

Universidade Estadual de Campinas
Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica
Departamento de Estatística

RELATÓRIO DE PESQUISA – INICIAÇÃO CIENTÍFICA
TÓPICOS DE PROCESSOS ESTOCÁSTICOS

Vicenzo Bonasorte Reis Pereira

Élcio Lebensztayn

Os autores agradecem à FAPESP
pelo apoio recebido (Processos
N. 17/10555-0 e 20/12010-4).

Campinas

Mai de 2022

Sumário

Introdução	1
1. Passeio Aleatório	3
1.1. Definições, Princípio da Reflexão e Teorema da Eleição	3
1.2. Tempos de primeira passagem em um ponto e da última visita à origem	5
2. Funções Geradoras de Probabilidade	8
2.1. Definições e resultados	8
2.2. Aplicações aos passeios aleatórios	10
3. Processo de Ramificação	16
3.1. Definições e resultados principais	16
3.2. Caso linear fracionário	19
3.3. Mutação	19
3.4. Probabilidade de resistência a um medicamento	23
3.5. Risco de câncer	25
4. Processo de Ramificação Binária a Tempo Contínuo	27
4.1. Definição e resultado principal	27
4.2. Um modelo para a resposta imune	29
4.3. Um modelo para a sobrevivência de um vírus	33
4.4. Um modelo para a persistência de bactérias	37

5. Percolação	40
Referências Bibliográficas	43

Introdução

Processos estocásticos são bastante importantes na modelagem científica, e a análise de suas propriedades depende de ferramentas provenientes de vários campos da Matemática. Ademais, têm sido utilizados para iluminar problemas em muitas áreas, como a Biologia, Ciências Sociais e Engenharia. Como referências introdutórias à área, citamos os livros de [Grimmett e Stirzaker \(2001\)](#), [Pinsky e Karlin \(2011\)](#), [Schinazi \(2014\)](#) e [Durrett \(2016\)](#).

Este texto se baseia no relatório final da bolsa FAPESP de Iniciação Científica de Vincenzo Bonasorte Reis Pereira, sob a orientação de Élcio Lebensztayn, projeto intitulado “Tópicos de Processos Estocásticos”, N. 20/12010-4. Iniciamos com o passeio aleatório simples na reta, incluindo-se aí o Princípio da Reflexão e o Teorema da Eleição. A partir desses resultados, seguimos com o Teorema do tempo de primeira passagem em um ponto e a Lei do arco seno para o tempo da última visita à origem.

No Capítulo 2, dedicamo-nos às funções geradoras de probabilidade, com as definições e resultados principais apresentados na Seção 2.1. Na Seção 2.2, ilustramos a utilidade dessa ferramenta na análise do tempo de retorno à origem, recorrência/transitoriedade e tempo de primeira visita a um ponto para o passeio aleatório simples em \mathbb{Z} .

Abordamos no Capítulo 3 o processo de ramificação de Bienaymé–Galton–Watson: os momentos do processo e o Teorema fundamental sobre a extinção e sobrevivência são tratados na Seção 3.1, e o caso linear fracionário na Seção 3.2. Com base no livro de [Schinazi \(2014\)](#), apresentamos nas Seções 3.3, 3.4 e 3.5 três interessantes aplicações do processo de ramificação à Biologia.

Os Capítulos 4 e 5 também são fundamentados em [Schinazi \(2014\)](#). Na Seção 4.1, formulamos a definição e o resultado principal do processo de ramificação binária a tempo

contínuo; as Seções 4.2, 4.3 e 4.4 trazem o estudo de três processos que modelam sistemas biológicos. No Capítulo 5, fazemos uma breve introdução à Teoria da Percolação.

Capítulo 1

Passeio Aleatório

1.1 Definições, Princípio da Reflexão e Teorema da Eleição

Na Teoria da Probabilidade, um passeio aleatório é um processo estocástico que permite a descrição da trajetória de uma partícula ou objeto, cujo movimento ocorre por meio de uma sequência de passos aleatórios em um espaço, como o conjunto dos números inteiros $\mathbb{Z} = \{\dots, -1, 0, 1, \dots\}$. De definição simples, os passeios aleatórios são usados para modelar diversos fenômenos, em várias áreas do conhecimento, como a Biologia, Ciência da Computação, Economia e Física. O termo “passeio aleatório” (*random walk*) foi proposto pelo estatístico Karl Pearson, em uma carta à revista *Nature* (Pearson, 1905). Recentemente, o *Abel Prize 2020* foi concedido pela Academia Norueguesa de Ciência e Letras aos matemáticos Hillel Furstenberg e Gregory Margulis, por terem desvendado o poder dos passeios aleatórios no estudo de vários problemas em Teoria dos Grupos, Teoria dos Números e Combinatória.

Definição 1.1. Considere X_1, X_2, \dots uma sequência de variáveis aleatórias independentes e identicamente distribuídas, com distribuição dada por

$$P(X_i = 1) = 1 - P(X_i = -1) = p, \quad p \in (0, 1), \quad i \geq 1.$$

Defina $S_0 = 0$ e $S_n = \sum_{i=1}^n X_i$ para $n \geq 1$. A sequência de variáveis aleatórias $\{S_n\}_{n \geq 0}$ é um **passeio aleatório simples** em \mathbb{Z} , começando em 0. Se $p = 1/2$, então dizemos que o passeio

aleatório simples em \mathbb{Z} é **simétrico**.

O passeio aleatório é chamado de simples, pois o tamanho dos saltos se restringe ao conjunto $\{-1, +1\}$, ou seja, a partícula pode saltar somente para um dos dois pontos de \mathbb{Z} vizinhos mais próximos de sua posição atual.

A probabilidade do passeio se encontrar no ponto b após o n -ésimo passo é dada por:

$$P(S_n = b) = \binom{n}{\frac{n+b}{2}} p^{\frac{n+b}{2}} q^{\frac{n-b}{2}},$$

em que $q = 1 - p$ e $\frac{n+b}{2}$ representa o número de passos à direita necessários para completar o caminho entre os pontos $(0, 0)$ e (n, b) . Se esse valor não é um número inteiro entre 0 e n , então temos $P(S_n = b) = 0$.

Teorema 1.1 (Princípio da Reflexão). *Sejam $N_n(a, b)$ o número de caminhos possíveis de $(0, a)$ até (n, b) e $N_n^0(a, b)$ o número de caminhos de $(0, a)$ até (n, b) que incluem um ponto $(k, 0)$ no eixo x , onde $a, b > 0$. Então $N_n^0(a, b) = N_n(-a, b)$.*

Prova. Cada caminho de $(0, -a)$ para (n, b) cruza o eixo x em um ponto mais próximo da origem, $(k, 0)$. Ao refletir o segmento do caminho de $0 \leq x \leq k$ com respeito ao eixo x , obtemos um caminho unindo $(0, a)$ a (n, b) que intercepta o eixo x . Essa operação cria uma correspondência um a um entre as coleções desses caminhos, provando o teorema. \square

Corolário 1.1 (Teorema da Eleição, W. A. Whitworth, 1878). *Se $b > 0$, então o número de caminhos de $(0, 0)$ para (n, b) que não revisitam o eixo x é:*

$$\frac{b}{n} N_n(0, b).$$

Prova. O primeiro passo de todos esses caminhos é para $(1, 1)$, então, pelo Teorema 1.1, o

número desejado de caminhos é dado por:

$$\begin{aligned}
 N_{n-1}(1, b) - N_{n-1}^0(1, b) &= N_{n-1}(1, b) - N_{n-1}(-1, b) \\
 &= \binom{n-1}{\frac{n-2+b}{2}} - \binom{n-1}{\frac{n+b}{2}} \\
 &= \frac{(n-1)! \left[\left(\frac{n+b}{2} \right)! \left(\frac{n-b-2}{2} \right)! - \left(\frac{n-2+b}{2} \right)! \left(\frac{n-b}{2} \right)! \right]}{\left(\frac{n-2+b}{2} \right)! \left(\frac{n-b}{2} \right)! \left(\frac{n+b}{2} \right)! \left(\frac{n-2-b}{2} \right)!} \\
 &= \frac{(n-1)!b}{\left(\frac{n-b}{2} \right)! \left(\frac{n+b}{2} \right)!} \\
 &= \frac{b}{n} \binom{n}{\frac{n+b}{2}} = \frac{b}{n} N_n(0, b). \quad \square
 \end{aligned}$$

A aplicação clássica desse resultado é a seguinte: suponha que numa eleição entre dois candidatos, o candidato A tem α votos e o candidato B tem β , $\alpha > \beta$. Qual a probabilidade de que, durante a contagem de votos, A sempre fique à frente de B? Supondo cada voto para o candidato A como um acréscimo de +1 e para B de -1, precisamos de um caminho entre $(0, 0)$ e $(\alpha + \beta, \alpha - \beta)$. O número total de caminhos é $N_{\alpha+\beta}(0, \alpha - \beta)$, e, pelo resultado anterior, temos $\frac{\alpha - \beta}{\alpha + \beta} N_{\alpha+\beta}(0, \alpha - \beta)$ caminhos que não cruzam o eixo x . Daí, considerando que cada contagem de votos é igualmente provável, concluímos:

$$P(\text{Candidato A sempre à frente}) = \frac{\alpha - \beta}{\alpha + \beta}.$$

1.2 Tempos de primeira passagem em um ponto e da última visita à origem

A seguir, apresentamos resultados derivados do Princípio da Reflexão e do Teorema da Eleição. As provas serão omitidas e podem ser consultadas nos livros de [Feller \(1968, Capítulo III\)](#) e [Grimmett e Stirzaker \(2001, Seção 3.10\)](#). O primeiro teorema diz respeito à probabilidade de que o passeio aleatório não revise o seu ponto de origem nos primeiros n passos.

Teorema 1.2. Se $S_0 = 0$, então, para $n \geq 1$,

$$P(S_1 S_2 \dots S_n \neq 0, S_n = b) = \frac{|b|}{n} P(S_n = b).$$

Generalizando, obtemos:

$$P(S_1 S_2 \dots S_n \neq 0) = \frac{1}{n} \mathbb{E}(|S_n|).$$

Uma característica de interesse do passeio aleatório é o seu valor máximo. Definimos $M_n = \max\{S_i : 0 \leq i \leq n\}$ como o maior valor atingido pelo passeio até o tempo n .

