

ALEXANDRA JOHANNA ESTEBAN LÓPEZ

**ESTUDO DA DINÂMICA DE EPIDEMIAS EM REDES
ALEATÓRIAS**

RECIFE-PE - ABRIL/2009



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA E ESTATÍSTICA APLICADA

ESTUDO DA DINÂMICA DE EPIDEMIAS EM REDES ALEATÓRIAS

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biometria e Estatística Aplicada como exigência parcial à obtenção do título de Mestre.

Área de Concentração: Modelagem Estatística e Computacional

Orientadora: Profa. Dra. Viviane Moraes de Oliveira
Co-orientador: Prof. Dr. Paulo Roberto de Araújo Campos

RECIFE-PE - ABRIL 2009.

Ficha catalográfica

L864e López, Alexandra Johanna Esteban
Estudo da dinâmica de epidemias em redes aleatórias /
Alexandra Johanna Esteban Lopez. – 2009.
67 f. : il.

Orientador: Viviane Moraes de Oliveira
Dissertação (Mestrado em Biometria) – Universidade
Federal Rural de Pernambuco. Departamento de Estatística e
Informática.

CDD 574.018 2

1. Redes complexas
 2. Influenza
 3. Modelos epidemiológicos
- I. Oliveira, Viviane Moraes de
 - II. Título

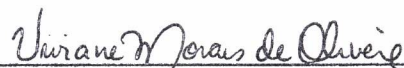
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA E ESTATÍSTICA APLICADA

ESTUDO DA DINÂMICA DE EPIDEMIAS EM REDES ALEATÓRIAS

ALEXANDRA JOHANNA ESTEBAN LÓPEZ

Dissertação julgada adequada para
obtenção do título de mestre em Biometria
e Estatística Aplicada, defendida e
aprovada por unanimidade em 13/04/2009
pela Comissão Examinadora.

Orientador:

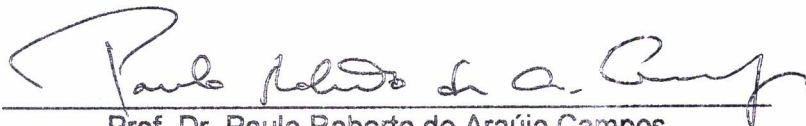


Profa. Dra. Viviane Moraes de Oliveira
UFRPE

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Borko D. Stosic
UFRPE



Prof. Dr. Paulo Roberto de Araújo Campos
UFRPE



Prof. Dr. Alexandra da Silva Rosas
UFPB

*A minha mamãe Lília, minha vovó Maria,
minha Matia e Juanchó, por sua espera e sacrifício.*

Agradecimentos

Primeiro quero agradecer a Deus por me dar a força para cumprir mais um sonho e por me mostrar que cada dia tenho mais uma coisa para aprender na vida.

A minha mãe por seu apoio incondicional em todas as etapas de minha vida. A minha tia Matilde, minha primas Andrea e Ingrith, pela sua confiança e incentivo.

Ao Edwin pelo apoio, incentivo, pela força para não desistir de meus sonhos e sobre todo por me ensinar a ver a vida com outro olhar.

A professora Viviane por sua imensa paciência, compreensão, tempo e pelo apoio fundamental na elaboração deste trabalho.

Ao professor Gauss Cordeiro pelo exemplo, apoio e por suas constantes lições de vida dentro e fora da sala de aula.

A todos o professores que fazem parte do programa de pós-graduação em biometria e estatística aplicada da UFRPE.

A meus amigos Solânge, Marcelo e Mauricio pelo seu apoio e ajuda em todo o tempo de minha estadia no Brasil.

A minhas grandes amigas Edleidi e Amanda, pelas tantas horas de dispersão, alegria e sobre tudo por estar presentes quando mais precisei de uma mão amiga e uma voz de alento.

A todos meus colegas do mestrado, em especial a Kátia e Vinicius, pelas tantas horas de dispersão e alegria.

Ao secretário Marco pelo seu profissionalismo.

A meus amigos colombianos Antonio, Patricia, Ana, Fabio e William por sempre ter uma palavra de ânimo e apesar da distância estarem sempre presentes.

A todos os professores que contribuíram na minha formação acadêmica e profissional.

A CAPES pelo apoio financeiro no meu tempo de estudos na UFPE.

A todos que, de forma direta ou indireta, contribuíam para que este objetivo fosse cumprido.

A todos... MIL GRACIAS!!!

Resumo

Neste trabalho, apresentamos um modelo determinístico SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado) para a dinâmica de epidemias da influenza, calculamos seus pontos de equilíbrio e o número reprodutivo básico (R_0). São mostrados os resultados das simulações da dinâmica de contágio, em uma população subdividida em demes usando três tipos de redes de migração que apresentam a característica de “mundo pequeno” (distâncias relativamente curtas entre os nós da rede e alto grau de acoplamento) e “livre de escala” (presença de nós com alta conectividade) e comparam-se com as dinâmicas de contágio observadas na rede regular. Observamos que a doença espalha-se mais rapidamente na rede livre de escala do que as outras duas, na rede mundo pequeno à medida em que aumentamos a probabilidade de reconexão aumenta a rapidez de espalhamento da doença e na rede regular a doença se dispersa mais lentamente.

Para os três tipos de rede, realizaram-se experimentos com diferentes percentagens de indivíduos vacinados, usando duas técnicas de seleção da amostra dos indivíduos, seleção aleatória de indivíduos e conglomerados. Os resultados mostram que se a taxa com que um indivíduo recuperado se torna exposto (σ) é 0.4 e tendo 60% de indivíduos vacinados de forma aleatória obtemos uma persistência da doença quase nula, enquanto com vacinação de indivíduos por conglomerados esta persistência é próxima do 80%. Quando se tem $\sigma = 1$, temos que a vacinação aleatória de indivíduos também resulta mais efetiva pois com 80% de indivíduos vacinados temos uma persistência quase nula, enquanto com vacinação por conglomerados mesmo com 99% dos indivíduos vacinados ainda a doença persiste. Aqui, podemos concluir que a vacinação de indivíduos em forma aleatória resulta ser mais efetiva que a vacinação feita a grupos da população.

Palavras-chave: Redes complexas, Influenza, modelos epidemiológicos.

Abstract

We present a deterministic model SEIR (susceptible, exposed, infected, recovered) to the dynamics of epidemics of influenza, we calculate its equilibrium points and the basic reproductive number (R_0). The results of simulations of the dynamics of contagion are shown, in a population subdivided in demes using three types of complex networks which have the character of “small world” (relatively short distances between the nodes of the network and high degree of coupling) and “scale free” (presence of nodes with high connectivity) and compare with the dynamics of contagion observed in the regular network. We observed that the disease spread faster in scale-free network compared to other two, in the small world network as the probability of reconnection is incremented the speed of spreading of the disease is also increased and on the regular network the disease spread more slowly.

For the three types of network, there were experiments with different percentages of vaccinated individuals, using two techniques for selecting the sample of individuals, random selection of individuals and conglomerates. The results show that if the rate at which an individual recovered becomes exposed (σ) is 0.4 and with a 60% of vaccinees at random we get a persistence of the disease almost zero, while as with vaccination of individuals by conglomerates that persistence is close to 80%. When we have $\sigma = 1$, the random vaccination of individuals also results more effective because with 80% of vaccinated individuals the persistent is almost zero, while for clusters with vaccination even with 99% of vaccinees the disease still persists. Here, we can conclude that vaccination of individuals in a random way result be more effective than the vaccination done in groups.

Keywords: Complex networks, influenza, epidemiological models.

Sumário

Lista de Figuras	viii
Lista de Tabelas	x
1 Introdução	1
2 Revisão de Literatura	3
2.1 A influenza	3
2.2 Redes Complexas	5
2.2.1 Conceitos básicos	6
2.2.2 Propriedades das redes	9
2.2.3 Modelos de redes	10
2.3 Modelos epidemiológicos	16
2.3.1 SIR	16
2.3.2 SEIR	19
3 Dinâmica da transmissão da influenza	22
3.1 O modelo	22
3.2 Simulação	27
3.3 Resultados numéricos	30
3.3.1 Persistência	33
3.3.2 Com vacinação	37
4 Conclusões	44

Referências Bibliográficas	46
5 Apêndice Tabelas	48
5.1 Persistência sem vacinação	48
5.1.1 $\sigma = 0.4$	48
5.1.2 $\sigma = 1$	52
5.2 Persistência com vacinação	55
5.2.1 $\sigma = 0.4$	55
5.2.2 $\sigma = 1$	59

Lista de Figuras

2.1	Um exemplo de rede com 8 nós e 9 arestas.	6
2.2	Exemplos de vários tipos de redes: (a) Uma rede sem direção com só um único tipo de vértice e um único tipo de aresta; (b) uma rede com vários tipos de vértices e de arestas; (c) uma rede com vértices variados e arestas com pesos; (d) uma rede direcionada na qual cada aresta tem uma direção. . . .	7
2.3	Exemplos de redes reais	8
2.4	Exemplo rede Erdős e Rényi.	10
2.5	Um exemplo de rede regular ou lattice com 25 nós e 50 arestas.	11
2.6	Distribuição de conectividade de uma rede regular com condições de contorno periódicas, todos os vértices são topologicamente equivalentes, portanto, aparece um pico no valor médio do grau da rede	12
2.7	Exemplo do modelo WS com $N = 20$ nós para três diferentes valores de p . .	13
2.8	Distribuição de conectividades do modelo WS para $K = 3$ e vários valores de p . Os símbolos representam os valores obtidos por simulação com $N = 1000$ e as linhas correspondem à probabilidade teórica (ALBERT; BARABÁSI, 2002).	14
2.9	Exemplo grafo livre de escala, os nós em azul são denominados <i>hubs</i> , vértices altamente conectados	14
2.10	Distribuição de conectividade do modelo livre de escala, com $N = m_0 + t = 300000$ e $m_0 = m = 1$ (círculo), $m_0 = m = 3$ (quadrado), $m_0 = m = 5$ (rombo) e $m_0 = m = 7$ (triângulo). A inclinação da linha pontilhada é $\gamma = 2.9$ (Tomado de Albert e Barabási (2002)).	15
2.11	Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo SIR	16
2.12	Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo $SEIR$	19

3.1	Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo $SEIR$, $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ são o número de indivíduos suscetíveis, expostos, infectados e recuperados	23
3.2	Representação de uma população inicial numa rede regular. Cada ponto em azul representa um indivíduo suscetível e o ponto vermelho representa o indivíduo infectado.	27
3.3	Esquema da dinâmica da doença para cada indivíduo	29
3.4	Esquema do processo de simulação	30
3.5	Variação temporal do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com $\sigma = 0.4$	31
3.6	Variação temporal da percentagem do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com $\sigma = 1$	32
3.7	Comparativo da persistência nas três redes para diferentes valores dos parâmetros. Os valores de referência dos parâmetros são $\beta = 0.8$, $\delta = 0.001$, $\gamma = 1/7$, $\kappa = 1/3$, $\mu = 0.00004$, $\sigma = 0.4$	34
3.8	Comparativo da persistência nas três redes para diferentes valores dos parâmetros. Os valores de referência dos parâmetros são $\beta = 0.8$, $\delta = 0.001$, $\gamma = 1./7.$, $\kappa = 1./3.$, $\mu = 0.00004$, $\sigma = 1$	36
3.9	Persistência nos três tipos de rede com vacinação aleatória de indivíduos ($\sigma = 0.4$).	39
3.10	Persistência nos três tipos de rede com vacinação aleatória de indivíduos ($\sigma = 1$).	40
3.11	Persistência nos três tipos de rede com vacinação por conglomerados $\sigma = 0.4$	41
3.12	Persistência nos três tipos de rede com vacinação por conglomerados $\sigma = 1$	42

Lista de Tabelas

3.1	Percentagem de indivíduos vacinados	38
5.1	Persistência em função de β para os três tipos de rede.	48
5.2	Persistência em função de δ para os três tipos de rede.	49
5.3	Persistência em função de γ para os três tipos de rede.	49
5.4	Persistência em função de κ para os três tipos de rede.	50
5.5	Persistência em função de μ para os três tipos de rede.	50
5.6	Persistência em função de σ para os três tipos de rede.	51
5.7	Persistência em função de β para os três tipos de rede.	52
5.8	Persistência em função de δ para os três tipos de rede.	52
5.9	Persistência em função de γ para os três tipos de rede.	53
5.10	Persistência em função de κ para os três tipos de rede.	53
5.11	Persistência em função de μ para os três tipos de rede.	54
5.12	Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	55
5.13	Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	56
5.14	Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	56
5.15	Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	57

5.16 Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	57
5.17 Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	58
5.18 Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	59
5.19 Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	59
5.20 Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	60
5.21 Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	60
5.22 Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	61
5.23 Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.	61
5.24 Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	62
5.25 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	62
5.26 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	63
5.27 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	63

5.28 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	64
5.29 Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$	64
5.30 Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	65
5.31 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	65
5.32 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	66
5.33 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	66
5.34 Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	67
5.35 Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.	67

1 Introdução

O estudo da dinâmica de doenças infecciosas, por meio de modelos matemáticos, tem tido um amplo desenvolvimento nos últimos anos, e tem demonstrado ser uma ferramenta importante para entender a trajetória e o processo epidemiológico, sempre e quando os modelos sejam o suficientemente reais e baseados em conhecimento biológico (BASÁÑEZ; RODRIGUEZ, 2004).

De acordo com Murray (2002), um dos primeiros estudos sobre doenças transmissíveis envolvendo equações diferenciais foi feito por Bernoulli em 1760, onde foi considerada a propagação da varíola e onde avaliou-se as vantagens práticas de um programa de vacinação.

O epidemiólogo Ronald Ross, desenvolveu um modelo para explicar o ciclo completo da malária humana, com inclusão do mosquito como vetor e o parasito *Plasmodium*, o que o levou a ganhar o premio Nobel em 1902. O seguinte grande avanço foi o trabalho matemático de Kermack e McKendrick, que foi realizado entre 1927 e 1939, seu resultado mais importante foi o teorema limiar, segundo o qual a introdução de indivíduos infectados dentro de uma população de suscetíveis podia originar uma epidemia só se a densidade de suscetíveis excede um valor crítico ou limiar. Se o umbral se excede, então a doença persiste e, em caso contrário, desaparece. A importância deste trabalho só foi considerada 20 anos mais tarde quando se dispôs de métodos efetivos de processos estocásticos (LÓPEZ; SUÁREZ, 2007).

Depois da segunda guerra mundial foi necessário melhorar o entendimento dos processos probabilísticos e muitos avanços foram feitos a partir de processos estocásticos. Ao final da década de 1990, começaram o interesse no estudo de redes complexas para entender a dinâmica das doenças como AIDS. A identificação das redes é de grande utilidade para compreender a rápida difusão de doenças infecciosas, como foi a síndrome aguda grave (SRAG) em 2003, que apareceu em Hong Kong, estendeu-se a América do norte e Europa (LÓPEZ; SUÁREZ, 2007).

A influenza é uma doença infecciosa que afeta grande parte da população. A gripe não apresenta maiores complicações, mas em alguns casos pode levar a complicações fatais, principalmente em idosos, crianças pequenas e em pessoas que apresentem outros tipos de doenças. Devido às epidemias anuais de gripe e ao risco de novas pandemias o monitoramento epidemiológico do vírus influenza é fundamental.

Um único indivíduo infectado pode transmitir a doença para grande número de pessoas susceptíveis. Assim, por exemplo, um indivíduo pode transmitir a doença a sua família, a um vizinho, ao passageiro que estava do lado dele em um curto trajeto de ônibus, a um ou vários colegas de trabalho ou simplesmente a alguém que ficou próximo dele numa fila de supermercado. E aquelas pessoas infectadas por sua vez vão transmitir a doença a outros indivíduos suscetíveis e assim sucessivamente.

Neste trabalho nosso interesse é estudar a difusão da influenza tendo várias formas possíveis de contato entre indivíduos em quatro estados, a saber, suscetíveis, expostos, infectados e recuperados. Apresentamos um modelo SEIR para o qual calculamos os pontos de equilíbrio e o número reprodutivo básico (R_0). Realizamos simulação na qual subdividimos a população em demes, onde cada deme pode trocar migrantes com suas demes vizinhas, em que usamos três tipos de redes de migração: rede regular quadrada, mundo pequeno e livre de escala. Obtemos resultados da dinâmica da doença quando são introduzidos indivíduos vacinados com dois sistemas de amostragem de indivíduos, seleção aleatória de indivíduos e conglomerados.

O presente trabalho está organizado da seguinte maneira: no Capítulo 2 é feita uma revisão de literatura, onde são descritas as principais características da influenza, alguns conceitos básicos sobre redes complexas e modelos epidemiológicos. No Capítulo 3 é apresentado o modelo e os resultados obtidos via simulação. Finalmente, no Capítulo 4, apresentamos as conclusões mais importantes e algumas considerações para trabalhos futuros.

2 Revisão de Literatura

A influenza, também conhecida como gripe, é uma doença infecciosa que afeta grande parte da população. A gripe não apresenta maiores complicações, mas em alguns casos pode levar a complicações fatais, principalmente em idosos, crianças pequenas e em pessoas que apresentem outro tipo de doenças. A propagação da doença através do ar predomina em grupos de pessoas aglomeradas em espaços fechados. O vírus da gripe pode persistir por horas, especialmente num espaço frio e com baixa umidade e também pode ser transmitida por contato direto. Devido às epidemias anuais de gripe e ao risco de novas pandemias o monitoramento epidemiológico do vírus influenza é fundamental.

Na primeira seção deste capítulo apresentamos um breve resumo sobre a influenza. Na segunda e terceira seções descrevemos os conceitos básicos sobre redes complexas e modelos epidemiológicos.

2.1 A influenza

A **influenza** ou **gripe**, é uma doença viral aguda das vias aéreas que é caracterizada por febre, cefaléia, prostração, coriza, dor de garganta e tosse. A tosse é muitas vezes intensa e duradoura, enquanto as outras manifestações geralmente aparecem por um tempo mais limitado e o paciente se recupera dentro de dois a sete dias. As manifestações gastrointestinais (náuseas, vômitos, diarreia) são incomuns, mas podem acompanhar a fase respiratória em crianças. A gripe, por enfraquecer o sistema imunológico, pode levar à morte pois possibilita a exacerbação das infecções provocadas por outros agentes (HEYMANN, 2005).

Do ponto de vista clínico, a gripe pode ser indistinguível de outras doenças do trato respiratório, causadas por vírus, como o resfriado comum, a laringotraqueobronquite, bronquiolite, pneumonia viral e doenças respiratórias agudas diferenciadas.

O agente etiológico¹ é o *Myxovirus influenzae*, ou vírus da gripe. Este subdivide-se nos tipos *A*, *B* e *C*, sendo que apenas os do tipo *A* e *B* apresentam relevância clínica em humanos (FORLEO-NETO et al., 2003). O tipo de vírus *A* contém muitos subtipos e foi o principal responsável pelas epidemias e pandemias nos últimos 100 anos. O vírus tipo *B* foi responsável por algumas epidemias a níveis regionais. O vírus tipo *C* só é achado em humanos, esse nunca tem se associado a nenhuma epidemia e pelo geral só ocasiona infecciones respiratórias leves similares aos causados pelos resfriados comuns. Os tipos de influenza *B* e *C* não tem subtipos conhecidos. As diferenças nos três tipos de vírus são causadas por diferenças nas proteínas HA (*hemagglutinin*) e NA (*neuraminidase*), a informação genética viral que o vírus contém e a proteína matriz (EMMELUTH, 2003).

Os subtipos do vírus tipo *A* são identificados e nomeados usando um sistema muito específico. A localização geográfica onde a cepa foi isolada primeiro é seguido por um número de identificação de laboratório que usualmente conta quantos casos foram identificados e isolados. Então vem o ano de descoberta e finalmente, em parênteses, o tipo de HA e NA que a cepa viral possui. Um exemplo típico poderia ser A/Hong Kong/156/97/(H5N1). Alguns desses subtipos originaram pandemias, como foi o que aconteceu em 1947 com subtipo H1N1, em 1957 com o subtipo H2N2 (gripe asiática), em 1968 com o subtipo H3N2 (gripe de Hong-Kong) (EMMELUTH, 2003).

Também apresenta-se de forma natural infecções pelo vírus da influenza com diferentes subtipos antigênicos em suínos, cavalos, martas e focas, bem como muitas outras espécies de animais domésticos, em várias partes do mundo. As aves aquáticas são um reservatório natural e são portadoras de todos os subtipos de vírus influenza.

O contágio pelo vírus da influenza é feito pela penetração do vírus no corpo, por meio de gotículas inaladas. Por isso, a propagação da doença através do ar predomina em grupos de pessoas aglomeradas em espaços fechados; o vírus da gripe pode persistir por horas, especialmente num espaço frio e com baixa umidade e também pode ser transmitida por contato direto. Uma vez dentro do organismo, em condições normais, instala-se dentro de células, reproduz-se e continua a invadir outras células até que as células de defesa do sistema imunológico o persigam e o exterminem, sendo que todo este processo dura, aproximadamente uma semana, acarretando a série de sintomas peculiares da gripe. Um único indivíduo infectado pode transmitir a doença para grande número de pessoas susceptíveis.

A gripe é uma doença de importante cuidado pela rapidez com que se desenvolvem as

¹ Agente etiológico é a denominação dada ao agente causador de uma doença.

epidemias, a morbidade que espalha-se amplamente e a severidade das complicações, incluindo pneumonias virais e bacterianas. Além disso, o aparecimento de vírus da gripe em seres humanos com novas proteínas pode causar pandemias que se tornam emergência de saúde mundial (por exemplo, as pandemias de 1918, 1957, 1968), com milhões de mortos (40 milhões em 1918). Durante epidemias anuais de influenza, os casos mais graves e as mortes ocorrem principalmente em idosos e pessoas com doenças cardíaca, pulmonar, renal ou anemia. Na maioria das epidemias, entre 80% e 90% das mortes são de pessoas com mais de 65 anos de idade. No entanto, na pandemia de 1918, a maior taxa de mortalidade foi observada em adultos jovens (HEYMANN, 2005).

Desde 1997, têm sido reconhecidas infecções pelo vírus influenza ou gripe aviária do tipo A (H3N1) em grupos humanos isolados, com uma elevada taxa de mortalidade. A transmissão aumentou gradualmente em aves de jaula, no primeiro semestre de 2004 ocorreram surtos em vários países asiáticos, com a transmissão para seres humanos na Tailândia e Vietnam. A letalidade foi muito grande nas infecções em seres humanos, mas não foi demonstrada a transmissão de pessoa para pessoa.

O vírus influenza apresenta altas taxas de mutação, devido à sua alta variabilidade e capacidade de adaptação. Estas mutações ocorrem de forma independente e habitualmente provocam o aparecimento de novas variantes para as quais a população ainda não apresenta imunidade, já que a infecção prévia por determinada cepa confere pouca ou nenhuma proteção contra os vírus de surgimento mais recente. São poucas as opções disponíveis para o controle da influenza. Dentre essas, a vacinação constitui a forma mais eficaz para o controle da doença e de suas complicações. Em função das mutações que ocorrem naturalmente no vírus influenza, recomenda-se que a vacinação seja realizada anualmente (FORLEO-NETO et al., 2003).

Na seguinte seção apresentamos alguns conceitos básicos de redes complexas, as quais são implementadas no estudo da propagação da influenza.

2.2 Redes Complexas

As redes são observadas em inúmeras situações, desde o nível subatômico até as mais complicadas estruturas sociais ou materiais utilizadas pela humanidade. O estudo das principais redes complexas foi iniciado com a finalidade de conhecer vários sistemas reais. As redes tem sido estudadas extensivamente nas ciências sociais. As representações gráficas das redes auxiliam seu estudo e permitem uma rápida compreensão da

sua natureza. Redes complexas pequenas podem ser analisadas através desta técnica e as características individuais de cada nó ou ligação podem ter interesse prático. Medidas estatísticas destas redes acrescentam pouca informação útil ao problema. No entanto, à medida que aumenta o porte das redes complexas, as afirmações anteriores começam a se inverter. Ao mesmo tempo em que a representação gráfica e a análise visual tornam-se mais difíceis ou completamente inviáveis, as estatísticas passam a ser relevantes.

A teoria de redes complexas usa o formalismo matemático da teoria dos grafos juntamente com a análise baseada em ferramentas da estatística. A seguir descrevem-se rapidamente alguns conceitos básicos, propriedades e modelos de redes complexas.

2.2.1 Conceitos básicos

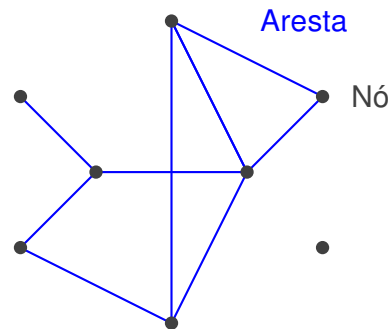


Figura 2.1: Um exemplo de rede com 8 nós e 9 arestas.

