

Tutorial R para Aplicação da Análise de Redes: Estudo de Caso do Medo da Covid-19

Julian Tejada^{1,*}

Orcid.org/0000-0003-0275-3578

Diogo Conque Seco Ferreira¹

Orcid.org/0000-0001-7695-9910

Walter Lisboa²

Orcid.org/0000-0001-5798-6737

André Faro¹

Orcid.org/0000-0002-7348-6297

¹*Programa de Pós-Graduação em Psicologia, Centro de Educação de Ciências Humanas,
Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão/ SE/ Brasil*

²*Departamento de Psicologia, Centro de Educação de Ciências Humanas,
Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil*

Resumo

A análise de redes é um método de pesquisa que parte da premissa de que os construtos psicológicos são analisados como uma rede de eventos comportamentais que se influenciam mutuamente, e que vem sendo utilizada de maneira crescente no campo da psicopatologia, em especial para o estudo de transtornos psicológicos. Na pandemia, um importante construto preditor de desfechos psicológicos e psiquiátricos foi o medo da Covid-19, que se manifesta em ações, pensamentos e afetos relacionadas à pandemia, como a possibilidade de infecção, contato com notícias difíceis e perturbação do sono. O objetivo do presente trabalho foi, por meio de um estudo de caso sobre o medo da Covid-19, apresentar a metodologia de análise de rede, seguindo uma estrutura de tutorial e utilizando a linguagem R. O conjunto de dados é constituído pela resposta de 987 pessoas à Escala de Medo da Covid-19 (*Fear of Covid-19 Scale, FCV-19S*) que foram modelados como uma rede não direcional, que se mostrou estável e apresentou diversas interconexões. A resposta de aceleração do coração ante o pensamento de infecção foi o sintoma mais central e intenso na rede, sendo, portanto, o sinal mais representativo. A comparação entre o local de residência dos participantes mostrou redes semelhantes, o que sugeriu a estabilidade do fenômeno. No entanto, observou-se que o sentimento de ansiedade decorrente do contato com notícias sobre a Covid-19 e as alterações no sono por preocupação com a Covid-19 foram mais relevantes entre os moradores de capitais, o que pode ser explicado pela maior quantidade de casos e mortes nessas

* Correspondência: Endereço: Av. Marechal Rondon, s/n Jardim Rosa Elze, Departamento de Psicologia, sala 7, São Cristóvão, SE, Brasil. CEP 49100-000. E-mail: jtejada@academico.ufs.br

regiões. Esperamos que este tutorial sirva como uma introdução para aqueles interessados em análise de redes, e que a disponibilização dos dados e do passo a passo facilite a reprodução dessa análise em outros contextos, contribuindo assim para a promoção da reprodutibilidade da pesquisa.

Palavras-chave: Análise de redes, medo, Covid-19, tutorial, psicometria.

R Tutorial for Applying Network Analysis: A Case of Study on Fear of Covid-19

Abstract

Network analysis is a research method which works from the premise that psychological constructs are analyzed as a network of behavioral events that influence each other. It has been increasingly used in the field of psychopathology, especially about psychological disorders. During the pandemic, an important predictor construct of psychological and psychiatric outcomes has been fear of Covid-19, which manifests as pandemic-related behaviors, thoughts, and affections, such as the possibility of infection, contact with difficult news, and sleep disturbance. The objective of this paper was, through a case study on fear of Covid-19, presenting a tutorial of data analysis in R software. We used data from 987 people who responded to the *Fear of Covid-19 Scale*, (FCV-19S), modeling them with undirected network, which proved to be stable and with several interconnections. The *heart rate response to the thought of infection* was the most central and intense symptom within the network and the most representative sign of the fear. The comparison between the place of residence showed similar networks and suggests the stability of the phenomenon. Otherwise, it was observed that *the feeling of anxiety arising from contact with news about Covid-19* and *changes in the sleep pattern due to concerns about Covid-19* were more relevant among inhabitants of capital cities, which can be explained by the higher number of cases and deaths in these regions. We hope this tutorial will serve as an introduction for those interested in network analysis. Furthermore, we expect the availability of the data and the step-by-step instructions will facilitate the replication of this analysis in other contexts, contributing to the reproducibility of the research.

Keywords: Network analysis, fear, Covid-19, tutorial, psychometrics.

Tutorial R para la Aplicación de los Análisis de Redes: Estudio de Caso del Miedo de la Covid-19

Resumen

El análisis de redes es un método de investigación que parte de la premisa de que los constructos psicológicos se analizan como una red de eventos de comportamientos que se influyen mutuamente. En la pandemia, un importante constructo predictor de resultados psicológicos y psiquiátricos ha sido el miedo al Covid-19, que se manifiesta como acciones, pensamientos y afectos relacionados con la pandemia, como la posibilidad de infección, el contacto con noticias difíciles y la alteración del sueño. El objetivo del presente trabajo es, a través de un estudio de caso de miedo al Covid-19, presentar un tutorial de análisis de datos en el software R. Fueron utilizados datos provenientes de 987 personas que respondieron a la Escala de Miedo de la Covid-19 (*Fear of Covid-19 Scale*, FCV-19S) y modelándolos con una red no dirigida que resultó ser estable y con varias interconexiones. La respuesta de aceleración del corazón ante el pensamiento de infección fue la más central e intensa en la red, siendo por tanto la más representativa del fenómeno. La comparación entre el lugar de residencia mostró redes similares, lo que confirma la estabilidad del fenómeno, pero se observó que la sensación de ansiedad derivada

del contacto con las noticias sobre el covid-19 y los cambios en el sueño debidos a la preocupación por el Covid-19 fueron más relevantes entre los residentes de las capitales, lo que puede explicarse por el mayor número de casos y muertes en estas regiones. Esperamos que este tutorial sirva como una introducción para los interesados en análisis de redes, y que la disponibilización de los datos y el paso a paso facilite la reproducción de ese análisis en otros contextos, contribuyendo para la promoción de la reproductibilidad de las investigaciones.

Palabras-clave: Análisis de red, miedo, Covid-19, tutorial, psicometría.

A aplicação da Análise de Redes (AR) à investigação de fenômenos sociais ocorre há mais de 90 anos, inicialmente no estudo do comportamento social (Moreno, 1934), em estudos sobre comunicação em diferentes estruturas de rede nas décadas de 1940 e 1950 (Borgatti et al., 2009) e, recentemente, tem recebido atenção nas pesquisas em psicopatologia (Marsman & Rhemtulla, 2022). A partir do trabalho seminal de Borsboom e Cramer (2013), estudos têm se dedicado à análise da relação dos diferentes sintomas associados a vários transtornos mentais, como transtornos alimentares (Forrest et al., 2018), depressivos (Park & Kim, 2020) e ansiosos (Yang et al., 2019). Além de investigações empíricas, o campo tem recebido contribuições metodológicas que possibilitam a inclusão de procedimentos estatísticos mais robustos na rotina de análise de dados (Epskamp, Waldorp et al., 2018; Herrera-Bennett & Rhemtulla, 2021; Rodriguez et al., 2020; Wysocki & Rhemtulla, 2021).

A AR propõe que construtos psicológicos sejam considerados como uma constelação de eventos comportamentais, cognitivos e emocionais que se retroalimentam e interagem ao longo de um período de tempo, em um espaço social específico (Borsboom & Cramer, 2013). Embora a área tenha tido destacada aplicação no contexto de quadros psiquiátricos, sua lógica de funcionamento se estende para as pesquisas psicométricas em geral (Borsboom, 2022), dentre as quais a Teoria do Traço Latente (TTL) costuma ser a opção predominante para análises e interpretações.

Desde o início da pandemia de Covid-19, a AR vem sendo aplicada em estudos sobre enfren-

tamento da pandemia (Taylor et al., 2020), abusos de substâncias durante a pandemia (Taylor et al., 2021), impacto econômico (Aslam et al., 2020) e até mesmo condições de dispersão do vírus (P. Wang et al., 2020). Em estudos sobre a sintomatologia ansiosa e depressiva, a análise de redes tem contribuído para revelar sintomas centrais em cada um dos transtornos e de que maneira eles afetam a rede de sintomas (Park & Kim, 2020). A partir dessa compreensão, e tendo em vista a complexidade e ineditismo da situação da pandemia, a AR pode ser uma ferramenta importante para uma permitir uma compreensão mais aprofundada sobre o impacto da Covid-19 nos mais diversos sintomas psicopatológicos.

A pandemia de Covid-19 figura até o momento como a maior crise sanitária da história contemporânea com um elevado número de casos e mortes, superando outras doenças e problemas de saúde (H. Wang et al., 2022). Pessoas em todo mundo foram afetadas pela doença, seja pelo medo do contágio ou mesmo pelo adoecimento ou perda de familiares e pessoas queridas (Mortazavi et al., 2021). A preocupação com o contágio e a sobrecarga dos sistemas de saúde demandou políticas de isolamento social o que, por sua vez, gerou impacto nos mais diversos setores industriais e econômicos em todo o mundo (Silva & Pena, 2021).

O isolamento social também afetou a vida pessoal, alterando rotinas de exercício e alimentação (Martinez-Ferran et al., 2020), prejudicando também o desempenho no trabalho e a manutenção de amizades e suporte emocional, essenciais em momentos difíceis (Jo et al., 2021). A persistência de estressores e a necessidade de constantes adaptações elevaram signifi-

cativamente os níveis de ansiedade (Buneviciene et al., 2022), depressão (Feter et al., 2021) e estresse (Pfeifer et al., 2021).

Um importante preditor para tais quadros investigados na pandemia é o medo da Covid-19, com taxas elevadas em diversos países (Alimradi et al., 2022; Luo et al., 2021) incluindo o Brasil (Giordani et al., 2022). O medo da Covid, como fenômeno psicológico, surgiu da inter-relação de diversos componentes comportamentais, cognitivos e emocionais, que podem ser elencados em uma escala. A Escala de Medo da Covid-19 (*Fear of Covid-19 Scale*, FCV-19S), desenvolvida por Ahorsu et al. (2020) e adaptada para o Brasil por Faro et al. (2022), aborda uma parcela dos sintomas em seus sete itens. Trata-se de um instrumento elaborado com o propósito de identificar diferenças individuais com relação às diversas facetas do medo de infecção com o novo coronavírus. O FCV-19S foi proposto para ser autoaplicado, e os respondentes devem assinalar, em uma escala Likert de 5 pontos, o quão bem cada item descreve suas reações frente à Covid-19. Os itens, por sua vez, descrevem tanto respostas emocionais básicas (“Meu coração dispara ou palpita quando penso em ser infectado pela Covid-19”, item 7), quanto cognições (“Pensar sobre a Covid-19 me deixa desconfortável”, item 2) e avaliações afetivas mais amplas (“Eu tenho muito medo da Covid-19”, item 1). Dada sua ampla utilização, mulheres, portadores de doenças crônicas, pessoas casadas e profissionais de saúde tendem a apresentar escores mais altos (Bakioğlu et al., 2021; Doshi et al., 2021; Tsipropoulou et al., 2021) nessa escala, ao passo que a idade, o nível educacional e ter parentes infectados parecem não influenciar o medo de Covid-19.

