



Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Estatística e Informática

Pós Graduação em Biometria e Estatística Aplicada

**MODELAGEM DE PROCESSOS  
ESTOCÁSTICOS ESPAÇO-TEMPORAIS E  
DE PERCOLAÇÃO NO ESTUDO DE RISCO  
SOBRE SISTEMAS: UMA APLICAÇÃO AO  
ESTUDO DA TRANSMISSÃO À FEBRE  
AFTOSA**

Mariese Conceição Alves dos Santos

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

Recife-PE  
03 de junho de 2011

Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Estatística e Informática

Mariese Conceição Alves dos Santos

**MODELAGEM DE PROCESSOS ESTOCÁSTICOS  
ESPAÇO-TEMPORAIS E DE PERCOLAÇÃO NO ESTUDO DE  
RISCO SOBRE SISTEMAS: UMA APLICAÇÃO AO ESTUDO DA  
TRANSMISSÃO À FEBRE AFTOSA**

*Trabalho apresentado ao Programa de Pós Graduação em  
Biometria e Estatística Aplicada do Departamento de Es-  
tatística e Informática da Universidade Federal Rural de  
Pernambuco como requisito parcial para obtenção do grau  
de Mestre em Biometria e Estatística Aplicada.*

Orientador: *Cláudio Tadeu Cristino*

Recife-PE  
03 de junho de 2011



## Ficha Catalográfica

S237m Santos, Mariese Conceição Alves dos  
Modelagem de processos estocásticos espaço-temporais e de percolação no estudo de risco sobre sistemas: uma aplicação ao estudo da transmissão à febre aftosa / Mariese Conceição Alves dos Santos. – 2011.  
103 p. : il.

Orientador (a): Cláudio Tadeu Cristino.  
Dissertação (Mestrado Biometria e Estatística Aplicada) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Estatística e Informática, Recife, 2011.  
Inclui referências e apêndice.

1. Febre aftosa 2. Percolação 3. Modelagem Estatística e Computacional 4. Processos pontuais 5. Simulação I. Cristino, Cláudio Tadeu, Orientador II. Título

CDD 574.018

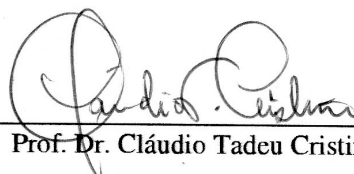
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Estatística e Informática

Mariese Conceição Alves dos Santos

**MODELAGEM DE PROCESSOS ESTOCÁSTICOS ESPAÇO-TEMPORAIS E DE  
PERCOLAÇÃO NO ESTUDO DE RISCO SOBRE SISTEMA: UMA APLICAÇÃO AO  
ESTUDO DA TRANSMISSÃO À FEBRE AFTOSA**

Dissertação julgada adequada para obtenção do título e mestre  
em Biometria e Estatística Aplicada, defendida e aprovada  
por unanimidade em 03/06/2011 pela Comissão Examinadora.

Orientador:



Prof. Dr. Cláudio Tadeu Cristino

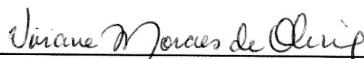
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Borko Stosic

Universidade Federal Rural de Pernambuco



Prof. Dra. Viviane Moraes de Oliveira

Universidade Federal Rural de Pernambuco



Prof. Dr. Severino Benone Paes Barbosa

Universidade Federal Rural de Pernambuco

*Dedico este trabalho a minha família meu tudo, meu refúgio e minha fortaleza.*

# Agradecimentos

A Deus primeiramente por ter me permitido chegar até aqui, pelos anjos que colocou no meu caminho para ajudarem a contornar os obstáculos.

Agradeço ao professor Claudio Tadeu Cristino pela orientação. Aos professores Viviane e Borko pelo apoio em diversos momentos durante o curso. Ao professor Gabriel pelas dúvidas tiradas e apoio em diversas fases e ao coordenador do curso professor Moacir pelo incentivo.

A minha família pelo apoio, incentivo, por sempre acreditar que eu chegaria até aqui, pelos momentos que passamos distantes e juntos nestes dois anos.

Aos grandes amigos do LAA, laboratório de alergia e acarologia da UFBA, por ter me incentivado a chegar até aqui. Principalmente ao meu amigo Joilson pelo apoio e pela grande amizade que construímos nestes dois anos e Kelly pela grande amizade.

Aos amigos do curso, principalmente Rosilda, Rodrigo Silva, Rodrigo Pereira, David e Aranildo que me incentivaram em todos os momentos.

Ao CNPq pelo apoio financeiro.

*Deus é o que me cinge de força e aperfeiçoa o meu caminho.*

—SALMO 18:32



# Resumo

A Febre aftosa (FA) é uma enfermidade que ataca a todos os animais de casco fendido, principalmente bovinos, suínos, ovinos e caprinos. Ela é caracterizada pela formação de vesículas e considerada a mais grave de todas infecções. É gerada por pelo menos sete sorotipos de vírus que causam infecções indistinguíveis. A propagação está associada com o movimento de animais infectados e o seu contato com animais suscetíveis. Nesta dissertação foi proposto um modelo que teve como objetivo encontrar um índice de risco de transmissão pelo vírus da febre aftosa (VFA) entre fazendas de rebanho bovino através de uma rede. Ele é formado por dois níveis, no primeiro será analisado o processo pontual  $\mathcal{F}$ , gerado a partir de pontos  $\mathbf{x}_i \in A \subset \mathbb{R}^2$  sorteados aleatoriamente e do processo estocástico  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ , o nível de infecção, que através dele é feita a localização da ocorrência da infecção pelo vírus da febre aftosa, chamado de *focus* de infecção. O segundo nível é um modelo de percolação  $\mathcal{G}(G, P)$ , em que  $G = G(F, E)$  é um grafo,  $F$  um conjunto de fazendas e  $E$  representando as arestas que ligam as fazendas. E  $P$  é a probabilidade dessa transmissão ocorrer. Com a união dos dois níveis surge  $\mathcal{G}'(G', P')$ , em que  $G'$  é formado por  $F'$ , a união do conjunto de fazendas  $F$  ao conjunto de *focus*  $\mathcal{F}$ , e  $E'$  a união das arestas  $E$  com as novas arestas ligando  $F$  a  $\mathcal{F}$ . E  $P'$  é formado pelo conjunto de valores de  $P$  e por  $P_{i,l}$ , a probabilidade da fazenda  $F_i$  ser infectada por um *foco*  $f_l$ . Foram simulados pontos representando as coordenadas cartesianas das fazendas e o tamanho do rebanho, os pontos foram distribuídos de forma aleatória e regular na rede. Também foram simuladas as posições relativas iniciais dos *focus* de forma aleatória na rede, no centro, nas bordas e nos vértices, considerando 3 áreas da região de estudo  $A$ . Os resultados mostraram que não há diferença para os dois tipos de rede e confirmam o impacto da posição relativa

inicial dos *focus* na rede para uma propagação da infecção em um conjunto de fazendas, esses resultados também foram mostrados quando comparados para 3 áreas de  $A$ .

**Palavras-chave:** Febre aftosa; percolação; processos pontuais; simulação; rede

# Abstract

The foot and mouth disease (FMD) is a disease that attacks all cloven-hoofed animals, especially cattle, pigs, sheep and goats. It is characterized by blistering and considered the most serious of all infections. It is generated by at least seven serotypes of viruses that cause infections indistinguishable. The spread is associated with the movement of infected animals and their contact with susceptible animals. In this thesis a model was proposed which aimed to find an index of risk of transmission of foot and mouth disease virus between cattle farms across a network. It comprises two levels, the first will be analyzed the point process  $\mathcal{F}$  generated from the  $\mathbf{x}_i \in A \subset \mathbb{R}^2$  randomly selected points and the stochastic process  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ , the level of infection which through it is done the location of the occurrence of infection by the FMD virus, called a focus of infection. The second level is a percolation model  $\mathcal{G}(G, P)$ , in which  $G = G(F, E)$  is a graph,  $F$  a set of farms and  $E$  represents the edges that connect the farms. And  $P$  is the probability that transmission occurring. By uniting the two levels arises  $\mathcal{G}'(G', P')$ , in that  $G'$  consists of  $F'$  the union of all the farms to the set  $F$  focus  $\mathcal{F}$ , and  $E'$  the union of  $E$  edges with new edges connecting  $F$  and  $\mathcal{F}$ . And  $P'$  is formed by the set of values of  $P$  and  $P_{i,l}$ , the probability of farm  $F_i$  be infected by a focus  $f_l$ . Points were simulated representing the cartesian coordinates of the farms and herd size, the points were distributed randomly and regularly on the network. Were also simulated the relative initial positions of the focus in a random form on the network, in the center, edges and vertices, considering three areas of study region  $A$ . The results showed that there are no difference for the two types network and they confirm the impact of the relative initial position of the focus on the network to a spread of infection in a number of farms, these results were shown when

compared to three areas of  $A$ .

**Keywords:** FMD; percolation; point processes, simulation, network

# Sumário

<b>Capítulo 1—Introdução</b>	1
1.1 Febre Aftosa . . . . .	1
1.1.1 O Vírus sua Ação e Disseminação . . . . .	1
1.1.2 Medidas Tomadas Após a Infecção . . . . .	4
1.1.3 A História da Febre Aftosa no Brasil e no Mundo . . . . .	4
1.1.4 O Efeito da Febre Aftosa na Economia . . . . .	5
1.2 Objetivo do Estudo . . . . .	6
<b>Capítulo 2—Processos Pontuais</b>	8
2.1 Processo de Poisson Espacial . . . . .	8
2.2 Caracterização da Distribuição . . . . .	9
2.3 Distância em Processos Pontuais . . . . .	10
2.4 Momentos e Estatísticas de Resumo . . . . .	10
2.4.1 Intensidade . . . . .	10
2.4.2 Medidas de Segundo Momento . . . . .	11
<b>Capítulo 3—Processos Estocásticos</b>	13
3.1 Classificação de um Processo estocástico . . . . .	14
3.2 Função de Distribuição de um Processo Estocástico . . . . .	14
3.3 Esperança e Momentos de Segunda Ordem . . . . .	15

3.4	Processo Estacionário . . . . .	16
3.4.1	Momentos de um Processo Estacionário Discreto no tempo . . . . .	17
3.5	Processo Markoviano . . . . .	17
3.6	Cadeia de Markov . . . . .	19
3.6.1	Classificação dos Estados e Probabilidades da Primeira Passagem . . . . .	21
<b>Capítulo 4—Percolação</b>		<b>23</b>
4.1	O Uso da Percolação em Epidemias . . . . .	24
4.2	Percolação de Ligação . . . . .	25
4.3	Probabilidade de Percolação e Probabilidade Crítica . . . . .	26
4.4	Percolação Local ou de Sítio . . . . .	27
<b>Capítulo 5—Modelagem</b>		<b>29</b>
5.1	O Primeiro Nível . . . . .	30
5.1.1	Identificação dos <i>Focus</i> de Infecção Pelo VFA . . . . .	33
5.2	O Segundo Nível . . . . .	34
5.2.1	Modelo de Percolação $\mathcal{G}$ . . . . .	34
5.3	Relação Entre os Níveis do Modelo . . . . .	37
5.3.1	Modelo de Propagação do VFA . . . . .	38
<b>Capítulo 6—Resultados</b>		<b>41</b>
<b>Capítulo 7—Conclusão</b>		<b>47</b>
7.1	Principais Contribuições . . . . .	47
7.2	Estudo Futuro . . . . .	49
<b>Capítulo A—Anexo</b>		<b>50</b>
A.1	Programa 1- Sorteio dos <i>Focus</i> para uma Rede Regular . . . . .	50
A.2	Programa 2- Sorteio dos <i>Focus</i> para uma Rede Aleatória . . . . .	64
A.3	Programa 3- Segundo Nível Para as Duas Redes . . . . .	76

A.4	Output dos Resultados do SPSS . . . . .	84
A.4.1	Teste de Normalidade Kolmogorov-Smirnov . . . . .	84
A.4.2	Análise Descritiva dos dados . . . . .	84
A.4.3	Teste de Tukey . . . . .	85
A.4.4	Teste ANOVA . . . . .	86

# Lista de Figuras

5.1	Representação da Área . . . . .	30
5.2	Exemplo da Superfície de $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ . . . . .	31
5.3	Exemplo da Representação da Divisão das Sub-regiões . . . . .	32
5.4	Representação do Segundo Nível . . . . .	36
5.5	Relação Entre os Níveis . . . . .	38
6.1	Redes Regular e Aleatória . . . . .	41
6.2	Curva Epidêmica $N = 1225$ . . . . .	44
6.3	Curva Epidêmica $N = 2500$ . . . . .	44
6.4	Curva Epidêmica $N = 5625$ . . . . .	45
6.5	Evolução da Propagação da Infecção Pelo Vírus da Febre Aftosa. . . . .	46



# Lista de Tabelas

6.1	Tempo Médio e Intervalo de Confiança da Propagação da Infecção Pelo VFA	43
6.2	Probabilidade Média de uma Fazenda ser Infectada em um Dado Dia Para $\theta = 2$ e os Três Números de Fazendas na Área, Considerando as Redes Regular e Aleatória . . . . .	44

# Capítulo 1

## Introdução

### 1.1 FEBRE AFTOSA

A Febre aftosa é uma enfermidade que ataca à todos os animais de casco fendido, principalmente bovinos, suínos, ovinos e caprinos. Os ovinos são menos suscetíveis que os bovinos, apresentam menos sinais clínicos [1]. Os animais altamente resistentes, como os cavalos e carnívoros, podem transferir o vírus mecanicamente se contaminados e posteriormente entrarem em contato com animais suscetíveis de criação e produção [2]. Animais suscetíveis são infectados através do contato direto ou indireto com animais infectados ou de ambientes infectados. É considerada a mais grave de todas infecções pois atinge economicamente a produção de carne e a sua rápida transmissão entre uma ampla variedade de espécies animais [3]. Ela acomete animais de todas as idades, independente do sexo, raça ou clima.

#### 1.1.1 O Vírus sua Ação e Disseminação

A febre aftosa é gerada por pelo menos sete sorotipos de vírus que causam infecções indistinguíveis, alguns são mais agressivos e outros de fácil propagação. Uma antiga

infecção ou vacinação por um dos sorotipos dos vírus, não protege contra os demais, e dentro de um sorotipo divergentes cepas do vírus pode reduzir a eficácia das vacinas existentes. Um animal vacinado para uma das cepas do sorotipo do vírus é suscetível aos outros tipos e subtipos. Sensíveis ao calor e a luz os vírus são vinculados pelo ar, água e alimentos. A transmissão do vírus também pode ocorrer indiretamente, através de qualquer superfície contaminada ou produto, ou seja, contato através de veículos e todos objetos inanimados ou substância capaz de absorver, reter e transportar o vírus. Alguns animais por não apresentarem sinais clínicos, fazem com que ocorra a replicação do vírus e a sua disseminação. O vírus pode ser transmitido por via oral. Ele resiste durante meses em carcaças congeladas, nas ervas dos pastos, forragem ensilada. Persiste na farinha dos ossos, nos couros e nos fardos de feno. Um dos meios mais importantes da propagação do vírus é o transporte de leite ou produtos de origem animal, tais como a medula óssea e gânglios linfáticos congelados, porém a propagação é mais associada com o movimento de animais infectados e o seu contato com animais suscetíveis. O leite e o sêmen podem ser contaminados com o vírus da febre aftosa em até quatro dias antes do aparecimento dos sinais clínicos. As pessoas que cuidam dos animais doentes levam o vírus em suas mãos, nas roupas ou nos calçados, o que é capaz de contaminar animais sadios. Há evidência de que animais vacinados que não estão completamente protegidos podem ser uma fonte de infecção [2]. A infecção é geralmente persistente e os mecanismos que levam a essa persistência são desconhecidos, porém tem sido demonstrado que os palatos dorsais são locais onde o vírus persiste nos animais infectados.

O período de incubação do vírus depende, na maioria das vezes, da dose de vírus recebido na hora da contaminação e também da rota de transmissão, da estirpe específica do vírus, da espécie animal e das condições de criação e é, portanto, altamente variável. O intervalo do período de incubação e propagação do vírus de fazenda para fazenda por contato indireto é normalmente de 4-14 dias. Já o período de incubação através do contato direto com um animal infectado, pode variar de 2 a 14 dias e no caso da disseminação do vírus nas fazendas, que embora é normalmente de 2 a 6 dias, pode ser de apenas um dia dependendo do grau de contato. As condições do campo, a dose e a intensidade do contato mantido com o vírus são influenciadas por uma série de fatores, incluindo, em particular a densidade populacional e a extensão da ventilação dos animais alojados. O manejo com os animais, especialmente ao redor da boca e narinas, para exames médicos, coleta para corte, desparasitação, vacinação, transporte, comercialização, etc., também acelera a taxa de propagação do vírus em um local infectado e encurta o período de

incubação do vírus [2].

A febre aftosa é uma doença febril aguda caracterizada pela formação de vesículas. Na fase inicial da enfermidade, antes do final do período de incubação [1] é o período que o animal mais transmite. Grandes quantidades do vírus são encontradas no sangue, os animais infectados eliminam vírus em todas as suas excreções e secreções, incluindo a respiração. Em bovinos e suínos o pico da produção do vírus coincide com o início dos sinais clínicos, considerando que em ovinos ocorre antes do aparecimento das lesões, e, em seguida, todas as espécies, declina mais rapidamente a produção de anticorpos e outras respostas imune trazem a infecção sob controle. Os primeiros sinais da infecção são o aumento da temperatura e a diminuição do apetite. As lesões podem ser inicialmente observadas em áreas descascadas, que evoluem para vesículas nos locais de irritação, elas são formadas na mucosa da língua, estômago, intestinos e nos tecidos moles em torno das unhas. Elas também podem ser vistas nas trombas ou focinhos, tetas, glândula mamária, prepúcio, vulva e outros locais da pele e mucosas. Os vírus se isolam em grandes concentrações no líquido do interior dessas vesículas e quando elas arrebentam, ele é passado para a saliva e a baba infecta todos os lugares por onde o animal passar. A ruptura das vesículas, especialmente das patas, pode predispor as áreas afetadas para infecções secundárias. Nos bovinos inclui também a salivacção abundante e bastante lesões vesiculares graves na boca e em outros lugares [2].

Com a virulência do vírus da febre aftosa, as estirpes podem também variar entre as raças de animais e, às vezes, dentro de uma mesma raça, provavelmente devido a fatores genéticos ou fisiológicos. É provável que a infecção pelo VFA induza a uma reação geral pró-inflamatória que leva a sinais clínicos mais severos, em particular apatia geral, inapetência, incapacidade para regular ou manter a temperatura corporal e, em casos severos, pode levar a morte. A infecção pelo vírus gera efeitos debilitantes em animais adultos, incluindo perda de peso, diminuição na produção de leite e perda de força de tração, resultando em uma perda de produtividade por um tempo considerável. Nos animais jovens, o vírus pode afetar diretamente o coração [4, 2].

### 1.1.2 Medidas Tomadas Após a Infecção

A OIE (Office International des Epizooties) mantém os dados da ocorrência da febre aftosa e a situação dos países quanto à presença da doença. Ela deve ser informada no prazo de 48 horas sobre o surto da enfermidade e essa organização informará os demais países interessados. O país afetado geralmente insere medidas de controle drásticas e de efeito imediato. A doença deve ser seguida de perto e todos os animais suscetíveis potencialmente expostos devem ser abatidos e queimados ou enterrados, seguindo certas regras. O transporte de animais e os seus subprodutos, incluindo leite, deve ser proibido dentro das áreas afetadas e a exportação desses produtos também deve ser proibida. O trânsito de pessoas, equipamentos, outros produtos, lixos, animais não suscetíveis devem ser monitorados de perto e os procedimentos de desinfecção devem ser observados. O trânsito livre de outros animais pela área afetada deve ser controlado. As fazendas infectadas e tudo o que sai dela, incluindo pessoas e veículos, devem ser desinfetados com produtos apropriados. É fundamental desinfetar pneus e a parte de baixo de todos os veículos que saem da área afetada. Para exportação, o acesso de animais e seus produtos são restringidos, no primeiro mundo as medidas de controle são necessárias para impedir a entrada do vírus e a sua disseminação [5].