Uma **rede** (também chamada **grafo** na literatura matemática), é basicamente descrita como um conjunto de items, chamados *vértices* ou *nós*, os quais estão conectados entre si por *arestas* (ver Figura 2.1) (NEWMAN, 2003). De forma mais formal, um grafo é definido como um par de conjuntos $G = \{P, E\}$, onde P é um conjunto de N nós (ou vértices ou pontos) P_1, P_2, \dots, P_N e E é o conjunto de arestas (ou ligações ou linhas) que conectam dois elementos de P . Os grafos são usualmente representados como um conjunto de pontos, cada um correspondente a um nó, dois desses pontos sendo unidos por uma linha se os correspondentes nós são conectados (ALBERT; BARABÁSI, 2002).

Um conjunto de vértices unidos por arestas é o tipo de rede mais simples; a Figura 2.2 mostra alguns exemplos de tipos de redes, as quais podem ter vários tipos de vértices e/ou vários tipos de arestas. Os vértices ou arestas podem ter variedade de propriedades, numéricas ou não, associadas a eles. Por exemplo, numa rede social de pessoas, os vértices podem representar homens ou mulheres, pessoas com diferentes nacionalidades, lugares, idades, renda ou alguma outra característica. As arestas podem representar

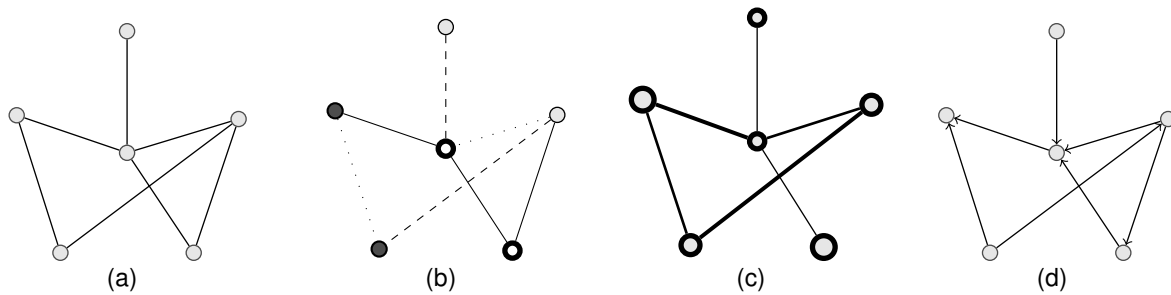


Figura 2.2: Exemplos de vários tipos de redes: (a) Uma rede sem direção com só um único tipo de vértice e um único tipo de aresta; (b) uma rede com vários tipos de vértices e de arestas; (c) uma rede com vértices variados e arestas com pesos; (d) uma rede direcionada na qual cada aresta tem uma direção.

amizade, conhecidos da faculdade ou proximidade geográfica, elas podem ser distinguíveis de acordo com algum tipo de característica compartilhadas pelos nós, por exemplo, o meio como uma pessoa conhece a outra (escola, universidade, trabalho, etc.) e podem estar direcionadas em algum sentido. Grafos compostos por arestas orientadas (direcionadas) são também chamados grafos dirigidos ou algumas vezes *dígrafos*. Também existem as hiperarestas ("hyperedges") -arestas que juntam mais de dois vértices. Grafos que contém tais arestas são chamadas hipergrafos (NEWMAN, 2003).

Na Figura 2.3 são mostrados alguns exemplos de redes reais e alguns outros exemplos mencionados em Albert e Barabási (2002), são:

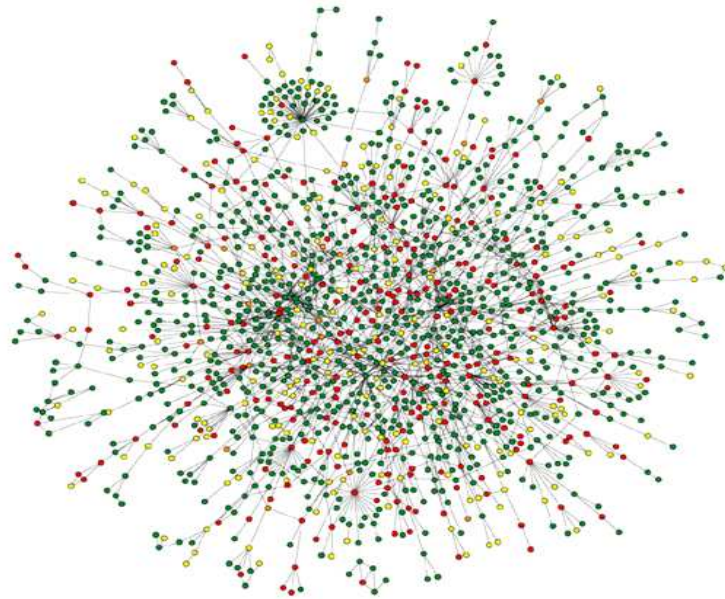
World Wide Web. (WWW) , que significa "rede de alcance mundial", é um sistema de documentos em hipermídia que são interligados e executados na Internet.

Internet. É uma rede de enlaces físicos entre computadores e outros dispositivos de telecomunicações.

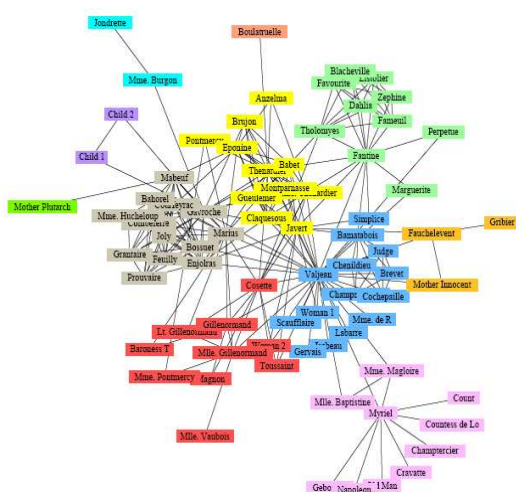
Rede de colaboradores de atores de filmes. Nesta rede os nós são os atores, e dois nós tem em comum uma aresta se os dois atores participaram num mesmo filme.

Rede de contato sexual entre humanos. Muitas doenças transmitidas sexualmente, incluindo a AIDS, espalham-se sobre uma rede de relacionamento sexuais.

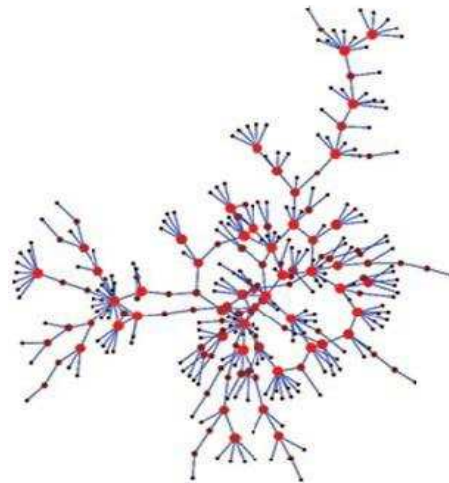
Redes celulares. Nesta rede os nós são substâncias e as arestas representam as reações químicas.



(a) Rede que representa as interações entre as proteínas (proteoma) da levedura da cerveja de nome científico *Saccharomyces cerevisiae*. O código de cores dos vértices representa os efeitos da remoção dos genes que expressam a respectiva proteína (vermelha=letal, verde=não letal, laranja=crescimento lento, amarelo=desconhecido) (JEONG et al., 2000).



(b) Rede de interações entre os principais personagens na novela *Les Misérables*, em que cada nó representa um personagem e as arestas as relações entre eles (NEWMAN; GIRVAN, 2004).



(c) Rede de contactos sexuais entre indivíduos em Colorado Springs (USA), em que cada nó representa um indivíduo e as arestas representam o contacto sexual entre eles (POTTERAT et al., 2002).

Figura 2.3: Exemplos de redes reais

Rede de telefonema . Um grafo pode ser construído com a trajetória das ligações de longa distância, onde os nós são os números dos telefones e cada ligação completada é uma aresta, diretamente desde o que liga ao receptor.

Redes biológicas . Um número de sistemas biológicos podem ser representados como redes. Talvez o exemplo mais clássico das redes biológicas é a rede de trajetórias metabólicas. Estudos das propriedades estatísticas das redes metabólicas tem sido realizados por, Jeong et al. (2000), Fell e Wagner (2000) e Wagner e Fell (2001) e Stelling et al. (2002) (citadas por Newman (2003)). Um outro exemplo de redes em biologia, são as cadeias alimentares, nas quais os vértices representam espécies em um ecossistema e uma aresta direcionada desde uma espécie A a uma espécie B indica que A é presa de B . Newman (2003) apresenta algumas referências sobre artigos que proporcionam conjuntos de dados e estudos estatísticos sobre topologia de redes no contexto de cadeias alimentares. As redes neurais são outro importante exemplo de redes biológicas.

2.2.2 Propriedades das redes

A seguir apresentam-se algumas definições úteis encontradas na literatura sobre grafos:

Vértices Unidade fundamental de uma rede, também chamadas nós.

Aresta A linha que conecta dois vértices.

Direcionado/não direcionado Uma aresta é direcionada se ela vai em um só sentido e não direcionada se ela pode ir em ambas as direções. Um grafo é direcionado se todas as suas arestas são direcionadas.

Grau (degree) O número de arestas conectadas a um vértice.

Distribuição de conectividades Informa como se distribuem as ligações pelos nós, dá a probabilidade de um nó ter k ligações.

Coeficiente de agrupamento (clustering)

Uma propriedade comum das redes sociais é que formam cliques, representando círculos de amigos ou conhecidos nos quais cada membro conhece todos os outros membros. Esta tendência inerente a agrupamentos é quantificada pelo coeficiente de agrupamento (Watts e Strogats, 1998) . Seja o nó i na rede, contendo k_i arestas que o conectam a outros k_i nós. Se os primeiros vizinhos do nó original fazem parte de um clique, haverão $k_i(k_i - 1)/2$ arestas entre eles. A razão entre o número de arestas E_i que realmente existem

entre esses k_i nós e o número total $k_i(k_i - 1)/2$ dá o valor do coeficiente de agrupamento do nó i

$$C_i = \frac{2E_i}{k_i(k_i - 1)}$$

O coeficiente de agrupamento de toda a rede é dada pela média de todos os C_i 's. Em um grafo aleatório, como as arestas são distribuídas aleatoriamente, o coeficiente de agrupamento é $C = p$, com p sendo a probabilidade de dois nós vizinhos serem conectados. Watts e Strogatz chamaram a atenção para o fato de que o coeficiente de agrupamento na maioria das redes reais é muito maior que o de uma rede aleatória com o mesmo número de nós e arestas (ALBERT; BARABÁSI, 2002).

2.2.3 Modelos de redes

Como se menciona na seção anterior as redes possuem organizações topológicas específicas e podem estar relacionadas a um sistema físico real. Destacamos a importância das redes complexas provindas de modelos matemáticos que buscam reproduzir os aspectos que emergem das redes complexas reais.

A seguir descreve-se rapidamente os modelos clássicos de redes.

Rede de Erdős e Rényi

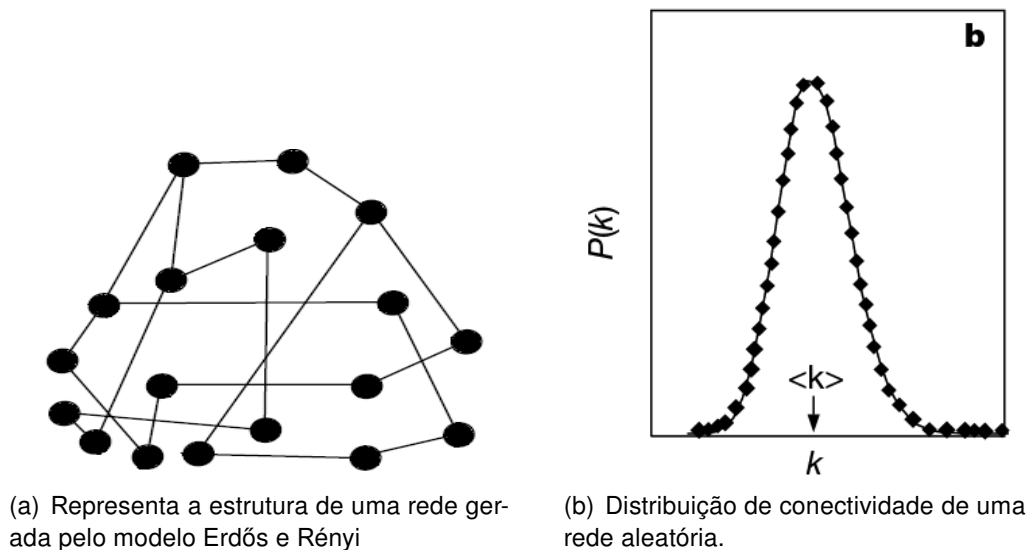


Figura 2.4: Exemplo rede Erdős e Rényi.

Num dos primeiros artigos sobre grafos aleatórios, Erdős e Rényi definem um grafo aleatório como sendo N nós conectados por n arestas as quais são selecionadas dentre as $\frac{N(N-1)}{2}$ arestas possíveis (ERDŐS P. E RÉNYI, 1959). No total há $\mathbf{C}_{\frac{N(N-1)}{2}}^n$ grafos com N nós

e n arestas, formando o espaço de probabilidade na qual cada realização é equiprovável (ALBERT; BARABÁSI, 2002).

Uma alternativa e definição equivalente de um grafo aleatório é o chamado modelo binomial. Ele começa com N nós, cada par de nós estando conectado com probabilidade p . Consequentemente, o número total de arestas é uma variável aleatória com valor esperado $E(n) = p \frac{N(N-1)}{2}$. Se G_0 é um grafo com nós P_1, P_2, \dots, P_N e n arestas, a probabilidade de obter isto por este processo de construção de grafos é $P(G_0) = p^n (1-p)^{\frac{N(N-1)}{2} - n}$.

A conectividade de uma rede pode ser caracterizada pela probabilidade, $P(k)$, que um nó tenha k ligações. Para rede aleatórias $P(k)$ é fortemente apontada em $k = \langle k \rangle$ e decai exponencialmente para valores grandes de k , que é $P(k) \approx e^{-k}$ para $k \gg \langle k \rangle$ e $k \ll \langle k \rangle$, como se mostra na Figura 2.4 (JEONG et al., 2000).

Na teoria das redes complexas, uma rede aleatória é construída definindo um conjunto de vértices e conectando pares de vértices com probabilidade p . Portanto, com $p = 0$, obtém-se uma rede completamente fragmentada, e no outro extremo com $p = 1$ se tem uma rede completamente conectada. Uma variação na construção da rede aleatória é definir o número máximo de arestas.

Rede regular

Nas *redes regulares* as conexões são distribuídas somente entre os vizinhos topológicos de cada vértice. Na figura 2.5 tem-se um exemplo de uma rede regular quadrada com 25 nós e 50 arestas, onde cada nó está ligado com seus 4 vizinhos mais próximos.

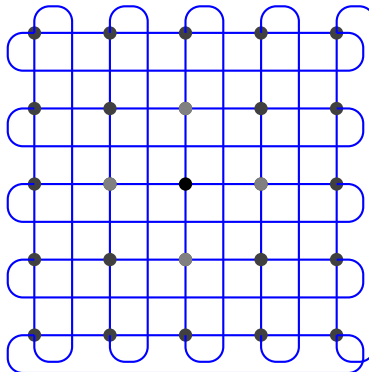


Figura 2.5: Um exemplo de rede regular ou lattice com 25 nós e 50 arestas.

O mecanismo de montagem da rede regular resulta numa forte simetria topológica. Desconsiderando os vértices da borda, todos os outros vértices possuem uma vizinhança indistinguível, é possível obter máxima simetria se conectarmos os vértices de uma borda

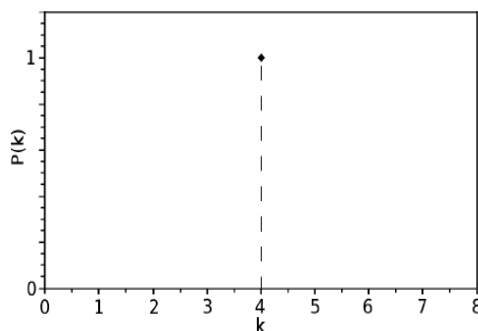


Figura 2.6: Distribuição de conectividade de uma rede regular com condições de contorno periódicas, todos os vértices são topologicamente equivalentes, portanto, aparece um pico no valor médio do grau da rede

à sua borda oposta. Outros processos podem levar à construção dessa (ou de outra) rede regular, cuja principal característica é a regularidade (simetria) da suas conexões e não necessariamente, a conexão adjacente com os vizinhos espaciais (ROCHA, 2007).

Com condições de contorno periódicas, a distribuição de conectividade da rede apresenta um pico normalizado de altura 1 em $k = \langle k \rangle$, na Figura 2.6 se mostra um exemplo com $k = 4$. Esse modelo de construção da rede regular resulta numa rede onde necessariamente o coeficiente de aglomeração é igual a zero devido à simetria de conexão. Além disso, como as conexões são de curto alcance, a distância média entre dois vértices quaisquer da rede cresce proporcionalmente com o tamanho da rede, ou seja, $\langle d \rangle \sim N^{1/2}$.

As redes regulares são consideradas aquelas em que todos os vértices têm o mesmo grau e as redes complexas são definidas como redes cujos vértices podem apresentar diferentes graus entre si. Assim as redes regulares são consideradas casos particulares das redes complexas. Isto é, o conjunto das redes complexas contém o das regulares.

Rede mundo pequeno (WS)

Este modelo tem suas raízes no sistema social em que muitas pessoas são amigas de seus vizinhos mais próximos ao mesmo tempo em que todos têm um ou dois amigos que estão fora desta vizinhança mais próxima, pessoas de outro país, que são representados pelas arestas de longo alcance obtidas pelas reconexões no modelo (WATTS; STROGATZ, 1998). Em 1998, eles propuseram um modelo uniparamétrico que interpola entre a rede ordenada e o grafo aleatório. O procedimento de reconectar os vértices do modelo WS transforma uma rede regular em uma rede aleatória sem fazer mudança no número de vértices ou de ligações. Inicia-se com uma rede com L vértices, cada um conectado a

seus k vizinhos mais próximos. Escolhe-se um vértice e uma ligação que o conecta a um de seus vizinhos. Com uma probabilidade p de reconectar essa ligação a um outro vértice escolhido aleatoriamente, repete-se o mesmo processo para todas as ligações da rede original. O modelo WS pode ser construído em redes de qualquer dimensão ou topologia. No modelo WS são proibidas as formações de ligações duplas e de auto-ligações. Esse processo é ilustrado na Figura 2.7 (NEWMAN, 2003).

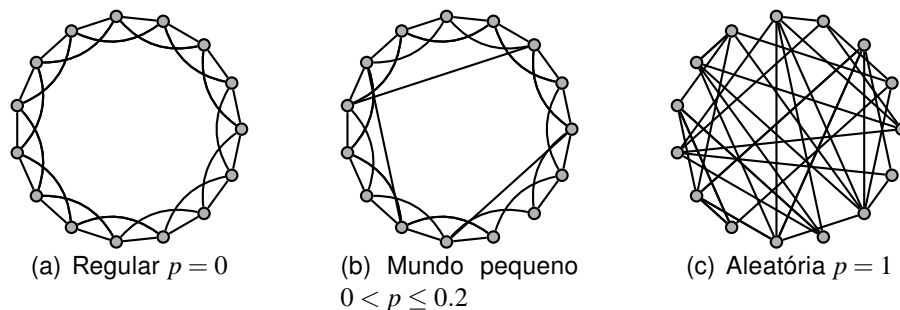


Figura 2.7: Exemplo do modelo WS com $N = 20$ nós para três diferentes valores de p .

O processo de reconexão permite ao modelo WS transformar uma rede com características de rede regular em uma rede aleatória. Quando a probabilidade de reconexão é zero ($p = 0$), temos uma rede regular, e o coeficiente de agrupamento dessa rede vale

$$C = \frac{3k - 3}{4k - 2}, \quad (2.1)$$

quando $k \rightarrow \infty$ tem-se que C tende para $3/4$. Quando $p = 1$, cada ligação é reconectada a um novo vértice transformando a rede regular numa rede aleatória, com distância geodésica típica da ordem de $\frac{\ln L}{\ln k}$, mas com coeficiente de agrupamento muito baixo $C \simeq \frac{2k}{L}$. Watts e Strogatz mostraram, em cálculos numéricos do coeficiente de agrupamento e da distância geodésica, que existe um razoável intervalo da probabilidade p para o qual o modelo apresenta simultaneamente distância geodésica baixa e coeficiente de agrupamento alto.

Rede livre de escala

O modelo para redes livres de escala mais utilizado atualmente é o modelo de Barabási-Albert. Neste modelo as redes apresentam uma ordem na dinâmica de estruturação, com características bem específicas. Uma das principais características, denominada conexão preferencial, é a tendência de um novo vértice se conectar a um vértice da rede que tem

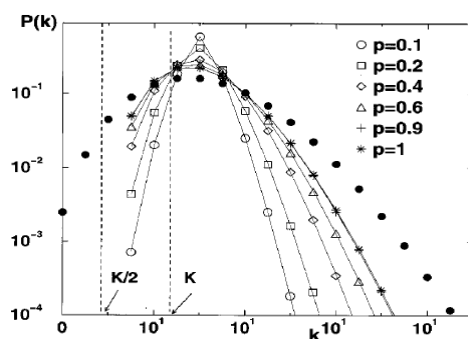


Figura 2.8: Distribuição de conectividades do modelo WS para $K = 3$ e vários valores de p . Os símbolos representam os valores obtidos por simulação com $N = 1000$ e as linhas correspondem à probabilidade teórica (ALBERT; BARABÁSI, 2002).

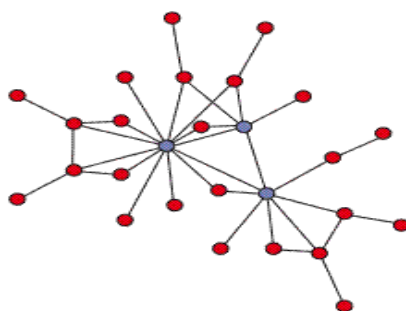


Figura 2.9: Exemplo grafo livre de escala, os nós em azul são denominados *hubs*, vértices altamente conectados

um grau elevado de conexões. Essa característica implica em redes com poucos vértices altamente conectados, denominados *hubs*, e muito vértices com poucas conexões (BARABÁSI; BONABEAU, Mai, 2003). Um exemplo deste tipo de rede é mostrado na Figura 2.9.

Barabási e Albert (1999) sugeriram um mecanismo dinâmico simples e plausível para o aparecimento de redes livres de escala com nós altamente conectados. A ideia básica do modelo é a de que as redes não são construídas de uma só vez, mas sim ao longo do tempo e que, apesar do processo de construção ter ingredientes aleatórios, obedece também a certas regras. Mais precisamente, consideraram que à medida que a rede cresce e que novos nós são acrescentados, estes vão se ligar preferencialmente aos nós com maior grau. Este cenário é plausível para muitas redes grandes.

A construção de uma rede livre de escala começa com grafo de m_0 vértices. A cada iteração adiciona-se um novo vértice a rede, conectando-o a um número m de vértices já presentes no sistema, sendo que $m \leq m_0$. A escolha dos vértices é feita obedecendo a

característica da conexão preferencial. Em cada iteração cada vértice possui uma probabilidade (p) de adquirir uma nova conexão. Esta probabilidade é calculada dinamicamente, e depende do número de conexões que o vértice possui em cada instante de tempo. A probabilidade de que um vértice receba uma nova conexão é expressa pela equação:

$$p(k_i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j}$$

ou seja, a probabilidade de que um vértice i seja conectado ao novo vértice introduzido é expressa como a razão entre seu número atual de conexões (k_i) e o número total de conexões na rede. Assim, pode-se notar que os vértices com maior número de conexões têm maior probabilidade de receber novas conexões. Ao final do processo de crescimento de uma rede de $N + m_0$ vértices, obtém-se um grafo cuja distribuição de conectividades segue uma lei de potências da forma $P(k) = 2m^2 k^{-\gamma}$, com $\gamma = 3$ e conectividade média $\langle k \rangle = 2m$ (BARABÁSI; BONABEAU, Mai, 2003).