Em estudo de validação para o contexto brasileiro, Faro et al. (2022) confirmaram a estrutura unifatorial proposta originalmente pelos autores da escala. No caso de um construto atitudinal, como ter medo da Covid-19, postula-se a independência entre os itens, tais como “Meu coração dispara ou palpita quando penso em ser infectado pela Covid-19” e “Pensar sobre a

Covid-19 me deixa desconfortável”, sendo ambos causados pela existência de um construto latente (não observado) “Medo da Covid-19”.

Considerando o contexto pandêmico e compreendendo uma reflexão sobre o FCV-19S a partir da constelação de fenômenos psicológicos que são abarcados no instrumento, é possível compreender o surgimento do medo de se infectar com o vírus. Imaginemos um indivíduo que, a princípio, sente desconforto ao ouvir notícias sobre as crescentes taxas de internação, e por isso se torna aversivo e procura se afastar dessas informações. Ao mesmo tempo, pode sentir necessidade de conversar com pessoas próximas sobre as consequências de contrair a doença, como as chances de evolução para quadros graves e repercussões posteriores. A partir de um cenário de incertezas, em que poucas pessoas apresentam informações claras e há grande variabilidade nos desfechos apresentados, o indivíduo pode se sentir confuso e ansioso e, com isso, ter respostas emocionais de sudorese e palpitação. Até mesmo dormir à noite passa a ser difícil, pois tenta imaginar as atividades do dia seguinte e como poderá se proteger, ao mesmo tempo em que procura identificar momentos no dia em que pode ter sido infectado. O desenrolar desses acontecimentos ao longo de dias pode, assim, desencadear um quadro de medo da Covid-19, que se manifestará com ações, pensamentos e afetos característicos em situações que estejam relacionadas à pandemia. Se, no final de 2019, as letras e números “Covid-19” não eliciavam nenhuma resposta emocional, é pouco provável que o mesmo tenha ocorrido em qualquer momento de 2020 em diante. Ao negar a condição causal para um componente latente, a teoria da AR afirma que é a própria inter-relação entre componentes que constitui um construto psicológico. Atributos psicológicos, portanto, existem como sistemas em que componentes influenciam-se mutuamente sem a necessidade de investigar supostas variáveis latentes (Cramer et al., 2012).

A AR desponta como alternativa à TTL no estudo de transtornos mentais (Borsboom, 2017)

e apresenta vantagens metodológicas e teóricas (Borsboom et al., 2019). Esta posição está alinhada com desenvolvimentos recentes nas Terapias Cognitivas e Comportamentais (Blanco et al., 2020; Christodoulou et al., 2019), pois a AR lida adequadamente com a comorbidade observada em transtornos psiquiátricos (Goekoop & Goekoop, 2014).

A adoção de AR como perspectiva para descrição de atributos psicológicos permite a busca ativamente da correlação entre diversas medidas do fenômeno comportamental de interesse. A partir de uma matriz de correlações parciais entre medidas, é possível criar grafos que retratam como as medidas interagem, a força destas interações e quais interações são mais importantes para a manutenção de um estado particular de ativação, isto é, uma condição psicológica (Epskamp, Borsboom et al., 2018).

Na rede de medidas psicológicas, cada uma das observações (fenômenos) é definida como um *nodo* (ou nó), e as conexões entre as observações (a correlação entre elas) são definidas como uma *aresta* (Borsboom & Cramer, 2013). Embora comumente se utilize a resposta a itens de um instrumento psicológico como nodos de uma rede, a priori, qualquer variável relacionada ao fenômeno de interesse pode se configurar como um nodo (Epskamp, Borsboom et al., 2018), sejam medidas do próprio indivíduo, de seu contexto social ou de seu ambiente imediato. Arestas podem ter direção e ser ponderadas. Enquanto redes com arestas direcionais implicam a direção da causalidade quando um nodo efetivamente é parte da condição necessária para a ativação de outro nodo, redes não direcionais apenas apontam correlações sem determinação de causalidade. Já nas redes ponderadas, a espessura das arestas indica a força da relação entre os nodos, enquanto as arestas de redes não ponderadas apenas indicam a existência de relação significativa.

A partir de uma rede entre nodos estabelecida, é possível estimar diversos indicadores distintos de sua estrutura e dinâmica, tais como a força relativa de cada nodo na dinâmica da rede, a

estabilidade e replicabilidade da estrutura da rede para diferentes indivíduos ou para diferentes redes aninhadas. Em redes não direcionais, o principal indicador da importância de um nodo é o seu grau de centralidade (ver Isvoranu & Epskamp, 2021, para uma discussão mais apropriada sobre este tópico), que aponta o número de arestas que o conectam aos demais nodos (McNally, 2021). Outro indicador relevante é a soma dos valores absolutos das conexões entre arestas de um nodo, a centralidade de força (Isvoranu & Epskamp, 2021). Somados a indicadores da estrutura da rede como os já apresentados, é possível estimar parâmetros acerca de sua robustez. Entende-se por robustez de uma rede a persistência de seus indicadores frente à retirada de casos. Utilizando a análise de retirada de casos a partir de *bootstrap* de subamostras, computa-se o coeficiente de estabilidade, que deve permanecer com valores acima de 0,5 para a relação entre parâmetros entre o conjunto de dados original e as subamostras progressivamente menores (Epskamp, Waldorp et al., 2018).

O objetivo do presente trabalho foi, por meio de um estudo de caso dos resultados da aplicação da Escala de Medo da Covid-19 (FCV-19S), apresentar a metodologia de análise de rede, seguindo uma estrutura de tutorial utilizando a linguagem R. O tutorial visa possibilitar a reprodução dessa mesma análise, para que posteriormente essa mesma metodologia possa ser replicada com outros dados, seguindo-se o passo a passo aqui apresentado. Por esse motivo, a estrutura deste trabalho se afasta um pouco da estrutura tradicional de método – resultados – discussão/conclusão, para poder apresentar um passo a passo do procedimento.

O presente tutorial apresenta a elaboração de uma rede ponderada não direcional com os itens da FCV-19S como nodos. Dada a natureza introdutória deste artigo e a complexidade na determinação de relações causais entre medidas psicológicas, optou-se por restringir a análise a redes não direcionais. Ao fim, discutem-se as vantagens da adoção deste método de análise e são apontados caminhos futuros para pesquisa.

Método

Participantes

Foram coletadas dos participantes informações quanto a sexo (masculino ou feminino), idade (em anos) e local de residência (capital ou interior). Participaram da pesquisa 987 pessoas, sendo 799 mulheres com média de idade de 30,94 anos (desvio-padrão = 12,06), de todas as regiões do país (66% do Nordeste, 21% do Sudeste, 6% do Sul, 4% do Centro-Oeste e 3% do Norte), sendo 47,5% residentes em capitais do Estado e 52,4% em municípios do interior.

Tabela 1

Versão Brasileira da Escala Medo da Covid-19 (Faro et al., 2022)

Item	Assertiva
FCV1	Eu tenho muito medo da Covid-19
FCV2	Pensar sobre a Covid-19 me deixa desconfortável
FCV3	Minhas mãos ficam úmidas/frias quando penso na Covid -19
FCV4	Eu tenho medo de morrer por causa da Covid-19
FCV5	Eu fico nervoso ou ansioso quando vejo notícias nos jornais e nas redes sociais sobre a Covid-19
FCV6	Não consigo dormir porque estou preocupado em ser infectado pela Covid-19
FCV7	Meu coração dispara ou palpita quando penso em ser infectado pela Covid-19

Procedimentos

A coleta de dados ocorreu em junho de 2020, o que correspondeu ao primeiro mês sob decreto de estado de quarentena e isolamento social em boa parte do Brasil. Em amostragem por conveniência e bola-de-neve, os indivíduos receberam convite público em redes sociais para participarem respondendo a um formulário *online* a respeito da saúde mental no período de confinamento. A primeira tela da pesquisa apresentava o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). A pesquisa foi aprovada pelo Conselho Nacional de Ética em Pesquisa (CONEP; CAAE 30485420.6.0000.0008, parecer n. 3.955.180).

Instrumento de medida

Escala de Medo da Covid (FCV-19S)

A FCV-19S aborda parte dos sintomas do medo da Covid em sete itens (Ahorsu et al., 2020; Faro et al., 2022). É um instrumento autoaplicado com escala de resposta do tipo likert de 5 pontos (1. Discordo fortemente, 2. Discordo, 3. Nem concordo nem discordo, 4. Concordo e 5. Concordo fortemente) que avalia o quão bem cada item descreve suas reações frente ao Covid-19 (ver Tabela 1).

Análise de Dados

Os dados foram analisados a partir da construção de rede utilizando linguagem R (versão 4.2.2) e os pacotes destinados especificamente para a análise de rede: *bootnet* (versão 1.5, Epskamp, Borsboom et al., 2018), *NetworkComparisonTest* (versão 2.2.1, van Borkulo et al., 2017), *qgraph* (version 1.9.1, Epskamp et al., 2012).

Tutorial R e Estudo de Caso

O primeiro passo da AR é compreender as variáveis a serem investigadas examinando o conteúdo do arquivo com os dados dos 987

participantes que foi salvo como .csv. nomeado como BancoTutorial.csv. Uma cópia desse arquivo se encontra no link <https://julian-tejada.github.io/NetworkAnalysisTutorial/TutorialAnaliseRedes.html>. Uma vez inspecionado o arquivo, seguem os passos para a realização das análises no *R* e *RStudio*.

R e *RStudio*

O *R* é uma linguagem de programação para análises de dados que conta com diversos ambientes de desenvolvimento dentre os quais o *RStudio* se destaca por ser um dos mais completos. No tutorial, fazemos uso de *R* através do *RStudio* para apresentar a análise de redes aplicada à psicometria usando como exemplo o conjunto de dados utilizado na padronização e validação da escala de Medo da Covid-19 (Faro et al., 2022).

