

Encontro Nacional da Sociedade Portuguesa de Matemática

25 a 28 de Junho de 2008

ISEC

Probabilidades e Estatística

Org. António Pacheco

27 de Junho, 6^a feira, 14h-15h30m

- M. Manuela Neves: *Estatística e Ciências Biológicas - o encontro nas Aplicações*
- Luzia Gonçalves: *Bioestatística: Aplicações versus Teoria*
- Russell Alpizar-Jara: *Modelos de Captura-Recaptura e Aplicações*

28 de Junho, Sábado, 11h-12h30

- Maria Eduarda Silva: *Processos INAR na análise de séries de contagem*
- Marina Andrade e Manuel Alberto M. Ferreira: *Análise e avaliação de misturas de DNA*
- Gonçalo Jacinto, Nelson Antunes e António Pacheco: *Distribuições dos tempos de duração dos caminhos em redes de telecomunicações móveis ad hoc*

MODELOS DE CAPTURA-RECAPTURA E APLICAÇÕES

Russell Alpizar-Jara

CIMA e Departamento de Matemática, Universidade de Évora

Resumo

Os modelos de captura-recaptura, comumente usados para estimar a abundância e os parâmetros demográficos associados à dinâmica das populações animais, têm tido um desenvolvimento acelerado nas últimas décadas. Enfatizaremos a estimação da riqueza de espécies, como indicador de biodiversidade, e do número de indivíduos com doenças crônicas em problemas epidemiológicos. Abordaremos também algumas aplicações nas Ciências Sociais, como a subcontagem nos censos de população e a estimação de populações evasivas. Estas aplicações ser-nos-ão úteis para sublinhar alguns problemas de natureza teórica de maior interesse. Por exemplo, a modelação da heterogeneidade nas probabilidades de captura apresenta problemas de identificabilidade e estimabilidade de parâmetros. Discutiremos algumas das abordagens propostas, as suas vantagens e limitações, assim como também possíveis alternativas em desenvolvimento.

ANÁLISE E AVALIAÇÃO DE MISTURAS DE DNA

Marina Andrade e Manuel Alberto M. Ferreira

ISCTE Business School, Department of Quantitative Methods

Av. das Forças Armadas, Lisboa

Resumo

O crescente interesse que a estatística forense tem vindo a alcançar, associado às novas questões suscitadas pelo avanço das técnicas de *DNA profiling*, fomentam a necessidade de desenvolver recursos que permitam um tratamento eficiente dos problemas que a cada momento se colocam. Neste trabalho pretende-se discutir duas abordagens diferentes na análise de misturas de DNA. Partimos de uma mistura com apenas dois indivíduos alargando seguidamente a análise a um maior número de possíveis contribuintes na mistura.

Para as misturas encontradas importa definir quais as hipóteses a considerar e as que se pretendem comparar. Para além das hipóteses que lideram a disputa em tribunal - hipótese da acusação e da defesa - podem existir outras que não devem ser desprezadas. Importa então saber como avaliar as várias hipóteses de forma eficiente. Uma abordagem algébrica pode ser suficiente para misturas de dimensão fixa e reduzida, mas torna-se demasiado morosa e complexa à medida que se admite mais indivíduos na mistura. O uso de redes bayesianas na análise e avaliação de casos complexos de mistura permite calcular de forma rápida e eficiente os valores da verosimilhança para as diferentes hipóteses que se pretendem avaliar.

BIOESTATÍSTICA: APLICAÇÕES *versus* TEORIA

Luzia Gonçalves

CEAUL e Unidade de Epidemiologia e Bioestatística,
Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa

Resumo

Nos últimos anos, a Bioestatística tem acentuado o seu carácter transversal e multidisciplinar, traduzindo-se numa maior intervenção dos estatísticos no delineamento e implementação de projectos de investigação. O papel tradicional da Bioestatística no tratamento de dados sofreu também o impacto do desenvolvimento de algumas áreas (*e.g.* Biologia Molecular) havendo necessidade de desenvolver novas metodologias estatísticas *e/ou* adaptar as existentes. Este aspecto veio reforçar a ligação com outras áreas, habitualmente não contempladas nas instituições biomédicas, como: a Teoria das Probabilidades, a Investigação Operacional e as Ciências da Computação. Neste trabalho, fazendo referência ao Projecto “Epidemiologia e Controlo da Leptospirose nos Açores”, aborda-se a problemática do diálogo com outras áreas do saber, ilustrando os esforços e as dificuldades sentidas no terreno para efectuar uma amostragem aleatória. Através de problemas práticos exemplifica-se ainda a necessidade de rever conceitos teóricos importantes nas aplicações epidemiológicas, como os intervalos de confiança para proporções (próximas de 0 ou 1) e, conseqüentemente, com o cálculo do tamanho da amostra.

Em oposição à Estatística Teórica, as linhas de investigação em Bioestatística beneficiam da diversidade de problemas práticos e do diálogo com outros profissionais. Enquanto que no ensino e no campo teórico, os exemplos de aplicação (se existirem) são escolhidos por conveniência, nas aplicações biomédicas lida-se permanentemente com dados e com problemas reais que raramente obedecem aos pressupostos enumerados nos compêndios teóricos.

