

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
Instituto de Ciências Exatas
Programa de Pós-graduação em Estatística
Especialização em Estatística Computacional Aplicada

Priscila Ferraz Franczak

**Modelagem Estatístico-Computacional para Predição de Casos de Dengue no
Município de Joinville (SC)**

Belo Horizonte
2025

Priscila Ferraz Franczak

**Modelagem Estatístico-Computacional para Predição de Casos de Dengue no
Município de Joinville (SC)**

Monografia de especialização apresentada ao Programa de Pós-graduação em Estatística da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para a obtenção do título de Especialista em Estatística Computacional Aplicada.

Orientadora: Profa. Dra. Jussiane Nader Gonçalves

Belo Horizonte
2025

2025, Priscila Ferraz Franczak.

F826m	<p>Franczak, Priscila Ferraz.</p> <p>Modelagem estatístico-computacional para predição de casos de dengue no município de Joinville (SC) [recurso eletrônico] / Priscila Ferraz Franczak — 2025. 1 recurso online (36 f. il.): pdf.</p> <p>Orientadora: Jussiane Nader Gonçalves.</p> <p>Monografia(especialização) - Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Exatas, Departamento de Estatística.</p> <p>Referências: f. 35-36</p> <p>1. Estatística. 2. Modelos lineares (Estatística). 3. Dengue - Epidemiologia - Joinville (SC). I. Gonçalves, Jussiane Nader. II. Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Exatas, Departamento de Estatística. III. Título.</p> <p style="text-align: right;">CDU 519.2(043)</p>
-------	--

Ficha catalográfica elaborada pela bibliotecária Irénquer Vismeg
Lucas Cruz - CRB 6ª Região - nº 819.



Universidade Federal de Minas Gerais
Instituto de Ciências Exatas
Departamento de Estatística
Programa de Pós-Graduação / Especialização
Av. Pres. Antônio Carlos, 6627 - Pampulha
31270-901 – Belo Horizonte – MG

E-mail: pgest@ufmg.br
Tel: 3409-5923 – FAX: 3409-5924

ATA DO 359ª. TRABALHO DE FIM DE CURSO DE ESPECIALIZAÇÃO EM ESTATÍSTICA DE PRISCILA FERRAZ FRAN CZAK.

Aos doze dias do mês de dezembro de 2025, às 13:30 horas, com utilização de recursos de videoconferência a distância, reuniram-se os professores abaixo relacionados, formando a Comissão Examinadora homologada pela Comissão do Curso de Especialização em Estatística, para julgar a apresentação do trabalho de fim de curso da aluna **Priscila Ferraz Franczak** intitulado: “Modelagem Estatístico-Computacional para Predição de Casos de Dengue no Município de Joinville (SC)”, como requisito para obtenção do Grau de Especialista em Estatística. Abrindo a sessão, a Presidente da Comissão, Jussiane Nader Gonçalves – Orientadora, após dar conhecimento aos presentes do teor das normas regulamentares, passou a palavra à candidata para apresentação de seu trabalho. Seguiu-se a arguição pelos examinadores com a respectiva defesa da candidata. Após a defesa, os membros da banca examinadora reuniram-se sem a presença da candidata e do público, para julgamento e expedição do resultado final. Foi atribuída a seguinte indicação: a candidata foi considerada aprovada condicional às modificações sugeridas pela banca examinadora no prazo de 30 dias a partir da data de hoje por unanimidade. O resultado final foi comunicado publicamente ao candidato pela Presidente da Comissão. Nada mais havendo a tratar, a Presidente encerrou a reunião e lavrou a presente Ata, que será assinada por todos os membros participantes da banca examinadora. Belo Horizonte, 12 de dezembro de 2025.

Documento assinado digitalmente



JUSSIANE NADER GONCALVES
Data: 18/12/2025 09:39:57-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Jussiane Nader Gonçalves (Orientadora)
DEST/UFMG

Documento assinado digitalmente



THAIS ROTSEN CORREA
Data: 18/12/2025 18:12:00-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Thais Rotsen Correa
DEST/UFMG

A mim mesma, pela resiliência construída ao longo deste percurso e pela força silenciosa que sustentou cada etapa deste trabalho.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), pela qualidade da formação oferecida ao longo do curso de especialização, que proporcionou a base teórica e metodológica necessária para o desenvolvimento deste trabalho.

À Profa. Dra. Jussiane, de forma especial, pela orientação, humanidade, sensibilidade e incentivo constantes, fundamentais para a condução deste estudo e para minha trajetória acadêmica durante o curso.

À Universidade da Região de Joinville (Univille), por permitir a utilização do escopo do Projeto DengueMap, viabilizando a integração entre pesquisa acadêmica e ações desenvolvidas no âmbito institucional.

Por fim, agradeço a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

“O que não se mede, não se gerencia” (William E. Deming).

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo modelar e prever a incidência de dengue no município de Joinville (SC) entre 2020 e 2023, utilizando modelos estatísticos de contagem aplicados a dados agregados por bairro. Realizou-se um estudo ecológico, quantitativo e observacional, com unidade de análise composta pelos bairros ao longo da série histórica. Os dados incluíram casos notificados, população e indicadores ambientais, com destaque para a proporção de vegetação. Após análise exploratória, foram ajustados modelos de Regressão de Poisson e Binomial Negativa, ambos com offset logarítmico da população. A presença marcante de superdispersão tornou o modelo de Poisson inadequado, enquanto o modelo Binomial Negativa apresentou melhor ajuste, menores valores de AIC, resíduos mais homogêneos e consistentes. Os resultados indicaram aumento anual significativo da incidência, forte associação inversa entre cobertura vegetal e número de casos, além de expressiva heterogeneidade espacial, com bairros periféricos concentrando maior risco relativo. Conclui-se que o modelo Binomial Negativa é estatística e epidemiologicamente mais apropriado para representar a dinâmica espaço-temporal da dengue em Joinville, sendo uma ferramenta útil para vigilância epidemiológica e planejamento de ações de controle.

Palavras-chave: modelos lineares generalizados; distribuição binomial negativa; incidência de dengue.

ABSTRACT

This study aimed to model and predicted dengue incidence in the city of Joinville, southern Brazil, from 2020 to 2023 using statistical count models applied to neighborhood-level aggregated data. An ecological, quantitative, and observational multiple-group design was conducted, with neighborhoods serving as the unit of analysis across the historical series. The dataset included reported dengue cases, population estimates, and environmental indicators, particularly vegetation proportion. After exploratory analysis, Poisson and Negative Binomial regression models were fitted, both incorporating a population offset. Strong overdispersion rendered the Poisson model inadequate, while the Negative Binomial model showed superior performance, with lower AIC, more homogeneous residuals, and consistent half-normal plots. Results indicated a significant yearly increase in dengue incidence, a strong inverse association between vegetation cover and case counts, and substantial spatial heterogeneity, with higher relative risks concentrated in peripheral neighborhoods. The findings demonstrate that the Negative Binomial model is statistically and epidemiologically more appropriate for capturing the spatiotemporal dynamics of dengue transmission in Joinville and provides a valuable tool for epidemiological surveillance and vector-control planning.

Keywords: generalized linear models; negative binomial distribution; dengue incidence.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
2. DADOS E METODOLOGIA	13
2.1 Tipo de estudo e unidade de análise	13
2.2 Fonte e preparação dos dados.....	13
2.3 Análise exploratória.....	14
2.4 Modelagem estatística.....	15
2.5 Modelos Lineares Generalizados	15
2.6 Diagnóstico dos modelos	16
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
3.1 Análise exploratória.....	17
3.2 Modelagem estatística.....	22
4. CONCLUSÃO	34
REFERÊNCIAS.....	35

1. INTRODUÇÃO

A dengue é transmitida pelo mosquito *Aedes aegypti* e representa um importante desafio para a saúde pública brasileira (Leandro et al., 2024). Sua ocorrência está associada a fatores ambientais e sociais, como temperatura, chuvas e densidade urbana (Sajib et al., 2024). O município de Joinville, por apresentar alta densidade populacional e clima tropical úmido, tem registrado ciclos epidêmicos recorrentes, reforçando a necessidade de abordagens quantitativas para vigilância e prevenção.

Os modelos matemáticos são amplamente empregados em epidemiologia para descrever a dinâmica de infecções. Entre eles, os modelos lineares generalizados (MLG) com distribuições de contagem são especialmente úteis para dados discretos como o número de casos de doenças infecciosas (Al-Manji et al., 2025).

