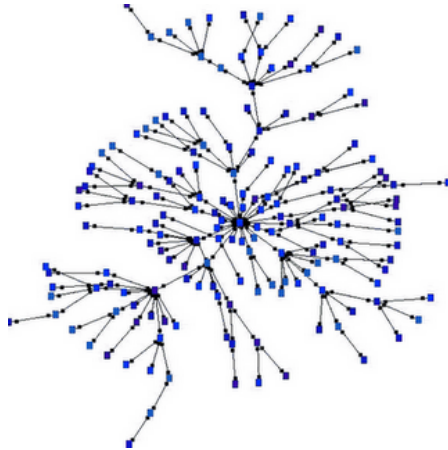


Redes sociais e epidemias



Tem sido possível modelar certos problemas em diversos ramos da ciência, nomeadamente a interconexão não-linear característica das redes, devido ao aumento da capacidade dos computadores. A modelação de redes complexas é uma forma de modelar a natureza, onde um dado grupo de elementos constituintes de um sistema natural qualquer, estabelece ligações obedecendo a algumas regras. As ligações apresentam características específicas, conforme o tipo de conexões. No que diz respeito a redes sociais humanas, as conexões podem ser de vários tipos. Por exemplo, no caso de uma epidemia de gripe as conexões das rotas aéreas desempenham um papel importante. A teoria das redes complexas é suportada pelo formalismo matemático dos grafos juntamente com a análise baseada em ferramentas da mecânica estatística.

Um grafo é definido por um par dos conjuntos de vértices (nós) e arestas (conexão entre os nós). As redes não são todas iguais e demonstram comportamentos distintos conforme as conexões sejam regulares ou aleatórias. Há grupos de nós que se ligam entre si formando *clusters*. Assim como a distribuição dos nós dá uma ideia da propriedade local do grafo, a organização do grafo em *clusters* dá informação sobre as suas propriedades globais. Estas duas classes de propriedades, locais e globais, estão relacionadas de uma maneira surpreendente. Há um valor crítico a partir do qual a conectividade do grafo sofre uma transição brusca. Há uma profunda analogia entre a mudança brusca da conectividade em grafos aleatórios e a transição de fase de percolação. Tal como a teoria dos fenómenos críticos é desenvolvida no limite termodinâmico, também a teoria dos grafos produz estes resultados no limite em que o número de nós do grafo, N , é muito grande. Mas redes complexas como as redes sociais serão bem modeladas por grafos aleatórios?

O modelo das redes aleatórias, desenvolvido em 1959 por Erdős e Rényi, é considerado o modelo mais simples das redes complexas. Este modelo gera uma rede a partir de um número N de nós isolados, cuja conexão entre eles através das arestas é ligada aleatoriamente com uma probabilidade de p . Mas muitas redes do mundo real apresentam uma característica chamada de *rede de pequeno-mundo*. Todo o nó pode ser alcançado a partir de outros através de um número pequeno de arestas. Mesmo em redes grandes a distância média entre quaisquer dois vértices é um pequeno número de nós

qualquer dois vértices e um pequeno número de nós.

Um outro modelo é o de *rede livre de escala*. Neste tipo de rede há uma distribuição desigual de conexões entre os nós. Alguns nós são altamente conectados, estando ligados a um significativo número de nós contidos na rede, enquanto outros apresentam poucas conexões. Uma característica deste tipo de rede é a conexão preferencial, que é a tendência de novos nós se conectarem a outros nós com alto grau de conexões.

As leis de potência estão associadas a uma simetria particular, que é a invariância de escala ou ausência de escala característica. As *redes livres de escala* surgem nos contextos mais variados, quer ao nível metabólico da célula, quer ao nível social e até do ecossistema. As *redes livres de escala* são especialmente vulneráveis a ataques dirigidos mas muito robustas em relação a falhas aleatórias. É esta ubiquidade que nos leva a perceber o que sucede nos seres vivos por via da evolução por selecção natural. Mas a grande questão que se colocou logo que estas redes foram descobertas foi a de saber qual o mecanismo que gera o tipo de ordem que caracterizam as *redes livres de escala*.

A estrutura das *redes livres de escala* não é criada de uma vez só, mas antes o resultado do processo de construção da própria rede ao longo do tempo. Por outro lado, este processo de crescimento não é igualitário mas alimentado pelo efeito conhecido por *efeito Mateus*. Os ricos ficam mais ricos e os pobres mais pobres. É claro que o texto do Evangelho XXV, 29 segundo S. Mateus, não teria certamente como objectivo instruir sobre a acumulação de riqueza ou o reconhecimento social.

Um exemplo em que este modelo se tem revelado útil tem sido na análise funcional do genoma. Nas redes genéticas os genes são nós que estão ligados entre si, se as proteínas que codificam interagem entre si. Do ponto de vista classificação funcional a estrutura da rede sugere uma maneira natural de a decompor em *clusters* de nós associados a um mesmo processo biológico, o que permite associar genes de função molecular conhecida a um processo biológico.

Fenómenos como a rápida propagação de epidemias à escala global tem chamado a atenção da importância da estrutura da rede de contactos através da qual os membros de uma comunidade interagem entre si. Do ponto de vista epidemiológico é importante a distribuição no tempo e no espaço dos contactos infecciosos tidos pelo indivíduo infectado com outros indivíduos, e a forma como isso se repercute na propagação da infecção pela população. As redes sociais informais, como as que se formam espontaneamente nas relações quotidianas, são mais flexíveis e não-deterministas do que as redes organizacionais. Assim, o recurso à teoria das redes tem tido um papel importante para a melhor compreensão das epidemias de doenças infecto-contagiosas, através da modelação da forma como essas doenças se podem propagar. Podemos dizer que as redes sociais que estão na base de uma epidemia de gripe à escala global são redes muito complexas, apresentando características que não seguem um padrão regular. São facilmente conhecidas as redes sociais humanas de doenças transmissíveis de contágio directo. Mas à escala global os fenómenos são mais complexos. Seja como for, a transmissão de uma epidemia segue sempre

Seja como for, a transmissão de uma epidemia segue sempre um processo de propagação em cadeia.