

TD.MF/DP-TDR/RDDF e GNQ-T

Uma arquitetura metodologico-formal para derivacao posicional, genetica numerica e geracao prospectiva de cenarios H11 em fluxos temporais discretos

Artigo metodologico-formal com estudo prospectivo pre-validacao

Versao interna v0.1 - 28 de junho de 2026

Roger Rodrigues

(heteronimo de Rogerio Ezidio Carvalho Ferreira)

Verde Saude Co. Tech1-UCC / Universo Cosmica Chiral

Sistematizacao assistida: A.U.R.I.

Nota de escopo: este manuscrito apresenta uma metodologia computacional e posicional. O termo "quântico-temporal" e usado como linguagem operacional para incerteza discreta e concorrencia de estados, nao como reivindicacao de mecanica quantica fisica. Os cenarios H11 Base 7050 -> 7051-7061 foram emitidos prospectivamente e ainda dependem de conferencia cronologica oficial.

Resumo

Este artigo apresenta a TD.MF/DP-TDR/RDDF como uma formalizacao de derivadas posicionais pre-atualizacao e a GNQ-T (Genoma Numerico Quantico-Temporal) como uma arquitetura genético-numerica para segmentar, expressar e fenotipizar fluxos temporais discretos. O problema tratado e a perda de informacao estrutural quando series discretas sao analisadas apenas por eventos brutos, frequencias acumuladas ou probabilidades condicionais diretas. A proposta desloca a unidade primaria da entidade real observada para a posicao de ranking ocupada imediatamente antes da atualizacao, preservando causalidade operacional e evitando vazamento do proprio evento processado.

Sobre essa fundacao posicional, o metodo define TCC-PF como gene funcional de cobertura do pelotao de frente, IIC-PF como gene de respiracao/reinicio, Perfil TopN como cadeia de bases posicionais, latencias internas como ritmo do gene, S4-S7/S6-S7 como expressao estocastica segmentada e RRP como projecao reversa autorizada para recuperar o fenotipo ER. Markov, Semi-Markov e Reynolds Dinamico sao tratados como instrumentos inferenciais posteriores, aplicaveis somente apos segmentacao e classificacao dos genes.

Como estudo prospectivo pre-validacao, descreve-se a geracao de cenarios H11 Top10 para Fluxos 1 a 5, Base 7050 -> Prognostico 7051-7061, em motores de campo limpo D0, D1, D3 e D6. A conferencia oficial das leituras 7051-7061 e explicitamente posicionada como etapa futura de validacao cronologica. O artigo, portanto, nao reivindica desempenho preditivo concluido; apresenta uma metodologia padronizavel, auditavel e matematicamente formalizavel para produzir cenarios posicionais prospectivos e prepara o desenho de validacao subsequente.

Palavras-chave: TD.MF; DP-TDR; RDDF; GNQ-T; derivada posicional; TCC-PF; IIC-PF; latencias internas; RRP; cenarios H11; series temporais discretas.

Abstract

This paper introduces TD.MF/DP-TDR/RDDF as a formal framework for pre-update positional derivatives and GNQ-T (Numerical Quantum-Temporal Genome) as a numerical-genetic architecture for segmenting, expressing and phenotyping discrete temporal positional flows. The central problem is the structural information lost when discrete series are analyzed only as raw events, accumulated frequencies or direct conditional probabilities. The proposed method makes the pre-update ranking position, rather than the observed real entity, the primary analytical unit.

On this positional foundation, TCC-PF is defined as a functional coverage gene, IIC-PF as a breathing/restart gene, TopN Profile as a positional base chain, internal latency as gene rhythm, S4-S7/S6-S7 as segmented stochastic expression, and RRP as an authorized reverse projection for phenotypic recovery of real entities. Markov, Semi-Markov and Dynamic Reynolds are treated as posterior inferential instruments, not as the theory itself.

As a prospective pre-validation study, the paper describes the generation of H11 Top10 scenarios for Flows 1 to 5, Base 7050 -> Forecast 7051-7061, using clean positional engines D0, D1, D3 and D6. Official chronological validation remains pending and is defined as a subsequent stage. The paper therefore claims methodological formalization and prospective scenario generation, not finalized predictive performance.