### 1.1.3 A História da Febre Aftosa no Brasil e no Mundo

A descoberta da aftosa foi na Itália no século XVI e no século XIX a doença foi observada em vários países da Europa, Ásia, África e América. Com o desenvolvimento da agricultura houve uma grande preocupação em controlá-la e vários países decidiram combatê-la no século passado [6]. O primeiro registro no Brasil foi em 1895 e na década de 1950 a doença espalhou-se gradualmente tornando-se endêmica na maioria dos países sul-americanos. A enfermidade agora está presente de forma endêmica em algumas regiões da Ásia, América do Sul, África e no Oriente Médio. Surtos da doença tem ocorrido em alguns países como Grécia, Taiwan, Argentina, Brasil, Uruguai, Japão e recentemente, no Reino Unido [5]. Os prejuízos são causados pelas perdas diretas devido aos sinais clínicos, com conseqüente queda na produção, e pelas perdas indiretas através dos embargos econômicos impostos pelos países importadores [6]. A disseminação de febre aftosa e a ameaça de restrições ao comércio de carne fizeram com que os países latinoamericanos ini-

ciassem um esforço em todo o continente para erradicar a febre aftosa, incluindo a criação do Centro Pan-Americano de Febre Aftosa (PANAFTOSA) e da OPAS(Organização Pan-Americana da Saúde), no Brasil, em 1951. Em 1987, os países sulamericanos assinaram um Plano Hemisférico para a Erradicação da Febre Aftosa (PHEFA)[3].

O Brasil teve um avanço notável e conseguiu, em maio de 2005, obter o reconhecimento da OIE como “zona livre da febre aftosa com vacinação”, que compreendia 15 estados e o Distrito Federal. Para ser considerado livre da febre aftosa e ter o mercado internacional aberto para a produção de carne sem restrições, o país deve provar que não tem febre aftosa e que a vacinação dos animais contra essa doença não está ocorrendo. Esse processo começou em 1998, com o reconhecimento da primeira zona livre incluindo os dois estados mais ao sul, Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Desde então, houve um aumento bem-sucedido da zona livre. Em 2000, houve uma re-introdução no Rio Grande do Sul, que havia obtido o reconhecimento da OIE como zona livre com vacinação em 1998, com 22 focos no município de Jóia e seu entorno. Em 2003 a região sul reconquistou a condição de zona livre. Sempre que há uma re-introdução de febre aftosa na zona livre, todo o gado das fazendas afetadas é abatido e procedimentos de emergência são executados. Entre outras medidas, estão incluídas a quarentena de fazendas afetadas ou suspeitas, e controles rigorosos sobre o transporte de animais e pessoas com a desinfecção de veículos num raio de 10 km do foco. Em setembro de 2005, houve novamente uma re-introdução, desta vez no centro-oeste, no estado do Mato Grosso do Sul, perto da fronteira com o Paraguai. A maioria dos produtos brasileiros são direcionados aos países com fortes restrições contra a febre aftosa. O Brasil tem desenvolvido os seus mercados no oriente médio, na União Européia e na Federação da Rússia, aumentando assim as suas exportações para esses mercados menos sensíveis a febre aftosa. No entanto, com as restrições ao comércio de status livre da febre aftosa com vacinação não permite que o Brasil tenha livre acesso aos mercados do Pacífico [7].

#### **1.1.4 O Efeito da Febre Aftosa na Economia**

Os animais de maior significância na epidemiologia da febre aftosa fora da África são as espécies que são de grande importância na produção de alimentos como os bovinos, ovinos, suínos, caprinos e outras criações. Nos países com menos desenvolvimento nas indústrias

de produção de animais, a existência de muitas espécies de animais de cascos fendidos forneceu a possibilidade dos reservatórios do vírus ser estabelecidos. Esta existência de variedade de espécies pode levar a infecção, de forma indireta, os animais domésticos e com isto proporcionar a oportunidade da transmissão do vírus e o início da sua propagação [2].

O mercado mundial da carne bovina é influenciado pela febre aftosa que é uma barreira significativa ao comércio. Países livres da doença, com a possibilidade da introdução do vírus, geralmente proíbem importações de carne de países infectados sem tratamento posterior [7]. A febre aftosa é um problema mundial, afeta todos os continentes, menos a Antártica e é economicamente significativa [5]. Para os fazendeiros, a doença reduz o lucro e para a população a disponibilidade de carne. Para um país, ela reduz o crescimento econômico da pecuária e limita o acesso ao mercado internacional. A erradicação da febre aftosa a nível mundial é difícil porque nem todos os países tem condições financeiras para isso ou não dependem muito da pecuária. Os países sul-americanos Brasil, Argentina e Uruguai, são os principais países exportadores infectados pela febre aftosa. Eles são grandes produtores de carne e estão geograficamente bem situados para acessar os mercados do Pacífico. Eles adaptaram medidas para controle da febre aftosa e algumas regiões da Argentina são declaradas “Zona Livre de Aftosa sem vacinação”. Melhorias na Tecnologia da vacina e testes poderiam ser úteis para os países na superação de barreiras comerciais relativas à febre aftosa [7]. Os países importadores sempre solicitam a avaliação de riscos (AR), uma ferramenta frequentemente usada para facilitar o comércio de gado e produtos pecuários pois impede a introdução de agentes patogênicos e também é solicitada por países exportadores para evitar a recusa injusta à importação. Os processos de AR estão explicitamente delineados no Código de Saúde de Animais Terrestres da OIE (para animais terrestres) e no Código de Saúde de Animais Aquáticos (para peixes, moluscos e crustáceos) [6].

## 1.2 OBJETIVO DO ESTUDO

Esta trabalho tem como objetivo, descrever a dinâmica da propagação da infecção pelo vírus da febre aftosa(VFA) em fazendas de rebanho bovino encontrando uma função de probabilidade de transmissão da infecção entre fazendas. Esta função pode ser vista como

o modelo de propagação da infecção numa situação limite, na qual o contágio não é controlado, nem ações de retenção da propagação são tomadas. Ela utiliza a metodologia dos processos pontuais para quantificar a infecção através de processos estocásticos usando componentes espaço-temporais e com esta quantificação identificar as localizações iniciais da infecção. O mecanismo pelo qual a infecção se propaga é considerado estocástico e a chance de um indivíduo se tornar infectado em um dado instante depende da configuração da vizinhança infectada [8]. Com essa junção, será feita uma verificação da distribuição geográfica inicial da infecção, para saber como ela interfere na velocidade da propagação e se a modificação da escala da área de estudo, o aumento, altera esta interferência.

Os principais objetivos deste estudo são apresentados abaixo:

- Modelagem dos rebanhos, baseada numa sistemática de processos estocásticos espaço-temporais contínuos, discretizáveis em termos de indivíduos suscetíveis;
- Simulação do modelo.

Com o intuito de obter uma melhor estrutura, esta dissertação foi dividida em mais 6 capítulos. No capítulo 2 são apresentados os principais conceitos sobre processos pontuais. O capítulo 3 apresenta os conceitos inerentes ao processo estocástico, como estacionariedade e cadeia de Markov. Os conceitos básicos sobre percolação são apresentados no capítulo 4. A descrição do modelo proposto nesse trabalho é apresentada no capítulo 5, como a sua divisão em dois níveis e a ligação entre eles. Os resultados encontrados pelo modelo e a discussão é apresentado no capítulo 6 e por fim a conclusão é apresentada no capítulo 7, comentando a importância dos resultados obtidos.



# Capítulo 2

## Processos Pontuais

Processos pontuais são modelos estatísticos usados na análise de pontos observados com padrões aleatórios, aglomerados ou regulamente distribuídos, que representam um determinado objeto de estudo. Mais especificamente, um processo pontual espacial é um método usado para modelar e analisar dados que consideram pontos com padrão aleatório no espaço  $d$ -dimensional,  $d \geq 2$ . Estatisticamente, o processo pontual é definido como um conjunto de pontos distribuídos aleatoriamente em um subconjunto qualquer do  $\mathbb{R}^2$ , cuja localização foi gerada por um processo estocástico descrito em termos das variações que ocorrem nesta localização que faz com que o evento em estudo ocorra [9]. A metodologia do processo pontual será utilizada para localizar a ocorrência dos *focus* do vírus da febre aftosa em uma região de estudo. Esta localização será feita através da quantificação do nível de infecção, nível este definido como um processo estocástico  $Y_{\mathbf{x},t}$  que será mais detalhado na modelagem proposta por este trabalho. Este capítulo foi baseado no livro de [10].

### 2.1 PROCESSO DE POISSON ESPACIAL

Processo pontual espacial  $\mathbf{X}$  é utilizado em espaço  $d$ -dimensional em que os pontos têm um padrão aleatório, no  $\mathbb{R}^2$  ele é chamado processo de Poisson espacial não-homogêneo

[10].

Seja  $S$  um espaço métrico localmente compacto e  $\Lambda$  uma medida finita em cada conjunto compacto sobre  $S$ . O processo de Poisson em  $S$ , com medida de intensidade  $\Lambda$  é um processo pontual se:

**1ª Propriedade** para cada subconjunto compacto  $A_i \subset S$ ,  $N(A_i)$  é uma região de contagem que representa o número de pontos que estão em  $A_i$  e tem distribuição de Poisson com média  $\Lambda(A_i)$ ;

**2ª Propriedade** se  $A_1, \dots, A_m$  são subconjuntos compactos e disjuntos, então  $N(A_1), \dots, N(A_m)$  são independentes [10].

Considerando como exemplo um processo pontual uniforme no  $\mathbb{R}^3$  com intensidade  $\beta > 0$ ,  $S = \mathbb{R}^3$  e  $\Lambda(B) = \beta\lambda_3(B)$ .

## 2.2 CARACTERIZAÇÃO DA DISTRIBUIÇÃO

Como um processo pontual é um fenômeno aleatório, pode-se definir o seu espaço de resultados possíveis e especificar as probabilidades dos diferentes eventos. O espaço de realizações de um processo pontual no  $\mathbb{R}^d$  é  $\mathbf{N}$ , o conjunto de todas as medidas de contagem no  $\mathbb{R}^d$ , em que uma medida de contagem é um inteiro não negativo com valor finito para cada conjunto compacto. As distribuições do processo pontual que possuem dimensões finitas são as distribuições de probabilidade conjunta das regiões de contagem [10]:

$$(N(A_1), \dots, N(A_m)), \quad (2.1)$$

para todos os inteiros finitos  $m > 0$  e todos conjuntos compactos  $A_1, A_2, \dots$ . Elas são suficientes para caracterizar toda a distribuição de um processo pontual e transmite apenas um subconjunto de informações que estão vinculadas na sua distribuição.

Um processo pontual  $\mathbf{X}$  no  $\mathbb{R}^d$  é chamado estacionário se, para qualquer vetor fixo  $v \in \mathbb{R}^d$ , a distribuição do processo pontual deslocado  $\mathbf{X} + v$  (obtida pelo deslocamento de cada ponto  $\mathbf{x} \in \mathbf{X}$  para  $\mathbf{x} + v$ ) é idêntica à distribuição de  $\mathbf{X}$  [10].

## 2.3 DISTÂNCIA EM PROCESSOS PONTUAIS

Uma maneira simples de analisar um processo pontual é em termos das distâncias entre pontos. Sejam  $\mathbf{X}$  um processo pontual e  $\text{dist}(u, \mathbf{X})$ ,  $u \in \mathbb{R}^d$ , denota a distância do ponto  $u$  ao ponto mais próximo do processo  $\mathbf{X}$ . Tal valor é denominado *distância euclidiana* entre  $u$  e  $\mathbf{X}$ . Isso é algumas vezes chamado de distância de contato. O fator chave é que:

$$\text{dist}(u, \mathbf{X}) \leq r \text{ se, e somente se, } N(b(u, r)) > 0,$$

em que  $b(u, r)$  é o disco de raio  $r$  centrado em  $u$ . Como  $N(b(u, r))$  é uma variável aleatória para  $u$  e  $r$  fixos, o evento  $(N(b(u, r)) > 0)$  é mensurável, assim o evento  $\{(\text{dist}(u, \mathbf{X}) \leq r)\}$  é mensurável para todo  $r$ , implicando que a distância de contato  $\text{dist}(u, \mathbf{X})$  é uma variável aleatória bem definida [10].

## 2.4 MOMENTOS E ESTATÍSTICAS DE RESUMO

Os momentos de uma variável aleatória são quantidades úteis no estudo teórico do processo pontual e na inferência estatística sobre os padrões dos pontos. A intensidade ou o primeiro momento de um processo pontual é análogo ao valor esperado de uma variável aleatória. As medidas de segundo momento estão relacionadas à variância e a covariância das variáveis aleatórias, a correlação de pares são derivadas das propriedades do segundo momento, que têm muitas aplicações nas análises estatísticas dos processos pontuais espaciais.

### 2.4.1 Intensidade

Seja  $\mathbf{X}$  um processo pontual no  $\mathbb{R}^d$  e  $\mu(A_i)$  uma medida de intensidade de  $\mathbf{X}$ , desde que  $\mu(A_i) < \infty$  para todo  $A_i$  compacto, dada pela seguinte função:

$$\mu(A_i) = \mathbb{E} [N(A_i)], \tag{2.2}$$

$A_i \subset \mathbb{R}^d$ , em que  $\mathbb{E}(\mathbf{X})$  denota a esperança da variável aleatória  $\mathbf{X}$

Se  $\mathbf{X}$  é um processo pontual estacionário no  $\mathbb{R}^d$ , então a sua medida de intensidade  $\mu$  é uma constante múltipla da medida de Lebesgue  $\lambda_d$ , a área em que  $\mathbf{X}$  ocorre no  $\mathbb{R}^d$ .

Supondo que a medida de intensidade  $\mu$  satisfaça:

$$\mu(N(A_i)) = \int_{A_i} \beta(u) du \quad (2.3)$$

para uma determinada função  $\beta$ . Então, chamamos  $\beta$  de uma função de intensidade de  $\mathbf{X}$ . A função de intensidade tem a interpretação de que uma região infinitamente pequena  $d\mathbf{x} \subset \mathbb{R}^d$  é:

$$P(N(d\mathbf{x}) > 0) \approx \mathbb{E}(N(d\mathbf{x})) \approx \beta(\mathbf{x})d\mathbf{x}. \quad (2.4)$$

Para o processo de Poisson com intensidade uniforme  $\beta > 0$ , a função de intensidade é, obviamente,  $\beta(u) \equiv \beta$ , uma constante.

### 2.4.2 Medidas de Segundo Momento

A medida de segundo momento, contém todas as informações sobre a variância e covariância das variáveis  $N(A_i)$ . Seja  $\mathbf{X}$  um processo pontual e seja a variância de  $N(A_i)$  :

$$Var(N(A_i)) = \mathbb{E} [N(A_i)^2] - [\mathbb{E}(N(A_i))]^2 \quad (2.5)$$

e a covariância de duas regiões de contagens,

$$Cov [N(A_1), N(A_2)] = \mathbb{E} [N(A_1)N(A_2)] - [\mathbb{E}(N(A_1))] [\mathbb{E}(N(A_2))]. \quad (2.6)$$

É importante observar que  $N(A_1)N(A_2)$  é igual ao número de pares ordenados  $(\mathbf{x}, \mathbf{x}')$  de pontos do processo  $\mathbf{X}$  tal que  $\mathbf{x} \in A_1$  e  $\mathbf{x}' \in A_2$  [10].

A função de correlação de  $\mathbf{X}$  é dada por:

$$\rho_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = \frac{g_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)}{\beta(\mathbf{x}_1)\beta(\mathbf{x}_2)}. \quad (2.7)$$

$g_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$  dá a probabilidade conjunta de que haverá pontos de  $\mathbf{X}$  em dois locais especificados  $\mathbf{x}_1$  e  $\mathbf{x}_2$  :

$$P(N(d\mathbf{x}_1), N(d\mathbf{x}_2)) \approx g_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)d\mathbf{x}_1d\mathbf{x}_2. \quad (2.8)$$

A função de correlação sempre satisfaz  $\rho_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) \geq 0$ . Isso deve ser considerado como um 'não-centrado' análogo ao da correlação usual de variáveis aleatórias. O valor  $\rho_2 = 1$  corresponde a uma ausência de correlação: se  $\rho_2 \equiv 1$ , então,  $cov[N(A_1), N(A_2)] = 0$  para  $A_1$  e  $A_2$  disjuntos.

## Processos Estocásticos

A abordagem do uso da metodologia do processo estocástico neste capítulo é utilizado na definição da quantificação do nível de infecção da febre aftosa denotado por  $Y_{\mathbf{x},t}$ , representando um processo estocástico indexado no espaço-tempo  $(\mathbf{x}, t)$  e através dele será definido o processo pontual.

Processo estocástico ou processo aleatório é uma sequência de variáveis aleatórias indexadas por algum conjunto  $\Lambda$ ,  $\{Y_\alpha(\omega)\}_{\alpha \in \Lambda}$ . Neste trabalho,  $\Lambda = \{(\mathbf{x}, t) : \mathbf{x} \in A, t \in \mathbb{R}^+\}$  no qual  $A$  é um conjunto fechado(compacto) que representa uma determinada porção do plano,  $\mathbb{R}^2$ ,  $\mathbf{x} = (x_1, x_2)$  é um ponto em  $A$  em que  $Y(\omega)$  ocorre e  $t_i$  representa o instante de tempo em que a variável aleatória  $Y$  ocorre (ou é medida). Um processo estocástico é denotado por  $Y(\omega | \mathbf{x}, t) = Y_{(\mathbf{x},t)}(\omega)$  e como na definição de variáveis aleatórias, pode-se suprir  $\omega$  e denotá-lo como  $Y_{(\mathbf{x},t)}$ . O processo estocástico pode ser interpretado de acordo com um dos seus pontos de observação. Quando for observado todos os pontos do espaço  $A$  no tempo  $t$ , ele é interpretado  $Y_{(\mathbf{x},t)}$  como um processo estocástico. Se for observado apenas um dos seus elementos do espaço amostral  $\omega_i$  e em todos os pontos do espaço  $A$ ,  $Y_{(\mathbf{x},t)}(\omega_i)$  é interpretado como uma amostra no espaço e no tempo  $(\mathbf{x}, t)$ . Se for observado em um ponto e tempo específicos,  $(\mathbf{x}_i, t_j)$ ,  $Y_{(\mathbf{x}_i,t_j)}(\omega)$  é interpretado como uma variável aleatória. Se a observação for mais específica em um dos elementos do espaço amostral,  $\omega_i$ , no ponto e tempo específicos,  $(\mathbf{x}_i, t_j)$ ,  $Y_{(\mathbf{x}_i,t_j)}(\omega_i)$  é interpretado como um número.

### 3.1 CLASSIFICAÇÃO DE UM PROCESSO ESTOCÁSTICO

Um processo estocástico pode ser classificado de acordo com a variável aleatória  $Y$  e o tempo  $t$ . Com relação ao tempo, se os seus instantes são como  $\{t_i, i = 0, 1, 2, \dots\}$ , ou seja, enumeráveis, o processo estocástico é chamado de processo discreto no tempo e se os instantes forem intervalos na reta real é chamado de processo contínuo no tempo. Com relação a variável aleatória  $Y$ , o processo estocástico é classificado de acordo com os seus valores. Se forem finitos ou infinitamente contáveis ele é classificado como discreto e se for infinitamente não contáveis ele é classificado como contínuo [11]. Neste trabalho a variável e o tempo serão considerados discretos.

### 3.2 FUNÇÃO DE DISTRIBUIÇÃO DE UM PROCESSO ESTOCÁSTICO

Através da função de distribuição pode-se obter qualquer informação sobre uma variável aleatória, portanto também pode-se definir uma função de distribuição para um processo estocástico e obter qualquer informação a seu respeito [11].

A função de distribuição do processo estocástico  $Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)}$ , observado no  $i$ -ésimo ponto  $\mathbf{x}_i \in A$  em um dado instante do tempo  $t_j$ , é definida:

$$F_{Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)}}(y) = \sum_{k \in A_y} P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)} = y_{(\mathbf{x}_i, t_j, k)}), \quad (3.1)$$

em que  $A_y = \{k : y_k \leq y\}$ . E a função de distribuição do processo estocástico observado em  $n$  pontos de  $A$  no instante  $t_j$  é a função de distribuição conjunta de  $Y_{(\mathbf{x}_1, t_j)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j)}$  definida[11]:

$$F_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_j)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j)}}(y_{(\mathbf{x}_1, t_j, k)}, \dots, y_{(\mathbf{x}_n, t_j, k)}) = \sum \dots \sum_{k \in A_y} P(Y_{(\mathbf{x}_1, t_j)} = y_{(\mathbf{x}_1, t_j, k)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j)} = y_{(\mathbf{x}_n, t_j, k)}). \quad (3.2)$$

Por outro lado, quando observamos o processo estocástico no mesmo ponto  $\mathbf{x}_i$  no tempo, a função de distribuição conjunta de  $Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)}$  é definida:

$$F_{Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)}}(y_{(\mathbf{x}_i, t_1, k)}, \dots, y_{(\mathbf{x}_i, t_m, k)}) = \sum \dots \sum_{k \in A_y} P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} = y_{(\mathbf{x}_i, t_1, k)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = y_{(\mathbf{x}_i, t_m, k)}). \quad (3.3)$$

Já quando observamos  $n$  pontos em  $m$  instantes do tempo, teremos a seguinte função de distribuição conjunta:

$$F_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_1)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_1, t_m)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_m)}}(y_{(\mathbf{x}_1, t_1, k)}, \dots, y_{(\mathbf{x}_n, t_1, k)}, \dots, y_{(\mathbf{x}_1, t_m, k)}, \dots, y_{(\mathbf{x}_n, t_m, k)}) = \sum \dots \sum_{k \in A_y} P(Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)} = y_{(\mathbf{x}_1, t_1, k)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_1)} = y_{(\mathbf{x}_n, t_1, k)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_1, t_m)} = y_{(\mathbf{x}_1, t_m, k)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_m)} = y_{(\mathbf{x}_n, t_m, k)}). \quad (3.4)$$

### 3.3 ESPERANÇA E MOMENTOS DE SEGUNDA ORDEM

Um dos conceitos mais importantes que envolve função de distribuição de uma variável aleatória é o seu valor esperado [11]. A média de um processo estocástico indexado no ponto e no tempo,  $(\mathbf{x}, t)$ , é definida como  $\mu_{(\mathbf{x}, t)} = \mathbb{E}(Y_{(\mathbf{x}, t)})$ . Para  $Y_{(\mathbf{x}, t)}$  discreto a média é definida como:

$$\mu_{(\mathbf{x}, t)} = \mathbb{E}(Y_{(\mathbf{x}, t)}) = \sum_{k \in A_y} y_{(\mathbf{x}, t, k)} P(Y_{(\mathbf{x}, t)} = y_{(\mathbf{x}, t, k)}). \quad (3.5)$$

em que  $A_y = (k : y_k \leq y)$ .