Entre os métodos matemáticos disponíveis, os modelos de regressão de contagem têm sido utilizados em estudos de dengue, pois permitem modelar o número de casos em função de variáveis explicativas como o tempo, vegetação, densidade populacional entre outros (Leandro et al., 2024; Lorenz et al., 2025).

Segundo Lee et al. (2021), a urbanização, a densidade populacional e a conectividade entre áreas urbanas aumentam a vulnerabilidade à disseminação do vetor da dengue em cidades brasileiras. De forma semelhante, Heath et al. (2025) demonstram que áreas urbanizadas e com menor cobertura vegetal tendem a apresentar maior número de criadouros potenciais e microclimas favoráveis à sobrevivência dos mosquitos. Em contraste, a presença de vegetação abundante atua como um fator moderador, influenciando temperatura e umidade locais, e, conseqüentemente, reduzindo o potencial de reprodução do vetor. Esses resultados corroboram o padrão observado em Joinville, onde a combinação entre densidade populacional elevada e características ambientais favoráveis tende a intensificar os ciclos epidêmicos.

Diversos estudos têm demonstrado que os casos de dengue apresentam comportamento típico de dados de contagem, frequentemente marcados por forte sobredispersão, dependência temporal e estruturas espaciais complexas, demandando modelos matemáticos mais robustos, como a regressão de Poisson, a regressão Binomial Negativa e suas extensões, para variáveis quantitativas discretas.

Esses modelos têm sido amplamente utilizados para investigar desde a influência do clima sobre a dinâmica vetorial até a previsão de surtos, reforçando seu papel central na epidemiologia quantitativa.

No Brasil, Santos et al. (2024) analisaram a distribuição espacial da dengue em Foz do Iguaçu utilizando Modelos Lineares Generalizados associados a Mapas de Autovetores de Moran (MAMs), revelando que tanto fatores locais quanto estruturas espaciais em múltiplas escalas influenciam a ocorrência da doença. Os autores demonstraram que os modelos de Poisson frequentemente apresentavam sobredispersão, sendo então substituídos pelos modelos Binomial Negativa, que se ajustaram de forma mais adequada aos dados. Além disso, observaram que, em diferentes desfechos analisados, as variáveis espaciais explicaram grande parte da variação, evidenciando a importância de considerar a dependência espacial na modelagem epidemiológica.

Em contexto internacional, Al-Manji et al. (2025) desenvolveram um estudo abrangente em Omã, no qual compararam quatro modelos hierárquicos bayesianos: Poisson, Poisson com defasagens, Binomial Negativa e Binomial Negativa com defasagens, para prever casos semanais de dengue. Os autores incorporaram até 12 semanas de defasagens climáticas e entomológicas para capturar os efeitos atrasados típicos do ciclo de transmissão. Os resultados indicaram que o modelo Binomial Negativa com defasagens apresentou o melhor desempenho preditivo, reforçando a relevância de lidar simultaneamente com sobredispersão, dependência temporal e aleatoriedade espacial na vigilância epidemiológica.

Em uma análise multinacional envolvendo 11 países altamente afetados pela dengue, Rahman et al. (2024) também compararam diversos modelos de contagem: Poisson, Binomial Negativa, Poisson com Inflacionamento de Zeros e Binomial Negativa com Inflacionamento de Zeros, demonstrando que a variável resposta apresentava variância centenas de vezes superior à média, configurando um caso clássico de sobredispersão. Dessa forma, os autores concluíram que o modelo Binomial Negativa era o mais adequado para avaliar a influência de fatores climáticos e demográficos sobre a incidência anual de dengue. Esse achado é consistente com a literatura que aponta a inadequação do modelo Poisson em muitos cenários epidemiológicos, especialmente quando há grande heterogeneidade entre unidades de análise.

Outro aspecto relevante na modelagem da dengue refere-se aos efeitos não lineares e às influências climáticas extremas. Lorenz et al. (2025) analisaram a relação entre ondas de calor e casos de dengue em São Paulo e Natal utilizando modelos Binomial Negativa e modelos não lineares do tipo Não Linear de Defasagens Distribuídas. Os autores observaram que ondas de calor intensas tiveram efeito inibitório sobre a transmissão, ao passo que a temperatura mínima apresentou associação positiva com o aumento dos casos. O estudo reforça a complexidade da influência climática sobre o vetor, ressaltando a importância de considerar tanto efeitos imediatos quanto defasados, bem como relações não lineares.

Conjuntamente, esses estudos convergem para três pontos fundamentais: dados de dengue são tipicamente sobredispersos, o que torna a regressão Binomial Negativa especialmente adequada; variáveis climáticas e entomológicas frequentemente apresentam efeitos defasados, exigindo modelos capazes de incorporar defasagens temporais; e fatores espaciais influenciam fortemente a distribuição dos casos, sugerindo que modelos que ignoram essa estrutura tendem a subestimar padrões epidemiológicos relevantes. Dessa forma, a literatura recente oferece suporte teórico e metodológico consistente para o uso de modelos de contagem, particularmente Poisson e Binomial Negativa, como ferramentas adequadas para investigar a dinâmica da dengue em diferentes contextos geográficos e temporais.

A compreensão e previsão da evolução temporal dos casos de dengue são fundamentais para orientar ações preventivas e otimizar recursos da vigilância epidemiológica. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi modelar e prever o número de casos de dengue em Joinville utilizando os modelos de regressão de Poisson e Binomial Negativa, avaliando seu desempenho e aplicabilidade no contexto de vigilância epidemiológica.

Ao longo deste trabalho, as etapas metodológicas, os resultados e as implicações epidemiológicas são apresentados de forma estruturada.

Primeiramente, na seção Dados e Metodologia descrevem-se o delineamento ecológico adotado, a preparação da base de dados, os procedimentos de análise exploratória e a especificação dos Modelos Lineares Generalizados utilizados, com ênfase nos modelos Poisson e Binomial Negativa.

Em seguida, na seção de Resultados e Discussão apresentam-se a comparação entre os modelos, os diagnósticos de ajuste, as razões de taxa estimadas e a interpretação epidemiológica dos padrões observados entre os bairros de Joinville.

Por fim, na seção Conclusão são sintetizadas as principais contribuições do estudo, suas implicações para a vigilância epidemiológica municipal e recomendações para pesquisas futuras, especialmente no que se refere à incorporação de séries históricas mais longas e variáveis ambientais adicionais.

Essa organização permite que o leitor acompanhe de maneira clara e progressiva o desenvolvimento analítico e o raciocínio científico que fundamentam os resultados apresentados neste Trabalho de Conclusão de Curso.

2. DADOS E METODOLOGIA

A seguir apresenta-se a abordagem metodológica que orientou o desenvolvimento do presente estudo, incluindo o delineamento da pesquisa, a estruturação da base de dados, as etapas de análise exploratória e os modelos estatísticos empregados. O objetivo é fornecer uma visão clara do caminho analítico percorrido, garantindo transparência e reprodutibilidade das etapas realizadas.

2.1 Tipo de estudo e unidade de análise

Realizou-se um estudo ecológico, quantitativo e observacional do tipo múltiplos grupos, no qual a unidade de análise corresponde aos bairros do município de Joinville ao longo dos diferentes anos da série histórica. Foram utilizados agregados anuais de casos notificados de dengue, população residente e indicadores ambientais, especificamente as proporções de vegetação e de urbanização. Estudos ecológicos são adequados quando se pretende avaliar padrões populacionais, diferenças territoriais e associações entre variáveis ambientais e desfechos em saúde, especialmente quando os dados se encontram agregados por áreas geográficas (Morgenstern, 1998; Rothman, Greenland & Lash, 2008).

Esse delineamento é amplamente empregado em pesquisas sobre vigilância epidemiológica e análise espacial de doenças transmitidas por vetores, por permitir a identificação de heterogeneidades territoriais, tendências temporais e contextos socioambientais associados à transmissão de arboviroses (Hales et al., 2002; Costa et al., 2024).

2.2 Fonte e preparação dos dados

Os dados utilizados neste estudo provinham de uma planilha previamente organizada com informações dos bairros de Joinville para os anos de 2020 a 2023. A planilha continha o número anual de casos de dengue, as estimativas populacionais e dois indicadores ambientais: a proporção de vegetação e a proporção de área urbanizada em cada bairro. Os dados da dengue foram retirados do Sistema Nacional de Agravos e Notificação (SINAN).

