

Relações entre Clima, Vetores e Dengue no Espírito Santo: Uma Abordagem Baseada em Regressão, Correlação e Modelagem Epidemiológica

Bernardo R. A. Silva¹, Gabriel P. Oliveira¹,
Mirella M. Moro¹, Michele A. Brandão¹

¹Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) – Belo Horizonte, MG – Brasil

{bernardo.roberto,gabrielpoliveira,mirella,michele.brandao}@dcc.ufmg.br

Resumo. *A doença da dengue gera impactos sociais e econômicos negativos no Brasil e no mundo. Controlar o seu principal vetor, o mosquito *Aedes aegypti*, e entender sua dinâmica populacional são partes fundamentais do combate à doença. Neste trabalho, integrando três fontes distintas e reais de dados, foram feitas diversas análises para verificar a relação entre variáveis meteorológicas, população de mosquitos e a incidência da dengue em diferentes municípios do Espírito Santo. Também foram desenvolvidos distintos modelos epidemiológicos para melhor entender a dinâmica dos casos dessa doença no Espírito Santo. Os resultados revelam, principalmente, maior influência da temperatura na abundância do vetor da dengue e na qualidade dos modelos epidemiológicos.*

Abstract. *Dengue fever generates highly negative social and economic impacts in Brazil and worldwide. Fighting the disease means controlling its main vector, the *Aedes aegypti* mosquito, and understanding its population dynamics. In this work, we perform several analyses to verify the relationship between meteorological variables, mosquito population, and the incidence of dengue in different municipalities of the state of Espírito Santo. We also apply three different epidemiological models to better understand the cases of this disease in Espírito Santo. The results mainly reveal a greater influence of temperature on the abundance of the dengue vector and on the quality of the epidemiological models.*

1. Introdução

A presença do vírus da dengue, antes associada às áreas tropicais e subtropicais do planeta, tem tomado proporções globais, por conta de fatores que incluem mudanças climáticas e migrações de pessoas [Zhang et al. 2025]. Medidas de prevenção e controle da dengue abrangem, além da vacinação, o controle vetorial pela aplicação de larvicidas e inseticidas e pela remoção de criadouros (controle mecânico), e também o monitoramento da população de mosquitos (monitoramento/vigilância entomológica), incluindo levantamentos amostrais em imóveis e inspeção de armadilhas.¹ Tal medida produz indicadores da presença, distribuição e densidade dos insetos no tempo e no espaço.

¹Ministério da Saúde: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti/vigilancia-entomologica>

Devido à disponibilidade de dados históricos de vigilância, a modelagem matemática tem se tornado relevante em estudos sobre a variação populacional do mosquito *Aedes aegypti*, o principal vetor da dengue e de outras doenças, como Zika, Chikungunya e a Febre Amarela urbana [Fiorini et al. 2016, Zanardo et al. 2025]. Alguns desses estudos consideram, por exemplo, a forte influência de variáveis meteorológicas no desenvolvimento e sobrevivência do vetor e na transmissão da dengue [Lambrechts et al. 2011, Messina et al. 2016]. A disponibilidade de dados históricos de casos de dengue possibilita também a aplicação de modelos epidemiológicos compartimentais diversos [Hethcote 2000, Vitória et al. 2024]. Modelos compartimentais simulam a disseminação de uma doença em uma população por meio da divisão dos indivíduos em compartimentos e da criação de fórmulas que especificam a taxa de transição entre esses compartimentos a cada intervalo de tempo. Tais modelos têm sido utilizados para diversos fins, incluindo a avaliação do impacto de medidas de controle e/ou vacinação na evolução da doença [Silva et al. 2022]. No entanto, a relação entre os índices de vetor e os casos de dengue ainda é pouco compreendida na literatura [Bowman et al. 2014, Sant'Anna et al. 2025]. Essa barreira é um motivo pelo qual, até onde se sabe, poucos trabalhos consideram dados de vigilância entomológica em seus modelos epidemiológicos compartimentais, como em [Leach et al. 2020].

Nesse contexto, as principais contribuições deste trabalho considerando três fontes distintas e reais de dados são: (1) analisar a relação entre dados entomológicos (índice de vetor) e dados meteorológicos de cinco municípios do Espírito Santo em anos distintos; (2) avaliar o relacionamento entre os casos de dengue e o índice de vetor para os mesmos locais e períodos, dada a associação não-trivial observada na literatura; e (3) aplicar modelos epidemiológicos aos dados de casos de dengue de três cidades brasileiras para melhor entender a dinâmica de evolução desses casos. Tais modelos são incrementados com combinação de informações entomológicas e meteorológicas e podem ser posteriormente utilizados para predição de casos de dengue.

O restante deste artigo está organizado da seguinte forma. A Seção 2 discute o referencial teórico com uma contextualização em relação aos trabalhos relacionados. A Seção 3 apresenta as principais etapas da metodologia. Já a Seção 4 descreve os resultados. Finalmente, a Seção 5 apresenta as principais conclusões deste trabalho.