Preparação do script

Por se tratar de uma linguagem de *script* – ou seja, as funções são executadas através de linhas de comando –, o mais recomendável é começar um projeto no *RStudio* com um arquivo de *script* novo onde serão inseridos os comandos. Sugerimos copiar cada bloco de comandos (ver caixas cinzas ao longo desse tutorial) no arquivo de *script* para posteriormente testar seu funcionamento. Para começar um novo projeto, com o *RStudio* aberto, o caminho é menu *File* >> *New file* >> *RScript*, ou, por atalho, as teclas *Ctrl* + *Shift* + *N* pressionadas simultaneamente.

Seguindo estes procedimentos, no painel superior esquerdo da janela do *RStudio* aparece uma aba chamada *Untitled1* onde devem ser colados os comandos. Nesse mesmo painel se encontra o botão *Run* (Figura 1A), que permite a execução da linha de código onde o cursor está posicionado. Esse botão será utilizado para testar os diferentes comandos.

Carregamento das Bibliotecas

O *R* possui código aberto e é desenvolvido por uma comunidade de programadores/acadê-

micos que disponibiliza seus projetos no formato de bibliotecas, que devem ser instaladas e carregadas para sua utilização. Na interface com o *RStudio*, o processo de carregamento já envolve o processo de instalação, e cada vez que o *RStudio* detecta que uma nova biblioteca precisa ser carregada, uma mensagem automática pedindo permissão para instalação é apresentada (ver Figura 1B).

Dessa maneira, o processo de instalação e carregamento consiste em listar as bibliotecas específica para as análises de redes, além de outras necessárias para o carregamento dos arquivos e as visualizações das figuras:

```
library(bootnet)
library(NetworkComparison-
Test)
library(ppcor)
library(readr)
library(ggcorrplot)
library(qgraph)
library(igraph)
library(statGraph)
```

Para iniciar o procedimento de carregamento o bloco de códigos acima deve ser copiado e colado no painel superior esquerdo do *RStudio*, seguido da pressão das teclas *Ctrl*+*S* para salvar o arquivo, indicando um nome e um diretório no computador. Esse processo é necessário para o *RStudio* detectar corretamente as bibliotecas que devem ser instaladas.

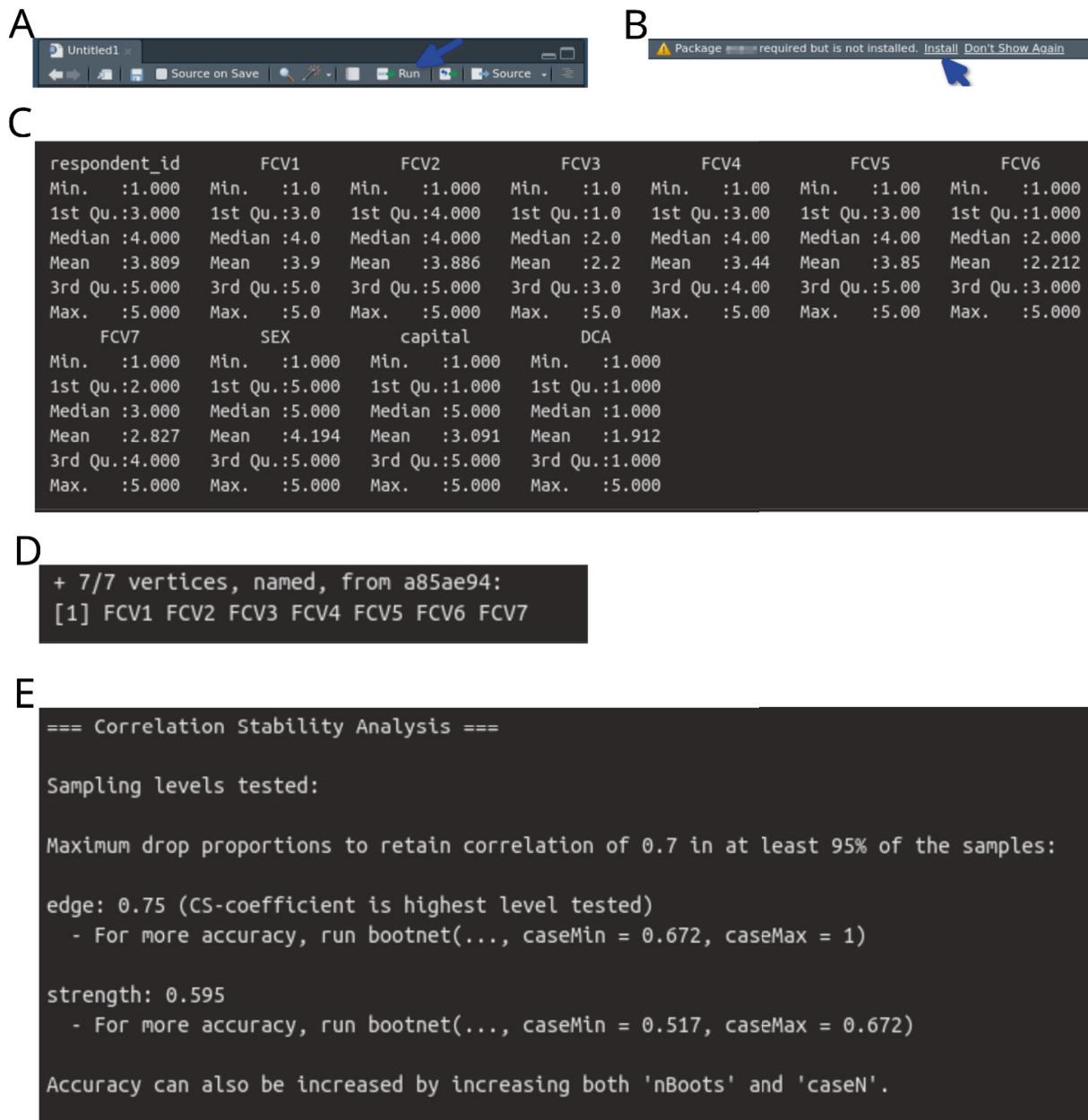
Carregamento de Arquivos no *R*

O carregamento do conjunto dos dados no *R* é realizado pelo comando `read_csv` da biblioteca `readr`, indicando o caminho completo do arquivo no computador. Em sistemas operacionais *Windows*, é necessário atentar para, quando copiar e colar o caminho, deixar as barras inclinadas para a direita, como é padrão no *R*, evitando erros de comando.

```
Dados <- read_csv('C:/Users/
users1/BancoTutorial.csv')
```

Figura 1

Capturas de Tela do RStudio com os Resultados Obtidos em Diferentes Passos do Tutorial



Nota: A. captura da barra de ferramentas do painel superior esquerdo indicando a posição do botão “Run”. B. Captura de tela do RStudio destacando a mensagem que aparece quando o sistema detecta que uma biblioteca deve ser instalada. C. Resultado do comando `summary`. D. Resultado do comando para visualizar os números de identificação de cada nó. E. Resultado do comando `corStability`.

Uma vez executado o comando `read_csv`, os dados ficam temporariamente armazenados em um *data-frame* (o formato de tabelas do R) chamado `Dados`. O comando `summary` gera um resumo da estrutura do *data-frame* (ver Figura 1C), listando as variáveis e seus tipos. Neste *data-frame*, todas as variáveis são numéricas,

e o comando retorna seus valores de médias, medianas e quartis.

```
summary(Dados)
```

Os nomes das variáveis correspondem às variáveis do instrumento *Fear of Covid-19 Scale* (FCV1, FCV2, FCV3, FCV4, FCV5,

FCV6, FCV7) e duas variáveis demográficas: *respondente_id* (código de identificação do respondente) e *capital* (variável dicotômica que identifica se o respondente mora ou não num centro urbano). Uma vez identificadas as variáveis do conjunto de dados, e tendo em vista o objetivo deste estudo de caso, que é analisar uma rede dos itens da escala de medo da Covid-19, é necessário segmentar o conjunto de dados em dois, criando um novo *data-frame* que contenha unicamente os resultados das escalas (retirando as variáveis demográficas). Para isso, é utilizado o comando *in* que permite identificar o número das colunas que serão excluídas, para posteriormente usar o operador lógico da negação *!* para indicar ao *R* que devem ser selecionadas todas as colunas do *data-frame* “Dados” exceto as colunas que não correspondem com os dados das escalas.

```
# Cria uma lista booleana
# com os números das variáveis
# marcando as colunas que serão
# retiradas do banco.
cols <- names(Dados) %in%
c('respondent_id', 'capital')
# Utiliza os índices dessa
# lista para retirar essas
# colunas e armazena o
# resultado na nova variável
Escalas
Escalas <- Dados[!cols]
```

Análise de Rede

Teste de Correlação

As análises de redes são baseadas em tabelas de correlações. Por esse motivo, inicia-se a análise observando os resultados das correlações entre os diferentes itens da escala para avaliar a viabilidade da rede. As correlações podem ser positivas ou negativas, mas, por definição, toda matriz deve ter correlações positivas. Para verificar se a matriz de correlação é estritamente positiva, são usados os comandos *cor_auto* da biblioteca *qgraph* para estimar os valores de correlação usando o parâmetro *forcePD = TRUE*. Adicionalmente, é possível utilizar o comando *cor_pmat* da biblioteca *rstatix*

(Kassambara, 2021) para estimar a significância das correlações e, para a visualização dos resultados o comando *ggcorrplot* da biblioteca do mesmo nome (Kassambara, 2022). A plotagem aparecerá no canto direito inferior do *Rstudio* na aba *Plot*. Todas as imagens geradas aparecem nesse mesmo espaço e podem ser consultadas através das setas azuis.

```
# Estima as correlações
corMat <- cor_auto(Escalas,
forcePD = TRUE)
# Estima os valores de
# significância das correlações
p.mat <- cor_pmat(Escalas)
# Cria uma visualização dos
# resultados das correlações
ggcorrplot(corMat, hc.order =
FALSE, type = "lower", p.mat
= p.mat, title = "Network")
```