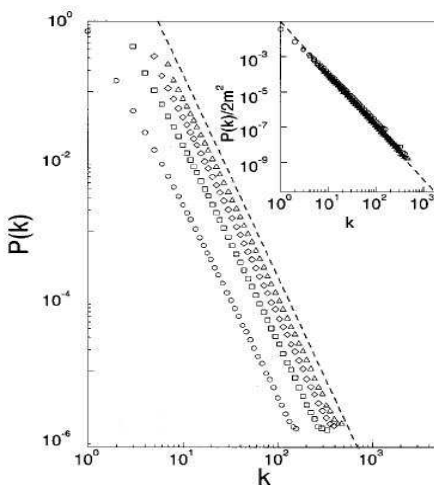


Figura 2.10: Distribuição de conectividade do modelo livre de escala, com $N = m_0 + t = 300000$ e $m_0 = m = 1$ (círculo), $m_0 = m = 3$ (quadrado), $m_0 = m = 5$ (rombo) e $m_0 = m = 7$ (triângulo). A inclinação da linha pontilhada é $\gamma = 2.9$ (Tomado de Albert e Barabási (2002)).

Ao final da década de 1990, começou um especial interesse pelo estudo das redes complexas ao perceber que estas poderiam ajudar a entender a dinâmica de doenças como a AIDS. A identificação das redes é de grande utilidade para compreender a rápida propagação de doenças infecciosas, como foi o caso da síndrome respiratória aguda grave (SRAG) em 2003, que apareceu em Hong Kong, estendeu-se à América do Norte e Europa (LEUNG, 2003).

Na seguinte seção apresentamos um resumo sobre modelos epidemiológicos clássicos que junto com as redes complexas são base para o desenvolvimento de nosso modelo matemático para a influenza.

2.3 Modelos epidemiológicos

A construção de modelos matemáticos é uma das ferramentas mais utilizadas em diferentes estudos em medicina, biologia, fisiologia, bioquímica, epidemiologia, entre outras áreas do conhecimento; onde os principais objetivos são descrever, explicar e prognosticar fenômenos e processos. Os modelos também podem ser extremamente úteis para dar estimativas razoáveis para o nível de vacinação para o controle de doenças infecciosas transmitidas diretamente.

Nos modelos clássicos considera-se a população total como constante. Se um grupo pequeno de indivíduos infectados é introduzido em uma população grande, um problema básico é descrever a dispersão da infecção dentro da população como função do tempo. Naturalmente essa depende de vários aspectos, incluindo a doença envolvida, mas como uma primeira experiência para a modelagem da transmissão direta da doença se fazem algumas suposições gerais razoáveis.

O principal parâmetro utilizado em epidemiologia é o número básico reprodutivo R_0 , definido como o número médio de infectados a partir de um indivíduo infectado quando esse é introduzido dentro de uma população de indivíduos susceptíveis (DIEKMANN et al., 1990).

A seguir descreve-se brevemente vários modelos matemáticos que são utilizados para estudar a propagação de doenças infecciosas.

2.3.1 SIR

Considere uma doença em que a população pode ser dividida em três classes diferentes: indivíduos susceptíveis (S), que podem pegar a doença; os indivíduos infectados (I), que têm a doença e podem transmiti-la; e os indivíduos recuperados (R), ou seja, aqueles que tiveram a doença e se recuperaram, se tornando imunes. O progresso da doença nos indivíduos é esquematicamente representado por

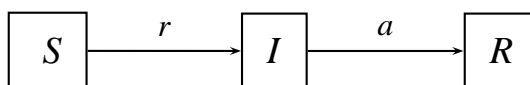


Figura 2.11: Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo SIR .

Tais modelos são chamados **modelos SIR**. O número de classes depende da doença.

Os modelos SI , por exemplo, tem só duas classes de indivíduos, susceptíveis e infectados, enquanto os **modelos SEIR** têm quatro classes de indivíduos, susceptíveis (S), expostos (E), infectados (I) e recuperados (R).

As hipóteses apresentadas sobre a transmissão da infecção e período de incubação são essenciais em qualquer modelo; estes fatores se refletem nos termos das equações e parâmetros. Seja $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ representam a concentração do número de indivíduos em cada classe no tempo t e assumam-se que (MURRAY, 2002):

- (i) O aumento na classe de indivíduos infectados é proporcional ao número de infectados e susceptíveis, isto é, rSI , onde $r > 0$ é um parâmetro constante. Os susceptíveis diminuem na mesma taxa.
- (ii) A taxa de transferência de infectados para a recuperados é proporcional ao número de infectados, ou seja, aI onde $a > 0$ é uma constante; $\frac{1}{a}$ é uma medida do tempo gasto no estado infeccioso.
- (iii) O período de incubação é suficientemente curto para ser insignificante, ou seja, o indivíduo suscetível que adquire a doença se converte imediatamente em um indivíduo infectado.

Considera-se que cada par de indivíduos têm igual probabilidade de entrar em contato um com outro. O modelo baseado nas hipóteses anteriores é então

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -rSI, \\ \frac{dI}{dt} &= rSI - aI, \\ \frac{dR}{dt} &= aI,\end{aligned}\tag{2.2}$$

onde $r > 0$ é a taxa de contágio e $a > 0$ a taxa de transferência de infectados. Este é o modelo clássico Kermack-McKendrick (1927) (MURRAY, 2002). O interesse é, naturalmente, apenas pelas soluções não negativas para o S , I e R .

Faz-se o tamanho da população constante incorporando ao sistema (2.2) a equação

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \quad \Rightarrow \quad S(t) + I(t) + R(t) = N,\tag{2.3}$$

sendo N o tamanho total da população. Assim, S , I e R são delimitadas por N . A formulação matemática do problema epidemiológico é completada dadas as condições iniciais tais como

$$S(0) = S_0 > 0, \quad I(0) = I_0 > 0, \quad R(0) = 0.\tag{2.4}$$

Uma questão fundamental em qualquer situação epidemiológica é, dado r , a , S_0 e o número inicial de infectados I_0 , se a doença vai-se espalhar ou não, e em caso afirmativo como a doença se desenvolve com o tempo e quando esta irá começar a diminuir. A partir da segunda equação de (2.2),

$$\left[\frac{dI}{dt} \right]_{t=0} = I_0(rS_0 - a) \begin{cases} > 0 \\ < 0 \end{cases} \quad \text{se} \quad S_0 \begin{cases} > \rho \\ < \rho \end{cases}, \quad \rho = \frac{a}{r} \quad (2.5)$$

e desde a primeira equação de (2.2), $\frac{dS}{dt} \leq 0$, $S \leq S_0$ tem-se, se $S_0 < a/r$,

$$\frac{dI}{dt} = I(rS - a) \leq 0 \quad \text{para todo} \quad t \geq 0, \quad (2.6)$$

caso em que $I_0 > I(t) \rightarrow 0$ quando $t \rightarrow \infty$, ou seja, a doença morre; que é quando a epidemia não pode ocorrer. Por outro lado se $S_0 > a/r$ então $I(t)$ aumenta inicialmente e tem-se uma epidemia. O termo “epidemia” significa que $I(t) > I_0$ para alguns $t > 0$. Assim, tem-se um fenómeno limiar. Se $S_0 > S_c = a/r$ ocorre uma epidemia, enquanto se $S_0 < S_c$ esta não ocorre. O parâmetro crítico $\rho = a/r$ às vezes é chamado de taxa de remoção relativa e sua recíproca $\sigma = r/a$ a taxa de contato da infecção. Escrevendo

$$R_0 = \frac{rS_0}{a},$$

obtemos R_0 que é a taxa básica de reprodução da infecção, ou seja, o número de infecções secundárias produzidas por um indivíduo infectado em uma população suscetível. Aqui $1/a$ é o período médio da infecção. Se mais de uma infecção secundária é produzida a partir de uma infecção primária, ou seja, $R_0 > 1$, decorre uma epidemia. A definição e cálculo ou estimativa da taxa básica reprodução é fundamental e pode ser complicada (MURRAY, 2002).

Claramente uma forma de reduzir a taxa de reprodução é reduzir o número de suscetíveis, S_0 , a vacinação é o método comum de fazer isso. Nos Estados Unidos a vacinação reduziu a incidência de sarampo de 894134 casos notificados em 1941 para 135 em 1997, e para a pólio de 21269 em 1952 para o último caso nacional de vírus selvagem da pólio notificado em 1979, com reduções semelhantes em outras doenças infantis. A vacinação em massa é um dos meios mais baratos e mais eficazes de controle de uma doença. A vacinação não somente fornece proteção para o indivíduo como também para a comunidade em geral, uma vez que mantém a taxa efetiva de reprodução da doença abaixo do nível que permitiria começar uma epidemia (MURRAY, 2002).

2.3.2 SEIR

O modelo que considera o estado de indivíduos exposto, é denominado SEIR, ou seja, os indivíduos podem ser particionados em quatro estados susceptíveis (S), expostos (E), infectados (I) e recuperados (R).

O progresso da doença nas pessoas é esquematicamente representado por

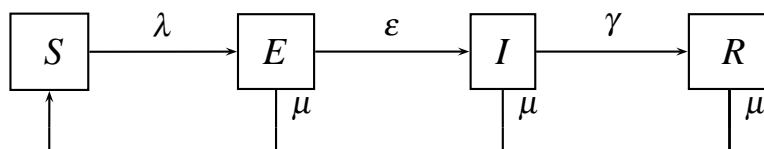


Figura 2.12: Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo $SEIR$.

O sistema de equações diferenciais baseado no diagrama anterior é:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\lambda IS + \mu - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \lambda IS - (\varepsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \varepsilon E - (\gamma + \mu)I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}\tag{2.7}$$

com $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = 1$ e onde os parâmetros γ, μ, λ e ε são positivos. Aqui $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ representam a concentração do número de indivíduos em cada estado da doença. A taxa de natalidade e do índice de mortalidade são supostos iguais (denotado por μ) e, em conseqüência, a população total está em equilíbrio; a taxa de incidência (taxa de novas infecções) é descrito pelo termo λIS . Em alguns estudos tem-se considerado a taxa de incidência de forma não linear usando o termo $\lambda I^p S^q$ onde p e q são parâmetros positivos (para mais detalhes ver Liu et al. (1987), Li e Wang (2002)).

As condições iniciais para o sistema (2.7), satisfazem:

$$S(0) \geq 0, \quad E(0) \geq 0, \quad I(0) \geq 0, \quad R(0) \geq 0,$$

A região factível para (2.7) é (LI; MULDOWNNEY, 1995)

$$\Gamma = \{(S, E, I, R) \in \mathbf{R}_+^4 : S + E + I + R = 1\}\tag{2.8}$$

Escrevendo $R(t) = 1 - S(t) - E(t) - I(t)$ o sistema de equações (2.7) pode ser reduzido a

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\lambda IS + \mu - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \lambda IS - (\varepsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= \varepsilon E - (\gamma + \mu)I\end{aligned}\quad (2.9)$$

O comportamento dinâmico de (2.7) em Γ é equivalente a (2.9).

As soluções constantes de uma equação diferencial são chamadas *pontos de equilíbrio*. As soluções constantes ocorrem quando as derivadas são nulas.

O R_0 para este modelo é

$$R_0 = \frac{\lambda \varepsilon}{(\gamma + \mu)(\varepsilon + \mu)} \quad (2.10)$$

Se $R_0 < 1$, então o sistema 2.7 têm um único ponto de equilíbrio, a saber o equilíbrio livre de doença (P_0), e se $R_0 > 1$, então existem dois pontos de equilíbrio, um equilíbrio livre de doença e um equilíbrio endêmico (P^*) (THIEME, 2003)

$$\begin{aligned}P_0(S_0, E_0, I_0, R_0) &= (1, 0, 0, 0) \\ P^*(S^*, E^*, I^*, R^*) &= (S^*, E^*, I^*, R^*)\end{aligned}$$

em que

$$\begin{aligned}S^* &= \frac{1}{R_0} & E^* &= \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} I^* \\ I^* &= \frac{\mu(R_0 - 1)}{\lambda} & R^* &= 1 - \frac{1}{R_0} - \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} I^* - I^*\end{aligned}$$

$\mu + \gamma$ é a taxa em que os indivíduos deixam o estado infeccioso para o estado recuperado ou por morte natural. Assim,

$$\tau_1 = \frac{1}{\mu + \gamma}$$

é o tempo médio da permanência no estado infeccioso (durante um ciclo da infecção). O tempo médio da permanência no estado infeccioso tem que ser distinto da duração média $D_1 = 1/\gamma$ do período infeccioso. O primeiro leva em conta a morte durante o período infeccioso, o segundo não faz. Na maioria das doenças da infância as duas taxas são muito próximas, contanto que a taxa de mortalidade seja muito pequena comparada com a taxa de recuperação da doença (THIEME, 2003).

$\mu + \varepsilon$ é a taxa em que o indivíduo deixa o estado exposto para se tornar infeccioso ou

por morte natural. Assim,

$$\tau_E = \frac{1}{\mu + \varepsilon}$$

é o tempo médio da permanência no estado exposto. ε é a taxa com que o indivíduo exposto se torna infeccioso. Logo,

$$P_E = \frac{\varepsilon}{\mu + \varepsilon}.$$

é a probabilidade de sobreviver ao período de exposição.

Os modelos básicos podem ser adaptados às características de doenças específicas. Por exemplo, é possível conferir imunidade aos indivíduos durante um determinado intervalo de tempo, novos indivíduos podem entrar na população mediante nascimentos e migrações, assim como pessoas podem sair mediante processos de migração ou morte.

No seguinte capítulo apresentamos o modelo *SEIR* proposto para estudar a dinâmica da influenza, apresentamos seus pontos de equilíbrio e os resultados obtidos a partir da simulação.

3 Dinâmica da transmissão da influenza

Os modelos epidemiológicos estudam a dinâmica de transmissão de doenças infecciosas em populações hospedeiras. Tipicamente, antes de começar a infecção, os hospedeiros ficam num período latente ou de exposição. No estado infeccioso o hospedeiro pode morrer pela doença ou pode se recuperar adquirindo imunidade. Assim, a população pode ser particionada em susceptíveis $S(t)$, expostos $E(t)$, infectados $I(t)$ e recuperados $R(t)$, de acordo com o período de desenvolvimento da doença que cada indivíduo apresenta.

O estudo da dinâmica de uma doença transmissível consiste essencialmente em estabelecer como a quantidade de indivíduos pertencentes a cada um dos compartimentos varia à medida que o tempo passa.

Neste capítulo, introduzimos o modelo *SEIR* para a influenza, através de um sistema de equações diferenciais ordinárias, e analisamos seu comportamento. Em seguida descrevemos a simulação da dinâmica de contágio em uma população subdividida em demes usando três tipos de redes complexas: mundo pequeno, escala livre e rede regular. Utilizamos dois cenários, um em que a população não é vacinada e outro em que uma proporção da população inicial é vacinada, com dois tipos de amostragem de indivíduos.

3.1 O modelo

A dinâmica de transferência de indivíduos entre os diferentes estados da doença pode ser representada pelo diagrama da figura 3.1.

β é a taxa com que um indivíduo suscetível torna-se exposto, e é denominado coeficiente de transmissão ou contato

κ é a taxa com que um indivíduo exposto torna-se infectado

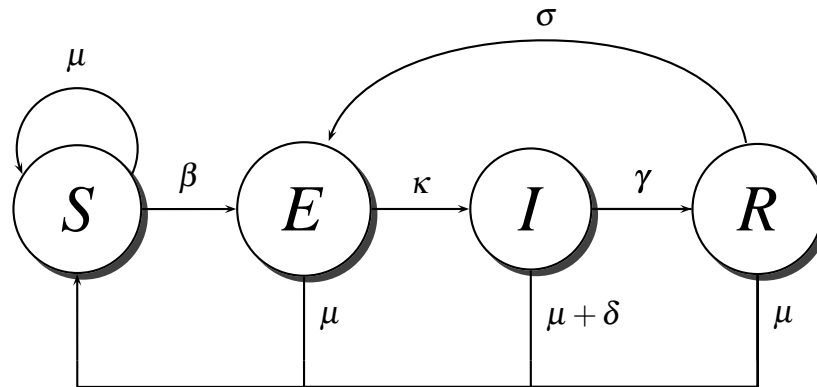


Figura 3.1: Diagrama da dinâmica da transferência para o modelo $SEIR$, $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ são o número de indivíduos suscetíveis, expostos, infectados e recuperados

γ é a taxa com que um indivíduo infectado torna-se recuperado, é denominado constante de remoção

μ é a taxa de morte de natural

δ é a taxa de morte por causa da doença

σ é taxa com que um indivíduo recuperado torna-se exposto

Aqui, a taxa de nascimento e morte é assumida idêntica e denotada por μ . A taxa de transmissão horizontal da infecção pode ser expressa pelo termo βSI . Os indivíduos expostos tornam-se infectados a uma taxa κE e os indivíduos infectados recuperam-se a uma taxa γI .

Usando o diagrama de transferência da Figura (3.1), pode-se deduzir o seguinte sistema de equações diferenciais

$$\begin{aligned}
 S'(t) &= \mu [E(t) + I(t) + R(t)] + \delta I(t) - \beta S(t)I(t) \\
 E'(t) &= \beta S(t)I(t) + \sigma I(t)R(t) - (\kappa + \mu)E(t) \\
 I'(t) &= \kappa E(t) - (\mu + \delta + \gamma)I(t) \\
 R'(t) &= \gamma I(t) - (\sigma I(t) + \mu)R(t)
 \end{aligned} \tag{3.1}$$

com $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = 1$. Denotamos $\frac{\partial Z}{\partial t} = Z'(t)$.

Assim, temos que $R(t) = 1 - S(t) - E(t) - I(t)$, então o sistema (3.1) pode ser escrito como

$$\begin{aligned} S'(t) &= \mu - \mu S(t) + \delta I(t) - \beta S(t)I(t) \\ E'(t) &= \beta S(t)I(t) + \sigma I(t) - \sigma S(t)I(t) - \sigma E(t)I(t) - \sigma I^2(t) - (\kappa + \mu)E(t) \\ I'(t) &= \kappa E(t) - (\mu + \delta + \gamma)I(t) \\ R'(t) &= \gamma I(t) - (\sigma I(t) + \mu)R(t) \end{aligned} \quad (3.2)$$

e como foi feito em Li et al. (1999), entre outros, o sistema de equações (3.1) pode ser reduzido a

$$S'(t) = \mu - \mu S(t) + \delta I(t) - \beta S(t)I(t) \quad (3.3)$$

$$E'(t) = \beta S(t)I(t) + \sigma I(t) - \sigma S(t)I(t) - \sigma E(t)I(t) - \sigma I^2(t) - (\kappa + \mu)E(t) \quad (3.4)$$

$$I'(t) = \kappa E(t) - (\mu + \delta + \gamma)I(t) \quad (3.5)$$

para este sistema temos que $P_0(S, E, I) = (1, 0, 0)$ é um ponto de equilíbrio trivial (equilíbrio livre de doença). A matriz Jacobiana para o sistema (3.3)-(3.5) é

$$M = \begin{pmatrix} -\mu - \beta I(t) & 0 & \delta - \beta S(t) \\ \beta I(t) - \sigma I(t) & -\sigma I(t) - \kappa - \mu & \beta S(t) + \sigma - \sigma S(t) - \sigma E(t) - 2\sigma I(t) \\ 0 & \kappa & -\mu - \sigma - \gamma \end{pmatrix} \quad (3.6)$$

Agora M calculada no ponto P_0 é

$$M_{P_0} = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & \delta - \beta \\ 0 & -\kappa - \mu & \beta \\ 0 & \kappa & -\mu - \sigma - \gamma \end{pmatrix} \quad (3.7)$$

O polinómio característico de M_{P_0} é

$$X^3 + a_1 X^2 + a_2 X + a_3 = 0, \quad (3.8)$$

em que

$$a_1 = -\gamma - \kappa - 3\mu - 2\sigma$$

$$a_2 = \beta\kappa - \gamma\kappa - 2\gamma\mu - 2\kappa\mu - 3\mu^2 - \gamma\sigma - \kappa\sigma - 4\mu\sigma - \sigma^2$$

$$a_3 = \beta\kappa\mu - \gamma\kappa\mu - \gamma\mu^2 - \kappa\mu^2 - \mu^3 - \gamma\mu\sigma - \kappa\mu\sigma - 2\mu^2\sigma - \mu\sigma^2.$$

Seguindo o mesmo procedimento de Liu et al. (1987), temos que um dos valores próprios do polinómio (3.1) é $X = -\mu$ e as outras duas são as raízes de

$$X^2 + (2\mu + \kappa + \delta + \gamma)X + (\kappa + \mu)(\mu + \delta + \gamma) - \kappa\beta = 0$$

Se $R_0 = \frac{\kappa\beta}{(\kappa + \mu)(\mu + \delta + \gamma)} < 1$, todos os três valores próprios tem parte real negativa e o equilíbrio trivial é assintoticamente local estável.

Com o intuito de facilitar os cálculos, para encontrar o ponto de equilíbrio não trivial, escrevemos $E(t) = 1 - S(t) - I(t) - R(t)$ e usamos as equações do sistema 3.1

$$S'(t) = \mu - \mu S(t) + \delta I(t) - \beta S(t)I(t) \quad (3.9)$$

$$I'(t) = \kappa [1 - S(t) - I(t) - R(t)] - (\mu + \delta + \gamma)I(t) \quad (3.10)$$

$$R'(t) = \gamma I(t) - (\sigma I(t) + \mu)R(t) \quad (3.11)$$

e $P_1 = (S^*, I^*, R^*)$ partimos de

$$0 = \mu - \mu S(t) + \delta I(t) - \beta S(t)I(t) \quad (3.12)$$

$$0 = \kappa [1 - S(t) - I(t) - R(t)] - (\mu + \delta + \gamma)I(t) \quad (3.13)$$

$$0 = \gamma I(t) - (\sigma I(t) + \mu)R(t) \quad (3.14)$$

de 3.12 podemos escrever $S^*(t) = \frac{\mu + \delta I^*(t)}{\mu + \beta I^*(t)}$ e de 3.14 $R^*(t) = \frac{\gamma I^*(t)}{\sigma I^*(t) - \mu}$.

A matriz jacobiana no ponto $P_1 = (S^*, I^*, R^*)$ é

$$M_{P_1} = \begin{pmatrix} -\mu - \beta I^*(t) & \delta - \beta \frac{\mu + \delta I^*(t)}{\mu + \beta I^*(t)} & 0 \\ -\kappa & -\kappa - \mu - \delta - \gamma & -\kappa \\ 0 & \gamma - \sigma \frac{\gamma I^*}{\sigma I^* + \mu} & -\sigma I - \mu \end{pmatrix} \quad (3.15)$$

De acordo com o critério de Routh-Hurwitz, as condições necessárias e suficientes para que todos os valores próprios de M_{P_1} tenham parte real negativa são (MURRAY, 2002)

1. $Tr = \text{traço}(M_{P_1}) < 0$
2. $Det = \text{determinante}(M_{P_1}) < 0$
3. $C = Tr \times W - Det < 0$,

em que W é a soma dos menores complementares principais de segunda-ordem de M_{P_1}

$$W = (\kappa + \mu + \delta + \gamma)(\sigma I + \mu) + \kappa \left(\gamma - \frac{\sigma \gamma I}{\sigma I + \mu} \right) \\ + (\mu + \beta I) [\sigma I + 2\mu + \kappa + \delta + \gamma] + \kappa \left(\delta - \beta \frac{\mu + \delta I}{\mu + \beta I} \right)$$

O traço de M_{P_1} ,

$$Tr = -\gamma - \kappa - 3\mu - \delta - I(\beta + \sigma) < 0$$

o determinante é

$$Det = -\mu \left[(\kappa + \mu + \delta + \gamma)(\sigma I + \mu) + \kappa \left(\gamma - \frac{\sigma \gamma I}{\sigma I + \mu} \right) \right] - \kappa \delta (\sigma I + \mu) - \\ \beta I \left[(\kappa + \mu + \delta + \gamma)(\sigma I + \mu) + \kappa \left(\gamma - \frac{\sigma \gamma I}{\sigma I + \mu} \right) \right] + \kappa \beta \frac{\mu + \delta I}{\mu + \beta I} (\sigma I + \mu).$$

O número reprodutivo básico, referenciado na literatura como R_0 , representa o número de novos casos que produz uma pessoa infectada quando é introduzida numa população de indivíduos suscetíveis. O coeficiente reprodutivo básico para o modelo *SEIR* dado em 3.1 é :

$$R_0 = \frac{\beta \kappa}{(\kappa + \mu)(\mu + \delta + \gamma)} \quad (3.16)$$

em que $\mu + \delta + \gamma$ é a taxa em que os indivíduos estão deixando o estado infeccioso por estar recuperados ou por morte natural ou causada pela doença. Assim,

$$\frac{1}{\mu + \delta + \gamma}$$

é o tempo médio da permanência no estado infeccioso (durante um ciclo da infecção). $\mu + \kappa$ é a taxa em que o indivíduo esta deixando o estado exposto se tornando infeccioso ou morrendo por causa natural. Então,

$$\frac{1}{\mu + \kappa}$$

É o tempo médio da permanência no estado exposto, κ é a taxa do estado exposto tornando-se infeccioso, ou seja,

$$P_E = \frac{\kappa}{\mu + \kappa}$$

é a probabilidade de sobreviver ao período de exposição.