A variância de um processo estocástico é definida como

$$\sigma_{(\mathbf{x}, t)}^2 = E(Y_{(\mathbf{x}, t)}^2) - \mu_{Y_{(\mathbf{x}, t)}}^2. \quad (3.6)$$

A covariância é a autocovariância de  $Y_{(\mathbf{x}, t)}$  ela é definida dependendo da observação:

- Entre dois pontos no mesmo tempo:

$$C_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}, Y_{(\mathbf{x}_2, t_1)}} = \mathbb{E}[(Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}})(Y_{(\mathbf{x}_2, t_1)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_2, t_1)}})] \quad (3.7)$$

- Entre dois pontos em tempos diferentes

$$C_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}, Y_{(\mathbf{x}_2, t_2)}} = \mathbb{E}[(Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}})(Y_{(\mathbf{x}_2, t_2)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_2, t_2)}})] \quad (3.8)$$

- Entre o mesmo ponto em tempos diferentes

$$C_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}, Y_{(\mathbf{x}_1, t_2)}} = \mathbb{E}[(Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_1)}})(Y_{(\mathbf{x}_1, t_2)} - \mu_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_2)}})] \quad (3.9)$$



O coeficiente de correlação de  $Y_{(\mathbf{x},t)}$  é a razão que mede a tendência da relação linear, desde que as esperanças envolvidas existam [11]. De acordo como for observado ele pode ser:

- Entre dois pontos no mesmo tempo:

$$\rho_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_2,t_1)} = \frac{C_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_2,t_1)}}{\sqrt{\sigma_{(\mathbf{x}_1,t_1)}^2 \sigma_{(\mathbf{x}_2,t_1)}^2}} \quad (3.10)$$

- Entre dois pontos em tempos diferentes:

$$\rho_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_2,t_2)} = \frac{C_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_2,t_2)}}{\sqrt{\sigma_{(\mathbf{x}_1,t_1)}^2 \sigma_{(\mathbf{x}_2,t_2)}^2}} \quad (3.11)$$

- Entre o mesmo ponto em tempos diferentes:

$$\rho_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_1,t_2)} = \frac{C_{(\mathbf{x}_1,t_1),(\mathbf{x}_1,t_2)}}{\sqrt{\sigma_{(\mathbf{x}_1,t_1)}^2 \sigma_{(\mathbf{x}_1,t_2)}^2}} \quad (3.12)$$

Se o valor da correlação for zero, indica que a variável naquele ponto e naquele tempo são não correlacionadas. Valores  $\pm 1$ , indicam uma tendência harmoniosa nos pontos e tempo especificados. Se a correlação for positiva indica que a variável naqueles pontos e tempos crescem na mesma direção e se a correlação for negativa indica valores alto da variável em um ponto e baixo no outro nos tempos especificados [11].

**Proposição 3.3.1.** *Se a variância da variável aleatória nos espaços,  $(\mathbf{x}_1, t)$  e  $(\mathbf{x}_2, t)$ , ao longo do tempo são finitas e não-nulas, então:*

- (i)  $|\rho_{(\mathbf{x}_1,t),(\mathbf{x}_2,t)}| \leq 1$ ;
- (ii)  $|\rho_{(\mathbf{x}_1,t),(\mathbf{x}_2,t)}| = 1$ , se, e somente se, a variável no espaço  $(\mathbf{x}_1, t)$  for função linear da variável no espaço  $(\mathbf{x}_2, t)$ , ao longo do tempo.

### 3.4 PROCESSO ESTACIONÁRIO

Um processo estocástico é dito ser estacionário se as estatísticas são as mesmas no tempo  $t_1$  e  $t_2$ , ou seja, as probabilidades das amostras de um processo estocástico,  $Y_{(\mathbf{x}_i,t_j)}$ ,  $i =$

$1, \dots, n, m = 1, \dots, m$  não diferem de  $i = 1 + \tau, \dots, n + \tau$ . Então a função de distribuição conjunta de  $Y_{(\mathbf{x}_1, t_j)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j)}$  é a mesma de  $Y_{(\mathbf{x}_1, t_j + \tau)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j + \tau)}$ , ou  $F_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_j)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j)}} = F_{Y_{(\mathbf{x}_1, t_j + \tau)}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_n, t_j + \tau)}}$ . A função de distribuição não é dependente nos instantes  $t_1$  e  $t_2$  [11].

### 3.4.1 Momentos de um Processo Estacionário Discreto no tempo

No processo estocástico no espaço de tempo discreto os intervalos são igualmente espaçados  $\{t_j, i = 0, 1, \dots, m\}$  conforme a sequência das variáveis aleatórias  $\{Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)}, i = 0, 1, \dots, n\}$ . Essas variáveis observadas neste espaço de tempo não são independentes e desde que sejam amostras de um processo estocástico estacionário no ponto  $\mathbf{x}_i$ , as suas médias e variâncias são as mesmas do processo original, ou seja,

$$E(Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)}) = \mu_{Y_{(\mathbf{x}, t)}} \quad (3.13)$$

$$Var(Y_{(\mathbf{x}_i, t_j)}) = \sigma^2(Y_{(\mathbf{x}, t)}). \quad (3.14)$$

## 3.5 PROCESSO MARKOVIANO

Um processo aleatório,  $Y_{(\mathbf{x}, t)}$ , é completamente especificado se a função de densidade conjunta de ordem  $n$  ou a função de probabilidade conjunta para um conjunto ordenado de funções do tempo  $\{t_1 < \dots < t_n\}$  é específica para todo inteiro positivo  $n$ . Considerando  $\mathbf{x}_i, i = 1, \dots, m$  essas funções podem ser decompostas em  $n$  funções condicionais de primeira-ordem para o mesmo conjunto de funções no tempo ordenadas como abaixo:

$$f_{Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)}}(y_{(\mathbf{x}_i, t_1)}) \quad (3.15)$$

⋮

$$f_{Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)}|Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n-1})}, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)}} \quad (3.16)$$

Para o processo estocástico ser completamente determinado, deve-se ter  $n \rightarrow \infty$  funções condicionais de primeira ordem. No entanto, as especificações para uma classe de processos estocásticos podem ser consideravelmente simplificada se for possível expressar as funções condicionais no mesmo ponto  $\mathbf{x}_i$  como:

$$f_{Y(\mathbf{x}_i, t_n) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1}), \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_1)} = f_{Y(\mathbf{x}_i, t_n) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1})} \quad (3.17)$$

$$p_{Y(\mathbf{x}_i, t_n) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1}), \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_1)} = p_{Y(\mathbf{x}_i, t_n) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1})}. \quad (3.18)$$

Essas funções transmitem que o comportamento probabilístico do presente em cada espaço, dado toda a história do passado depende apenas do passado imediato. Esta propriedade é chamada propriedade de Markov e os processos que possuem essa propriedade são conhecidos como processos de Markov. Usando a propriedade de Markov as funções n-dimensionais em um mesmo ponto são dadas como:

$$f_{Y(\mathbf{x}_i, t_1), \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_n)} = f_{Y(\mathbf{x}_i, t_1)} \prod_{j=2}^n f_{Y(\mathbf{x}_i, t_j) | Y(\mathbf{x}_i, t_{j-1})} \quad (3.19)$$

$$p_{Y(\mathbf{x}_i, t_1), \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_n)} = p_{Y(\mathbf{x}_i, t_1)} \prod_{j=2}^n p_{Y(\mathbf{x}_i, t_j) | Y(\mathbf{x}_i, t_{j-1})}. \quad (3.20)$$

Todas as funções de dimensões finitas de um processo de Markov são completamente determinadas pelas funções marginais iniciais  $f_{(\mathbf{x}_i, t_1)}$  ou  $p_{(\mathbf{x}_i, t_1)}$  e o conjunto de funções condicionais de primeira-ordem chamadas funções de transição são dadas por:

$$\left\{ f_{Y(\mathbf{x}_i, t_j) | Y(\mathbf{x}_i, t_{j-1})}, j = 1, 2, \dots \right\} \quad (3.21)$$

ou

$$\left\{ p_{Y(\mathbf{x}_i, t_j) | Y(\mathbf{x}_i, t_{j-1})}, j = 1, 2, \dots \right\} \quad (3.22)$$

ou seja, dado um processo de Markov, a sua função n-dimensional pode ser expressa pelas funções marginais, de probabilidade ou densidade, iniciais e um conjunto de primeira ordem de funções condicionais. No entanto, para construção de um processo de Markov a partir das funções de primeira ordem condicionais as seguintes condições de coerência devem ser satisfeitas:

1.  $f_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)} = \int_{-\infty}^{\infty} f_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)|Y(\mathbf{x}_i, t_1)} f_{Y(\mathbf{x}_i, t_1)} dy_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)}, t_1 < t_2$  ou  
 $p_{(\mathbf{x}_i, t_2)} = \sum_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)} P(Y(\mathbf{x}_i, t_2) = y(\mathbf{x}_i, t_2) | Y(\mathbf{x}_i, t_1) = y(\mathbf{x}_i, t_1)) P(Y(\mathbf{x}_i, t_1) = y(\mathbf{x}_i, t_1)), t_1 < t_2$ .  
 Essas funções usualmente relacionam as funções conjuntas as suas funções marginais.
2.  $f_{Y(\mathbf{x}_i, t_3)|Y(\mathbf{x}_i, t_1)} = \int_{-\infty}^{\infty} f_{Y(\mathbf{x}_i, t_3)|Y(\mathbf{x}_i, t_2)} f_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)|Y(\mathbf{x}_i, t_1)} dy_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)}, t_1 < t_2 < t_3$  ou  
 $p_{Y(\mathbf{x}_i, t_3)|Y(\mathbf{x}_i, t_1)} = \sum_{Y(\mathbf{x}_i, t_2)} P(Y(\mathbf{x}_i, t_3) = y(\mathbf{x}_i, t_3) | Y(\mathbf{x}_i, t_2) = y(\mathbf{x}_i, t_2)) P(Y(\mathbf{x}_i, t_2) = y(\mathbf{x}_i, t_2) | Y(\mathbf{x}_i, t_1) = y(\mathbf{x}_i, t_1)), t_1 < t_2 < t_3$ . Estas equações são chamadas equações de Chapman-Kolmogorov e todos os processos de Markov devem satisfazer.

O processo de Markov também pode ser definido em termos das esperanças condicionais. Se  $g$  é uma função qualquer com  $\max_{Y(\mathbf{x})} |g(Y(\mathbf{x}))| < \infty$ , então  $Y(\mathbf{x}, t)$  é um processo de Markov para uma sequência ordenada  $\{t_1, \dots, t_n\}$  se, e somente se,

$$E(g(Y(\mathbf{x}_i, t_n)) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1}), Y(\mathbf{x}_i, t_{n-2}), \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_1)) = E(g(Y(\mathbf{x}_i, t_n)) | Y(\mathbf{x}_i, t_{n-1})). \quad (3.23)$$

### 3.6 CADEIA DE MARKOV

Um processo de Markov é chamado de cadeia de Markov se o estado do processo for discreto e se o tempo também for discreto, ele é chamado cadeia de Markov de tempo discreto. Se o tempo for contínuo, ele é chamado cadeia de Markov de tempo contínuo.

Um processo estocástico no tempo discreto  $\{Y(\mathbf{x}_i, t_n), n = 0, 1, \dots\}$  com as variáveis aleatórias  $Y(\mathbf{x}_i, t_n)$  tomando valores em  $E$ , um conjunto chamado espaço de estado da cadeia de Markov, é chamado de cadeia de Markov se a relação de probabilidade:

$$P(Y(\mathbf{x}_i, t_{n+m}) = e_j | Y(\mathbf{x}_i, t_n) = e_n, \dots, Y(\mathbf{x}_i, t_0) = e_0) \quad (3.24)$$

$$= P(Y(\mathbf{x}_i, t_{n+m}) = e_j | Y(\mathbf{x}_i, t_n) = e_n) = p_{E_n^{(m)} e_j}(n) \quad (3.25)$$

é válida para cada  $\{e_j, e_i\}$ , em que  $i = 0, \dots, n \in E$ . A quantidade

$$P(Y(\mathbf{x}_i, t_{n+m}) = e_j | Y(\mathbf{x}_i, t_n) = e_i) = p_{e_n^{(m)} e_j}(n) \quad (3.26)$$

é a probabilidade condicional de transição do estado  $e_n$  no tempo  $n$  para o estado  $e_j$  no tempo  $n + m$ . Isso refere-se como o  $m$ -passo da probabilidade de transição, que no geral, será em função do tempo  $n$ . No entanto, se a transição do estado  $e_n$  para o estado  $e_j$  depende apenas da diferença de tempo  $m = n + m - n$  e não do tempo atual  $n$ , então a probabilidade de transição é estacionária e a cadeia de Markov é homogênea, ou a

$$P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+m})} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i) = p_{e_i e_j}^m. \quad (3.27)$$

O primeiro-passo da probabilidade de transição de uma cadeia de Markov homogênea  $p_{e_i^{(1)} e_j} = p_{ij}$  é definida como

$$p_{ij} = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+1})} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i) = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i). \quad (3.28)$$

Se o número de estados é finito, a cadeia de Markov é finita, caso contrário, ela é infinita. A probabilidades do primeiro-passo  $\{p_{ij}\}$  pode ser expressa como a matriz de transição  $\mathbf{P}$  ou um estado de transição do diagrama de fluxo.

Se há  $N + 1$  estados e as probabilidades de transição do estado  $e_i$  ao estado  $e_j$  é  $p_{ij}$ , então a matriz de transição  $\mathbf{P}$  do primeiro-passo é dada por:

$$\mathbf{P} = \begin{pmatrix} p_{00} & p_{01} & \cdots & p_{0j} & \cdots & p_{0N} \\ p_{10} & p_{11} & \cdots & p_{1j} & \cdots & p_{1N} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ p_{i0} & p_{i1} & \cdots & p_{ij} & \cdots & p_{iN} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ p_{N0} & p_{N1} & \cdots & p_{Nj} & \cdots & p_{NN} \end{pmatrix}$$

A matriz  $\mathbf{P}$  é chamada matriz estocástica e ela tem a propriedade de que a soma da linha é igual 1, ou seja,  $\sum_{j=0}^N p_{ij} = 1, i = 0, \dots, N$ . A probabilidade de transição no  $m$ -passo para todos os  $i, j$  definido por  $P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i)$  pode também ser fornecida em forma matricial como segue:

$$\mathbf{P}^{(m)} = \begin{pmatrix} p_{00}^{(m)} & p_{01}^{(m)} & \cdots & p_{0j}^{(m)} & \cdots & p_{0N}^{(m)} \\ p_{10}^{(m)} & p_{11}^{(m)} & \cdots & p_{1j}^{(m)} & \cdots & p_{1N}^{(m)} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ p_{i0}^{(m)} & p_{i1}^{(m)} & \cdots & p_{ij}^{(m)} & \cdots & p_{iN}^{(m)} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ p_{N0}^{(m)} & p_{N1}^{(m)} & \cdots & p_{Nj}^{(m)} & \cdots & p_{NN}^{(m)} \end{pmatrix}$$

Da propriedade das esperanças condicionais tem-se que:

$$\begin{aligned} P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) &= \sum_k P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} = e_k, Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) \\ &= \sum_k P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} = e_k, Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) \\ &\quad \times P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} = e_k | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i). \end{aligned} \quad (3.29)$$

Usando a propriedade de Markov para todo  $i, j$  :

$$\begin{aligned} P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) &= p_{ij}^{(m)} \\ &= \sum_k P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} = e_k) \\ &\quad \times P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} = e_k | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) \\ &= \sum_k p_{kj} p_{ik}^{(m-1)}. \end{aligned} \quad (3.30)$$

Esta equação é a reafirmação da equação Chapman-Kolmogorov.

Equações similares podem ser escritas por  $p_{ij}^{(m-1)}$  em termos de  $p_{kj}$  e  $p_{ik}^{(m-2)}$ . Assim, a forma matricial  $\mathbf{P}^{(m)} = \mathbf{P}\mathbf{P}^{(m-1)}$  ou  $\mathbf{P}^{(m)} = \mathbf{P}^m$  é um resultado importante que mostra o m-ésimo-passo da matriz de transição  $\mathbf{P}^{(m)}$  como o m-ésimo poder no m-ésimo-passo da matriz transição  $\mathbf{P}$ .

### 3.6.1 Classificação dos Estados e Probabilidades da Primeira Passagem

Uma cadeia de Markov é chamada de irredutível se cada estado pode ser alcançado de todos os outros estados em um número finito de passos. Neste caso, a probabilidade de

passar do estado  $e_i$  para outro estado  $e_j$  será dada por  $p_{ij}^m$ , onde  $m$  é um inteiro finito e os estados são chamados de intercomunicáveis. Seja  $E'$  um subconjunto de  $E$ , quando não é possível a transição do estado  $e_i \in E'$  para o estado  $e_j \in E'^c$  a cadeia de Markov é chamada redutível e  $E'$  é chamado de fechado. Se  $e_i$  é um estado que não pode ser alcançável e é único de  $E'$ , ele é chamado de estado absorvente e neste caso  $p_{ij} = 1$ .

Considerando inicialmente que a cadeia de Markov esta no estado  $e_i$  no tempo  $t_n$ , a probabilidade do primeiro retorno ao estado  $e_i$  no tempo  $t_{n+m}$  é:

$$p_{ii}^m = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+1})} \neq e_i, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+m-1})} \neq e_i, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+m})} = e_i | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i), \quad (3.31)$$

com a probabilidade do primeiro passo de transição  $p_{ii}^1 = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+1})} \neq e_i | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i) = p_{ii}$ .

Numa cadeia de Markov homogênea pode se escrever

$$p_{ii}^m = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} \neq e_i, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} \neq e_i, Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_i | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i), \quad (3.32)$$

em que a probabilidade do primeiro passo de transição é  $p_{ii}^1 = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} \neq e_i | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) = p_{ii}$ .

Assim, a probabilidade da primeira passagem do estado  $e_i$  no tempo  $t_n$  para o estado  $e_j$  no tempo  $t_{n+m}$  é definida como

$$p_{ij}^m = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+1})} \neq e_j, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+m-1})} \neq e_j, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+m})} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i), \quad (3.33)$$

com a probabilidade do primeiro passo de transição  $p_{ij}^1 = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_{n+1})} \neq e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_n)} = e_i) = p_{ij}$  e para uma cadeia de Markov homogênea:

$$p_{ij}^m = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} \neq e_j, \dots, Y_{(\mathbf{x}_i, t_{m-1})} \neq e_j, Y_{(\mathbf{x}_i, t_m)} = e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i), \quad (3.34)$$

em que a probabilidade do primeiro passo de transição é  $p_{ij}^1 = P(Y_{(\mathbf{x}_i, t_1)} \neq e_j | Y_{(\mathbf{x}_i, t_0)} = e_i) = p_{ij}$ .

A probabilidade do eventual primeiro retorno para o estado  $e_i$  ou a primeira passagem do estado  $e_j$  estando inicialmente no estado  $e_i$  são  $p_i = \sum_{m=1}^{\infty} p_{ii}^{(m)}$  e  $p_{ij} = \sum_{m=1}^{\infty} p_{ij}^{(m)}$ . Dependendo da natureza de  $p_i$  é possível ter outras classificações da cadeia de Markov, se  $p_i = 1$  ela é chamada de recorrente e se  $p_i < 1$  é chamada de transiente.

Se o estado da cadeia no tempo 0 é  $e_i$  e retorna ao estado  $e_i$  apenas no tempo  $\theta, 2\theta, \dots$ , com o período  $\theta > 1$ , então o estado  $e_i$  é chamado de periódico com período  $\theta$  e se  $\theta = 1$ , então  $e_i$  é chamado aperiódico.