Teorema 1.3. Suponha $S_0 = 0$. Então, para $r \geq 1$,

$$P(M_n \geq r, S_n = b) = \begin{cases} P(S_n = b) & \text{se } b \geq r, \\ \left(\frac{q}{p}\right)^{r-b} P(S_n = 2r - b) & \text{se } b < r. \end{cases}$$

Teorema 1.4 (Teorema do tempo de primeira passagem). A probabilidade $f_b(n)$ de que o passeio aleatório atinja o ponto b pela primeira vez no n -ésimo passo, começando de 0, satisfaz, para $n \geq 1$:

$$f_b(n) = \frac{|b|}{n} P(S_n = b).$$

Por último, apresentamos uma propriedade fundamental do passeio aleatório simples simétrico.

Teorema 1.5 (Lei do arco seno para o tempo da última visita à origem). Suponha $p = \frac{1}{2}$ e $S_0 = 0$. A probabilidade de que a última visita a 0 até o tempo $2n$ ocorra no tempo $2k$ é $P(S_{2k} = 0)P(S_{2n-2k} = 0)$.

Escrevendo $\alpha_{2n}(2k)$ para a probabilidade do teorema, segue que:

$$\alpha_{2n}(2k) = u_{2k} u_{2n-2k},$$

em que $u_{2k} = P(S_{2k} = 0) = \binom{2k}{k} 2^{-2k}$. Para entender o comportamento de u_{2k} para valores

grandes de k , usamos a Fórmula de Stirling:

$$n! \sim n^n e^{-n} \sqrt{2\pi n} \quad \text{quando } n \rightarrow \infty,$$

obtendo: $u_{2k} \sim \frac{1}{\sqrt{\pi k}}$, $k \rightarrow \infty$ e $\alpha_{2n}(2k) \sim \frac{1}{\pi\sqrt{k(n-k)}}$, para k diferente de 0 e n .

Consequentemente, denotando por T_{2n} o tempo da última visita a 0 até o tempo $2n$, temos que, para $0 < x < 1$,

$$P(T_{2n} \leq 2xn) \sim \sum_{k \leq xn} \frac{1}{\pi\sqrt{k(n-k)}} \sim \int_0^{xn} \frac{1}{\pi\sqrt{u(n-u)}} du = \frac{2}{\pi} \sin^{-1} \sqrt{x}.$$

Derivando a última expressão em relação a x , obtemos $\frac{1}{\pi\sqrt{x(1-x)}}$ para $0 < x < 1$, que é a função de densidade de probabilidade da distribuição Beta($\frac{1}{2}, \frac{1}{2}$), ilustrada na Figura 1.1. Então, se pensarmos em termos de um número grande de lançamentos de uma moeda honesta, o resultado contraria a noção intuitiva de que empates entre os números de caras e coroas acontecem frequentemente. Por exemplo, a probabilidade de que o último empate ocorra antes dos primeiros $\frac{1}{10}$ lançamentos é aproximadamente $\frac{1}{5}$.

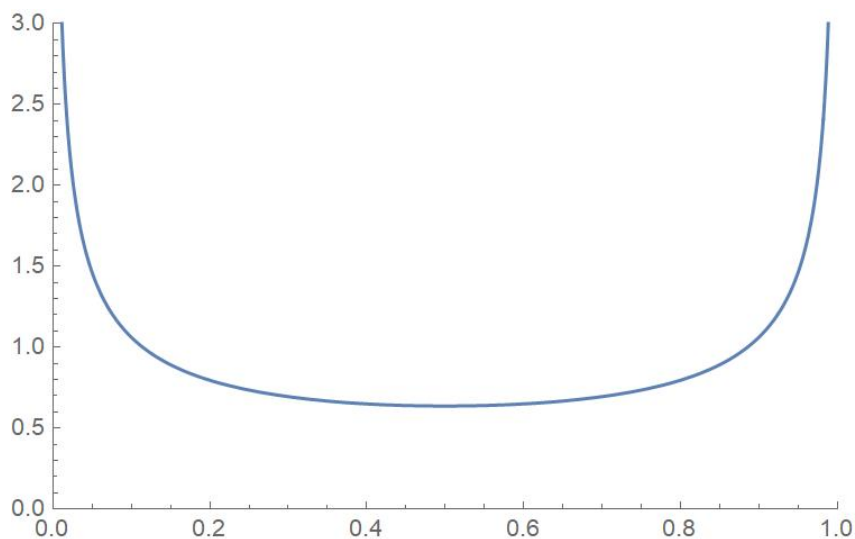


Figura 1.1: Gráfico da função densidade de probabilidade da distribuição Beta($\frac{1}{2}, \frac{1}{2}$).

Capítulo 2

Funções Geradoras de Probabilidade

Neste capítulo, apresentamos uma ferramenta essencial em Probabilidade: as funções geradoras de probabilidade, com os resultados principais e aplicações em passeios aleatórios. O texto se baseia em [Grimmett e Stirzaker \(2001, Seções 5.1 e 5.3\)](#).

2.1 Definições e resultados

Definição 2.1. A função geradora de probabilidade (FGP) de uma variável aleatória X inteira e não negativa é definida por:

$$G_X(s) = \mathbb{E}(s^X) = \sum_{i=0}^{\infty} s^i P(X = i).$$

A série anterior converge pelo menos para $|s| \leq 1$. Além disso,

$$G_X(0) = P(X = 0),$$

$$G_X(1) := \lim_{s \nearrow 1} G_X(s) = 1.$$

Teorema 2.1. *Se a variável aleatória X tem FGP dada por G , então:*

- a) $\mathbb{E}(X) = G'(1)$.
- b) $\mathbb{E}(X(X-1)\dots(X-k+1)) = G^{(k)}(1)$, $k \geq 1$.

Prova. a) Para $s < 1$, calculamos a primeira derivada de G , obtendo:

$$G'(s) = \sum_{i=1}^{\infty} i s^{i-1} P(X = i).$$

Tomando o limite de s se aproximando de 1, chegamos ao resultado:

$$G'(1) = \sum_{i=1}^{\infty} i P(X = i) = \mathbb{E}(X).$$

b) Analogamente, para $s < 1$, a k -ésima derivada de G é dada por

$$G^{(k)}(s) = \sum_{i=k}^{\infty} i(i-1)\dots(i-k+1)s^{i-k} P(X = i).$$

Novamente, tomamos o limite de s se aproximando de 1 e chegamos ao resultado desejado:

$$G^{(k)}(1) = \sum_{i=k}^{\infty} i(i-1)\dots(i-k+1)P(X = i) = \mathbb{E}(X(X-1)\dots(X-k+1)). \quad \square$$

Uma aplicação imediata desse teorema é a obtenção de uma fórmula para a variância de uma variável aleatória X inteira e não negativa:

$$\begin{aligned} \text{Var}(X) &= \mathbb{E}(X^2) - \mathbb{E}(X)^2 = \mathbb{E}(X(X-1) + X) - \mathbb{E}(X)^2 = \\ &= \mathbb{E}(X(X-1)) + \mathbb{E}(X) - \mathbb{E}(X)^2 = G''(1) + G'(1) - G'(1)^2. \end{aligned}$$

Os próximos teoremas tratam da FGP da soma de n variáveis aleatórias independentes, primeiro tratando n como um número conhecido e, depois, como originado de um experimento aleatório.

Teorema 2.2. *Se X e Y são variáveis aleatórias independentes com FGP $G_X(s)$ e $G_Y(s)$, respectivamente, então*

$$G_{X+Y}(s) = G_X(s)G_Y(s).$$

Prova. Como X e Y são independentes, as funções $g(X) = s^X$ e $h(Y) = s^Y$ também são

independentes, portanto:

$$G_{X+Y}(s) = \mathbb{E}(s^{X+Y}) = \mathbb{E}(g(X)h(Y)) = \mathbb{E}(g(X))\mathbb{E}(h(Y)) = G_X(s)G_Y(s). \quad \square$$

O teorema nos diz que a soma $S = X_1 + X_2 + \dots + X_n$ de variáveis aleatórias independentes tem função geradora:

$$G_S = G_{X_1} G_{X_2} \dots G_{X_n}$$

Teorema 2.3. *Sejam X_1, X_2, \dots uma sequência de variáveis aleatórias i.i.d. com FGP comum G_X , e N uma variável aleatória inteira, não negativa, e independente de X_i , $i \geq 1$, com FGP G_N . Então, $S = X_1 + X_2 + \dots + X_N$ tem FGP dada por:*

$$G_S(s) = G_N(G_X(s)).$$

Prova.

$$\begin{aligned} G_S(s) &= \mathbb{E}(s^S) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(s^S | N)) = \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^S | N = n) P(N = n) = \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1 + X_2 + \dots + X_n}) P(N = n) = \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1}) \mathbb{E}(s^{X_2}) \dots \mathbb{E}(s^{X_n}) P(N = n) = \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} G_X(s)^n P(N = n) = G_N(G_X(s)). \quad \square \end{aligned}$$

2.2 Aplicações aos passeios aleatórios

As funções geradoras de probabilidades permitem construir uma prova simples e elegante para a transitoriedade ou recorrência do passeio aleatório simples em \mathbb{Z} . Seja $\{S_n\}_{n \geq 0}$ um passeio aleatório simples em \mathbb{Z} , começando na origem. Definimos $p_0(n) = P(S_n = 0)$ a probabilidade de se estar na origem após n passos, e $f_0(n) = P(S_1 \neq 0, \dots, S_{n-1} \neq 0, S_n = 0)$ a probabilidade de o primeiro retorno à origem ocorrer após n passos. Denotamos as funções

geradoras dessas seqüências, respectivamente, por:

$$P_0(s) = \sum_{n=0}^{\infty} p_0(n)s^n, \quad F_0(s) = \sum_{n=1}^{\infty} f_0(n)s^n.$$

Observamos que $F_0(s)$ é a FGP do tempo aleatório T_0 para a partícula fazer seu primeiro retorno à origem, isto é, $F_0(s) = \mathbb{E}(s^{T_0})$. Porém, T_0 pode ser uma variável aleatória defectiva, ou seja, pode assumir o valor infinito com probabilidade maior que 0. Nesse caso, temos:

$$F_0(1) = P(T_0 < \infty) < 1.$$

Teorema 2.4. *Temos que:*

a) $P_0(s) = 1 + P_0(s)F_0(s)$.

b) $P_0(s) = (1 - 4pq s^2)^{-\frac{1}{2}}$.

c) $F_0(s) = 1 - (1 - 4pq s^2)^{\frac{1}{2}}$.