Com a eleição adequada dos parâmetros do modelo *SEIR* podem-se simular manifestações de diferentes doenças, conhecidas com o termo geral de epidemias, onde a doença ou o agente infeccioso pode afetar o total da população ou parte desta. Mas

também se podem simular situações endêmicas. Assim, na seguinte seção se mostram os resultados obtidos através de simulação e análises da dinâmica da influenza usando o modelo.

É de ressaltar o fato que R_0 não depende de σ devido à definição mesma deste, pois R_0 só tem em conta o número de infecções primárias causada por um indivíduo infectado.

3.2 Simulação

Em nosso modelo a população é subdividida em várias sub-populações chamadas demes. Cada deme pode trocar migrantes com suas demes vizinhas. Aqui adotamos três tipos de rede de migração de indivíduos, que são rede regular, rede mundo pequeno e rede livre de escala. O número total de demes na população é denotada por D , e cada deme terá inicialmente N_d indivíduos, portanto o tamanho total da população é $D \times N_d$.

Na rede regular, cada deme esta conectada a seus 4 vizinhos mais próximos, como ilustra a Figura 3.2.

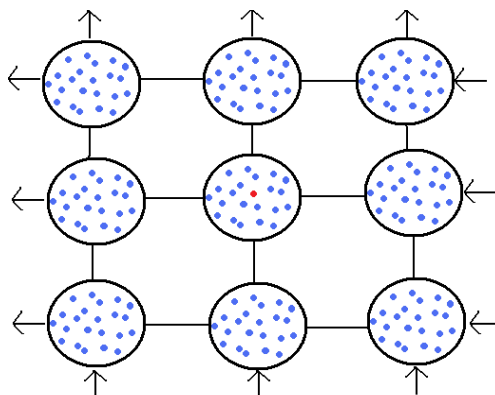


Figura 3.2: Representação de uma população inicial numa rede regular. Cada ponto em azul representa um indivíduo suscetível e o ponto vermelho representa o indivíduo infectado.

A característica de mundo pequeno se pode obter quando a probabilidade de reconexão é diferente de zero. Neste trabalho utilizamos 4 valores para p , a saber, 0.01, 0.05, 0.1, 0.2. O valor máximo de p utilizado foi 0.2 para evitar a obtenção de uma rede com sítios desconectados. O algoritmo para construir esta rede, inicia com uma rede regular, em que cada deme esta conectada com seus 4 vizinhos mais próximos, cada ligação é reconectada, com probabilidade p , a uma nova deme selecionada aleatoriamente.

Na construção da rede livre de escala iniciamos com $m_0 = 2$ demes e em cada passo de tempo é adicionada uma nova deme que vai ser conectada a $m = 2$ demes existentes

na rede. A probabilidade de que uma deme receba uma nova conexão é expressa como a razão entre o número atual de conexões da deme e o número total de conexões da rede.

Na simulação temos inicialmente $N_d = 100$ indivíduos em cada uma das $D = 100$ demes, onde um indivíduo é infectado e $D \times N_d - 1 = 9999$ indivíduos começam em estado suscetível. Para cada passo de tempo o processo de contágio começa atualizando o estado da doença em cada indivíduo, como é esquematizado na Figura 3.3. Primeiro identificamos o estado atual de cada indivíduo. Se este é suscetível, exposto ou recuperado tem uma probabilidade μ de morrer e se é infectado esta probabilidade aumenta a $\mu + \delta$, pois é acrescentada a probabilidade de morte por causa da doença. Estando em estado suscetível, se o indivíduo não morre, ele tem probabilidade p_I de entrar em contato com um indivíduo infectado, onde

$$p_I = \frac{N_I}{n - 1}$$

com N_I número de indivíduos infectados em sua deme e n número total de indivíduos em sua deme. Se ele não tiver contacto com indivíduos infectados o estado dele seguirá suscetível, em caso contrário ele pode se tornar exposto com probabilidade β . Se o indivíduo no estado exposto não morrer, ele tem probabilidade κ de se tornar infectado e $1 - \kappa$ de seguir exposto. Se o indivíduo no estado infectado não morrer, ele tem probabilidade γ de se tornar recuperado.

Se o indivíduo recuperado não morrer, com uma probabilidade p_I pode ter contato com um indivíduo infectado. Em caso dele ter contato com um indivíduo infectado, ele pode se tornar recuperado com probabilidade $1 - \sigma$ ou se tornar exposto com probabilidade σ . Depois de atualizar os estados de todos os indivíduos da rede, começa o processo de migração. O número de migrantes de uma deme é gerado através de uma distribuição Poisson com média $N_d m k$, em que $m = 0.0004$ é a taxa de migração por conexão por indivíduo e k é a conectividade cada deme. Os indivíduos emigrantes são selecionados aleatoriamente entre os N_d indivíduos da deme e são removidos para uma das k demes vizinhas. A partir da atualização do estados dos indivíduos, o processo é repetido $T = 3000$ passos de tempo e ao final avalia-se a persistência da doença, como se mostra no esquema da figura 3.4. Todo o processo é avaliado em $N_a = 1000$ repetições. Para a seleção os tamanhos de T e N_a usados na simulação, inicialmente observamos alguns resultados para vários valores de eles e escolhemos os valores, em que ao redor desses tamanhos, os resultados apresentam pouca variabilidade.

No caso quando são introduzidos indivíduos vacinados na população inicial temos que o estado deles não vai mudar durante tudo o processo. Os resultados obtidos são discutidos na seção seguinte.

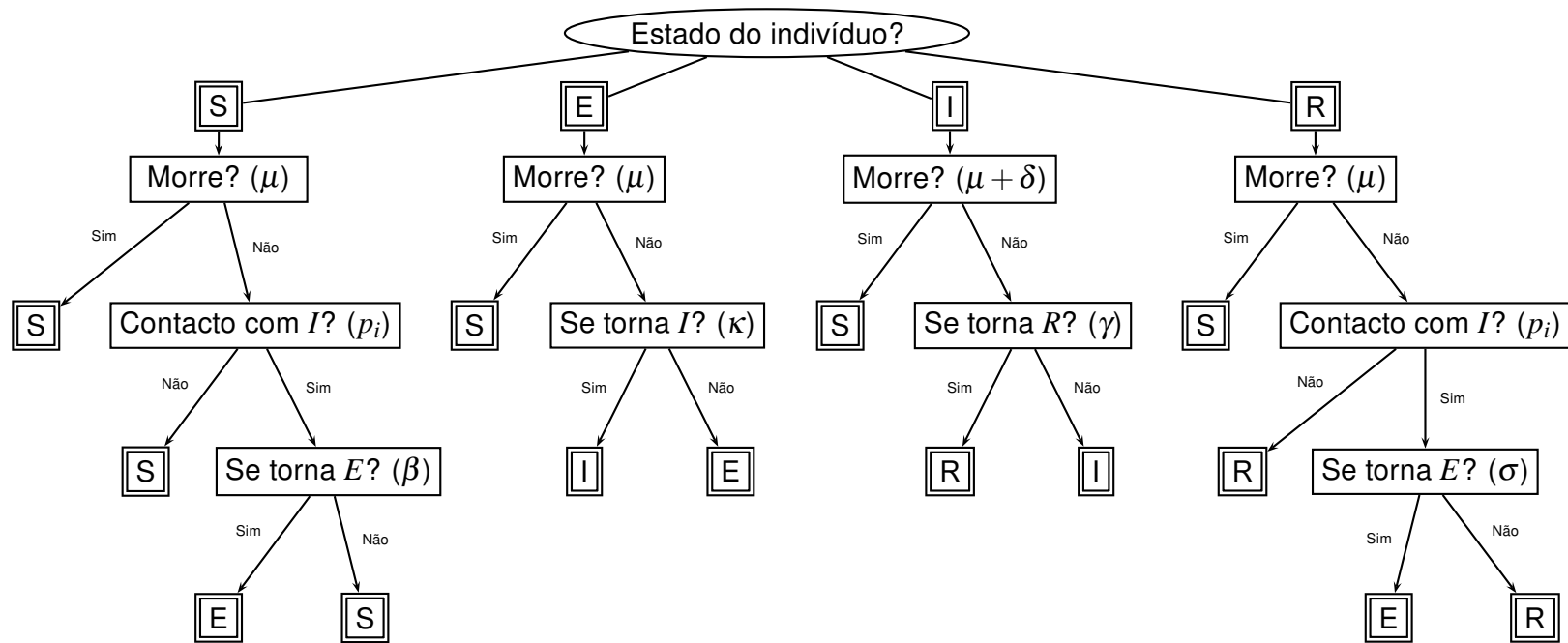


Figura 3.3: Esquema da dinâmica da doença para cada indivíduo

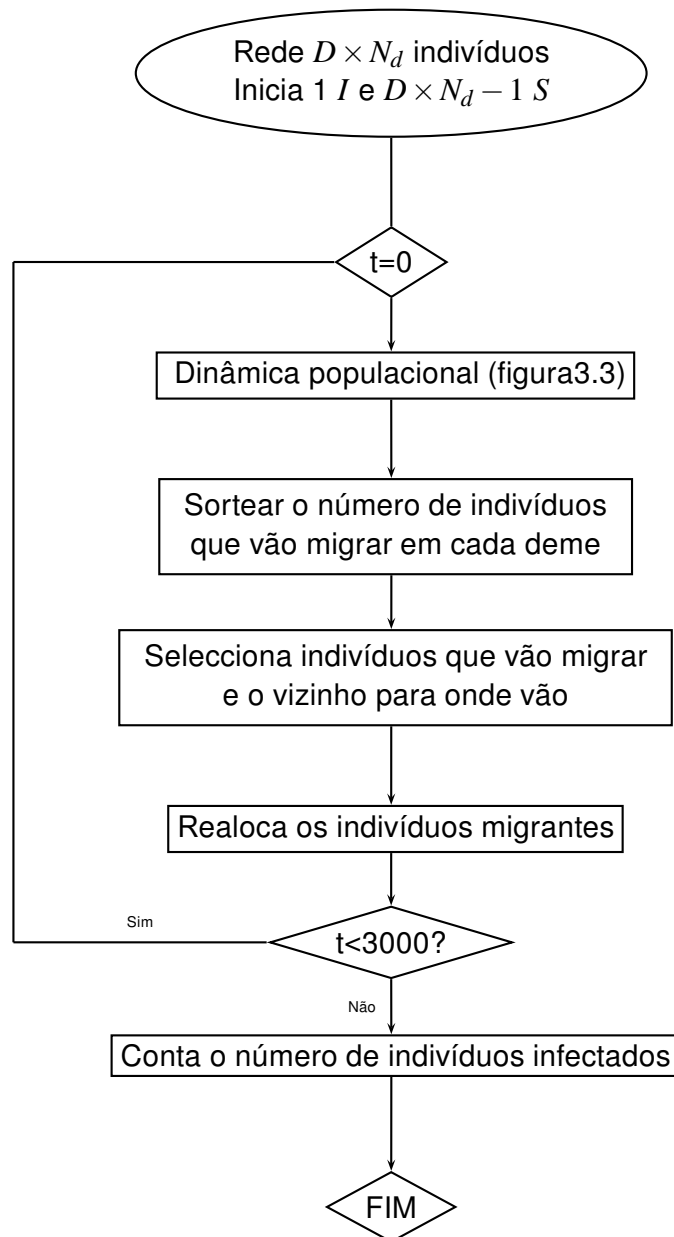


Figura 3.4: Esquema do processo de simulação

3.3 Resultados numéricos

Na figura 3.5 apresenta-se a variação temporal da percentagem do número de indivíduos em cada estado, em uma amostra de tamanho $N = 1000$ para os três tipos de redes estudados, em uma população total de tamanho 10000, tendo 100 indivíduos inicialmente em cada deme, onde um indivíduo infectado é introduzido numa deme escolhida aleatoriamente. Os parâmetros utilizados foram $\gamma = 1/7$, $\mu = 0.00004$, $\kappa = 1/3$, $\delta = 0.001$, $\sigma = 0.4$ e $\beta = 0.8$, em palavras, o período entre a exposição e o aparecimento dos primeiros sin-

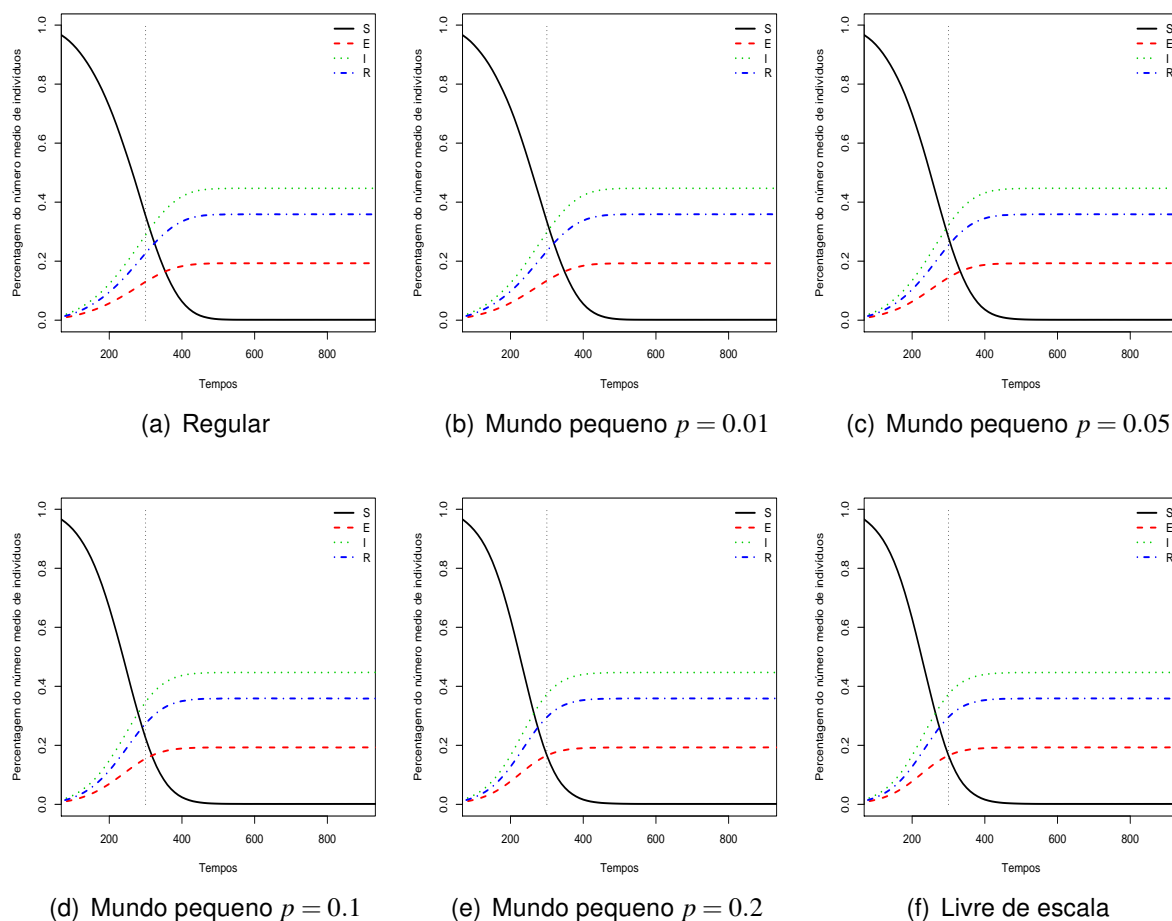


Figura 3.5: Variação temporal do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com $\sigma = 0.4$.

tomas é 3 dias, a duração do período infeccioso é de 7 dias, uma esperança de vida média de 68 anos e que em cada 1000 indivíduos doentes se produz uma morte por causa da doença. Nota-se que a doença se propaga mais rapidamente na rede livre de escala que na rede regular. Assim, por exemplo no tempo 300 (linha pontilhada na vertical) na rede regular temos 29% dos indivíduos infectados enquanto na livre de escala temos 42% de indivíduos infectados. Na rede mundo pequeno observamos que quando aumenta a probabilidade de reconexão a rapidez de propagação da doença também aumenta levemente. Isto é de entender pois na rede regular temos que os indivíduos migram para as demes de seus vizinhos mais próximos, desta forma a doença se espalha de forma mais lenta, que na rede mundo pequeno pois, nesta última temos que alguns indivíduos podem migrar para demes mais distantes, desta forma a doença por ser transmitida mais rapidamente. Na rede livre de escala um indivíduo que está altamente conectado pode transmitir mais rapidamente a doença já que tem mais chances de entrar em contacto com um indivíduo suscetível. O ponto de estabilidade é aproximadamente o mesmo nos três tipos de rede,

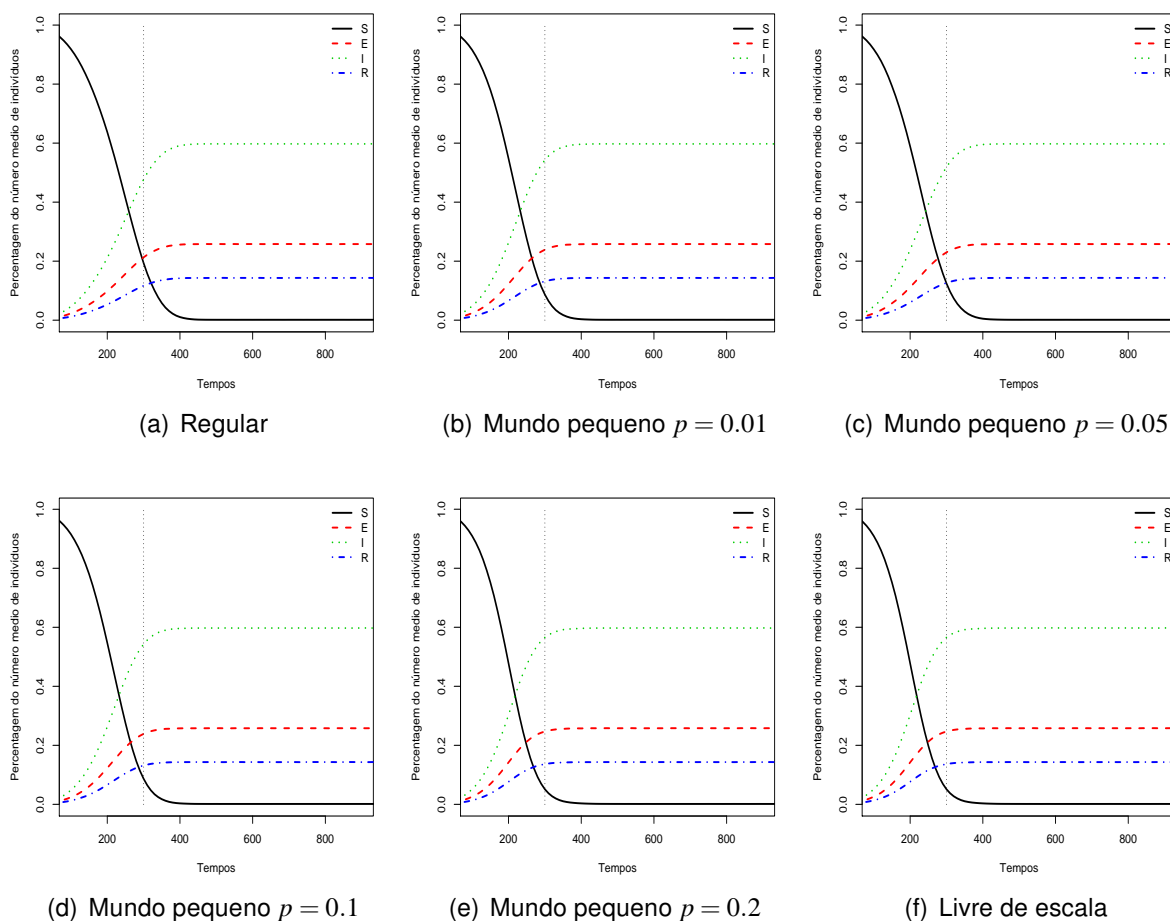


Figura 3.6: Variação temporal da percentagem do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com $\sigma = 1$.

onde resulta um estado em que convivem pessoas nos três estágios da doença, com o predomínio de indivíduos infectados, ou seja, tem-se uma endemia, isto era de esperar já que neste caso tem-se que um $R_0 = 5.5588$. Este ponto de equilíbrio encontrado na simulação é aproximadamente $P_s(S, E, I, R) = (0.0015, 0.1928, 0.4468, 0.3587)$.

No caso $\sigma = 1$, Figura 3.6, podemos observar que o comportamento na variação temporal da doença guarda as mesmas diferenças entre as redes notadas no caso anterior, ou seja, a doença se espalha mais rapidamente na rede livre de escala do que na rede regular. Em comparação com o caso anterior, notamos que a doença se dispersa mais rapidamente, devido ao aumento no valor de σ . No tempo 300 temos que com a rede regular temos 47% de indivíduos infectados, na rede mundo pequeno temos entre 48% e 56%, e na rede livre de escala 58% indivíduos infectados. O ponto de equilíbrio é alcançado mais rapidamente que no caso anterior, aqui também temos o predomínio de indivíduos infectados, seguidos por uma baixa população de expostos e recuperados, ou seja, temos uma endemia, isto pode ser justificado pelo alto valor de $R_0 = 5,5588$. O ponto de equilíbrio en-

contrado na simulação é aproximadamente $P_s(S, E, I, R) = (0.0013, 0.2578, 0.5975, 0.1432)$.

Os resultados obtidos na simulação são comparados com o ponto de equilíbrio encontrado a partir do sistema de equações diferenciais apresentado na seção 3.1 os quais resultam ser muito próximos.

3.3.1 Persistência

Na figura 3.7a apresentamos a probabilidade de persistência da doença como função do parâmetro β para os três tipos de redes estudados. O conjunto de parâmetro utilizados é o mesmo descrito anteriormente. Aqui, definimos persistência como a existência de pelo menos 1 indivíduo exposto ou infectado na população. O valor da probabilidade de persistência é obtido contando-se o número de vezes em que a doença persiste nas 1000 realizações da simulação dividido por 1000. Observa-se que as curvas de persistência obtidas para os três tipos de redes são muito próximas. A probabilidade de persistência aumenta com o acréscimo de β . Esse comportamento é esperado desde que β é o coeficiente de transmissão da doença.

O parâmetro δ representa a taxa de morte devido à doença. Verifica-se na Figura 3.7b que a doença persiste se menos que 60% dos indivíduos que contraem a doença morrem devido a complicações decorrentes desta.

Na Figura 3.7c observa-se o comportamento da probabilidade de persistência como função de γ . Como vimos, γ é a taxa de transferência do estado infectado para o recuperado. Observamos um decréscimo da persistência inicialmente contínuo com o aumento de γ . Quando $\gamma \cong 0.35$, a persistência apresenta um decréscimo abrupto para zero, indicando que se o período em que o indivíduo permanece infectado for menor que 3 dias, a doença deve desaparecer.

