



SEMINÁRIO ESPECIAL DO PICME



24 DE SETEMBRO



14 HORAS



SALA C 119 - CT

Para mais informações acesse:



<https://arquimedes.nce.ufrj.br/dm/picme/>

BOLSISTAS

EDUARDO MEDEIROS, KAYLANE BARBOSA, MATEUS SANTOS, MILENA SOARES, MILLENA LACHINI, TALES SILVA, LUIZ CAMPORÊS, CLARA DA SILVA, MIGUEL PEIXE, JADIR BALTHAR, ARTUR CARVALHO E JÚLIA DE ARAUJO

ORGANIZAÇÃO

JULIANA FERNANDES, MARCIA CERIOLETTI E TULIO GENTIL



LIVRO DE RESUMOS

Seminário Especial do PICME
24 de Setembro de 2025
Instituto de Matemática da UFRJ

Bolsistas participantes

Eduardo Nunes de Medeiros (Ciências Econômicas)
Kaylane de Mesquita Barbosa (Biomedicina)
Mateus Fernandes Santos (Matemática Aplicada)
Milena Santos Campos Soares (Ciência da Computação)
Millena Vianna Lachini (Engenharia Química)
Tales Lindoso da Silva (Licenciatura em Matemática)
Luiz Gustavo Camporês (Ciência da Computação)
Clara Eufrazio Sagrillo da Silva (Licenciatura em Matemática)
Miguel Pirilli Peixe (Engenharia Matemática)
Jadir Machado Balthar (Bacharelado em Matemática)
Artur Taboada Dios Carvalho (Engenharia da Computação)
Júlia Lorraine Teixeira de Araujo (Arquitetura e Urbanismo)

Organização

Juliana Fernandes
Marcia Cerioli
Tulio Gentil

Apresentação

Caros participantes,

É com grande satisfação que damos as boas-vindas ao Seminário Especial do PICME – Programa de Iniciação Científica e Mestrado. O PICME oferece a estudantes universitários, medalhistas da OBMEP ou da OBM, a oportunidade de aprofundar seus estudos em Matemática de forma paralela à graduação. Neste encontro, bolsistas e ex-bolsistas do programa apresentarão trabalhos desenvolvidos ou em andamento, compartilhando experiências e resultados com a comunidade acadêmica.

Conteúdo

Programação	2
Resumos das Palestras	4
Anotações	10

Programação

Programação

Horário	Palestrante	Título do trabalho
14:00 - 14:15	Márcia Cerioli e Juliana Fernandes	Apresentação do PICME
14:20 - 14:35	Eduardo Nunes de Medeiros	Uma Introdução à Teoria de Grafos para Aplicação em Modelos de Redes Econômicas
14:40 - 14:55	Kaylane de Mesquita Barbosa	Explorando a dinâmica de sistemas dinoflagelado-parasitoide através de modelagem bayesiana
15:00 - 15:15	Mateus Fernandes Santos	CABGENML: Usando o aprendizado de máquina na vigilância genômica de bactérias multirresistentes do SUS
15:20 - 15:40	<i>Intervalo</i>	<i>Intervalo</i>
15:40 - 15:55	Milena Santos Campos Soares	Geometria diferencial de curvas e o pêndulo de Huygens
16:00 - 16:15	Millena Vianna Lachini	Soluções numéricas para a equação de Poisson-Boltzmann
16:20 - 16:35	Tales Lindoso da Silva	Uma prova usando análise do Teorema Fundamental da Álgebra
16:40 - 17:00 (3 min cada)	Luiz Gustavo Camporês Clara Eufrasio Sagrillo da Silva Miguel Pirilli Peixe Jadir Machado Balthar Artur Taboada Dios Carvalho Júlia Lorraine Teixeira de Araujo	Apresentação dos novos bolsistas

Resumos das Palestras

Uma Introdução à Teoria de Grafos para Aplicação em Modelos de Redes Econômicas

Eduardo Nunes de Medeiros (eduardonm964@gmail.com)

