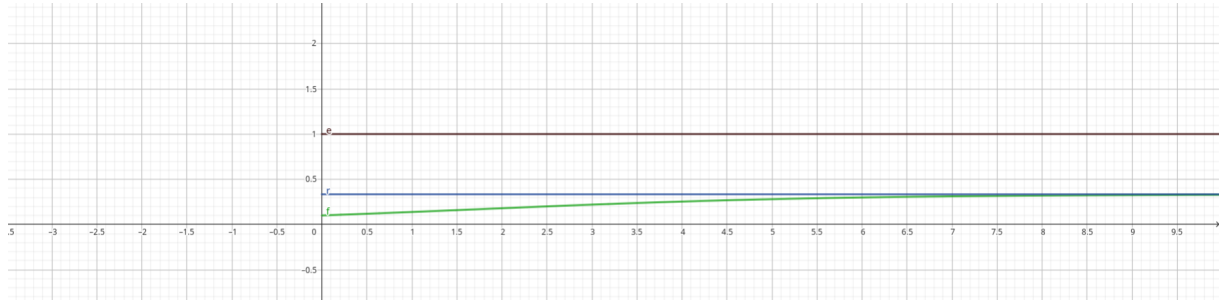
Figura 12 – Evolução temporal da densidade de infectados no regime subcrítico com valor de λ igual a 0,9



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

Para $\lambda = 1,5$, o regime é considerado supercrítico. Percebe-se, pela Figura 13, que a densidade de infectados tende a um valor estacionário positivo ($\rho = 1 - \frac{1}{1,5} = \frac{1}{3}$), indicando a persistência da epidemia no sistema.

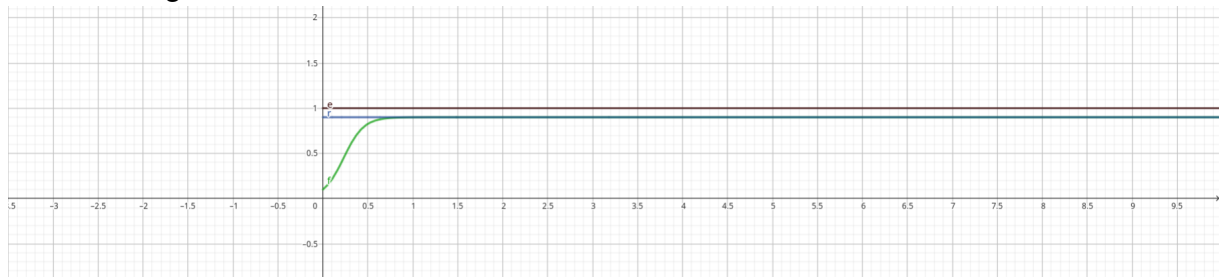
Figura 13 – Evolução temporal da densidade de infectados no regime supercrítico com valor de λ igual a 1,5



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

No caso em que $\lambda = 10$, o sistema encontra-se em um regime supercrítico. Observa-se que a densidade de infectados ($\rho(t)$) se aproxima rapidamente do valor estacionário positivo ($\rho = 1 - \frac{1}{10} = 0,9$). Esse comportamento evidencia que, quanto maior o valor de λ , mais intensa é a taxa de contágio e mais rápida é a saturação do sistema, conforme ilustrado na Figura 14.

Figura 14 – Evolução temporal da densidade de infectados no regime supercrítico com valor de λ igual a 10



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

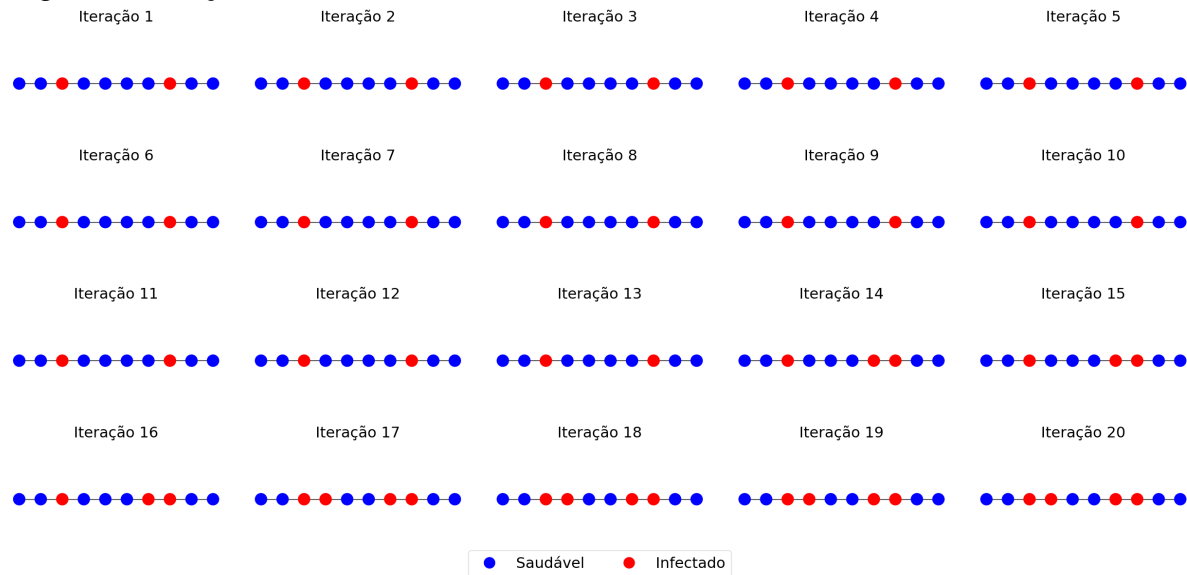
5.2 Simulação Computacional em Python

Nesta seção, são apresentados os resultados obtidos a partir das simulações numéricas do Processo de Contato em uma rede unidimensional. A análise é baseada na evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$, bem como na influência dos parâmetros λ , N e ρ_0 sobre a dinâmica do sistema.

Mostra-se, na Figura 15, um exemplo ilustrativo da evolução temporal do Processo de Contato em uma rede unidimensional. Cada subfigura representa o estado da rede em uma iteração distinta, na qual indivíduos suscetíveis são indicados em azul, e indivíduos infectados, em vermelho. A simulação foi realizada com densidade inicial de infectados $\rho_0 = 0,2$, tamanho da rede $N = 10$, taxa de infecção $\lambda = 10,0$ e ao longo de 20 iterações. Essa visualização permite compreender o mecanismo microscópico de infecção e recuperação que dá origem aos comportamentos macroscópicos

discutidos nas seções seguintes.

Figura 15 – Ilustração da dinâmica de infecção (vermelho) e recuperação (azul) ao longo das iterações



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

5.2.1 Influência da taxa de infecção λ

Para cada combinação de N e ρ_0 , a Figura 16 apresenta a evolução da densidade de infectados para diferentes valores de λ nas simulações realizadas.