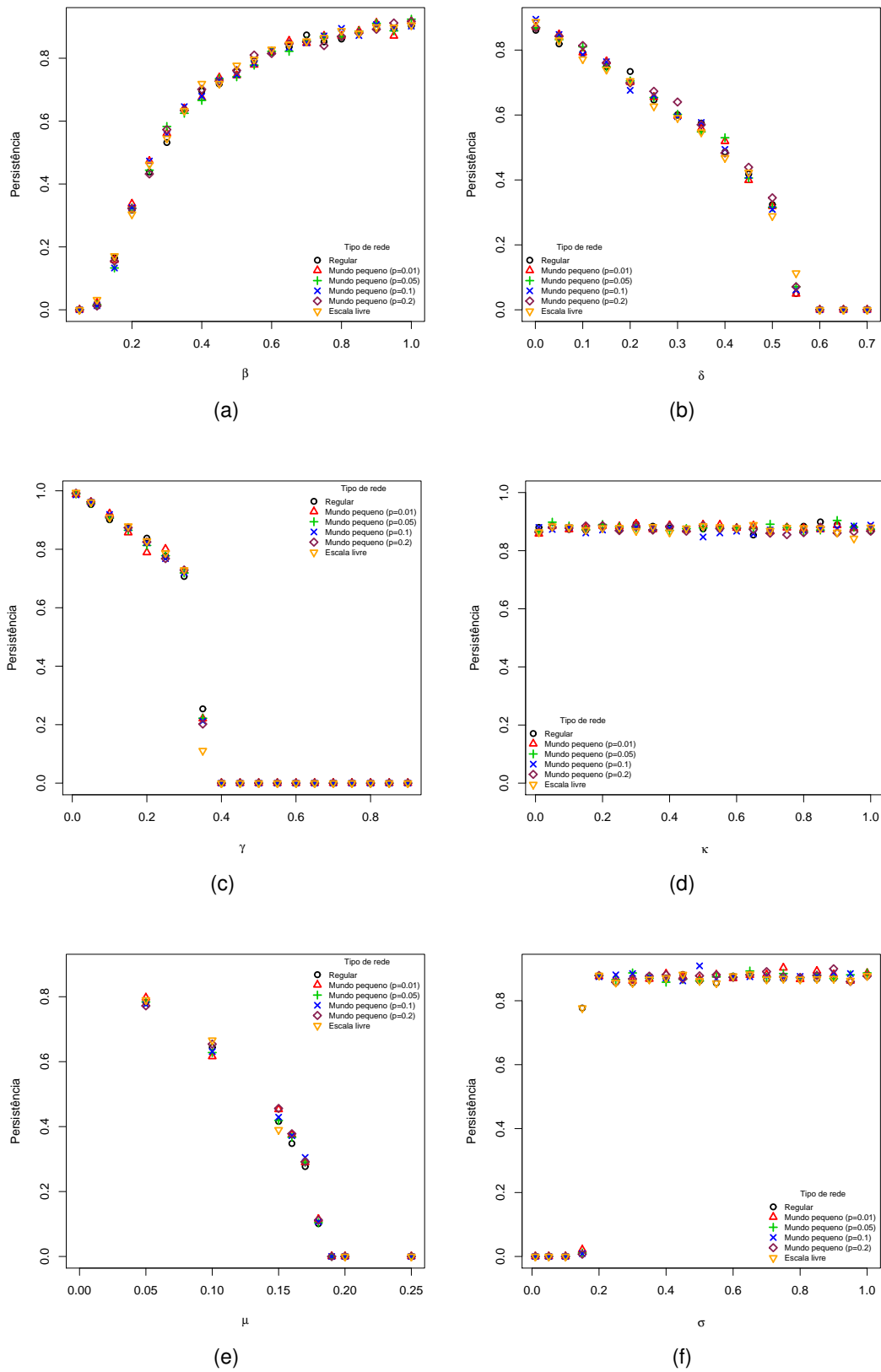


Figura 3.7: Comparativo da persistência nas três redes para diferentes valores dos parâmetros. Os valores de referência dos parâmetros são $\beta = 0.8$, $\delta = 0.001$, $\gamma = 1/7$, $\kappa = 1/3$, $\mu = 0.00004$, $\sigma = 0.4$

O comportamento da probabilidade de persistência com κ é mostrado na Figura 3.7d. Com exceção do caso em que $\kappa = 0$, em que a doença não pode evoluir, a doença persiste independentemente do valor de κ .

Na Figura 3.7e é apresentada a persistência em função da taxa de morte natural μ . De acordo com a Figura, se o tempo médio de vida da população for maior que 1 semana, a doença pode persistir.

Por fim, verificamos na Figura 3.7f como a probabilidade de persistência se comporta quando variamos a taxa com que o indivíduo recuperado se torna novamente exposto, σ . Quando esta taxa é pequena ($\sigma < 0.2$), a doença não consegue persistir. Para $\sigma = 0.2$ observamos um crescimento abrupto do valor da probabilidade de persistência de 0 para 0.85. Esta probabilidade permanece aproximadamente constante para valores maiores de σ .

Vale ressaltar que o comportamento de persistência com relação a todos os parâmetros é o mesmo para todas as redes de migração utilizadas.

Vamos descrever a seguir (Figura 3.8) o comportamento do sistema quando o valor de σ é aumentado para $\sigma = 1$, se bem esse é um caso pouco realista, pois bastaria ter contato com um indivíduo infectado para o indivíduo recuperado contrair a doença, é de interesse matemático observar o comportamento da dinâmica da doença em um caso extremo. Como no caso anterior, para todos os parâmetros, as curvas de persistência obtidas nos três tipos de redes são muito próximas. Na Figura 3.8a podemos observar que para $0.05 < \beta < 0.20$ a probabilidade de persistência é levemente maior que a obtido com $\sigma = 0.4$, mas quando β aumenta os resultados são mais próximos.

Na Figura 3.8b apresentamos a probabilidade de persistência em função de δ , neste caso temos que a doença persiste se menos que 65% dos indivíduos que contraem a doença, morrem devido a complicações decorrentes desta.

À medida que taxa de transferência do estado infectado para o recuperado (γ) aumenta a probabilidade da persistência diminui (Figura 3.8c). Neste caso, em comparação com $\sigma = 0.4$, nota-se que mesmo que o período em que o indivíduo está infectado diminua, a doença ainda persiste na população.

Na Figura 3.8d podemos observar, que como no caso com $\sigma = 0.4$, a doença persiste independentemente do valor de κ e as probabilidades de persistência nos dois casos estudados são muito próximos.

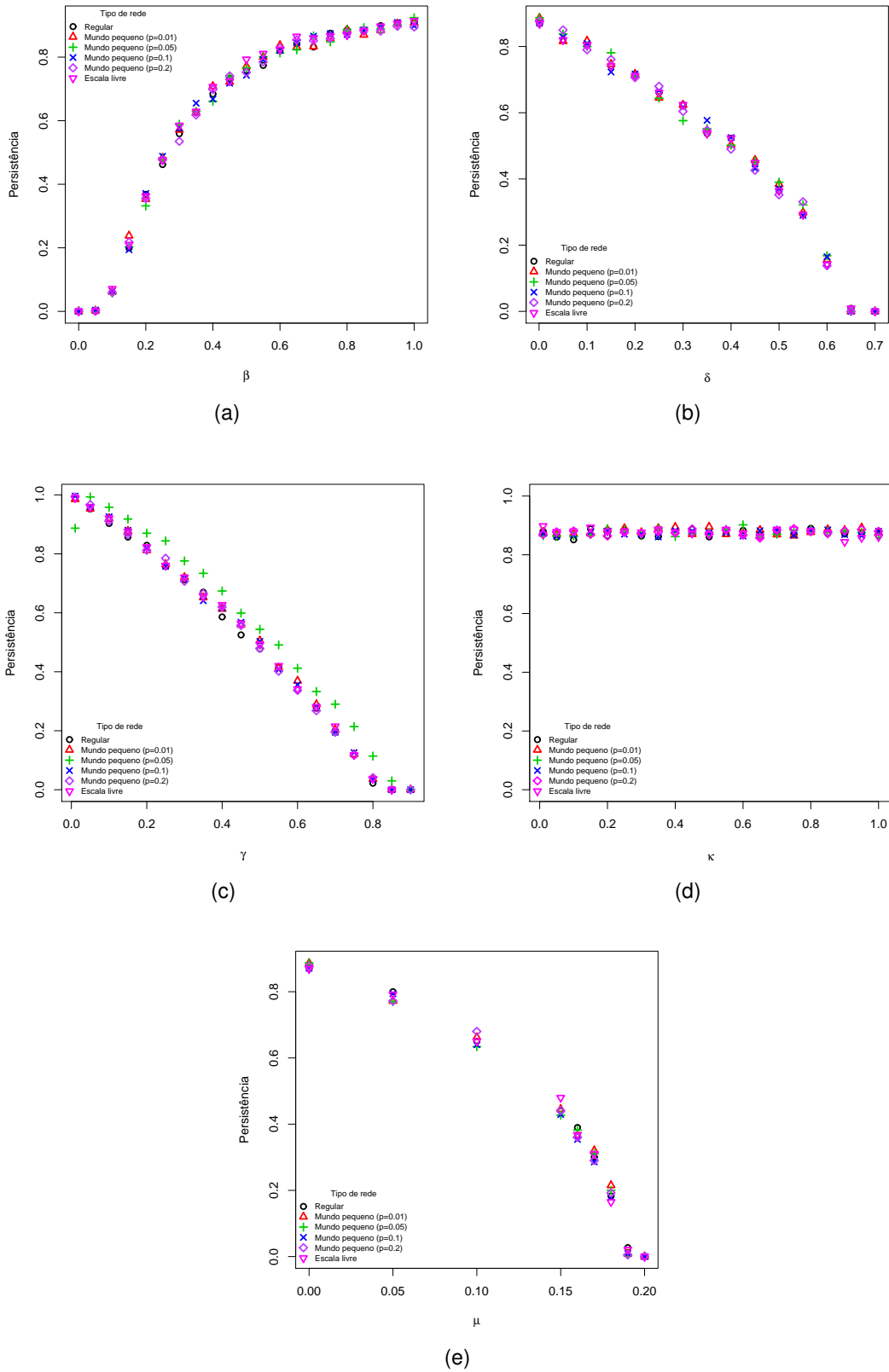


Figura 3.8: Comparativo da persistência nas três redes para diferentes valores dos parâmetros. Os valores de referência dos parâmetros são $\beta = 0.8$, $\delta = 0.001$, $\gamma = 1./7.$, $\kappa = 1./3$. $\mu = 0.00004$, $\sigma = 1$.

Por último, na Figura 3.8e mostra-se a probabilidade de persistência em função de μ , que em comparação com o caso $\sigma = 0.4$ não se observa diferenças consideráveis nos resultados obtidos.

Em resumo, para os valores dos parâmetros estudados, observamos que nos dois casos, $\sigma = 0.4$ e 1, a probabilidade de persistência da doença obtida não depende do tipo de rede de migração utilizado.

Quando $\sigma = 0.4$, a doença persiste se menos que 60% dos indivíduos que contraem a doença morrem devido a complicações decorrentes desta e quando aumentamos σ a 1, esta percentagem aumenta para 65%.

Quando $\sigma = 0.4$ temos que a doença deve desaparecer se o indivíduo permanece infectado por um tempo menor que 3 dias, este período de tempo diminui para 1 dia e meio quando aumentamos σ para 1.

Não se observam diferenças significativas no comportamento da probabilidade da persistência em função de β e μ quando variamos o valor de σ .

A seguir apresentamos e discutimos os resultados da simulação quando são introduzidos indivíduos vacinados na população.

3.3.2 Com vacinação

A vacinação é uma das formas mais eficazes de controlar uma doença e as complicações que ela produz. Assim, com o objetivo de conhecer a dinâmica da influenza em uma população vacinada, observamos a propagação da doença quando são introduzidos na população inicial várias porcentagens de indivíduos vacinados. A seleção de tais indivíduos se faz utilizando dois tipos de amostragem,

- Seleção aleatória de indivíduos, ou seja, todos os indivíduos da população têm a mesma probabilidade de seleção.
- Conglomerados, neste caso selecionamos demes e todos os indivíduos dentro da deme selecionada são vacinados.

Na tabela 3.1 aparecem as porcentagens do total de indivíduos vacinados detalhados para cada um dos dois sistemas de seleção.

Na figura 3.9 mostramos os resultados para persistência da influenza em função de β com várias porcentagens de indivíduos selecionados aleatoriamente para vacinação, nos

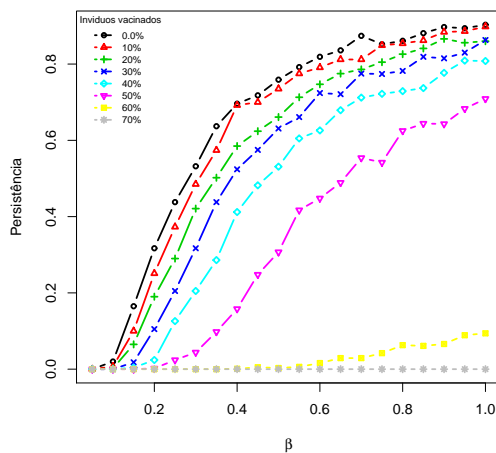
% de indivíduos vacinados	Seleção de indivíduos	Conglomerados
	No. de indivíduos seleccionados	No. de demes seleccionadas
0	0	0
0,1	~ 1000	10
0,2	~ 2000	20
0,3	~ 3000	30
0,4	~ 4000	40
0,5	~ 5000	50
0,6	~ 6000	60
0,7	~ 7000	70
0,8	~ 8000	80
0,9	~ 9000	90

Tabela 3.1: Percentagem de indivíduos vacinados

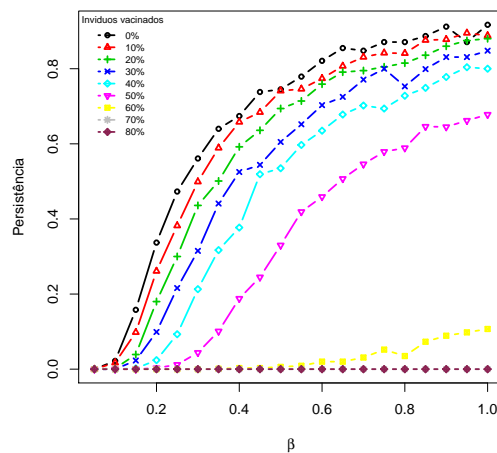
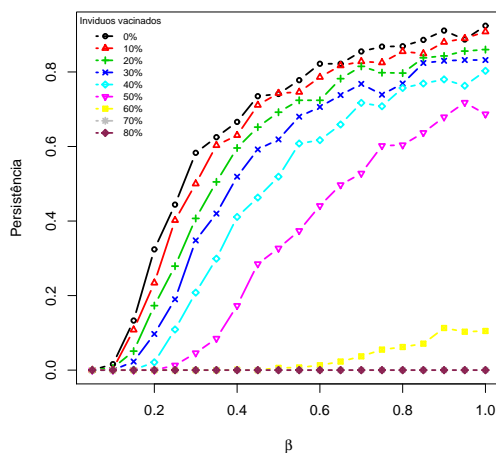
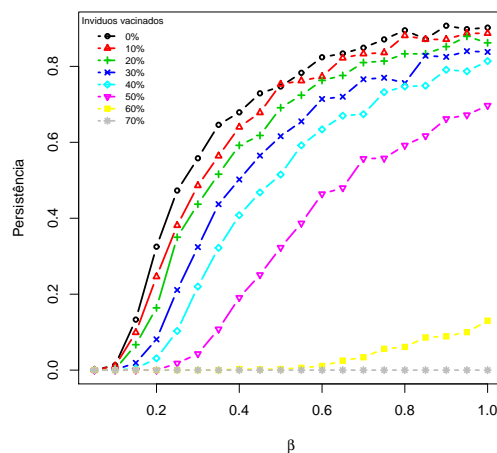
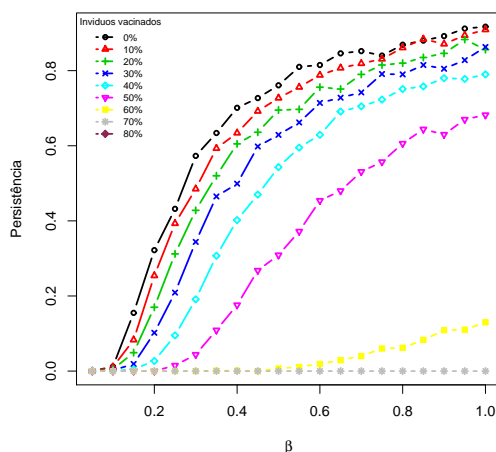
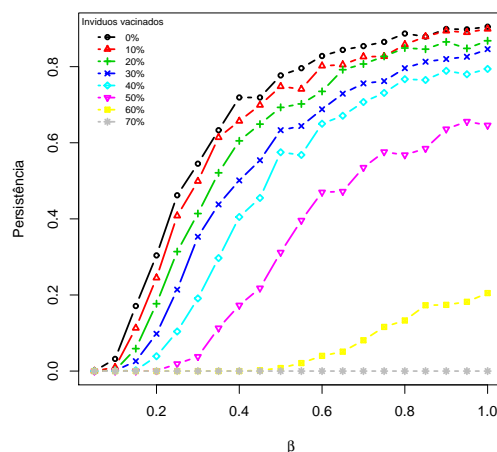
três tipos de rede estudados para $\sigma = 0.4$. De forma geral, a probabilidade de persistência obtida com os três tipos de redes é muito próxima (para mais detalhe ver tabelas 5.18-5.23). Nesta Figura pode-se notar que já com 10% de indivíduos vacinados a persistência começa a diminuir, e, de forma progressiva, à medida que aumenta essa percentagem diminui a probabilidade de persistência. Destacando-se a súbita queda da curva de probabilidade de persistência quando o 60% de indivíduos são vacinados. A partir de 67% a doença desaparece.

Com $\sigma = 1$, podemos observar na Figura 3.10 que, da mesma forma que o caso anterior, o comportamento nos três tipos de redes mantém as mesmas características. Quando aumenta a percentagem de indivíduos vacinados a probabilidade de persistência diminui. Mas em comparação como o caso $\sigma = 0.4$, a queda das curvas se apresenta de forma mais lenta. Assim, com 50% de indivíduos vacinados a maior probabilidade de persistência obtida é de 77%. Com o 70% de indivíduos vacinados se obtêm uma persistência máxima de 53%. Já com mais de 80% da população vacinada a persistência é quase nula.

Com o intuito de observar o comportamento da doença quando se faz vacinação em grupos de indivíduos, na Figura 3.11 mostramos a probabilidade de persistência em função de β com vacinação por conglomerados e $\sigma = 0.4$. Notamos que não se apresentam diferenças significativas entre os resultados obtidos nos três tipos de redes. Neste caso, podemos observar que as curvas de probabilidade de persistência são muito próximas quando as percentagens de indivíduos vacinados varia entre 0% e 50%. Com mais de 60% de indivíduos vacinados a persistência começa a diminuir, com 70% ainda se tem uma probabilidade máxima de persistência ao redor do 60%, já com 90% de indivíduos vacinados a persistência da doença é baixa.

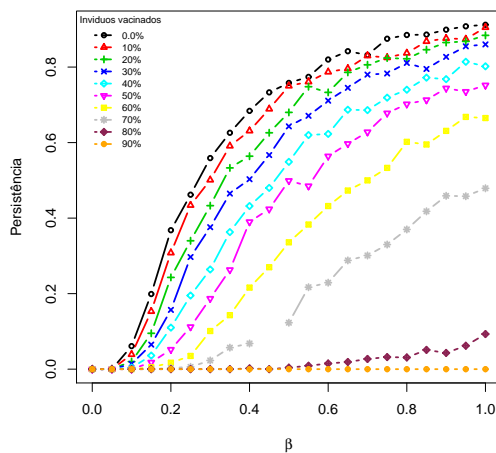


(a) Rede regular

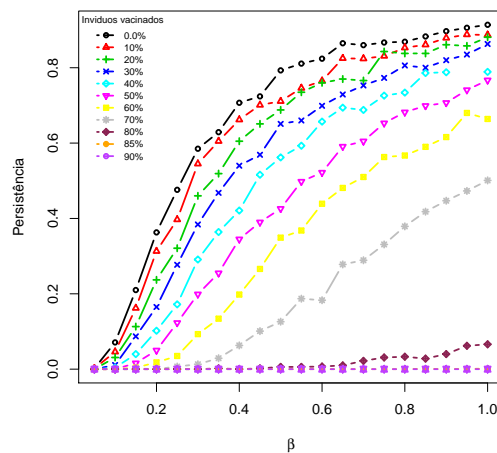
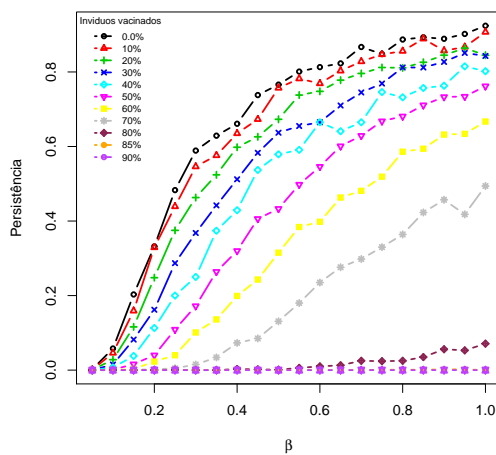
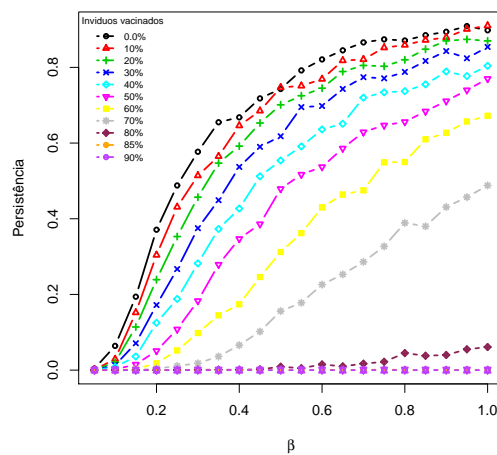
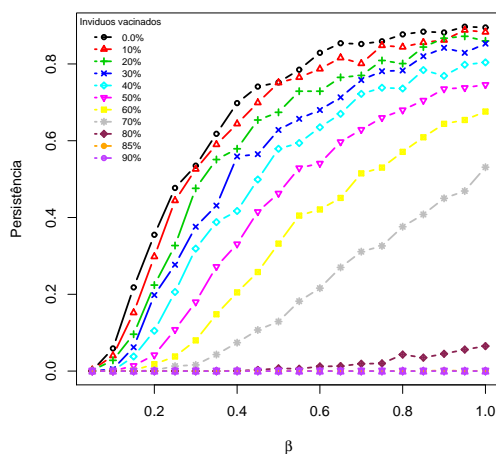
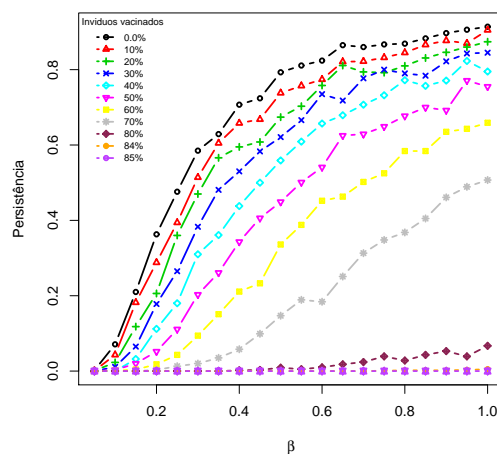
(b) Rede mundo pequeno ($p=0.01$)(c) Rede mundo pequeno ($p=0.05$)(d) Rede mundo pequeno ($p=0.1$)(e) Rede mundo pequeno ($p=0.2$)

(f) Rede livre de escala

Figura 3.9: Persistência nos três tipos de rede com vacinação aleatória de indivíduos ($\sigma = 0.4$).

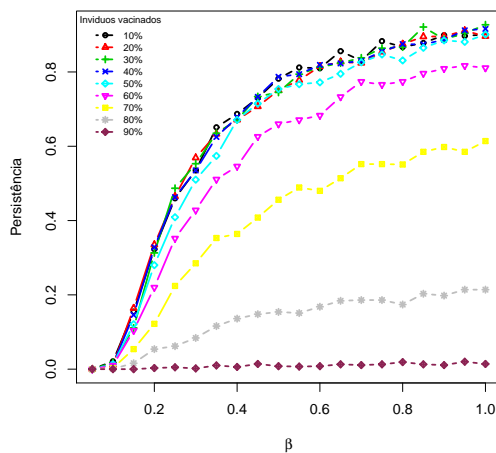


(a) Rede regular

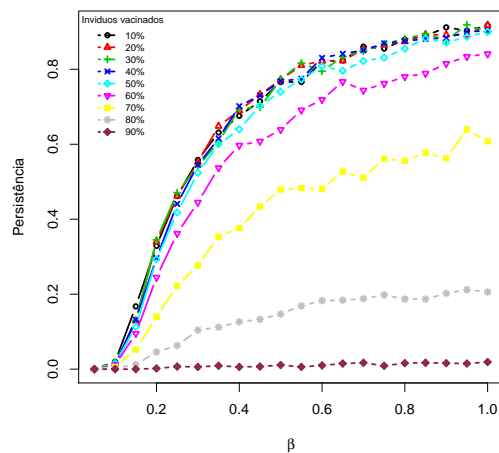
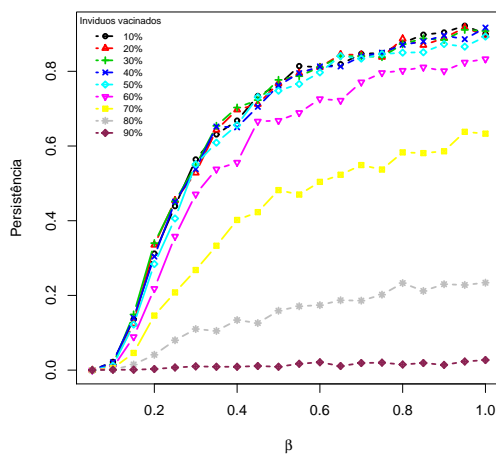
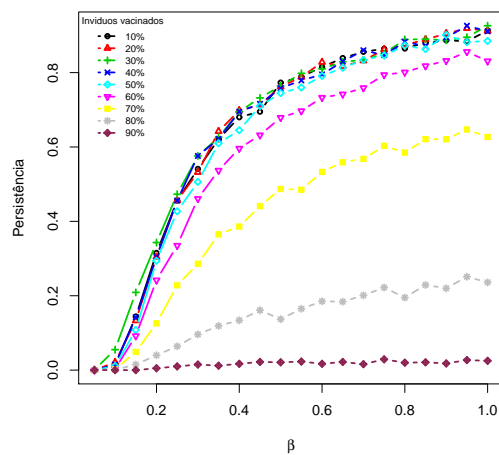
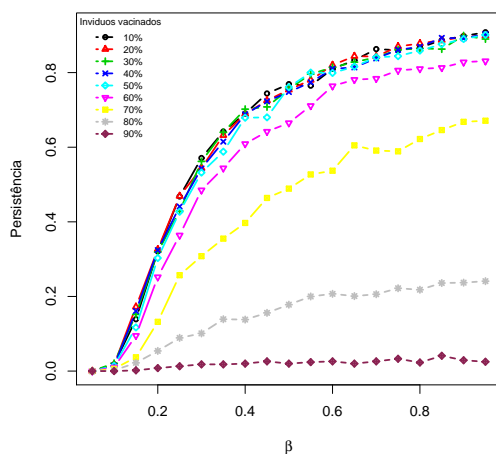
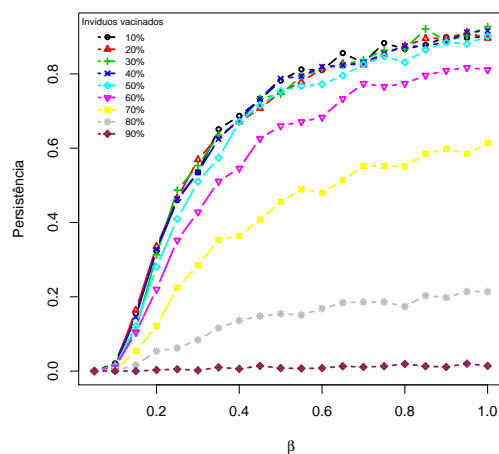
(b) Rede mundo pequeno ($p=0.01$)(c) Rede mundo pequeno ($p=0.05$)(d) Rede mundo pequeno ($p=0.1$)(e) Rede mundo pequeno ($p=0.2$)

(f) Rede livre de escala

Figura 3.10: Persistência nos três tipos de rede com vacinação aleatória de indivíduos ($\sigma = 1$).