# Capítulo 4

## Percolação

O livro clássico de Percolação de Geoffrey Grimmett [12] foi a base desse capítulo. A definição inicial de percolação surgiu em 1957, por Broadbent e Hammersley, através do estudo do fenômeno do transporte de um fluido através de um meio poroso. O modelo de percolação estuda a propagação de fluidos em meios desordenados, ou seja, é um modelo matemático de propagação em meios aleatórios. Nestes meios a propagação é contínua ou não existe e a transição entre os dois regimes é muito rápida. A percolação é uma parte da teoria da probabilidade moderna que tem recebido muita atenção nos últimos tempos [13]. A aplicabilidade desse modelo se dá em várias áreas como: física, biologia, química, geologia, engenharia, entre outras, sendo que cada uma exige um tipo particular de rede ou uma característica própria. Este modelo se adequa ao estudo de propagação de rumores, doenças infecciosas ou fogos florestais.

A terminologia padrão da teoria da percolação é diferente da teoria dos Grafos: vértices e arestas são chamadas de sítios e ligações, e os componentes são chamados de aglomerados. Existem dois tipos de percolação, local e de ligação. Quando um subgrafo aleatório é obtido através da seleção de vértices é chamada percolação local e quando arestas são selecionadas é chamada percolação de ligação. Em ambos os tipos, os selecionados são chamados de abertos e os não selecionados de fechados. Na percolação local, o subgrafo aberto é o subgrafo induzido pelos locais abertos e na percolação de ligação, o subgrafo é formado por arestas abertas e todos os vértices abertos [14].



## 4.1 O USO DA PERCOLAÇÃO EM EPIDEMIAS

Nos estudos de propagação de doenças infecciosas em redes, considera-se que a propagação começa com um único vértice infectado e a doença se desloca para cada vizinho suscetível de forma independente com probabilidade  $p$ . Para a infecciosidade e a recuperação do vértice o processo se repete até a morte do foco estocasticamente ou até tornar uma epidemia que se espalha com o número de vértices suscetíveis cada vez menor. Para  $p$  fixo, a disseminação da epidemia pode ser mapeada para um problema de percolação de ligações, onde cada aresta é mantida com probabilidade  $p$ . Quando a rede é percolada e sorteia-se a infecção inicial, a doença se espalha através da infecção inicial ao longo das arestas da rede e assim ocorre uma epidemia no vértice inicial o que corresponde ao tamanho da componente gigante. Isto estabelece que a probabilidade e a fração de infectados em epidemias são iguais se  $p$  é fixo e todas as arestas são independentes[15].

Alguns estudiosos acham que o agrupamento reduz a dimensão da epidemia e eleva o limiar da percolação na epidemia. Outros já demonstraram que o agrupamento aparece na redução do limiar e que conseqüentemente epidemias seriam possível em baixa transmissibilidade na presença de agrupamentos. Isso ocorre porque há diversas maneiras usadas para gerar redes de aglomerados e é difícil separar o impacto do agrupamento de outras características introduzidas pelo processo de geração da rede[15].

Neste trabalho a percolação de sítios será usada na propagação da infecção pelo vírus da febre aftosa em um conjunto de fazendas suscetíveis, que inicia-se após a localização de um ponto ou de uma fazenda em uma região de estudo  $A$ . O conjunto de fazendas é considerado um grafo simbolizado por  $G(F, E)$ , em que  $F$  representa as fazendas ou vértices ou sítios e  $E$  as arestas que fazem as ligações entre as fazendas, sobre estas arestas existe a probabilidade,  $P_{i,j}$ , da fazenda  $F_i$  ser infectada pela fazenda  $F_j$ . Esta junção do grafo das fazendas com essa probabilidade é chamada de percolação que é representada por  $\mathcal{G} = (G, P)$ . Os vértices dos grafos serão distribuídos de forma regular e aleatória. Logo abaixo o processo de percolação será descrito de forma básica, para um estudo aprofundado da teoria da percolação e suas aplicações as referências [12] e [14] são algumas das ótimas opções.

## 4.2 PERCOLAÇÃO DE LIGAÇÃO

Seja  $\mathbb{Z} = \{\dots, -1, 0, 1, \dots\}$  o conjunto de todos os inteiros e  $F^d$ , o conjunto de todos os vetores  $\mathbf{x} = (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_d)$ , em que  $\mathbf{x}_i = (x_1, x_2)$  é a  $i$ -ésima coordenada de  $\mathbf{x}$  e  $d$  representa o número de vértice do processo ou a dimensão do processo [16].  $F^d$  pode ser transformado em um grafo chamado de rede cúbica  $d$ -dimensional, por adicionar arestas entre todos os seus pares de pontos  $(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$  com  $\delta(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = 1$ . Defina esta rede como  $\mathcal{G}^d$ , com  $V^d$  sendo o conjunto de vértices e  $E^d$  como o conjunto de arestas, e utilizando a teoria dos grafos,  $\mathcal{G}^d = (V^d, E^d)$ . Se  $\delta(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = 1$ , então  $\mathbf{x}_1$  e  $\mathbf{x}_2$  são adjacentes e, neste caso,  $\mathbf{x}_1 \approx \mathbf{x}_2$  e a aresta de  $\mathbf{x}_1$  para  $\mathbf{x}_2$  é representada por  $\langle \mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2 \rangle$ .

Sejam  $p$  e  $q$  tal que,  $0 < p < 1$  e  $p + q = 1$  e declare cada aresta aberta de  $\mathcal{G}^d$  com probabilidade  $p$  e fechada caso contrário, independentemente de todas as outras arestas. Seja  $P_p$  a medida do produto e  $E_p$  a correspondente esperança do operador. Uma construção mais geral é aquela em que as diferentes arestas podem ter diferentes probabilidades de serem abertas, essa construção tem uma família de probabilidade  $P = (p(e) : e \in E^d)$ , com  $0 < p(e) < 1$  para toda  $e$ .

Suponha que  $(X_e : e \in E^d)$  é uma família de variáveis aleatórias independentes indexadas pelas arestas do conjunto  $E^d$ , onde cada  $X_e$  é uniformemente distribuída com valores entre  $[0, 1]$ . Todo o processos de percolação de ligação em  $\mathcal{G}^d$  pode ser casado com  $p$  variando no intervalo  $[0, 1]$ , da seguinte forma. Seja  $p$  variando entre  $[0, 1]$  e defina  $\eta_p(\in \Omega)$  por:

$$\begin{aligned} \eta_p(e) &= 1, \quad \text{se } X(e) < p, \\ &0, \quad \text{se } X(e) \geq p. \end{aligned} \tag{4.1}$$

A aresta  $e$  é  $p$ -aberta se  $\eta_p(e) = 1$ . O vetor aleatório  $\eta_p$  tem componentes independentes e distribuições marginais dadas por:

$$P(\eta_p(e) = 0) = 1 - p \text{ e } P(\eta_p(e) = 1) = p.$$

O resultado aleatório do processo de percolação de ligação  $\mathcal{G}^d$  pode ser definido como  $\eta_p$  com probabilidade da aresta  $p$ . Fica claro que  $\eta_{p_1} \leq \eta_{p_2}$  sempre que  $p_1 \leq p_2$ , significando

que os dois processos de percolação podem ser juntados com probabilidades de aresta  $p_1$  e  $p_2$  de tal forma que o conjunto de arestas abertas do primeiro processo é um subconjunto do conjunto de arestas abertas do segundo. Em termos gerais, como  $p$  aumenta de 0 a 1, a configuração  $\eta_p$  roda através de configurações típicas do processo de percolação com todas as probabilidades das arestas.

Considere o subgrafo aleatório de  $\mathcal{G}^d$  que contém o conjunto de vértices  $F^d$  e apenas arestas abertas. Os componentes conectados deste grafo são chamados de aglomerados abertos. Denote  $C(\mathbf{x})$  o aglomerado aberto que contém o vértice  $\mathbf{x}$ , e chame  $C(\mathbf{x})$  de aglomerado aberto de  $\mathbf{x}$ . O conjunto de vértices de  $C(\mathbf{x})$  é o conjunto de todos os vértices da rede que estão conectados a  $\mathbf{x}$  por caminhos abertos, e as arestas de  $C(\mathbf{x})$  são as arestas abertas de  $\mathcal{G}^d$  que se junta aos pares desses vértices. Pela translação da invariância da rede e da medida de probabilidade  $P_p$ , a distribuição de  $C(\mathbf{x})$  é independente da escolha de  $\mathbf{x}$ . O aglomerado aberto  $C(0)$  na origem é representado por uma única letra  $C$ . Ocasionalmente, o termo  $C(\mathbf{x})$  representa o conjunto de vértices associado a  $\mathbf{x}$  por trajetórias abertas, em vez do grafo deste aglomerado aberto. O número de vértices em  $C(\mathbf{x})$  é representado por  $|C(\mathbf{x})|$ .

### 4.3 PROBABILIDADE DE PERCOLAÇÃO E PROBABILIDADE CRÍTICA

A quantidade principal de interesse na teoria da percolação é a probabilidade de percolação  $\theta(p)$ , que é a probabilidade de um vértice pertencer a um aglomerado aberto infinito. Considerando este vértice a origem será definido que:

$$\theta(p) = P_p(|C| = \infty). \quad (4.2)$$

Alternativamente, pode ser escrito como:

$$\theta(p) = 1 - \sum_{n=1}^{\infty} P_p(|C| = n). \quad (4.3)$$

$|C| = \infty$ , se e somente se, existe uma seqüência infinita  $\mathbf{x}_0, \mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots$  de vértices distintos de tal forma que  $\mathbf{x}_0 = 0$ ,  $x_i \approx \mathbf{x}_{i+1}$ , e  $\langle \mathbf{x}_i, \mathbf{x}_{i+1} \rangle$  é aberta para todo  $i$ . Com  $\theta(0) = 0$  e  $\theta(1) = 1$ ,  $\theta$  é uma função não-decrescente de  $p$ .

Para a teoria de percolação é fundamental que exista um valor crítico  $p_c = p_c(d)$  de  $p$  tal que:

$$\theta(p) \begin{cases} = 0, & \text{se } p < p_c \\ > 0, & \text{se } p > p_c \end{cases}$$

$p_c(d)$  é chamado de probabilidade crítica e é formalmente definida por

$$p_c(d) = \sup \{p : \theta(p) = 0\}. \quad (4.4)$$

A rede  $J$ -dimensional  $\mathcal{G}^d$  pode ser incorporada a  $\mathcal{G}^{d+1}$  de uma forma natural como a projeção de  $\mathcal{G}^d$  para o subespaço gerado pelas primeiras  $d$  coordenadas, com esta incorporação a origem de  $\mathcal{G}^{d+1}$  pertence a um infinito aglomerado aberto para um particular valor de  $p$  sempre que ele pertença a uma sub-rede de  $\mathcal{G}^d$ . Assim  $\theta(p) = \theta_d(p)$  é não decrescente em  $d$ , implicando que

$$p_c(d+1) \leq p_c(d), \quad (4.5)$$

para  $d \geq 1$ .

#### 4.4 PERCOLAÇÃO LOCAL OU DE SÍTIO

Um das formas de impedir o espalhamento é bloquear os vértices e o modelo correspondente a esse fato é denominado “percolação local” ou “percolação de sítio”. Cada vértice da rede  $\mathcal{G}^d$  é aberta com probabilidade  $p$  e fechada com probabilidade  $1 - p$ , sendo que  $p$  varia de vértice para vértice e com o tempo. O aglomerado aberto  $C(\mathbf{x})$  no vértice  $\mathbf{x}$  é definido como o conjunto de todos os vértices que pode ser atingido através de trajetórias abertas a partir de  $\mathbf{x}$  (se  $\mathbf{x}$  for fechado  $C(\mathbf{x})$  é vazio). A probabilidade de percolação pode ser escrita juntamente com a probabilidade crítica

$$P_c = \sup \{p : \theta(p) = 0\}.$$

Cada tipo de modelo de percolação é escrito de uma maneira apropriada  $\theta^{local}$  ou  $\theta^{ligacao}$ , assim como  $p_c^{local}$  ou  $p_c^{ligacao}$ . A maioria dos argumentos sobre modelos de percolação podem ser adaptados para modelos de ligação e local, porém os modelos locais são mais gerais do que os modelos de ligação.

Considere um grafo infinito arbitrário conectado  $G = (V, E)$ . Denote 0 como um vértice especificado de  $G$  que será chamado de 'origem'. A probabilidade de que 0 encontre-se em um aglomerado aberto infinito de  $G$  em um processo de percolação de ligação(ou percolação local) em  $G$  é denotada por  $\theta^{ligacao}(p)$  com parâmetro  $p$ . Tanto  $\theta^{ligacao}(p)$  e  $\theta^{local}(p)$  são funções não-decrescente de  $p$ , e as probabilidades críticas de ligação e local são dadas por:

$$p_c^{ligacao} = p_c^{ligacao}(G) = \sup \{p : \theta^{ligacao}(p) = 0\}$$

$$p_c^{local} = p_c^{local}(G) = \sup \{p : \theta^{local}(p) = 0\}.$$

A partir das considerações anteriores

$$p_c^{ligacao}(G) = p_c^{local}(G_c), \tag{4.6}$$

ou seja, as probabilidades críticas dos dois processos de percolação são iguais.

## Modelagem

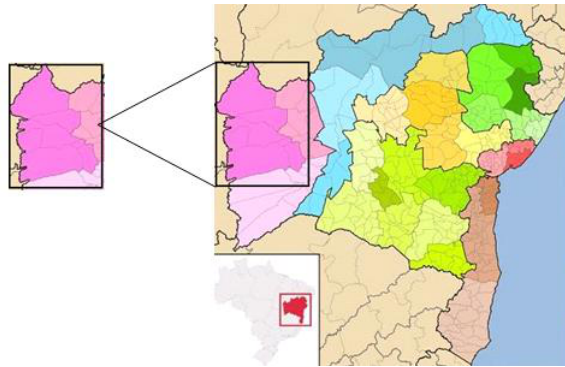
O modelo proposto por este trabalho é composto por dois níveis. Seja  $A \subset \mathbb{R}^2$ , uma região do mapa de interesse no qual os dois níveis serão estudados. No primeiro nível será analisado o processo pontual, um subconjunto de pontos  $\mathbf{x}_i \in A$ , sorteados aleatoriamente e que representam a localização da ocorrência da infecção pelo VFA em  $A$ . Ele é denotado por  $\mathcal{F}$  e chamado de *focus* de infecção pelo VFA. O *focus* é todo fator indireto que leve a infecção pelo VFA tais como veículos que eventualmente tinham transportado animais infectados, trabalhadores que entraram em contato com um animal infectado e depois não fez a higienização adequada. Em geral, todo objeto que esteja infectado pode infectar um animal sadio.

O segundo nível é representado por um modelo de percolação  $\mathcal{G}(G, P)$ . Neste modelo tem-se que  $G = G(F, E)$  é um grafo, definido como uma dupla de conjuntos  $F$  e  $E$ , sendo que  $F$  é o conjunto de vértices de  $\mathcal{G}$  e  $E$  seu conjunto de arestas. Neste caso, dois vértices são unidos por uma aresta se houver uma ligação ou relação entre os vértices. No modelo descrito,  $F$  representa o conjunto de fazendas fixas em  $A$  e  $E$  as arestas que ligam as fazendas que possam transmitir a infecção pelo VFA. Em  $\mathcal{G}(G, P)$ ,  $P$  é a probabilidade da transmissão ocorrer entre dois vértices em que existe aresta. Mais precisamente  $P$  é uma função que associa para cada aresta de  $\mathcal{G}$  um peso e que representa a probabilidade de contaminação de uma fazenda por uma fazenda vizinha. Um novo modelo de percolação  $\mathcal{G}'(G', P')$  surge da união destes dois níveis, em que  $G'$  é formado por  $F'$ , a união do

conjunto de fazendas  $F$  ao conjunto de *focus*  $\mathcal{F}$ , e  $E'$  a união das arestas  $E$  com as novas arestas ligando  $F$  a  $\mathcal{F}$ .  $P'$  é formado pelo conjunto de valores de  $P$  e das probabilidades de infecção de  $F$  por  $\mathcal{F}$ .

## 5.1 O PRIMEIRO NÍVEL

Considere uma região como um subconjunto compacto  $A \subset \mathbb{R}^2$ , em que será estudado a infecção pelo VFA. Por simplicidade e sem perda de generalidade ela será representada por um retângulo, a Figura 5.1 mostra um exemplo de uma área a ser considerada.

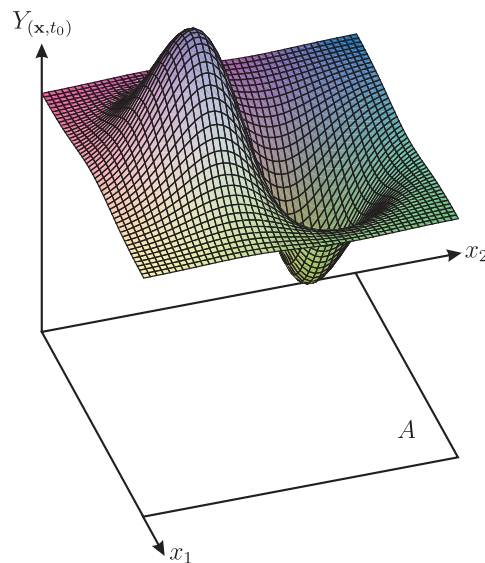


**Figura 5.1** Exemplo de Representação da Área de Estudo<sup>1</sup>.

Sejam  $\mathbf{x}_i = (x_1^i, x_2^i)$ , com  $i = 1, \dots, n$  pontos sorteados aleatoriamente em  $A$  e  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  o nível de infecção pelo VFA, uma quantificação da infecção pelo VFA formada por fatores que o elevam em cada ponto  $\mathbf{x}_i$ , em instantes do tempo  $t_j$  e dependente da sub-região  $A_k$  a qual  $\mathbf{x}_i$  pertence. Dessa forma  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  é considerado um processo estocástico pois é observado em cada ponto  $\mathbf{x}_i$  em diferentes instantes do tempo,  $t_j$ . O nível de infecção pode ser interpretado dependendo da maneira que é observado. Se  $Y_{\mathbf{x}, t}$  for observado em  $n$  pontos  $\mathbf{x}_i \in A$  sorteados em instantes diferentes, ele terá uma forma de superfície sobre  $A$  em todo tempo  $t$ . Se for observado em um ponto  $\mathbf{x}_i$  sorteado em um instante  $t_j$  qualquer, será uma variável aleatória. Se for observado um valor específico de  $Y_{\mathbf{x}, t}$  em pontos  $\mathbf{x}_i \in A$  sorteados em tempos diferentes, será uma função no tempo. E se for observado um valor específico de  $Y_{\mathbf{x}, t}$ , em um instante  $t_i$  também específico e em um ponto  $\mathbf{x}_i$  sorteado, ele será uma estimativa do nível de infecção no ponto  $\mathbf{x}_i$  no instante  $t_i$ . A

<sup>1</sup>Fonte do mapa: <http://pt.wikipedia.org/wiki/Anexo:Lista-de-microrregi%C3%B5es-da-Bahia>

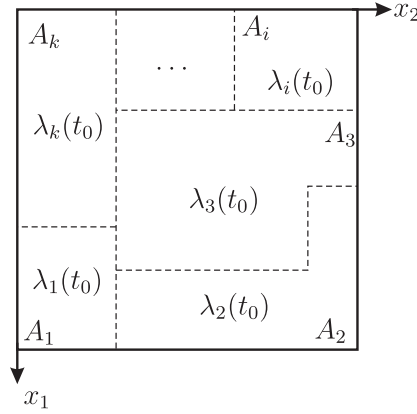
Figura 5.2 retrata um exemplo de superfície do nível de infecção do VFA,  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ . Observe que existe uma grande salto na superfície representando os locais com altos níveis de infecção, uma grande depressão que representa os locais com baixos níveis e outros locais com níveis intermediários.



**Figura 5.2** Exemplo da Superfície de  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ .

Por simplificação e baseado em informações gerais que podem caracterizar uma área, como, por exemplo, topografia, locais com mais frequência de infecção pelo VFA e as fronteiras, tomadas como locais de alto risco, neste trabalho será considerado que  $A$  será particionada em  $k$  sub-regiões disjuntas,  $A = A_1 \cup \dots \cup A_k$ , com  $A_i \cap A_j = \emptyset$ . Cada sub-região, possui uma distribuição do nível de infecção pelo VFA,  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ , formada por fatores que fazem com que este nível altere em determinados períodos do tempo. Com isso,  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  também é considerado um modelo estatístico,  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j} = (\xi_1, \dots, \xi_n)$ , em que  $\xi_i$  representa estes fatores ou covariáveis.  $A_k$  possui a média do nível de infecção chamada de  $\lambda_{k, t_j}$  que varia mês a mês, esta variação é consequência das alterações de  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  em cada sub-região e em cada instante do tempo. Observe também que, cada ponto  $\mathbf{x}_i \in A_k$  possui o nível de infecção variando com o  $\lambda_{k, t_j}$  da sua sub-região, ou seja,  $\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j} = \lambda_{k, t_j}$  e por isso os pontos  $\mathbf{x}_i \in A_k$  são considerados identicamente distribuídos. Um exemplo de como seria esta divisão é mostrada na Figura 5.3, observe que a região é dividida em  $k$  sub-regiões e que cada uma possui a sua média do nível de infecção dependente do instante do tempo  $t_0$ .