Prova. a) Seja A o evento de que $S_n = 0$, e seja B_k o evento “o primeiro retorno à origem ocorre no k -ésimo passo”. Os eventos B_k são disjuntos e, portanto, pela Fórmula da Probabilidade Total,

$$P(A) = \sum_{k=1}^n P(A | B_k) P(B_k).$$

Mas, $P(B_k) = f_0(k)$ e $P(A | B_k) = p_0(n-k)$ pela homogeneidade no tempo do passeio aleatório, o que nos dá:

$$p_0(n) = \sum_{k=1}^n p_0(n-k) f_0(k), \quad n \geq 1.$$

Multiplicando essa fórmula por s^n e somando em n , obtemos:

$$\sum_{n=1}^{\infty} p_0(n) s^n = \sum_{n=1}^{\infty} \left[\sum_{k=1}^n p_0(n-k) f_0(k) \right] s^n$$

$$\sum_{n=0}^{\infty} p_0(n) s^n - p_0(0) s^0 = \sum_{n=1}^{\infty} \left[\sum_{k=1}^n p_0(n-k) f_0(k) \right] s^n$$

$$P_0(s) - 1 = \sum_{k=1}^{\infty} f_0(k) s^k \sum_{n=k}^{\infty} p_0(n-k) s^{n-k}$$

$$\therefore P_0(s) = 1 + F_0(s)P_0(s).$$

b) O evento $S_n = 0$ ocorre se e somente se a partícula dá o mesmo número de passos para a esquerda e para a direita durante os n primeiros passos. Temos $\binom{n}{n/2}$ maneiras disso ocorrer, cada uma delas com probabilidade $(pq)^{n/2}$, então:

$$p_0(n) = \binom{n}{n/2} (pq)^{n/2}.$$

Mas $p_0(n) = 0$ se n é ímpar, então podemos reescrever a fórmula anterior como

$$p_0(2n) = \binom{2n}{n} (pq)^n, \quad n \geq 0.$$

Usando um resultado elementar para coeficientes binomiais e a Fórmula de Newton, a função geradora de $p_0(2n)$ é dada por:

$$\begin{aligned} P_0(s) &= \sum_{n=0}^{\infty} \binom{2n}{n} (pq)^n s^{2n} = \sum_{n=0}^{\infty} \binom{-1/2}{n} \frac{(-1)^n}{2^{-2n}} (pq s^2)^n = \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} \binom{-1/2}{n} (-4pq s^2)^n = (1 - 4pq s^2)^{-\frac{1}{2}}. \end{aligned}$$

c) Do item a), temos que $P_0(s) = 1 + F_0(s)P_0(s)$, logo

$$F_0(s) = 1 - \frac{1}{P_0(s)} = 1 - (1 - 4pq s^2)^{\frac{1}{2}}. \quad \square$$

Corolário 2.1. a) A probabilidade de que a partícula retorne à origem é:

$$\sum_{n=1}^{\infty} f_0(n) = F_0(1) = 1 - |p - q|.$$

Se $p = q = \frac{1}{2}$, o retorno à origem é quase certo, e o processo é chamado de **recorrente**. Se $p \neq \frac{1}{2}$, então há probabilidade positiva de que a partícula nunca retorne à origem, e dizemos que o processo é **transitório**.

b) Se o processo é recorrente, então o tempo esperado para o primeiro retorno é:

$$\mathbb{E}(T_0) = \sum_{n=1}^{\infty} n f_0(n) = F_0'(1) = \infty.$$

Prova. a) Notamos que

$$\begin{aligned} \lim_{s \nearrow 1} F_0(s) &= \lim_{s \nearrow 1} 1 - (1 - 4p(1-p)s^2)^{\frac{1}{2}} = \\ &= 1 - (1 - 4p + 4p^2)^{\frac{1}{2}} = 1 - ((2p-1)^2)^{\frac{1}{2}} = 1 - |p-q|. \end{aligned}$$

b) Para o caso recorrente, a FGP do tempo de primeiro retorno à origem é dada por:

$$F_0(s) = 1 - (1 - s^2)^{\frac{1}{2}},$$

e o tempo esperado é:

$$F_0'(1) = \lim_{s \nearrow 1} \frac{1}{2} (1 - s^2)^{-\frac{1}{2}} (2s) = \lim_{s \nearrow 1} \frac{s}{(1 - s^2)^{\frac{1}{2}}} = \infty. \quad \square$$

Agora, vamos considerar os tempos das visitas a um ponto r qualquer. Definimos:

$$f_r(n) = P(S_1 \neq r, S_2 \neq r, \dots, S_{n-1} \neq r, S_n = r)$$

como a probabilidade de que a primeira visita a r aconteça no n -ésimo passo, com função geradora:

$$F_r(s) = \sum_{n=1}^{\infty} f_r(n) s^n.$$

Teorema 2.5. a) $F_r(s) = [F_1(s)]^r$, $r \geq 1$.

b) $F_1(s) = \frac{1 - (1 - 4pqs^2)^{\frac{1}{2}}}{2qs}$.

Prova. a) Fixado $r > 1$, sejam A o evento "A primeira visita ao estado r se dá no tempo n " e B_k o evento "A primeira visita ao estado 1 se dá no tempo k ". Pela Fórmula da Probabilidade

Total, temos

$$P(A) = \sum_{k=1}^{n-1} P(A | B_k)P(B_k).$$

Mas, $P(A) = f_r(n)$, $P(B_k) = f_1(k)$ (por definição) e $P(A | B_k) = f_{r-1}(n-k)$ pela homogeneidade do passeio aleatório no tempo e no espaço. Isso nos leva a:

$$f_r(n) = \sum_{k=1}^{n-1} f_{r-1}(n-k)f_1(k).$$

Multiplicando por s^n e somando em n :

$$\sum_{n=2}^{\infty} s^n f_r(n) = \sum_{n=2}^{\infty} s^n \left[\sum_{k=1}^{n-1} f_{r-1}(n-k)f_1(k) \right],$$

portanto:

$$F_r(s) = F_{r-1}(s)F_1(s).$$

Repetindo o processo, obtemos:

$$F_r(s) = (F_1(s))^r.$$

b) Seja $T_r = \min\{n : S_n = r\}$. Então, para $n > 1$,

$$f_1(n) = P(T_1 = n) = pP(T_1 = n | X_1 = 1) + qP(T_1 = n | X_1 = -1) = qf_2(n-1).$$

Como $f_1(1) = p$, multiplicando os dois lados da equação por s^n e somando em n , obtemos:

$$\sum_{n=2}^{\infty} f_1(n)s^n = q \sum_{n=2}^{\infty} f_2(n-1)s^n$$

$$\sum_{n=1}^{\infty} f_1(n)s^n - ps = qs \sum_{n=2}^{\infty} f_2(n-1)s^{n-1}$$

$$F_1(s) = ps + qsF_1(s)^2.$$

Resolvendo a equação quadrática, obtemos duas soluções: $\frac{1+(1-4qps^2)^{\frac{1}{2}}}{2qs}$ e $\frac{1-(1-4qps^2)^{\frac{1}{2}}}{2qs}$. Mas sabemos que $F_1(0) = 0$. Quando tomamos o limite da primeira solução com s se aproximando

de 0, obtemos ∞ . Então, por eliminação:

$$F_1(s) = \frac{1 - (1 - 4qps^2)^{\frac{1}{2}}}{2qs}.$$

□

Capítulo 3

Processo de Ramificação

Uma área importante da Probabilidade trata de modelos para a evolução de uma população, em que indivíduos existem por um tempo e então são substituídos por um certo número aleatório de indivíduos de tipo idêntico ou similar. Dedicamo-nos neste capítulo a um processo básico dessa classe, que foi formulado independentemente por I. J. Bienaymé (1845) e por F. Galton e H. Watson (1873), com o intuito de investigar a extinção do sobrenome de uma família. Além de [Athreya e Ney \(1972\)](#), referência clássica sobre o assunto, citamos os livros de [Feller \(1968, Capítulo XII\)](#), [Pinsky e Karlin \(2011, Seções 3.8 e 3.9\)](#), [Schinazi \(2014, Capítulo 2\)](#) e [Kimmel e Axelrod \(2015\)](#). Apresentamos na Seção 3.1 a definição e resultados primordiais, e na Seção 3.2 estudamos um exemplo importante, o caso linear fracionário. As seções finais do capítulo são dedicadas a aplicações do processo de ramificação à Biologia, extraídas de [Schinazi \(2014\)](#).

3.1 Definições e resultados principais

O processo de ramificação visa a modelar o crescimento populacional. Normalmente, consideramos o processo iniciando com apenas um indivíduo, chamado geração zero, que originará um número aleatório de filhos, seguindo uma distribuição conhecida, descrita por uma variável aleatória Y , tal que $p(Y = k) = p_k$, $k \geq 0$. Indivíduos subsequentes têm filhos seguindo a mesma distribuição, de forma independente. Denotamos o tamanho da n -ésima

geração por Z_n , $n \geq 0$.