Keywords: positional derivative, numerical genome, temporal ranking, TCC-PF, IIC-PF, internal latency, RRP, H11 scenarios.

Sumario estrutural

1. Introducao e problema metodologico
 2. Fundacao posicional TD.MF/DP-TDR/RDDF
 3. Genetica numerica GNQ-T
 4. Latencias internas e marcacoes Top10
 5. Expressao, inferencia e regime
 6. Geracao prospectiva de cenarios H11
 7. Desenho do estudo pre-validacao
 8. Padronizacao, auditoria e reprodutibilidade
 9. Discussao, limites e implicacoes
 10. Conclusao
- Apendices tecnicos e referencias

1. Introducao e problema metodologico

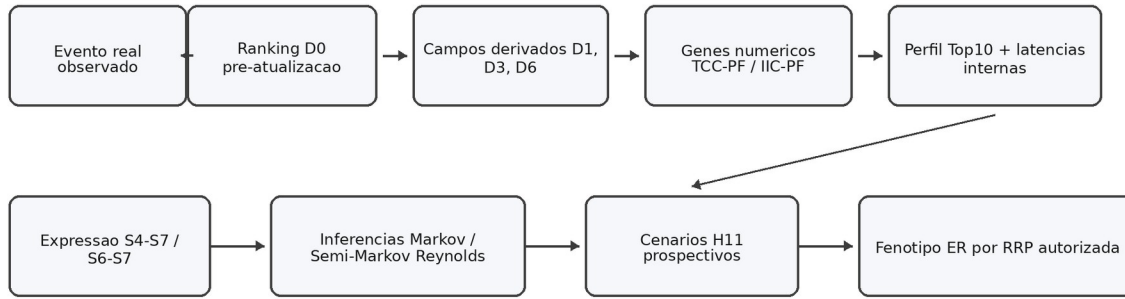
Séries temporais discretas costumam ser convertidas em frequências, probabilidades condicionais, estados de Markov ou indicadores de tendência. Essas abordagens são válidas em seus domínios, mas podem se tornar insuficientes quando o evento observado não depende apenas de quem ativou, mas de onde essa ativação ocorreu dentro de uma estrutura competitiva de ranking. Em fluxos posicionais, a mesma entidade real pode carregar significados distintos se, antes da atualização, ocupava o núcleo de disputa, a borda de cobertura, uma zona intermediária ou uma cauda estrutural.

A TD.MF/DP-TDR/RDDF e a GNQ-T foram desenvolvidas para responder a esse problema. A primeira fornece a camada formal de derivação posicional: o evento real é observado em D0, mas o dado derivado é a posição pré-atualização ocupada pela entidade. A segunda transforma essas séries posicionais em segmentos funcionais interpretáveis, chamados aqui de genes numéricos. Assim, a inferência estatística não opera sobre uma massa bruta indistinta; ela opera sobre genes, perfis, latências e expressões previamente classificados.

O objetivo deste manuscrito é apresentar essa arquitetura de modo formal, metodologicamente prudente e padronizável. O texto não declara que a GNQ-T é uma lei física, nem que a etapa prospectiva já demonstrou desempenho. Declara, de forma mais defensável, que a metodologia gera cenários H11 prospectivos a partir de regras congeladas, mantendo a conferência das leituras futuras como etapa posterior e independente.

Contribuições principais

Código	Contribuição metodológica
C1	Formalização da derivada posicional pré-atualização como unidade primária de fluxo temporal.
C2	Definição de TCC-PF e IIC-PF como genes numéricos funcionais de cobertura e respiração.
C3	Definição do Perfil TopN, das latências internas e das três marcações Top10-NL, ExtraTop10-NT e T/L.
C4	Separação entre teoria GNQ-T e instrumentos inferenciais posteriores: Markov, Semi-Markov e Reynolds Dinâmico.
C5	Desenho prospectivo pré-validação para cenários H11 Top10 em campos limpos D0, D1, D3 e D6.
C6	Protocolo de auditoria que impede uso de ER como entrada primária e preserva RRP apenas como fenotipização posterior.