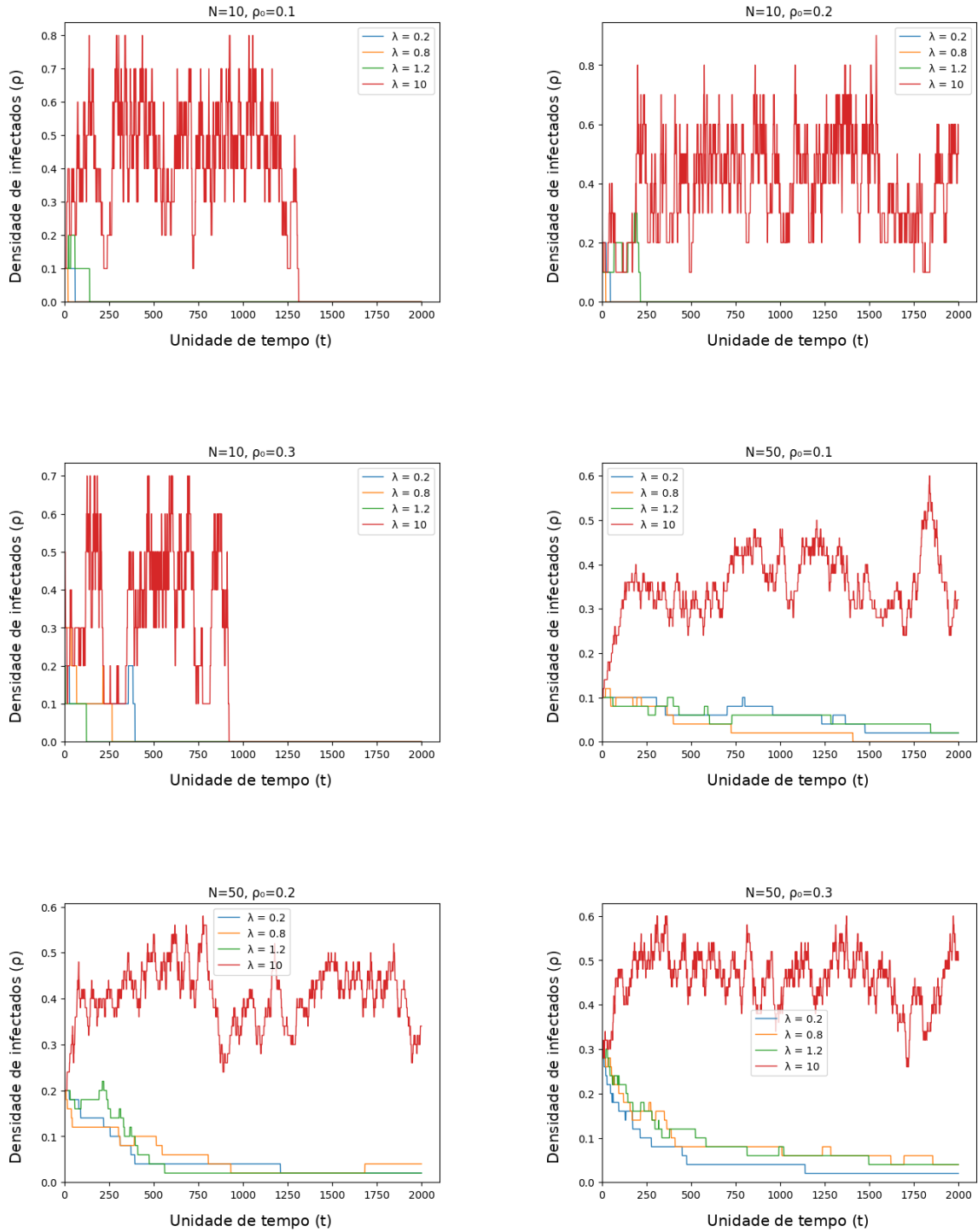
Para valores baixos de λ ($\lambda = 0,2$), a densidade de infectados permaneceu praticamente constante ou apresentou leve declínio ao longo do tempo, caracterizando um regime subcrítico, no qual a recuperação domina a dinâmica e a infecção não se sustenta.

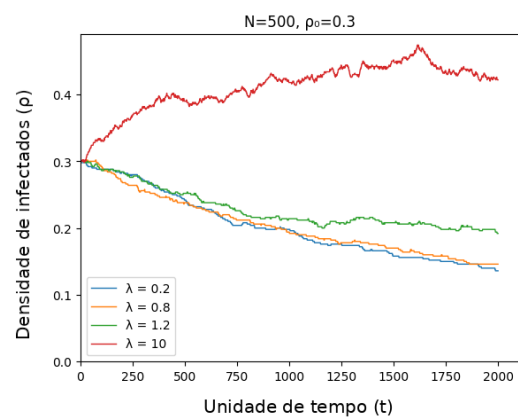
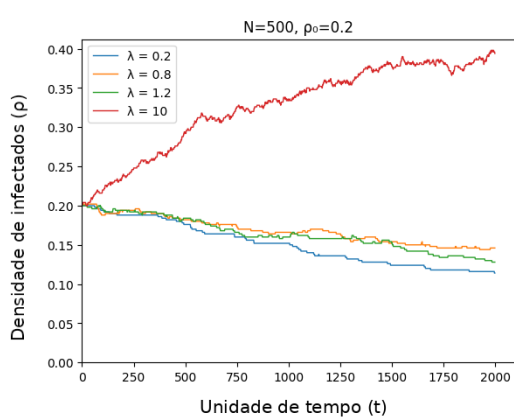
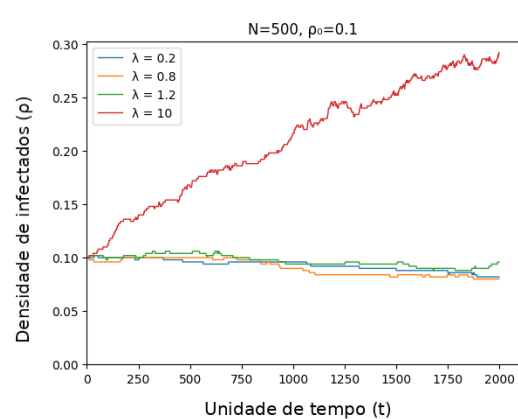
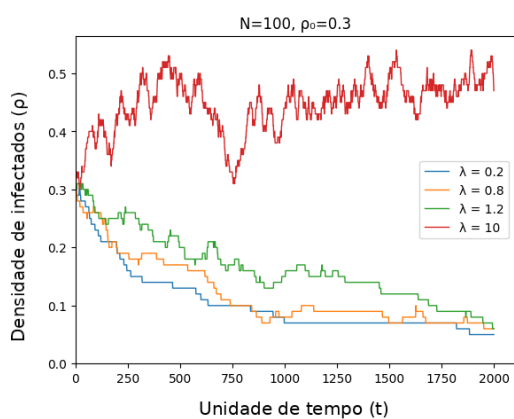
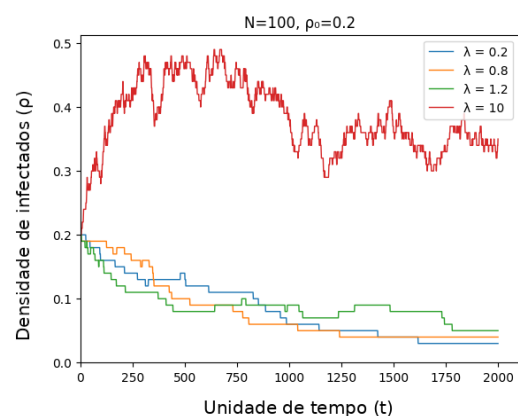
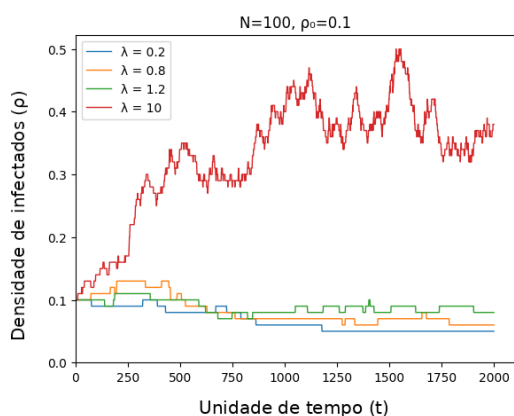
Para valores intermediários de λ ($\lambda = 0,8$ e $\lambda = 1,2$), surgiram oscilações leves na densidade de infectados, especialmente em redes pequenas. Essas oscilações estão associadas às flutuações estocásticas e aos efeitos de tamanho finito do sistema. À medida que o tamanho da rede aumentou, percebeu-se que tais flutuações tornaram-se progressivamente menos pronunciadas, e a densidade tendeu a permanecer próxima ao valor inicial, sem crescimento sustentado da infecção.