**Figura 5.3** Exemplo da Representação das Sub-regiões.

Denota-se por  $S(\mathbf{x}_i, t_j)$  o estado de infecção pelo VFA de cada ponto  $\mathbf{x}_i$  no instante  $t_j$  após o sorteio de  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  e que possui os seguinte valores:

$$S(\mathbf{x}_i, t_j) = \begin{cases} 0, & \text{se } Y_{\mathbf{x}_i, t_j} \leq L \\ 1, & \text{se } Y_{\mathbf{x}_i, t_j} > L, \end{cases} \quad (5.1)$$

em que  $L$  é um limiar estabelecido por um especialista do nível de infecção pelo VFA, e que é o valor mínimo do nível para que  $\mathbf{x}_i$  seja considerado infectado. Quando  $S(\mathbf{x}_i, t_j) = 0$ ,  $\mathbf{x}_i$  é considerado um ponto suscetível a infecção, ou seja, possui fatores que podem levar a infecção pelo VFA mas não está infectado. E quando  $S(\mathbf{x}_i, t_j) = 1$ ,  $\mathbf{x}_i$  é considerado infectado, chamado de *foco* de infecção pelo VFA e representado por  $f_j, j = 1, \dots, l$ , em que  $l$  é o número de *focus*.  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  é verificado a cada instante  $t_j$ , instante este estipulado pelo especialista quinzenal, mensal, etc., até o surgimento do conjunto  $\mathcal{F} = \{f_1, \dots, f_l\}$ .  $\mathcal{F}$  é um processo pontual, um conjunto de pontos distribuídos aleatoriamente em  $A$  cuja localização foi gerada pelo processo estocástico  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  e descrito em termos das observações dos fatores em cada ponto  $\mathbf{x}_i$  no instante  $t_j$ .

Sem perda de generalidade e a fim de se obter locais infectados pelo VFA, considera-se que  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  possui distribuição de Poisson por descrever o nível de infecção em cada ponto  $\mathbf{x}_i$  e em cada instante  $t_j$ , mantendo as características da sub-região  $\mathbf{x}_i \in A_k$  e aleatoriedade. Seja  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j}$  com média  $\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j}$  e com a seguinte função de probabilidade:

$$P(Y_{\mathbf{x}_i, t_j} = y_{\mathbf{x}_i, t_j}) = \frac{e^{-(\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j})} (\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j})^{y_{\mathbf{x}_i, t_j}}}{y_{\mathbf{x}_i, t_j}!}, \quad (5.2)$$

em que  $y_{\mathbf{x}_i, t_j} = 0, 1, \dots$  e  $P(Y_{\mathbf{x}_i, t_j} = y_{\mathbf{x}_i, t_j})$  é a probabilidade do nível de infecção em  $\mathbf{x}_i$  no instante  $t_j$  ser igual a  $y_{\mathbf{x}_i, t_j}$ .  $\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j}$  é a média do nível de infecção no ponto  $\mathbf{x}_i$  no instante  $t_j$ . Esta variação é devido ao fato da infecção pelo VFA variar sazonalmente.

### 5.1.1 Identificação dos Focus de Infecção Pelo VFA

Para identificação dos pontos  $\mathbf{x}_i$  como *focus* de infecção pelo VFA  $f_l$ , foi implementado um modelo com um conjunto de regras simples. O modelo é capaz de simular a identificação do *focus*, conduzindo a resultados próximos da realidade, ou seja, identificando locais infectados pelo VFA. O algoritmo implementado é repetido até o surgimento do conjunto de *focus*  $\mathcal{F}$ , cada repetição ou passo é chamado de passo Monte Carlo e é utilizado como unidade de tempo. Abaixo está descrito os passos do modelo.

1. Faça  $l = 1$ ;
2. Faça  $j = 1$ ;
3. Selecione aleatoriamente  $n$  pontos  $\mathbf{x}_i, i = 1, \dots, n$ ;
4. Para  $i = 1, \dots, n$ ;
  - a Verifique em que sub-região,  $A_k$ ,  $\mathbf{x}_i$  pertence e qual o  $\lambda_{A_k, mes}$  referente a  $j$  e faça
$$\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j} = \lambda_{A_k, mes}$$
  - b Selecione  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j} \sim Poisson(\lambda_{\mathbf{x}_i, t_j})$ ;
  - c Se  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j} \geq L$  :

$$S(\mathbf{x}_i, t_j) = 1, f_l = \mathbf{x}_i \text{ e } l = l + 1;$$

Se  $Y_{\mathbf{x}_i, t_j} < L$  :

$$S(\mathbf{x}_i, t_j) = 0 \text{ e } l = l.$$

5. se  $\mathcal{F} = \emptyset$ , faça  $j = j + 1$  e volte ao passo 3;

Após a identificação do conjunto de *focus*  $\mathcal{F}$ , ele será ligado ao modelo de percolação descrito na próxima seção.

## 5.2 O SEGUNDO NÍVEL

Em fazendas de criação de gado, os animais são distribuídos de forma heterogênea [1] e especificamente os bovinos são animais que vivem em grupos e apresentam uma série de padrões de organização social [17]. Devido a esse fato há uma rápida transmissão do VFA entre animais na mesma fazenda e esse é o principal motivo que levou a escolha da fazenda como unidade para a modelagem da propagação do VFA. Na modelagem que está sendo apresentada neste trabalho, é considerado que o mecanismo pelo qual o VFA se propaga é estocástico, a chance por unidade de tempo de uma fazenda suscetível ser infectada depende da configuração da vizinhança identificadas como *focus* de infecção. A evolução temporal e espacial da infecção pelo VFA é observada até que todas as fazendas contidas na região de estudo  $A$  sejam infectadas.

Para qualificar a gravidade e a magnitude da propagação da infecção pelo VFA numa grande extensão geográfica, foi utilizado o conceito de percolação de sítios em que as fazendas serão consideradas como sítios,  $P$  a probabilidade de uma fazenda se tornar infectada e um conjunto de fazendas infectadas como um aglomerado percolante. A seguir será descrito a modelagem de percolação no risco de infecção pelo VFA.

### 5.2.1 Modelo de Percolação $\mathcal{G}$

Considere  $\mathcal{G}$  um modelo de percolação formado pelo grafo  $G$  e da probabilidade  $P$ , em que  $G$  é um grafo que está sobre a região de estudo  $A$  formado por vértices  $F$  e arestas  $E$ , em que  $F$  representa o conjunto de fazendas de criação de gado bovino  $\{F_i, i = 1, \dots, N\}$  fixo em  $A$  e  $E$  um conjunto de ligações que conectam pares de fazendas  $F_i F_j$ . Alguns fatores impedem a ligação entre fazendas que possam causar a transmissão da infecção pelo VFA, como a topografia da região de estudo e a grande distância existente entre elas.

Em um dado instante do tempo,  $t_j$ , uma fazenda  $F_i$  pode estar no estado suscetível ou infectado, esse estado é representado pela variável  $S(F_i, t_j)$  descrita abaixo:

$$S(F_i, t_j) = \begin{cases} 0, & \text{se a fazenda estiver suscetível} \\ 1, & \text{se a fazenda estiver infectada} \end{cases} \quad (5.3)$$

Uma fazenda é considerada suscetível quando existem fatores que podem levá-la a se tornar infectada, sendo que não está infectada. Inicialmente nesta modelagem, todas as fazendas são consideradas suscetíveis e a partir do momento em que se infecta continuará infectada.

Sobre as arestas  $E$  é assinalada uma probabilidade  $P_{i,j}$ , a probabilidade da fazenda  $F_i$  ser infectada pela fazenda  $F_j$ . Para o cálculo desta probabilidade, levam-se em consideração fatores na fazenda  $F_i$  que podem causar a infecção VFA, também fatores na fazenda vizinha  $F_j$  que podem levar  $F_i$  a ser infectada e fatores indiretos, ou seja, fatores fora de  $F_i$  que eventualmente estejam contaminados pelo VFA e que podem levá-la a ser infectada. Em Keeling et. al. [18], foram utilizados como fatores de risco a localização da casa nas fazendas, o tamanho da fazenda, o número de animais de várias espécies, a saber, bovinos, ovinos, suínos, caprinos e veados. Também considerou que todas as fazendas eram suscetíveis, com o nível de suscetibilidade dependente do número e tipo de animais. Já em Menach [1], o autor além de utilizar o tamanho da fazenda e o número de animais, ele também utilizou o resultado de testes sorológicos dos animais de cada uma das fazendas e em Dutra [19], o autor classificou as propriedades rurais, ou as fazendas, como de alto risco de ser infectada pelo vírus da febre aftosa se pelo menos possuir uma das características: próxima a aglomerações de animais, abatedouros, laticínios ou fábricas de rações animais, lixões, portos, postos de fronteira, aeroporto ou rodoviária, locais com alta movimentação de animais, estradas com grande fluxo de animais, propriedades de assentamentos rurais e pertencer a proprietário de outro país ou de área infectada.

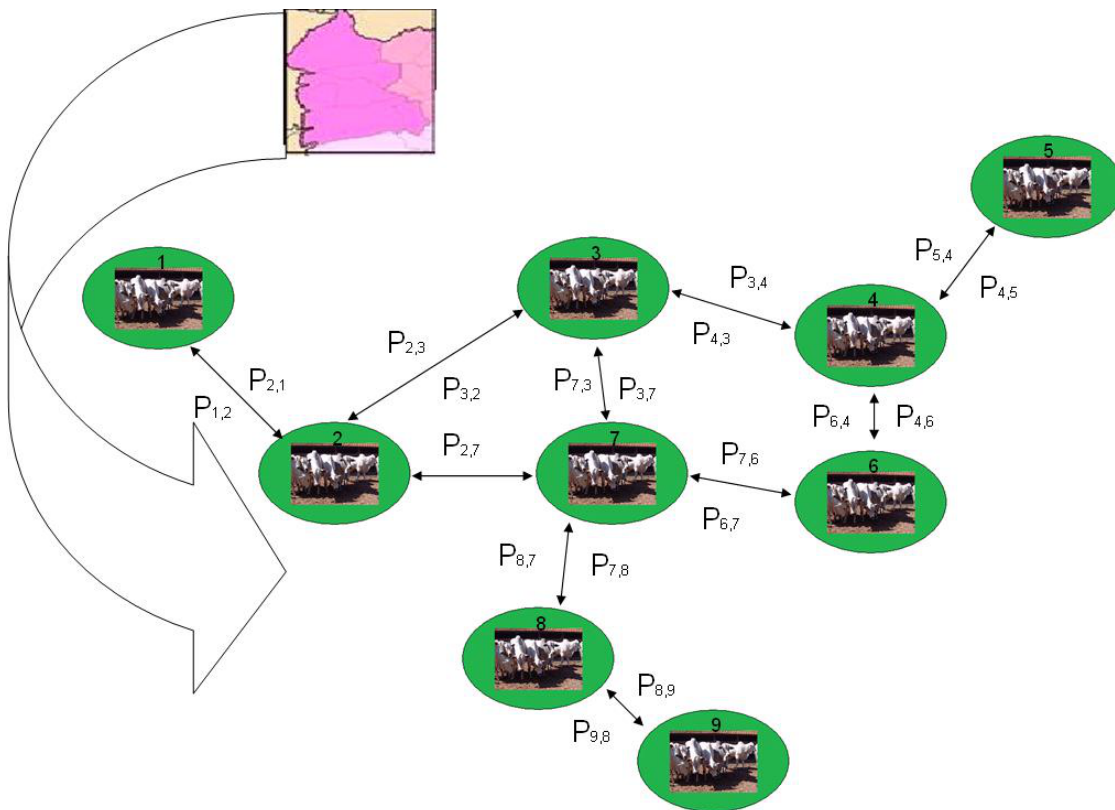
Neste trabalho, considerou-se como fatores para o cálculo da probabilidade  $P_{i,j}$  a distância entre as fazendas e o tamanho do rebanho bovino, pois se uma fazenda possui muitos animais a chance dela ser infectada é muito maior e quanto maior o tamanho do rebanho maior chance dela transmitir o vírus. Segue abaixo a equação de  $P_{i,j}$  :

$$P_{i,j} = \begin{cases} \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i \times N_j^\theta}{\sum_{j_i \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,j_i}}{\tau}) \times N_i \times N_{j_i}^\theta}, & \text{se } d_{i,j} \leq \tau \\ 0, & \text{se } d_{i,j} > \tau, \end{cases} \quad (5.4)$$

em que  $d_{i,j}$  é a distância entre as fazendas  $i$  e  $j$ ,  $\tau$  é uma distância de contato estabelecida

em que uma fazenda possa infectar ou ser infectada.  $N_i$  é o tamanho do rebanho bovino da fazenda  $i$  e  $N_j$  é o tamanho do rebanho bovino da fazenda  $j$  e  $\Gamma_i$  é o conjunto de vizinhos da fazenda  $i$ . Note que  $P_{i,j} \neq P_{j,i}$ , pois os fatores que tornam a fazenda  $i$  infectada são diferentes dos que tornam a fazenda  $j$  infectada. O parâmetro  $\theta$  é um fator de assimetria das probabilidades, ele interfere na probabilidade da fazenda  $i$  ser infectada pela fazenda  $j$  através do tamanho do rebanho da fazenda  $j$ . No capítulo 8, será mostrada a validação desta probabilidade através deste parâmetro.

A Figura 5.4 representa a passagem do primeiro nível para o segundo nível.



**Figura 5.4** Representação do Segundo Nível do Modelo. Sendo  $P_{i,j}$  a Probabilidade da Fazenda  $i$  ser Infectada Pela Fazenda  $j$ .

### 5.3 RELAÇÃO ENTRE OS NÍVEIS DO MODELO

A partir do surgimento dos *focus*, um novo grafo é definido como  $\mathcal{G}' = (F', E')$ , em que  $F'$  é formado por  $F(G) = \{F_1, \dots, F_N\}$  unido a  $\mathcal{F} = \{f_1, \dots, f_l\}$  e  $E'$  é a união das arestas  $E(G) = F_i F_j$  com as arestas  $F_i f_l$ , que são geradas pela “união” de  $F$  a  $\mathcal{F}$  se  $d_{i,f_l} \leq \tau$ . O novo modelo de percolação  $\mathcal{G}'$  considera a probabilidade  $P'_{i,j}$ , que são as probabilidades  $P_{i,j}$  e a  $P_{i,l}$ , que é a probabilidade da fazenda  $i$  ser infectada pelo *foco*  $l$ .  $P'_{i,j}$ , é descrita abaixo.

$$P'_{i,j} = \begin{cases} \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i}, & \text{se } j \in \tilde{\Gamma}_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i \times N_j^\theta}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i}, & \text{se } j \in \Gamma_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ 0, & \text{se } d_{i,j} > \tau, \end{cases} \quad (5.5)$$

em que  $\Gamma_i$  representa o conjunto de fazendas vizinhas da fazenda da  $i$  e  $\tilde{\Gamma}_i$  o conjunto de *focus* vizinhos à fazenda  $i$ .

Na união dos dois níveis, o estado dos *focus* e das fazendas em um dado instante do tempo,  $t_j$ , é representado pela variável  $S(F'_i, t_j)$  descrita abaixo:

$$S(F'_i, t_j) = \begin{cases} 0, & \text{se for uma fazenda suscetível} \\ 1, & \text{se for um } focus \text{ ou uma fazenda infectada} \end{cases} \quad (5.6)$$

O principal motivo da utilização do modelo de percolação nesta dissertação é estudar a função de risco assinalada sobre as arestas  $E'$  definida como  $P'_{i,j}$ . Esse estudo ajudará a caracterizar a dinâmica da propagação da infecção pelo VFA espacial e temporal após a identificação dos *focus*, que permitirá uma variabilidade do estudo de casos conforme o ajuste dos parâmetros envolvidos e a reconfiguração dos conjuntos envolvidos. A Figura 5.5 representa a relação entre os níveis, observe que as setas possuem duas pontas mostrando que  $P_{i,j}$  é diferente de  $P_{j,i}$ .

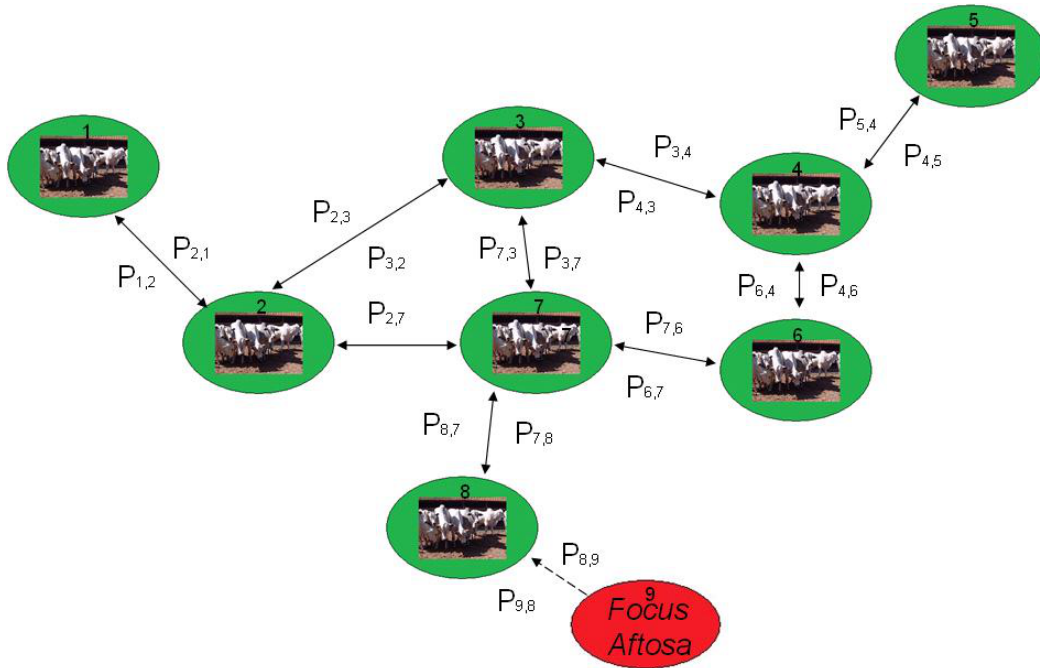


Figura 5.5 Relação Entre os Dois Níveis do Modelo

### 5.3.1 Modelo de Propagação do VFA

O modelo de propagação do VFA integra os seguintes itens:

1. Utilizar o conceito de percolação, nas fazendas mais próximas;
2. Duração do processo de infecção do sistema, com o intuito de determinar a posição relativa dos *focus* na rede no sentido de verificar a duração do tempo da infecção no sistema, considerando a distribuição fixa das fazendas e aleatória dos *focus* de infecção;
3. A transição de estado, ou seja, a transição do estado de uma fazenda suscetível,  $S(F_i, t_j) = 0$ , para uma fazenda infectada  $S(F_i, t_j) = 1$ . Considera-se somente a mudança do estado suscetível para o infectado, que ocorre com probabilidade  $P_i$ , probabilidade de uma fazenda suscetível  $i$  ser infectada pelo VFA em um instante do tempo  $t_j$ , dada pela seguinte expressão:

$$P_i = \max_{k \in \Gamma_i} (1 - (1 - P'_{i,k})^{S(F_k, t_j)}), \quad (5.7)$$

em que  $\Gamma_i$  representa a vizinhança da fazenda  $F_i$ . Nesta vizinhança também são considerados os possíveis focos  $f_j$ .

A matriz de probabilidade da transmissão da infecção pelo VFA  $P$ , é construída da seguinte maneira:

$$P = \begin{cases} P_i, & \text{se } i = j \\ P'_{i,j}, & \text{se } i \neq j \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ 0, & \text{se } i \neq j \text{ e } d_{i,j} > \tau. \end{cases} \quad (5.8)$$

Na matriz de probabilidade considerou-se que as probabilidades não são simétricas, ou seja,  $P_{i,j} \neq P_{j,i}$  e que a sua diagonal é formada pela probabilidade de cada fazenda  $F_i$  se torna infectada,  $P_i$ . Após a identificação dos *focus* de infecção, a propagação da infecção temporal e espacial evolui de forma dependente da existência de ligação  $E'$  entre as fazendas e entre as fazendas e os *focus*. No modelo considerou que a infecção pelo VFA inicia após a identificação dos *focus* e se propaga através do seu contato com as fazendas vizinhas.

Na implementação do modelo para simular a propagação pelo VFA considerou cada passo descrito acima. As interações foram iniciadas após o algoritmo da identificação dos *focus* ter finalizado e realizadas até todas as fazendas serem infectadas, abaixo segue os passos do algoritmo. As implementações dos algoritmos deste modelo foram realizadas no software Microsoft Visual C++ 6.0.