Todas as análises foram realizadas no software R, versão 4.5.0 (R CORE TEAM, 2025), um ambiente livre e amplamente utilizado em estatística computacional. A preparação e reestruturação da base de dados foram conduzidas com funções do pacote *tidyverse*, especialmente *tidyr* e *dplyr*. Os modelos de regressão de Poisson e

Binomial Negativa foram ajustados por meio do pacote MASS, enquanto os diagnósticos gráficos, incluindo envelopes Half-Normal, foram obtidos com o pacote *hnp*. A extração e organização dos resultados (coeficientes, erros-padrão, valores-p e razões de taxa IRR) foram realizadas com o pacote *broom*. Todas as visualizações foram elaboradas com o pacote *ggplot2*.

Para tornar possível a modelagem estatística, a base foi reestruturada: inicialmente organizada no formato *wide* (com variáveis distribuídas em várias colunas por ano), ela foi convertida para o formato *long*, de forma que cada linha representasse uma combinação “bairro-ano”. Após a padronização da estrutura, os bairros foram tratados como um fator categórico, enquanto o ano foi considerado como uma variável contínua, permitindo avaliar tendências temporais ao longo do período estudado.

Portanto, pensando no objetivo deste trabalho, que consiste na modelagem da incidência de dengue na cidade de Joinville, a variável dependente foi o número de casos, enquanto as variáveis explicativas (independentes) consideradas foram o ano, proporção de vegetação e os bairros, cuja categoria de referência para efetuar as comparações foi o bairro Aventureiro. O offset logarítmico da população foi utilizado para ajustar o modelo ao risco populacional, estratégia recomendada para modelagem de incidência em estudos epidemiológicos.

2.3 Análise exploratória

A análise exploratória constituiu a etapa inicial do estudo, permitindo a compreensão do comportamento dos dados antes da modelagem estatística. Foram construídos *boxplots* para comparar a incidência de dengue entre os bairros e entre diferentes categorias de proporção de vegetação, possibilitando visualizar padrões de dispersão, assimetria e potenciais valores extremos.

A variável proporção de vegetação foi categorizada em três níveis (‘Baixa’, ‘Média’, ‘Alta’) seguindo prática de criar categorias para agrupar ambientes com cobertura vegetal distinta. Embora a literatura recomende cautela ao categorizar variáveis contínuas (Beltrán & Tarwater, 2024), optou-se por essa estratégia para facilitar a interpretação e comparação entre bairros com diferentes níveis de vegetação.

Além disso, gráficos de dispersão foram elaborados para examinar a relação entre a proporção de vegetação e a incidência de casos, buscando indícios visuais de

associações ou tendências que pudessem orientar as etapas posteriores da análise inferencial.

2.4 Modelagem estatística

Para modelar o número de casos de dengue por bairro-ano, foram ajustados Modelos Lineares Generalizados com distribuição de Poisson e Binomial Negativa, ambos apropriados para variáveis de contagem. A regressão de Poisson foi considerada o modelo inicial, uma vez que é a mais utilizada na literatura. Também foi ajustado um modelo de regressão Binomial Negativa, que ao incorporar um parâmetro adicional de dispersão, pode ser tornar mais adequado quando a variância excede a média (Hilbe, 2014)

Esses modelos permitiram avaliar simultaneamente os efeitos do tempo, da estrutura espacial (bairros) e dos indicadores ambientais sobre a variação anual dos casos de dengue, utilizando o logaritmo da população como termo de offset para padronizar as taxas.

2.5 Modelos Lineares Generalizados

Os modelos de regressão de contagem foram ajustados utilizando o número de casos de dengue como variável resposta e as variáveis ano, proporção de vegetação e bairro como preditoras. As equações dos modelos estimados utilizaram o logaritmo da população do bairro como termo de *offset*, de forma a modelar taxas ajustadas ao tamanho populacional. O modelo geral ajustado foi representado pela equação abaixo:

$$\log\left(\frac{\mu}{pop}\right) = \beta_0 + \beta_1 \cdot ano + \beta_2 \cdot prop_veg + \sum_{k=1}^{42} \beta_{(k+2)} \cdot bairro$$

onde:

μ representa o número esperado de casos por bairro

ano é a variável temporal contínua;

prop_veg é a proporção de vegetação por bairro;

bairro é a variável que indica o bairro a ser considerado e o Aventureiro como referência.

A diferença entre os dois modelos está na distribuição assumida para o número de casos de dengue (Y). Vamos considerar duas distribuições: a primeira em que Y segue a distribuição de Poisson com média μ e a segunda distribuição Y segue

a distribuição Binomial Negativa com média μ e parâmetro de dispersão θ que vai ajudar a lidar com a heterogeneidade do conjunto de dados.

O modelo de Poisson parte da premissa de que a média e a variância do número de casos são iguais. Contudo, essa suposição raramente é atendida em dados epidemiológicos, nos quais a presença de flutuações temporais, heterogeneidade espacial e fatores ambientais não observados costuma gerar sobredispersão. Como consequência, o modelo Poisson tende a subestimar o erro padrão e superestimar a significância dos parâmetros (Hilbe, 2014; Cameron & Trivedi, 2013).

Ambos os modelos são ajustados com a função de ligação logarítmica e o termo offset para comparar taxas (casos por habitantes) por bairro e ano, considerando a proporção de vegetação. Eles permitem estimar o efeito relativo de cada variável (ano, vegetação e bairro) na incidência de dengue, ajustando para diferentes tamanhos populacionais.

2.6 Diagnóstico dos modelos

Avaliações do ajuste dos modelos foram realizadas por meio de gráficos de resíduos (*Deviance*) e envelopes simulados usando o pacote *hnp*, para a identificação de possíveis desvios dos pressupostos dos modelos. Os gráficos de dispersão entre valores observados e ajustados permitiram comparar a performance preditiva dos modelos.

A comparação entre os modelos de regressão Poisson e Binomial Negativa pautou-se na avaliação dos resíduos e na distribuição dos valores previstos frente aos observados. Além disso avaliamos o critério de seleção de modelos AIC (Critério de Informação de Akaike) que é o método estatístico para avaliar e comparar a qualidade de modelos estatísticos. Quanto menor o valor, melhor será o modelo. Por fim, o modelo que apresentou o melhor desempenho teve seus resultados apresentados em forma de razões de taxas (IRR - *Incidence Rate Ratio*) com intervalos de confiança de 95%, utilizando funções do pacote *broom* para organizar a apresentação dos resultados.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Essa seção é dedicada a apresentar os resultados da nossa análise e nós vamos iniciar pela análise exploratória de dados, para que possamos entender o comportamento desses dados e a dinâmica entre as variáveis e depois partiremos para os resultados da modelagem estatística.

3.1 Análise exploratória

A Tabela 1 apresenta, para cada ano da série histórica (2020-2023), o número médio de casos de dengue por bairro e a variância correspondente. Observa-se um padrão consistente de variância muito superior à média em todos os anos analisados.

Tabela 1: Número médio de casos de dengue por bairro e variância anual correspondente, evidenciando o aumento progressivo da superdispersão ao longo da série histórica de 2020-2023.

Ano	Número médio de casos	Variância
2020	212,6	98876,1
2021	400,0	152897,0
2022	507,0	433506,4
2023	1047,6	864838,8

Em 2020, por exemplo, a média foi de 212,6 casos, enquanto a variância atingiu 98876,1, quase quatrocentas vezes maior. Esse comportamento se repete e se intensifica ao longo dos anos, especialmente em 2023, quando a média é de 1047,6 casos e a variância alcança 864838,8.

Essa discrepância marcada entre média e variância indica forte superdispersão, característica comum em dados epidemiológicos de contagem, particularmente em doenças transmitidas por vetores, devido à heterogeneidade espacial, desigual distribuição de criadouros e flutuações ambientais. Essa superdispersão justifica, portanto, a necessidade de modelos que acomodem variância extra, como a Binomial Negativa, em vez do modelo Poisson tradicional, que assume igualdade entre média e variância.

A seguir, para complementar essa análise, o *boxplot* da Figura 1 evidencia visualmente essa heterogeneidade espacial: alguns bairros apresentam valores muito elevados, enquanto outros registram incidência muito baixa ou nula. Essa grande

amplitude reforça os achados da tabela e demonstra que a variabilidade entre bairros é um componente importante da dinâmica local da dengue.