Teorema 3.1. *Seja $\mu = \mathbb{E}(Y) = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k < \infty$ a esperança da distribuição de filhos de um indivíduo. Então, para $n \geq 0$,*

$$\mathbb{E}(Z_n | Z_0 = 1) = \mu^n.$$

Prova. Faremos a prova por indução. Note que:

$$\mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = 1) = E(Y) = \mu = \mu^1.$$

Assim, a fórmula vale para $n = 1$. Vamos supor que vale para n . Por condicionamento em Z_n , usando a propriedade de Markov, temos:

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_0 = 1) = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_n = k) P(Z_n = k | Z_0 = 1).$$

Mas, para cada $k \geq 0$:

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_n = k) = \mathbb{E}\left(\sum_{i=1}^k Y_i\right) = k\mu.$$

Portanto,

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_0 = 1) = \sum_{k=1}^{\infty} k\mu P(Z_n = k | Z_0 = 1),$$

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_0 = 1) = \mu \mathbb{E}(Z_n | Z_0 = 1).$$

Pela hipótese de indução, $\mathbb{E}(Z_n | Z_0 = 1) = \mu^n$, logo concluímos que:

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_0 = 1) = \mu^{n+1}. \quad \square$$

Teorema 3.2. *Seja $\sigma^2 = \text{Var}(Y) < \infty$ a variância da distribuição de filhos de um indivíduo.*

Então:

$$\text{Var}(Z_n | Z_0 = 1) = \sigma^2 \mu^{n-1} (1 + \mu + \mu^2 + \dots + \mu^{n-1}).$$

Prova. Podemos escrever a variância de $Z_{n+1} | Z_0 = 1$ como:

$$\text{Var}(E(Z_{n+1} | Z_0 = 1, Z_n)) + E(\text{Var}(Z_{n+1} | Z_0 = 1, Z_n)) =$$

$$\text{Var}(Z_n \mu | Z_0 = 1) + E(Z_n \sigma^2 | Z_0 = 1) = \mu^2 \text{Var}(Z_n | Z_0 = 1) + \sigma^2 \mu^n.$$

Mas, com $n = 0$,

$$\text{Var}(Z_1 | Z_0 = 1) = \sigma^2.$$

Com isso, construímos uma relação de recorrência e chegamos ao resultado. \square

Denotamos por $f(s)$ a função geradora de probabilidade da distribuição do número de filhos de um indivíduo. Usando o Teorema 2.3, obtemos o seguinte resultado.

Teorema 3.3. *Seja $f_n(s)$ a FGP do tamanho da n -ésima geração de um processo de ramificação de BGW. Temos que:*

$$f_{n+1}(s) = \mathbb{E}(s^{Z_{n+1}}) = f_n[f(s)], \quad n \geq 0.$$

Na prática, para uma distribuição particular do número de filhos, não conseguimos computar explicitamente as iterações de f . Na Seção 3.2, apresentamos um caso não trivial, para o qual o cálculo é possível.

Aqui enunciamos o resultado principal do capítulo.

Teorema 3.4. *Seja $(Z_n)_{n \geq 0}$ um processo de ramificação de Bienaymé–Galton–Watson com distribuição de filhos $(p_k)_{k \geq 0}$ e μ a esperança dessa distribuição. Assumimos que $p_0 + p_1 < 1$.*

a) *Se $\mu \leq 1$, então $P(Z_n \geq 1, \forall n \geq 0 | Z_0 = 1) = 0$.*

b) *Se $\mu > 1$, então existe $q \in [0, 1)$ tal que $P(Z_n \geq 1, \forall n \geq 0 | Z_0 = 1) = 1 - q > 0$. Além disso, a probabilidade de extinção do processo q é a única solução em $[0, 1)$ da equação $f(s) = s$.*

Observamos que o único parâmetro da distribuição do número de filhos relevante para a extinção ou sobrevivência do processo é sua esperança, mas se $\mu > 1$, então o valor de q depende de toda a distribuição, por meio da FGP. O processo de ramificação de BGW é dito **subcrítico**, **crítico** ou **supercrítico** de acordo com $\mu < 1$, $\mu = 1$, $\mu > 1$. Somente no caso supercrítico há probabilidade positiva de sobrevivência.

3.2 Caso linear fracionário

Suponha $p_k = bp^{k-1}$, $k = 1, 2, \dots$, $p \in [0, 1]$. Calculamos

$$p_0 = 1 - \sum_{k=1}^{\infty} p_k = 1 - \sum_{k=1}^{\infty} bp^{k-1} = 1 - b \frac{1}{1-p} = \frac{1-p-b}{1-p},$$

e obtemos que $b = (1-p)(1-p_0)$.

Finalmente, podemos obter a FGP de $\{p_k\}$:

$$f(s) = p_0 + \sum_{k=1}^{\infty} s^k bp^{k-1} = \frac{1-p-b}{1-p} + bs \frac{1}{1-ps},$$

que pode ser iterada:

$$f_n(s) = \frac{s_0 - \frac{1}{\mu^n} \frac{s-s_0}{s-1}}{1 - \frac{1}{\mu^n} \frac{s-s_0}{s-1}},$$

em que $s_0 = \frac{p_0}{p}$ e $\mu = \frac{1-p_0}{1-p}$. O caso supercrítico ocorre quando $p_0 < p$, e nesse caso a probabilidade de extinção do processo de ramificação é $s_0 = \frac{p_0}{p} < 1$.

3.3 Mutação

Nesta seção, tratamos de uma primeira aplicação do processo de ramificação à Biologia, que é apresentada em [Schinazi \(2014, Seções 2.1 a 2.3\)](#). Suponha que temos uma população modelada por um processo de ramificação de BGW, porém, cada vez que um indivíduo nasce, ele tem probabilidade β de ter certa mutação. Qual a probabilidade de que essa mutação apareça na população em algum momento?

Começamos encontrando a distribuição de probabilidade de:

$$X = \sum_{n \geq 0} Z_n = 1 + \sum_{n \geq 1} Z_n,$$

variável aleatória que conta todos os nascimentos da população, acrescidos do indivíduo

original ($Z_0 = 1$). Seja

$$g(s) = \sum_{k \geq 0} s^k P(X = k) = \mathbb{E}(s^X),$$

a função geradora de probabilidade de X . Sabemos que expansões em séries de potências são únicas, logo se podemos encontrar uma sequência $(a_k)_{k \geq 0}$ tal que $g(s) = \sum_{k \geq 0} a_k s^k$, então $a_k = P(X = k)$, $\forall k \geq 0$.

Condicionando $g(s)$ no número de indivíduos da primeira geração:

$$g(s) = E(s^X) = \sum_{k \geq 0} \mathbb{E}(s^X | Z_1 = k) P(Z_1 = k | Z_0 = 1) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(s^X | Z_1)).$$

Dado que $Z_1 = k$, temos k indivíduos no tempo 1, começando k processos de ramificação de BGW independentes. Portanto, X é a soma do indivíduo original mais todos os indivíduos de cada um desses k processos de ramificação. Além disso, para cada um dos k processos, o número total de nascimentos tem a mesma distribuição de X . Consequentemente,

$$\mathbb{E}(s^X | Z_1 = k) = E(s^{1+X_1+X_2+\dots+X_k}),$$

em que X_i , $i = 1, 2, \dots, k$, são variáveis aleatórias independentes, com a mesma distribuição de X . Por independência:

$$\mathbb{E}(s^X | Z_1 = k) = s E(s^{X_1}) E(s^{X_2}) \dots E(s^{X_k}) = s \mathbb{E}(s^X)^k.$$

Então,

$$g(s) = \sum_{k \geq 0} s \mathbb{E}(s^X)^k P(Z_1 = k | Z_0 = 1) = s \sum_{k \geq 0} \mathbb{E}(s^X)^k p_k = s \sum_{k \geq 0} p_k g(s)^k.$$

Lembrando que a função geradora de probabilidades da distribuição do número de filhos é $f(s) = \sum p_k s^k$, concluímos que

$$g(s) = s f(g(s)).$$

Assim, encontramos uma equação elegante, mas que para a maioria das distribuições da pro-

gênie não pode ser resolvida analiticamente. Para a continuidade do exemplo, consideramos o caso particular

$$p_0 = 1 - p \quad \text{e} \quad p_2 = p,$$

com $p \in [0, 1]$ fixado. Nesse caso, cada indivíduo da n -ésima geração tem 2 filhos com probabilidade p ou nenhum com probabilidade $1 - p$, dando origem à $(n + 1)$ -ésima geração. A FGP dessa distribuição é:

$$f(s) = p_0 s^0 + p_2 s^2 = 1 - p + p s^2.$$

Então,

$$g(s) = s(f(g(s))) = s(1 - p + p g(s)^2) = s - p s + p s g(s)^2 \implies p s g(s)^2 - g(s) + s(1 - p) = 0.$$

Ao resolver essa equação quadrática, munido do fato de que $\lim_{s \rightarrow 0} g(s) = 0$, obtemos:

$$g(s) = \frac{1}{2ps} - \sqrt{\frac{1 - 4ps^2(1-p)}{4p^2s^2}}.$$

Agora vamos obter uma expansão em série de potências para g . Usando a Fórmula de Newton, temos o seguinte resultado.

Lema 3.1. *Seja $c_n = \frac{(2n-2)!}{2^{2n-1}n!(n-1)!} = \frac{1}{n}2^{-(2n-1)}\binom{2n-2}{n-1}$, $n \geq 1$. Então, para $x \in (-1, 1)$,*

$$\sum_{n=1}^{\infty} c_n x^n = - \sum_{n=1}^{\infty} \binom{1/2}{n} (-x)^n = - \left(\sum_{n=0}^{\infty} \binom{1/2}{n} (-x)^n - 1 \right) = 1 - \sqrt{1-x}.$$

Voltando à fórmula de $g(s)$:

$$g(s) = \frac{1}{2ps} - \sqrt{\frac{1 - 4ps^2(1-p)}{4p^2s^2}} = \frac{1}{2ps} \left(1 - \sqrt{1 - 4ps^2(1-p)} \right).$$

Sejam $x = 4ps^2(1-p)$ e c_n como no Lema 3.1. Então,

$$g(s) = \frac{1}{2ps} \sum_{n=1}^{\infty} c_n (4p(1-p)s^2)^n = \sum_{n=1}^{\infty} \frac{(2n-2)!}{n!(n-1)!} p^{n-1} (1-p)^n s^{2n-1}.$$

Temos uma expansão em série de potências para $g(s)$, $s \in (-1, 1)$, o que nos fornece a distribuição de X . Para $n \geq 1$,

$$P(X = 2n - 1 \mid Z_0 = 1) = \frac{(2n-2)!}{n!(n-1)!} p^{n-1} (1-p)^n.$$

É importante notar que, como $Z_0 = 1$ e os indivíduos da população têm nenhum ou 2 filhos, naturalmente a variável aleatória X assume somente valores ímpares.