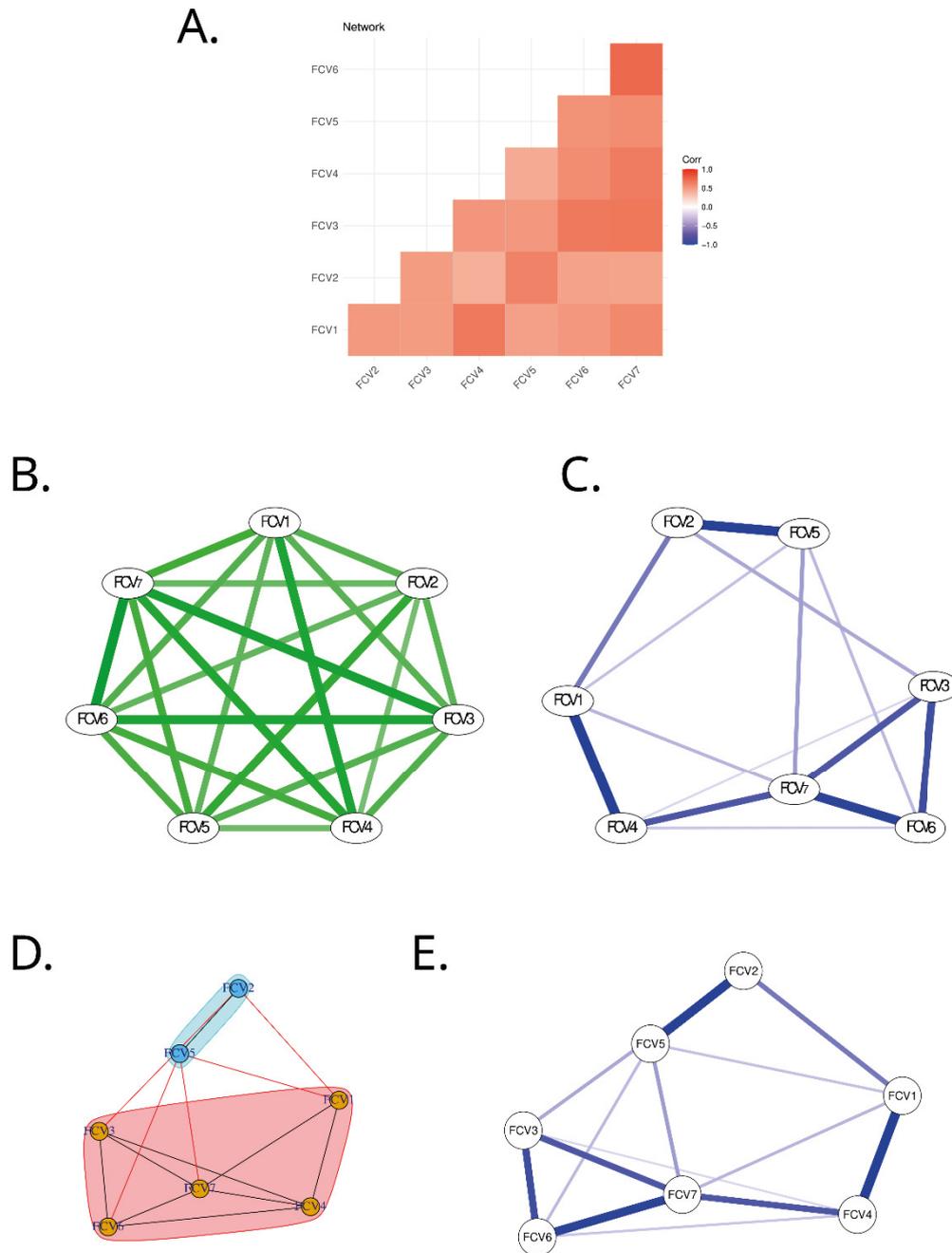
A partir dos resultados das correlações (ver Figura 2A), é de se esperar uma rede com nós fortemente conectados, pois houve correlações positivas entre todos os itens da escala.

Construção da Rede

O seguinte passo na análise de redes é construir uma rede usando como critério de limiar dos valores de correlações: o *EBICglasso*. O procedimento de construção da rede envolve o processo de descartar relações espúrias, mas, ao mesmo tempo, evitar descartar relações que efetivamente representem uma relação entre os elementos da rede. Como esse procedimento é baseado nas correlações parciais, o algoritmo *LASSO* implementado no pacote *qgraph* como *EBICglasso* apresenta baixa probabilidade de selecionar falsos positivos (Hevey, 2018), razão pela qual sugerimos sua utilização, com o comando *estimateNetwork*:

```
# Constrói uma rede usando o
# critério EBICglasso
NetworkT <- estimateNetwork
(Escalas, default = "EBIC-
glasso", threshold=TRUE)
```

Figura 2
Diferentes Representações das Possíveis Redes Entre os Nós



Nota: A. Plotagem dos resultados dos testes de correlação. B. Rede resultante da matriz de correlações parciais. C. rede resultante após a eliminação das correlações espúrias usando o algoritmo LASSO. D. Comunidades identificadas a partir da propagação das etiquetas na rede da escala Medo da Covid-19. E. Replotagem da rede da escala de Medo da Covid-19 usando um layout pré-definida.

Visualização da Rede

Um dos aspectos mais importantes da análise de redes é a possibilidade de visualizar as relações entre os itens construindo grafos a partir das matrizes de adjacência, nos quais cada nodo representa um item e as arestas entre eles uma correlação. Para comparar visualmente o resultado do comando `estimateNetwork`, a rede resultante da matriz de correlações é plotada com o comando `qgraph` da biblioteca do mesmo nome, e a rede resultante do comando `estimateNetwork` da biblioteca `bootnet`, usando o comando `plot`.

Antes de proceder à visualização é importante compreender que a posição dos nodos na rede gerada é arbitrária e não representa, em princípio, nenhuma propriedade da rede. O algoritmo `estimateNetwork` utilizado na construção da rede define a posição dos nodos seguindo um layout baseado na força das conexões denominado “*spring*”, que utiliza, além da força das conexões, parâmetros aleatórios para definir a posição final dos nodos. Por isso, é importante definir a semente de números aleatórios previamente (comando `set.seed`) para que a posição dos nodos seja sempre a mesma.

```
# Inicializa o gerador de
# números aleatórios, definindo
# a semente set.seed(123)
# plota a rede a partir da
# matriz de correlações
qgraph(corMat)
# Plota a rede retirando
# relações espúrias usando o
# EBICglasso
plot(NetworkT)
```

Como é possível observar na Figura 2B, o algoritmo *LASSO* retira uma grande quantidade de arestas presentes na figura da esquerda, resultando uma rede mais simples, mas, ao mesmo tempo, com informações mais claras de relações fortes e fracas entre os itens (segundo a espessura das linhas na figura da direita). Importante destacar que o parâmetro *EBICglasso* usado na construção da rede define o valor mínimo de correlação a ser considerado

na identificação das arestas da rede, deixando inclusive alguns nodos sem conexões.

Detecção de Comunidades (Clusters)

Na análise de redes, é possível também identificar grupos densamente conectados usando diferentes medidas, como por exemplo, a conectividade (*edge betweenness*) ou a propagação das etiquetas. A lógica subjacente ao procedimento de propagação das etiquetas (Raghavan et al., 2007) é que cada nodo da rede é inicializado com um rótulo único, e a cada iteração, os nodos adotam o rótulo que mais se repete entre os nodos vizinhos. Para criar esse tipo de visualização com os dados da escala de Medo da Covid-19, é preciso usar a biblioteca `igraph` (Csardi & Nepusz 2006), criando uma nova versão da rede a partir da matriz de adjacência que foi gerada ao usar o comando `estimateNetwork` da biblioteca `bootnet`, com o comando `graph_from_adjacency_matrix` da biblioteca `igraph`, que cria a nova versão da rede, e o comando `layout.fruchterman.reingold` também da biblioteca `igraph`, para fixar a posição dos nodos.

```
# Cria uma versão igraph da
# rede
NetworkIg <- graph_
# from_adjacency_
# matrix(getWmat(NetworkT),
# weighted = TRUE, mode="max")
# Fixa a posição dos nodos
LayoutNetWork <-
# layout.fruchterman.
# reingold(NetworkIg)
```

Com essa nova versão da rede, pode-se calcular o agrupamento baseado na propagação de rótulos, usando o comando `cluster_label_prop` da biblioteca `igraph`.

```
# Detecção de comunidades
# baseada na propagação das
# etiquetas
clpNetworkIg <- cluster_
# label_prop(NetworkIg)
# Plotagem das comunidades
```

```
plot(clpNetworkIg, NetworkIg,
     layout=LayoutNetWork)
```

Como é possível observar na Figura 2D, duas comunidades foram identificadas, uma conformada pelos itens FCV2 e FCV5, e outra conformada pelo restante dos itens.

Para facilitar a comparação entre o modelo de rede gerado pelo comando `estimateNetwork` e as visualizações geradas na análise de comunidade, é possível voltar a plotar a rede original usando o parâmetro `layout=` indicando o layout extraído para fixar a posição dos nodos nas análises de comunidades.

```
# Plotagem da rede original
# com as posições dos nós fixas
plot(NetworkT,
     layout=LayoutNetWork)
```

O novo resultado (Figura 2E) reposiciona os nodos conforme o novo *layout*, mas dado que a posição espacial dos nós não tem nenhum significado, é possível reposicionar qualquer um deles para ajustar a visualização. Por exemplo, pode-se reposicionar o nodo FCV7 para que não obstrua a visualização da aresta entre FCV3 e FCV4. Para mudar a posição desse nodo, é necessário saber primeiramente qual é seu número de identificação (ID), por meio do comando `V()`:

```
# Lista os números de
# identificação dos nós
V(NetworkIg)
```

Com o resultado (ver Figura 1D), é possível identificar que o número do nodo FCV7 é o 7, por ser o sétimo da lista. Em seguida, é preciso saber as coordenadas desse nodo:

```
#Valor da coordenada x do nó
FCV7
LayoutNetWork[7,1]
# Valor da coordenada y do nó
FCV7
LayoutNetWork[7,2]
```

Assim, para mudar a sua posição, basta mudar as coordenadas que aparecem na variável *LayoutNetWork* na posição 7. Para isso, é necessário usar a notação de variáveis de *R* mudando as coordenadas *x* e *y* do nodo. No projeto, o valor original dessas coordenadas é $x=89.75885$ e $y=79.32442$. Importante notar que os valores das coordenadas dizem respeito a aspectos gráficos e podem sofrer variações de uma máquina para outra. Dessa forma, se surgirem valores diferentes, basta fazer ajustes condizentes com os valores apresentados e verificar se o resultado gráfico foi satisfatório para ver as arestas relevantes. É possível reposicionar o nodo para a esquerda, diminuindo o valor original de *x*; e deslocar para baixo, reduzindo o valor original de *y*:

```
# Muda a coordenada x do nó
FCV7
LayoutNetWork[7,1] <- 89.5
# Muda a coordenada y do nó
FCV7
LayoutNetWork[7,2] <- 79.2
# Gera novamente o grafo com
o layout fixo
plot(NetworkT,
     layout=LayoutNetWork)
```

Ao observar a nova versão do grafo da rede, uma vez reposicionado o nodo FCV7, é possível identificar melhor a aresta entre FCV3 e FCV4.