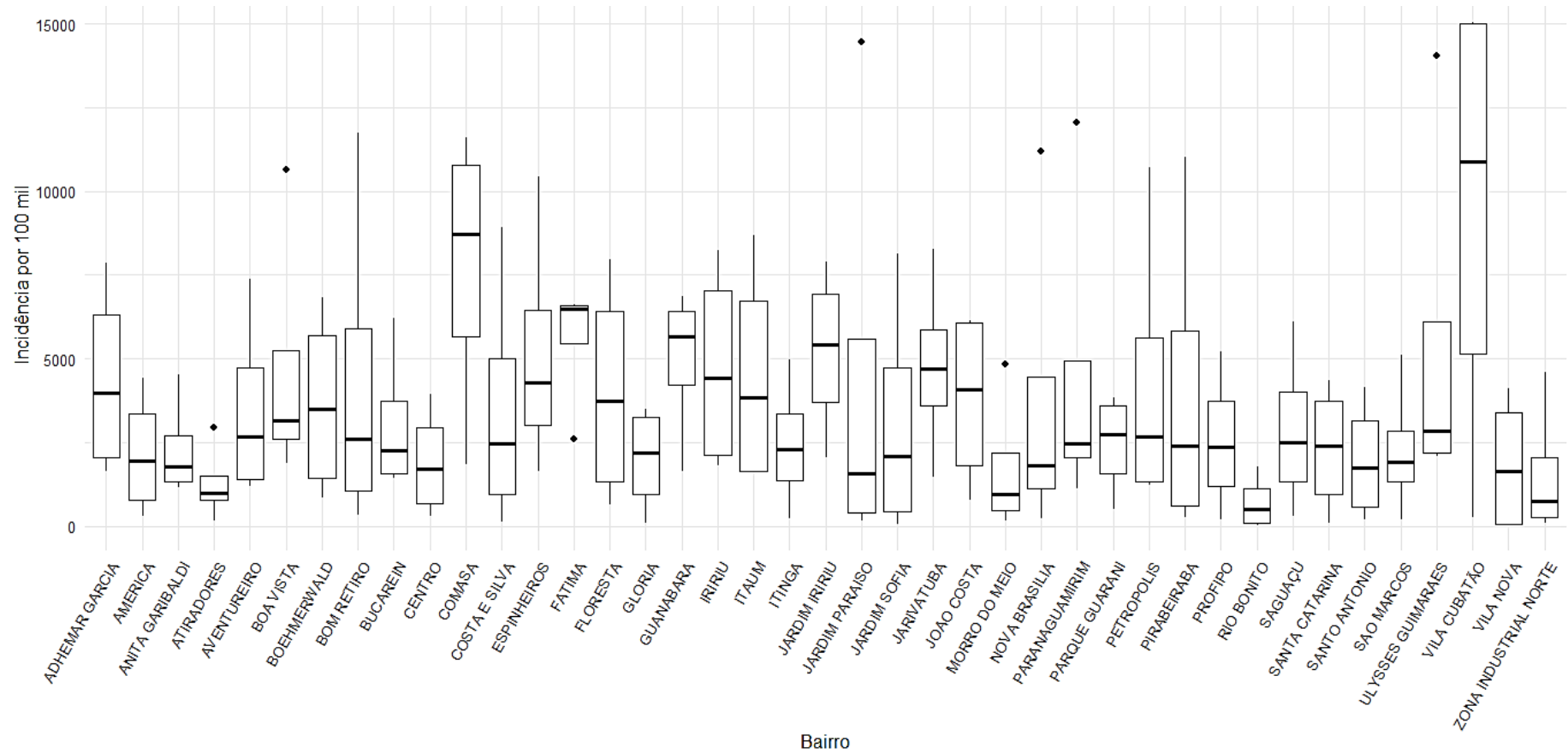


Figura 1: Distribuição da incidência de dengue por 100 mil habitantes nos bairros de Joinville entre 2020 e 2023.

Observa-se que alguns bairros apresentam medianas e amplitudes superiores, indicando diferenças significativas na distribuição da doença no território urbano. Essa variação reflete as desigualdades estruturais e ambientais entre áreas com diferentes padrões de urbanização, cobertura vegetal e densidade demográfica, fatores que influenciam diretamente a presença e a reprodução do *Aedes aegypti*.

A dispersão observada entre os bairros reforça que o risco de infecção por dengue é espacialmente desigual, demandando abordagens quantitativas capazes de considerar fatores ambientais e territoriais. A aplicação de modelos de regressão de contagem é particularmente apropriada nesse contexto, pois permite quantificar os efeitos de variáveis explicativas como vegetação, urbanização e densidade sobre a incidência da doença, contribuindo para o planejamento de ações preventivas e de vigilância epidemiológica mais direcionadas.

Embora a base de dados original incluísse a proporção de área urbanizada por bairro, essa variável não foi incorporada aos modelos finais. A decisão se deveu a dois motivos principais. Primeiro, verificou-se forte correlação negativa entre proporção de área urbanizada e proporção de vegetação de $-0,94$, indicando que ambas representam essencialmente o mesmo gradiente ambiental (maior urbanização implica menor cobertura vegetal). A inclusão simultânea das duas variáveis poderia introduzir multicolinearidade, inflando erros-padrão e prejudicando a interpretação dos coeficientes. Análises exploratórias mostraram que a proporção de vegetação apresentou maior capacidade discriminatória das diferenças de incidência entre bairros, enquanto a urbanização não adicionou ganho explicativo relevante aos modelos. Assim, para manter parcimônia e estabilidade dos estimadores, optou-se por manter apenas a proporção de vegetação como indicador ambiental.

Na Figura 2 o gráfico *boxplot* da taxa de incidência de dengue segundo as categorias de proporção de vegetação evidencia uma relação inversa entre cobertura vegetal e ocorrência da doença: os bairros classificados com baixa proporção de vegetação ($\leq 20\%$) apresentaram as maiores medianas e amplitudes de incidência, enquanto os bairros com vegetação média ($20\text{--}50\%$) e alta ($> 50\%$) registraram taxas consideravelmente menores. Esse padrão sugere que a densificação urbana e a redução de áreas verdes podem favorecer a manutenção e disseminação do vetor *Aedes aegypti*.

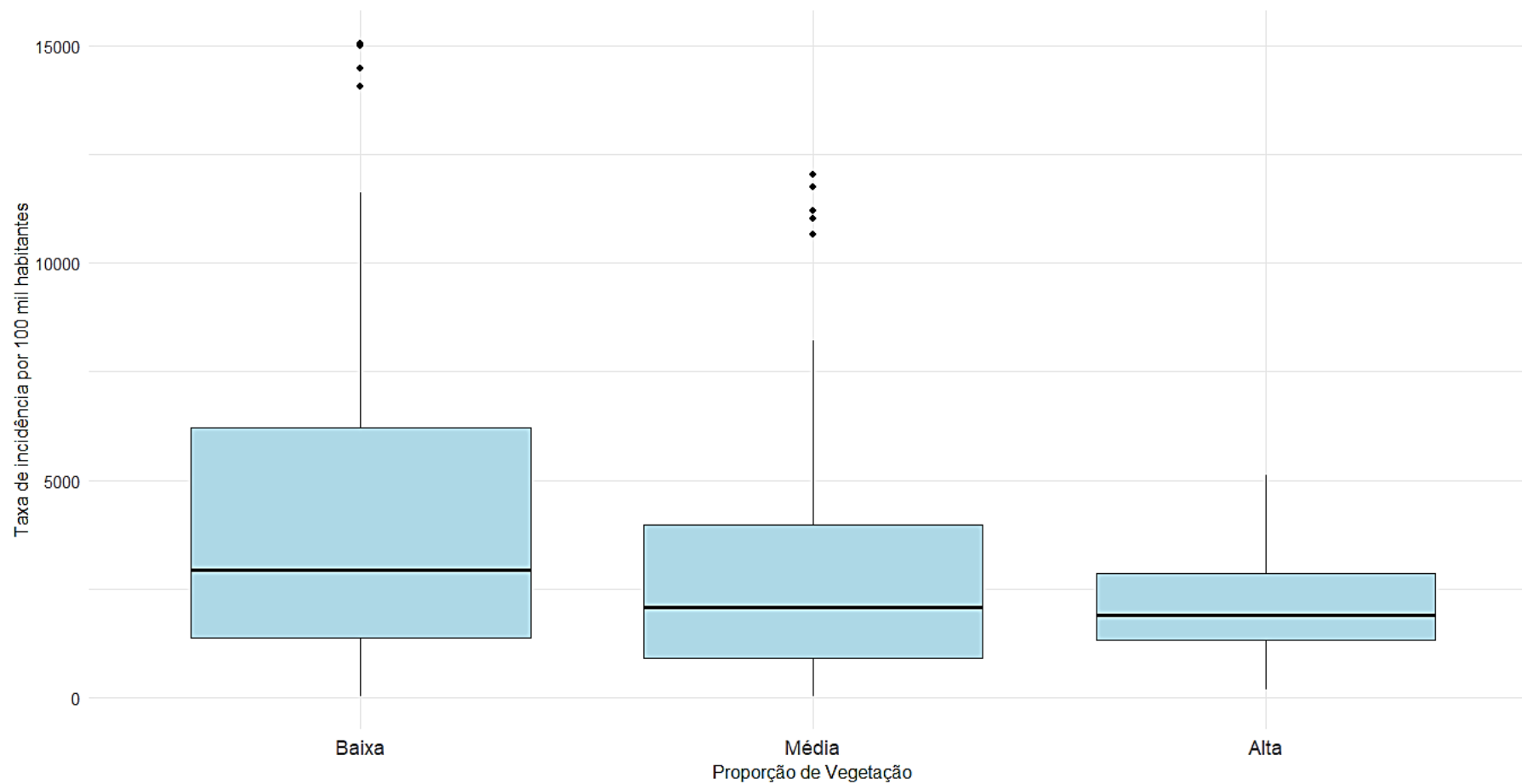


Figura 2: Taxa de incidência de dengue por 100 mil habitantes segundo categorias de proporção de vegetação nos bairros de Joinville (2020-2023).