2. Trabalhos Relacionados

No contexto das mudanças climáticas recentes, diversos trabalhos têm analisado quantitativamente o impacto de tais mudanças no surto de arboviroses, incluindo a dengue, transmitida pelo mosquito *Aedes aegypti* [Sant'Anna et al. 2025]. Uma abordagem comum consiste na utilização de modelos de regressão para analisar a relação entre fatores climáticos e biológicos do mosquito. Por exemplo, é possível comparar índices vetoriais (e.g., larvas e ovos) e armadilhas de vetores quanto à sensibilidade às variações meteorológicas, para identificar aqueles que melhor capturam o padrão sazonal do vetor [Codeço et al. 2015]. Ao avaliar cinco cidades de regiões diversas do Brasil, os resultados de tal estudo revelaram grande influência da temperatura na sazonalidade dos mosquitos.

De forma complementar, pode-se elaborar modelos com dados de uma cidade para descrever a dinâmica temporal da população de mosquitos e sua relação com casos de dengue. Considerando Porto Alegre (RS), os resultados de [da Cruz Ferreira et al. 2017]

mostraram que os fatores mais relevantes para a predição do índice de densidade do vetor foram a temperatura mínima, a umidade e o próprio índice medido na semana anterior. Por outro lado, a precipitação, bem distribuída durante o ano, foi menos relevante. Já em [Mudele et al. 2021], foram utilizados dados de vigilância da cidade de Vitória (ES), incluindo também dados de vegetação, tanto no contexto rural quanto urbano. Nesse caso, os resultados mostram uma maior influência positiva da umidade e da temperatura na infestação dos vetores.

Acerca das dinâmicas da evolução temporal da doença, modelos epidemiológicos compartimentais têm sido amplamente utilizados. Um modelo compartimental tradicional é o SIR, no qual indivíduos podem estar suscetíveis a uma doença (S), infectados (I) ou recuperados/imunizados (R) [Hethcote 2000]. As transições entre os estados são determinadas por parâmetros que informam, por exemplo, as taxas de infecção e recuperação associadas àquela doença. No caso de doenças infecciosas transmitidas por vetores, como a dengue, modelos simples como o SIR podem não ser muito representativos. Assim, são adotados compartimentos adicionais para os vetores, e a força de infecção ocorre em dois sentidos (humano \rightarrow vetor e vetor \rightarrow humano). Tais modelos são baseados no famoso modelo de Ross-Macdonald [Smith et al. 2012]. Por exemplo, o modelo SIR-SI tem sido adotado em diversos trabalhos sobre dengue [Pandey et al. 2013, Silva et al. 2022].

Mesmo assim, pode haver aplicação do modelo mais simples SIR, considerando implicitamente a dinâmica vetorial, geralmente para comparação dos resultados, como em [Pandey et al. 2013] e [Silva et al. 2022]. Especificamente, o trabalho de [Silva et al. 2022] utiliza dados de casos de dengue para avaliar o impacto de diferentes métodos de controle vetorial na curva de casos da doença. São utilizados os modelos SIR, SIR-SI e uma versão modificada desse último. Nesse caso, os autores empregam uma taxa de transmissão variável, dependente de fatores meteorológicos.

Outros modelos complexos também são utilizados nesse contexto. Por exemplo, pode-se usar o modelo SEIRS-SEI, que inclui um estado adicional de exposição (E , quando houve contato com o vírus, mas ainda não há transmissão) e uma transição de volta do estado recuperado ao suscetível para humanos, permitindo assim reinfecção. Esse modelo é usado em casos de dengue com dados de vigilância entomológica da cidade de Vitória (ES) em [Leach et al. 2020], e para acompanhar o crescimento de casos de dengue no estado de Goiás em [Vitória et al. 2024].

Nesse contexto, este artigo avança no conhecimento existente ao integrar, de forma sistemática, dados entomológicos, meteorológicos e epidemiológicos em uma mesma estrutura analítica. Em primeiro lugar, analisa-se a relação entre todas essas variáveis, investigando empiricamente a associação entre infestação vetorial, condições climáticas e incidência da doença. Em seguida, são comparados sistematicamente três modelos epidemiológicos que incorporam explicitamente o índice de vetor como fator determinante da dinâmica de transmissão. A avaliação do impacto dessa inclusão na qualidade de ajuste aos dados evidencia como tal incremento aprimora a capacidade descritiva e interpretativa dos modelos em relação às abordagens tradicionalmente utilizadas.

3. Metodologia

Esta seção apresenta as principais etapas da metodologia: tratamento dos dados (Seção 3.1), análise da relação entre variáveis (Seção 3.2) e modelagem epidemiológica

(Seção 3.3). Após, a apresentação e a interpretação dos resultados estão na Seção 4.

3.1. Conjunto de Dados

Neste trabalho, foram selecionados **Dados de Vigilância Entomológica** de capturas semanais de armadilhas de fêmeas de *Aedes aegypti* dos anos de 2017 a 2019 de cinco municípios no Estado do Espírito Santo: Vitória, Vila Velha, Afonso Cláudio, Linhares e Ecoporanga. A seleção balanceou entre altas amostragens semanais com pouca variância, diversidade geográfica, completude dos dados de capturas e completude dos dados meteorológicos dos municípios. Os dados foram fornecidos pela empresa Ecovec² pelo programa MI-Aedes. O programa monitora semanalmente armadilhas de mosquitos (MosquiTRAP®) projetadas para fêmeas de *Aedes aegypti* grávidas. Para cada município, é calculado o índice de densidade “Índice Médio de Fêmeas de *Aedes*” (IMFA) que representa a média de capturas por armadilha por semana. Esse índice é usado nos modelos de regressão, na análise de correlação e nos modelos epidemiológicos por ser utilizado para avaliação de risco de transmissão de dengue.³ Para evitar grandes lacunas nos dados, foram consideradas semanas a partir da vigésima em 2017. Em 2018 e 2019, poucas semanas estavam ausentes, por isso, foi realizada uma interpolação linear nas lacunas.