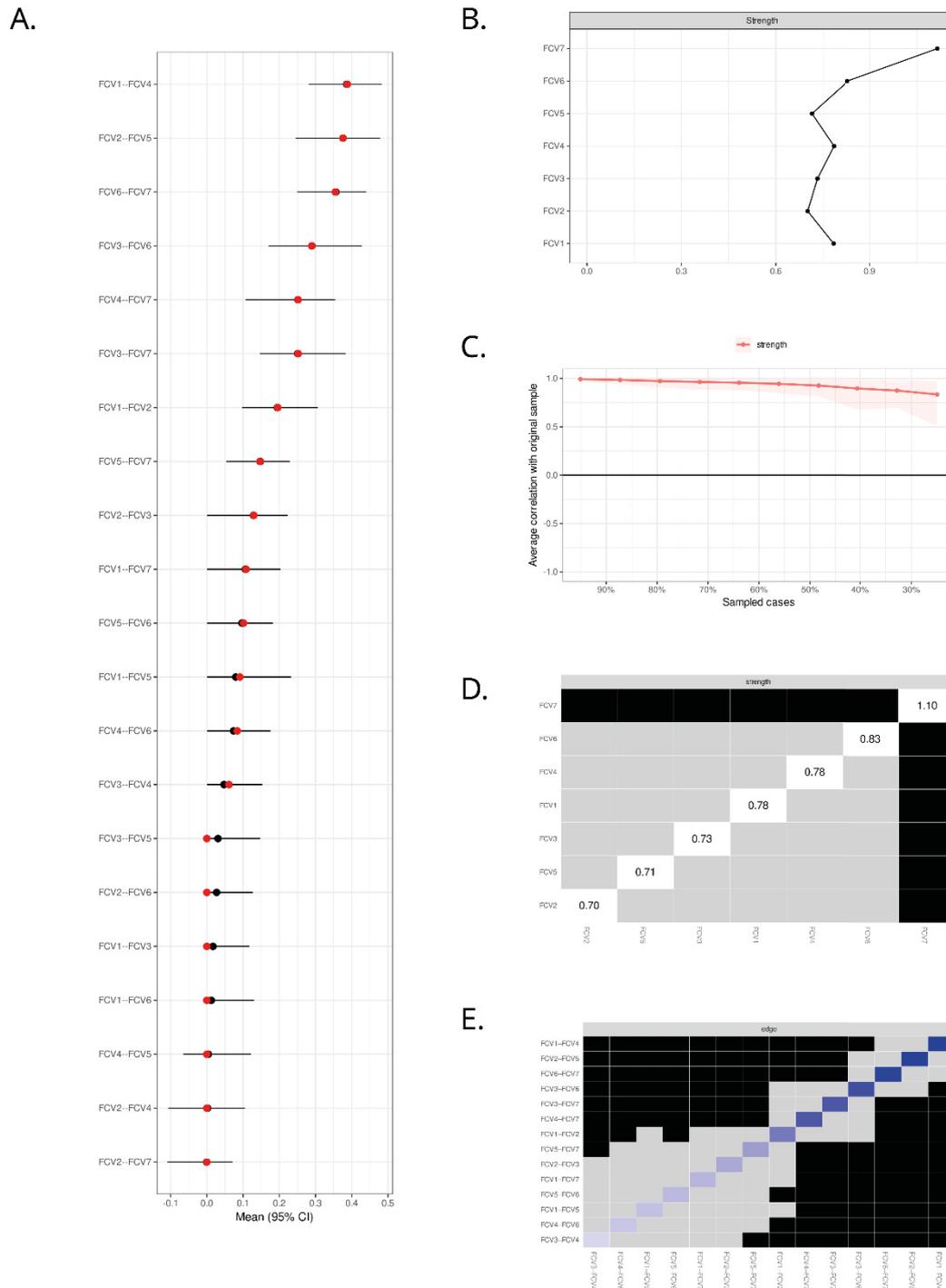
Força da Rede

Seguindo com a análise de rede, o seguinte passo é estimar a força de cada nodo. A força de um nodo é a soma dos pesos de cada uma das arestas que se conectam com ele (Fornito et al., 2016). O comando `centralityPlot` da biblioteca `qgraph`, realiza o cálculo da força.

```
# Estima a força de cada nó
dentro da rede
centralityPlot(NetworkT)
```

Figura 3

Plotagem das Principais Medidas Obtidas para Cada um dos Nós e das Arestas



Nota: A. Avaliação das diferenças significativas nos pesos das arestas entre as amostras do procedimento de *bootstrapping*. B. Força de cada um dos nodos (itens) da escala de Medo da Covid-19. C. Avaliação da estabilidade da força de cada nó ao longo do procedimento de *bootstrapping*. D. Identificação das diferenças significativas nos pesos das arestas entre as amostras do procedimento de *bootstrapping*. E. Identificação das diferenças significativas na força dos nós entre as amostras do procedimento de *bootstrapping*.

Na Figura 3B, é possível identificar o nodo com mais força (FCV7) e os mais fracos (FCV2 e FCV5), que representam os nodos com as arestas com correlações mais altas e mais baixas, respectivamente.

Precisão da Rede

A precisão da rede é avaliada usando o procedimento de *bootstrapping*, no qual são realizadas repetidas amostras do conjunto de dados, retirando de forma aleatório alguns participantes e estimando novamente todos os parâmetros da rede. Esse procedimento é repetido muitas vezes (1000 vezes ou mais) e, com os resultados de cada rede, são estimados intervalos de confiança dos diferentes índices de centralidade.

O comando para realizar o procedimento de *bootstrapping* é *bootnet* da biblioteca do mesmo nome, que precisa ser parametrizado com a indicação do número de repetições *nBoots* = 1000; é preciso ainda informar o número de núcleos do processador usado no procedimento *nCores*=4 e o parâmetro *type*="case" para avaliar a estabilidade da rede. Mas, por se tratar de um procedimento que envolve a geração de número aleatório, é indicado que a semente dos números aleatórios tenha sido previamente definida, de modo a permitir a reprodução dos mesmos resultados em outra ocasião.

```
# Realiza o procedimento
de bootstrapping com 1000
repetições
boot1 <- bootnet(NetworkT,
nBoots = 1000, nCores=4,
type="case")
```

Estabilidade da Rede

A avaliação da estabilidade da força dos nodos ao longo das amostragens é feita através da visualização dos resultados do *bootstrapping* com o comando *plot*:

```
# Visualização do resultado
do bootstrapping
plot(boot1)
```

Como é de se esperar, a similaridade entre a rede completa e as diferentes redes construídas a partir das subamostras (procedimento de *bootstrapping*) decai proporcionalmente ao tamanho da amostra (ver Figura 3C). Não obstante, para amostras com 80% ou 70% dos dados originais, os resultados foram muito similares. Isso significa que os valores de correlações selecionados pelo algoritmo *LASSO* representam de maneira confiável as relações entre os itens do instrumento Medo da Covid-19.

Avaliação das Diferenças Significativas entre Amostras

Para analisar a precisão da rede, pode-se avaliar as diferenças significativas entre a força das arestas estimadas nas diferentes amostras do *bootstrapping*. Para isso, é preciso repetir novamente o comando *bootnet*, mas retirando o parâmetro final.

```
# Realiza novamente o
procedimento de bootstrapping
com 1000 repetições
boot2 <- bootnet(NetworkT,
nBoots = 1000, nCores=4)
```

Uma vez repetido o procedimento de *bootstrapping*, é possível visualizar o resultado usando o comando *plot*:

```
# Visualização do resultado
do bootstrapping
plot(boot2, labels = TRUE ,
order = "sample" )
```

A Figura 3A representa a diferença entre os valores estimados (em vermelho) com o método de *bootstrapping* e os valores observados (em preto). Os valores da força de cada possível aresta são ordenados de forma crescente no eixo *y*, de modo que é possível observar que somente um pequeno grupo de arestas apresenta valores iguais a 0 tanto na rede completa quanto nas diferentes amostras (valores que se concentram na parte inferior do eixo *x* perto da origem). Ao comparar esses valores, é possível identificar

uma pequena diferença nos valores dos pesos das arestas FCV1–FCV6, FCV1–FCV3 e FCV2–FCV6, que são arestas que não estão presentes na rede original (Figura 6, painel direito), mas que possivelmente apareceram em algumas das amostras obtidas através do método de *bootstrapping*. Os pesos dessas arestas incluem, nos seus intervalos de confiança, os valores de 0, o que permite afirmar que mesmo para esses casos a rede completa é precisa.

Outra maneira de visualizar as diferenças entre os pesos das arestas encontrados nas amostras do procedimento de *bootstrapping* é por meio do comando `plot`, como parametrizado a seguir.

```
# Visualização do resultado
do bootstrapping
plot(boot2, statistics
= "edge", plot =
"difference", onlyNonZero =
TRUE, order = "sample")
```

Na Figura 3D, são apresentados os pesos das arestas do menor ao maior, e os quadrados cinza representam amostras nas quais esses pesos não apresentaram diferenças significativas quando comparados com os pesos das outras arestas. Como é se esperar, as arestas com maiores pesos não apresentaram diferenças significativas entre si (FCV1–FCV4, FCV2–FCV5, FVC5–FCV7) ao longo das diferentes amostras do *bootstrapping*, como é representado pelos quadrados cinza nas intercepções dessas arestas. Por outro lado, as arestas mais fracas (na parte inferior esquerda da figura) também não apresentam diferenças significativas entre si, ao mesmo tempo que são diferentes das arestas mais pesadas, como é de se esperar. Isso é representado pelos quadrados pretos nas intercepções das arestas mais fracas com as mais fortes (por exemplo, FCV3–FCV4 e FCV1–FCV4).

Adicionalmente, é possível também visualizar as diferenças significativas na força dos nós usando o comando `plot` com a configuração a seguir:

```
# Visualização do resultado
do bootstrapping
plot(boot2, "strength", order
= "sample")
```

A comparação da força dos nodos ao longo do procedimento de *bootstrapping* (Figura 3E) segue uma lógica similar à da interpretação da Figura 3D, na qual os quadrados cinzas representam que não foram encontradas diferenças significativas nos valores da força dos nodos entre as amostras. Como esperado, a força dos nodos só apresenta diferenças significativas para o nodo mais forte FCV7. Os outros nodos não apresentaram diferenças significativas ao longo das amostragens do procedimento de *bootstrapping*.