Do ponto de vista estatístico, essa diferença visual indica a existência de efeito sistemático da variável proporção de vegetação sobre a taxa de incidência, o que justifica sua inclusão como preditora nos modelos de regressão. A variabilidade entre os grupos (“Baixa”, “Média”, “Alta”) observada no boxplot demonstra que os dados de contagem não seguem distribuição uniforme entre as categorias, reforçando a presença de superdispersão, característica comum em dados epidemiológicos (Hilbe, 2014).

Portanto, os resultados preliminares indicam que a proporção de vegetação é um determinante ambiental significativo para a variação da incidência de dengue entre os bairros de Joinville, o que justifica sua análise mais aprofundada nos modelos estatísticos subsequentes.

3.2 Modelagem estatística

Antes de apresentar o modelo final que será de fato utilizado para fazer a previsão da incidência de dengue, nós vamos avaliar o desempenho dos dois modelos propostos.

Nesse processo o modelo Binomial Negativa (BN) destacou-se como a alternativa mais apropriada, já que ele consegue lidar melhor com a sobredispersão, fato observado em séries epidemiológicas e particularmente relevante em doenças infecciosas (Lindén & Mäntyniemi, 2011).

Os resultados confirmaram essa superioridade: o modelo BN apresentou valores menores do AIC e deviance residual, além de distribuição mais homogênea dos resíduos, evidenciando que a superdispersão presente nos dados foi adequadamente acomodada.

3.2.1 Diagnóstico dos modelos

Os resultados do modelo Poisson e do modelo Binomial Negativa evidenciaram diferenças marcantes na qualidade do ajuste.

A análise dos gráficos do tipo quantil-quantil plot (QQ-Plot) reforça as diferenças observadas entre os modelos. No modelo Poisson (Figura 3), nota-se que 100% dos resíduos estão fora dos envelopes simulados com 95% de confiança, indicando uma discrepância entre os valores observados e aqueles esperados sob a suposição da distribuição de Poisson. Essa evidência gráfica confirma a presença de

superdispersão severa, pois os resíduos apresentam variância muito superior à prevista pelo modelo.

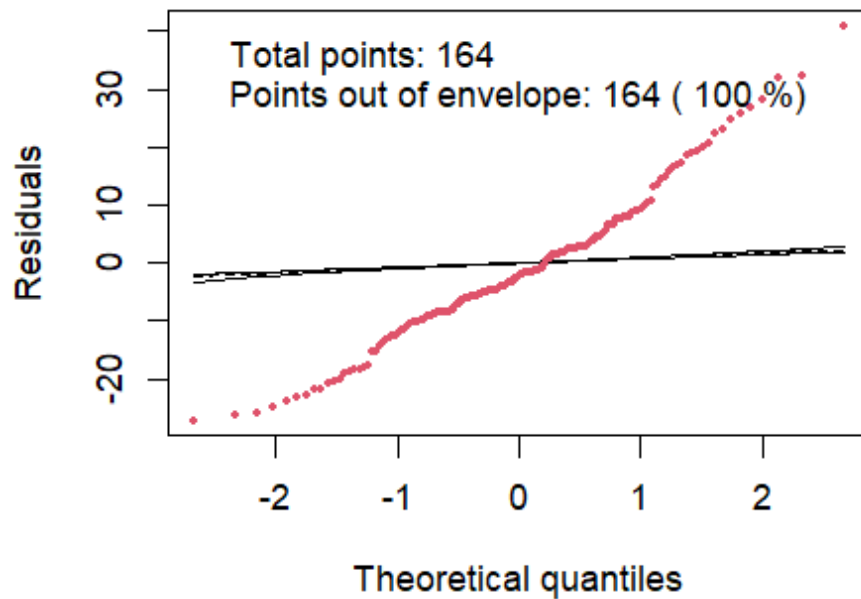


Figura 3: Avaliação da adequação do Modelo Poisson por QQ-Plot com envelopes simulados (95% de confiança).

Em contraste, o modelo Binomial Negativa (Figura 4) apresentou apenas 10,37 % dos pontos fora do envelope, com resíduos distribuídos próximos à linha teórica e dentro dos limites esperados. Esse padrão visual demonstra melhor ajuste, confirmando que a Binomial Negativa capturou de forma mais adequada a variabilidade dos dados.

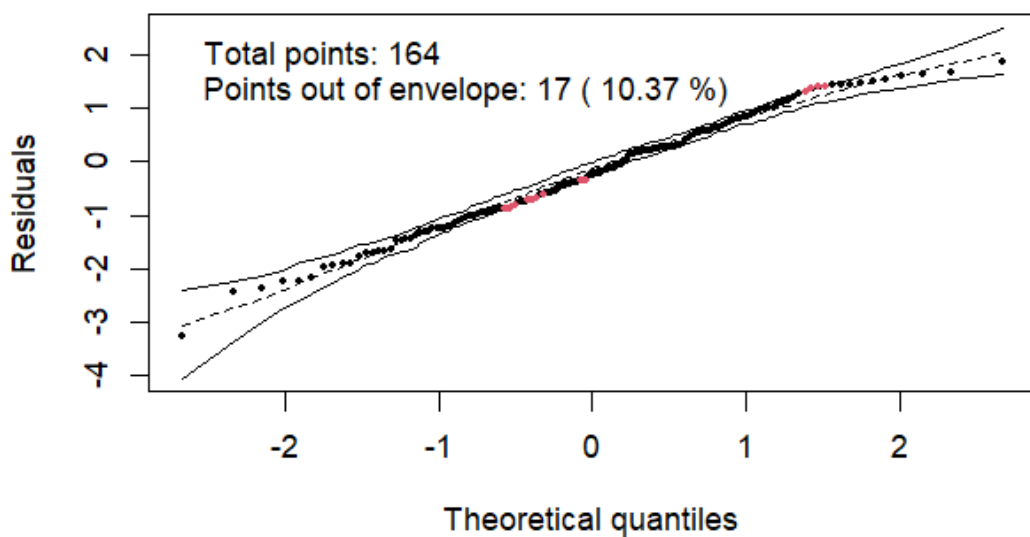


Figura 4: Avaliação da adequação do Modelo Binomial Negativa por QQ-Plot com envelopes simulados (95% de confiança).

Dessa forma, os gráficos do tipo QQ-Plot confirmaram que o modelo Binomial Negativa oferece melhor desempenho diagnóstico, justificando sua escolha como modelo final de predição da incidência de dengue em Joinville.

A Figura 5 apresenta a comparação entre as taxas observadas de dengue (por 100 mil habitantes) e as taxas ajustadas pelos modelos Poisson e Binomial Negativa, para o período de 2020 a 2023. Observa-se que ambos os modelos conseguem reproduzir a tendência temporal de aumento da incidência nos anos mais recentes, porém com diferenças marcantes no comportamento por bairro.

O modelo Poisson apresenta previsões mais concentradas, subestimando os valores máximos e suavizando as diferenças entre bairros. Esse comportamento é típico de modelos que não lidam bem com a superdispersão, levando a uma perda de sensibilidade em áreas com maior número de casos. Já o modelo Binomial Negativa reproduz de maneira mais realista as variações entre bairros e períodos, ainda que apresente maior dispersão nas estimativas ajustadas.