Em relação aos **Dados Meteorológicos** referentes a temperatura média diária (*temp_media*), umidade relativa do ar média diária (*umid_media*) e precipitação total diária (*prec_total*) de cada cidade foram selecionadas para a análise de regressão. Obtivemos os dados do Banco de Dados Meteorológicos⁴ (BDMEP) do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia), começando a partir de 4 semanas antes do início do período do índice vetorial (vigésima semana de 2017), para considerar efeitos atrasados de até 4 semanas na evolução da população do vetor. Os modelos epidemiológicos também utilizaram os dados de temperatura, mas foram desenvolvidos considerando semanas entre o final de 2018 e a maior parte de 2019, como será abordado na seção 3.3. Calculamos as médias semanais para *temp_media* e *umid_media* e o total semanal para *prec_total*, gerando as variáveis denotadas resumidamente por $temp_i$, $umid_i$ e $prec_i$, em que $i = 0, \dots, 4$ indica a antecipação da variável em semanas. Para lidar com valores faltantes antes da agregação, imputamos valores utilizando as médias dos dias de outros anos. Poucos dias estavam faltantes no geral, exceto para alguns casos raros de dados ausentes por cerca de 40 dias em sequência. Antes da construção dos modelos de regressão, executamos a normalização Z-score nos dados, a qual padroniza a sua escala, tornando sua média 0 e seu desvio padrão 1. No caso dos modelos epidemiológicos, a normalização da temperatura não foi realizada, visto que a escala do valor já foi controlada por um termo.

Para cada município, foram consideradas as notificações de **casos de dengue** semanais obtidas do SINAN (Sistema de Informação de Agravos de Notificação), disponibilizado pelo Ministério da Saúde.⁵ Para a análise de correlação com o IMFA, consideramos valores adiantados de IMFA em até 10 semanas. Havia poucos dias faltantes, então realizamos interpolação linear para preencher as lacunas, exceto para o município

²Site da Ecovec: <https://ecovec.com/>

³Onde está o Aedes? | Prefeitura de Porto Alegre: <https://prefeitura.poa.br/sms/onde-esta-o-aedes/infestacao-de-aedes-aegypti>

⁴INMET :: BDMEP: <https://bdmep.inmet.gov.br/>

⁵SINAN: <https://datasus.saude.gov.br/aceso-a-informacao/doencas-e-agravos-de-notificacao-de-2007-em-diante-sinan/>

de Ecoporanga, que tinha muitos dias faltantes e foi descartado da análise. Para Afonso Cláudio, apenas os dados de 2018 e 2019 estavam disponíveis.

3.2. Análise do Relacionamento entre Variáveis

Para analisar o relacionamento entre variáveis, foram utilizados modelos de regressão e coeficientes de correlação. Foram implementados modelos parcimoniosos de regressão linear, utilizando Modelos Lineares Generalizados (MLG), com uma função de ligação logarítmica. Os modelos foram ajustados de forma independente para cada par (município, ano) para obter a influência das variáveis meteorológicas no nível de infestação do vetor (IMFA). Assumimos que a variável resposta segue uma distribuição de Poisson e, para cada modelo, selecionamos os três melhores preditores ranqueando-os por meio de testes F de regressão univariada para medir o quão bem cada uma das variáveis (temperatura $temp_i$, umidade $umid_i$ e precipitação $prec_i$) explica a resposta. Em seguida, comparamos os primeiros modelos gerados com modelos que assumem que a resposta segue uma distribuição Binomial Negativa, comumente utilizada para dados de contagem, como capturas, quando há uma grande dispersão nos dados. Utilizamos como métricas o Critério de Informação de Akaike ($CIA = 2k - 2 \ln(\hat{L})$) e o Erro Médio Absoluto ($EMA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|$). A métrica CIA balanceia o ajuste do modelo aos dados, representado pelo termo $\ln(\hat{L})$, e a complexidade do modelo, representada pelo número de variáveis k , enquanto a métrica EMA avalia a diferença entre a resposta calculada pelo modelo ajustado e os valores reais da variável resposta.

Os coeficientes de correlação de Spearman e Pearson [Schober et al. 2018] foram calculados para avaliar o relacionamento entre o índice de infestação (IMFA), considerando valores adiantados em até 10 semanas, e as notificações de dengue.

3.3. Modelos Epidemiológicos

Os modelos epidemiológicos foram aplicados considerando o grande aumento no número de casos de dengue em 2019. Escolhemos o período da semana 48 de 2018 à semana 47 de 2019, totalizando 52 semanas, e consideramos apenas parte dos municípios: Vitória, Vila Velha e Linhares, por já possuírem curvas de infecção com características distintas. Para cada cidade, três modelos, de um mais simples a um mais complexo, foram ajustados aos dados: os modelos SIR e SIR-SI (aqui nomeado SIR-SI v1), e uma segunda versão do modelo SIR-SI (nomeado SIR-SI v2), que inclui o índice vetorial como fator. Os modelos SIR e SIR-SI são ilustrados na Figura 1 e suas definições são apresentadas a seguir.