Coefficiente de Estabilidade

Adicionalmente, é possível estimar um coeficiente de estabilidade da rede que representa a máxima proporção de casos que podem ser retirados da amostra, mantendo uma correlação de pelo menos 0,7 entre os dados originais e as respectivas amostras (Epskamp, Borsboom et al., 2018). Os proponentes dessa medida (Epskamp, Borsboom et al., 2018) recomendam que o valor resultante não pode ser inferior a 0,5. Para estimar esse parâmetro, usa-se o comando `corStability` da biblioteca `bootnet`.

```
# Coeficiente de estabilidade
da rede
corStability(boot1)
```

Esse coeficiente (ver Figura 1E) apresenta valores acima de 0,5, o que sugere que tanto a força dos nodos quanto o peso das arestas podem ser corretamente interpretados, pois há estabilidade entre as amostras do procedimento de *bootstrapping*.

Comparações entre Redes

Uma das vantagens das análises de redes é a disponibilidade de diferentes métricas para comparar a estrutura resultante das redes, de modo

a permitir uma medida do quão equivalente são duas redes, possibilitando comparar tanto dois momentos diferentes como duas populações diferentes em que tenha sido aplicado um instrumento.

No presente tutorial, exploramos essa comparação a partir da variável *capital* (variável dicotômica que identifica se o respondente mora ou não na capital do estado). O primeiro passo é dividir o conjunto de dados em dois, um para cada uma dessas categorias, usando o comando *subset*, indicando que devem ser selecionadas as linhas com a propriedade *capital==1* ou *capital==5*, o que indica se o participante mora na capital ou no interior, e o parâmetro *select=c(respondent_id, capital)*, que indica que essas colunas devem ser retiradas do *data-frame* resultante.

```
# Divisão do banco a partir
do local onde moram os
participantes
Capital <- subset(Dados,
capital==1, select=-
c(respondent_id, capital))
Interior <- subset(Dados,
capital==5, select=-
c(respondent_id, capital))
```

Uma vez dividido o conjunto de dados, a rede é construída com o comando *estimateNetwork* da biblioteca *bootnet*.

```
# Cria as duas redes a partir
dos bancos da variável
capital
NetworkCapital <-
estimateNetwork(Capital,
default = "EBICglasso",
threshold=TRUE)
NetworkInterior <-
estimateNetwork(Interior,
default = "EBICglasso",
threshold=TRUE)
# Cria uma visualização das
redes estimando inicialmente
um layout médio
LayoutCapital <-
averageLayout(NetworkCapital,
```

```
NetworkInterior, layout =
"spring", repulsion = 1)
# Divide a figura em dois para
posicionar lado a lado as
redes
par(mfrow=c(1,2))
# Plota cada rede
plot(NetworkCapital,
layout = LayoutCapital,
title="Capital")
plot(NetworkInterior,
layout = LayoutCapital,
title="Interior")
```

Ao inspecionar visualmente as redes resultantes na Figura 4A e B, é possível identificar diferenças nas arestas presentes em cada rede. Por exemplo, a aresta entre FCV5–FCV6 está presente na rede dos dados das pessoas que moram na capital, mas ausente na rede das pessoas que moram no interior; e a aresta entre FCV4 e FCV5 está presente na rede Interior, mas ausente na rede Capital. Essa representação gráfica sugere que a relação FCV5-FCV6 e FCV4-FCV5 varia em função do contexto (interior ou capital).

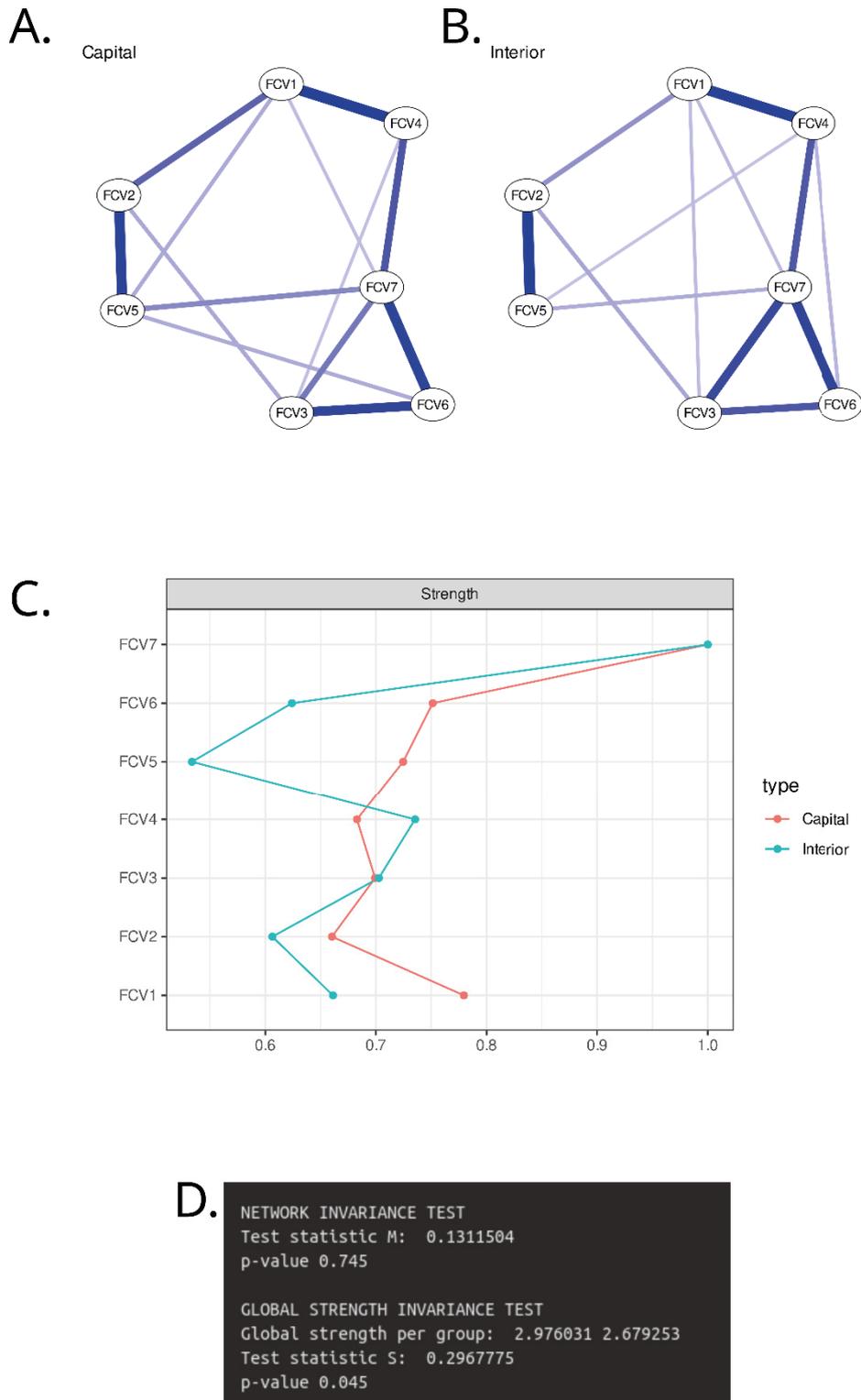
Por outro lado, a força dos nodos apresenta padrões diferentes entre as duas redes, com nodos mais fracos na rede Interior, como é possível observar na figura da centralidade gerada com o comando *centralityPlot* da biblioteca *qgraph*.

```
# Compara a força dos nós nas
duas redes
centralityPlot(list
(Capital=NetworkCapital,
Interior=NetworkInterior),
scale="relative")
```

Essas diferenças nos valores dos pesos dos nós apresentada na Figura 4C foram identificadas como sendo significativas quando comparadas as redes com o comando *NTC*:

```
# Compara as redes
NCT(NetworkCapital,
NetworkInterior, it=200,
binary.data=FALSE,
paired=FALSE, weighted=TRUE)
```

Figura 4
Resultados das Comparações entre as Redes Resultantes da Divisão do Banco Usando a Variável Capital



Nota: A. Rede da subdivisão capital. B. Rede da subdivisão interior. C. Força de cada um dos nós (itens) da escala de Medo da Covid-19 para as redes resultantes da divisão do banco usando a variável capital. D. Resultado do comando NTC comparando as redes resultantes da divisão do banco usando a variável capital.

O resultado da comparação (ver Figura 4D) permite afirmar que, quanto à estrutura, as redes podem ser consideradas invariantes (invariância configuracional), mas quanto aos pesos dos nodos, as redes são diferentes. Em outras palavras, as conexões entre as duas redes são mais ou menos as mesmas, mas os pesos dos nós são diferentes.

Discussão

Como proposta central desse artigo, conduziu-se um estudo de caso sobre o medo da Covid-19 na população brasileira por meio da aplicação da técnica de análise de redes, estruturada através de um tutorial de execução da linguagem de programação *R* no software *RStudio*. Os achados mostram que a distribuição dos itens da escala de medo confirmou uma estrutura de rede, com diversas interconexões (correlações), o que indica a presença de correlações parciais controladas (aplicação do algoritmo *LASSO*) estatisticamente significativas entre diferentes nodos (Epskamp, Borsboom et al., 2018; Isvoranu & Epskamp, 2021), ou seja, formas de manifestação do medo. Nesse sentido, os resultados confirmam dados de outras pesquisas em diversos países (Alimoradi et al., 2022; Giordani et al., 2022; Luo et al., 2021), o que vem ao encontro da relevância de estudo desse fenômeno em meio à pandemia.

Quando analisada a existência de comunidades de nodos (itens) dentro da FCV19-S, duas foram detectadas (itens FCV2 e FCV5, e itens FCV1, FCV3, FCV4, FCV6 e FCV7). A primeira comunidade, que foi centralizada no item FCV5 (Eu fico nervoso ou ansioso quando vejo notícias nos jornais e nas redes sociais sobre a Covid-19), parece refletir o desconforto cognitivo atrelado ao medo. Na segunda comunidade, com maior peso do item FCV1 (Eu tenho muito medo da Covid-19), a concentração de manifestações físicas do medo predominou. Tal achado sugere que podem existir agrupamentos específicos de nodos na medida, o que indicaria a possibilidade de

existência de expressões mais comuns do medo da Covid-19 em dois distintos núcleos: cognitivo e físico. Até o momento, na literatura produzida, não foi encontrada menção semelhante ao comportamento dos itens da FCV19-S, o que se considera um resultado inovador a partir da análise então realizada (Alimoradi et al., 2022; Luo et al., 2021).