Figura 1. Cadeia metodologica TD.MF/DP-TDR/RDDF -> GNQ-T -> RRP

Regra de integridade: posicao primeiro, ER depois; gene antes de inferencia; validacao cronologica depois da emissao prospectiva.

Figura 1. Cadeia metodologica TD.MF/DP-TDR/RDDF -> GNQ-T -> cenarios H11 -> RRP.

2. Fundacao posicional TD.MF/DP-TDR/RDDF

A TD.MF, formalizada neste corpus como DP-TDR/RDDF, parte de uma distincao elementar: o evento real observado nao deve ser confundido com a posicao ocupada por esse evento no ranking imediatamente antes de sua atualizacao. O dado bruto responde a pergunta "quem ativou?". A derivada posicional responde a pergunta "de qual posicao competitiva veio a pressao?".

Essa mudanca de unidade e central. Se a posicao fosse registrada depois da atualizacao, o proprio evento processado alteraria o ranking que deveria descreve-lo, produzindo vazamento causal. Por isso, a regra operacional e sempre pre-atualizacao. A cada leitura, captura-se a posicao previa, registra-se a derivada, e apenas depois se atualiza a classificacao.

2.1 Unidade classificacao-fluxo

Cada camada do sistema e tratada como uma unidade dupla. A classificacao preserva o ranking acumulado; o fluxo preserva a sequencia temporal dos eventos. Sem classificacao, nao ha posicao. Sem fluxo, nao ha auditoria temporal. A unidade minima de uma camada k no tempo t e:

$$U_t(k) = (C_t(k), F_t(k))$$

em que $C_t(k)$ denota o estado classificatorio da camada k e $F_t(k)$ denota o fluxo de eventos dessa camada. O par e necessario porque uma tabela final de ranking nao reconstrui a sequencia; e uma sequencia sem ranking nao produz derivadas posicionais auditaveis.

2.2 Derivada posicional pre-atualizacao

Para um evento real x_t observado em D0, a derivada posicional de primeira ordem registra a posicao ocupada por x_t no ranking D0 imediatamente antes da atualizacao:

$$p_t(0) = \text{pos}_{\{C_{t-1}(0)\}}(x_t)$$

D1 recebe $p_t(0)$. De modo recursivo, se a categoria derivada na camada k recebe pressao na leitura t , a camada $k+1$ registra a posicao que essa categoria ocupava em $C_{t-1}(k)$. A profundidade D3 ou D6 so e metodologicamente justificavel quando acrescenta informacao auditavel e nao mero ornamento numerico.

2.3 Ranking estavel, empate e construação forward-only

Em empates de frequência ou pressão acumulada, permanece acima a categoria que já ocupava posição superior antes da atualização. A ultrapassagem exige superioridade estrita. Essa regra evita saltos artificiais de ranking e preserva a causalidade temporal da disputa. A construção é forward-only: nenhuma leitura futura pode alterar a captura posicional de uma leitura passada.

2.4 RRP como trava ontológica

Campos derivados possuem independência operacional de ranking, mas não independência ontológica. D1, D3 e D6 podem acumular pressão, formar disputas internas e gerar sinais prospectivos; ainda assim, não são entidades reais. Toda saída fenotípica precisa retornar ao D0 por RRP (Reverse Ranking Projection) ou por fotografia autorizada.

A distinção é: posição derivada e genótipo operacional; ER recuperada e fenótipo observável. O paper deve preservar essa diferença para não criar entidades virtuais a partir de colunas numéricas interessantes.

3. Genética numérica GNQ-T

A GNQ-T introduz uma camada de segmentação funcional sobre os fluxos posicionais. O termo "genoma numérico" indica que a série é decomposta em genes funcionais, perfis de bases posicionais, ritmos de latência, expressões estocásticas e fenômenos ER recuperados por RRP. A analogia genética é operacional e classificatória, não biológica literal.

O termo "quântico-temporal" é usado de forma conservadora para designar a coexistência discreta de possibilidades posicionais concorrentes antes da próxima ativação observada. Não se reivindica mecânica quântica física. Fisicamente, o método deve ser lido como modelagem computacional de incerteza discreta, não como teoria de partículas ou campos.