SIR. Neste modelo, indivíduos podem estar suscetíveis a uma doença (compartimento S), infectados (e com capacidade de infectar outros imediatamente - compartimento I) ou recuperados/imunizados (compartimento R , sem perda de imunidade). O parâmetro β corresponde à taxa de transmissão da doença, e os indivíduos recuperam-se com uma taxa de recuperação γ . Aqui, assume-se uma taxa de nascimentos e mortes μ constante, fazendo com que a população total $N = S + I + R$ também seja constante.

SIR-SI. Este modelo envolve a população humana e a população de vetores (i.e., mosquitos). Para humanos, os indivíduos são divididos em suscetíveis (S_h), infectados (I_h) e recuperados (R_h), conforme a estrutura do modelo SIR. Já na população de mosquitos, considera-se uma estrutura composta apenas por vetores suscetíveis (S_v) e infectados (I_v),



Figura 1. Modelos epidemiológicos considerados neste trabalho.

uma vez que não há recuperação após a infecção. Neste trabalho, considera-se a abordagem mais simples de omitir o compartimento de pessoas expostas (E), e assume-se que novas notificações correspondem exatamente a novas infecções, as quais, nesse caso, implicam uma capacidade imediata de infecciosidade e o surgimento imediato de sintomas. Em todos os modelos, o parâmetro taxa de infecção (β) é variável: no caso dos modelos SIR e SIR-SI v1, β é definido como uma função linear da temperatura semanal (Equação 1), enquanto que para o modelo SIR-SI v2 é incluído também o índice de vetor como um fator multiplicativo (Equação 2). O termo β_{lag} representa quantas semanas o valor de temperatura está adiantado, para considerar efeitos atrasados na população de mosquitos.

$$\beta(t) = \beta_0 + \beta_{scale} \mathbf{T}(t - \beta_{lag}) \quad (1)$$

$$\beta(t) = \beta_0 + \beta_{scale} \mathbf{T}(t - \beta_{lag}) \text{IMFA}(t) \quad (2)$$

Em relação à avaliação dos modelos, utilizamos a redução da soma dos quadrados dos erros (SQE = $\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$) entre as notificações reais acumuladas semanalmente de dengue e o compartimento acumulado de infectados, um compartimento adicional C ($\frac{dC}{dt} = \beta \frac{SI}{N}$). Para definir a população total de pessoas (N ou N_h), considera-se as estimativas do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE)⁶ da população de cada município em 2019, a saber: 362.097 habitantes em Vitória, 493.838 em Vila Velha e 173.555 em Linhares. Em relação aos mosquitos, assume-se a população total de $N_v = 2N_h$. A população inicial de infectados humanos ($I(0)$ ou $I_h(0)$) foi definida como o número inicial de casos semanais de dengue, seguindo a premissa de correspondência dos novos casos com novas infecções. No caso dos modelos com dinâmica vetorial, ajustamos a proporção de mosquitos infectados inicialmente ($I_v(0)$, ver Tabela 1). Além disso, assume-se que nenhum humano está recuperado inicialmente ($R(0) = 0$), e o grupo de suscetíveis inicial, tanto dos humanos quanto dos mosquitos, como toda a população restante ($S(0) = N - I(0) - R(0)$ e $S_v(0) = N_v - I_v(0)$).

Os parâmetros dos modelos, seus intervalos, valores iniciais e origem são apresentados na Tabela 1. Para cada modelo, são utilizados os mesmos valores em todas as cidades. Em relação aos modelos com dinâmica de vetor explícita, assumimos uma taxa de transmissão igual nas duas direções ($\beta = \beta_{vh} = \beta_{hv}$), diferenciando, portanto, a força de infecção apenas pela quantidade de infectados de cada lado. Além disso, adotamos taxas de nascimento/morte μ constantes (de acordo com dados do IBGE⁷), de modo que a

⁶IBGE divulga as estimativas da população dos municípios para 2019: <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-sala-de-imprensa/2013-agencia-de-noticias/releases/25278-ibge-divulga-as-estimativas-da-populacao-dos-municipios-para-2019>

⁷IBGE: https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/media/com_mediaibge/arquivos/65c3023462e

Tabela 1. Parâmetros utilizados nos modelos SIR, SIR-SI v1 e SIR-SI v2.

Modelo	Parâmetro	Intervalo	Valor inicial	Origem
SIR	μ (ano^{-1})	–	1/79	IBGE
	γ ($semana^{-1}$)	–	1.4	[Simmons et al. 2012]
	β_0 ($semana^{-1}$)	(0.01, 1.0)	0.1	Experimentação
	β_{scale}	(0.01, 0.2)	0.05	Experimentação
	β_{lag} (semanas)	(0, 10)	5	Experimentação
SIR-SI (v1 e v2)	μ_h (ano^{-1})	–	1/79	IBGE
	μ_v (dia^{-1})	–	1/11	[Otero et al. 2006]
	γ ($semana^{-1}$)	–	1.4	[Simmons et al. 2012]
	β_0 ($semana^{-1}$)	(0.1, 1.0)	0.5	Experimentação
	β_{scale}	(0.01, 0.2)	0.05	Experimentação
	β_{lag} (semanas)	(0, 10)	5	Experimentação
	$I_v(0)/N_v$	(10^{-4} , 10^{-2})	10^{-4}	Experimentação

população total de humanos e de vetores permaneça constante ($N_h = S_h + I_h + R_h = C_1$ e $N_v = S_v + I_v = C_2$), bem como uma taxa de recuperação constante γ para os humanos.