1. Faça  $t=1$ ;

2. Para  $i=1, \dots, N$  :

**2.1**  $maior=0$ ;

**2.2** Para  $j=1, \dots, N+l$  :

**2.21** Se  $j=1$ ,  $maior=P'_{i,j}$ ;

**2.22** Se  $j>1$  e  $j \neq i$ ,  $P_i=(1-(1-P'_{i,j})^{S(F'_j,t)})$ ;

**2.23** Se  $P_i > maior$ ,  $maior=P_i$  e se  $j=N+l$ , volte para o passo 2.2 e depois para o passo 2.24;

**2.24**  $P_i=maior$ , se  $i \neq j$ ,  $S(F_i,t)=0$  e  $S(F'_j,t)=1$ , sorteia-se aleatoriamente  $S(F_i,t)$  com probabilidade  $P_i$ ;

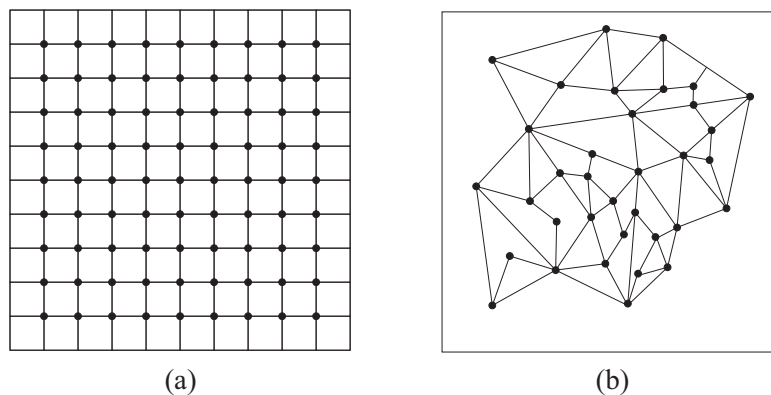


**2.3** Se  $\sum_{i=1}^N S(F_i, t) < N$ , faça  $t = t + 1$  e volte ao passo 2.

No próximo capítulo serão mostrados os resultados que validam o modelo.

## Resultados

A fim de simular o espalhamento da infecção pelo VFA na rede de fazendas, ou seja, no grafo  $G(F, E)$ , utilizou-se uma área quadrada com lados iguais a um. Além disso, foram consideradas dois tipos de redes: uma rede regular quadrada, ou seja cada vértice ou fazendas possui quatro vizinhos e uma rede obtida aleatoriamente com o intuito de representar uma verdadeira área com suas fazendas. A Figura 6.1 mostra os dois tipos de redes.



**Figura 6.1** Exemplos de Redes Regular e Aleatória

Com o intuito de validar a função 6.1 utilizada no modelo deste trabalho, foram realizadas simulações utilizando diferentes valores de  $\theta$ ,  $0 < \theta < 1$  e  $\theta > 1$ . Também modificou-se o número total de fazendas na mesma área, este número foi denotado por

$N$  e os valores utilizados por ele foram: 1225, 2500 e 5625.

$$P'_{i,j} = \begin{cases} \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i}, & \text{se } j \in \tilde{\Gamma}_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i \times N_j^\theta}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i}, & \text{se } j \in \Gamma_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ 0, & \text{se } d_{i,j} > \tau, \end{cases} \quad (6.1)$$

Para cada rede foram realizadas 360 simulações, sendo 120 para cada  $N$  com 30 para cada valor de  $\theta$ . Em cada simulação, foi observado o tempo de propagação da infecção na rede. As simulações foram realizadas no software Microsoft Visual C++.

A normalidade desses dados foi verificada através do teste Kolmogorov-Smirnov ao nível de 5% de significância. Para verificar se os tempos médios de propagação nas redes são iguais para os diferentes valores de  $\theta$ , aplicou-se o teste one-way ANOVA. Na rede regular, observou-se diferença nos tempos médios de propagação para os valores dos  $\theta$ 's quando  $N = 2500$  e  $N = 5625$ . Através do teste de comparação múltipla de Tukey, foi observado para  $N = 2500$  diferença no tempo de propagação entre  $\theta = 0,1$  e  $\theta = 1,5$ . Para  $N = 5625$ , houve somente diferença entre  $\theta = 0,5$  e  $\theta = 2,0$ . Na rede aleatória, verificou-se diferença estatisticamente significativa para  $N = 1225$  e  $N = 5625$ . Quando  $N = 1225$ , houve diferença entre  $\theta = 0,1$  e  $\theta = 2,0$  e para  $N = 5625$  houve diferença entre  $\theta = 0,1$  e  $\theta = 1,5$  e também com  $\theta = 2,0$ , entre  $\theta = 0,5$  e  $\theta = 2,0$ . Apesar da rede aleatória apresentar os tempos médios de propagação sempre maiores é observado o mesmo comportamento de crescimento, ou seja, quanto maior for o  $\theta$  maior será o tempo médio de propagação. Estas análises foram realizadas no software SPSS 13. Os resultados dos tempos médios de propagação e seus respectivos intervalos com 95% de confiança para as diferentes redes,  $\theta$  e  $N$ , estão na tabela 6.1.

Estes resultados mostram que considerando uma mesma área com pequenas e grandes densidades de fazendas, a função com maiores valores para  $\theta$  gera um maior tempo de propagação pelo VFA, aproximando-se da epidemia de 1990 em Santa Catarina. Segundo [20], no início desta epidemia o estado tinha cerca de 2.235.902 animais bovinos. Em 180 dias já existia focos de infecção em todo o estado, porém a epidemia durou entre outubro/1990 e julho/1991. Neste trabalho foi considerado uma unidade da área,  $1 \times 1$ ,

**Tabela 6.1** Tempo Médio e Intervalo de Confiança da Propagação da Infecção Pelo VFA em Redes Aleatória e Regular Para 4 Valores de  $\theta$

Número de Fazendas	Rede Regular*			
	$\theta = 0,1$	$\theta = 0,5$	$\theta = 1,5$	$\theta = 2,0$
	M[IC95%]	M[IC95%]	M[IC95%]	M[IC95%]
1225	66[62; 70]	66[62; 79]	71[66; 75]	71[67; 75]
2500	82[76; 88]	86[80; 93]	92[88; 97]	91[87; 95]
5625	104[96; 111]	100[93; 108]	111[105; 118]	116[109; 122]
	Rede Aleatória			
1225	84[74; 94]	87[79; 95]	96[87; 105]	104[98; 111]
2500	98[87; 108]	107[91; 123]	109[96; 122]	118[105; 132]
5625	108[99; 116]	120[109; 130]	131[124; 138]	143[134; 152]

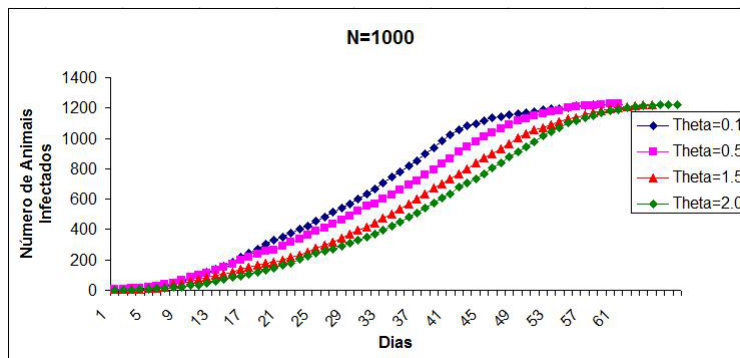
\*Teste one-way ANOVA  $p \leq 0,05$

contendo, em média, cada fazenda 500 animais bovinos, correspondendo ao número de animais bovinos do estado de Santa Catarina na época da epidemia. Os resultados da simulação utilizando  $\theta=2$  em  $P_{i,j}$  e  $N=5625$ , com probabilidade média de uma fazenda ser infectada em um dado dia dada por  $P_i = 0,11$  para uma rede regular e  $P_i = 0,12$  numa rede aleatória, mostram que o modelo conseguiu recriar o cenário da propagação da epidemia pelo VFA do estado Santa Catarina em 1990. Na Tabela 6.2 estão apresentadas as probabilidades de infecção pelo VFA em um dado dia para  $\theta=2$  nas duas redes. Estas probabilidades indicam a vulnerabilidade de uma área quando os fatores que levam a infecção pelo VFA estão mais evidentes.

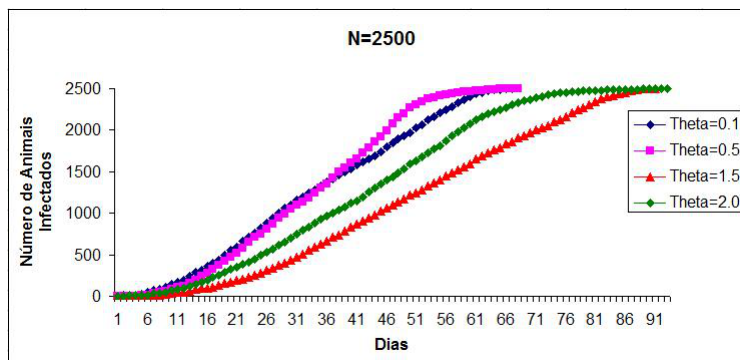
As Figuras 6.2, 6.3 e 6.4 mostram o número de infectados em instantes do tempo após a identificação dos *focus* de infecção para o três números de fazenda e  $\theta$  variando.

**Tabela 6.2** Probabilidade Média de uma Fazenda ser Infectada em um Dado Dia Para  $\theta=2$  e os Três Números de Fazendas na Área, Considerando as Redes Regular e Aleatória

Número de Fazendas	Rede Regular $\bar{P}_i$	Rede Aleatória $\bar{P}_i$
1225	0,12	0,12
2500	0,08	0,16
5625	0,11	0,12

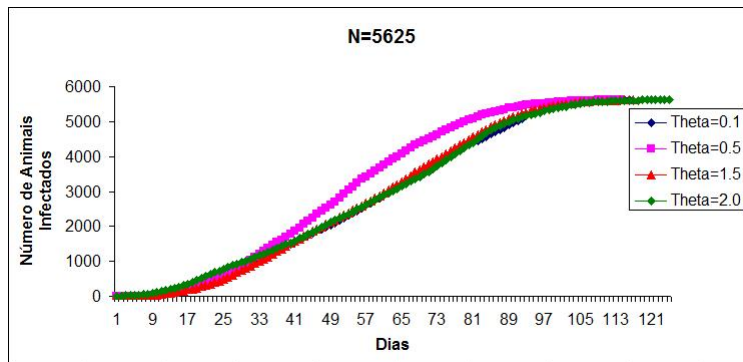


**Figura 6.2** Curva Epidêmica da Infecção pelo Vírus da Febre Aftosa para  $N = 1225$  e  $\theta$  Variando.



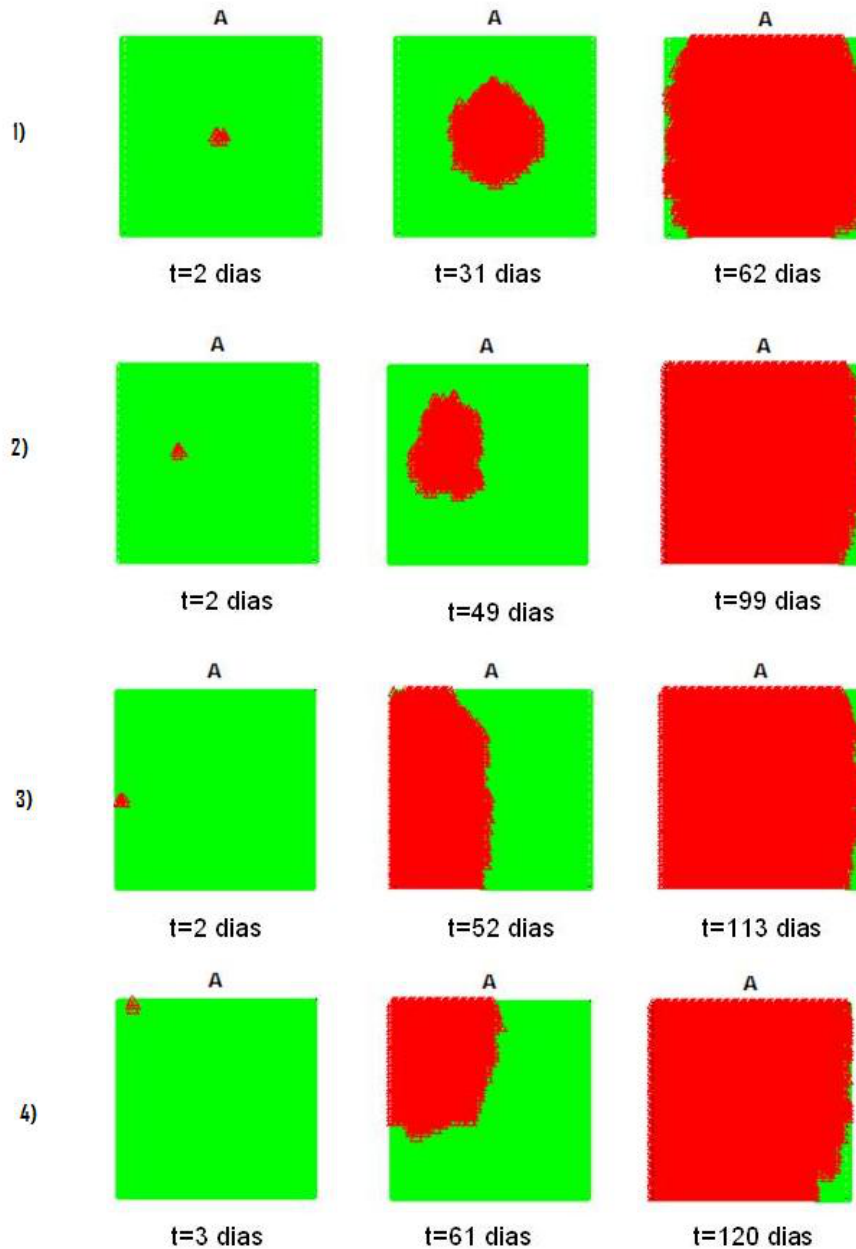
**Figura 6.3** Curva Epidêmica da Infecção pelo Vírus da Febre Aftosa para  $N = 2500$  e  $\theta$  Variando.

A Figura 6.5 mostra estágios da propagação para as posições iniciais dos *focus*. Observe



**Figura 6.4** Curva Epidêmica da Infecção pelo Vírus da Febre Aftosa para  $N = 5625$  e  $\theta$  Variando.

que os pontos verdes são as fazendas suscetíveis e os vermelhos os *focus* de infecção, durante a propagação os pontos vermelhos vão aumentando até a total infecção do conjunto de fazendas. Quando os *focus* iniciais estão distribuídos no centro da rede a configuração da vizinhança é maior proporcionando uma maior velocidade da propagação e quando são nas bordas e vértices a propagação se comporta de forma mais lenta.



**Figura 6.5** Evolução da Propagação da Infecção Pelo Vírus da Febre Aftosa. 1) Propagação com *Focus* Iniciais no centro. 2) Propagação com *Focus* Iniciais de Forma Aleatória. 3) Propagação com *Focus* Iniciais na Borda. 4) Propagação com *Focus* Iniciais no vértice.

No próximo capítulo serão apresentadas as conclusões sobre a modelagem apresentada nesta dissertação.

# Capítulo 7

## Conclusão

Na apresentação do modelo deste trabalho, foi mostrado a sua divisão em dois níveis. O primeiro apresenta um dos algoritmos do modelo que é baseado na metodologia dos processos pontuais, cujo objetivo é identificar os *focus* de infecção pelo VFA. Após esta identificação, foi apresentado o segundo nível que utiliza os conceitos de percolação em um segundo algoritmo para caracterizar a dinâmica da infecção pelo vírus no tempo de forma estocástica. Esse algoritmo mostra a junção dos níveis com a quebra da estabilidade do conjunto de fazendas pela infecção e o tempo de espalhamento da infecção pelo VFA em uma rede de fazendas. No capítulo anterior, foram apresentados os resultados inerentes a essa modelagem, recriando o cenário da epidemia da infecção pelo VFA no estado de Santa Catarina em 1990. Neste capítulo o objetivo é apresentar as principais contribuições deste trabalho e também mostrar questões futuras que não foram investigadas.

### 7.1 PRINCIPAIS CONTRIBUIÇÕES

Uma das principais contribuições desta metodologia baseada em rede, densidade, no número de animais e na distância, foi o cálculo do risco de uma fazenda  $i$  ser infectada em um dado dia, que depende principalmente do número de vizinhos ao seu redor dado



pela seguinte função:

$$R_i = P_i \times C_i, \quad (7.1)$$

em que  $P_i = \max_{k \in \Gamma_i} (1 - (1 - P'_{i,k})^{S(F'_k, t_j)})$ ,  $P'_{i,k}$  a probabilidade da fazenda  $i$  ser infectada pelo vizinho  $k$  e  $C_i$  é o custo associado a infecção em uma fazenda  $i$  para a prevenção, ele é considerado mínimo quando comparado aos custos dos gastos com a infecção em uma fazenda e por isso é assumido constante e igual a 1. Com isso a função de risco será:

$$R_i = P_i. \quad (7.2)$$

A probabilidade  $P'_{i,k}$  é proporção dos fatores de risco de todos os vizinhos da fazenda  $i$  e baseada na definição de probabilidade clássica que tem a seguinte função:

$$\frac{n_k}{n}, \quad (7.3)$$

em que  $n_k$  é o número de casos favoráveis, ou seja, os fatores de cada vizinho  $k$  que levam a infectar a fazenda  $i$ , e  $n$  o número de casos possíveis, ou seja, a soma dos fatores que levam a infecção por todos os vizinhos da fazenda  $i$ . Logo  $P'_{i,k}$  é construída da seguinte forma:

$$P'_{i,k} = \frac{\text{Fatores de contaminação de } i \text{ por } k + \epsilon_i}{\text{Fatores de contaminação de } i \text{ por todos os seus vizinhos} + \epsilon_i}$$

em que  $\epsilon_i$  são os fatores intra-fazendas que a tornam suscetíveis a contaminação. Com isso a função de probabilidade será:

$$P'_{i,j} = \begin{cases} \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i} \times \alpha_{i,j}, & \text{se } j \in \tilde{\Gamma}_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ \frac{\exp(-\frac{d_{i,j}}{\tau}) \times N_i \times N_j^\theta}{\sum_{k \in \Gamma_i} \exp(-\frac{d_{i,k}}{\tau}) \times N_i \times N_k^\theta + \sum_{\ell \in \tilde{\Gamma}_i} \exp(-\frac{d_{i,\ell}}{\tau}) \times N_i} \times \alpha_{i,j}, & \text{se } j \in \tilde{\Gamma}_i \text{ e } d_{i,j} \leq \tau \\ 0, & \text{se } d_{i,j} > \tau, \end{cases} \quad (7.4)$$

em que  $\alpha_{i,j}$  são fatores que levam a contaminação da fazenda  $i$  pelos seus vizinhos  $j$ , fazendas ou *focus*, que não foram utilizados porém podem ser adicionados em outros trabalhos.

Além dessa contribuição, o trabalho mostrou que quando  $\theta = 2$  e a densidade de animais na área é grande o modelo consegue recriar um cenário realístico da propagação da infecção do VFA.

## 7.2 ESTUDO FUTURO

Durante o trabalho, uma possibilidade de investigação foi levantada sobre o estudo aprofundado do nível de infecção pelo VFA,  $Y_{\mathbf{x},t}$ , ou seja, a quantificação da infecção pelo VFA, porém não foi investigada.

A quantificação da infecção pelo VFA, chamada de nível de infecção pelo VFA e denominada de  $Y_{\mathbf{x},t}$ , pode ser mais aprofundada em trabalhos futuros. Foi considerado que ele é um processo estocástico porém pode também ser um modelo estatístico,  $Y_{\mathbf{x}_i,t_j} = (\xi_{1,t_j}, \dots, \xi_{n,t_j})$  em que  $\xi_i$  são os fatores que levam a infecção medidos em cada instante de tempo  $t_j$ . Usando o modelo de regressão os elementos desse vetor seriam covariáveis independentes que representam diversos fatores que podem elevar  $Y_{\mathbf{x}_i,t_j}$ , por ele ser afetado por essas covariáveis é considerado identicamente distribuído tendo a seguinte equação:

$$Y_{\mathbf{x}_i,t_j} = \beta_0 + \beta_1\xi_{1,t_j} + \beta_2\xi_{2,t_j} + \dots + \beta_n\xi_{n,t_j} + \epsilon_{t_j} \quad (7.5)$$

A teoria da regressão irá permitir que se estabeleçam relações entre esses fatores ou variáveis que se interrelacionam cujas informações estão disponíveis em cada ponto  $\mathbf{x}_i$ , relações essas que se associam aos modelos de regressão. Considerando que o modelo irá descrever as mudanças assumidas por estas variáveis através do tempo e após essa descrição a estimativa do nível de infecção, que é um processo estocástico, será usada para qualificar um ponto como infectado ou suscetível a infecção.