3.1 TCC-PF: gene de cobertura

O TCC-PF (Tempo de Cobertura Completa do Pelotão de Frente) é definido como o gene de cobertura. Dado um fluxo f , um campo D_k e uma regua $TopN$ previamente congelada, seja $P_{-}(f,k,N)$ o conjunto das posições marcadoras. O TCC-PF inicia na primeira ativação pertencente a $P_{-}(f,k,N)$ após o fechamento do ciclo anterior e fecha quando todas as posições de $P_{-}(f,k,N)$ foram vistas pelo menos uma vez.

$$TCC-PF = leitura_fechamento - leitura_inicio + 1$$

Um TCC-PF vigente e censurado à direita não é apêndice. Para prognóstico, ele e o gene vivo da base observada, portanto deve aparecer antes de memórias históricas fechadas quando se interpreta o estado atual do fluxo.

3.2 IIC-PF: gene de respiração e reinício

O IIC-PF (Intervalo Interciclos do Pelotão de Frente) mede a distância entre o fechamento de um TCC-PF e o início do TCC-PF seguinte. Em vez de descartar esses intervalos como vazios, a GNQ-T os interpreta como genes de respiração: ali podem ocorrer redistribuição por pelotões inferiores, alternância, pressão de borda e reinício da cobertura.

$$IIC-PF(c \rightarrow c+1) = leitura_inicio(c+1) - leitura_fechamento(c)$$

3.3 Perfil TopN como cadeia de bases posicionais

O Perfil TopN é a sequência completa das ativações pertencentes ao pelotão marcador dentro de um gene. Repetições não devem ser podadas. A primeira aparição de uma posição indica cobertura; a repetição indica respiração interna, dominância, retorno, gargalo ou recompressão. O perfil completo é a cadeia de bases posicionais do gene.

3.4 Ficha mínima do gene numérico

Bloco	Conteúdo mínimo
-------	-----------------

Identificacao	fluxo, campo, tipo de gene, ciclo, inicio, fim, status
Estrutura posicional	regua TopN, vistos, faltantes, abridor, fechador
Perfil TopN	sequencia completa de ativacoes TopN, preservando repeticoes
Latencias internas	arestas entre ativacoes TopN e conteudo intralatencial
Expressao	S4-S7/S6-S7 segmentado, grupos termais, extremos e recorrencias
Inferencias	Markov, Semi-Markov, Reynolds e FMH apos classificacao
Fenotipo	ER por RRP/fotografia, sempre como camada posterior
Auditoria	fonte, janela, versao, bloqueios, status de integridade

4. Latencias internas e marcacoes Top10

Latencias internas sao o ritmo do gene. Se o Perfil TopN indica quais bases posicionais apareceram, a latencia indica quanto tempo posicional separou uma base da seguinte. A regra elementar e a diferenca direta de leitura entre ativacoes consecutivas do perfil, sem contagem inclusiva.

$$L_i = \text{leitura_ativacao}_i - \text{leitura_ativacao}_{(i-1)}$$

A evolucao metodologica mais recente introduz tres marcacoes complementares para lidar com a relacao entre marcadores Top10 e eventos fora do Top10. Elas preservam diferentes niveis de identidade e compressao, permitindo comparar genes e campos por morfologia respiratoria, nao apenas por sequencia bruta.

Figura 2. Tres marcacoes complementares de latencia interna Top10

Sequencia bruta	4 - 11 - 15 - 21 - 13 - 3	Preserva todas as posicoes observadas no trecho.
Top10-NL	4 - 4L - 3	Preserva marcadores Top10 e comprime extra-Top10 em N leituras.
ExtraTop10-NT	1T - 11 - 15 - 21 - 13 - 1T	Preserva extra-Top10 e comprime blocos Top10 em N ocorrencias.
Sintetica T/L	1T - 4L - 1T	Preserva apenas a morfologia respiratoria do trecho.

T = ativacao Top10; L = leitura/ativacao fora do Top10 entre marcadores; a identidade ER nao entra na camada analitica.

Figura 2. Exemplo das tres marcacoes Top10 em uma latencia interna.