Análise de Sensibilidade. Após o ajuste dos modelos, é realizada uma análise de sensibilidade para avaliar a influência da alteração dos parâmetros de entrada na saída de cada modelo. Especificamente, utiliza-se a análise de sensibilidade global de Sobol (2^{13} amostras/município) para quantificar o impacto da incerteza nos parâmetros no tamanho e na semana do pico de infestação ($Value(p)$, $Week(p)$) dos modelos SIR e SIR-SI v1. São utilizados os intervalos na Tabela 1, incluindo γ com intervalo de 3 a 7 dias (1 a 2.33).

4. Resultados

Esta seção apresenta os principais resultados deste trabalho em duas partes: análise do relacionamento entre variáveis e modelos epidemiológicos.

4.1. Análise do Relacionamento entre Variáveis

Os resultados da análise do relacionamento entre variáveis por meio de modelos de regressão são apresentados na Tabela 2. Variáveis de temperatura foram mais selecionadas e demonstraram os maiores efeitos na densidade do vetor, o que atesta seu papel importante no desenvolvimento e sobrevivência do mosquito [Couret and Benedict 2014]. Mesmo assim, a temperatura nem sempre foi o preditor mais relevante em Vila Velha e Afonso Cláudio, embora permanecesse importante em Vitória, município vizinho de Vila Velha. A umidade foi o segundo fator mais importante, seguida pela precipitação.

Em relação ao impacto das variáveis meteorológicas na variação populacional dos mosquitos, os resultados indicam que tanto o conjunto de variáveis mais relevantes quanto a magnitude de sua influência podem variar durante anos distintos para o mesmo local. Por exemplo, por 2017 e 2019, fatores de umidade e precipitação prevaleceram em Vila Velha, enquanto em 2018, a temperatura prevaleceu. Já em Ecoporanga, a influência da temperatura se deu com coeficientes bem diferentes de 2017 a 2018. Além disso, resultados de locais vizinhos podem diferir consideravelmente, como os de Vitória e Vila Velha. No entanto, ainda é possível observar casos em que não há mudanças tão consideráveis, como em Vitória (2018-2019), Afonso Cláudio (2018-2019) e Linhares (2017-2018).

Tabela 2. Coeficientes dos modelos de regressão ajustados, para cada par município-ano. Valores com maior magnitude destacados, e variáveis não selecionadas marcadas com um traço (-). As sub-colunas abaixo de cada variável indicam o número de semanas adiantadas.

Ano	<i>temp_i</i>					<i>umid_i</i>				<i>prec_i</i>				
	0	1	2	3	4	0	1	3	4	0	1	2	3	4
Vitória														
2017	-0,02	0,19	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,14	-	-	-
2018	-	-	-	0,03	-0,12	-	-	-	-	-	-	-	0,10	-
2019	-	-	-	-0,01	-0,08	-	-	0,11	-	-	-	-	-	-
Vila Velha														
2017	-	-	-	-	-	-0,15	-0,31	-	-	-	-	-	-	0,20
2018	0,24	0,09	-	-	-	-	-0,19	-	-	-	-	-	-	-
2019	-	-	-	-	-	-	-	0,11	0,10	-	-0,12	-	-	-
Afonso Cláudio														
2017	-	-	-	-	-	-	-	0,75	-	0,50	-	0,25	-	-
2018	-	0,35	-	0,10	0,81	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2019	-	-	-	0,43	0,94	-	-	-	-	-	-	0,31	-	-
Linhares														
2017	-	0,17	-	-	-	-0,17	-0,21	-	-	-	-	-	-	-
2018	0,06	0,22	-	-	-	-	-0,10	-	-	-	-	-	-	-
2019	-	-	-	-	-0,07	-	-	0,10	0,15	-	-	-	-	-
Ecoporanga														
2017	0,15	0,32	0,12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2018	-	-0,10	0,52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,21	-
2019	-	-	-	-	-0,14	-0,37	-	-	0,16	-	-	-	-	-

A respeito da análise de correlação, a Tabela 3 apresenta as três maiores correlações entre o índice de infestação (*IMFA*) e os casos de dengue para cada município. Os anos 2017 de Afonso Cláudio e todos os anos de Ecoporanga não possuíam dados suficientes, por isso não estão presentes. A ausência de outros valores deu-se pela falta de uma correlação estatisticamente significativa (p-valor maior do que 5%). Levando em conta múltiplos municípios e anos distintos, o relacionamento é no geral contraintuitivo: quanto maior a infestação, menor o número de casos, evidenciando a conexão complexa entre as duas variáveis [Bowman et al. 2014]. A única exceção desse padrão contraintuitivo foi Afonso Cláudio, com valores de correlação bem positivos. No entanto, como a Figura 2 apresenta, a amostragem bem menor dos dados no município torna esses resultados menos robustos. Por fim, o grande deslocamento, em semanas, um ano após o outro, das variáveis com maior correlação, como em Vila Velha e em Linhares, revela uma inconsistência temporal que ressalta a falta de um padrão de relação entre as variáveis.