Retornando à questão inicial da seção, desejamos calcular a probabilidade de que certa mutação apareça em uma população modelada por um processo de ramificação de BGW. Faremos o cálculo para o processo considerado até agora, em que $p_0 = 1-p$ e $p_2 = p$. Supomos que, cada vez que um indivíduo nasce, ele tem probabilidade β de ter a mutação, independentemente de qualquer coisa. Sejam M o evento de que a mutação aparece na população e M^c o complementar de M . Se X é infinito (ou seja, a população sobrevive), então a probabilidade de mutação na população é 1. Estamos, assim, interessados no caso em que $X < \infty$. A probabilidade de que a mutação nunca apareça é:

$$P(M^c) = P(M^c, X < \infty) = \sum_{k=1}^{\infty} P(M^c \mid X = k) P(X = k) = \sum_{k=1}^{\infty} (1-\beta)^{k-1} P(X = k).$$

Mas sabemos que

$$P(X = 2n - 1 \mid Z_0 = 1) = \frac{(2n-2)!}{n!(n-1)!} p^{n-1} (1-p)^n,$$

portanto:

$$P(M^c) = \sum_{k=1}^{\infty} (1-\beta)^{2k-2} \frac{(2k-2)!}{k!(k-1)!} p^{k-1} (1-p)^k.$$

Rearranjando os termos,

$$P(M^c) = \frac{1}{2p(1-\beta)^2} \sum_{k=1}^{\infty} \frac{(2k-2)!}{k!(k-1)! 2^{2k-1}} (2^2(1-\beta)^2(1-p)p)^k,$$

logo, pelo Lema 3.1,

$$P(M^c) = \frac{1}{2p(1-\beta)^2} \left(1 - \sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} \right).$$

Finalmente,

$$P(M) = 1 - \frac{1}{2p(1-\beta)^2} \left(1 - \sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} \right).$$

3.4 Probabilidade de resistência a um medicamento

Em [Schinazi \(2014, Seção 2.4\)](#), estuda-se um processo de ramificação que modela uma população de patógenos que, ao se dividir, podem passar por mutação. Essa mutação torna o novo patógeno resistente a um medicamento usado no tratamento. Qual a probabilidade de que a população seja erradicada antes do aparecimento da resistência?

Como vimos anteriormente, a probabilidade de não ocorrer mutação quando temos um único patógeno no início ($Z_0 = 1$) é:

$$P(M^c | Z_0 = 1) = \frac{1}{2p(1-\beta)^2} \left(1 - \sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} \right),$$

onde p é a probabilidade de que um dado patógeno se divida em dois, e β é a probabilidade de que o novo patógeno seja resistente ao medicamento.

Porém, na realidade, um paciente só inicia o tratamento quando já apresenta sintomas, ou seja, o número de patógenos é grande o suficiente. Portanto, interessa-nos estudar um modelo com $Z_0 = N$, para N suficientemente grande. Definimos a função:

$$f(N, \beta, p) = P(M^c | Z_0 = N).$$

Como cada um dos N patógenos começa seu próprio processo de ramificação de BGW independente, temos:

$$f(N, \beta, p) = f(1, \beta, p)^N = \left(\frac{1}{2p(1-\beta)^2} \left(1 - \sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} \right) \right)^N.$$

O comportamento de f muda drasticamente dependendo do valor de p . No caso subcrítico ($p < 1/2$), para obter uma expressão melhor para f , fazemos uma aproximação linear em β , quando β se aproxima de 0. A aproximação linear de $(1 - \beta)^{-2}$ é $1 + 2\beta$; também podemos simplificar a seguinte expressão:

$$\sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} = |1 - 2p| \sqrt{1 + \frac{8p(1-p)}{(1-2p)^2} \beta - \frac{4p(1-p)}{(1-2p)^2} \beta^2},$$

tomando sua aproximação através da expansão binomial, quando $\beta \rightarrow 0$,

$$\sqrt{1 - 4p(1-p)(1-\beta)^2} \sim |1 - 2p| \left(1 + \frac{4p(1-p)}{(1-2p)^2} \beta \right).$$

Dessa forma, temos a seguinte aproximação linear para $p < 1/2$:

$$f(1, \beta, p) \sim 1 - \frac{2p}{1-2p} \beta.$$

Como $f(N, \beta, p) = f(1, \beta, p)^N$, temos, para $p < 1/2$,

$$f(N, \beta, p) \sim \left(1 - \frac{2p}{1-2p} \beta \right)^N \sim \exp \left\{ -\frac{2p}{1-2p} N \beta \right\}.$$

Esse resultado nos diz que $N\beta$ é o parâmetro crítico para o sucesso do tratamento: quanto menor for, maior é a probabilidade de não termos mutação resistente ao medicamento. Essa probabilidade também decresce bastante se mais de um medicamento for usado durante o tratamento.

Para o caso supercrítico ($p > 1/2$), temos:

$$f(N, \beta, p) \leq \left(\frac{1-p}{p} \right)^N.$$

De fato, começando com um patógeno, a probabilidade de que o processo se extinga é $\frac{1-p}{p}$. Para a mutação não ocorrer, é necessário que todos os N processos de ramificação independentes se tornem extintos (mas não suficiente). Se o processo sobrevive, então a

mutação aparece com probabilidade 1. Portanto, o evento “A resistência ao medicamento não ocorre” está contido no evento “Todos os N processos de ramificação se extinguem”, logo a probabilidade do primeiro é menor ou igual do que a do segundo.

Assim, para $p > 1/2$ e N suficientemente grande, $f(N, \beta, p)$ é bem pequeno. Nesse caso, o modelo sugere que o tratamento é, na melhor das hipóteses, inócuo.

3.5 Risco de câncer

Para esta aplicação, detalhada em [Schinazi \(2014, Seção 2.5\)](#), assumimos que uma célula cancerígena aparece após duas mutações sucessivas. Considerando um tecido humano qualquer, suas células passam por um número fixado D de divisões durante a vida do tecido. Supomos, por divisão, uma probabilidade β_1 de produzir uma célula com mutação de tipo 1; células com essa modificação são pré-cancerígenas.

Se uma célula com mutação de tipo 1 aparece, começa um processo de ramificação de BGW independente. A cada unidade de tempo, cada célula nesse processo de ramificação pode morrer com probabilidade $1 - p_1$ ou se divide em duas células de tipo 1 com probabilidade p_1 . Em cada divisão, há probabilidade β_2 de cada uma das células-filhas ter mutação de tipo 2; essas são células cancerígenas. O objetivo é calcular a probabilidade de que uma célula cancerígena apareça durante a vida do tecido.

Supondo que em cada uma das D divisões temos probabilidade p de duas mutações sucessivas aparecerem, e que as divisões são independentes, temos:

$$P(\text{Não ter câncer}) = (1 - p)^D.$$

Para o cálculo de p , considere os seguintes eventos:

A_1 : Primeira mutação ocorre,

A_2 : Segunda mutação ocorre.

Portanto, p é dado por

$$p = P(A_1 \cap A_2) = P(A_1)P(A_2 | A_1).$$

Sabemos que $P(A_1) = \beta_1$ e $P(A_2 | A_1)$ é a probabilidade de ocorrer mutação em um processo de ramificação de BGW com um indivíduo no início, probabilidade de mutação β_2 e probabilidade de divisão p_1 . Então, conforme calculamos antes,

$$P(A_2 | A_1) = 1 - f(1, \beta_2, p_1).$$

Consequentemente,

$$p = \mu_1 (1 - f(1, \beta_2, p_1)),$$

onde

$$f(1, \beta_2, p_1) = \frac{1}{2p_1(1 - \beta_2)^2} \left(1 - \sqrt{1 - 4p_1(1 - p_1)(1 - \beta_2)^2} \right).$$

Agora, definimos $S(p_1, \beta_2) = 1 - f(1, \beta_2, p_1)$ e $\ell = \beta_1 D$. Então,

$$P(\text{Não ter câncer}) = (1 - p)^D \sim \exp\{-pD\} = \exp\{-\ell S(p_1, \beta_2)\}.$$

Essa fórmula mostra que β_1 e D são importantes somente por meio do produto ℓ , que também determina o grau de importância de p_1 e β_2 . Se ℓ é pequeno, então $\ell S(p_1, \beta_2) \leq \ell$, e a probabilidade do indivíduo não ter câncer será da ordem de ℓ , tornando p_1 e β_2 quase irrelevantes. Por outro lado, se ℓ é grande, então é bem provável que a primeira mutação ocorrerá; nesse caso, o aparecimento da segunda mutação depende de p_1 e β_2 .

Capítulo 4

Processo de Ramificação Binária a Tempo Contínuo

4.1 Definição e resultado principal

Conforme nos explica [Schinazi \(2014, Seção 8.1\)](#), o processo de ramificação binária a tempo contínuo é definido da seguinte forma: cada indivíduo gera um novo filho à taxa λ ou morre à taxa 1; indivíduos atuam independentemente uns dos outros. Assim, cada indivíduo da população tem duas variáveis aleatórias exponenciais independentes associadas a ele: uma com taxa λ e outra com taxa 1. Se a variável aleatória exponencial de taxa λ acontece antes, o indivíduo é substituído por outros dois. Se a de taxa 1 ocorre antes, o indivíduo morre, sem deixar prole. O número de indivíduos no tempo t é denotado por Z_t ; começamos com $Z_0 = 1$.

Teorema 4.1. *Um processo de ramificação binária a tempo contínuo $\{Z_t\}_{t \geq 0}$ tem probabilidade estritamente positiva de sobreviver se e somente se $\lambda > 1$. Além disso, para qualquer $\lambda > 0$, temos:*

$$\mathbb{E}(Z_t) = e^{(\lambda-1)t}, \quad t \geq 0.$$

Prova. Considere o processo Z_t em tempos inteiros $t = n$. Suponha que $Z_{n-1} = j \geq 0$. Se $j = 0$, então $Z_t = 0, \forall t > n - 1$. Se $j \geq 1$, então nomeamos cada indivíduo presente no tempo $n - 1$.

Seja Y_k o número de descendentes do k -ésimo indivíduo depois de uma unidade de tempo. Se o k -ésimo indivíduo não se dividiu entre $n-1$ e n significa que ainda está presente no tempo n , e fazemos $Y_k = 1$. Observe que $(Y_k)_{1 \leq k \leq j}$ são variáveis aleatórias independentes e identicamente distribuídas, e $Z_n = \sum_{k=1}^j Y_k$, $\forall n \geq 1$. Então, $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ é um processo de ramificação de BGW a tempo discreto. Note que $Z_t = 0$ para algum $t > 0$ se e somente se $Z_n = 0$ para algum $n \geq 1$. Então,

$$P(Z_t \neq 0, \forall t > 0) = P(Z_n \neq 0, \forall n > 0).$$

Em outras palavras, o problema de sobrevivência do processo de ramificação binária a tempo contínuo é equivalente àquele do processo de ramificação a tempo discreto correspondente. Sabemos que o processo de ramificação a tempo discreto tem probabilidade positiva de sobreviver se e somente se $\mathbb{E}(Y_1) > 1$. Calculemos, então, a esperança de Y_1 .