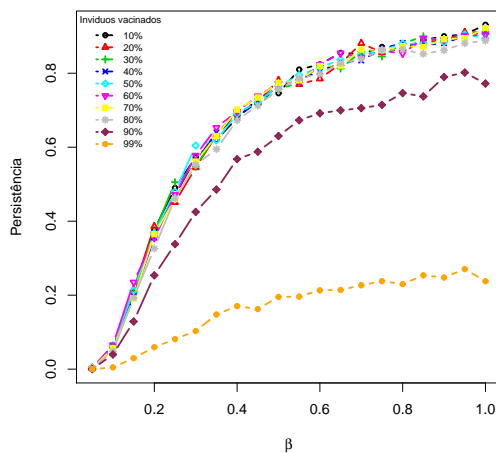


(a) Rede regular

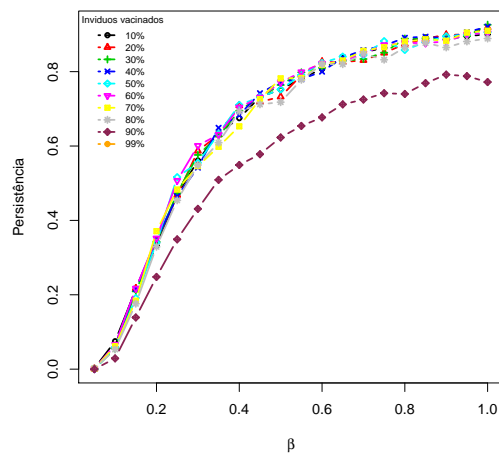
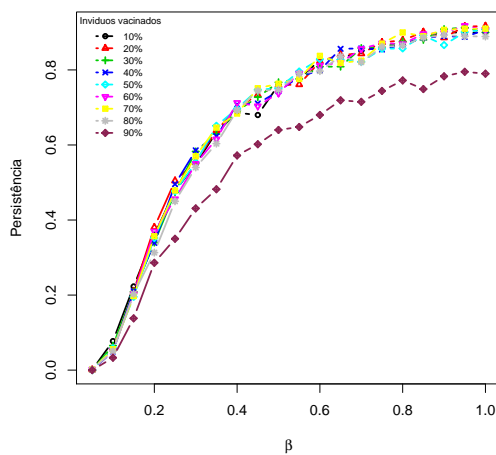
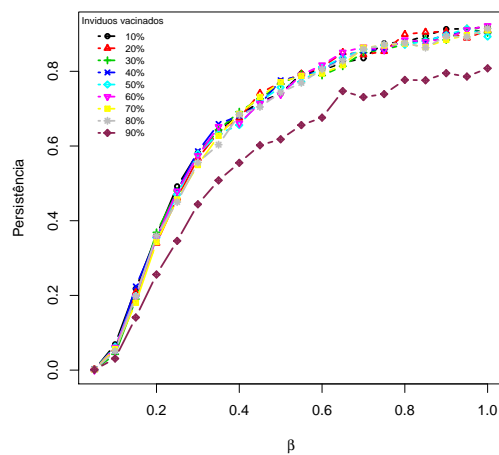
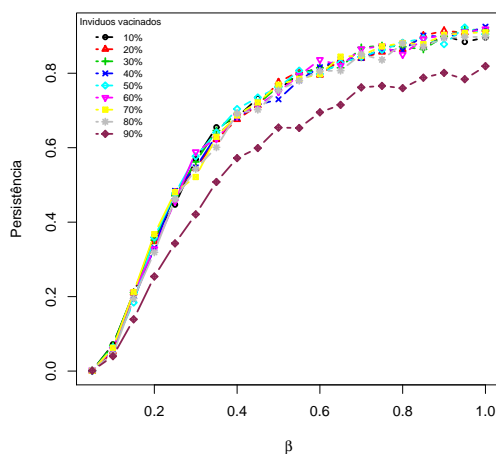
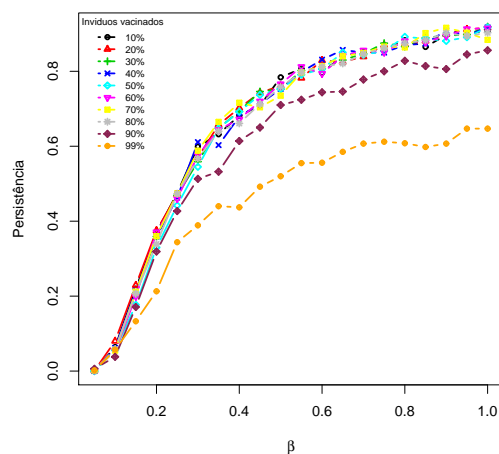
(b) Rede mundo pequeno ($p=0.01$)(c) Rede mundo pequeno ($p=0.05$)(d) Rede mundo pequeno ($p=0.1$)(e) Rede mundo pequeno ($p=0.2$)

(f) Rede livre de escala

Figura 3.11: Persistência nos três tipos de rede com vacinação por conglomerados $\sigma = 0.4$.



(a) Rede regular

(b) Rede mundo pequeno ($p=0.01$)(c) Rede mundo pequeno ($p=0.05$)(d) Rede mundo pequeno ($p=0.1$)(e) Rede mundo pequeno ($p=0.2$)

(f) Rede livre de escala

Figura 3.12: Persistência nos três tipos de rede com vacinação por conglomerados $\sigma = 1$.

Na Figura 3.12 mostramos os resultados da probabilidade da persistência em função de β com vacinação por conglomerados e $\sigma = 1$. Aqui notamos que quando a porcentagem de indivíduos vacinados se encontra entre 0% e 80% não se percebe nenhuma diminuição na probabilidade da persistência da doença. Só com o 90% dos indivíduos vacinados podemos observar uma diminuição na persistência da doença e verificamos que mesmo com a vacinação de 99% dos indivíduos, a doença ainda persiste.

Resumindo, quando a taxa com que um indivíduo exposto se torna recuperado é 0.4 e tendo um 60% de indivíduos vacinados de forma aleatória obtemos uma persistência da doença quase nula, enquanto com vacinação de indivíduos por conglomerados esta persistência é próxima do 80%. Quando se tem $\sigma = 1$, temos que a vacinação aleatória de indivíduos também resulta mais efetiva pois com 80% de indivíduos vacinados temos uma persistência quase nula. Aqui, podemos concluir que a vacinação de indivíduos em forma aleatória resulta ser mais efetiva que a vacinação feita a grupos da população.

4 Conclusões

O objetivo deste trabalho foi estudar a dinâmica de epidemias de influenza em vários tipos de redes aleatórias através dum modelo epidemiológico SEIR, para o qual calculamos seus pontos de equilíbrio e o número reprodutivo básico (R_0). Na simulação subdividimos a população em demes, onde cada deme pode trocar migrantes com suas demes vizinhas, usamos três tipos de migração de indivíduos: rede regular, mundo pequeno e livre de escala. Na variação temporal da percentagem do número de indivíduos em cada estado (suscetível, exposto, infectado e recuperado) observamos que a doença espalha-se mais rapidamente em rede livre de escala do que na rede regular. Na rede mundo pequeno notamos que à medida que aumentamos a probabilidade de reconexão a rapidez de dispersão da doença também aumenta. Ou seja, se as pessoas só interagem com seus vizinhos geograficamente mais próximos a doença espalha-se mais lentamente.

Considerando os resultados obtidos para a probabilidade de persistência da doença em função dos diferentes parâmetros do modelo, notamos que o comportamento da persistência é o mesmo em todos os três tipos de rede de migração estudados.

No caso quando temos $\sigma = 0.4$, temos que a doença persiste se menos que 60% dos indivíduos que contraem a doença morrem devido a complicações decorrentes desta e com $\sigma = 1$ esta percentagem aumenta para 65%.

Quando $\sigma = 0.4$ temos que a doença deve desaparecer se o indivíduo permanece infectado por um tempo menor que 3 dias, este período de tempo diminui para 1 dia e meio quando aumentamos σ para 1. Não se observam diferenças significativas no comportamento da probabilidade da persistência em função de β e μ quando variamos o valor de σ . A doença persiste independente do valor (maior do que zero) da taxa com que um indivíduo suscetível se torna exposto.

Em relação aos resultados obtidos quando introduzimos indivíduos vacinados temos que: se a taxa com que um indivíduo recuperado se torna exposto é 0.4 e tendo 60% de indivíduos vacinados de forma aleatória obtemos uma persistência da doença quase nula,

enquanto com vacinação de indivíduos por conglomerados esta persistência é próxima do 80%. Quando se tem $\sigma = 1$, temos que a vacinação aleatória de indivíduos também resulta mais efetiva pois com 80% de indivíduos vacinados temos uma persistência quase nula, enquanto com vacinação por conglomerados mesmo com 99% dos indivíduos vacinados a doença ainda persiste. Aqui, podemos concluir que a vacinação de indivíduos em forma aleatória resulta ser mais efetiva que a vacinação feita a grupos da população.

Baseados no presente trabalho surgem algumas sugestões para trabalhos futuros, como são:

- Aumentar o tamanho da rede e da população para investigar se os resultados observados se verificam.
- Investigar a dinâmica para outros valores de sigma, já que como se observou, para valores menores do que 0.2 obtém-se probabilidades de persistência da doença baixas.
- As epidemias da gripe começam abruptamente nos meses de inverno e se estende por um período de tempo que se completa em 6-8 semanas, assim seria de interesse considerar o caso em que β seja sazonal.
- A influenza afeta especialmente a crianças e idosos, portanto uma consideração natural seria estudar a evolução da doença admitindo que a população possui faixas etárias diferentes.
- Vacinação em intervalos de tempo regulares.

Referências Bibliográficas

- ALBERT, R.; BARABÁSI, A.-L. Statistical mechanics of complex networks. **Reviews of modern physics**, v. 74, p. 47–97, 2002.
- BARABÁSI, A.; BONABEAU, E. Scale-free networks. **Scientific American**, v. 1, p. 50–59, Mai, 2003.
- BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. **Science**, v. 286, p. 509–512, 1999.
- BASÁÑEZ, M. G.; RODRIGUEZ, D. J. Dinámica de transmisión y modelos matemáticos em enfermedades transmitidas por vectores. **Entomotópica**, v. 19(3), p. 113–134, 2004.
- DIEKMANN, O.; HEESTERBEEK1, J. A. P.; METZ, J. A. J. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. **Journal of Mathematical Biology**, v. 28 (4), p. 365–382, 1990.
- EMMELUTH, D. **Influenza deadly diseases and epidemics**. [S.I.]: Chelsea House, 2003.
- ERDŐS P. E RÉNYI, A. **Publ. Math. Debrecen**, v. 6, p. 290, 1959.
- FELL, D. A.; WAGNER, A. The small world of metabolism. **Nature Biotechnology**, v. 18, p. 1121–1122, 2000.
- FORLEO-NETO, E. et al. Influenza. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36(2), p. 267–274, 2003.
- HEYMANN, D. L. **El control de las enfermedades transmisibles**. [S.I.]: Pan American Health Organization (PAHO), 2005.
- JEONG, H. et al. The large-scale organization of metabolic networks. **Nature**, v. 407, p. 651–654, 2000.
- LEUNG, P. Sars war. combating the disease. **Singapore: World Scientific Publishing**, 2003.
- LI, M. Y. et al. Global dynamics of a *seir* model with varying total population size. **Mathematical Biosciences**, v. 160, n. 2, p. 191 – 213, 1999.
Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/B6VHX-3X3T3JP-4/2/85338a74b4dca96fe0d2ff715975d3d7>>.
- LI, M. Y.; MULDOWNNEY, J. S. Global stability for the *seir* model in epidemiology. **Mathematical Biosciences**, Elsevier Science Publ Co Inc, v. 125, n. 2, p. 155–164, 1995.

- LI, M. Y.; WANG, L. Global stability in some *seir* epidemic models. **Institute for Mathematics and Its Applications**, v. 126, p. 195, 2002.
- LIU, W. min; HETHCOTE, H. W.; LEVIN, S. A. Dynamical behavior of epidemiological models with nonlinear incidence rates. **Journal of Mathematical Biology**, v. 25, p. 359–380, 1987.
- LÓPEZ, O. A. M.; SUÁREZ, C. M. H. Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. **Salud pública de méxico**, v. 49. No 3, 2007.
- MURRAY, J. D. **Mathematical Biology : I, An Introduction**. United states, America.: Springer - Verlag, 2002.
- NEWMAN, M. E. J. The structure and function of complex networks. **Siam Review**, Siam Publications, v. 45, n. 2, p. 167–256, jun. 2003. Disponível em: <<http://arxiv.org/abs/cond-mat/0303516>>.
- NEWMAN, M. E. J.; GIRVAN, M. Finding and evaluating community structure in networks. **Physical review. E, Statistical, nonlinear, and soft matter physics**, v. 69 (2), p. 026113.1–026113.15, 2004.
- POTTERAT, J. J. et al. Risk network structure in the early epidemic phase of hiv transmission in colorado springs. **Sex Transm Infect**, v. 78, p. i159–163, 2002.
- ROCHA, L. E. C. da. **Redes acopladas: estrutura e dinâmica**. Dissertação (Mestrado) — Universidade de São Paulo, 2007.
- STELLING, J. et al. Metabolic network structure determines key aspects of functionality and regulation. **Nature**, v. 420, p. 190–193, 2002.
- THIEME, H. R. **Mathematics in Population Biology**. [S.l.]: Princeton Series in Theoretical and Computational Biology, 2003.
- WAGNER, A.; FELL, D. The small world inside large metabolic networks. **Proc. R. Soc. London B.**, v. 268, p. 1803–1810, 2001.
- WATTS, D. J.; STROGATZ, S. H. Collective dynamics of 'small-world' networks. **Nature**, v. 393, p. 440–442, 1998.

5 Apêndice Tabelas

5.1 Persistência sem vacinação

5.1.1 $\sigma = 0.4$

β	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,020	0,022	0,016	0,013	0,012	0,032
0,150	0,165	0,158	0,133	0,133	0,155	0,171
0,200	0,317	0,337	0,324	0,325	0,322	0,304
0,250	0,438	0,473	0,444	0,473	0,432	0,462
0,300	0,532	0,561	0,583	0,558	0,573	0,545
0,350	0,637	0,640	0,625	0,646	0,634	0,633
0,400	0,696	0,674	0,666	0,679	0,701	0,719
0,450	0,718	0,738	0,735	0,729	0,727	0,719
0,500	0,759	0,745	0,741	0,747	0,761	0,777
0,550	0,792	0,779	0,778	0,783	0,810	0,796
0,600	0,819	0,821	0,822	0,824	0,815	0,828
0,650	0,836	0,855	0,822	0,834	0,846	0,844
0,700	0,874	0,848	0,855	0,849	0,852	0,854
0,750	0,852	0,871	0,868	0,871	0,840	0,865
0,800	0,861	0,871	0,869	0,895	0,869	0,887
0,850	0,881	0,887	0,886	0,872	0,880	0,879
0,900	0,897	0,912	0,911	0,907	0,892	0,899
0,950	0,894	0,871	0,887	0,898	0,912	0,898
1,000	0,903	0,917	0,924	0,902	0,917	0,905

Tabela 5.1: Persistência em função de β para os três tipos de rede.

δ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,001	0,861	0,871	0,869	0,895	0,869	0,887
0,050	0,819	0,848	0,832	0,848	0,843	0,830
0,100	0,792	0,792	0,810	0,786	0,814	0,772
0,150	0,749	0,765	0,748	0,764	0,761	0,740
0,200	0,734	0,701	0,705	0,676	0,699	0,705
0,250	0,646	0,655	0,654	0,661	0,673	0,627
0,300	0,601	0,597	0,602	0,595	0,640	0,591
0,350	0,575	0,558	0,548	0,577	0,570	0,547
0,400	0,486	0,519	0,530	0,494	0,483	0,468
0,450	0,418	0,399	0,406	0,414	0,439	0,423
0,500	0,324	0,319	0,316	0,309	0,345	0,289
0,550	0,050	0,049	0,071	0,061	0,071	0,113
0,600	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,650	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,700	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,800	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,850	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,900	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,950	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.2: Persistência em função de δ para os três tipos de rede.

γ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,010	0,991	0,987	0,989	0,986	0,992	0,994
0,050	0,953	0,961	0,957	0,961	0,962	0,961
0,100	0,901	0,922	0,906	0,919	0,910	0,909
0,150	0,872	0,857	0,865	0,874	0,874	0,879
0,200	0,838	0,789	0,813	0,823	0,825	0,828
0,250	0,777	0,801	0,778	0,768	0,768	0,787
0,300	0,707	0,726	0,719	0,720	0,729	0,729
0,350	0,254	0,221	0,222	0,212	0,202	0,111
0,400	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,450	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,550	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,600	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,650	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,700	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,800	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,850	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,900	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.3: Persistência em função de γ para os três tipos de rede.

κ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0.01	0.88	0.858	0.865	0.88	0.864	0.864
0.05	0.885	0.884	0.898	0.873	0.881	0.884
0.1	0.873	0.873	0.885	0.88	0.878	0.881
0.15	0.87	0.878	0.872	0.861	0.885	0.871
0.2	0.88	0.885	0.89	0.871	0.886	0.878
0.25	0.871	0.883	0.882	0.875	0.869	0.879
0.3	0.892	0.892	0.878	0.88	0.883	0.868
0.35	0.884	0.873	0.872	0.877	0.871	0.882
0.4	0.878	0.887	0.87	0.877	0.884	0.863
0.45	0.873	0.872	0.876	0.875	0.867	0.877
0.5	0.875	0.889	0.878	0.847	0.887	0.885
0.55	0.876	0.889	0.877	0.861	0.876	0.881
0.6	0.876	0.878	0.878	0.867	0.877	0.878
0.65	0.854	0.886	0.876	0.858	0.873	0.889
0.7	0.871	0.866	0.891	0.871	0.86	0.869
0.75	0.88	0.879	0.879	0.868	0.855	0.879
0.8	0.884	0.876	0.866	0.869	0.862	0.878
0.85	0.899	0.873	0.871	0.875	0.881	0.877
0.9	0.889	0.887	0.904	0.875	0.861	0.863
0.95	0.88	0.877	0.881	0.885	0.865	0.842
1	0.867	0.878	0.874	0.888	0.867	0.88

Tabela 5.4: Persistência em função de κ para os três tipos de rede.

μ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,00004	0,86100	0,87100	0,86900	0,89500	0,86900	0,88700
0,05000	0,78300	0,79700	0,78400	0,77600	0,77200	0,79000
0,10000	0,64400	0,61600	0,62800	0,63100	0,65400	0,66600
0,15000	0,41600	0,45300	0,41900	0,42900	0,45600	0,39000
0,16000	0,34800	0,37500	0,36700	0,37200	0,37800	
0,17000	0,27700	0,29000	0,29000	0,30500	0,29200	
0,18000	0,10100	0,11500	0,10400	0,10700	0,11200	
0,19000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	
0,20000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
0,25000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
0,30000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
0,35000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
0,40000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000

Tabela 5.5: Persistência em função de μ para os três tipos de rede.

σ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,010	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,777	0,021	0,011	0,009	0,007	0,777
0,200	0,879	0,876	0,878	0,875	0,879	0,879
0,250	0,857	0,870	0,866	0,881	0,858	0,857
0,300	0,856	0,862	0,887	0,885	0,868	0,856
0,350	0,867	0,868	0,870	0,874	0,877	0,867
0,400	0,871	0,884	0,858	0,871	0,881	0,871
0,450	0,882	0,876	0,867	0,862	0,869	0,882
0,500	0,862	0,868	0,862	0,909	0,878	0,862
0,550	0,855	0,881	0,875	0,868	0,881	0,855
0,600	0,877	0,870	0,874	0,875	0,873	0,877
0,650	0,883	0,880	0,893	0,875	0,881	0,883
0,700	0,867	0,882	0,874	0,877	0,891	0,867
0,750	0,869	0,903	0,885	0,873	0,875	0,869
0,800	0,867	0,867	0,872	0,876	0,873	0,867
0,850	0,868	0,893	0,880	0,877	0,879	0,868
0,900	0,869	0,882	0,869	0,887	0,900	0,869
0,950	0,863	0,862	0,881	0,885	0,860	0,863
1,000	0,878	0,886	0,887		0,877	0,878

Tabela 5.6: Persistência em função de σ para os três tipos de rede.

5.1.2 $\sigma = 1$

β	R_0	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
			0,01	0,05	0,1	0,2	
0,000	6,949	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,050	7,296	0,000	0,002	0,002	0,004	0,001	0,002
0,100	7,643	0,061	0,061	0,058	0,064	0,059	0,071
0,150	7,991	0,199	0,238	0,203	0,194	0,218	0,210
0,200	8,338	0,368	0,353	0,332	0,371	0,355	0,363
0,250	8,686	0,462	0,483	0,483	0,488	0,477	0,476
0,300	9,033	0,559	0,571	0,589	0,577	0,535	0,585
0,350	9,381	0,626	0,626	0,629	0,655	0,618	0,629
0,400	9,728	0,684	0,708	0,661	0,668	0,698	0,707
0,450	10,075	0,733	0,722	0,738	0,718	0,741	0,724
0,500	10,423	0,758	0,771	0,766	0,743	0,752	0,793
0,550	10,770	0,774	0,800	0,801	0,792	0,785	0,811
0,600	11,118	0,820	0,837	0,813	0,821	0,829	0,824
0,650	11,465	0,842	0,831	0,823	0,845	0,854	0,865
0,700	11,813	0,832	0,833	0,867	0,866	0,852	0,860
0,750	12,160	0,875	0,859	0,848	0,874	0,859	0,867
0,800	12,507	0,885	0,886	0,887	0,871	0,877	0,869
0,850	12,855	0,886	0,870	0,893	0,885	0,884	0,883
0,900	13,202	0,899	0,884	0,889	0,894	0,882	0,897
0,950	13,550	0,908	0,905	0,902	0,909	0,897	0,906
1,000	13,897	0,912	0,908	0,924	0,898	0,895	0,914

Tabela 5.7: Persistência em função de β para os três tipos de rede.

δ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,001	0,869	0,886	0,887	0,871	0,877	0,869
0,05	0,82	0,816	0,838	0,828	0,85	0,820
0,1	0,804	0,817	0,8	0,809	0,79	0,804
0,15	0,741	0,747	0,781	0,723	0,761	0,741
0,2	0,712	0,717	0,708	0,717	0,706	0,712
0,25	0,661	0,645	0,644	0,667	0,68	0,661
0,3	0,624	0,623	0,576	0,617	0,604	0,624
0,35	0,537	0,546	0,552	0,577	0,547	0,537
0,4	0,523	0,503	0,502	0,525	0,49	0,523
0,45	0,449	0,457	0,454	0,431	0,426	0,449
0,5	0,364	0,384	0,39	0,37	0,352	0,364
0,55	0,292	0,299	0,322	0,29	0,331	0,292
0,6	0,142	0,155	0,168	0,165	0,138	0,142
0,65	0,009	0	0	0	0	0,009

Tabela 5.8: Persistência em função de δ para os três tipos de rede.