# Apêndice **A**

## Anexo

### A.1 PROGRAMA 1- SORTEIO DOS FOCUS PARA UMA REDE REGULAR

```
#include <stdio.h>

#include <stdlib.h>

#include <math.h>

#include <time.h>

#define MAX_DATA 100

#define RMAX 4294967295UL // 2^32-1

#define s1new (s1=(18000*(s1&65535)+(s1>>16)))

#define s2new (s2=(30903*(s2&65535)+(s2>>16)))

#define UNI ((s1new<<16)+(s2new&0xffff))

#define lin 50//75//35/////10 //5//50 //número de linhas

#define col 50//75//35/////2//10 //número de colunas
```

```

#define nfaz 2500//5625//1225//

#define n 10000 //sorteando pontos para localizar os focus

#define dim 6000 // número de fazendas

#define dimmax 6000 // tamanho máximo de fazendas e focus

#define L 80 // limiar de infecção

#define tau 0.04//0.0289 //0.06//distancia entre fazendas

#define pi 3.142 //valor de pi

#define passos 1//25//50// //tempo de simulação

#define k 1//1//aglomerado

#define es 1 //

#define theta 2

unsigned long s1=1, s2=2;

//Declaração das Variáveis que precisam de muita memória

double Et[dimmax][dimmax],p1[nfaz][dimmax]={0},p[nfaz][dimmax]={0},
p2[nfaz]={0},pI[nfaz]={0},pinf[nfaz][dimmax]={0}, N[dimmax]={0},
R[k][16],dist[dimmax][dimmax],w[dimmax][5],m_coord[dimmax][2],
G[dimmax][5],EX[nfaz+n],lambda[(nfaz+n)],pe[n+nfaz],
E[dimmax],x1[n],x2[n],pinfec;

int m_inc[dimmax][dimmax],y[nfaz+n],nvi[dimmax],nv[dimmax],
Nboi[nfaz],sim[dimmax][2];

void main()

{

```

```
//Delcarando arquivos onde serão armazenados os resultados

FILE *HR;

FILE *HF;

FILE *HFF;

FILE *tt;

FILE *t2;

FILE *pr;

FILE *graf1;

FILE *graf2;

FILE *prop;

//Declarando variáveis que precisam de pouca memória

int pas,m,nfocus,z,ndist,temp,r,mes,j=nfaz,l=0,c=0,nf=0,nfn,b=0,
nFI=0,nFS=0,nrede=0,nG=0,t=0;

double infec,maior,u1,plim,ind,d_l;

//Abrindo arquivos para gravação

prop=fopen("teste.xls","w+");//

pr=fopen("prob.xls","w+");

t2=fopen("tempo.xls","w+");

graf2=fopen("infeccao.txt","w+");

pas=0;//iniciando o tempo da simulação do programa

while(pas<passos)//for(pas=0;pas<passos;pas++)

{
```

```
t=0;

time(&s1);//p/ não sortear sempre os mesmos números

time(&s2);//p/ não sortear sempre o mesmo número

s2=s2+1;

HF=fopen("bovino_2500.txt","r");//animais de cada fazenda

for(l=0;l<nfaz;l++)

{

    fscanf(HF,"%i",&Nboi[l]);

    //printf("%i\n",Nboi[l]);

}

fclose(HF); //fechando o arquivo

HR=fopen("regioes_unica.txt","r"); //informações das subáreas

for(r=0;r<k;r++)

{

    fscanf(HR,"%lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf

%lf %lf %lf %lf %lf %lf",&R[r][0],&R[r][1],&R[r][2],

&R[r][3],&R[r][4],&R[r][5],&R[r][6],&R[r][7],&R[r][8],

&R[r][9],&R[r][10],&R[r][11],&R[r][12],&R[r][13],

&R[r][14],&R[r][15]);

    //printf("%3.2lf\t%3.2lf\t%3.2lf\t%3.2lf\t%lf\t%lf\t

%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\n",

R[r][0],R[r][1],R[r][2],R[r][3],R[r][4],R[r][5],
```

```
R[r][6],R[r][7],R[r][8],R[r][9],R[r][10],R[r][11],
R[r][12],R[r][13],R[r][14],R[r][15]);
}

fclose(HR); //fechando o arquivo

////////selecionando focus/////

////definindo as coordenadas de cada fazenda

r=0;//iniciando o número de fazendas

for(l=0;l<lin;l++)
{
    for(c=0;c<col;c++)
    {
        m_coord[r][0]=l*(double)es/lin;
        m_coord[r][1]=c*(double)es/col;
        r++;
    }
}

temp=0;//iniciando o tempo de contagem do aparecimento do primeiro focus

mes=1;//mês em que será verificado a existência dos focus

ndist=0;//contagem dos pontos com distância para ocorrência da infecção

m=0;//número de focus+número de fazendas

nf=0; //número de focus

nFS=0; //número de fazendas suscetíveis
```

```
nFI=0;      //número de fazendas infectadas

nrede=0;    //contagem do número de fazendas + número de focus

while(nf+nFI==0)

{

    nf=0; //declarando o número de focus em cada tempo

    nFS=0; //declarando o número de fazendas suscetiveis

    nFI=0;  //declarando o número de fazendas infectadas

    nrede=nfaz; //iniciando o número de fazendas +focus

    for(l=0;l<n;l++)

        { //sorteando n pontos e gravando na matriz de informação das fazendas

x1[l]=UNI/(double)RMAX;

        x2[l]=UNI/(double)RMAX;

        for(c=0;c<nfaz;c++) //verificando em qual região o ponto pertence

            {

                if((x1[l]==m_coord[c][0]) && (x2[l]==m_coord[c][1]))

                    {

                        x1[l]=9;

                        x2[l]=9;

                    }

            }

        }

    }

    m=nfaz;
```



```
for(l=0;l<n;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas
{
if((x1[l]<1) && (x2[l]<1))
{
    m_coord[m][0]=x1[l];
    m_coord[m][1]=x2[l];
    m++;
}
}
if(mes>12) //quando o mês for superior a 12, retorna pr 1
{
    mes=1;
}
for(l=0;l<m;l++)
{
//lambda[l]=0;
    y[l]=0;
    pe[l]=1;
for(r=0;r<k;r++)//verificando em qual região o ponto pertence
{
    if(((m_coord[l][0] >= es*R[r][0]) && (m_coord[l][0] <= es*R[r][2]))
        && ((m_coord[l][1] >= es*R[r][1]) && (m_coord[l][1] <= es*R[r][3])))
```

```
{
    lambda[l]=R[r][(3+mes)]; //lambda da região em cada mês
}
}

EX[l]=exp(-lambda[l]);
while(pe[l] > EX[l])
{
    u1=UNI/(double)RMAX;
    pe[l]=pe[l]*u1;
    y[l]=y[l]+1;
}
if(l<nfaz)//se l for uma fazenda
{
    if(y[l]>=L)
    {
        G[l][0]=m_coord[l][0]; //x1
        G[l][1]=m_coord[l][1]; //x2
        G[l][2]=Nboi[l]; //número de animais
        G[l][3]=1; //estado da fazenda
        G[l][4]=y[l]-1; //estado da fazenda
        nFI++; //número de fazendas infectadas
    }
}
```

```
    else if(y[l]<L)
    {
        G[l][0]=m_coord[l][0]; //x1
        G[l][1]=m_coord[l][1]; //x2
        G[l][2]=Nboi[l]; //número de animais
        G[l][3]=0; //estado da fazenda
        G[l][4]=y[l]-1; //estado da fazenda
        nFS++; //número de fazendas suscetiveis
    }
}

else if(l>=nfaz) // se for um focus
{
    if(y[l]>=L)
    {
        G[nrede][0]=m_coord[l][0]; //x1
        G[nrede][1]=m_coord[l][1]; //x2
        G[nrede][2]=0; //os focus não tem animais
        G[nrede][3]=1; //o estado dos focus
        G[nrede][4]=y[l]-1; //estado da fazenda
        nrede++;
        nf++;
    }
}
```

```
    }  
  
  }  
  
  if(nf>0)  
  {  
  
    for(l=nfaz;l<nrede;l++)  
  
    {  
  
      for(c=0;c<nfaz;c++)  
  
      {  
  
        dist[l][c]=sqrt(pow(G[l][0]-G[c][0],2)+pow(G[l][1]-G[c][1],2));  
  
        if(dist[l][c]==es*0.48 || dist[l][c]==es*0.50 ||  
  
        dist[l][c]==es*0.54 || dist[l][c]==es*0.56 || dist[l][c]==es*0.58)  
  
        {  
  
          ndist++; //verificando a distância para ocorrer a infecção  
  
        }  
  
        //fprintf(HFF,"%9.7lf\t",dist[l][c]);  
  
      }  
  
      //fprintf(HFF,"\n");  
  
    }  
  
    if(ndist==0)  
  
    {  
  
      nf=0;  
  
    }  
  
  }  
  
}
```

```
    }

    mes++; //atualizando o mês

    temp++;

}

printf("%i\t%i\t%i\n", nrede, nFI, nf);

/////guardando informação dos focus iniciais e das fazendas

HFF=fopen("saida.txt", "w");

graf1=fopen("grafico.txt", "w+");

for(l=0; l<nrede; l++)

{

    fprintf(graf1, "%9.7lf\t%9.7lf\t%1lf\n", G[l][0], G[l][1], G[l][3]);

    fprintf(HFF, "%9.7lf\t%9.7lf\t%1.0lf\n", G[l][0], G[l][1], G[l][4]);

}

if(nf==0)

{

    nG=nrede;

    //printf("%i\t%i\t%i\n", nrede, temp-1, nFI);

}

else if(nf>0)

{

    //printf("%i\t%i\t%i\t%i\n", temp-1, nrede, nf, nFI);

    nfn=0;

}
```

```
d_l=0.02;

for(l=nfaz;l<nrede;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas
{
    for(c=0;c<nfaz;c++) //indo em cada coluna da matriz das coordenadas
    {
        if(l==c)
        {
            dist[l][c]=0;
        }
        if(l!=c)
        {
            dist[l][c]=sqrt(pow(G[l][0]-G[c][0],2)+pow(G[l][1]-G[c][1],2));
            if(dist[l][c]<=es*d_l && (l>=nfaz && c<nfaz))
            {
                if(G[c][3]==0)//se a fazenda for suscetivel, torna-se infectada
                {
                    G[c][3]=1; //a fazenda c será infectada
                    G[l][3]=9; //identificação do focus q será retirado
                }
                else if(G[c][3]==1)//se a fazenda for um focus
                {
                    G[c][3]=G[c][3]; //ela continuará infectada
```

```
        G[1][3]=9;//identificação do focus que será retirado
    }
}
}
    }
}
b=0;
for(l=0;l<nrede;l++)
{
    if(G[1][3]<=1)//se for uma fazenda todas as informações serão consideradas
    {
        w[b][0]=G[1][0];
        w[b][1]=G[1][1];
        w[b][2]=G[1][2];
        w[b][3]=G[1][3];
        w[b][4]=G[1][4];
        b++;
    }
}
}
nG=b;
c=0;
for(l=nrede;l<(nrede+nG);l++)
```

```
{  
  
    G[1][0]=w[c][0];  
  
    G[1][1]=w[c][1];  
  
    G[1][2]=w[c][2];  
  
    G[1][3]=w[c][3];  
  
    G[1][4]=w[c][4];  
  
    c++;  
  
}  
  
for(l=nrede;l<(nrede+nG);l++)//gravando no arquivo  
  
{  
  
    fprintf(graf1,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1f\n",G[1][0],G[1][1],G[1][3]);  
  
    fprintf(HFF,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1.0lf\n",G[1][0],G[1][1],G[1][4]);  
  
}  
  
fclose(graf1);  
  
fclose(HFF);  
  
}
```



**A.2 PROGRAMA 2- SORTEIO DOS FOCUS PARA UMA REDE ALEATÓRIA**

```
#include <stdio.h>

#include <stdlib.h>

#include <math.h>

#include <time.h>

#define MAX_DATA 100

#define RMAX 4294967295UL // 232-1

#define s1new (s1=(18000*(s1&65535)+(s1>>16)))

#define s2new (s2=(30903*(s2&65535)+(s2>>16)))

#define UNI ((s1new<<16)+(s2new&0xffff))

#define nfaz 5000 // 30 // número de fazendas

#define k 1 // número de regiões em que a área está dividida

#define nfro 3 // número de fronteiras

#define n 10000 // número de pontos sorteados

#define dim 6000 // número de fazendas

#define dimmax 6000 // tamanho máximo de fazendas e focus

#define L 80 // limiar de infecção

#define tau 0.03

#define pi 3.142 //valor de pi

#define passos 1 //tempo de simulação

#define theta 2.0
```

```
unsigned long s1=1, s2=2;

double p[nfaz][dimmax],p1[nfaz][dimmax],p2[nfaz],pI[nfaz]={0},
pinf[nfaz][dimmax]={0},kdist[nfaz][dimmax], distT[dimmax]={0},
N[dimmax]={0},dist[dimmax][dimmax],R[k][16],w[dimmax][5],
m_coord[dimmax][5],G[dimmax][5], EX[nfaz+n],lambda[(nfaz+n)],
pe[n+nfaz],E[dimmax]={0},x1[n],x2[n],pinfec;

int sim[dimmax][3],m_inc[dimmax][dimmax]={0},y[nfaz+n],
nvi[dimmax]={0},nv[dimmax]={0};

void main()
{
//abrindo arquivos para salvar resultados

FILE *HR;

FILE *HF;

FILE *HFF;

FILE *prop;

FILE *tt;

FILE *t2;

FILE *pr;

FILE *graf1;

FILE *graf2;

//declarando variáveis

int pas,m,nfocus=0,z,ndist=0,temp=0,r=0,mes=1,
```

```
j=nfaz,l=0,c=0,nf=0,nfn,b=0,nFI=0,nFS=0,nrede,nG,t;

double infec,maior,u1,plim,d_l,ind;

prop=fopen("teste.xls","w+"); //declarando arquivos

pas=0;

while(pas<passos)//rodando o programa em pas passos

{

time(&s1);//para não sortear sempre os mesmos números

time(&s2);//para não sortear sempre os mesmos números

s2=s2+1;

HR=fopen("regioes_unica.txt","r");

for(r=0;r<k;r++)

{

fscanf(HR,"%lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf %lf

%lf %lf %lf %lf",&R[r][0],&R[r][1],&R[r][2],&R[r][3],&R[r][4],

&R[r][5], &R[r][6],&R[r][7],&R[r][8],&R[r][9],&R[r][10],

&R[r][11],&R[r][12],&R[r][13],&R[r][14],&R[r][15]);

//printf("%3.2lf\t%3.2lf\t%3.2lf\t%3.2lf\t%lf\t%lf\t

%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\t%lf\n",

R[r][0],R[r][1],R[r][2],R[r][3],R[r][4],R[r][5],R[r][6],

R[r][7],R[r][8],R[r][9],R[r][10],R[r][11],R[r][12],R[r][13],

R[r][14],R[r][15]);

}

}
```

```
fclose(HR); //fechando o arquivo

HF=fopen("fazendas_5000.txt","r");

for(r=0;r<nfaz;r++)

{

    fscanf(HF,"%lf %lf %lf %lf %lf",&m_coord[r][0],&m_coord[r][1],

    &m_coord[r][2],&m_coord[r][3],&m_coord[r][4]);

    //printf("%9.7lf\t%9.7lf\t%1.0lf\t%1.0lf\t%1.0lf\n",m_coord[r][0],

    m_coord[r][1],m_coord[r][2],m_coord[r][3],m_coord[r][4]);

}

fclose(HF);//fechando o arquivo

////////////////////////////////////////selecionando focus//

//tt=fopen("teste.txt","w+");

temp=0;

mes=1;

u1=0;

nf=0;

m=0;

nrede=nfaz;

t=1;

ndist=0;

nFI=0;

m=0;
```

```
nFS=0;

while(nf+nFI==0)

{

    m=nfaz;

    for(l=0;l<n;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas

    {

        x1[l]=UNI/(double)RMAX;

        x2[l]=UNI/(double)RMAX;

        for(c=0;c<nfaz;c++)

        {

            if((x1[l]==m_coord[c][0]) && (x2[l]==m_coord[c][1]))

            {

                x1[l]=9;

                x2[l]=9;

            }

        }

    }

    for(l=0;l<n;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas

    {

        if((x1[l]<1) && (x2[l]<1))

        {

            m_coord[m][0]=x1[l];
```

```
m_coord[m][1]=x2[1];

m_coord[m][2]=0;

m_coord[m][3]=0;

m_coord[m][4]=0;

m++;

}

}

if(mes>12)

{

    mes=1;

}

nf=0;        //número de focus

nFS=0;       //número de fazendas suscetiveis

nFI=0;       //número de focus

nrede=nfaz;  //número de fazendas +focus

for(l=0;l<m;l++)

{

    y[l]=0;

    pe[l]=1;

    for(r=0; r<k; r++)

    {

        if(((m_coord[l][0] >= R[r][0]) && (m_coord[l][0]
```

```
<= R[r][2])) && ((m_coord[l][1] >= R[r][1]) && (m_coord[l][1] <= R[r][3]))))

    {

        lambda[l]=R[r][(3+mes)];

    }

}

EX[l]=exp(-(lambda[l]));

while(pe[l]>EX[l])

    {

        u1=UNI/(double)RMAX;

        pe[l]=pe[l]*u1;

    y[l]=y[l]+1;

    }

if(l<nfaz)//se l for uma fazenda

    {

        if((y[l]-1)>=L)

            {

                G[l][0]=m_coord[l][0];//x1

                G[l][1]=m_coord[l][1];//x2

                G[l][2]=m_coord[l][2];//número de animais

            }

        G[l][3]=1;//estado da fazenda

        G[l][4]=y[l];//estado da fazenda

        nFI++;//número de fazendas infectadas
```

```
    }

    else if(y[l]-1<L)

    {

        G[l][0]=m_coord[l][0]; //x1

        G[l][1]=m_coord[l][1]; //x2

        G[l][2]=m_coord[l][2]; //número de animais

        G[l][3]=0; //estado da fazenda

        G[l][4]=y[l]; //estado da fazenda

        nFS++; //número de fazendas suscetiveis

    }

}

else if(l>=nfaz)

{

    if(y[l]-1>=L)

{

        G[nrede][0]=m_coord[l][0]; //x1

        G[nrede][1]=m_coord[l][1]; //x2

        G[nrede][2]=0; //os focus não tem animais

        G[nrede][3]=1; //o estado dos focus

        G[nrede][4]=y[l]; //estado da fazenda

        nrede++;

        nf++;

    }

}
```



```
    }
  }
}
if(nf>0)
{
  ndist=0;
  for(l=nfaz;l<nrede;l++)
  {
    for(c=0;c<nfaz;c++)
    {
      dist[l][c]=sqrt(pow(G[l][0]-G[c][0],2)+
        pow(G[l][1]-G[c][1],2));
      if(dist[l][c]<=(tau/2))
    {
      ndist++; //menorfoc=dist[l][c];
    }
    //fprintf(HFF,"%9.7lf\t",dist[l][c]);
  }
  //fprintf(HFF,"\n");
}
if(ndist==0)
{
```

```
        nf=0;

    }

}

mes++;

temp++;

}

HFF=fopen("saida.txt","w");

graf1=fopen("grafico.txt","w+");

for(l=0;l<nrede;l++)

{

    fprintf(graf1,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1lf\n",G[l][0],G[l][1],G[l][3]);

    fprintf(HFF,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1.0lf\n",G[l][0],G[l][1],G[l][4]);

}

if(nf==0)

{

    printf("%i\t%i\n",temp,nFI);

    nG=nrede;

}

else if(nf>0)

{

    printf("%i\t%i\t%i\t%i\n",temp-1,nrede,nf,nFI);//

    nfn=0;
```

```
d_l=0.02;

for(l=nfaz;l<nrede;l++)

{

    for(c=0;c<nfaz;c++)

{

    if(l==c)

{

        dist[l][c]=0;

    }

    if(l!=c)

{

        dist[l][c]=sqrt(pow(G[l][0]-G[c][0],2)+pow(G[l][1]-G[c][1],2));

    }

    if(G[c][3]==0)

{

        G[c][3]=1; //a fazenda c será infectada

        G[l][3]=9; //identificação do focus q será retirado

    }

    else if(G[c][3]==1)//se a fazenda for um focus

{

        G[c][3]=G[c][3];//ela continuará infectada

        G[l][3]=9;//identificação do focus que será retirado

    }

}

}
```

```
}  
}  
}  
}  
}  
b=0;  
for(l=0;l<nrede;l++)  
{  
    if(G[l][3]<=1)  
{  
        w[b][0]=G[l][0];  
        w[b][1]=G[l][1];  
        w[b][2]=G[l][2];  
        w[b][3]=G[l][3];  
        w[b][4]=G[l][4];  
        b++;  
}  
}  
nG=b;  
c=0;  
for(l=nrede;l<(nrede+nG);l++)  
{
```

```

    G[l][0]=w[c][0];

    G[l][1]=w[c][1];

    G[l][2]=w[c][2];

    G[l][3]=w[c][3];

    G[l][4]=w[c][4];

    c++;

}

for(l=nrede;l<(nrede+nG);l++)//gravando no arquivo

{

    fprintf(graf1,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1lf\n",G[l][0],G[l][1],G[l][3]);

    fprintf(HFF,"%9.7lf\t%9.7lf\t%1.0lf\n",G[l][0],G[l][1],G[l][4]);

}

fclose(graf1);

fclose(HFF);

}