4.2. Modelos Epidemiológicos

No que diz respeito à qualidade de ajuste aos dados dos modelos, a Tabela 4 compara as infecções semanais e acumuladas calculadas a partir dos modelos com os dados reais, utilizando o *RMSE* e o R^2 . O *RMSE* é uma normalização da soma dos quadrados dos erros. O R^2 (coeficiente de determinação) indica o quanto um modelo explica a variância nos dados; Um R^2 próximo de 1 é melhor, enquanto valores próximos de 0, pio-

Tabela 3. Correlações mais fortes entre a densidade de mosquitos (*IMFA*) e as notificações de dengue, por município e ano. Valores ausentes marcados com (–); p-valores em parênteses; e adiantamento (em semanas) da densidade em relação às notificações em subscrito.

Município	Ano	Top 1	Top 2	Top 3
Vitória	2019	$IMFA_{10}(P)$: -0,39 (0,00)	$IMFA_9(P)$: -0,33 (0,02)	$IMFA_7(P)$: -0,33 (0,02)
Vila Velha	2017	$IMFA_0(S)$: -0,43 (0,04)	–	–
	2018	$IMFA_{10}(S)$: -0,41 (0,00)	$IMFA_1(P)$: -0,29 (0,04)	–
Afonso Cláudio	2018	$IMFA_0(P)$: 0,54 (0,00)	$IMFA_1(P)$: 0,49 (0,00)	$IMFA_2(S)$: 0,32 (0,02)
	2019	$IMFA_5(P)$: 0,75 (0,00)	$IMFA_4(P)$: 0,73 (0,00)	$IMFA_6(P)$: 0,68 (0,00)
Linhares	2017	$IMFA_4(S)$: -0,51 (0,01)	–	–
	2018	$IMFA_0(P)$: -0,45 (0,00)	$IMFA_1(P)$: -0,37 (0,01)	$IMFA_6(P)$: -0,34 (0,01)
	2019	$IMFA_8(S)$: -0,41 (0,00)	$IMFA_7(P)$: -0,35 (0,01)	$IMFA_{10}(P)$: -0,33 (0,02)

Tipos de correlação: Pearson (P) e Spearman (S).

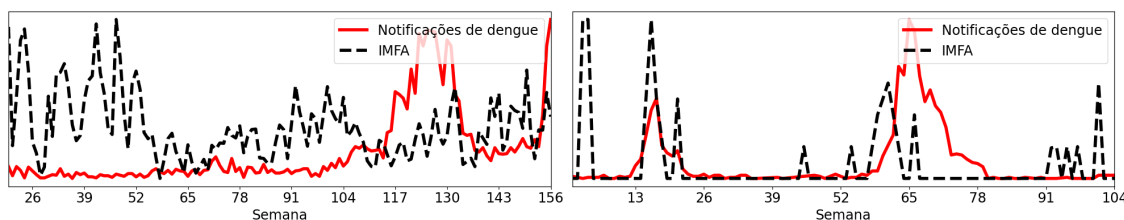


Figura 2. Evolução do índice vetorial (*IMFA*) e das notificações de dengue das cidades de Vitória (esquerda) e Afonso Cláudio (direita) – escalas distintas.

res; valores negativos são possíveis, e indicam um modelo totalmente não representativo. Também, para uma comparação objetiva dos picos de casos reais e dos modelos, medimos a distância da posição e do valor do pico (respectivamente, $Dist(p)$ e $Ratio(p)$).

O modelo *SIR* apresentou a melhor performance geral, corroborando trabalhos anteriores [Pandey et al. 2013], com os menores erros tanto para casos acumulados quanto semanais (ver Tabela 4). A Figura 3 mostra a comparação das curvas reais com as do modelo *SIR* para Vitória, Vila Velha e Linhares. O modelo *SIR-SI* v1, embora apresente erros maiores, ainda fornece um ajuste satisfatório. Já o modelo mais complexo, *SIR-SI* v2, obteve os piores indicadores de desempenho, com erros significativamente maiores em praticamente todas as métricas. Nota-se que um bom ajuste dos casos acumulados não implica um bom ajuste dos casos semanais (Tabela 4). Os resultados revelam um êxito ao utilizar a temperatura como um fator da força de infecção da doença. Tal resultado é ilustrado pela Figura 4, onde, em 2019, houve um padrão claro de crescimento da dengue com o aumento da temperatura que justifica isso.

A respeito do terceiro modelo, a Figura 4 mostra como o índice de vetor (*IMFA*) é altamente sazonal, assim como a temperatura. Entretanto, não há um padrão visual claro de ligação do *IMFA* com os casos de dengue, por exemplo, ao observar a baixa infestação nas primeiras semanas de 2019 em Vitória ou em Linhares (Figuras 4a e 4c). A partir de tais observações em conjunto com a análise de correlação, verifica-se a necessidade de um estudo mais aprofundado e multifatorial para a associação do índice vetorial com os casos de dengue em modelos epidemiológicos.

Tabela 4. Desempenho dos modelos SIR, SIR-SI v1 e SIR-SI v2 por município (2018/48 – 2019/47): erro ($RMSE$) e coeficiente de determinação (R^2) para os dados reais acumulados (C) e semanais (S); distância semanal entre picos de infestação ($Dist(p)$) e a razão dos picos ($Ratio(p)$).