Marcacao	Funcao	Exemplo
Top10-NL	Preserva posicoes Top10; comprime o trecho extra-Top10 em NL.	4 - 4L - 3
ExtraTop10-NT	Preserva posicoes fora do Top10; comprime ativacoes Top10 em NT.	1T - 11 - 15 - 21 - 13 - 1T
Sintetica T/L	Comprime ambos os lados; preserva apenas a morfologia de blocos.	1T - 4L - 1T

4.1 Intralatencia como anatomia do intervalo

A latencia como numero mede a distancia entre duas bases TopN. A intralatencia mede a anatomia do trajeto entre elas: quais posicoes ocorreram no interior, quais pelotes dominaram o trecho, se houve compressao, dispersao, gargalo, alternancia ou recompressao. Tecnicamente, a latencia TopN A -> B e uma aresta dirigida; a intralatencia e o conteudo interno dessa aresta.

5. Expressao, inferencia e regime

A GNQ-T distingue teoria, expressao e inferencia. A teoria define a unidade: posicao, gene, perfil, latencia, fenotipo. A expressao S4-S7/S6-S7 descreve como o gene se manifesta estocasticamente. Markov, Semi-Markov e Reynolds Dinamico entram depois, como instrumentos equacionais para medir transicao, permanencia e regime.

Camada	Status metodologico	Pergunta operacional
S4-S7/S6-S7 segmentado	Expressao estocastica do gene	Como o gene expressou valores recentes, extremos, recorrencias e compatibilidades?
Markov	Transicao entre estados, genes ou familias	Qual estado tende a seguir o estado atual?
Semi-Markov	Duracao, idade, maturidade e saturacao	O gene vigente esta jovem, maduro, tardio ou saturado?
Reynolds Dinamico	Regime de escoamento numerico	O fluxo opera em compressao, expansao, turbulencia, laminaridade ou recompressao?
FMH/medianas	Fiel historico de tamanho, gap e latencia	O segmento atual esta dentro ou fora do regime historico?

O uso de Reynolds deve ser lido como analogia matematica de regime dinamico, nao como identidade com mecanica dos fluidos. A aceitabilidade fisica do artigo depende dessa restricao: nao ha fluido material; ha classificacao de regime em um fluxo numerico posicional. O mesmo vale para o termo quântico-temporal: nao ha alegacao de mecanica quântica, mas um vocabulário para concorrência discreta de possibilidades antes da observacao.

6. Geracao prospectiva de cenarios H11

A aplicacao mais recente da metodologia e a geracao de cenarios H11 Top10 prospectivos. Para cada fluxo, a base e congelada em 7050 e o horizonte prospectivo e 7051-7061. O objetivo nao e afirmar que os cenarios foram validados; o objetivo e demonstrar que o metodo produz cenarios auditaveis antes de conhecer as leituras oficiais futuras.

Cada campo limpo opera como motor isolado. D0 representa o campo operacional direto. D1 representa hierarquia estrutural das posicoes D0. D3 e D6 representam camadas profundas que so podem ser interpretadas por RRP. Em cada motor, sao gerados tres cenarios: Principal, Alternativo_1 e Alternativo_2. A saida primária e H11 posicional; a ER aparece apenas por RRP/fotografia autorizada.