Ciências Econômicas

Orientador: Tulio Gentil (tuliogentil@im.ufrj.br)

Resumo. As redes desempenham um papel importante em uma vasta gama de fenômenos econômicos. Apesar disso, a teoria econômica dominante raramente considera as redes econômicas explicitamente em sua análise. No entanto, uma grande inovação na teoria econômica tem sido o uso de métodos decorrentes da teoria dos grafos para descrever e estudar as relações entre os agentes econômicos. Neste trabalho, apresentamos alguns conceitos básicos usados em uma ampla gama de modelos de redes econômicas.

Buscamos, neste trabalho, entender os fundamentos da teoria de grafos para a incorporação desse ferramental em diferentes modelos de redes econômicas. Os resultados encontrados partem das definições básicas de que um *grafo* G é um par, $G = (V, E)$, consistindo de um conjunto de n vértices $V(G)$ e um conjunto de arestas $E(G)$. O conjunto de arestas $E(G)$ induz, portanto, uma relação binária simétrica em $V(G)$ que é chamada de relação de adjacência de G . Já os vértices i e j são adjacentes se $e_{ij} \in E(G)$. Após o aprofundamento nos elementos da teoria de grafos e de matrizes, estudamos as medidas de rede, que podem ser empregadas diretamente como quantificadores de características observadas na economia. Entre as diversas medidas estudadas, podemos citar:

i) O comprimento médio do caminho L , que é a distância geodésica d média (ou seja, a mais curta) entre pares de vértices em um grafo.

$$L = \frac{1}{\frac{1}{2}n(n-1)} \sum_{i \geq j}^n d_{ij}$$

ii) O coeficiente de agrupamento local, $C_l(i)$, definido como a fração de pares de vizinhos de i que são vizinhos entre si. Como o número de ligações possíveis entre os vizinhos do vértice i é simplesmente $\frac{d_i(d_i-1)}{2}$, obtemos:

$$C_l(i) = \frac{|\{e_{jk} \in E(G) : e_{ij} \in E(G) \wedge e_{ik} \in E(G)\}|}{\frac{d_i(d_i-1)}{2}}$$

iii) A centralidade de intermediação de i , denotada por $C_B(i)$, definida da seguinte forma:

$$C_B(i) = \sum_{u,v \neq i} \frac{g_{uv}(i)}{g_{uv}}$$

Ou seja, se g_{uv} é o número de caminhos geodésicos d_{uv} de u a v e $g_{uv}(i)$ é o número de caminhos de u a v que passam por i , então $\frac{g_{uv}(i)}{g_{uv}}$ é a fração de caminhos geodésicos de u a v que passam por i .

Nesse trabalho foi possível perceber que o ferramental da Teoria de Grafos é capaz de agregar de diversas maneiras a análise de relações econômicas. Assim, o estudo de propriedades corporativas, conselhos administrativos, do mercado de trabalho, de organizações formais e informais e de colaborações em pesquisa e desenvolvimento, para citar alguns exemplos notáveis, pode ser complexificado e melhorado a partir do poderio explicativo dos grafos.

Referências Bibliográficas.

- [1] MICHAEL, D.K., BATTISTON, S., *From Graph Theory to Models of Economic Networks. A Tutorial*. Lecture Notes in Economics and Mathematical Systems, **613** (2009), 23–63.
- [2] FREITAS, L. Q., *Medidas de Centralidade em Grafos* (2010). Dissertação (Mestrado em Engenharia de Produção) - COPPE, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro.
- [3] FRITSCHER, E., *Propriedades Espectrais de um Grafo* (2011). Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada) - Instituto de Matemática, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

Explorando a dinâmica de sistemas dinoflagelado–parasitoide através de modelagem bayesiana

Kaylane de Mesquita Barbosa (kaylanebarbosaluci@gmail.com)