γ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,010	0,990	0,985	0,887	0,996	0,993	0,990
0,050	0,952	0,953	0,993	0,960	0,967	0,958
0,100	0,903	0,920	0,958	0,926	0,911	0,921
0,150	0,857	0,877	0,918	0,880	0,866	0,876
0,200	0,829	0,812	0,870	0,821	0,812	0,823
0,250	0,757	0,764	0,844	0,758	0,785	0,760
0,300	0,712	0,720	0,776	0,719	0,707	0,720
0,350	0,670	0,652	0,734	0,641	0,665	0,655
0,400	0,586	0,613	0,674	0,616	0,620	0,627
0,450	0,525	0,559	0,599	0,568	0,557	0,564
0,500	0,478	0,505	0,544	0,503	0,479	0,493
0,550	0,415	0,413	0,491	0,407	0,402	0,420
0,600	0,338	0,369	0,412	0,356	0,337	0,341
0,650	0,276	0,289	0,333	0,281	0,268	0,281
0,700	0,194	0,204	0,290	0,195	0,195	0,215
0,750	0,117	0,120	0,214	0,126	0,118	0,118
0,800	0,022	0,036	0,114	0,035	0,041	0,037
0,850	0,000	0,000	0,030	0,000	0,000	0,000
0,900	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.9: Persistência em função de γ para os três tipos de rede.

κ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,010	0,880	0,877	0,865	0,872	0,869	0,898
0,050	0,860	0,871	0,864	0,863	0,878	0,878
0,100	0,851	0,871	0,863	0,868	0,881	0,880
0,150	0,888	0,872	0,869	0,879	0,870	0,893
0,200	0,865	0,885	0,889	0,881	0,864	0,880
0,250	0,883	0,890	0,884	0,870	0,876	0,880
0,300	0,864	0,876	0,870	0,870	0,874	0,876
0,350	0,862	0,890	0,890	0,861	0,878	0,887
0,400	0,876	0,894	0,862	0,882	0,874	0,876
0,450	0,887	0,870	0,872	0,880	0,888	0,873
0,500	0,861	0,895	0,874	0,875	0,870	0,870
0,550	0,872	0,870	0,887	0,876	0,884	0,886
0,600	0,883	0,872	0,902	0,864	0,867	0,873
0,650	0,864	0,884	0,864	0,882	0,857	0,863
0,700	0,877	0,869	0,870	0,885	0,884	0,885
0,750	0,870	0,865	0,883	0,867	0,889	0,887
0,800	0,890	0,877	0,885	0,884	0,879	0,881
0,850	0,872	0,886	0,879	0,885	0,874	0,873
0,900	0,871	0,883	0,879	0,869	0,882	0,844
0,950	0,874	0,892	0,876	0,865	0,886	0,858
1,000	0,865	0,875	0,867	0,880	0,880	0,861

Tabela 5.10: Persistência em função de κ para os três tipos de rede.

μ	Regular	Mundo pequeno				Escala livre
		0,01	0,05	0,1	0,2	
0,00004	0,87000	0,88600	0,88700	0,87100	0,87700	0,86900
0,05000	0,80000	0,77200	0,77000	0,79400	0,77200	0,79200
0,10000	0,65000	0,66200	0,63400	0,64000	0,68000	0,65100
0,15000	0,43990	0,44500	0,42700	0,42900	0,44100	0,48000
0,16000	0,38990	0,36600	0,38200	0,35400	0,36000	0,36800
0,17000	0,30100	0,32000	0,31100	0,28600	0,29000	0,31000
0,18000	0,18290	0,21500	0,20000	0,17900	0,19200	0,16500
0,19000	0,02700	0,00800	0,00700	0,00900	0,00500	0,02100
0,20000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000

Tabela 5.11: Persistência em função de μ para os três tipos de rede.

5.2 Persistência com vacinação

5.2.1 $\sigma = 0.4$

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,020	0,007	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,165	0,100	0,065	0,018	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,317	0,251	0,190	0,105	0,024	0,002	0,000	0,000	0,000
0,250	0,438	0,373	0,290	0,205	0,126	0,024	0,000	0,000	0,000
0,300	0,532	0,485	0,421	0,317	0,205	0,044	0,000	0,000	0,000
0,350	0,637	0,574	0,502	0,438	0,286	0,098	0,000	0,000	0,000
0,400	0,696	0,692	0,585	0,524	0,412	0,158	0,001	0,000	0,000
0,450	0,718	0,700	0,624	0,575	0,482	0,248	0,005	0,000	0,000
0,500	0,759	0,735	0,661	0,631	0,531	0,307	0,003	0,000	0,000
0,550	0,792	0,775	0,713	0,661	0,605	0,417	0,006	0,000	0,000
0,600	0,819	0,791	0,747	0,724	0,626	0,448	0,016	0,000	0,000
0,650	0,836	0,812	0,775	0,721	0,679	0,489	0,029	0,000	0,000
0,700	0,874	0,812	0,786	0,775	0,712	0,554	0,029	0,000	0,000
0,750	0,852	0,849	0,805	0,774	0,722	0,542	0,042	0,000	0,000
0,800	0,861	0,854	0,826	0,782	0,729	0,625	0,063	0,000	0,000
0,850	0,881	0,862	0,841	0,819	0,737	0,644	0,061	0,000	0,000
0,900	0,897	0,884	0,866	0,815	0,777	0,643	0,066	0,000	0,000
0,950	0,894	0,886	0,856	0,830	0,809	0,683	0,089	0,000	0,000
1,000	0,903	0,898	0,860	0,863	0,808	0,709	0,094	0,000	0,000

Tabela 5.12: Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados							
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,017	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,098	0,039	0,023	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,261	0,180	0,099	0,024	0,003	0,000	0,000	0,000
0,250	0,382	0,300	0,216	0,093	0,012	0,000	0,000	0,000
0,300	0,499	0,436	0,315	0,213	0,044	0,000	0,000	0,000
0,350	0,589	0,501	0,441	0,317	0,101	0,001	0,000	0,000
0,400	0,658	0,592	0,525	0,377	0,188	0,003	0,000	0,000
0,450	0,684	0,636	0,544	0,519	0,245	0,003	0,000	0,000
0,500	0,741	0,694	0,605	0,535	0,330	0,006	0,000	0,000
0,550	0,746	0,714	0,652	0,597	0,419	0,009	0,000	0,000
0,600	0,774	0,759	0,703	0,635	0,459	0,020	0,000	0,000
0,650	0,807	0,791	0,725	0,678	0,507	0,020	0,000	0,000
0,700	0,831	0,795	0,771	0,702	0,546	0,031	0,000	0,000
0,750	0,842	0,805	0,800	0,694	0,579	0,052	0,000	0,000
0,800	0,841	0,815	0,753	0,728	0,589	0,035	0,000	0,000
0,850	0,876	0,836	0,799	0,749	0,646	0,073	0,000	0,000
0,900	0,878	0,860	0,831	0,778	0,645	0,089	0,000	0,000
0,950	0,895	0,875	0,831	0,804	0,662	0,098	0,000	0,000
1,000	0,888	0,880	0,848	0,800	0,678	0,107	0,000	0,000

Tabela 5.13: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados							
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,003	0,006	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,108	0,051	0,023	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,234	0,173	0,097	0,021	0,000	0,000	0,000	0,000
0,250	0,402	0,279	0,190	0,109	0,013	0,000	0,000	0,000
0,300	0,500	0,407	0,348	0,208	0,046	0,000	0,000	0,000
0,350	0,603	0,505	0,420	0,299	0,085	0,000	0,000	0,000
0,400	0,630	0,596	0,519	0,411	0,173	0,001	0,000	0,000
0,450	0,711	0,652	0,592	0,463	0,285	0,000	0,000	0,000
0,500	0,743	0,692	0,619	0,519	0,327	0,006	0,000	0,000
0,550	0,746	0,724	0,680	0,608	0,374	0,007	0,000	0,000
0,600	0,786	0,724	0,706	0,617	0,441	0,013	0,000	0,000
0,650	0,817	0,782	0,738	0,659	0,497	0,023	0,000	0,000
0,700	0,828	0,815	0,768	0,717	0,528	0,037	0,000	0,000
0,750	0,825	0,798	0,739	0,708	0,602	0,055	0,000	0,000
0,800	0,855	0,797	0,769	0,757	0,604	0,062	0,000	0,000
0,850	0,849	0,838	0,824	0,769	0,637	0,071	0,000	0,000
0,900	0,880	0,843	0,830	0,780	0,679	0,113	0,000	0,000
0,950	0,890	0,856	0,832	0,763	0,718	0,103	0,000	0,000
1,000	0,908	0,860	0,832	0,803	0,687	0,105	0,000	0,000

Tabela 5.14: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados							
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,011	0,002	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,099	0,067	0,019	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,246	0,164	0,081	0,031	0,000	0,000	0,000	0,000
0,250	0,381	0,350	0,211	0,103	0,018	0,000	0,000	0,000
0,300	0,486	0,437	0,324	0,220	0,043	0,000	0,000	0,000
0,350	0,564	0,516	0,437	0,322	0,108	0,000	0,000	0,000
0,400	0,640	0,592	0,502	0,408	0,191	0,003	0,000	0,000
0,450	0,678	0,618	0,565	0,468	0,251	0,002	0,000	0,000
0,500	0,753	0,691	0,616	0,515	0,323	0,003	0,000	0,000
0,550	0,762	0,724	0,655	0,592	0,387	0,006	0,000	0,000
0,600	0,773	0,763	0,714	0,634	0,464	0,011	0,000	0,000
0,650	0,822	0,776	0,720	0,670	0,480	0,025	0,000	0,000
0,700	0,833	0,810	0,766	0,674	0,557	0,034	0,000	0,000
0,750	0,836	0,814	0,770	0,732	0,558	0,056	0,000	0,000
0,800	0,881	0,833	0,756	0,747	0,592	0,061	0,000	0,000
0,850	0,871	0,833	0,828	0,749	0,617	0,086	0,000	0,000
0,900	0,871	0,852	0,825	0,791	0,662	0,089	0,000	0,000
0,950	0,887	0,879	0,840	0,787	0,672	0,100	0,000	0,000
1,000	0,887	0,862	0,838	0,814	0,697	0,130	0,000	0,000

Tabela 5.15: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados						
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,011	0,005	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,083	0,049	0,019	0,005	0,000	0,000	0,000
0,200	0,254	0,170	0,102	0,027	0,000	0,000	0,000
0,250	0,393	0,312	0,209	0,095	0,015	0,000	0,000
0,300	0,485	0,428	0,344	0,191	0,044	0,000	0,000
0,350	0,593	0,520	0,465	0,307	0,109	0,001	0,000
0,400	0,634	0,605	0,499	0,402	0,176	0,001	0,000
0,450	0,692	0,636	0,598	0,470	0,268	0,000	0,000
0,500	0,727	0,695	0,629	0,543	0,309	0,007	0,000
0,550	0,756	0,697	0,662	0,595	0,372	0,011	0,000
0,600	0,788	0,756	0,714	0,629	0,454	0,019	0,000
0,650	0,807	0,751	0,728	0,691	0,480	0,029	0,000
0,700	0,819	0,790	0,742	0,705	0,531	0,040	0,000
0,750	0,831	0,815	0,791	0,723	0,557	0,060	0,000
0,800	0,861	0,820	0,790	0,751	0,606	0,062	0,000
0,850	0,884	0,835	0,815	0,758	0,644	0,083	0,000
0,900	0,871	0,846	0,805	0,780	0,630	0,109	0,000
0,950	0,894	0,883	0,828	0,778	0,670	0,110	0,000
1,000	0,909	0,856	0,863	0,790	0,682	0,130	0,000

Tabela 5.16: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados						
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,010	0,002	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,113	0,059	0,026	0,002	0,000	0,000	0,000
0,200	0,245	0,177	0,098	0,039	0,001	0,000	0,000
0,250	0,408	0,314	0,214	0,104	0,019	0,000	0,000
0,300	0,499	0,414	0,353	0,191	0,038	0,000	0,000
0,350	0,614	0,521	0,438	0,297	0,113	0,000	0,000
0,400	0,657	0,605	0,501	0,405	0,173	0,000	0,000
0,450	0,699	0,649	0,554	0,455	0,218	0,002	0,000
0,500	0,748	0,693	0,633	0,575	0,312	0,008	0,000
0,550	0,741	0,702	0,644	0,568	0,396	0,021	0,000
0,600	0,802	0,735	0,688	0,650	0,470	0,040	0,000
0,650	0,805	0,792	0,729	0,671	0,472	0,051	0,000
0,700	0,826	0,807	0,756	0,707	0,535	0,081	0,000
0,750	0,827	0,827	0,762	0,731	0,576	0,116	0,000
0,800	0,858	0,849	0,796	0,767	0,568	0,133	0,000
0,850	0,879	0,846	0,813	0,765	0,585	0,173	0,000
0,900	0,894	0,865	0,820	0,789	0,636	0,174	0,000
0,950	0,890	0,848	0,826	0,780	0,656	0,182	0,000
1,000	0,899	0,868	0,846	0,794	0,646	0,205	0,000

Tabela 5.17: Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

5.2.2 $\sigma = 1$

β	Porcentagem de indivíduos vacinados									
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,050	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,061	0,039	0,020	0,014	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,199	0,153	0,095	0,065	0,036	0,018	0,005	0,000	0,000	0,000
0,200	0,368	0,308	0,243	0,157	0,110	0,052	0,017	0,003	0,000	0,000
0,250	0,462	0,434	0,340	0,297	0,195	0,112	0,035	0,006	0,000	0,000
0,300	0,559	0,501	0,433	0,376	0,264	0,187	0,101	0,023	0,000	0,000
0,350	0,626	0,591	0,533	0,465	0,363	0,263	0,143	0,057	0,000	0,000
0,400	0,684	0,631	0,564	0,503	0,432	0,390	0,216	0,068	0,002	0,000
0,450	0,733	0,689	0,626	0,567	0,480	0,424	0,270		0,000	0,000
0,500	0,758	0,750	0,680	0,643	0,549	0,499	0,336	0,123	0,004	0,000
0,550	0,774	0,761	0,748	0,671	0,620	0,485	0,383	0,217	0,009	0,000
0,600	0,820	0,787	0,733	0,711	0,623	0,564	0,432	0,229	0,015	0,000
0,650	0,842	0,796	0,786	0,745	0,687	0,597	0,473	0,288	0,019	0,000
0,700	0,832	0,830	0,806	0,780	0,686	0,628	0,500	0,301	0,027	0,000
0,750	0,875	0,825	0,824	0,783	0,719	0,678	0,533	0,330	0,032	0,000
0,800	0,885	0,837	0,822	0,811	0,740	0,702	0,602	0,370	0,031	0,000
0,850	0,886	0,868	0,846	0,795	0,772	0,713	0,595	0,418	0,051	0,000
0,900	0,899	0,876	0,865	0,827	0,768	0,744	0,631	0,459	0,043	0,000
0,950	0,908	0,874	0,868	0,855	0,814	0,735	0,668	0,458	0,062	0,000
1,000	0,912	0,905	0,884	0,860	0,802	0,752	0,665	0,479	0,093	0,000

Tabela 5.18: Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados									
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,002	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,061	0,046	0,031	0,011	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,238	0,162	0,113	0,087	0,040	0,016	0,004	0,002	0,000	0,000
0,200	0,353	0,313	0,237	0,165	0,102	0,050	0,018	0,000	0,000	0,000
0,250	0,483	0,397	0,321	0,277	0,172	0,123	0,035	0,007	0,000	0,000
0,300	0,571	0,545	0,460	0,384	0,291	0,199	0,093	0,013	0,000	0,000
0,350	0,626	0,605	0,519	0,468	0,364	0,255	0,134	0,029	0,002	0,000
0,400	0,708	0,662	0,605	0,540	0,421	0,345	0,198	0,063	0,000	0,000
0,450	0,722	0,701	0,651	0,569	0,516	0,390	0,266	0,101	0,002	0,000
0,500	0,771	0,711	0,688	0,651	0,562	0,426	0,349	0,126	0,006	0,000
0,550	0,800	0,746	0,735	0,660	0,593	0,498	0,368	0,187	0,006	0,000
0,600	0,837	0,765	0,760	0,699	0,657	0,522	0,439	0,183	0,007	0,000
0,650	0,831	0,825	0,770	0,729	0,694	0,591	0,481	0,278	0,010	0,000
0,700	0,833	0,824	0,766	0,753	0,688	0,605	0,510	0,289	0,022	0,000
0,750	0,859	0,831	0,843	0,773	0,726	0,653	0,563	0,331	0,031	0,000
0,800	0,886	0,853	0,838	0,806	0,734	0,682	0,567	0,379	0,033	0,000
0,850	0,870	0,861	0,838	0,800	0,786	0,699	0,590	0,418	0,028	0,000
0,900	0,884	0,879	0,861	0,820	0,788	0,707	0,616	0,447	0,040	0,000
0,950	0,905	0,888	0,858	0,835		0,741	0,680	0,473	0,062	0,000
1,000	0,908	0,887	0,881	0,863	0,789	0,767	0,664	0,501	0,066	0,000

Tabela 5.19: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados											
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	85%	90%	
0,050	0,002	0,001	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,058	0,046	0,028	0,015	0,007	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,203	0,159	0,116	0,082	0,038	0,016	0,003	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,332	0,329	0,248	0,162	0,113	0,040	0,023	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
0,250	0,483	0,439	0,375	0,287	0,200	0,109	0,040	0,005	0,001	0,000	0,000	0,000
0,300	0,589	0,546	0,463	0,368	0,250	0,172	0,101	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000
0,350	0,629	0,576	0,524	0,442	0,374	0,264	0,136	0,034	0,000	0,000	0,000	0,000
0,400	0,661	0,635	0,598	0,512	0,429	0,320	0,199	0,073	0,003	0,000	0,000	0,000
0,450	0,738	0,673	0,626	0,583	0,537	0,406	0,243	0,085	0,002	0,000	0,000	0,000
0,500	0,766	0,757	0,673	0,637	0,579	0,433	0,315	0,131	0,001	0,000	0,000	0,000
0,550	0,801	0,782	0,738	0,655	0,591	0,498	0,384	0,180	0,006	0,000	0,000	0,000
0,600	0,813	0,769	0,748	0,665	0,665	0,546	0,398	0,235	0,010	0,000	0,000	0,000
0,650	0,823	0,803	0,778	0,710	0,641	0,601	0,463	0,276	0,013	0,000	0,000	0,000
0,700	0,867	0,828	0,796	0,745	0,665	0,629	0,481	0,298	0,025	0,000	0,000	0,000
0,750	0,848	0,847	0,812	0,769	0,746	0,668	0,519	0,330	0,024	0,001	0,000	0,000
0,800	0,887	0,856	0,811	0,812	0,732	0,681	0,586	0,364	0,025	0,001	0,000	0,000
0,850	0,893	0,889	0,826	0,812	0,757	0,711	0,594	0,423	0,035	0,001	0,000	0,000
0,900	0,889	0,857	0,845	0,827	0,763	0,733	0,632	0,457	0,056	0,002	0,000	0,000
0,950	0,902	0,867	0,864	0,851	0,815	0,734	0,634	0,418	0,053	0,002	0,000	0,000
1,000	0,924	0,907	0,845	0,843	0,802	0,762	0,667	0,494	0,071	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.20: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados											
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	85%	90%	
0,05	0,004	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,10	0,064	0,029	0,021	0,013	0,008	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,15	0,194	0,152	0,114	0,071	0,036	0,015	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,20	0,371	0,304	0,239	0,172	0,125	0,051	0,018	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000
0,25	0,488	0,431	0,353	0,267	0,188	0,108	0,052	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000
0,30	0,577	0,514	0,457	0,375	0,282	0,183	0,098	0,018	0,001	0,000	0,000	0,000
0,35	0,655	0,565	0,547	0,449	0,373	0,279	0,145	0,036	0,001	0,000	0,000	0,000
0,40	0,668	0,646	0,592	0,537	0,427	0,347	0,174	0,066	0,001	0,000	0,000	0,000
0,45	0,718	0,685	0,653	0,590	0,512	0,386	0,246	0,102	0,002	0,000	0,000	0,000
0,50	0,743	0,747	0,701	0,618	0,554	0,479	0,312	0,156	0,009	0,000	0,000	0,000
0,55	0,792	0,751	0,725	0,695	0,591	0,517	0,362	0,178	0,005	0,000	0,000	0,000
0,60	0,821	0,769	0,745	0,698	0,636	0,537	0,43	0,226	0,015	0,001	0,000	0,000
0,65	0,845	0,818	0,789	0,743	0,651	0,586	0,464	0,253	0,010	0,000	0,000	0,000
0,70	0,866	0,821	0,805	0,774	0,720	0,629	0,475	0,286	0,017	0,000	0,000	0,000
0,75	0,874	0,852	0,803	0,771	0,734	0,647	0,549	0,327	0,022	0,002	0,000	0,000
0,80	0,871	0,859	0,82	0,788	0,737	0,656	0,55	0,389	0,045	0,000	0,000	0,000
0,85	0,885	0,872	0,848	0,817	0,755	0,684	0,61	0,38	0,038	0,000	0,000	0,000
0,90	0,894	0,879	0,87	0,843	0,789	0,711	0,627	0,431	0,04	0,001	0,000	0,000
0,95	0,909	0,901	0,874	0,824	0,777	0,740	0,657	0,457	0,055	0,000	0,000	0,000
1	0,898	0,91	0,87	0,854	0,804	0,77	0,672	0,488	0,061	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.21: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados											
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	85%	90%	
0,050	0,001	0,003	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,059	0,040	0,028	0,005	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,218	0,152	0,096	0,062	0,038	0,014	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,355	0,298	0,224	0,198	0,105	0,042	0,018	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
0,250	0,477	0,444	0,327	0,277	0,206	0,108	0,038	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000
0,300	0,535	0,526	0,476	0,376	0,319	0,180	0,080	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000
0,350	0,618	0,590	0,551	0,431	0,388	0,272	0,148	0,043	0,000	0,000	0,000	0,000
0,400	0,698	0,644	0,579	0,559	0,417	0,331	0,205	0,074	0,001	0,000	0,000	0,000
0,450	0,741	0,699	0,654	0,565	0,499	0,415	0,258	0,107	0,003	0,000	0,000	0,000
0,500	0,752	0,751	0,674	0,628	0,579	0,463	0,332	0,129	0,007	0,000	0,000	0,000
0,550	0,785	0,765	0,729	0,657	0,594	0,529	0,405	0,182	0,006	0,001	0,000	0,000
0,600	0,829	0,787	0,729	0,680	0,635	0,541	0,421	0,216	0,012	0,000	0,000	0,000
0,650	0,854	0,816	0,765	0,713	0,670	0,597	0,451	0,270	0,013	0,000	0,000	0,000
0,700	0,852	0,801	0,770	0,758	0,722	0,629	0,515	0,311	0,019	0,000	0,000	0,000
0,750	0,859	0,848	0,809	0,781	0,738	0,660	0,530	0,326	0,020	0,000	0,000	0,000
0,800	0,877	0,844	0,801	0,783	0,736	0,680	0,571	0,376	0,043	0,000	0,000	0,000
0,850	0,884	0,856	0,844	0,820	0,784	0,705	0,609	0,408	0,035	0,000	0,000	0,000
0,900	0,882	0,862	0,867	0,842	0,769	0,735	0,644	0,450	0,045	0,002	0,000	0,000
0,950	0,897	0,888	0,872	0,829	0,798	0,738	0,654	0,469	0,056	0,000	0,000	0,000
1,000	0,895	0,883	0,860	0,853	0,804	0,746	0,676	0,531	0,065	0,001	0,000	0,000

Tabela 5.22: Persistência com rede mundo pequeno com probabilidade de reconexão $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados											
	0%	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	85%		
0,050	0,002	0,001	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,071	0,043	0,023	0,011	0,000	0,003	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,150	0,210	0,182	0,118	0,065	0,032	0,020	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,200	0,363	0,288	0,206	0,178	0,112	0,052	0,018	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000
0,250	0,476	0,394	0,360	0,265	0,180	0,111	0,043	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000
0,300	0,585	0,514	0,470	0,383	0,310	0,203	0,094	0,020	0,000	0,000	0,000	0,000
0,350	0,629	0,605	0,566	0,481	0,361	0,261	0,151	0,035	0,000	0,000	0,000	0,000
0,400	0,707	0,658	0,595	0,530	0,438	0,343	0,211	0,058	0,002	0,000	0,000	0,000
0,450	0,724	0,668	0,608	0,583	0,500	0,406	0,233	0,099	0,003	0,000	0,000	0,000
0,500	0,793	0,738	0,674	0,621	0,559	0,449	0,336	0,147	0,009	0,000	0,000	0,000
0,550	0,811	0,757	0,703	0,666	0,609	0,501	0,388	0,189	0,005	0,000	0,000	0,000
0,600	0,824	0,774	0,758	0,735	0,657	0,541	0,452	0,184	0,010	0,000	0,000	0,000
0,650	0,865	0,821	0,811	0,718	0,679	0,625	0,463	0,251	0,018	0,000	0,000	0,000
0,700	0,860	0,822	0,794	0,777	0,707	0,629	0,502	0,313	0,024	0,000	0,000	0,000
0,750	0,867	0,832	0,792	0,800	0,732	0,649	0,525	0,348	0,039	0,000	0,000	0,000
0,800	0,869	0,845	0,810	0,790	0,772	0,677	0,584	0,368	0,028	0,000	0,000	0,000
0,850	0,883	0,866	0,831	0,784	0,757	0,700	0,584	0,405	0,043	0,000	0,000	0,000
0,900	0,897	0,877	0,846	0,822	0,771	0,692	0,635	0,461	0,053	0,000	0,000	0,000
0,950	0,906	0,870	0,860	0,843	0,823	0,771	0,643	0,489	0,039	0,000	0,000	0,000
1,000	0,914	0,905	0,874	0,845	0,795	0,755	0,659	0,507	0,067	0,000	0,000	0,000

Tabela 5.23: Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção de indivíduos aleatória.