DISTRIBUIÇÕES DOS TEMPOS DE DURAÇÃO DOS CAMINHOS EM REDES DE TELECOMUNICAÇÕES MÓVEIS AD HOC

Gonçalo Jacinto^(a), Nelson Antunes^(b), António Pacheco^(c)

^(a)Universidade de Évora, CIMA e Departamento de Matemática

^(b)Universidade do Algarve, CEMAT e Departamento de Matemática

^(c)Instituto Superior Técnico, CEMAT e Departamento de Matemática

Resumo

As redes de telecomunicações móveis ad hoc sem fios são caracterizadas pela ausência de infra-estruturas e por serem organizadas autonomamente. Estas redes possuem uma elevada aleatoriedade e complexidade devido à mobilidade dos nós e à forma dinâmica como as ligações são criadas. Uma das características mais importantes na avaliação de desempenho destas redes é o tempo de duração de um caminho entre um nó fonte e um nó destino. Por causa do raio de transmissão de cada nó ser limitado, um caminho entre dois nós (fonte e destino) é usualmente estabelecido utilizando vários nós intermédios que asseguram a comunicação entre ambos.

Neste trabalho estudamos a duração dos caminhos numa rede móvel ad hoc sem fios quando os nós se movimentam no plano através do modelo de mobilidade passeio aleatório. Para isso, utilizamos processos de Markov determinísticos por troços e com eles desenvolvemos um modelo de mobilidade conjunto. Através deste modelo, conseguimos obter o tempo médio de duração de um caminho e a sua função de sobrevivência para caminhos com qualquer número de nós intermédios. Tanto quanto conhecemos, apenas existem resultados assintóticos para a duração dos caminhos com os pressupostos que as ligações entre os nós intermédios são independentes. Finalmente, apresentamos resultados numéricos para exemplificar os resultados analíticos.

ESTATÍSTICA E CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - O ENCONTRO NAS APLICAÇÕES

M. Manuela Neves

DM/ISA/Universidade Técnica de Lisboa

Resumo

A Estatística tem vindo a desempenhar um papel cada vez mais relevante na modelação, análise e compreensão da dinâmica e evolução dos fenómenos ligados às diferentes áreas das Ciências Biológicas. Abordando temas relacionadas com a vida - as características e comportamento dos organismos, a origem de espécies e indivíduos, a forma como estes interagem uns com os outros e com o seu ambiente,... as Ciências Biológicas estudam a vida nas mais variadas escalas. Por isso, relacionados com a Ciências Biológicas, surgem hoje os mais diversos problemas: questões de saúde pública (reprodução, gripe das aves, bactérias resistentes...), ambiente (reciclagem, poluição, alterações de paisagem...), ecologia (conservação de espécies, melhoramento genético, distribuição e abundância de espécies, selecção de habitats..).

Pela complexidade e diversidade dos assuntos que tratam, as Ciências Biológicas constituem uma área rica de interdisciplinaridade. Uma dessas disciplinas é a Estatística. Na obtenção adequada dos dados e seu tratamento, há muito se reconheceu a necessidade da intervenção da estatística, com o uso de técnicas adequadas de amostragem, estimação, modelação, previsão, etc. O recurso a metodologias recentes, quer de tratamento quer de replicação de dados, quando estes são insuficientes, tem sido um auxiliar precioso das Ciências Biológicas.

Mas, se a Estatística encontra nas Ciências Biológicas um vastíssimo campo de aplicações, tem também beneficiado do carácter experimental e espírito crítico que lhe são intrínsecos.

Propomo-nos fazer uma apresentação de algumas aplicações em Ciências Biológicas e dos procedimentos estatísticos utilizados no seu estudo, trazendo à discussão alguns problemas concretos.

PROCESSOS INAR NA ANÁLISE DE SÉRIES DE CONTAGEM

Maria Eduarda Silva

Faculdade de Economia, Universidade do Porto

UI&D Matemática e Aplicações, Universidade de Aveiro

Resumo

A análise de séries de contagem é, actualmente, um tópico que suscita grande interesse em análise de séries. Os modelos ARMA, modelos lineares e frequentemente Gaussianos, são de uso limitado na modelação de séries de contagem, uma vez que a multiplicação de uma variável aleatória de valor inteiro por uma constante produz uma variável não inteira. Uma solução para este problema consiste em substituir a multiplicação usual por uma operação aleatória dita thinning (Steutel and Van Harn (1979)). Um dos modelos baseados nesta operação é o modelo autorregressivo de valor inteiro (INAR), proposto por Al-Osh e Alzaid (1987), Alzaid e Al-Osh (1990), Du e Li (1991). A partir deste modelo obtém-se uma classe interessante de processos de valor inteiro que permitem a especificação da estrutura de dependência e a escolha da distribuição marginal de entre uma grande classe de distribuições discretas.

Nesta comunicação revêem-se as propriedades probabilísticas deste modelo, a sua relação com os processos estocásticos ramificados multivariados com imigração, BGWI e aborda-se o problema da estimação dos parâmetros do modelo.