Biomedicina

Orientador: William Leão (william@im.ufrj.br)

Resumo. Dinoflagelados marinhos fotossintéticos são organismos unicelulares amplamente distribuídos em ecossistemas aquáticos e desempenham papel fundamental nas cadeias alimentares marinhas. Algumas espécies, no entanto, podem formar florações nocivas e liberar toxinas que afetam a biota aquática e a saúde humana. Esses dinoflagelados são frequentemente infectados por microparasitas do gênero *Amoebophrya*, cujo ciclo de vida inicia com a penetração dos dinosporos – sua forma livre – nas células do hospedeiro, seguida pelo desenvolvimento intracelular e liberação de novos dinosporos. Como essa interação pode levar à morte do hospedeiro, é frequentemente comparada à predação e tem sido estudada como alternativa de controle biológico de florações algais.

Salomon & Stolte (2010) utilizam o modelo predadorpresa para dados experimentais presentes em Coats et al. (2002). Neste trabalho faz-se uso de um modelo de espaço de estados para séries temporais de dados de contagem, dado em Koh et al. (2019), com o objetivo de aprimorar o ajuste encontrado em Salomon & Stolte (2010) do número de hospedeiros não infectados ao longo do tempo. O modelo de predadorpresa é dado por um sistema de equações diferenciais para o qual obtém-se as estimativas a tempo contínuo, porém o modelo que é adotado no trabalho utiliza como premissa pontos em tempos discretos igualmente espaçados, dado isso foi necessário organizar os conjuntos de dados original reduzindo-os para realizar uma primeira etapa de ajuste. Inicialmente foi realizado um estudo com dados simulados para provar a eficácia do método de estimação adotado. Obteve-se estimativas precisas e significativas, sob um intervalo de credibilidade de 95%, dos parâmetros, conseguindo assim captar bem o comportamento dos dados simulados. Em seguida, passou-se a um estudo empírico para o qual foi realizada a organização acima mencionada, que apesar dessa limitação no conjunto de dados original obteve bons resultados com as curvas dos números de hospedeiros não infectados ao longo do tempo estimadas seguindo bem a dinâmica dos dados. A estimação do modelo proposto é realizada sob o paradigma bayesiano, utilizando simulações de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC, Garmermam et al. (2006), através do algoritmo de Gibbs e um de um método adaptativo de MCMC, Andrieu et al. (2008). Toda a implementação é realizada no software R.

A discente realizou estudo aprofundado da metodologia estatística para estimação de complexo modelo. É responsável pela implementação computacional e análise estatística dos resultados do estudo simulado (validação do método) e dos dados de interesse, abrangendo *Akashiwo sanguinea*, *Gymnodinium instriatum* e *Karlodinium micrum*. A análise de sensibilidade dos parâmetros está em andamento. As próximas etapas incluem estimar pontos faltantes nos intervalos de tempo do modelo

e comparar resultados com Salomon & Stolte (2010).

Referências Bibliográficas.

- [1] Salomon, P. S., & Stolte, W. (2010). Modeling parasitoidhost dynamics in dinoflagellate systems. *Marine Ecology Progress Series*, 419, 1–10.
- [2] Koh, Y. B., Bukhari, N. A., & Mohamed, I. (2019). Bayesian analysis of statespace models. *Journal of Applied Statistics*.
- [3] Coats, D. W., & Park, M. G. (2002). Parasitism of marine dinoflagellates by *Amoebophrya* spp. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 49(5), 469–477.
- [4] Andrieu, C., Doucet, A., & Robert, C. P. (2008). On the Bayesian estimation of continuous-time Markov chains. *Journal of Applied Probability*, 45(2), 485–502.