Denotamos por $M(t) = \mathbb{E}(Z_t | Z_0 = 1)$ o número esperado de indivíduos no tempo t . Com o intuito de obter uma equação diferencial para $M(t)$, condicionamos $M(t+h)$ no que ocorre entre os tempos 0 e h , com h próximo de 0. Sejam $X \sim \text{Exp}(\lambda)$, $W \sim \text{Exp}(1)$ variáveis aleatórias independentes, e $Y = \min(X, W)$. Então, temos 3 possibilidades:

(1) O indivíduo gera outro entre 0 e h , com probabilidade:

$$P(Z_h = 2 | Z_0 = 1) = P(Y = X)P(Y \leq h) = \frac{\lambda}{\lambda + 1}(1 - e^{-(\lambda+1)h}) = \lambda h + o(h).$$

Na última passagem, usamos a expansão de Taylor de $e^{-(\lambda+1)h} = 1 - (\lambda + 1)h + o(h)$.

(2) O indivíduo morre entre 0 e h , com probabilidade:

$$P(Z_h = 0 | Z_0 = 1) = P(Y = W)P(Y \leq h) = \frac{1}{\lambda + 1}(1 - e^{-(\lambda+1)h}) = h + o(h).$$

(3) O indivíduo não tem atividade entre 0 e h , com probabilidade:

$$P(Z_h = 1 | Z_0 = 1) = P(Y > h) = e^{-(\lambda+1)h} = 1 - (\lambda + 1)h + o(h).$$

Consequentemente,

$$\begin{aligned}
 M(t+h) &= P(Z_h = 2 \mid Z_0 = 1) \mathbb{E}(Z_{t+h} \mid Z_h = 2, Z_0 = 1) \\
 &\quad + P(Z_h = 0 \mid Z_0 = 1) \mathbb{E}(Z_{t+h} \mid Z_h = 0, Z_0 = 1) \\
 &\quad + P(Z_h = 1 \mid Z_0 = 1) \mathbb{E}(Z_{t+h} \mid Z_h = 1, Z_0 = 1) \\
 &= \lambda h(2M(t)) + [1 - (\lambda + 1)h]M(t) + o(h).
 \end{aligned}$$

Portanto,

$$\frac{M(t+h) - M(t)}{h} = (\lambda - 1)M(t) + \frac{o(h)}{h},$$

e, tomando o limite quando $h \rightarrow 0$,

$$M'(t) = (\lambda - 1)M(t) \Rightarrow M(t) = e^{(\lambda-1)t} + C.$$

Como $M(0) = 1$, temos que $C = 0$. Então,

$$\mathbb{E}(Z_t) = e^{(\lambda-1)t}, \quad t \geq 0.$$

Além disso,

$$\mathbb{E}(Y_1) = \mathbb{E}(Z_1) > 1 \iff \lambda > 1.$$

Assim, o processo $\{Z_t\}_{t \geq 0}$ sobrevive com probabilidade positiva se e somente se $\lambda > 1$. \square

4.2 Um modelo para a resposta imune

Em [Schinazi \(2014, Seção 8.2\)](#), estuda-se um processo de ramificação para responder a seguinte pergunta: um patógeno pode escapar do sistema imune em virtude apenas da sua alta probabilidade de mutação?

O modelo estudado tem dois parâmetros: $\lambda > 0$ e $r \in [0, 1]$. Começamos com um único patógeno no tempo 0. Cada patógeno gera um novo patógeno à taxa λ ; quando esse tempo aleatório ocorre, o patógeno-filho é do mesmo tipo do pai com probabilidade $1 - r$, e com

probabilidade r , uma mutação ocorre e o patógeno é de um tipo diferente de todos os outros anteriores. Dizemos que o indivíduo original é de tipo 1, e o k -ésimo tipo a aparecer é de tipo k . A taxa de nascimento permanece a mesma para todos os tipos, ignorando pressões de seleção natural.

Cada patógeno morre após um tempo exponencial com média 1. Quando um patógeno morre, todos do mesmo tipo morrem juntos, regra escolhida para imitar a resposta imune.

Proposição 4.1. *Se $\lambda \leq 1$, então os patógenos morrem, $\forall r \in [0, 1]$.*

Prova. Seja X_t o número de patógenos no tempo $t \geq 0$; começamos com $X_0 = 1$. Considere o processo $\{Z_t\}_{t \geq 0}$, também com $Z_0 = 1$, que evolui como $\{X_t\}_{t \geq 0}$, com as mesmas taxas de nascimento e morte. Porém, para $\{Z_t\}$, apenas um patógeno morre por vez, enquanto todos do mesmo tipo morrem juntos em $\{X_t\}$.

Construiremos os processos simultaneamente, de forma que $X_t \leq Z_t$ para todo $t \geq 0$. Sabemos que, em $t = 0$, $X_0 = Z_0 = 1$, logo a desigualdade é válida. Agora suponha que essa também vale para algum $s > 0$, $X_s \leq Z_s$, então vamos provar que nenhuma transição pode quebrar a desigualdade. Assuma que a primeira transição após s é um nascimento para $\{Z_t\}_{t \geq 0}$, temos duas possibilidades: (1) se o patógeno se dividindo existe em $\{X_t\}_{t \geq 0}$, então o nascimento ocorre em ambos os processos; (2) se o patógeno não existe em $\{X_t\}_{t \geq 0}$, o nascimento ocorre apenas em $\{Z_t\}_{t \geq 0}$. A desigualdade continua válida em qualquer uma das duas opções.

Suponha agora que a primeira transição após o tempo s é uma morte. Há duas alternativas: (1) se o patógeno morto existe em $\{X_t\}_{t \geq 0}$, então ele e todos do seu tipo morrem; (2) se o patógeno morto não existe em $\{X_t\}_{t \geq 0}$, então Z_s tem pelo menos um patógeno a mais que X_s , a morte ocorre somente em $\{Z_t\}_{t \geq 0}$, portanto a desigualdade permanece válida.

Como $\{Z_t\}_{t \geq 0}$ é um processo de ramificação a tempo contínuo, pelo Teorema 4.1, ele se extingue com probabilidade 1 para $\lambda \leq 1$. Visto que $X_t \leq Z_t$ para todo t , $\{X_t\}$ também morre com probabilidade 1. □

O próximo teorema especifica para quais valores de r e λ os patógenos sobrevivem com probabilidade positiva.

Teorema 4.2. *Os patógenos sobrevivem com probabilidade positiva se e somente se $r\lambda > 1$.*

Prova. Construiremos uma **árvore de tipos**, que guarda a genealogia dos diferentes tipos. Cada vértice da árvore será nomeado com um número inteiro positivo. Teremos um vértice k se e somente se um patógeno de tipo k nasce em algum momento. Desenhemos um elo entre j e k se o primeiro patógeno de tipo k nasceu de um patógeno de tipo j .

O resultado é uma árvore com raiz 1, já que todos os patógenos descendem do indivíduo inicial. Como os patógenos têm probabilidade estritamente positiva de morrer, extinguindo seu tipo, todos os tipos são eliminados no fim. Portanto, os patógenos sobrevivem se e somente se a árvore tem infinitos vértices.

Para $n \geq 0$, seja Z_n o número de tipos presentes à distância n da raiz. Vamos provar que $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ é um processo de ramificação de BGW a tempo discreto. Note que todos os tipos se comportam independentemente. Quando o primeiro patógeno de tipo k nasce, o número de filhos mutantes de k se desenvolve sem interferência dos outros tipos, pela independência entre nascimentos e pelo fato de que a morte afeta apenas patógenos de mesmo tipo. Além disso, todos os tipos têm distribuição do número de descendentes igual à do primeiro indivíduo. O processo é, dessa forma, um processo de ramificação de BGW, que sobrevive se e somente se a esperança da distribuição da progênie é maior que 1. Assim, para concluir a demonstração, basta mostrar que o valor esperado do número de tipos originados pelo primeiro indivíduo é igual a $r\lambda$.

Associamos a cada patógeno três variáveis aleatórias exponenciais independentes, com taxas 1, λr e $\lambda(1-r)$, associadas respectivamente à morte, ao nascimento de tipo diferente do pai e ao nascimento do mesmo tipo do pai. Se temos n patógenos de certo tipo, o tipo é destruído à taxa n e um novo tipo aparece à taxa $n\lambda r$.

Sejam X o número de tipos originados do tipo 1 e T o número de nascimentos de

patógenos de tipo 1, antes desse tipo desaparecer. Temos:

$$P(X = 0) = \sum_{n \geq 0} P(X = 0 | T = n)P(T = n).$$

Como os nascimentos são independentes, temos que $P(X = 0 | T = n) = (1 - r)^n$. Para $\{T = n\}$, precisamos de n nascimentos seguidos de uma morte de um patógeno de tipo 1. Se temos k patógenos de tipo 1, a taxa de nascimento é $k\lambda$ e a taxa de morte é k . Portanto, a probabilidade de um nascimento é:

$$\frac{k\lambda}{k\lambda + k} = \frac{\lambda}{\lambda + 1},$$

e a probabilidade de uma morte é:

$$\frac{k}{k\lambda + k} = \frac{1}{\lambda + 1}.$$

Então,

$$P(T = n) = \left(\frac{\lambda}{\lambda + 1}\right)^n \frac{1}{\lambda + 1}, n \geq 0.$$

Daí, segue que

$$P(X = 0) = \sum_{n \geq 0} (1 - r)^n \left(\frac{\lambda}{\lambda + 1}\right)^n \frac{1}{\lambda + 1} = \left(\frac{1}{\lambda + 1}\right) \frac{1}{1 - \left(\frac{\lambda - \lambda r}{\lambda + 1}\right)} = \frac{1}{1 + r\lambda}.$$

Agora, dado que temos $T = n$ nascimentos de patógenos de tipo 1, a distribuição condicional de X é binomial com parâmetros n e r . Assim, para $n \geq k \geq 1$,

$$P(X = k | T = n) = \binom{n}{k} r^k (1 - r)^{n-k},$$

o que nos leva a

$$P(X = k) = \sum_{n \geq k} \binom{n}{k} r^k (1 - r)^{n-k} \left(\frac{\lambda}{\lambda + 1}\right)^n \frac{1}{\lambda + 1} = \frac{(r\lambda)^k}{(r\lambda + 1)^{k+1}}, k \geq 0.$$

Portanto, a esperança de X é:

$$\mathbb{E}(X) = \sum_{k \geq 1} P(X \geq k) = \sum_{k \geq 1} \left(\frac{r\lambda}{r\lambda + 1} \right)^k = r\lambda,$$

e concluímos que os patógenos sobrevivem com probabilidade positiva se e somente se $r\lambda > 1$. □

4.3 Um modelo para a sobrevivência de um vírus

Em [Schinazi \(2014, Seção 8.3\)](#), estuda-se um processo de ramificação que modela a probabilidade de que um vírus sobreviva. O modelo tem dois parâmetros: $a > 0$ e $r \in [0, 1]$. Começamos com um indivíduo no tempo 0 e selecionamos uma taxa de nascimento λ com distribuição uniforme no intervalo $[0, a]$; essa distribuição tem densidade dada por

$$f(x) = \frac{1}{a}, \forall x \in [0, a].$$

O indivíduo inicial gera um filho à taxa λ e morre à taxa 1. Toda vez que há um novo nascimento, ocorre uma das alternativas:

- (1) com probabilidade $1 - r$, o filho mantém a mesma taxa de nascimento λ do pai, ou
- (2) com probabilidade r , o filho seleciona uma taxa de nascimento λ' , sorteada independentemente, com a mesma distribuição uniforme.