O item FCV7 foi, destacadamente, o mais forte dentre os demais (“Meu coração dispara ou palpita quando penso em ser infectado pela Covid-19”), ou seja, apresentou maior intensidade no indicador centralidade do nodo na rede (*Strength*). Esse dado representa que a sintomatologia física de palpitação é aquela que melhor caracteriza a manifestação do medo da Covid-19 na amostra como um todo, sendo, portanto, o item mais representativo do fenômeno nesta amostra, com maior quantidade de conexões no âmbito da rede (Epskamp, Waldorp et al., 2018; Hevey, 2018; Isvoranu & Epskamp, 2021).

Como um todo, os achados a respeito da estabilidade e precisão dos indicadores obtidos com a análise de redes confirmaram essas propriedades (análises de *bootstrapping*), o que se aplica, especialmente, à robustez do que foi visto em relação à centralidade dos nodos e a potencial replicação das relações observadas nas arestas (Epskamp, Waldorp et al., 2018). Cabe salientar a interação entre os itens FCV1 (“Eu tenho muito medo da Covid-19”) e FCV4 (“Eu tenho medo de morrer por causa da Covid-19”), que foi a de maior intensidade e maior probabilidade de estabilidade, cujo significado remete ao medo da morte, já destacado como condição crucial para as repercussões da pandemia sobre a saúde mental em diferentes contextos e estudos (Budimir et al., 2021; Taylor, 2022; Turri et al., 2021).

A comparação entre as redes segundo a variável local de residência se mostra como um outro resultado, até então, original nos estudos sobre o medo da Covid-19. Devido às diferenças na dispersão geográfica do novo coronavírus, que ficou mais concentrado em maiores cidades

– principalmente no começo da pandemia –, era esperado que residentes de cidades do interior (menor densidade populacional) e da capital (maior densidade) percebessem o risco de exposição ao vírus de modo distinto, pelo menos em parte (Fitzpatrick et al., 2020; Summers-Gabr, 2020). Assim, os dados revelaram que apesar da centralidade do item FCV7 em ambas subamostra, tal como visto na amostra total, os itens FCV6 (“Não consigo dormir porque estou preocupado em ser infectado pela Covid-19”) e FCV5 (“Eu fico nervoso ou ansioso quando vejo notícias nos jornais e nas redes sociais sobre a Covid-19”) revelaram maior discrepância em sua importância para cada grupo; ambos foram mais relevantes para a rede da capital. Aspectos como a maior quantidade de casos e mortes nas capitais (World Health Organization [WHO], 2022), como a Infodemia (ver Pan American Health Organization, 2020), ajudam a explicar essa diferenciação. Ademais, algumas arestas também foram diferentes, com ênfase a conexão entre FCV5 e FCV6, que apareceu somente na capital, o que reforça o entendimento anteriormente destacado. Tais diferenças são importantes não somente para apreender o comportamento de medo da Covid-19 em variados grupos, mas também para aventar possíveis peculiaridades em termos de intervenção e cuidado, considerando especificidades do grupo-alvo.

Considerações Finais

A apresentação deste tutorial de análise de redes, tendo como tema o medo da Covid-19, buscou suprir uma lacuna teórico-metodológica na produção científica em português brasileiro, uma vez que contribui para a disseminação da técnica, sua aplicação por mais pesquisadores e, ainda, para avaliar uma temática de destacada relevância, a exemplo das repercussões psicológicas da pandemia. O escrutínio dos passos de análise e a disponibilização do conjunto de dados e scripts de análise em R também colaboram com esse objetivo maior. Espera-se que

isso favoreça a que os achados ora obtidos sejam reproduzidos por pessoas interessadas no assunto e no aporte analítico, o que se encaixaria dentro do marco da chamada ciência aberta, propiciando a revisão, validação e reprodutibilidade do estudo. O procedimento poderá ser executado através da utilização da linguagem de programação de código aberto R, que permitiu a organização, visualização e análise dos dados de maneira eficiente e reproduzível. Com este trabalho, espera-se, também, que o entendimento a respeito do medo da Covid-19 seja ampliado em diferentes perspectivas, já que elementos específicos desse fenômeno na população brasileira puderam ser evidenciados a partir da técnica de redes.

Como limitações, vale destacar que, por se tratar de um artigo tutorial, não houve maior aprofundamento em aspectos teóricos do medo da Covid-19, nem mesmo de pressupostos epistemológicos e teóricos que sustentam a proposição das análises de redes. Além disso, somente uma variável independente foi considerada (local de residência), o que restringe as possibilidades de avaliação das relações do medo da Covid-19 com outros fenômenos (por exemplo, comportamento vacinal), desfechos (por exemplo, depressão) as características da população (por exemplo, gênero).

Espera-se que este artigo permita a aplicação da análise de redes em diversas temáticas da Psicologia brasileira, visto que seu potencial inovador e de produção de achados cientificamente valiosos é algo já estabelecido em outros cenários. O estudo sobre as consequências psicológicas da pandemia da Covid-19 também segue como uma das principais pautas para os próximos anos e, com isso, os presentes achados também mostram sua contribuição nessa direção, com novas perspectivas de entendimento e potencial intervenção.

Contribuição dos autores

Todos os autores colaboraram em todas as etapas do trabalho: conceitualização da pesquisa, coleta e análise de dados, redação e revisão final.

Conflitos de interesse

Os autores declaram não haver conflito de interesses relacionado à publicação deste manuscrito.

Referências

- Ahorsu, D. K., Lin, C. Y., Imani, V., Saffari, M., Griffiths, M. D., & Pakpour, A. H. (2020). The fear of COVID-19 scale: Development and initial validation. *International Journal of Mental Health and Addiction, 20*, 1537–1545. <https://doi.org/10.1007/s11469-020-00270-8>
- Alimoradi, Z., Ohayon, M. M., Griffiths, M. D., Lin, C.-Y., & Pakpour, A. H. (2022). Fear of COVID-19 and its association with mental health-related factors: Systematic review and meta-analysis. *BJPsych Open, 8*, e73. <https://doi.org/10.1192/bjo.2022.26>
- Aslam, F., Mohmand, Y. T., Ferreira, P., Memon, B. A., Khan, M., & Khan, M. (2020). Network analysis of global stock markets at the beginning of the coronavirus disease (Covid-19) outbreak. *Borsa Istanbul Review, 20* (S1), S49–S61. <https://doi.org/10.1016/j.bir.2020.09.003>
- Bakioğlu, F., Korkmaz, O., & Ercan, H. (2021). Fear of COVID-19 and positivity: Mediating role of intolerance of uncertainty, depression, anxiety, and stress. *International Journal of Mental Health and Addiction, 19*(6), 2369–2382. <https://doi.org/10.1007/s11469-020-00331-y>
- Blanco, I., Contreras, A., Chaves, C., Lopez-Gomez, I., Hervas, G., & Vazquez, C. (2020). Positive interventions in depression change the structure of well-being and psychological symptoms: A network analysis. *The Journal of Positive Psychology, 15*(5), 623–628. <https://doi.org/10.1080/17439760.2020.1789696>
- Borgatti, S. P., Mehra, A., Brass, D. J., & Labianca, G. (2009). Network analysis in the social sciences. *Science, 323*(5916), 892–895. <https://doi.org/10.1126/science.1165821>
- Borsboom, D. (2017). A network theory of mental disorders. *World Psychiatry: Official Journal of the World Psychiatric Association (WPA), 16*(1), 5–13. <https://doi.org/10.1002/wps.20375>
- Borsboom, D. (2022). Possible futures for network psychometrics. *Psychometrika, 87*(1), 253–265. <https://doi.org/10.1007/s11336-022-09851-z>
- Borsboom, D., & Cramer, A. O. J. (2013). Network analysis: An integrative approach to the structure of psychopathology. *Annual Review of Clinical Psychology, 9*, 91–121.
- Borsboom, D., Cramer, A., & Kalis, A. (2019). Brain disorders? Not really: Why network structures block reductionism in psychopathology research. *Behavioral and Brain Sciences, 42*, e2. <https://doi.org/10.1017/S0140525X17002266>
- Budimir, S., Probst, T., & Pieh, C. (2021). Coping strategies and mental health during COVID-19 lockdown. *Journal of Mental Health, 30*(2), 156–163. <https://doi.org/10.1080/09638237.2021.1875412>
- Buneviciene, I., Bunevicius, R., Bagdonas, S., & Bunevicius, A. (2022). The impact of pre-existing conditions and perceived health status on mental health during the COVID-19 pandemic. *Journal of Public Health (Oxford, England), 44*(1), e88–e95. <https://doi.org/10.1093/pubmed/fdab248>
- Cramer, A. O., Borsboom, D., Aggen, S. H., & Kendler, K. S. (2012). The pathoplasticity of dysphoric episodes: Differential impact of stressful life events on the pattern of depressive symptom inter-correlations. *Psychological medicine, 42*(5), 957–965. <https://doi.org/10.1017/S003329171100211X>
- Christodoulou, A., Michaelides, M., & Karekla, M. (2019). Network analysis: A new psychometric approach to examine the underlying ACT model components. *Journal of Contextual Behavioral Science, 12*, 285–289. <https://doi.org/10.1016/j.jcbs.2018.10.002>
- Csardi, G., & Nepusz, T. (2006). The igraph software package for complex network research, InterJournal, *Complex Systems, 1695*, 1–9. <https://igraph.org>
- Doshi, D., Karunakar, P., Sukhabogi, J. R., Prasanna, J. S., & Mahajan, S. V. (2021). Assessing coronavirus fear in Indian population using the fear of COVID-19 scale. *International Journal of Mental Health and Addiction, 19*(6), 2383–2391.
- Epskamp, S., Borsboom, D., & Fried, E. I. (2018). Estimating psychological networks and their accuracy: A tutorial paper. *Behavior Research Methods, 50*(1), 195–212. <https://doi.org/10.3758/s13428-017-0862-1>