CABGENML: Usando o aprendizado de máquina na vigilância genômica de bactérias multirresistentes do SUS

Mateus Fernandes Santos (fernandes.santos.mateus@gmail.com)

Matemática Aplicada

Orientador: Adriano Cortes (adriano.cortes@matematica.ufrj.br)

Resumo. A resistência antimicrobiana representa uma das dez principais ameaças à saúde global segundo a OMS, ocasionando mais de 1,2 milhão de mortes anualmente. Tecnologias de Inteligência Artificial e Aprendizado de Máquina têm emergido como ferramentas promissoras para análise de dados genômicos, possibilitando a identificação precisa de padrões de resistência. Este trabalho apresenta o CABGenML, iniciativa colaborativa entre UFRJ e Fiocruz, integrada à Rede Nacional de Vigilância Genômica de Bactérias Multirresistentes, visando aprimorar a detecção e monitoramento de superbactérias no SUS.

O objetivo é desenvolver um modelo de aprendizado de máquina para prever perfis de resistência antimicrobiana em patógenos prioritários. Baseando-se na arquitetura DeepRC [1], focamos inicialmente na *Klebsiella pneumoniae*, bactéria do grupo ESKAPE frequentemente associada a infecções hospitalares graves. O estudo concentra-se na predição de resistência ao Meropenem, antibiótico carbapenêmico que atua inibindo a síntese da parede celular bacteriana, considerado uma das últimas linhas de defesa contra infecções multirresistentes.

Os dados utilizados neste estudo provêm do LabSUR/Fiocruz, componente da Rede Nacional de Vigilância Genômica de Bactérias Multirresistentes, e são depositados na plataforma CABGen [2] um banco de dados nacional para vigilância da resistência antimicrobiana. O pré-processamento dos genomas bacterianos envolve a extração de Open Reading Frames (ORFs), sequências de DNA potencialmente codificadoras de proteínas que funcionam como unidades básicas de informação genética. Estas ORFs são representadas através de one-hot encoding concatenado com informações posicionais, servindo como entrada para uma rede neural convolucional que gera embeddings vetoriais de cada sequência. A arquitetura incorpora um mecanismo de atenção inspirado nos modelos Transformer, que agrega informações relevantes dos múltiplos embeddings em um único vetor representativo da amostra. O conjunto de dados compreende 1.940 amostras clínicas de *K. pneumoniae* (1.880 para treinamento e 60 para teste), classificadas como Sensíveis (S), Resistentes (R) ou Intermediárias

(I) ao Meropenem, com as categorias R e I agrupadas para uma classificação binária. O modelo foi treinado utilizando entropia cruzada como função de perda, com regularização L1 para evitar o overfitting.

Os resultados preliminares demonstram o potencial da arquitetura, com métricas promissoras: ROC AUC, F1score e acurácia balanceada em torno de 0,9, e Matthews Correlation Coefficient beirando 0,8. Como próximos passos, pretendemos expandir a aplicação para outros antimicrobianos e patógenos do grupo ESKAPE, com ênfase em *Pseudomonas aeruginosa*, visando fortalecer o sistema de vigilância genômica nacional.

Referências Bibliográficas.

[1] WIDRICH, Michael et al. Modern Hopfield Networks and Attention for Immune Repertoire Classification. NeurIPS, 2020.

[2] CABGen Computational approaches for antimicrobial resistance surveillance in One Health. Disponível em: <https://cabgen.fiocruz.br/en>. Acesso em: 05 mai. 2025.

Geometria diferencial de curvas e o pêndulo de Huygens

Milena Santos Campos Soares (milena10barra11@gmail.com)

Ciência da Computação

Orientador: Michael Deutsch (mdeutsch@im.ufrj.br)