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,002	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,014	0,019	0,069	0,064	0,017	0,012	0,009	0,001	0,000
0,150	0,147	0,149	0,211	0,216	0,118	0,098	0,053	0,038	0,007
0,200	0,322	0,321	0,352	0,348	0,276	0,244	0,199	0,092	0,027
0,250	0,466	0,444	0,471	0,465	0,451	0,386	0,290	0,140	0,044
0,300	0,534	0,562	0,562	0,542	0,547	0,495	0,390	0,195	0,057
0,350	0,639	0,606	0,646	0,649	0,642	0,586	0,476	0,252	0,067
0,400	0,680	0,680	0,692	0,683	0,671	0,664	0,559	0,267	0,062
0,450	0,727	0,735	0,717	0,742	0,731	0,669	0,603	0,338	0,096
0,500	0,776	0,749	0,765	0,772	0,764	0,769	0,619	0,343	0,095
0,550	0,803	0,787	0,797	0,780	0,782	0,771	0,686	0,393	0,102
0,600	0,810	0,839	0,815	0,800	0,801	0,781	0,728	0,413	0,106
0,650	0,862	0,823	0,815	0,838	0,819	0,829	0,738	0,401	0,115
0,700	0,853	0,862	0,869	0,858	0,844	0,828	0,740	0,464	0,072
0,750	0,863	0,855	0,874	0,870	0,866	0,840	0,781	0,449	0,089
0,800	0,886	0,857	0,871	0,891	0,864	0,866	0,804	0,467	0,104
0,850	0,886	0,902	0,864	0,894	0,879	0,874	0,839	0,504	0,114
0,900	0,902	0,888	0,899	0,890	0,890	0,897	0,839	0,498	0,110
0,950	0,909	0,914	0,918	0,906	0,915	0,885	0,824	0,548	0,130
1,000	0,899	0,896	0,916	0,921	0,906	0,913	0,850	0,564	0,105

Tabela 5.24: Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,020	0,013	0,017	0,013	0,016	0,011	0,006	0,002	0,000
0,150	0,167	0,129	0,130	0,132	0,113	0,095	0,052	0,012	0,000
0,200	0,329	0,340	0,345	0,296	0,293	0,245	0,140	0,046	0,002
0,250	0,462	0,462	0,471	0,441	0,418	0,362	0,222	0,063	0,007
0,300	0,558	0,552	0,541	0,545	0,524	0,445	0,277	0,104	0,006
0,350	0,631	0,648	0,607	0,615	0,600	0,537	0,353	0,112	0,009
0,400	0,676	0,690	0,695	0,702	0,640	0,597	0,376	0,126	0,006
0,450	0,715	0,732	0,699	0,730	0,703	0,608	0,434	0,133	0,007
0,500	0,766	0,772	0,773	0,768	0,740	0,639	0,479	0,147	0,011
0,550	0,766	0,811	0,817	0,775	0,773	0,691	0,483	0,169	0,006
0,600	0,822	0,822	0,795	0,831	0,808	0,719	0,481	0,183	0,010
0,650	0,824	0,823	0,833	0,841	0,796	0,767	0,527	0,184	0,015
0,700	0,860	0,853	0,848	0,850	0,822	0,744	0,511	0,188	0,017
0,750	0,855	0,864	0,868	0,869	0,831	0,762	0,561	0,198	0,009
0,800	0,879	0,874	0,881	0,875	0,855	0,780	0,556	0,187	0,016
0,850	0,889	0,892	0,895	0,881	0,883	0,789	0,577	0,187	0,017
0,900	0,912	0,892	0,877	0,883	0,871	0,815	0,563	0,202	0,016
0,950	0,903	0,891	0,919	0,900	0,887	0,834	0,639	0,212	0,015
1,000	0,917	0,918	0,900	0,903	0,900	0,841	0,608	0,206	0,019

Tabela 5.25: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,022	0,016	0,015	0,021	0,012	0,007	0,005	0,001	0,001
0,150	0,136	0,124	0,149	0,140	0,122	0,089	0,046	0,015	0,001
0,200	0,312	0,335	0,340	0,304	0,284	0,218	0,146	0,041	0,003
0,250	0,439	0,454	0,452	0,451	0,406	0,358	0,208	0,080	0,007
0,300	0,564	0,528	0,548	0,538	0,551	0,471	0,268	0,110	0,010
0,350	0,631	0,643	0,654	0,652	0,609	0,538	0,333	0,105	0,009
0,400	0,668	0,697	0,703	0,650	0,656	0,556	0,402	0,134	0,009
0,450	0,734	0,712	0,723	0,705	0,731	0,666	0,423	0,126	0,011
0,500	0,763	0,768	0,777	0,762	0,748	0,668	0,482	0,159	0,009
0,550	0,814	0,795	0,787	0,795	0,766	0,689	0,470	0,171	0,017
0,600	0,811	0,811	0,811	0,813	0,797	0,726	0,504	0,174	0,021
0,650	0,819	0,845	0,840	0,813	0,841	0,722	0,523	0,187	0,011
0,700	0,847	0,844	0,841	0,840	0,834	0,771	0,549	0,186	0,019
0,750	0,849	0,838	0,838	0,850	0,846	0,796	0,537	0,202	0,020
0,800	0,876	0,887	0,873	0,871	0,850	0,802	0,583	0,233	0,015
0,850	0,898	0,870	0,888	0,880	0,851	0,811	0,581	0,212	0,019
0,900	0,904	0,889	0,884	0,896	0,873	0,801	0,586	0,230	0,014
0,950	0,922	0,917	0,911	0,886	0,866	0,824	0,638	0,228	0,023
1,000	0,900	0,896	0,908	0,917	0,893	0,833	0,633	0,234	0,027

Tabela 5.26: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,014	0,021	0,055	0,015	0,011	0,003	0,002	0,001	0,000
0,150	0,144	0,133	0,209	0,142	0,108	0,092	0,049	0,015	0,000
0,200	0,315	0,304	0,343	0,304	0,294	0,242	0,126	0,040	0,005
0,250	0,456	0,456	0,473	0,456	0,427	0,335	0,228	0,064	0,010
0,300	0,541	0,532	0,576	0,576	0,506	0,461	0,286	0,096	0,015
0,350	0,621	0,642	0,626	0,622	0,610	0,537	0,365	0,119	0,012
0,400	0,680	0,698	0,695	0,695	0,645	0,596	0,386	0,134	0,017
0,450	0,695	0,713	0,732	0,716	0,710	0,632	0,441	0,161	0,022
0,500	0,773	0,762	0,764	0,758	0,745	0,679	0,487	0,137	0,021
0,550	0,789	0,788	0,798	0,779	0,760	0,697	0,485	0,165	0,023
0,600	0,815	0,828	0,810	0,795	0,791	0,733	0,533	0,185	0,017
0,650	0,839	0,817	0,829	0,830	0,813	0,742	0,559	0,184	0,022
0,700	0,856	0,832	0,834	0,860	0,834	0,759	0,568	0,201	0,016
0,750	0,864	0,862	0,851	0,847	0,846	0,794	0,603	0,222	0,029
0,800	0,865	0,874	0,889	0,883	0,873	0,801	0,585	0,195	0,020
0,850	0,880	0,889	0,890	0,871	0,863	0,818	0,621	0,229	0,021
0,900	0,887	0,905	0,887	0,894	0,901	0,832	0,621	0,220	0,018
0,950	0,884	0,919	0,895	0,926	0,882	0,856	0,647	0,251	0,027
1,000	0,913	0,912	0,926	0,911	0,885	0,831	0,627	0,236	0,025

Tabela 5.27: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,018	0,017	0,021	0,014	0,014	0,010	0,006	0,002	0,000
0,150	0,139	0,172	0,152	0,161	0,117	0,095	0,037	0,022	0,002
0,200	0,321	0,326	0,319	0,324	0,303	0,252	0,132	0,054	0,008
0,250	0,468	0,469	0,429	0,441	0,427	0,364	0,257	0,089	0,013
0,300	0,571	0,544	0,562	0,543	0,532	0,485	0,308	0,101	0,018
0,350	0,642	0,632	0,640	0,615	0,588	0,544	0,355	0,139	0,018
0,400	0,690	0,689	0,702	0,688	0,679	0,609	0,397	0,138	0,020
0,450	0,744	0,725	0,708	0,723	0,680	0,642	0,464	0,156	0,026
0,500	0,769	0,754	0,756	0,748	0,761	0,665	0,489	0,178	0,020
0,550	0,765	0,780	0,796	0,774	0,800	0,711	0,527	0,200	0,024
0,600	0,810	0,820	0,814	0,810	0,799	0,764	0,537	0,207	0,026
0,650	0,833	0,844	0,828	0,814	0,816	0,781	0,605	0,201	0,020
0,700	0,863	0,843	0,841	0,838	0,841	0,784	0,591	0,206	0,026
0,750	0,860	0,870	0,861	0,861	0,844	0,806	0,589	0,222	0,033
0,800	0,867	0,878	0,865	0,869	0,859	0,810	0,622	0,218	0,023
0,850	0,887	0,887	0,863	0,893	0,876	0,813	0,646	0,236	0,041
0,900	0,898	0,895	0,899	0,892	0,890	0,828	0,668	0,237	0,029
0,950	0,908	0,899	0,890	0,903	0,901	0,831	0,671	0,241	0,025
1,000	0,923	0,899	0,906	0,889	0,891	0,844	0,683	0,237	0,035

Tabela 5.28: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,000	0,000	0,002	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
0,100	0,014	0,019	0,069	0,064	0,017	0,012	0,009	0,001	0,000
0,150	0,147	0,149	0,211	0,216	0,118	0,098	0,053	0,038	0,007
0,200	0,322	0,321	0,352	0,348	0,276	0,244	0,199	0,092	0,027
0,250	0,466	0,444	0,471	0,465	0,451	0,386	0,290	0,140	0,044
0,300	0,534	0,562	0,562	0,542	0,547	0,495	0,390	0,195	0,057
0,350	0,639	0,606	0,646	0,649	0,642	0,586	0,476	0,252	0,067
0,400	0,680	0,680	0,692	0,683	0,671	0,664	0,559	0,267	0,062
0,450	0,727	0,735	0,717	0,742	0,731	0,669	0,603	0,338	0,096
0,500	0,776	0,749	0,765	0,772	0,764	0,769	0,619	0,343	0,095
0,550	0,803	0,787	0,797	0,780	0,782	0,771	0,686	0,393	0,102
0,600	0,810	0,839	0,815	0,800	0,801	0,781	0,728	0,413	0,106
0,650	0,862	0,823	0,815	0,838	0,819	0,829	0,738	0,401	0,115
0,700	0,853	0,862	0,869	0,858	0,844	0,828	0,740	0,464	0,072
0,750	0,863	0,855	0,874	0,870	0,866	0,840	0,781	0,449	0,089
0,800	0,886	0,857	0,871	0,891	0,864	0,866	0,804	0,467	0,104
0,850	0,886	0,902	0,864	0,894	0,879	0,874	0,839	0,504	0,114
0,900	0,902	0,888	0,899	0,890	0,890	0,897	0,839	0,498	0,110
0,950	0,909	0,914	0,918	0,906	0,915	0,885	0,824	0,548	0,130
1,000	0,899	0,896	0,916	0,921	0,906	0,913	0,850	0,564	0,105

Tabela 5.29: Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados $\sigma = 0.4$.

β	Percentagem de indivíduos vacinados									
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%	99%
0,050	0,004	0,002	0,005	0,002	0,000	0,002	0,002	0,003	0,000	0,000
0,100	0,061	0,062	0,059	0,056	0,064	0,065	0,056	0,049	0,040	0,005
0,150	0,206	0,215	0,206	0,196	0,213	0,235	0,191	0,193	0,129	0,030
0,200	0,377	0,386	0,371	0,356	0,368	0,355	0,365	0,326	0,254	0,059
0,250	0,490	0,451	0,505	0,472	0,480	0,472	0,460	0,462	0,338	0,081
0,300	0,573	0,545	0,547	0,561	0,605	0,578	0,561	0,552	0,425	0,103
0,350	0,620	0,633	0,636	0,640	0,618	0,653	0,630	0,595	0,486	0,148
0,400	0,679	0,690	0,696	0,682	0,691	0,697	0,702	0,673	0,568	0,170
0,450	0,731	0,723	0,716	0,722	0,722	0,738	0,734	0,713	0,588	0,163
0,500	0,746	0,781	0,756	0,766	0,765	0,772	0,774	0,757	0,630	0,195
0,550	0,810	0,770	0,775	0,783	0,795	0,778	0,781	0,787	0,673	0,196
0,600	0,824	0,785	0,821	0,805	0,816	0,824	0,820	0,798	0,692	0,213
0,650	0,855	0,826	0,813	0,830	0,836	0,854	0,821	0,828	0,700	0,214
0,700	0,852	0,881	0,858	0,834	0,851	0,842	0,864	0,838	0,706	0,227
0,750	0,871	0,856	0,845	0,866	0,861	0,860	0,862	0,863	0,715	0,238
0,800	0,866	0,866	0,880	0,882	0,880	0,853	0,873	0,864	0,746	0,230
0,850	0,890	0,885	0,900	0,876	0,880	0,894	0,871	0,852	0,737	0,254
0,900	0,900	0,889	0,887	0,881	0,884	0,890	0,892	0,862	0,790	0,248
0,950	0,905	0,911	0,905	0,901	0,905	0,902	0,895	0,881	0,802	0,271
1,000	0,931	0,911	0,912	0,913	0,894	0,904	0,922	0,888	0,772	0,238

Tabela 5.30: Persistência com rede regular em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.

β	Percentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,002	0,001	0,001	0,001	0,000	0,001	0,001	0,002	0,000
0,100	0,075	0,062	0,055	0,064	0,058	0,066	0,062	0,053	0,029
0,150	0,214	0,217	0,209	0,216	0,191	0,217	0,184	0,176	0,139
0,200	0,332	0,345	0,343	0,348	0,340	0,352	0,371	0,329	0,248
0,250	0,469	0,468	0,473	0,465	0,516	0,507	0,483	0,454	0,349
0,300	0,561	0,587	0,576	0,542	0,555	0,601	0,546	0,549	0,431
0,350	0,635	0,630	0,626	0,649	0,633	0,631	0,598	0,609	0,509
0,400	0,675	0,709	0,695	0,683	0,711	0,704	0,653	0,693	0,549
0,450	0,732	0,719	0,732	0,742	0,731	0,731	0,726	0,712	0,578
0,500	0,752	0,732	0,764	0,772	0,752	0,771	0,782	0,718	0,623
0,550	0,782	0,791	0,798	0,780	0,791	0,799	0,783	0,778	0,654
0,600	0,807	0,827	0,810	0,800	0,824	0,822	0,818	0,820	0,677
0,650	0,837	0,826	0,829	0,838	0,840	0,828	0,830	0,820	0,712
0,700	0,852	0,831	0,834	0,858	0,844	0,849	0,856	0,848	0,725
0,750	0,864	0,850	0,851	0,870	0,882	0,872	0,866	0,832	0,742
0,800	0,882	0,874	0,889	0,891	0,858	0,877	0,881	0,865	0,740
0,850	0,892	0,889	0,890	0,894	0,879	0,877	0,887	0,877	0,769
0,900	0,895	0,899	0,887	0,890	0,895	0,881	0,883	0,865	0,792
0,950	0,895	0,900	0,895	0,906	0,900	0,900	0,905	0,881	0,788
1,000	0,901	0,919	0,926	0,921	0,906	0,904	0,910	0,889	0,772

Tabela 5.31: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.01$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,001	0,001	0,000	0,001	0,000	0,002	0,002	0,002	0,000
0,100	0,077	0,059	0,065	0,050	0,058	0,053	0,056	0,051	0,033
0,150	0,223	0,210	0,209	0,210	0,195	0,203	0,197	0,203	0,138
0,200	0,361	0,381	0,340	0,339	0,352	0,370	0,357	0,313	0,286
0,250	0,478	0,504	0,474	0,496	0,477	0,456	0,479	0,450	0,350
0,300	0,549	0,555	0,583	0,586	0,553	0,550	0,570	0,540	0,431
0,350	0,634	0,638	0,629	0,623	0,651	0,615	0,646	0,604	0,482
0,400	0,686	0,699	0,691	0,708	0,697	0,713	0,684	0,693	0,572
0,450	0,680	0,733	0,727	0,711	0,747	0,704	0,751	0,744	0,602
0,500	0,760	0,759	0,767	0,743	0,751	0,738	0,763	0,747	0,640
0,550	0,776	0,761	0,776	0,782	0,796	0,791	0,776	0,790	0,648
0,600	0,827	0,823	0,809	0,799	0,829	0,812	0,837	0,797	0,680
0,650	0,829	0,840	0,809	0,856	0,828	0,820	0,819	0,836	0,719
0,700	0,851	0,843	0,858	0,857	0,822	0,856	0,825	0,821	0,715
0,750	0,861	0,873	0,860	0,854	0,856	0,871	0,870	0,861	0,744
0,800	0,868	0,879	0,876	0,867	0,857	0,869	0,900	0,865	0,772
0,850	0,884	0,901	0,880	0,886	0,892	0,896	0,890	0,886	0,749
0,900	0,902	0,886	0,909	0,890	0,866	0,899	0,907	0,893	0,783
0,950	0,898	0,916	0,913	0,888	0,901	0,918	0,910	0,890	0,795
1,000	0,901	0,917	0,900	0,907	0,908	0,906	0,910	0,889	0,790

Tabela 5.32: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.05$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,001	0,002	0,001	0,003	0,001	0,000	0,001	0,001	0,001
0,100	0,069	0,056	0,043	0,051	0,063	0,061	0,056	0,051	0,031
0,150	0,218	0,208	0,190	0,224	0,198	0,196	0,180	0,198	0,141
0,200	0,360	0,340	0,369	0,352	0,355	0,354	0,343	0,360	0,256
0,250	0,492	0,461	0,480	0,480	0,470	0,479	0,457	0,450	0,346
0,300	0,582	0,567	0,579	0,586	0,579	0,574	0,549	0,556	0,444
0,350	0,642	0,637	0,643	0,659	0,633	0,652	0,627	0,604	0,508
0,400	0,682	0,675	0,692	0,681	0,656	0,661	0,686	0,684	0,555
0,450	0,718	0,741	0,726	0,711	0,720	0,714	0,731	0,705	0,602
0,500	0,740	0,770	0,766	0,776	0,757	0,738	0,771	0,743	0,618
0,550	0,794	0,793	0,793	0,788	0,772	0,790	0,788	0,769	0,656
0,600	0,803	0,811	0,789	0,801	0,811	0,817	0,794	0,806	0,676
0,650	0,823	0,850	0,814	0,840	0,836	0,851	0,817	0,829	0,747
0,700	0,835	0,844	0,850	0,855	0,859	0,865	0,863	0,859	0,731
0,750	0,875	0,853	0,858	0,860	0,870	0,857	0,869	0,872	0,739
0,800	0,878	0,899	0,872	0,881	0,871	0,884	0,874	0,876	0,777
0,850	0,895	0,905	0,887	0,880	0,881	0,879	0,865	0,863	0,776
0,900	0,913	0,906	0,884	0,898	0,897	0,888	0,884	0,894	0,795
0,950	0,914	0,889	0,915	0,907	0,914	0,911	0,897	0,892	0,786
1,000	0,919	0,910	0,903	0,906	0,893	0,922	0,910	0,915	0,808

Tabela 5.33: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.1$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados								
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%
0,050	0,001	0,000	0,002	0,001	0,000	0,003	0,001	0,003	0,001
0,100	0,072	0,052	0,069	0,058	0,064	0,058	0,062	0,045	0,040
0,150	0,207	0,210	0,211	0,192	0,184	0,212	0,212	0,195	0,139
0,200	0,363	0,348	0,352	0,331	0,359	0,328	0,368	0,319	0,254
0,250	0,447	0,479	0,471	0,484	0,477	0,456	0,481	0,462	0,343
0,300	0,569	0,545	0,562	0,547	0,577	0,589	0,521	0,543	0,421
0,350	0,655	0,622	0,646	0,633	0,641	0,624	0,629	0,601	0,508
0,400	0,682	0,676	0,692	0,681	0,704	0,685	0,687	0,692	0,572
0,450	0,733	0,713	0,717	0,715	0,735	0,714	0,722	0,702	0,599
0,500	0,756	0,776	0,765	0,730	0,762	0,750	0,769	0,754	0,654
0,550	0,799	0,805	0,797	0,781	0,807	0,794	0,785	0,780	0,653
0,600	0,814	0,795	0,815	0,816	0,798	0,836	0,798	0,806	0,695
0,650	0,832	0,836	0,815	0,837	0,828	0,821	0,844	0,807	0,715
0,700	0,841	0,840	0,869	0,841	0,844	0,865	0,847	0,851	0,762
0,750	0,865	0,857	0,874	0,863	0,863	0,873	0,872	0,836	0,766
0,800	0,882	0,864	0,871	0,861	0,882	0,850	0,881	0,880	0,760
0,850	0,869	0,901	0,864	0,901	0,894	0,892	0,878	0,871	0,788
0,900	0,901	0,914	0,899	0,898	0,878	0,903	0,903	0,895	0,801
0,950	0,884	0,909	0,918	0,907	0,923	0,911	0,908	0,897	0,784
1,000	0,896	0,917	0,916	0,925	0,905	0,919	0,910	0,898	0,819

Tabela 5.34: Persistência com rede mundo pequeno com $p = 0.2$ em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.

β	Porcentagem de indivíduos vacinados									
	10%	20%	30%	40%	50%	60%	70%	80%	90%	99%
0,05	0,001	0,001	0,000	0,000	0,000	0,003	0,002	0,003	0,006	0,002
0,10	0,064	0,080	0,058	0,062	0,056	0,054	0,055	0,059	0,038	0,057
0,15	0,220	0,229	0,207	0,215	0,177	0,199	0,212	0,207	0,171	0,133
0,20	0,370	0,375	0,359	0,359	0,330	0,371	0,360	0,339	0,319	0,213
0,25	0,475	0,471	0,469	0,463	0,442	0,460	0,474	0,473	0,427	0,344
0,30	0,599	0,570	0,559	0,611	0,545	0,576	0,588	0,567	0,513	0,389
0,35	0,632	0,657	0,648	0,603	0,648	0,644	0,665	0,64	0,532	0,440
0,40	0,682	0,702	0,693	0,679	0,692	0,672	0,716	0,661	0,614	0,437
0,45	0,708	0,743	0,746	0,713	0,737	0,720	0,704	0,713	0,650	0,492
0,50	0,784	0,761	0,752	0,753	0,753	0,766	0,735	0,758	0,710	0,52
0,55	0,807	0,782	0,802	0,798	0,791	0,812	0,797	0,797	0,724	0,555
0,60	0,796	0,829	0,807	0,831	0,806	0,794	0,814	0,812	0,744	0,556
0,65	0,841	0,825	0,830	0,857	0,850	0,841	0,840	0,821	0,746	0,585
0,70	0,851	0,839	0,847	0,850	0,844	0,856	0,849	0,846	0,778	0,607
0,75	0,859	0,870	0,875	0,850	0,854	0,851	0,866	0,862	0,800	0,612
0,80	0,883	0,872	0,866	0,870	0,892	0,881	0,864	0,875	0,828	0,608
0,85	0,865	0,881	0,89	0,874	0,887	0,878	0,902	0,883	0,814	0,598
0,90	0,897	0,899	0,895	0,909	0,881	0,894	0,916	0,902	0,806	0,607
0,95	0,900	0,912	0,898	0,896	0,891	0,913	0,903	0,894	0,845	0,647
1,00	0,909	0,916	0,919	0,917	0,917	0,915	0,884	0,903	0,856	0,647

Tabela 5.35: Persistência com rede escala livre em função de β para vários percentagens de indivíduos vacinados, com seleção por conglomerados.