Assim, r é a probabilidade de mutação, e a taxa de nascimento representa a aptidão ou o genótipo do indivíduo. Como a distribuição uniforme é contínua, um genótipo não pode aparecer mais de uma vez.

Dizemos que o vírus sobrevive se a probabilidade de termos pelo menos um indivíduo em todos os momentos é positiva. O vírus morre se não há mais vírus após um tempo finito. Interessa-nos estabelecer se o tipo inicial pode sobreviver para sempre e em quais condições o vírus perdura.

Proposição 4.2. *Um tipo fixado sobrevive se e somente se $a(1 - r) > 1$.*

Prova. Todos os tipos têm a mesma probabilidade de sobrevivência, por isso nos concentramos no tipo 1. Seja X_t o número de indivíduos de tipo 1 no tempo t . Um indivíduo de tipo 1 tem um filho à taxa λ e morre à taxa 1. O novo indivíduo tem tipo 1 com probabilidade $1 - r$, ou é de tipo diferente com probabilidade r . Portanto, a taxa de nascimento de mesmo tipo é $(1 - r)\lambda$ e a de tipo diferente $r\lambda$. Daí, condicionado em λ , $\{X_t\}$ é um processo de ramificação binária a tempo contínuo.

Seja A o evento “ X_t sobrevive”, ou seja,

$$A = \{X_t > 0, \forall t > 0\}.$$

Então, pelo Teorema 4.1, $P(A | \lambda) > 0$ se e somente se $\lambda(1 - r) > 1$. Condicionando em λ , obtemos

$$P(A) = \int_0^a P(A | \lambda) f(\lambda) d\lambda = \frac{1}{a} \int_0^a P(A | \lambda) d\lambda.$$

Se $a(1 - r) \leq 1$, então $P(A | \lambda) = 0, \forall \lambda \in [0, a] \implies P(A) = 0$.

Por outro lado, se $a(1 - r) > 1$, então $P(A | \lambda) > 0$ para $\lambda \in (\frac{1}{1-r}, a]$, o que é suficiente para provar que $P(A) > 0$. \square

Proposição 4.3. *Seja $m(r)$ o número esperado de tipos gerados por um tipo fixado. Se $a(1 - r) < 1$, então:*

$$m(r) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{r\lambda}{1 - (1 - r)\lambda} d\lambda.$$

Se $a(1 - r) \geq 1$, então $m(r) = +\infty$.

Prova. Seja X_t o número de indivíduos de tipo 1 no tempo t . Definimos também Y_t o número de indivíduos que nasceram até o tempo t , os quais descendem de indivíduos de tipo 1 e têm tipo diferente.

Seja $h > 0$ próximo de 0. Cada indivíduo do tipo 1 gera entre t e $t + h$ um único novo tipo com probabilidade:

$$\frac{\lambda r}{1 + \lambda} (1 + e^{-(1+\lambda)h}) \sim \frac{\lambda r}{1 + \lambda} (1 - (1 - (\lambda + 1)h + o(h))) = \lambda r h + o(h).$$

Então,

$$\mathbb{E}(Y_{t+h} - Y_t | \lambda) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(Y_{t+h} - Y_t | \lambda)) = \lambda r h \mathbb{E}(X_t | \lambda) + o(h).$$

Dividindo ambos os lados por h e tomando o limite quando $h \rightarrow 0$, obtemos:

$$\frac{d}{dt} \mathbb{E}(Y_t | \lambda) = \lambda r \mathbb{E}(X_t | \lambda).$$

Mas, dado λ , $\{X_t\}$ é um processo de ramificação binária de BGW a tempo contínuo, logo pelo Teorema 4.1,

$$\mathbb{E}(X_t | \lambda) = e^{[(1-r)\lambda-1]t}.$$

Assim, podemos voltar à expressão anterior e integrar ambos os lados entre 0 e t :

$$\mathbb{E}(Y_t | \lambda) = \frac{\lambda r}{\lambda(1-r) - 1} \left(e^{[\lambda(1-r)-1]t} - 1 \right).$$

Daí, condicionando em λ , concluímos:

$$\mathbb{E}(Y_t) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{\lambda r}{\lambda(1-r) - 1} \left(e^{[\lambda(1-r)-1]t} - 1 \right) d\lambda.$$

Para obter o número esperado $m(r)$ de tipos originados do tipo 1, tomamos o limite de $\mathbb{E}(Y_t)$ quando $t \rightarrow \infty$. Se $a(1-r) < 1$, então a integral acima é própria e:

$$m(r) = \lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}(Y_t) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{\lambda r}{1 - \lambda(1-r)} d\lambda.$$

Em contrapartida, se $a(1-r) \geq 1$, a integral diverge e temos $m(r) = +\infty$. □

Proposição 4.4. *O vírus sobrevive se e somente se a árvore de tipos é infinita. Ou seja, se e somente se $m(r) > 1$.*

Prova. (\Leftarrow): Se a árvore de tipos é infinita, o processo gera infinitos indivíduos e portanto sobrevive para sempre.

(\Rightarrow): Suponha que a árvore de tipos é finita. Como a árvore é um processo de ramificação de BGW, temos $m(r) \leq 1$. Pela Proposição 4.3, concluímos que $a(1-r) < 1$, logo, pela

Proposição 4.2, nenhum tipo sobrevive. Como só temos um número finito de tipos, todos desaparecerão após um tempo finito, e portanto o processo se extingue após um tempo finito. \square

Proposição 4.5. *Seja $a > 2$. Então, o vírus sobrevive se a probabilidade de mutação r é suficientemente grande.*

Prova. É suficiente mostrar que a árvore de tipos é infinita. Voltamos à expressão para $m(r)$,

$$m(r) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{r\lambda}{1 - (1-r)\lambda} d\lambda.$$

Como $(1-r)\lambda > 0$, temos que $1 - (1-r)\lambda < 1$. Portanto:

$$m(r) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{r\lambda}{1 - (1-r)\lambda} d\lambda > \frac{1}{a} \int_0^a r\lambda d\lambda = \frac{ra}{2}.$$

Se $r > \frac{2}{a}$, então $m(r) > 1$ e a árvore de tipos é infinita. Como escolhemos $a > 2$, temos que $\frac{2}{a} < 1$. Assim, a árvore de tipos é infinita, $\forall r \in (\frac{2}{a}, 1]$. \square

Observamos que, nesse caso, $a = 2$ é um valor crítico. Se $1 < a < 2$, então a sobrevivência não é possível para r grande. A proposição a seguir mostra que, no caso $0 < a \leq 1$, a sobrevivência não é possível. Esse resultado não é surpreendente, já que nesse intervalo de a , λ é sempre menor do que a taxa de morte.

Proposição 4.6. *Suponha que $0 < a \leq 1$. Então, a sobrevivência não é possível para nenhum $r \in [0, 1]$.*

Prova. Calculamos a derivada de $m(r)$ com respeito a r :

$$m'(r) = \frac{1}{a} \int_0^a \frac{\lambda(1-\lambda)}{(1 - (1-r)\lambda)^2} d\lambda > 0, \forall r \in [0, 1].$$

Como a derivada é positiva, $m(r)$ é uma função crescente em r , portanto

$$m(r) \leq m(1) = \frac{1}{a} \int_0^a \lambda d\lambda = \frac{a^2}{2a} = \frac{a}{2} \leq \frac{1}{2}.$$

Assim, $m(r) < 1, \forall r \in [0, 1]$. A árvore de tipos é finita, e o processo se extingue quase certamente. \square

4.4 Um modelo para a persistência de bactérias

Em [Schinazi \(2014, Seção 8.4\)](#), o interesse é modelar a sobrevivência de bactérias frente à ação de um antibiótico. Consideramos que as bactérias têm dois estados: “normal”, que permite reprodução, mas as deixa vulneráveis ao ataque de um antibiótico e “persistente”, quando não se reproduzem, mas ficam resistentes ao antibiótico. O objetivo do exemplo é mostrar que essa é uma estratégia adequada para as bactérias e pode garantir sua sobrevivência.

Apresentamos agora o modelo: bactérias podem estar em dois estados: 1 sendo “normal” e 2, “persistente”. Uma bactéria no estado 1 está sujeita a duas transições possíveis: gerar um filho do estado 1, à taxa λ , ou mudar para o estado 2, à taxa a . Já uma bactéria no estado 2 tem somente uma transição possível: ir para o estado 1, à taxa b . Além disso, bactérias do tipo 1 podem ser mortas da seguinte forma: seja $T_i = iT$, com $i \geq 1$ e T uma constante positiva. Essa sequência define os tempos de administração do antibiótico; em cada um deles, todas bactérias de tipo 1 são mortas, as de tipo 2 não sofrem efeito.