Em contraste, para valores elevados de λ ($\lambda = 10$), observou-se um comportamento distinto, caracterizado pelo crescimento e pela persistência da densidade de infectados ao longo do tempo. Nesse regime supercrítico, a infecção se manteve ativa, apresentando oscilações mais intensas em redes pequenas e uma evolução mais estável em redes maiores.

Além disso, observou-se que, para os casos em que $\lambda > 1$, quando $N = 10$, a densidade atingiu o valor zero. Nessa situação, a simulação não representou bem o comportamento previsto matematicamente para um número elevado de iterações.

Figura 16 – Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de N e ρ_0 , considerando diferentes valores de λ .





Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

5.2.2 Influência da densidade inicial de infectados ρ_0

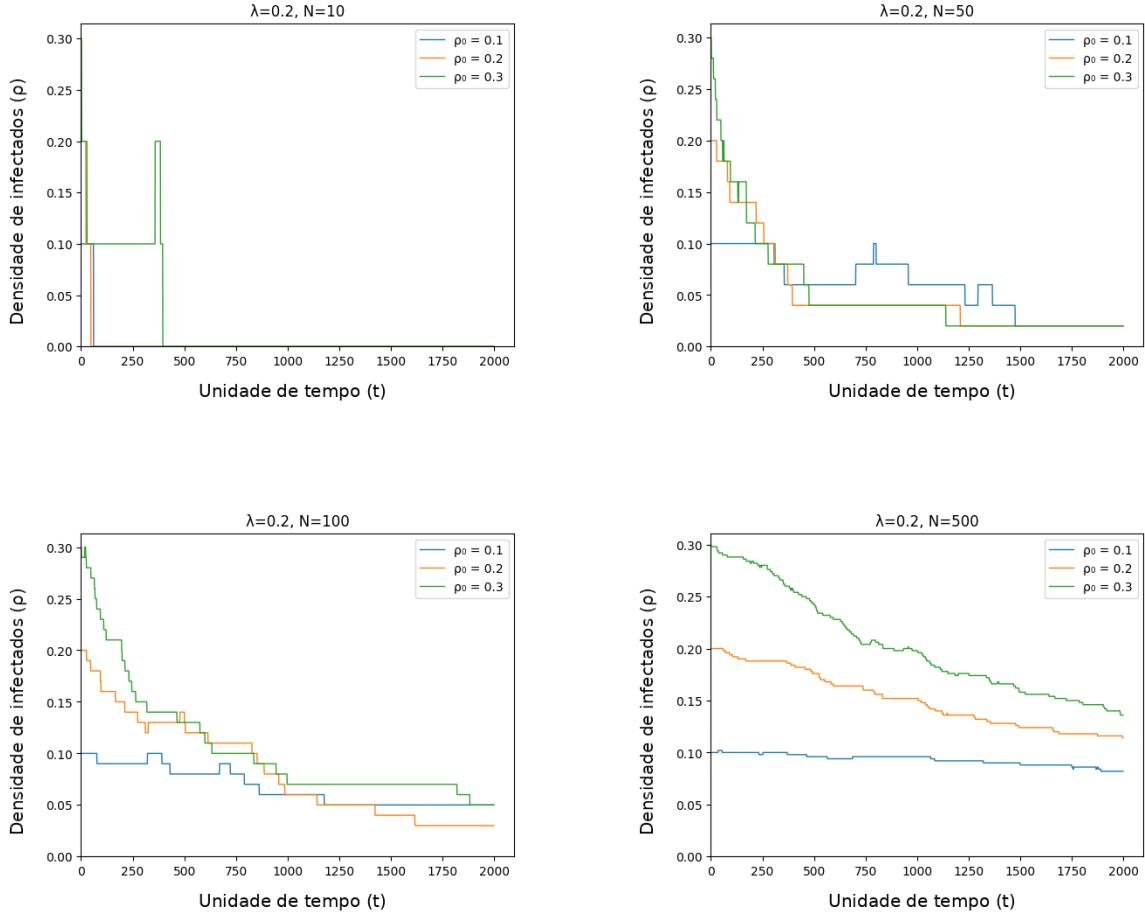
Para cada combinação de λ e N , a Figura 17 apresenta a evolução da densidade de infectados para diferentes valores de ρ_0 nas simulações realizadas.

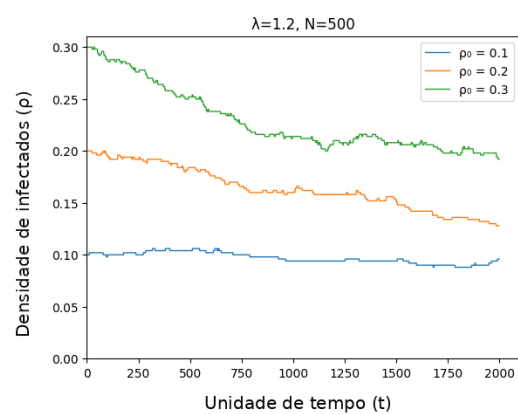
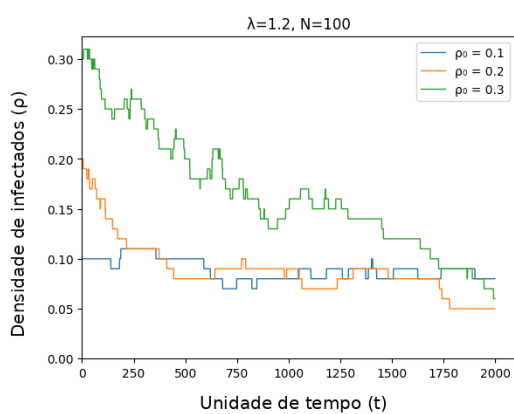
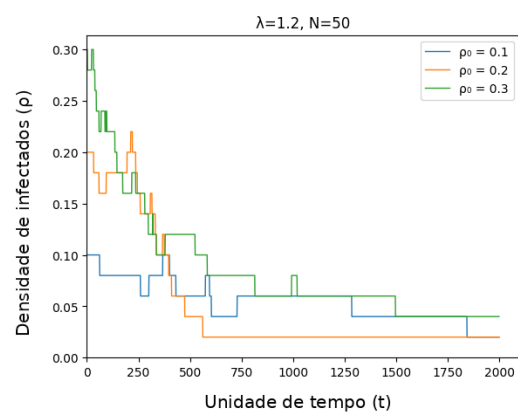
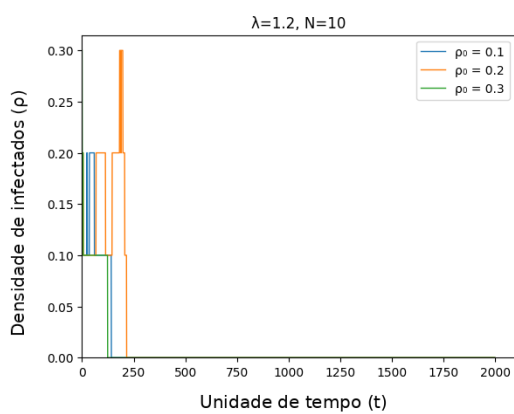
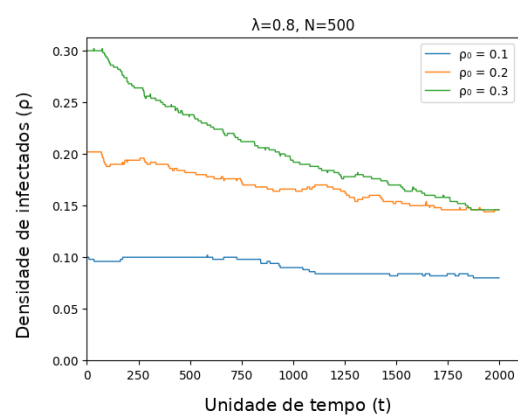
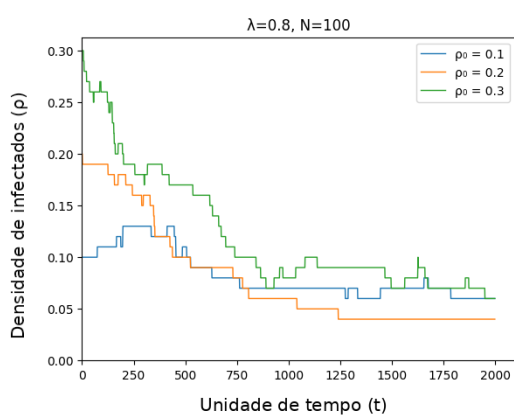
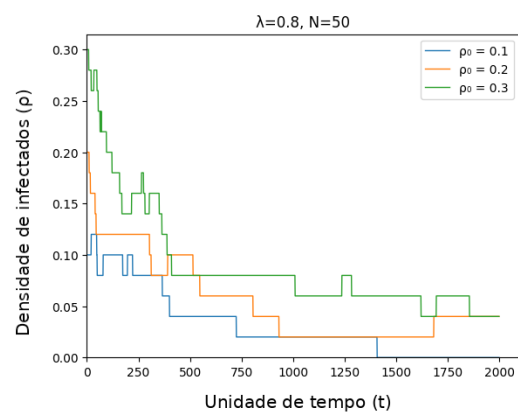
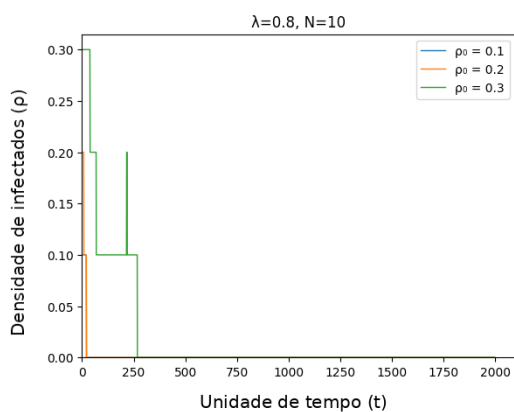
Em redes pequenas ($N = 10$), o efeito de ρ_0 é mais perceptível, devido às fortes flutuações estocásticas associadas ao tamanho reduzido do sistema. Nesses casos, diferentes valores iniciais de densidade levaram a trajetórias distintas, incluindo extinção precoce da infecção ou oscilações temporárias mais intensas.