- Epskamp, S., Cramer, A. O. J., Waldorp, L. J., Schmittmann, V. D., & Borsboom, D. (2012). qgraph: Network visualizations of relationships in psychometric data. *Journal of Statistical Software*, *48*, 1–18. <https://doi.org/10.18637/jss.v048.i04>
- Epskamp, S., Waldorp, L. J., Möttus, R., & Borsboom, D. (2018). The Gaussian Graphical Model in cross-sectional and time-series data. *Multivariate Behavioral Research*, *53*, 453–480. <https://doi.org/10.1080/00273171.2018.1454823>
- Faro, A., Silva, L. dos S., Santos, D. N. dos, & Feitosa, A. L. B. (2022). The Fear of COVID-19 Scale adaptation and validation. *Estudos de Psicologia (Campinas)*, *39*, e200121. <https://doi.org/10.1590/1982-0275202239e200121>
- Feter, N., Caputo, E. L., Doring, I. R., Leite, J. S., Cassuriaga, J., Reichert, F. F., da Silva, M. C., Coombes, J. S., & Rombaldi, A. J. (2021). Sharp increase in depression and anxiety among Brazilian adults during the COVID-19 pandemic: Findings from the PAMPA cohort. *Public Health*, *190*, 101–107. <https://doi.org/10.1016/j.puhe.2020.11.013>
- Fitzpatrick, K. M., Harris, C., & Drawve, G. (2020). Fear of COVID-19 and the mental health consequences in America. *Psychological Trauma: Theory, Research, Practice, and Policy*, *12*(S1), S17–S21. <https://doi.org/10.1037/tra0000924>
- Fornito, A., Zalesky, A., & Bullmore, E. T. (Eds.). (2016). *Fundamentals of Brain Network Analysis*. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-407908-3.00004-2>
- Forrest, L. N., Jones, P. J., Ortiz, S. N., & Smith, A. R. (2018). Core psychopathology in anorexia nervosa and bulimia nervosa: A network analysis. *International Journal of Eating Disorders*, *51*(7), 668–679. <https://doi.org/10.1002/eat.22871>
- Giordani, R. C. F., Zanoni da Silva, M., Muhl, C., & Giolo, S. R. (2022). Fear of COVID-19 scale: Assessing fear of the coronavirus pandemic in Brazil. *Journal of Health Psychology*, *27*(4), 901–912. <https://doi.org/10.1177/1359105320982035>
- Goekoop, R., & Goekoop, J. G. (2014). A network view on psychiatric disorders: Network clusters of symptoms as elementary syndromes of psychopathology. *PLoS One*, *9*(11), e112734. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112734>
- Jo, J. K., Harrison, D. A., & Gray, S. M. (2021). The ties that cope? Reshaping social connections in response to pandemic distress. *Journal of Applied Psychology*, *106*(9), 1267–1282. <https://doi.org/10.1037/apl0000955>
- Kassambara, A. (2021). *_rstatix: Pipe-Friendly Framework for Basic Statistical Tests_*. R package version 0.7.0, <<https://CRAN.R-project.org/package=rstatix>>.
- Kassambara, A. (2022). *_ggcorrplot: Visualization of a Correlation Matrix using 'ggplot2'_*. R package version 0.1.4, <<https://CRAN.R-project.org/package=ggcorrplot>>.
- Herrera-Bennett, A. C., & Rhemtulla, M. (2021). Network replicability & generalizability: Exploring the effects of sampling variability, scale variability, and node reliability. *PsyArXiv* <https://psyarxiv.com/7vkm8/>
- Hevey, D. (2018). Network analysis: A brief overview and tutorial. *Health Psychology and Behavioral Medicine*, *6*(1), 301–328. <https://doi.org/10.1080/021642850.2018.1521283>
- Isvoranu, A. M., & Epskamp, S. (2021). Which estimation method to choose in network psychometrics? Deriving guidelines for applied researchers. *Psychological Methods, Advance online publication*. <https://doi.org/10.1037/met0000439>
- Luo, F., Ghanei Gheshlagh, R., Dalvand, S., Saedmoucheshi, S., & Li, Q. (2021). Systematic review and meta-analysis of Fear of COVID-19. *Frontiers in Psychology*, *12*, 661078. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2021.661078>
- Marsman, M., & Rhemtulla, M. (2022). Guest editors' introduction to the special issue "network Psychometrics in action": Methodological innovations inspired by empirical problems. *Psychometrika*, *87*(1). <https://doi.org/10.1007/s11336-022-09861-x>
- Martinez-Ferran, M., de la Guía-Galipienso, F., Sanchis-Gomar, F., & Pareja-Galeano, H. (2020). Metabolic impacts of confinement during the COVID-19 pandemic due to modified diet and physical activity habits. In *Nutrients*, *12* (6), 1549. <https://doi.org/10.3390/nu12061549>

- McNally, R. J. (2021). Network analysis of psychopathology: Controversies and challenges. *Annual Review of Clinical Psychology, 17*, 31–53. <https://doi.org/10.1146/annurev-clinpsy-081219-092850>
- Mortazavi, S. S., Shahbazi, N., Taban, M., Alimohammadi, A., & Shati, M. (2021). Mourning during corona: A phenomenological study of grief experience among close relatives during COVID-19 Pandemics. *OMEGA – Journal of Death and Dying, 003022282110327*. <https://doi.org/10.1177/00302228211032736>
- Moreno, J. L., (1934). Who shall survive? A new approach to the problem of human interrelations. *Nervous and Mental Disease Publishing Co.* <https://doi.org/10.1037/10648-000>
- Pan American Health Organization. (2020, September 16). *Understanding the infodemic and misinformation in the fight against COVID-19*. <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52052>
- Park, S.-C., & Kim, D. (2020). The centrality of depression and anxiety symptoms in major depressive disorder determined using a network analysis. *Journal of Affective Disorders, 271*, 19–26. <https://doi.org/10.1016/j.jad.2020.03.078>
- Pfeifer, L. S., Heyers, K., Ocklenburg, S., & Wolf, O. T. (2021). Stress research during the COVID-19 pandemic and beyond. *Neuroscience and Biobehavioral Reviews, 131*, 581-596. <https://doi.org/10.1016/j.neubiorev.2021.09.045>
- Raghavan, U. N., Albert, R., & Kumara, S. (2007). Near linear time algorithm to detect community structures in large-scale networks. *Physical Review E, 76*(3), 036106. <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.76.036106>
- Rodriguez, J. E., Williams, D. R., Rast, P., & Mulder, J. (2020). On formalizing theoretical expectations: Bayesian testing of central structures in psychological networks. *PsyArXiv* <https://psyarxiv.com/zw7pf/>
- Silva, S. J. R. da, & Pena, L. (2021). Collapse of the public health system and the emergence of new variants during the second wave of the COVID-19 pandemic in Brazil. *One Health, 13*, 100287. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100287>
- Summers-Gabr, N. M. (2020). Rural–urban mental health disparities in the United States during COVID-19. *Psychological Trauma: Theory, Research, Practice, and Policy, 12*(S1), S222–S224. <https://doi.org/10.1037/tra0000871>
- Taylor, S., Landry, C. A., Paluszczek, M. M., Rachor, G. S., & Asmundson, G. J. G. (2020). Worry, avoidance, and coping during the COVID-19 pandemic: A comprehensive network analysis. *Journal of Anxiety Disorders, 76*, 102327. <https://doi.org/10.1016/j.janxdis.2020.102327>
- Taylor, S., Paluszczek, M. M., Rachor, G. S., McKay, D., & Asmundson, G. J. G. (2021). Substance use and abuse, COVID-19-related distress, and disregard for social distancing: A network analysis. *Addictive Behaviors, 114*, 106754. <https://doi.org/10.1016/j.addbeh.2020.106754>
- Taylor, S. (2022). The psychology of pandemics. *Annual Review of Clinical Psychology, 18*, 581-609. <https://doi.org/10.1146/annurev-clinpsy-072720-020131>
- Tsipropoulou, V., Nikopoulou, V. A., Holeva, V., Nasika, Z., Diakogiannis, I., Sakka, S., Kostikidou, S., Varvara, C., Spyridopoulou, E., & Parlapani, E. (2021). Psychometric properties of the Greek version of FCV-19S. *International Journal of Mental Health and Addiction, 19*(6), 2279-2288. <https://doi.org/10.1007/s11469-020-00319-8>
- Turri, G. S. S., Fontes, R. E. B., Lima-Silva, L. G., & Faro, A. (2021). Anxiety, beliefs and Covid-19 in two periods of the pandemic in Brazil: A comparative study. *Costarican Journal of Psychology, 40*(2), 131–147. <https://doi.org/10.22544/rcps.v40i02.04>
- Van Borkulo, C., Van Bork, R., Boschloo, L., Kossakowski, J., Tio, P., Schoevers, R., Borsboom, D., & Waldorp, L. (2017). Comparing network structures on three aspects: A permutation test. *Unpublished*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.29455.38569>
- Wang, H., Paulson, K. R., Pease, S. A., Watson, S., Comfort, H., Zheng, P., Aravkin, A. Y., Bisignano, C., Barber, R. M., Alam, T., Fuller, J. E., May, E. A., Jones, D. P., Frisch, M. E., Abbafati, C., Adolph, C., Allorant, A., Amlag, J. O., Bang-Jensen, B., ... Murray, C. J. L. (2022). Estimating excess mortality due to the COVID-19 pandemic: A systematic analysis of COVID-19-related mortality, 2020–21. *The Lancet, 399*(10334), 1513–1536. [https://doi.org/10.1016/s0140-6736\(21\)02796-3](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(21)02796-3)

- Wang, P., Lu, J., Jin, Y., Zhu, M., Wang, L., & Chen, S. (2020). Statistical and network analysis of 1212 COVID-19 patients in Henan, China. *International Journal of Infectious Diseases*, 95, 391–398. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.04.051>
- World Health Organization. (2022, October 3). *WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard*. World Health Organization Website. <https://covid19.who.int/>
- Wysocki, A. C., & Rhemtulla, M. (2021). On penalty parameter selection for estimating network models. *Multivariate Behavioral Research*, 56, 288–302. <https://doi.org/10.1080/00273171.2019.1672516>
- Yang, X., Liu, J., Meng, Y., Xia, M., Cui, Z., Wu, X., Hu, X., Zhang, W., Gong, G., Gong, Q., Sweeney, J. A., & He, Y. (2019). Network analysis reveals disrupted functional brain circuitry in drug-naive social anxiety disorder. *NeuroImage*, 190, 213–223. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2017.12.011>

Recebido: 10/10/2022

1ª revisão: 30/12/2022

2ª revisão: 09/03/2023

Aceite final: 10/03/2023



© O(s) autor(es), 2023. Acesso aberto. Este artigo está distribuído nos termos da Licença Internacional Creative Commons Atribuição 4.0 (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), que permite o uso, distribuição e reprodução sem restrições em qualquer meio, desde que você dê crédito apropriado ao(s) autor(es) original(ais) e à fonte, fornecer um link para a licença Creative Commons e indicar se as alterações foram feitas.