Figura 3. Desenho prospectivo H11 Top10 - Base 7050 -> 7051-7061

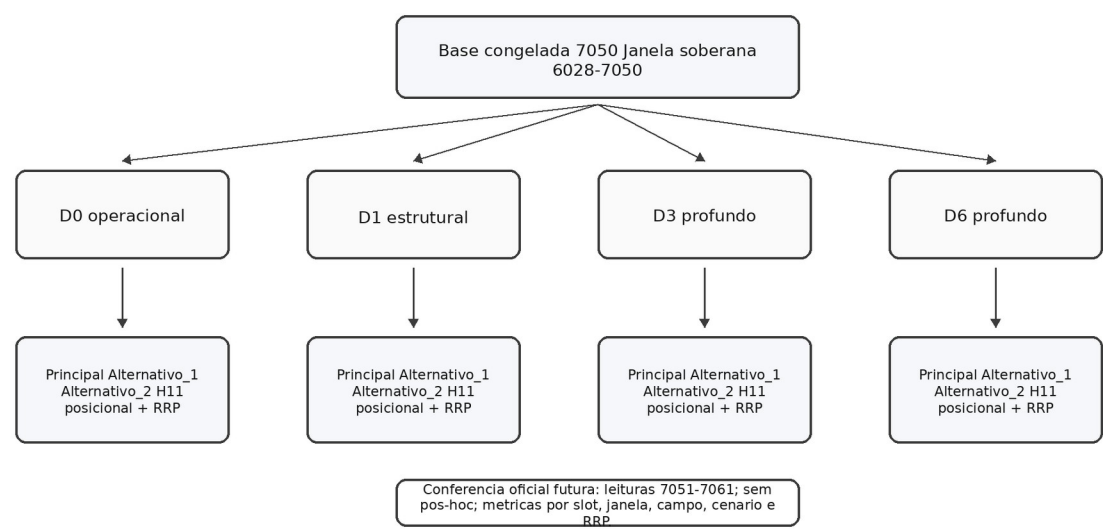


Figura 3. Desenho prospectivo H11 Top10 em campos D0, D1, D3 e D6.

Parametro	Padrao adotado
Base	7050, congelada antes da emissao prospectiva
Janela analitica	6028-7050 para os pacotes atuais de cenarios
Horizonte	H11: leituras 7051-7061
Fluxos	Fluxos 1, 2, 3, 4 e 5
Campos motores	D0, D1, D3 e D6, tratados inicialmente como motores isolados
Cenarios por campo	Principal, Alternativo_1 e Alternativo_2
Unidade primaria	Posicao do campo; ER apenas depois por RRP/fotografia
Status empirico	Prospectivo pre-validacao; conferencia oficial futura

6.1 Pacote documental dos cenarios

A padronizacao ideal por fluxo contem cinco BDs e um relatorio unificado. Os BDs sao: consolidado D0-D1-D3-D6, D0 isolado, D1 isolado, D3 isolado e D6 isolado. O relatorio unificado deve resumir H11 posicional, H11 por ER/RRP, score de similaridade, leitura analogica quando disponivel e conclusao metodologica. Os fluxos 3, 4 e 5 ja apresentam relatorios unificados no corpus atual; fluxos 1 e 2 devem receber a mesma camada documental para simetria editorial e reprodutibilidade.

Fluxo	Pacote prospectivo atual	Status documental
Fluxo 1	BDs H11 Top10 D0, D1, D3, D6 e consolidado	Relatorio unificado a padronizar
Fluxo 2	BDs H11 Top10 D0, D1, D3, D6 e consolidado	Relatorio unificado a padronizar
Fluxo 3	BDs H11 Top10 D0, D1, D3, D6 e consolidado	Relatorio unificado disponivel
Fluxo 4	BDs H11 Top10 D0, D1, D3, D6 e consolidado	Relatorio unificado disponivel
Fluxo 5	BDs H11 Top10 D0, D1, D3, D6 e consolidado	Relatorio unificado disponivel

7. Desenho do estudo pre-validacao

O presente manuscrito deve ser classificado como metodologico-formal com estudo prospectivo pre-validacao. Isso significa que os cenarios foram emitidos antes da conferencia oficial das leituras 7051-7061, mas ainda nao devem ser usados como evidencia de desempenho. A conferencia futura precisa ser executada com os cenarios congelados, sem alterar arquivos prospectivos apos observacao das leituras.

A separacao entre emissao prospectiva e conferencia ex-post e um dos pontos mais importantes para aceitacao academica. Ela reduz risco de pos-hoc, impede contaminacao por informacao futura e permite avaliar o motor pelo que ele efetivamente emitiu, nao pelo que seria possivel ajustar depois.

7.1 Metricas de conferencia futura

Metrica	Pergunta de validacao
Acerto por slot	A posicao/ER do slot H11 previsto apareceu exatamente na leitura correspondente?
Acerto na janela H11	A posicao/ER prevista apareceu em qualquer ponto de 7051-7061?
Distancia posicional	Qual a distancia entre posicao observada e posicao prevista por campo?
Aderencia por cenario	A cadeia observada se aproximou mais de Principal, Alternativo_1 ou Alternativo_2?
Aderencia por campo	D0, D1, D3 ou D6 teve melhor correspondencia prospectiva?
Convergencia de motores	Quantos campos apontaram para familias ou ERs compatíveis?
RRP/fenotipo	A ER observada coincide com ER via D0, D1, D3 ou D6 RRP?
Morfologia latencial	Top10-NL, ExtraTop10-NT e T/L observados se aproximam do previsto?
Regime Reynolds	O regime observado manteve compatibilidade com a leitura de base?