```

### A.3 PROGRAMA 3- SEGUNDO NÍVEL PARA AS DUAS REDES

```

for(l=0;l<nfaz;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas

{for(c=0;c<nG;c++) //indo em cada coluna da matriz das coordenadas

{dist[l][c]=0; //distancia euclidiana

```

```

    p1[l][c]=0;

    p[l][c]=0;

    pinf[l][c]=0;

    m_inc[l][c]=0;

    nv[l]=0;

    pI[l]=0;

    p2[l]=0;

    E[l]=0;}}

//////////Matriz Distancia da Nova rede//////////

for(l=0;l<nfaz;l++) //indo em cada linha da matriz das coordenadas
    {for(c=0;c<nG;c++) //indo em cada coluna da matriz das coordenadas
        {//distancia euclidiana

            dist[l][c]=sqrt(pow(G[l][0]-G[c][0],2)+pow(G[l][1]-G[c][1],2));}}

for(l=0;l<nfaz;l++) //#indo em cada linha da matriz das coordenadas
    {for(c=0;c<nG;c++) //#indo em cada coluna da matriz das coordenadas
        {if(dist[l][c]>=es*0.01 && dist[l][c]<=es*0.02236068){

            m_inc[l][c]=1;

            nv[l]=nv[l]+1;//m_inc[l][c];}

        else if(dist[l][c]>=es*0.04 && ((G[c][0]==G[l][0] &&
            G[c][1]==(G[l][1]-es*0.04)) || (G[c][0]==G[l][0] &&
            G[c][1]==(G[l][1]+es*0.04))))){

            m_inc[l][c]=1;

```

```

        nv[l]=nv[l]+1;}

    else{m_inc[l][c]=0;}//}

////////////////////////////////////Construindo as Probabilidades////////////////////////////////////

for(l=0;l<nfaz;l++){

    p2[l]=0;

    for(c=0;c<nG;c++){

        if(m_inc[l][c]==0)//não existe ligação{

            p1[l][c]=0;}

        else if(m_inc[l][c]==1)//se existe ligação

            {if(c<nfaz){

                p1[l][c]=exp(-(dist[l][c]/tau*es))*G[l][2]*pow(G[c][2],2);}

            else if(c>=nfaz){

                p1[l][c]=exp(-(dist[l][c]/tau*es))*G[l][2];}}

            p2[l]=p2[l]+p1[l][c];});}

////////////////////////////////////Dinâmica////////////////////////////////////

t=1;

//tempo em que os focus já foram identificados e

//inicia a propagação da infecção na rede

z=1;

ind=0;

infec=0;

nfocus=0;

```

```

for(l=0;l<nG;l++){ //contando o números de infectados na rede

//se o estado da fazenda for infectado ou se for um focus

//soma um ao número de infectados na rede

if(G[l][3]==1){

    nfocus++;

    infec=infec+G[l][3];}

for(c=0;c<nG;c++) { //vetor de estado da rede

    E[c]=G[c][3];}

/////////////////////////////////Propagação/////////////////////////////////

//rodar o programa enquanto o número de infectados não for igual ao tamanho da rede

while(infec < nG){

    ///Atualizando as Probabilidades

    for(l=0;l<nfaz;l++){

        for(c=0;c<nG;c++){

            if(l==c && m_inc[l][c]==0){//não existe ligação

                p[l][c]=pI[l];

                pinf[l][c]=0;}

            else if(l!=c && m_inc[l][c]==0){//não existe ligação

                p[l][c]=0;

                pinf[l][c]=0;}

            else if(l!=c && m_inc[l][c]==1){

                p[l][c]=p1[l][c]/p2[l];//probabilidade da faz i ser infectado pela faz j

```



```

    pinf[l][c]=1-pow(1-p[l][c],G[c][3]);}}
for(l=0;l<nfaz;l++){
    for(c=0;c<nG;c++){
        if(c==0){
            maior=pinf[l][c];}
        else if(c!=0){
            if(pinf[l][c]>maior){
                maior=pinf[l][c];}}
            pI[l]=maior;}
//////////Transição de Fases
for(l=0;l<nfaz;l++){
    for(c=0;c<nG;c++){
        if(m_inc[l][c]==1){ //existe ligação entre l e c
            if(c<nfaz){
                plim=0;
//se o vértice l estiver infectado e o c não estiver, c passará a ficar
                if(G[l][3]==0 && G[c][3]==1){
                    plim=UNI/(double)RMAX;//rand()%2;//
                    if(plim<=pI[l]){
                        E[l]=1;} // a fazenda tornou-se infectada
                    else if(plim>pI[l]){
                        E[l]=E[l];}} // o estado da fazenda não altera

```

```

else if((G[l][3]==0 && G[c][3]==0) || (G[l][3]==1 && G[c][3]==1) ||
(G[l][3]==1 && G[c][3]==0)){
    E[l]=E[l]; } } // o estado da fazenda não altera
else if(c>=nfaz){
    plim=0;
    //se o vértice l estiver infectado e o c não estiver, c passará a ficar
    if(G[l][3]==0 && G[c][3]==1){
        plim=UNI/(double)RMAX;
        //se o vértice l estiver infectado e o c não estiver, c passará a ficar
        if(plim<=pI[l])//(plim==1){
            E[l]=1;} // a fazenda tornou-se infectada
        else if(plim>pI[l]){
            E[l]=E[l];} } // o estado da fazenda não altera
        //se o vértice l estiver infectado e o c não estiver, c passará a ficar
    else if(G[l][3]==1 && G[c][3]==1){
        E[l]=E[l];}}}} // o estado da fazenda não altera
//////////atualizando as informações do estado das fazendas//////////
for(l=0;l<nG;l++){//atualizando as informações do estado das fazendas
    for(c=t-1;c<t;c++) {//atualizando as informações do estado das fazendas
        Et[l][t]=pI[l];
        if((E[l]==0 && G[l][3]==0) || (E[l]==1 && G[l][3]==0)){
            fprintf(pr, "\t%lf\n", Et[l][t]);}}

```



```
fclose(prop);  
fclose(pr);  
fclose(t2);  
fclose(graf2);  
system("pause");}
```

## A.4 OUTPUT DOS RESULTADOS DO SPSS

### A.4.1 Teste de Normalidade Kolmogorov-Smirnov

#### NPar Tests

**One-Sample Kolmogorov-Smirnov Test**

		n1_R	n2_R	n3_R	n1_A	n2_A	n3_A
N		120	120	120	120	120	120
Normal Parameters <sup>a,b</sup>	Mean	68,34	87,92	107,68	92,96	107,92	125,26
	Std. Deviation	11,072	15,292	19,365	23,891	36,110	26,724
Most Extreme Differences	Absolute	,069	,059	,071	,062	,077	,141
	Positive	,069	,059	,071	,042	,077	,141
	Negative	-,038	-,044	-,037	-,062	-,055	-,074
Kolmogorov-Smirnov Z		,758	,650	,777	,681	,838	1,545
Asymp. Sig. (2-tailed)		,614	,792	,583	,742	,483	,017

a. Test distribution is Normal.

b. Calculated from data.

### A.4.2 Análise Descritiva dos dados

**Descriptives**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error	95% Confidence Interval for Mean		Minimum	Maximum	
					Lower Bound	Upper Bound			
n1_R	Theta=0.1	30	66,00	11,724	2,140	61,62	70,38	44	91
	Theta=0.5	30	65,53	8,928	1,630	62,20	68,87	47	81
	Theta=1.5	30	70,67	12,469	2,276	66,01	75,32	48	93
	Theta=2.0	30	71,17	10,134	1,850	67,38	74,95	53	91
	Total	120	68,34	11,072	1,011	66,34	70,34	44	93
n2_R	Theta=0.1	30	81,67	16,348	2,985	75,56	87,77	57	120
	Theta=0.5	30	86,43	17,869	3,262	79,76	93,11	59	126
	Theta=1.5	30	92,40	12,912	2,357	87,58	97,22	67	116
	Theta=2.0	30	91,17	11,486	2,097	86,88	95,46	70	118
	Total	120	87,92	15,292	1,396	85,15	90,68	57	126
n3_R	Theta=0.1	30	103,60	19,551	3,570	96,30	110,90	76	144
	Theta=0.5	30	100,17	20,074	3,665	92,67	107,66	72	156
	Theta=1.5	30	111,23	17,762	3,243	104,60	117,87	66	139
	Theta=2.0	30	115,73	16,803	3,068	109,46	122,01	86	147
	Total	120	107,68	19,365	1,768	104,18	111,18	66	156
n1_A	Theta=0.1	30	84,30	26,275	4,797	74,49	94,11	38	125
	Theta=0.5	30	87,00	22,172	4,048	78,72	95,28	42	132
	Theta=1.5	30	96,10	24,439	4,462	86,97	105,23	42	132
	Theta=2.0	30	104,43	17,383	3,174	97,94	110,92	76	150
	Total	120	92,96	23,891	2,181	88,64	97,28	38	150
n2_A	Theta=0.1	30	97,70	27,349	4,993	87,49	107,91	47	152
	Theta=0.5	30	106,97	42,647	7,786	91,04	122,89	47	207
	Theta=1.5	30	108,67	34,823	6,358	95,66	121,67	56	175
	Theta=2.0	30	118,33	36,737	6,707	104,62	132,05	67	210
	Total	120	107,92	36,110	3,296	101,39	114,44	47	210
n3_A	Theta=0.1	30	107,63	22,383	4,087	99,28	115,99	22	133
	Theta=0.5	30	119,60	28,718	5,243	108,88	130,32	69	230
	Theta=1.5	30	131,17	18,132	3,310	124,40	137,94	107	191
	Theta=2.0	30	142,63	23,942	4,371	133,69	151,57	114	210
	Total	120	125,26	26,724	2,440	120,43	130,09	22	230

**A.4.3 Teste de Tukey**

Multiple Comparisons

Tukey HSD

Dependent Variable	(I) theta	(J) theta	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
						Lower Bound	Upper Bound
n1_R	Theta=0.1	Theta=0.5	.487	2,815	,998	-8,87	7,80
		Theta=1.5	-4,067	2,815	,351	-12,00	2,67
		Theta=2.0	-5,187	2,815	,282	-12,50	2,17
	Theta=0.5	Theta=0.1	-.487	2,815	,998	-7,80	6,87
		Theta=1.5	-5,133	2,815	,267	-12,47	2,20
		Theta=2.0	-5,833	2,815	,193	-12,97	1,70
	Theta=1.5	Theta=0.1	4,667	2,815	,351	-2,87	12,00
		Theta=0.5	5,133	2,815	,267	-2,20	12,47
		Theta=2.0	-.500	2,815	,998	-7,84	6,84
	Theta=2.0	Theta=0.1	5,167	2,815	,282	-2,17	12,50
		Theta=0.5	5,833	2,815	,193	-1,70	12,97
		Theta=1.5	-.500	2,815	,998	-8,84	7,84
n2_R	Theta=0.1	Theta=0.5	-4,787	3,841	,602	-14,78	5,25
		Theta=1.5	-10,733*	3,841	,031	-20,75	-.72
		Theta=2.0	-9,500	3,841	,070	-19,51	-.51
	Theta=0.5	Theta=0.1	4,787	3,841	,602	-5,25	14,78
		Theta=1.5	-5,987	3,841	,409	-15,98	4,05
		Theta=2.0	-4,733	3,841	,608	-14,75	5,28
	Theta=1.5	Theta=0.1	10,733*	3,841	,031	,72	20,75
		Theta=0.5	5,987	3,841	,409	-4,05	15,98
		Theta=2.0	1,233	3,841	,988	-8,78	11,25
	Theta=2.0	Theta=0.1	9,500	3,841	,070	-.51	19,51
		Theta=0.5	4,733	3,841	,608	-5,28	14,75
		Theta=1.5	-1,233	3,841	,988	-11,25	8,78
n3_R	Theta=0.1	Theta=0.5	3,433	4,801	,891	-9,08	15,95
		Theta=1.5	-7,833	4,801	,388	-20,15	4,88
		Theta=2.0	-12,133	4,801	,081	-24,65	-.38
	Theta=0.5	Theta=0.1	-3,433	4,801	,891	-15,95	9,08
		Theta=1.5	-11,067	4,801	,103	-23,58	1,45
		Theta=2.0	-15,567*	4,801	,008	-28,08	-3,05
	Theta=1.5	Theta=0.1	7,833	4,801	,388	-4,88	20,15
		Theta=0.5	11,067	4,801	,103	-1,45	23,58
		Theta=2.0	-4,500	4,801	,785	-17,01	8,01
	Theta=2.0	Theta=0.1	12,133	4,801	,081	-.38	24,65
		Theta=0.5	15,567*	4,801	,008	3,05	28,08
		Theta=1.5	4,500	4,801	,785	-8,01	17,01
n1_A	Theta=0.1	Theta=0.5	-2,700	5,890	,988	-18,05	12,65
		Theta=1.5	-11,800	5,890	,193	-27,15	3,55
		Theta=2.0	-20,133*	5,890	,005	-35,49	-4,78
	Theta=0.5	Theta=0.1	2,700	5,890	,988	-12,65	18,05
		Theta=1.5	-9,100	5,890	,414	-24,45	6,25
		Theta=2.0	-17,433*	5,890	,019	-32,79	-2,08
	Theta=1.5	Theta=0.1	11,800	5,890	,193	-3,55	27,15
		Theta=0.5	9,100	5,890	,414	-8,25	24,45
		Theta=2.0	-8,333	5,890	,493	-23,69	7,02
	Theta=2.0	Theta=0.1	20,133*	5,890	,005	4,78	35,49
		Theta=0.5	17,433*	5,890	,019	2,08	32,79
		Theta=1.5	8,333	5,890	,493	-7,02	23,69
n2_A	Theta=0.1	Theta=0.5	-9,267	9,248	,748	-33,37	14,83
		Theta=1.5	-10,987	9,248	,637	-35,07	13,13
		Theta=2.0	-20,633	9,248	,121	-44,73	3,47
	Theta=0.5	Theta=0.1	9,267	9,248	,748	-14,83	33,37
		Theta=1.5	-1,700	9,248	,998	-25,80	22,40
		Theta=2.0	-11,387	9,248	,610	-35,47	12,73
	Theta=1.5	Theta=0.1	10,987	9,248	,637	-13,13	35,07
		Theta=0.5	1,700	9,248	,998	-22,40	25,80
		Theta=2.0	-9,667	9,248	,723	-33,77	14,43
	Theta=2.0	Theta=0.1	20,633	9,248	,121	-3,47	44,73
		Theta=0.5	11,387	9,248	,610	-12,73	35,47
		Theta=1.5	9,667	9,248	,723	-14,43	33,77
n3_A	Theta=0.1	Theta=0.5	-11,967	6,093	,208	-27,85	3,92
		Theta=1.5	-23,533*	6,093	,001	-39,42	-7,65
		Theta=2.0	-35,000*	6,093	,000	-50,88	-19,12
	Theta=0.5	Theta=0.1	11,967	6,093	,208	-3,92	27,85
		Theta=1.5	-11,567	6,093	,234	-27,45	4,32
		Theta=2.0	-23,033*	6,093	,001	-38,92	-7,15
	Theta=1.5	Theta=0.1	23,533*	6,093	,001	7,65	39,42
		Theta=0.5	11,567	6,093	,234	-4,32	27,45
		Theta=2.0	-11,487	6,093	,242	-27,35	4,42
	Theta=2.0	Theta=0.1	35,000*	6,093	,000	19,12	50,88
		Theta=0.5	23,033*	6,093	,001	7,15	38,92
		Theta=1.5	11,487	6,093	,242	-4,42	27,35

\*. The mean difference is significant at the .05 level.

**A.4.4 Teste ANOVA**

ANOVA

		Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
n1_R	Between Groups	802,692	3	267,564	2,252	,086
	Within Groups	13784,300	116	118,830		
	Total	14586,992	119			
n2_R	Between Groups	2157,767	3	719,256	3,250	,024
	Within Groups	25671,400	116	221,305		
	Total	27829,167	119			
n3_R	Between Groups	4517,367	3	1505,789	4,355	,006
	Within Groups	40108,600	116	345,764		
	Total	44625,967	119			
n1_A	Between Groups	7560,425	3	2520,142	4,843	,003
	Within Groups	60360,367	116	520,348		
	Total	67920,792	119			
n2_A	Between Groups	6430,567	3	2143,522	1,672	,177
	Within Groups	148740,6	116	1282,247		
	Total	155171,2	119			
n3_A	Between Groups	20383,692	3	6794,564	12,200	,000
	Within Groups	64603,300	116	556,925		
	Total	84986,992	119			

## Referências Bibliográficas

- [1] MENACH, A. L. et al. Modeling spatial and temporal transmission of foot-and-mouth disease in france: identification of high-risk areas. *Veterinary Research*, v. 36, n. 5-6, p. 699–712, Sep-Dec 2005.
- [2] MAHY, B. et al. *Foot-and-Mouth Disease Virus*. [S.l.]: Springer, 2005. ISBN 3-540-22419-x.
- [3] KEELING, M. Models of foot-and-mouth disease. *Proceedings of the Royal Society B*, v. 272, n. 1569, p. 1195–1202, Dec 2005.
- [4] GRUBMAN, M.; BAXT, B. Foot-and-mouth disease. *Clinical Microbiology Review*, v. 17, n. 2, p. 465–493, April 2004.
- [5] ARNOLD, M. et al. Modelling studies to estimate the prevalence of foot-and-mouth disease carriers after reactive vaccination. *Proceedings of the Royal Society B*, v. 275, n. 1630, p. 107–115, Oct 2007.
- [6] SALMAN, M.; GONÇALVES, V. *Risco de Introdução da Febre Aftosa Através da Importação de Produtos Suínos do Brasil: Avaliação de Riscos*. [S.l.], 2010.
- [7] MACDONALD, D.; BEARE, S. Foot and mouth disease, implications of adopting tests that differentiate vaccinated animals. *Australian Commodities*, v. 10, n. 1, p. 141–148, Mar 2003.
- [8] SANTOS, C.; BARBIN, D.; CALIRI, A. Percolação e o fenômeno epidêmico: Uma abordagem temporal e espacial da difusão de doenças. *Scientia Agricola*, v. 55, n. 3, 1998.



- [9] DRUCK, S. et al. *Análise Espacial de Dados Geográficos*. Brasília: EMBRAPA, 2004. ISBN 85-7383-260-6.
- [10] BADDELEY, A. et al. *Stochastic Geometry*. Berlin: Springer, 2005.
- [11] KRISHNAN, V. *Probability and Random Processes*. New York: Wiley, 2006. (Wiley Survival Guides in Engineering and Science).
- [12] GRIMMETT, G. *Percolation*. Second. New York: Springer, 1999. ISBN 3-540-64902-6.
- [13] SAMPAIO, M. M. *Lei dos Grandes Números na Percolação Multi-Dimensional*. Dissertação (Dissertação) — Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2007.
- [14] BOLLOBAS, B.; RIORDAN, O. *Percolation*. Cambridge: Cambridge University Press, 2006. ISBN 978-0-521-87232-4.
- [15] MILLER, J. Percolation and epidemics in clustered networks. *Physical Review E*, v. 80, n. 2, p. 4 pages, Aug 2009.
- [16] RODRÍGUEZ, P. M. *Transição de Fase para um Modelo de Percolação de Discos em Grafos*. Dissertação (Mestrado) — USP, 2007.
- [17] MISSIO, M. *Modelos de EDP integrados à Lógica Fuzzy e Métodos Probabilísticos no tratamento de incertezas: uma aplicação á febre aftosa em bovinos*. Tese (Tese) — Universidade Estadual de Campinas, Campinas, september 2008.
- [18] KEELING, M. et al. Dynamics of the 2001 uk foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape. *Science*, v. 294, n. 26, p. 813–817, Oct 2001.
- [19] DUTRA, M.; SANTOS, D. Caracterização das propriedades rurais para o risco da introdução do vírus da febre aftosa no rebanho gaúcho. *Veterinária em Foco*, v. 5, n. 1, p. 38–43, Jul-Dez 2007.
- [20] OLIVEIRA, J.; KIRINUS, L.; MARTINS, C. *Relatório Sobre Febre Aftosa*. [S.l.], 1992.