Quando $\lambda = 10$, para as redes simuladas com $N = 10$, $N = 50$ e $N = 100$, a densidade apresentou flutuações para os três valores de densidade inicial simulados. Para $N = 500$, as simulações com maior densidade inicial apresentaram maior densidade de infectados.

Por fim, em alguns casos com $\lambda > 1$, observou-se novamente que, para $N = 10$, a densidade atinge o valor zero, tal como já apontado na subseção anterior. Nesse contexto, a simulação apresentou divergência em relação ao comportamento matematicamente esperado para um número elevado de iterações.

Figura 17 – Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de λ e N , considerando diferentes valores de ρ_0 .







Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

5.2.3 Influência do tamanho do sistema N

Para cada combinação de ρ_0 e λ , a Figura 18 apresenta a evolução da densidade de infectados para diferentes valores de N nas simulações realizadas.

Nas simulações com valores baixos e intermediários da taxa de infecção ($\lambda = 0,2, 0,8$ e $1,2$), observou-se que as simulações com maiores valores de N apresentaram um comportamento mais estável. Em sistemas pequenos ($N = 10$), a densidade de infectados revelou extinção precoce ou oscilações mais abruptas, enquanto, em sistemas maiores ($N \geq 50$), a densidade tendeu a permanecer próxima ao valor inicial ou a decair de forma suave.

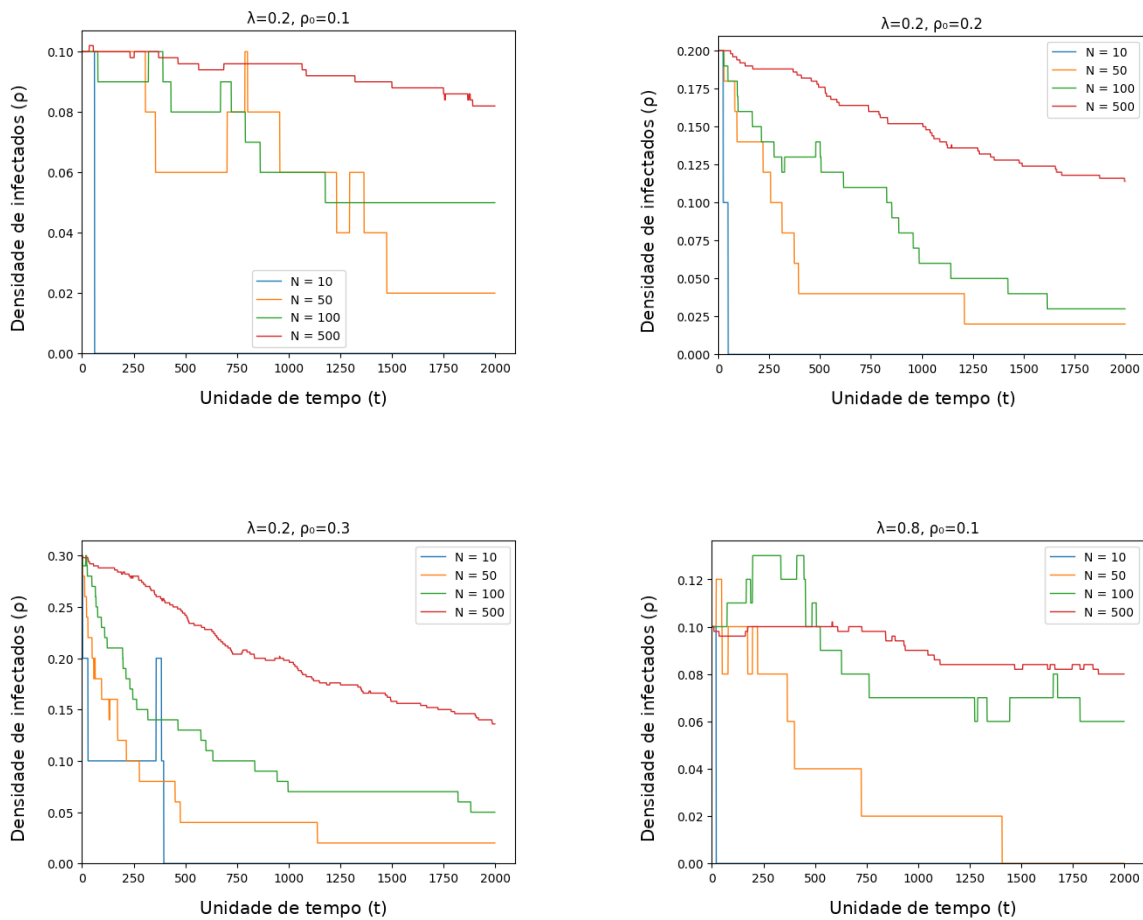
Nas simulações com valor elevado da taxa de infecção ($\lambda = 10$), observou-se que, em redes pequenas, a dinâmica foi fortemente dominada por flutuações estocásticas, resultando em oscilações abruptas e variações discretas da densidade de infectados. Para os maiores tamanhos de sistema considerados ($N = 500$), observou-se uma dinâmica próxima de um regime estacionário, com flutuações reduzidas.