Essa variabilidade visual no modelo BN não representa erro, mas sim maior flexibilidade estatística para acomodar a heterogeneidade espacial e temporal dos dados. Segundo Hilbe (2014) e Cameron & Trivedi (2013), em fenômenos epidemiológicos de natureza agregada, como a dengue, é esperado que as previsões apresentem maior amplitude, refletindo diferenças estruturais entre áreas urbanas com distintas condições ambientais, demográficas e de infraestrutura.

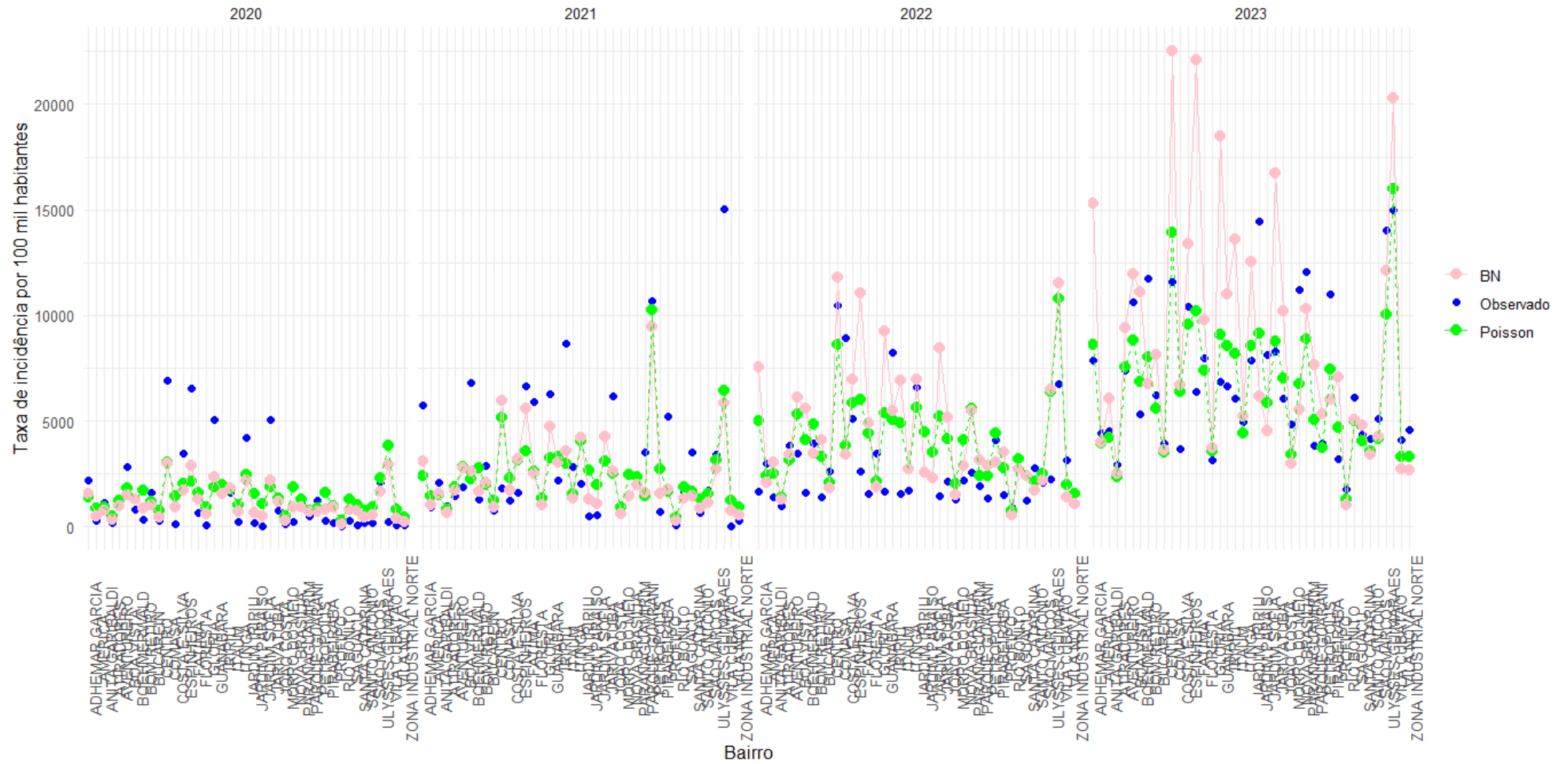


Figura 5: Comparação entre valores observados e ajustados na taxa de incidência de dengue por 100 mil habitantes, segundo bairros e anos.

A Figura 6 apresenta a relação entre os resíduos *deviance* e as taxas ajustadas (por 100 mil habitantes) para os modelos de Poisson e Binomial Negativa. Esse tipo de gráfico é útil para avaliar a qualidade do ajuste e a presença de padrões sistemáticos nos erros, indicando se as suposições do modelo foram atendidas (Hilbe, 2014).

No modelo Poisson observa-se grande dispersão dos resíduos, especialmente à medida que as taxas ajustadas aumentam. Esse comportamento em forma de “funil” evidencia que o modelo não consegue manter variância constante, o que confirma a presença de superdispersão já apontada nos testes e gráficos QQ-Plot. Em outras palavras, o Poisson tende a subestimar a variabilidade dos dados e, portanto, apresenta erros residuais elevados para bairros com altas incidências.

Por outro lado, o modelo BN apresenta resíduos muito mais homogêneos, concentrados em torno de zero e sem tendência sistemática visível. Esse padrão indica que o modelo captura adequadamente a variação dos dados, mantendo os resíduos aproximadamente simétricos e com magnitude limitada. A distribuição estável dos resíduos *deviance* demonstra que a inclusão do parâmetro de dispersão foi eficaz para ajustar a variabilidade extra, capturando o problema de heterocedasticidade observado no modelo Poisson (Cameron & Trivedi, 2013).

Dessa forma será apresentado na seção seguinte o resultado do ajuste dos dados utilizando o modelo BN.

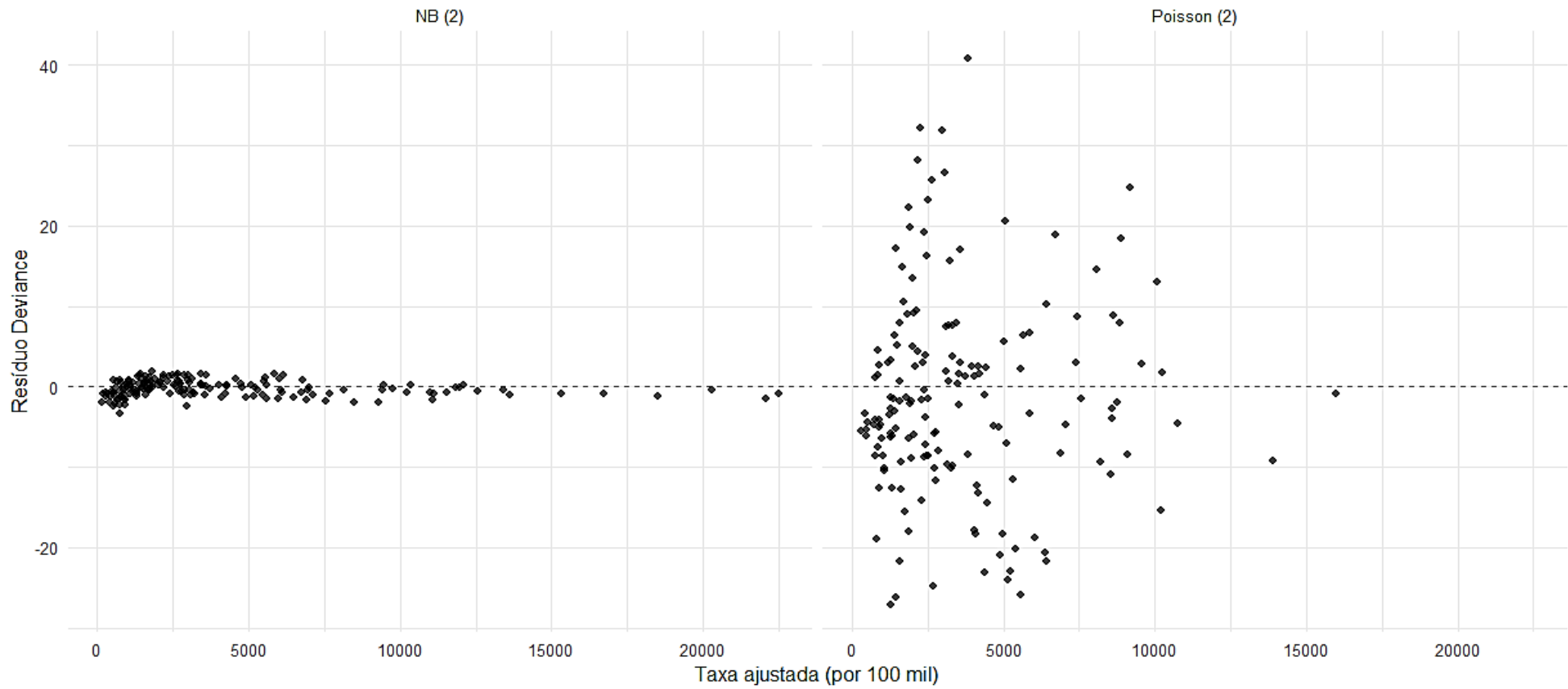


Figura 6: Resíduo deviance em função da taxa ajustada para os modelos Binomial Negativa e Poisson.