7.2 Ablacoes recomendadas

Para que o metodo seja avaliado de forma robusta, a conferencia futura deve incluir ablações. Um resultado so e interpretavel se pudermos comparar o sistema completo com versoes reduzidas. Ablacoes recomendadas incluem: sem D1, sem D3/D6, sem latencias, sem Reynolds, sem S4-S7, sem RRP derivada, apenas frequencia historica, apenas ranking neutro, e baseline aleatorio estratificado por pelotao.

8. Padronizacao, auditoria e reproduibilidade

Um paper metodologico de alto nivel precisa mostrar nao apenas conceitos, mas tambem condicoes de reproducao. A arquitetura proposta depende de soberania de fontes, controle de versao, bloqueios e checklist de entrega. A ausencia de qualquer dado critico deve ser declarada como limitacao ou bloquear a execucao.

Controle	Exigencia
Fonte soberana	Arquivo raiz por fluxo com leituras, D0_rank_pre e campos derivados.
Campo limpo	D1, D3 e D6 sem ER, EP_D0 ou RRP dentro das camadas analiticas.
RRP autorizada	Aplicada somente na saida fenotipica ou fotografia declarada.

Regra Top10	Régua congelada antes do calculo do gene/cenario.
Cenario congelado	Arquivo prospectivo nao pode ser editado apos leitura oficial futura.
Auditoria	Janela, base, hashes, contagens, divergencias e limitacoes.
Relatorio unificado	Uma camada humana e comparativa por fluxo, alem dos BDs.

9. Discussao

A principal contribuicao da TD.MF/GNQ-T e metodologica: deslocar a analise de eventos brutos para posicoes pre-atualizacao e, sobre essas posicoes, construir genes numericos funcionais. Esse deslocamento aumenta rastreabilidade e permite decompor a dinamica em cobertura, respiracao, latencia, expressao e fenotipo.

A metodologia tambem reduz duas fontes comuns de erro. A primeira e tratar a ER como causa analitica em camadas que deveriam operar por posicao. A segunda e usar inferencias estatisticas antes de segmentar o objeto. Na GNQ-T, Markov, Semi-Markov e Reynolds nao substituem a classificacao dos genes; eles tensionam e quantificam genes ja definidos.

Do ponto de vista fisico, a nomenclatura deve permanecer disciplinada. "Quântico-temporal" e uma analogia de estados discretos concorrentes sob incerteza. "Reynolds Dinamico" e uma analogia de regime de escoamento em fluxo numerico. O ganho cientifico nao vem de importar ontologias fisicas de modo literal, mas de usar vocabularios formais para classificar regimes, transicoes e persistencias em series discretas.

10. Limitacoes

A primeira limitacao e empirica: os cenarios H11 atuais ainda nao foram conferidos contra as leituras oficiais 7051-7061. Assim, o artigo nao deve reivindicar acuracia, superioridade preditiva ou desempenho consolidado.

A segunda limitacao e terminologica: termos como gene, fenotipo e quântico-temporal podem induzir leitura literal indevida. Por isso, o manuscrito declara explicitamente seu uso metodologico e operacional.

A terceira limitacao e de comparacao externa. Para reivindicar desempenho, sera necessario comparar o metodo com baselines simples e metodos alternativos, incluindo frequencia historica, Markov direto sobre ERs, randomizacao estratificada e ablações de camadas internas.

A quarta limitacao e de escalabilidade documental. A padronizacao dos relatorios unificados para todos os fluxos precisa ser completada para que o pacote editorial fique integralmente simetrico.

11. Conclusao

A TD.MF/DP-TDR/RDDF e a GNQ-T formam uma arquitetura metodologico-formal para tratar fluxos temporais discretos como sequencias posicionais segmentaveis, expressaveis e fenotipizaveis. A regra central e simples e severa: posicao primeiro, ER depois. A partir dela, derivam-se campos, segmentam-se genes, preservam-se perfis TopN, medem-se latencias, expressa-se S4-S7/S6-S7 e recupera-se ER por RRP.