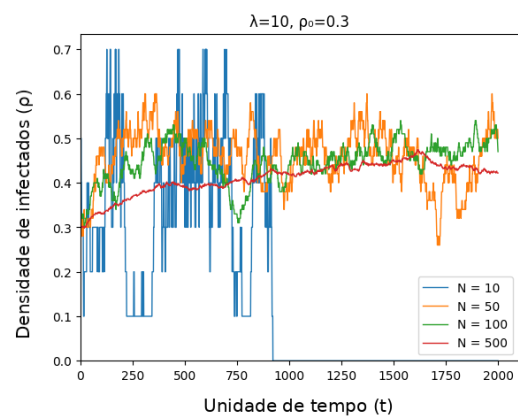
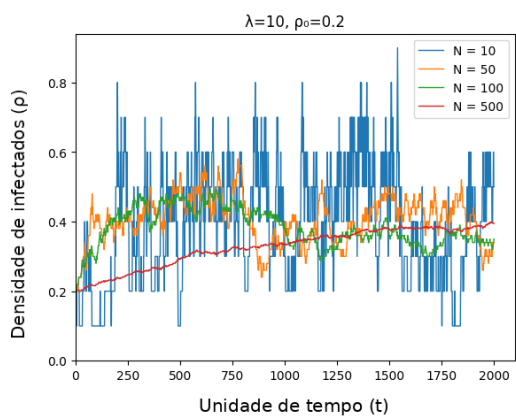
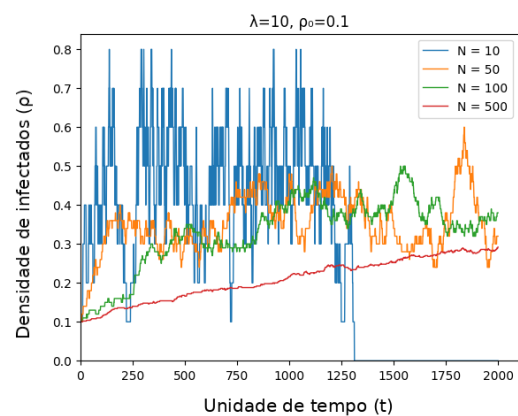
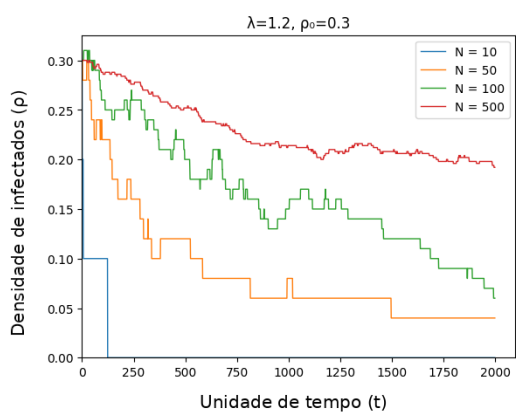
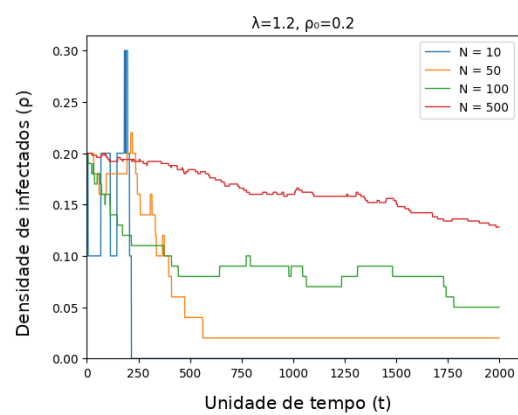
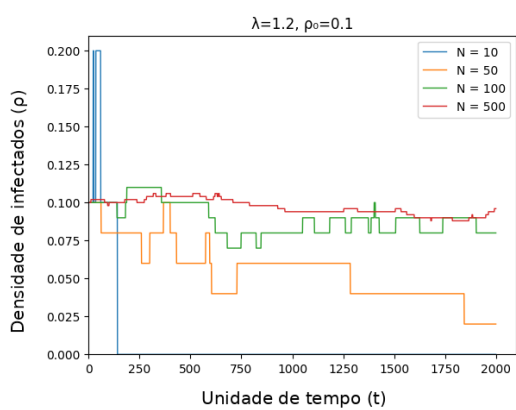
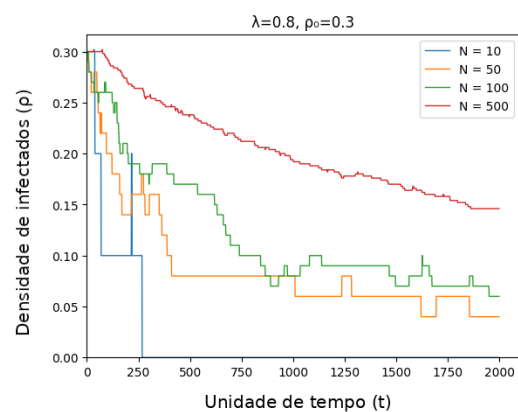
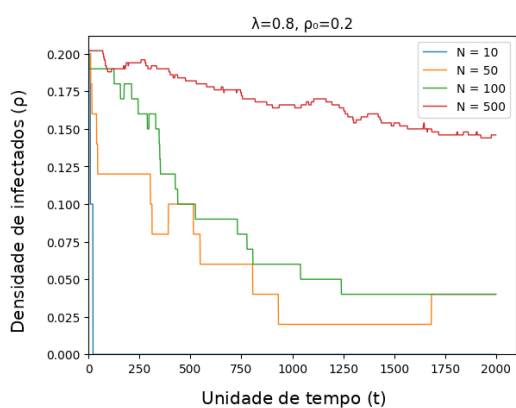
Entretanto, percebeu-se uma diferença em relação à análise realizada no GeoGebra, na qual a densidade tende a um valor próximo de 0,9, enquanto esta apre-

sentou densidades em torno de 0,3 a 0,4. Essa discrepância pode estar relacionada ao fato de que os resultados computacionais foram obtidos a partir de uma única realização estocástica do processo, podendo representar um caso particular da dinâmica.

Retomando o padrão observado nas subseções anteriores, nota-se que, em determinados casos com $\lambda > 1$ e $N = 10$, a densidade volta a se anular após um número elevado de iterações, evidenciando a limitação da simulação nessas condições.

Figura 18 – Evolução temporal da densidade de infectados $\rho(t)$ para todas as combinações de ρ_0 e λ , considerando diferentes valores de N .





Por fim, cabe destacar que estas análises de resultados apresentadas se referem aos resultados obtidos por meio das simulações computacionais realizadas. Assim, as conclusões aqui apresentadas não devem ser interpretadas como generalizações formais sobre as influências de tais parâmetros dentro do modelo. A obtenção de resultados generalizáveis requereria o desenvolvimento de uma descrição analítica mais rigorosa, com a devida derivação de formulações matemáticas, etapa que não foi abordada neste estudo. Uma apresentação detalhada dessas formulações e da análise teórica do processo de contato pode ser encontrada em Marro e Dickman (2005). Essa limitação abre caminho para investigações futuras.

6 CONCLUSÕES

Neste trabalho, foi realizado um estudo introdutório sobre o Processo de Contato, combinando análise teórica, recursos didáticos e simulações computacionais com o objetivo de compreender a dinâmica de propagação da infecção em redes unidimensionais. A construção do material buscou apresentar o modelo de forma acessível, utilizando explicações conceituais, fluxogramas e representações visuais que auxiliaram na interpretação dos mecanismos de infecção e recuperação do sistema.

As simulações desenvolvidas no ambiente GeoGebra contribuíram para complementar a análise teórica do modelo, permitindo visualizar a evolução temporal da densidade de infectados e identificar os diferentes regimes dinâmicos associados ao parâmetro de infecção λ . Observou-se que a taxa de infecção desempenha papel central na dinâmica do sistema, determinando a transição entre o regime subcrítico, no qual a infecção tende a desaparecer, e o regime supercrítico, caracterizado pela persistência da atividade no sistema.