3.2.2 Análise da saída do modelo

A Tabela 2 apresenta as razões de taxa de incidência (IRR) estimadas pelo modelo de Binomial Negativa, que demonstrou melhor desempenho estatístico e epidemiológico na modelagem dos casos de dengue em Joinville entre 2020 e 2023. Os resultados indicaram efeitos consistentes com a análise exploratória, bem como uma forte heterogeneidade entre os bairros do município.

Tabela 2: Estimativa dos coeficientes, erros-padrão, estatística z, p-valor e razões de taxa de incidência (IRR) para 1% no aumento na proporção de vegetação, com IC95%, do Modelo Binomial Negativa para predição da taxa de incidência de dengue em Joinville. *IRR para 100%.

Variável	Estimativa dos coeficientes	Erro padrão	z	p-valor	IRR (1%)	IRR (1%) (limite inferior)	IRR(1%) (limite superior)
Intercepto	-1370	98,147	-13,969	<0,001			
Ano	0,680	0,049	14,024	<0,001	1,97*	1,77*	2,22*
Proporção de vegetação	-30,789	11,297	-2,725	0,006	0,73	0,58	0,91
RIO BONITO	-5,759	1,488	-3,871	<0,001	0,94	0,91	0,97
SANTO ANTONIO	-5,206	1,696	-3,070	0,002	0,95	0,92	0,98
GLORIA	-3,470	1,151	-3,016	0,003	0,97	0,94	0,99
JARDIM SOFIA	-4,314	1,466	-2,943	0,003	0,96	0,93	0,98
CENTRO	-8,578	2,921	-2,937	0,003	0,92	0,86	0,97
AMERICA	-6,534	2,227	-2,934	0,003	0,94	0,89	0,98
JARDIM PARAISO	-6,871	2,444	-2,811	0,005	0,93	0,89	0,98
ANITA GARIBALDI	-7,622	2,762	-2,760	0,006	0,93	0,87	0,98
VILA NOVA	-1,421	0,516	-2,755	0,006	0,99	0,98	1,00
COSTA E SILVA	-5,511	2,045	-2,694	0,007	0,95	0,91	0,98

Variável	Estimativa dos coeficientes	Erro padrão	z	p-valor	IRR (1%)	IRR (1%) (limite inferior)	IRR(1%) (limite superior)
BUCAREIN	-7,759	2,917	-2,660	0,008	0,93	0,87	0,98
IRIRIU	1,956	0,746	2,623	0,009	1,02	1,01	1,04
SAO MARCOS	11,325	4,379	2,586	0,010	1,12	1,03	1,23
PARQUE GUARANI	5,292	2,059	2,570	0,010	1,05	1,01	1,10
PETROPOLIS	-5,384	2,097	-2,568	0,010	0,95	0,91	0,99
FLORESTA	-5,742	2,258	-2,543	0,011	0,94	0,90	0,98
BOEHMERWALD	-6,040	2,392	-2,525	0,012	0,94	0,89	0,98
ITINGA	5,617	2,240	2,507	0,012	1,06	1,01	1,11
NOVA BRASILIA	4,297	1,731	2,482	0,013	1,04	1,01	1,08
JOAO COSTA	-4,230	1,725	-2,452	0,014	0,96	0,92	0,99
BOA VISTA	1,560	0,638	2,447	0,014	1,02	1,00	1,03
SANTA CATARINA	4,686	1,917	2,445	0,014	1,05	1,01	1,09
ITAUM	-6,294	2,579	-2,441	0,015	0,94	0,89	0,99
JARDIM IRIRIU	-6,522	2,686	-2,428	0,015	0,94	0,88	0,99
JARIVATUBA	-6,537	2,736	-2,389	0,017	0,94	0,88	0,99
VILA CUBATÃO	-6,738	2,910	-2,315	0,021	0,93	0,88	0,99
ADHEMAR GARCIA	-4,042	1,767	-2,288	0,022	0,96	0,93	0,99
COMASA	-6,225	2,740	-2,272	0,023	0,94	0,89	0,99
GUANABARA	-5,120	2,260	-2,265	0,024	0,95	0,90	0,99

Variável	Estimativa dos coeficientes	Erro padrão	z	p-valor	IRR (1%)	IRR (1%) (limite inferior)	IRR(1%) (limite superior)
FATIMA	-5,475	2,452	-2,233	0,026	0,95	0,90	0,99
PIRABEIRABA	1,972	0,938	2,102	0,036	1,02	1,00	1,04
ULYSSES GUIMARAES	-1,843	0,981	-1,878	0,060	0,98	0,96	1,00
ZONA INDUSTRIAL NORTE	2,185	1,359	1,608	0,108	1,02	1,00	1,05
ESPINHEIROS	-1,227	0,819	-1,498	0,134	0,99	0,97	1,00
ATIRADORES	1,347	1,022	1,318	0,187	1,01	0,99	1,04
SAGUAÇU	0,850	0,649	1,311	0,190	1,01	1,00	1,02
PROFIPO	-0,687	0,540	-1,272	0,203	0,99	0,98	1,00
PARANAGUAMIRIM	0,451	0,498	0,906	0,365	1,00	0,99	1,01
MORRO DO MEIO	-0,047	0,618	-0,076	0,939	1,00	0,99	1,01
BOM RETIRO	-0,006	0,489	-0,012	0,991	1,00	0,99	1,01

A inclusão da variável ano no modelo permitiu captar a variação temporal dos casos entre 2020 e 2023, demonstrando a relevância da tendência temporal e das flutuações anuais na dinâmica da doença, possivelmente relacionadas a fatores climáticos e sazonais (World Health Organization, 2023).

Do ponto de vista interpretativo, o coeficiente positivo do termo “ano” indica uma tendência de aumento dos casos de dengue ao longo do período analisado (2020-2023), o que sugere que os fatores climáticos e demográficos recentes têm contribuído para a intensificação da transmissão. Essa tendência está alinhada a estudos internacionais que apontam incrementos temporais na incidência de arboviroses em função do aumento da temperatura média e da urbanização (Heath et al., 2025; Lee et al., 2021).

Do ponto de vista epidemiológico, os coeficientes estimados indicam que a variável proporção de vegetação apresentou coeficiente negativo e estatisticamente significativo no modelo ($\beta = -30,79$; $p = 0,006$), confirmando que bairros com maior cobertura vegetal tendem a registrar menor número de casos, mesmo após o controle pelo tamanho populacional, padrão já visualizado nos gráficos exploratórios e consistente com resultados de Lee et al. (2021) e Heath et al. (2025), que destacam o papel da urbanização e da redução de áreas verdes no aumento do risco de transmissão de dengue em ambientes tropicais densamente povoados.

Por fim, a análise dos coeficientes específicos por bairro evidencia heterogeneidade espacial na incidência de dengue. Alguns bairros (como Itinga, Parque Guarani e São Marcos) mantiveram coeficientes positivos expressivos, indicando risco acima da média em comparação ao bairro de referência, enquanto áreas mais centrais e com maior cobertura vegetal (como Centro, Glória e Floresta) apresentaram coeficientes negativos. Esses padrões espaciais corroboram a literatura que associa densidade demográfica, vulnerabilidade social e estrutura urbana como determinantes locais da transmissão (WHO, 2023).

A variável ano apresentou IRR = 1,97 (IC95%: 1,77-2,20; $p < 0,001$), indicando que a taxa média de casos aumentou cerca de 97% a cada ano dentro do período analisado. Esse padrão crescente reflete a intensificação dos surtos de dengue em Joinville, em especial nos anos de 2022 e 2023, período em que se observaram condições climáticas mais favoráveis à proliferação do *Aedes aegypti*, fatores amplamente descritos na literatura como determinantes de picos epidêmicos (Heath et al., 2025; Lee et al., 2021).