O estudo prospectivo pre-validacao demonstra que a metodologia ja consegue emitir pacotes H11 Top10 para Fluxos 1 a 5 em Base 7050, com motores D0, D1, D3 e D6. Esses pacotes nao sao apresentados como validacao concluida. Sao apresentados como artefatos prospectivos congelaveis e auditaveis, prontos para conferencia cronologica oficial.

A contribuicao esperada do paper e, portanto, dupla: oferecer uma formalizacao matematica e operacional da derivada posicional e propor uma genetica numerica temporal que organiza a incerteza de fluxos posicionais em genes, latencias, expressoes e cenarios. A validacao futura dira o desempenho. O presente trabalho define a arquitetura que torna essa validacao possivel sem pos-hoc.

Apêndice A. Algoritmo mínimo TD.MF/GNQ-T

1. Declarar domínio, fluxo, campo, janela, base e regra de pelotao/Top10.
2. Para cada leitura t, capturar posição pre-atualização da ER em D0.
3. Propagar derivadas posicionais para D1, D3 e D6 conforme profundidade autorizada.
4. Reclassificar rankings apenas após registrar as derivadas da leitura.
5. Segmentar TCC-PF/IIC-PF por campo limpo e regua Top10 congelada.
6. Registrar Perfil Top10 completo, latências internas e intralatências.
7. Calcular marcações Top10-NL, ExtraTop10-NT e Sintética T/L.
8. Extrair expressão S4-S7/S6-S7 por gene ou janela correspondente.
9. Aplicar inferências posteriores, se autorizadas: Markov, Semi-Markov, Reynolds e FMH.
10. Gerar H11 posicional por campo; somente depois aplicar RRP/fotografia para ER.
11. Congelar cenário prospectivo e aguardar leituras oficiais para conferência.

Apêndice B. Checklist editorial do pacote H11 por fluxo

Item	Status esperado
BD consolidado D0-D1-D3-D6	Obrigatório
BD D0 isolado	Obrigatório
BD D1 isolado	Obrigatório
BD D3 isolado	Obrigatório
BD D6 isolado	Obrigatório
Relatório unificado do fluxo	Obrigatório para padrão editorial final
Declaração de status pre-validação	Obrigatório
Plano de conferência oficial	Obrigatório antes de alegar desempenho

Apêndice C. Corpus documental interno usado nesta versão

ID	Arquivo interno	Função no manuscrito
INT-1	Documento inaugural GNQ-T v0.2	Fundação conceitual e operacional da GNQ-T.
INT-2	Sessão de criação da GNQ-T	Registro de criação e consolidação dos conceitos inaugurais.
INT-3	Sessão de desenvolvimento GNQ	Desenvolvimento de genes, rankings e inferências.
INT-4	Sessão Novos Parâmetros GNQ-T (25-06-2026)	Padronização Top10, latências internas e novos parâmetros.
INT-5	Pacotes H11 Top10 - Fluxos 1-5	Cenários H11 prospectivos por fluxo e campo.
INT-6	Relatórios unificados H11 - Fluxos 3-5	Relatórios unificados disponíveis para Fluxos 3, 4 e 5.

Referencias bibliograficas seleccionadas

- Cox, D. R. (1972). Regression models and life-tables. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B*, 34(2), 187-220.
- Feller, W. (1968). *An Introduction to Probability Theory and Its Applications*. Vol. 1. Wiley.
- Markov, A. A. (1906). Extension of the law of large numbers to dependent variables. *Izvestiya Fiziko-matematicheskogo Obshchestva pri Kazanskom Universitete*.
- Rabiner, L. R. (1989). A tutorial on hidden Markov models and selected applications in speech recognition. *Proceedings of the IEEE*, 77(2), 257-286.
- Reynolds, O. (1883). An experimental investigation of the circumstances which determine whether the motion of water shall be direct or sinuous. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*.
- Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, 27, 379-423 and 623-656.
- Cover, T. M., & Thomas, J. A. (2006). *Elements of Information Theory*. 2nd ed. Wiley.