Além disso, foram implementadas simulações computacionais em Python com o propósito de ilustrar diferentes trajetórias da dinâmica para distintos valores de λ , da densidade inicial de infectados ρ_0 e do tamanho do sistema N . Essas simulações evidenciaram a presença de flutuações estocásticas e efeitos de tamanho finito, particularmente em sistemas menores. Entretanto, ressalta-se que os resultados obtidos neste trabalho baseiam-se exclusivamente nas simulações realizadas, não permitindo generalizações analíticas formais sobre o comportamento do modelo.

Como contribuição adicional, destaca-se a disponibilização da implementação computacional utilizada nas simulações, favorecendo a reprodução dos resultados e possibilitando futuras extensões do estudo. Nesse sentido, trabalhos futuros podem incluir análises estatísticas mais robustas, múltiplas realizações independentes do processo e a investigação do Processo de Contato em redes de maior dimensão e topologias mais complexas.

REFERÊNCIAS

ALETA, A.; MORENO, Y. Evaluation of the potential incidence of COVID-19 and effectiveness of containment measures in Spain: a data-driven approach. **BMC medicine**, Springer, v. 18, p. 1–12, 2020.

ARENAS, A. *et al.* Modeling the spatiotemporal epidemic spreading of COVID-19 and the impact of mobility and social distancing interventions. **Physical Review X**, APS, v. 10, n. 4, p. 041055, 2020.

BALCAN, D. *et al.* Seasonal transmission potential and activity peaks of the new influenza A (H1N1): a Monte Carlo likelihood analysis based on human mobility. **BMC medicine**, Springer, v. 7, p. 1–12, 2009.

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

BRITO, Y. C. D. *et al.* Processo de contato em duas redes quadradas. Universidade Estadual do Piauí, 2025.

CALDARELLI, G. **Scale-free networks: complex webs in nature and technology**. Oxford University Press, 2007.

CARDY, J. **Scaling and renormalization in statistical physics**. Cambridge university press, 1996. v. 5.

CHINAZZI, M. *et al.* The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 368, n. 6489, p. 395–400, 2020.

CINELLI, M. *et al.* The echo chamber effect on social media. **Proceedings of the national academy of sciences**, National Academy of Sciences, v. 118, n. 9, p. e2023301118, 2021.

COSTA, G. H. d. S. Spreading processes on complex networks: theory, simulations and applications. Universidade Federal de Viçosa, 2022.

DANON, L. *et al.* A spatial model of COVID-19 transmission in England and Wales: early spread, peak timing and the impact of seasonality. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, The Royal Society, v. 376, n. 1829, p. 20200272, 2021.

DICKMAN, A. G.; DICKMAN, R.; BARBOSA, F. A. Transições de fase sem termodinâmica. **Revista Brasileira de Ensino de Física**, SciELO Brasil, v. 28, p. 23–33, 2006.

DOROGOVTSSEV, S. N.; MENDES, J. F. The shortest path to complex networks. **arXiv preprint cond-mat/0404593**, 2004.

DU, Z. *et al.* Risk for transportation of coronavirus disease from Wuhan to other cities in China. **Emerging infectious diseases**, v. 26, n. 5, p. 1049, 2020.

ESSAM, J. W.; FISHER, M. E. Some basic definitions in graph theory. **Reviews of Modern Physics**, APS, v. 42, n. 2, p. 271, 1970.

FERREIRA, R. S. **Simulações quase estacionárias do processo de contato em redes complexas**. 2009. Diss. (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa.

FOUNDATION, P. S. **The Python Standard Library**. 2024. Acesso em: 24 jul. 2025. Disponível em: <https://docs.python.org/>.

GOMES, M. F. *et al.* Assessing the international spreading risk associated with the 2014 West African Ebola outbreak. **PLoS currents**, v. 6, p. ecurrents–outbreaks, 2014.

HARARY, F. The determinant of the adjacency matrix of a graph. **Siam Review**, SIAM, v. 4, n. 3, p. 202–210, 1962.

HARRIS, T. E. Contact interactions on a lattice. **The Annals of Probability**, Institute of Mathematical Statistics, v. 2, n. 6, p. 969–988, 1974.

HERRENDÖRFER, G. **D. Brown and P. Rothery: Models in Biology: Mathematics, Statistics and Computing**. John Wiley and Sons; Chichester, New York, Brisbane, Toronto, Singapore 1993, 688 pp, ISBN 0471993228, £ 24.95. Wiley Online Library, 1994.

INSTITUTO FEDERAL DE MINAS GERAIS. **Resolução Nº 2 de 13 de Janeiro de 2025**. 2025. Instituto Federal de Minas Gerais. Acesso em: 04 abr. 2025. Disponível em: https://www.bambui.ifmg.edu.br/portal/images/2025/Conselho%5C_Acad%5C%C3%5C%AAmico/Resolu%5C%C3%5C%A7%5C%C3%5C%B5es/Resolu%5C%C3%5C%A7%5C%C3%5C%A3o%5C_2%5C_de%5C_13.01.2025.pdf.

LI, Q. *et al.* Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus–infected pneumonia. **New England journal of medicine**, Mass Medical Soc, v. 382, n. 13, p. 1199–1207, 2020.

MARRO, J.; DICKMAN, R. Nonequilibrium phase transitions in lattice models. **Nonequilibrium Phase Transitions in Lattice Models**, 2005.

MATA, A. S. d. Epidemic processes and diffusion on networks: analytical and computational approaches. Universidade Federal de Viçosa, 2015.

MOURA, E. C. *et al.* Covid-19: evolução temporal e imunização nas três ondas epidemiológicas, Brasil, 2020–2022. **Revista de Saúde Pública**, SciELO Public Health, v. 56, p. 105, 2022.

NEWMAN, M. E. **Networks: an introduction**. Oxford university press, 2010.

NEWMAN, M. E. Spread of epidemic disease on networks. **Physical review E**, APS, v. 66, n. 1, p. 016128, 2002.

OLIVEIRA, V. A. de; RANGEL, S.; ARAUJO, S. A. de. Teoria dos Grafos, 2013.

PASTOR-SATORRAS, R.; CASTELLANO, C. *et al.* Epidemic processes in complex networks. **Reviews of modern physics**, APS, v. 87, n. 3, p. 925–979, 2015.

PASTOR-SATORRAS, R.; VESPIGNANI, A. Epidemic spreading in scale-free networks. **Physical review letters**, APS, v. 86, n. 14, p. 3200, 2001.

PINHO, S. T. R. d. *et al.* Modelling the dynamics of dengue real epidemics. **Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences**, The Royal Society Publishing, v. 368, n. 1933, p. 5679–5693, 2010.

READ, J. M. *et al.* Novel coronavirus 2019-nCoV (COVID-19): early estimation of epidemiological parameters and epidemic size estimates. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, The Royal Society, v. 376, n. 1829, p. 20200265, 2021.

SALINAS, S. R. **Introdução a física estatística vol. 09**. Edusp, 1997.

SANDER, R. S. Transições de fase para estados absorventes: Um estudo em redes regulares e complexas. **Viçosa, MG**, 2011.

SANTOS, L. S. **Transição de fase múltipla para o processo de contato em grafos altamente não amenáveis**. 2022. Tese (Doutorado) – [sn].

SCHAEFFER, S. E. Graph clustering. **Computer science review**, Elsevier, v. 1, n. 1, p. 27–64, 2007.

SCHONMANN, R. H. Multiplicity of phase transitions and mean-field criticality on highly non-amenable graphs. **Communications in Mathematical Physics**, v. 219, n. 2, p. 271–322, 2001.

SMIRNOV, A. V. The shortest path problem for a multiple graph. **Automatic Control and Computer Sciences**, Springer, v. 52, n. 7, p. 625–633, 2018.