Resumo. O projeto da aluna Milena Soares orientada pelo professor Michael Deutsch tem como objetivo estudar o surgimento e a aplicação da construção geométrica de involutas e evolutas de curvas no contexto da solução do problema do pêndulo isócrono, tal como formulado e resolvido por Christiaan Huygens no século XVII. Trata-se de uma investigação que une história da matemática, física clássica, e geometria diferencial elementar, com vistas à compreensão profunda de um momento marcante na transição dos métodos modernos do cálculo. Como construir um pêndulo cujo movimento oscilatório tivesse período constante, independentemente da amplitude? Isso leva ao problema do tempo de queda de um ponto sob ação da gravidade ao longo de curvas variadas, chamado o problema tautocrônico. Vamos explicar os argumentos geométrico-físicos que Huygens usou para resolver o problema, e como a questão da implementação da solução leva à noção da curva involuta e um problema geométrico inverso: Dada uma curva C , como determinar uma curva cuja involuta seja C ? Vamos apresentar a solução moderna do problema usando a noção da curva evoluta, mostrando que as construções determinam uma "dualidade" e explorando algumas das consequências e generalizações puramente geométricas no plano e em dimensões superiores. A metodologia da pesquisa inclui o estudo teórico das definições da involuta e evoluta, o uso de ferramentas do cálculo diferencial e da geometria local e global de curvas no plano e no espaço.

Referências Bibliográficas.

[1] Huygens, C. Horologium Oscillatorium.

[2] do Carmo, M. P. Geometria Diferencial de Curvas e Superfícies.

[3] Katz, V. J. A History of Mathematics: An Introduction.

Soluções numéricas para a equação de Poisson-Boltzmann

Millena Vianna Lachini (millena.vianna@eq.ufrj.br)

Engenharia Química

Orientador: Daniel Marroquim (marroquin@im.ufrj.br)

Resumo. A equação de Poisson-Boltzmann é uma equação diferencial que modela o potencial elétrico associado à carga neta de uma solução de eletrólitos. O modelo tem aplicações em diversas áreas como na eletroquímica e na ciência de materiais. Embora em alguns casos particulares seja possível encontrar soluções analíticas, comumente é preciso recorrer a métodos numéricos para calcular soluções da equação, de maneira eficiente, que possam ser usadas nas aplicações. Neste projeto, estamos investigando métodos numéricos para encontrar soluções. Focando inicialmente no caso 1-dimensional apenas com solvente, implementamos um método para encontrar soluções à problemas de valor de contorno para a equação, com boa precisão. Buscamos analisar as soluções encontradas e estudar o comportamento sob a variação de diferentes parâmetros. Posteriormente, pretendemos estender os resultados para dimensões mais altas, por exemplo, em domínios que possuam alguma simetria.

Referências Bibliográficas.

[1] HU, Jingzhen. Numerical Solution of Nonlinear Poisson Boltzmann Equation. University of Michigan: [s.n.].

[2] KONG, Qingkai ; SIAUW, Timmy; BAYEN, Alexandre M. Python Programming and Numerical Methods: A Guide for Engineers and Scientists. Berkeley: ELSEVIER, 2020.

[3] LU, Benzhuo et al. Recent progress in numerical methods for the Poisson-Boltzmann equation in biophysical applications. Communications in Computational Physics, v. 37060, n. 02, p. 973–1009, 24 abr. 2008.

[4] RADITYANI, Scolastika Lintang Renganis; MUNGKASI, Sudi. Finite difference and Runge–Kutta methods for solving vibration problems. Journal of Physics Conference Series, v. 909, n. 1, p. 012044, 1 nov. 2017.

Uma prova usando análise do Teorema Fundamental da Álgebra

Tales Lindoso da Silva (taleslindoso.ufrj@gmail.com)

Licenciatura em Matemática

Orientador: Lázaro Díaz (lazarord@im.ufrj.br)

Resumo. O Teorema fundamental da Álgebra estabelece que todo polinômio com coeficientes complexos admite ao menos uma raiz complexa. Apesar de simples, é um resultado central na matemática que fica na interseção de várias áreas como álgebra, análise e topologia. Vamos mostrar uma prova simples desse resultado usando análise real.

Referências Bibliográficas.

[1] Benjamin Fine and Gerhard Rosenberger. The Fundamental Theorem of Algebra.

Anotações

Anotações

Anotações