Município	Modelo	$RMSE$ (C/S)	R^2 (C/S)	$Dist(p)$	$Ratio(p)$
Vitória	SIR	209.07 / 38.35	0.99 / 0.77	3	1.01
	SIR-SI v1	534.46 / 74.89	0.93 / 0.11	10	0.81
	SIR-SI v2	833.88 / 124.15	0.84 / -1.45	17	0.89
Vila Velha	SIR	146.84 / 41.56	1.00 / 0.70	1	0.88
	SIR-SI v1	439.15 / 64.97	0.96 / 0.27	4	0.72
	SIR-SI v2	796.82 / 119.39	0.86 / -1.48	13	0.77
Linhares	SIR	122.33 / 32.40	0.99 / 0.66	1	0.66
	SIR-SI v1	251.74 / 43.87	0.96 / 0.38	9	0.62
	SIR-SI v2	980.21 / 104.18	0.44 / -2.50	17	0.84

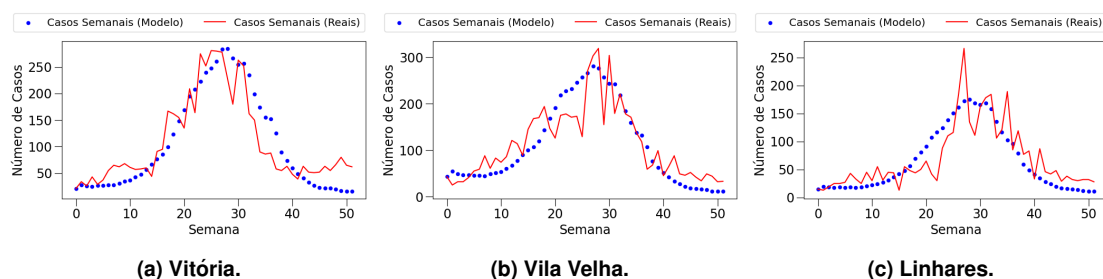


Figura 3. Modelo SIR vs casos reais nos municípios analisados.

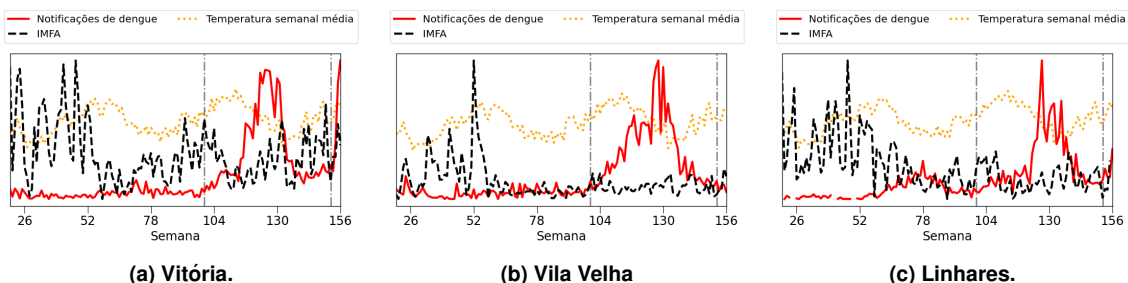


Figura 4. Notificações de dengue, índice de infestação e temperatura semanal média (2017/20 – 2019/52) nos municípios. As linhas tracejadas verticais indicam o período escolhido para os modelos epidemiológicos.

Análise de Sensibilidade. Para a análise de sensibilidade, devido à similaridade dos dados entre cidades, são reportados apenas os dados de Vitória. Os índices de primeira ordem (S_1 , Tabela 5) confirmam um domínio de $\beta_{scaling}$ em ambas as métricas, indicando uma importância maior da mudança da temperatura na evolução da doença, enquanto a irrelevância de β_{lag} indica robustez do modelo a variações no atraso climático, compensadas pelo padrão forte entre temperatura e incidência da doença (Figura 4). Os índices totais (S_T , Tabela 6) revelam que a semana de pico ($Week(p)$) é governada também por interações complexas entre β_0 e γ . Por outro lado, a inclusão da dinâmica vetorial no modelo SIR-SI v1 mitigou essa sensibilidade de $Week(p)$ em relação a γ , de modo que a presença do vetor mostra-se relevante e reduz a superestimação da capacidade de

recuperação humana frente à chegada do pico.

Tabela 5. Índices de Sensibilidade de Primeira Ordem ($S_1 \pm \text{I.C.}$) para Vitória.

Métrica	Modelo	β_0	β_{scale}	β_{lag}	γ	$I_v(0)/N_v$
<i>Value(p)</i>	SIR	$0,03 \pm 0,01$	$0,84 \pm 0,02$	$0,00 \pm 0,00$	$0,08 \pm 0,01$	–
	SIR–SI	$0,03 \pm 0,01$	$0,84 \pm 0,03$	$0,00 \pm 0,00$	$0,01 \pm 0,00$	$0,00 \pm 0,01$
<i>Week(p)</i>	SIR	$0,00 \pm 0,02$	$0,31 \pm 0,04$	$0,00 \pm 0,00$	$0,00 \pm 0,02$	–
	SIR–SI	$0,02 \pm 0,02$	$0,53 \pm 0,06$	$0,00 \pm 0,00$	$0,00 \pm 0,01$	$0,03 \pm 0,01$

Tabela 6. Índices de Sensibilidade Total ($S_T \pm \text{I.C.}$) para Vitória.