STROGATZ, S. H. Exploring complex networks. **nature**, Nature Publishing Group UK London, v. 410, n. 6825, p. 268–276, 2001.

UMEYAMA, S. An eigendecomposition approach to weighted graph matching problems. **IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence**, IEEE, v. 10, n. 5, p. 695–703, 1988.

VILLELA, D. *et al.* Zika in Rio de Janeiro: Assessment of basic reproduction number and comparison with dengue outbreaks. **Epidemiology & Infection**, Cambridge University Press, v. 145, n. 8, p. 1649–1657, 2017.

YANG, R. *et al.* Optimal contact process on complex networks. **Physical Review E**, v. 78, p. 066109, 2008.

ZHANG, P.; CHARTRAND, G. **Introduction to graph theory**. Tata McGraw-Hill New York, 2006. v. 2.

APÊNDICES

APÊNDICE A - CÓDIGO EM PYTHON DA SIMULAÇÃO DO PROCESSO DE CONTATO (SORTEIO DE APENAS UM INDIVÍDUO A CADA UNIDADE DE TEMPO)

```

1 import random
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 import networkx as nx
4 from matplotlib.lines import Line2D
5
6 # -----
7 # Função para plotar a rede
8 # -----
9 def visualiza_sitios(rede, passo=None):
10     N = len(rede)
11     G = nx.grid_2d_graph(N, 1)
12     pos = dict((n, n) for n in G.nodes())
13     colors = ["red" if rede[i] == 1 else "blue" for i in range(N)]
14
15     legend_elements = [
16         Line2D([0], [0], marker="o", color="w", markerfacecolor="blue",
17             markersize=14, label="Saudável"),
18         Line2D([0], [0], marker="o", color="w", markerfacecolor="red",
19             markersize=14, label="Infectado")
20     ]
21
22     plt.figure(figsize=(8, 2))
23     nx.draw(G, pos=pos, node_color=colors, with_labels=False, node_size
24         =300)
25     plt.title(f"Unidade de tempo {passo}" if passo is not None else "")
26     plt.axis('off')
27     plt.legend(handles=legend_elements, bbox_to_anchor=(1, 1), loc="
28         upper right")
29     plt.show()
30
31 """Para cada unidade de tempo, calcular a densidade rho. Depois, é
32 sorteado uma posição de indivíduo. Calcula a probabilidade dele de
33 acordo com o estado dele e dos vizinhos. O seu estado é atualizado se
34 o R for menor que a probabilidade P."""
35
36 # -----
37 # Parâmetros
38 # -----
39 total_individuos = 10          # Número de indivíduos
40 lambda_ = 0.8                 # Parâmetro de infecção
41 tempo = 100                   # Tempo total

```

```

36 # -----
37 # Inicialização
38 # -----
39 infectados_iniciais = int(input(f"Quantos indivíduos infectados iniciais
    (0 a {total_individuos})? "))
40
41 # Verifica se o número está dentro do intervalo válido
42 infectados_iniciais = max(0, min(infectados_iniciais, total_individuos))
43
44 # Cria a lista com o número certo de infectados e embaralha
45 individuos = [1] * infectados_iniciais + [0] * (total_individuos -
    infectados_iniciais)
46 random.shuffle(individuos)
47
48 print("Lista inicial de indivíduos:", ", ".join(map(str, individuos)))
49
50 for unidade_tempo in range(tempo):
51     print(f"--- Unidade de tempo {unidade_tempo} ---\n")
52
53     probabilidades = [] # Lista de probabilidades da unidade de tempo
        atual
54
55     print(f"Estado atual: {' '.join(map(str, individuos))}\n")
56
57     rho = sum(individuos) / total_individuos # Densidade de
        infectados
58     print(f"Densidade de infectados antes da atualização: rho = {rho:.3f
        }")
59
60     # Sorteia um individuo
61     posicao_individuo = random.randint(0, total_individuos - 1)
62     print(f"Indivíduo sorteado: {posicao_individuo}")
63
64     # Obtém vizinhos (contorno periódico)
65     viz_esq = individuos[(posicao_individuo - 1) % total_individuos]
66     viz_dir = individuos[(posicao_individuo + 1) % total_individuos]
67
68     # Cálculo da taxa de mudança
69     if individuos[posicao_individuo] == 0: # Saudável
70         if viz_esq == 1 and viz_dir == 1:
71             P = lambda_ * rho**2 * (1 - rho)
72             motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e possui
                DOIS vizinhos infectados."
73         elif viz_esq == 1 or viz_dir == 1:
74             P = (lambda_ / 2) * rho * (1 - rho)**2
75             motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e possui
                UM vizinho infectado."

```

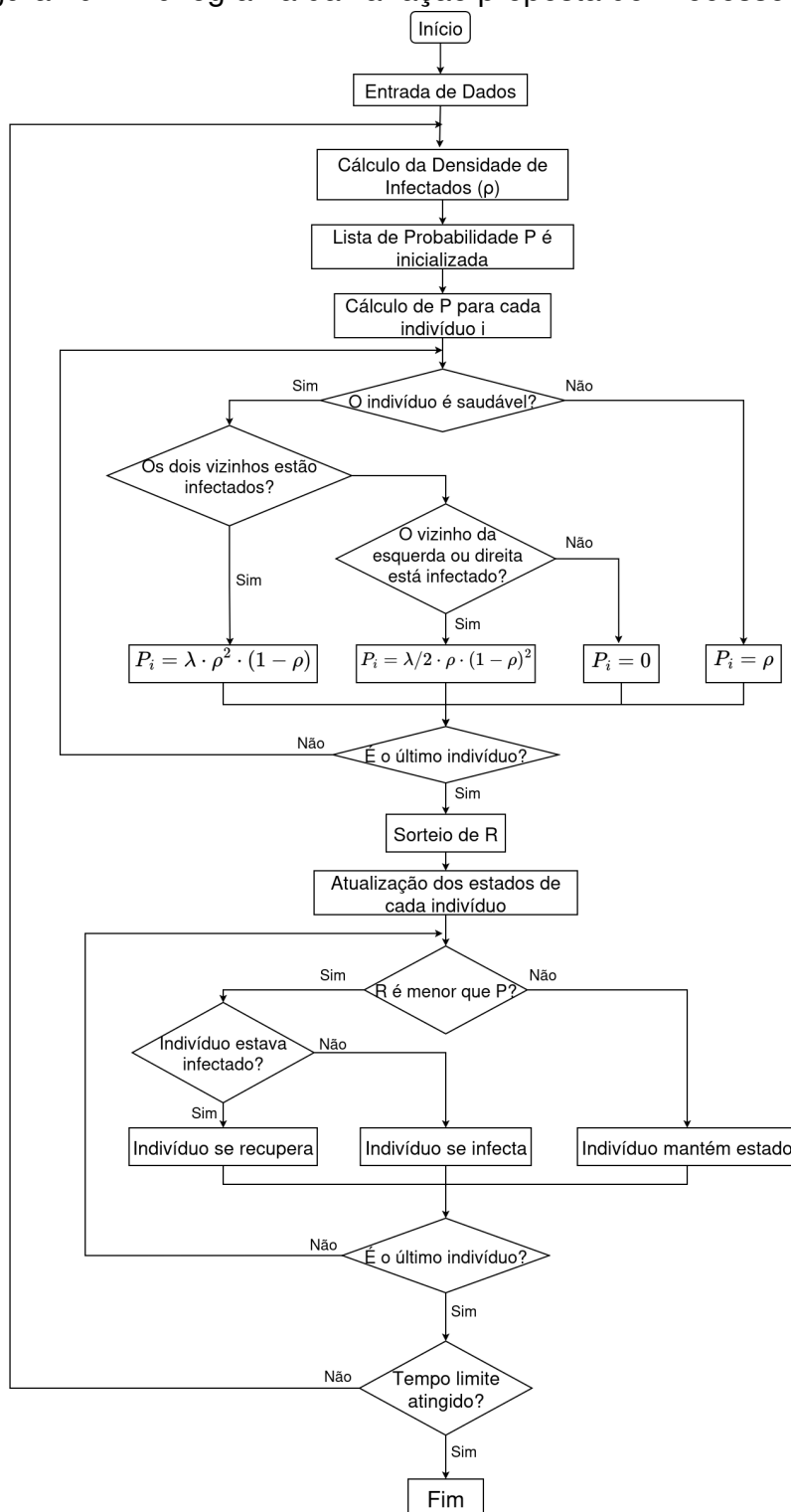
```

76         else:
77             P = 0
78             motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e NÃO
                        possui vizinhos infectados."
79
80     else: # Infectado
81         P = rho
82         motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} está infectado e pode
                        se recuperar."
83
84     # Exibe informações detalhadas do indivíduo
85     print(f"Probabilidade calculada: P = {P:.4f}")
86     print(f"{motivo}")
87     print('-----')
88
89     # Sorteia um número aleatório nesta unidade de tempo
90     R = random.random()
91     print(f"Número sorteado para esta unidade de tempo: R = {R:.4f}\n")
92
93     # Atualiza somente o individuo sorteado
94     if R < P:
95         antigo = individuos[posicao_individuo]
96         individuos[posicao_individuo] = 1 - individuos[posicao_individuo]
97         acao = "infectado" if antigo == 0 else "recuperado"
98         print(f"Indivíduo {posicao_individuo} ({antigo} => {individuos[
                        posicao_individuo}]) foi {acao}.")
99     else:
100         print(f"Indivíduo {posicao_individuo} manteve seu estado ({
                        individuos[posicao_individuo]}).")
101
102     visualiza_sitios(individuos, passo=unidade_tempo)
103
104     rho = sum(individuos) / total_individuos # Densidade de infectados
        apos atualização
105     print(f"\nDensidade de infectados após atualização: rho = {rho:.3f}"
        )