Teorema 4.3. *Para quaisquer $a > 0, b > 0$ e $\lambda > 0$, existe um valor crítico T_c tal que as bactérias sobrevivem para sempre com probabilidade positiva se e somente se $T > T_c$.*

Observamos que o valor de T_c depende de a, b, λ , mas varia pouco com a e b .

Prova. Começamos o modelo com um número finito de bactérias. Definimos um processo estocástico discreto auxiliar $\{Z_n\}_{n \geq 0}$. Esperamos até o primeiro tempo de morte T e tomamos Z_0 como o número de bactérias no estado 2 no tempo T . Se $Z_0 = 0$, fazemos $Z_i = 0, \forall i \geq 1$. Se $Z_0 > 0$, esperamos até o segundo tempo de morte $2T$, e Z_1 é o número de bactérias no estado 2 no tempo $2T$. Em geral, para $k \geq 1$, definimos Z_k o número de bactérias no estado 2 no tempo $(k + 1)T$. Então, $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ é um processo de ramificação de BGW a tempo discreto, cuja sobrevivência equivale à sobrevivência da população de bactérias. Assim, precisamos

calcular $\mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = 1)$, já que o processo $\{Z_n\}$ só tem probabilidade positiva de sobreviver quando essa esperança é maior que 1.

Para $t < T_1$, sejam $x(t)$ o número esperado de bactérias no estado 1 e $y(t)$ o número esperado de bactérias no estado 2, no tempo t , para o processo começando com apenas uma bactéria no estado 2 no tempo 0. Para $h > 0$, temos:

$$x(t+h) - x(t) = \lambda hx(t) - ahx(t) + bhy(t) + o(h),$$

$$y(t+h) - y(t) = ahx(t) - bhy(t) + o(h).$$

Dividindo ambas as equações por h e fazendo $h \rightarrow 0$, obtemos:

$$x'(t) = (\lambda - a)x(t) + by(t),$$

$$y'(t) = ax(t) - by(t).$$

Esse é um sistema linear de equações diferenciais com coeficientes constantes, e matriz correspondente:

$$A = \begin{pmatrix} \lambda - a & b \\ a & -b \end{pmatrix}.$$

A matriz A tem autovalores

$$v_1 = \frac{-a - b + \lambda + \sqrt{\Delta}}{2} \quad \text{e} \quad v_2 = \frac{-a - b + \lambda - \sqrt{\Delta}}{2},$$

em que $\Delta = (a + b - \lambda)^2 + 4b\lambda$. Pode-se mostrar que $v_1 > 0 > v_2$. Os autovetores de A são:

$$\begin{pmatrix} \frac{-a + b + \lambda + \sqrt{\Delta}}{2a} \\ 1 \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad \begin{pmatrix} \frac{-a + b + \lambda - \sqrt{\Delta}}{2a} \\ 1 \end{pmatrix}.$$

A solução do sistema é, portanto,

$$x(t) = c_1 \frac{-a + b + \lambda + \sqrt{\Delta}}{2a} e^{v_1 t} + c_2 \frac{-a + b + \lambda - \sqrt{\Delta}}{2a} e^{v_2 t},$$

$$y(t) = c_1 e^{v_1 t} + c_2 e^{v_2 t}.$$

Com as condições iniciais $x(0) = 0$ e $y(0) = 1$, encontramos:

$$c_1 = 1 - c_2,$$

$$c_2 = \frac{b - a + \lambda + \sqrt{\Delta}}{2\sqrt{\Delta}}.$$

Temos $0 < c_1 < 1$, o que implica $c_2 > 0$. Então, a função $y(t)$ decai de $y(0) = 1$ para algum mínimo, e depois cresce para ∞ quando $t \rightarrow \infty$. Assim, existe um único $T_c > 0$ tal que $y(T_c) = 1$. O processo de ramificação de BGW acoplado $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ sobrevive com probabilidade positiva se e somente se $T > T_c$. □

Capítulo 5

Percolação

Neste capítulo, iniciamos o estudo do fenômeno de percolação, conforme apresentado por [Schinazi \(2014, Capítulo 10\)](#). Começamos com algumas definições:

Definição 5.1. Dizemos que os pontos $x = (x_1, x_2, \dots, x_d) \in \mathbb{Z}^d$ e $y = (y_1, y_2, \dots, y_d) \in \mathbb{Z}^d$ são **vizinhos mais próximos** se:

$$\sum_{i=1}^d |x_i - y_i| = 1.$$

Para cada $x \in \mathbb{Z}^d$, temos $2d$ **elos** (2 para cada dimensão) ligando x aos seus vizinhos mais próximos. Para $p \in [0, 1]$, declaramos cada elo como **aberto** com probabilidade p ou **fechado** com probabilidade $1 - p$, independentemente de todos os outros elos. O modelo assim definido é chamado **modelo de percolação de elos** em \mathbb{Z}^d .

Dizemos que há um caminho entre x e y se existe uma sequência $(x_i)_{0 \leq i \leq n}$ de pontos em \mathbb{Z}^d , tal que $x_0 = x$, $x_n = y$, e x_i e x_{i+1} são vizinhos mais próximos para $0 \leq i \leq n - 1$. O caminho é dito **aberto** se todos os elos x_i, x_{i+1} estão abertos para $0 \leq i \leq n - 1$.

Para $x \in \mathbb{Z}^d$ fixado, seja $C(x)$ o conjunto aleatório de y 's tais que temos um caminho aberto de x para y . Chamamos $C(x)$ o **aglomerado aberto** de x . Por conveniência, supomos que $x \in C(x)$. A distribuição de $C(x)$ é a mesma para todo x . Portanto, concentramo-nos em $C(0)$, que denotaremos por C . Seja $|C|$ o número de elementos de C .

Definição 5.2. Seja $\theta(p)$ a probabilidade de que a origem pertença a um aglomerado infinito, ou seja,

$$\theta(p) = P(|C| = \infty).$$

Se $\theta(p) > 0$, então dizemos que **ocorre percolação**.

Para $p = 0$, todos os elos estão fechados, portanto $\theta(0) = 0$; para $p = 1$, todos os elos estão abertos e $\theta(1) = 1$. Usando um argumento de acoplamento, podemos provar o seguinte resultado.

Teorema 5.1. *A função θ é crescente.*

Seja $p_c(d)$ o **valor crítico** do modelo de percolação em \mathbb{Z}^d ; $p_c(d)$ é definido por:

$$p_c(d) = \sup\{p \in [0, 1] : \theta(p) > 0\}.$$

Como θ é uma função crescente, $\theta(p) = 0$ para $p < p_c(d)$, enquanto $\theta(p) > 0$ para $p > p_c(d)$. Em outras palavras, se $p < p_c(d)$, então a origem pertence a um aglomerado finito com probabilidade 1. Se $p > p_c(d)$, a origem tem probabilidade positiva de estar em um aglomerado infinito. Se $p_c(d) \in (0, 1)$, o modelo apresenta **transição de fase**.

Teorema 5.2. *Ocorre transição de fase para a percolação em \mathbb{Z}^2 , no sentido de que $0 < p_c(2) < 1$.*

Ademais, valem os limitantes:

$$\frac{1}{3} \leq p_c(2) \leq \frac{11 + \sqrt{13}}{18}.$$

Observamos que $p_c(2)$ é exatamente igual a $1/2$, um teorema famoso em Percolação provado por [Kesten \(1980\)](#). Para $d \geq 3$, nenhum outro $p_c(d)$ foi encontrado.

Teorema 5.3. *Se $p < p_c(d)$, então a probabilidade de que exista um aglomerado aberto infinito em algum lugar de \mathbb{Z}^d é 0. Se $p > p_c(d)$, então a probabilidade de que exista um aglomerado aberto infinito em algum lugar de \mathbb{Z}^d é 1.*

Teorema 5.4. *A função θ é contínua à direita em $[0, 1]$.*

Teorema 5.5. *A função θ é contínua à esquerda em $[0, 1]$, com a possível exceção do ponto p_c .*

Para finalizar, apresentamos um teorema que trata do caso subcrítico. Definimos

$$S(n) = \{(x_1, x_2) \in \mathbb{Z}^2 : |x_1| = n \text{ ou } |x_2| = n\},$$

e seja $\{0 \rightarrow S(n)\}$ o evento de que existe um caminho de elos abertos da origem para algum ponto em $S(n)$.

Teorema 5.6. *Suponha que $p < p_c$. Então, existe $\alpha = \alpha(p) > 0$ tal que, para qualquer $n \geq 1$,*

$$P(0 \rightarrow S(n)) \leq e^{-\alpha n}.$$

O Teorema 5.6 mostra que, para $p < p_c$, a probabilidade de que a origem esteja conectada a $S(n)$ decai exponencialmente com n .

Referências Bibliográficas

K. B. Athreya; P. E. Ney. *Branching processes*. Springer, Berlin, Heidelberg, 1972. DOI: [10.1007/978-3-642-65371-1](https://doi.org/10.1007/978-3-642-65371-1).

R. Durrett. *Essentials of stochastic processes*. Springer Texts in Statistics. Springer, Cham, 3rd edition, 2016. DOI: [10.1007/978-3-319-45614-0](https://doi.org/10.1007/978-3-319-45614-0).

W. Feller. *An introduction to probability theory and its applications. Vol. I*. John Wiley & Sons, New York, 3rd edition, 1968.

G. R. Grimmett; D. R. Stirzaker. *Probability and random processes*. Oxford University Press, New York, 3rd edition, 2001.

H. Kesten. The critical probability of bond percolation on the square lattice equals $\frac{1}{2}$. *Comm. Math. Phys.* 74(1), 41–59, 1980.

M. Kimmel; D. E. Axelrod. *Branching processes in Biology*. Interdisciplinary Applied Mathematics. Springer, New York, 2nd edition, 2015. DOI: [10.1007/978-1-4939-1559-0](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1559-0).

K. Pearson. The problem of the random walk. *Nature*, 72:342, 1905. DOI: [10.1038/072294b0](https://doi.org/10.1038/072294b0).

M. A. Pinsky; S. Karlin. *An introduction to stochastic modeling*. Academic Press, Amsterdam, 4th edition, 2011. DOI: [10.1016/B978-0-12-381416-6.00001-0](https://doi.org/10.1016/B978-0-12-381416-6.00001-0).

R. B. Schinazi. *Classical and spatial stochastic processes. With applications to Biology*. Springer, New York, 2nd edition, 2014. DOI: [10.1007/978-1-4939-1869-0](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1869-0).