Métrica	Modelo	β_0	β_{scale}	β_{lag}	γ	$I_v(0)/N_v$
<i>Value(p)</i>	SIR	$0,05 \pm 0,00$	$0,88 \pm 0,02$	$0,01 \pm 0,00$	$0,12 \pm 0,00$	–
	SIR–SI	$0,09 \pm 0,00$	$0,96 \pm 0,03$	$0,01 \pm 0,00$	$0,02 \pm 0,00$	$0,09 \pm 0,01$
<i>Week(p)</i>	SIR	$0,54 \pm 0,04$	$1,02 \pm 0,04$	$0,03 \pm 0,01$	$0,65 \pm 0,04$	–
	SIR–SI	$0,40 \pm 0,04$	$0,96 \pm 0,06$	$0,02 \pm 0,01$	$0,22 \pm 0,05$	$0,10 \pm 0,02$

5. Conclusão

Neste trabalho foram desenvolvidos modelos de regressão e realizadas análises de correlação para, respectivamente, avaliar o relacionamento dos índices de vetor com as variáveis meteorológicas e com a incidência de dengue. Também foram aplicados modelos epidemiológicos compartimentais para os casos de dengue, o que permitiu verificar o impacto da inclusão do índice de vetor na formulação. Resultados da análise de regressão destacaram a temperatura como fator mais importante na variação da população do vetor da dengue entre as variáveis selecionadas, enquanto as diferenças temporais dos modelos e diferenças até em locais próximos demonstraram a importância da vigilância contínua e localizada. Também, a temperatura mostrou-se eficaz como fator de modelagem epidemiológica. Por outro lado, a análise de correlação revelou um relacionamento fraco entre a densidade do vetor e a incidência de dengue, o que é refletido na qualidade menor do modelo epidemiológico mais complexo.

Sugestões de trabalhos futuros incluem: analisar modelos de previsão de casos de dengue com variáveis meteorológicas; integrar dados reais de infecção de dengue em mosquitos ou integrar dados espaciais; e desenvolver e comparar modelos epidemiológicos de dengue com processos/mecanismos mais complexos.

Agradecimentos. À Ecovec pela disponibilização dos dados; À Secretaria Estadual de Saúde do Espírito Santo (SESA-ES) e ao Núcleo Especial de Vigilância Ambiental (NEVA) pela autorização do uso e divulgação dos dados de vigilância entomológica. Além disso, este trabalho foi parcialmente financiado pelo CNPq.

Referências

Bowman, L. R. et al. (2014). Assessing the relationship between Vector Indices and Dengue Transmission: A systematic review of the evidence. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 8(5):e2848.

- Codeço, C. T. et al. (2015). Surveillance of *Aedes aegypti*: Comparison of House index with four alternative traps. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 9(2):e0003475.
- Couret, J. and Benedict, M. Q. (2014). A meta-analysis of the factors influencing development rate variation in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). *BMC Ecol.*, 14(3).
- da Cruz Ferreira, D. A. et al. (2017). Meteorological variables and mosquito monitoring are good predictors for infestation trends of *Aedes aegypti*, the vector of dengue, chikungunya and zika. *Parasites Vectors*, 10(78).
- Fiorini, S. et al. (2016). Vigilância Entomológica da Dengue, Zika e Chikungunya: Uma Solução Baseada em Redes Sociais e Dispositivos Móveis. In *Procs. WIM*, pages 2567–2576. SBC.
- Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Rev.*, 42(4):599–653.
- Lambrechts, L. et al. (2011). Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by *Aedes aegypti*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 108(18):7460–7465.
- Leach, C. B. et al. (2020). Linking mosquito surveillance to dengue fever through Bayesian mechanistic modeling. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 14(11).
- Messina, J. P. et al. (2016). Mapping global environmental suitability for zika virus. *eLife*, 5:e15272.
- Mudele, O. et al. (2021). Modeling dengue vector population with earth observation data and a generalized linear model. *Acta Trop.*, 215:105809.
- Otero, M. et al. (2006). A stochastic population dynamics model for *Aedes aegypti*: Formulation and application to a city with temperate climate. *Bull. Math. Biol.*, 68(8):1945–1974.
- Pandey, A. et al. (2013). Comparing vector–host and SIR models for dengue transmission. *Math. Biosci.*, 246(2):252–259.
- Sant’Anna, M. W. et al. (2025). Climate Change and Arbovirus: A Review and Bibliometric Analysis. *Climate*, 13(2):35.
- Schober, P. et al. (2018). Correlation coefficients: Appropriate use and interpretation. *Anesth. Analg.*, 126(5):1763–1768.
- Silva, G. C. et al. (2022). Dengue transmission dynamics analysis and simulation in Minas Gerais - Brazil. *IEEE Lat. Am. Trans.*, 20(6):1012–1017.
- Simmons, C. P. et al. (2012). Dengue. *N. Engl. J. Med.*, 366(15):1423–1432.
- Smith, D. L. et al. (2012). Ross, MacDonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito-transmitted pathogens. *PLoS Pathog.*, 8(4):e1002588.
- Vitória, A. et al. (2024). Modelo SEIR-SEI para a Dinâmica de Transmissão da Dengue no Estado de Goiás. In *Proc. SBCAS*, pages 663–668. SBC.
- Zanardo, G. et al. (2025). Forecasting Weekly Dengue Cases in Brazilian Federative Units. In *Procs. SBCAS*, pages 353–364. SBC.
- Zhang, W.-X. et al. (2025). Assessing the global dengue burden: Incidence, mortality, and disability trends over three decades. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 19(3):e0012932.