```

APÊNDICE B - FLUXOGRAMA DA DINÂMICA DO PROCESSO DE CONTATO - VARIAÇÃO PROPOSTA (ANÁLISE SIMULTÂNEA)

Figura 19 – Fluxograma da variação proposta do Processo de Contato



Fonte: Elaborado pela autora, 2026.

```

1 import random
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 import networkx as nx
4 from matplotlib.lines import Line2D
5
6 # -----
7 # Função para plotar a rede
8 # -----
9 def visualiza_sitios(rede, passo=None):
10     N = len(rede)
11     G = nx.grid_2d_graph(N, 1)
12     pos = dict((n, n) for n in G.nodes())
13     colors = ["red" if rede[i] == 1 else "blue" for i in range(N)]
14
15     legend_elements = [
16         Line2D([0], [0], marker="o", color="w", markerfacecolor="blue",
17             markersize=14, label="Saudável"),
18         Line2D([0], [0], marker="o", color="w", markerfacecolor="red",
19             markersize=14, label="Infectado")
20     ]
21
22     plt.figure(figsize=(8, 2))
23     nx.draw(G, pos=pos, node_color=colors, with_labels=False, node_size
24         =300)
25     plt.title(f"Unidade de tempo {passo}" if passo is not None else "")
26     plt.axis('off')
27     plt.legend(handles=legend_elements, bbox_to_anchor=(1, 1), loc="
28         upper right")
29     plt.show()
30
31 """- Primeiro, calcular a probabilidade e armazenar ela para cada indiví
32 duo em um vetor. Após isso, atualizar os indivíduos a cada mudança de
33 unidade de tempo."""
34
35 # -----
36 # Parâmetros
37 # -----
38 total_individuos = 10 # Numero de indivíduos
39 lambda_ = 0.8 # Parâmetro de infecção
40 tempo = 5 # Tempo total
41
42 # -----

```

```

37 # Inicialização
38 # -----
39 infectados_iniciais = int(input(f"Quantos indivíduos infectados iniciais
    (0 a {total_individuos})? "))
40
41 # Verifica se o número está dentro do intervalo válido
42 infectados_iniciais = max(0, min(infectados_iniciais, total_individuos))
43
44 # Cria a lista com o numero certo de infectados e embaralha
45 individuos = [1] * infectados_iniciais + [0] * (total_individuos -
    infectados_iniciais)
46 random.shuffle(individuos)
47
48 print("Lista inicial de indivíduos:", ", ".join(map(str, individuos)))
49
50 for unidade_tempo in range(tempo):
51     print(f"--- Unidade de tempo {unidade_tempo} ---\n")
52
53     probabilidades = [] # Lista de probabilidades da unidade de tempo
    atual
54
55     print(f"Estado atual: {' '.join(map(str, individuos))}\n")
56
57     rho = sum(individuos) / total_individuos # Densidade de
    infectados
58     print(f"\nDensidade de infectados antes da atualização: rho = {rho
    :.3f}")
59
60     # Todos os indivíduos são atualizados
61     for posicao_individuo in range(total_individuos):
62         # Obtém vizinhos (contorno periodico)
63         viz_esq = individuos[(posicao_individuo - 1) % total_individuos]
64         viz_dir = individuos[(posicao_individuo + 1) % total_individuos]
65
66         # Cálculo da taxa de mudança
67         if individuos[posicao_individuo] == 0: # saudável
68             if viz_esq == 1 and viz_dir == 1:
69                 P = lambda_ * rho**2 * (1 - rho)
70                 motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e
                    possui DOIS vizinhos infectados."
71             elif viz_esq == 1 or viz_dir == 1:
72                 P = (lambda_ / 2) * rho * (1 - rho)**2
73                 motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e
                    possui UM vizinho infectado."
74             else:
75                 P = 0

```

```

76         motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} é saudável e NÃO
77             O possui vizinhos infectados."
78
79     else: # Infectado
80         P = rho
81         motivo = f"Indivíduo {posicao_individuo} está infectado e
82             pode se recuperar."
83
84     probabilidades.append(P)
85
86     # Exibe informações detalhadas do indivíduo
87     print(f"Indivíduo {posicao_individuo}:")
88     print(f"Probabilidade calculada: P = {P:.4f}")
89     print(f"{motivo}")
90     print('-----')
91
92     # Mostra a lista calculada (e sobrescrita a cada unidade de tempo)
93     print("\nProbabilidades desta unidade de tempo:")
94     print(", ".join(f"{probabilidade:.4f}" for probabilidade in
95         probabilidades))
96     print()
97
98     # Sorteia um numero aleatório nesta unidade de tempo
99     R = random.random()
100     print(f"Número sorteado para esta unidade de tempo: R = {R:.4f}\n")
101
102     # Atualiza o estado dos indivíduos com base nas probabilidades
103     for posicao_individuo in range(total_individuos):
104         if probabilidades[posicao_individuo] > R:
105             antigos = individuos.copy()
106             individuos[posicao_individuo] = 1 - individuos[
107                 posicao_individuo] # Muda o estado (infecta ou recupera)
108             acao = "infectado" if antigos[posicao_individuo] == 0 else "
109                 recuperado"
110             print(f"Indivíduo {posicao_individuo} ({antigos[
111                 posicao_individuo]} => {individuos[posicao_individuo]})
112                 foi {acao}.")
113         else:
114             print(f"Indivíduo {posicao_individuo} manteve seu estado ({
115                 individuos[posicao_individuo]}).")
116
117     visualiza_sitios(individuos, passo=unidade_tempo)
118
119     rho = sum(individuos) / total_individuos # Densidade de infectados
120     apos_atualizacao
121     print(f"\nDensidade de infectados após atualização: rho = {rho:.3f}"
122         )

```