A proporção de vegetação apresentou IRR 1% de 0,73, ou seja, com o aumento de 1% na proporção de vegetação, temos a redução de cerca de 27% nos casos médios de dengue, evidenciando uma forte associação inversa entre cobertura vegetal e incidência de dengue. Isso significa que bairros com maior cobertura verde tendem a apresentar menor número de casos, o que pode ser explicado pela menor densidade populacional e pela maior permeabilidade do solo nessas áreas, reduzindo a presença de criadouros artificiais. O resultado é coerente com estudos realizados em outras cidades brasileiras, que apontam a urbanização acelerada e a redução de áreas verdes como fatores associados ao aumento da transmissão (Oliveira et al., 2024; Gupta et al., 2023).

As maiores IRRs foram observados no São Marcos, Itinga, Santa Catarina e Nova Brasília. Esses bairros estão localizados em áreas periféricas de Joinville, caracterizadas por maior adensamento urbano, e apesar de alguma cobertura vegetal, as condições socioambientais são mais vulneráveis, como baixa ou nenhuma cobertura de coleta e tratamento de esgoto e extensa área de terrenos baldios. Tal perfil favorece a persistência de criadouros e dificulta o controle vetorial, tornando-os zonas prioritárias para ações de vigilância epidemiológica e campanhas educativas.

Em contraste, bairros como Vila Nova, Vila Cubatão e apresentaram menor IRR, o que pode estar associado à menor densidade habitacional, cobertura de coleta e tratamento de esgoto e presença cobertura vegetal. Esses resultados reforçam a importância de considerar os aspectos ambientais e socioespaciais locais na compreensão da dinâmica da doença.

Em conjunto, as estimativas do modelo indicam que a incidência de dengue em Joinville é fortemente influenciada por fatores estruturais de urbanização e ocupação do território, além de condições ambientais que favorecem a proliferação do vetor. O modelo de Binomial Negativa mostrou-se adequado por capturar essa variabilidade, apresentando melhor ajuste ($AIC = 2241$) e resíduos mais homogêneos que o modelo de Poisson.

Do ponto de vista da vigilância epidemiológica, os resultados reforçam a necessidade de estratégias focalizadas de controle vetorial, com ênfase nas áreas mais críticas identificadas. Além disso, sugerem que a inclusão futura de variáveis climáticas e socioeconômicas como temperatura, precipitação, saneamento básico e áreas com terrenos baldios poderá ampliar a capacidade preditiva do modelo,

conforme recomendam estudos recentes sobre predição de arboviroses (Gupta et al., 2023; WHO, 2023).

Em termos epidemiológicos, esse resultado reforça que a Binomial Negativa é o modelo mais apropriado para dados de incidência de dengue, que naturalmente apresentam alta variação espacial e temporal devido a fatores ambientais, demográficos e de infraestrutura urbana (Lee et al., 2021; Heath et al., 2025). Assim, o uso da *deviance* como métrica diagnóstica confirma estatisticamente a superioridade do modelo NB, que combina melhor ajuste e maior robustez preditiva, sendo mais adequado para representar a dinâmica real de transmissão da dengue em Joinville.

4. CONCLUSÃO

O modelo de Binomial Negativa apresentou o melhor desempenho para representar a incidência de dengue em Joinville, mostrando-se mais adequado ao comportamento real dos dados e permitindo identificar diferenças importantes entre os bairros e a influência de características ambientais.

Como a unidade de análise foi bairro-ano e a série histórica disponível foi curta (2020–2023), não foi possível explorar de forma mais profunda a dependência temporal ou ajustar modelos mais complexos. Ainda assim, os resultados demonstram que abordagens baseadas em modelos de contagem podem apoiar a vigilância epidemiológica e reforçam a necessidade de considerar fatores ambientais e territoriais nos estudos sobre arboviroses.

As principais limitações envolveram a ausência de variáveis ambientais e socioeconômicas adicionais e a curta duração da série temporal, o que reduz a capacidade explicativa dos modelos. Trabalhos futuros podem incorporar séries mais longas, incluir termos de interação e avaliar estruturas espaço-temporais, permitindo captar de forma mais completa a dinâmica da dengue entre os bairros.

Modelos espaciais e métodos hierárquicos também representam caminhos promissores para aprofundar a análise, especialmente em contextos em que bairros vizinhos compartilham condições ambientais semelhantes. Esses avanços podem contribuir para estimativas mais robustas e úteis para a vigilância e o planejamento em saúde pública.

REFERÊNCIAS

AL-MANJI, A.; AL WAHAIBI, A.; AL-AZRI, M.; CHAN, M. F. Predicting mosquito-borne disease outbreaks using Poisson and negative binomial models: a comparative study. *Journal of Infection and Public Health*, v. 18, n. 11, p. 102906, 2025. DOI: 10.1016/j.jiph.2025.102906.

BELTRÁN, R. S.; TARWATER, C. E. Overcoming the pitfalls of categorizing continuous variables in ecology, evolution and behaviour. *Proceedings of the Royal Society B*, v. 291, n. 2032, 2024. DOI: 10.1098/rspb.2024.1640.

BRASIL. Ministério da Saúde. Sistema de Informação de Agravos de Notificação – SINAN. Brasília: Ministério da Saúde, [s.d.]. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/sinan>. Acesso em: 30 ago 2024.

CAMERON, A. C.; TRIVEDI, P. K. *Regression Analysis of Count Data*. Cambridge: Cambridge University Press, 2013.

COSTA, E. A. et al. Environmental and sociodemographic factors associated with dengue incidence in Brazil: an ecological analysis. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, v. 27, p. e240010, 2024.

GUPTA, S. et al. Predictive modelling of dengue incidence using meteorological and sociodemographic variables: a machine learning approach. *Scientific Reports*, v. 13, p. 11805, 2023.

HALES, S.; DE WET, N.; MAINDONALD, J.; WOODWARD, A. Dengue fever epidemics in the South Pacific: driven by El Niño Southern Oscillation? *The Lancet*, v. 355, n. 9212, p. 1427–1431, 2002.

HEATH, K. et al. Climate change, urbanisation and transmission potential: *Aedes aegypti* mosquito projections forecast future arboviral disease hotspots in Brazil. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, v. 19, n. 2, e0013415, 2025.

HILBE, J. M. *Modeling Count Data*. Cambridge: Cambridge University Press, 2014.

LEANDRO, A. S.; CHIBA DE CASTRO, W. A.; GAREY, M. V. et al. Spatial analysis of dengue transmission in an endemic city in Brazil reveals high spatial structuring on local dengue transmission dynamics. *Scientific Reports*, v. 14, p. 8930, 2024. DOI: 10.1038/s41598-024-59537-y.

LEE, S. A. et al. The impact of climate suitability, urbanisation, and connectivity on the arrival and spread of dengue in Brazil. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, v. 15, n. 12, e0009999, 2021.

LINDÉN, A.; MÄNTYNIEMI, S. Using the negative binomial distribution to model overdispersion in ecological count data. *Ecology*, v. 92, n. 7, p. 1414–1421, 2011.

LORENZ, C.; YNOUE, R. Y.; GIODA, A.; NOGUEIRA, T. Influence of climate and heatwaves on dengue transmission in São Paulo and Natal, Brazil. *PLoS One*, v. 20, n. 10, e0334838, 2025.

MORGENSTERN, H. Ecologic Studies. In: ROTHMAN, K. J.; GREENLAND, S. (eds.). *Modern Epidemiology*. 2. ed. Philadelphia: Lippincott-Raven, 1998.

OLIVEIRA, G. F. et al. Modelagem estatística da incidência de dengue com dados ambientais e climáticos no Brasil. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, v. 27, p. e240007, 2024.

RAHMAN, Md. et al. Demographic and environmental effects on dengue incidence in 11 countries: A multi-country analysis. *PLOS ONE*, 2024.

R CORE TEAM. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Version 4.5.0. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 10 out. 2025

ROTHMAN, K. J.; GREENLAND, S.; LASH, T. L. *Modern Epidemiology*. 3. ed. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 2008.

SAJIB, A. H.; AKTER, S.; SAHA, G.; HOSSAIN, Z. Demographic-environmental effects on dengue outbreaks in 11 countries. *PLoS One*, v. 19, n. 9, e0305854, 2024.

SANTOS, Letícia et al. Spatial analysis of dengue using Moran's Eigenvector Maps and Generalized Linear Models in Foz do Iguaçu, Brazil. *Scientific Reports*, 2024.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). *Global Vector Control Response 2017–2030: Progress and Challenges*. Geneva: WHO, 2023.