

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
DA BAHIA**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO MULTI-INSTITUCIONAL EM DIFUSÃO DO
CONHECIMENTO**

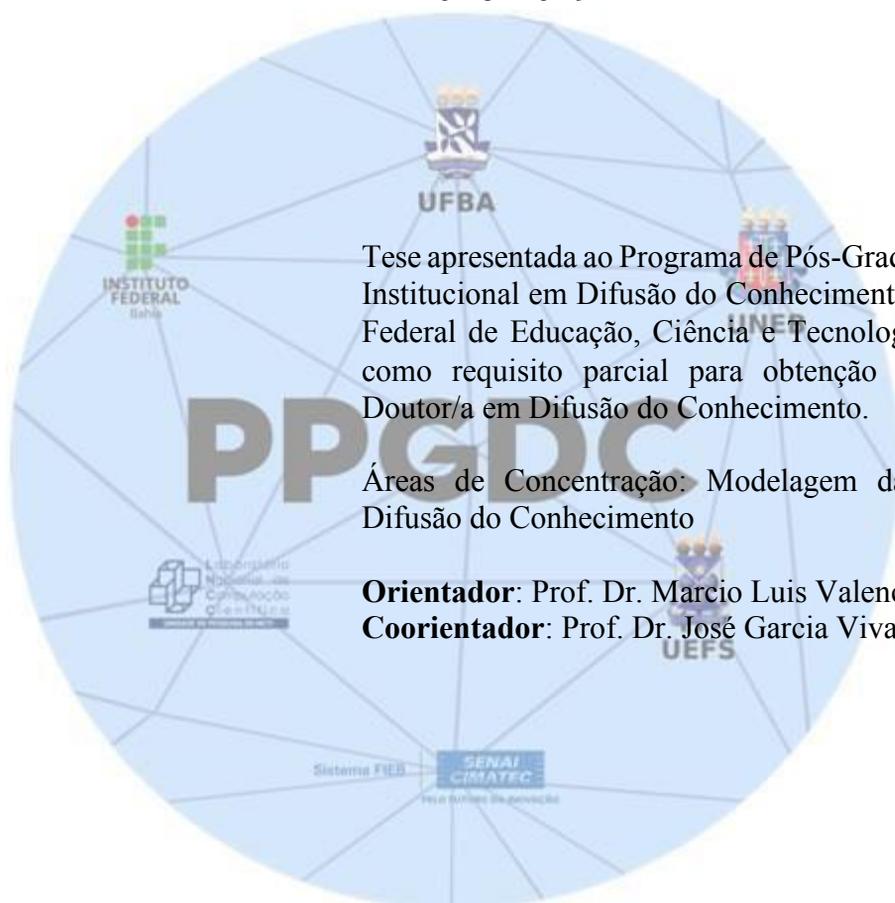
MAÍRA LIMA DE SOUZA

**ANÁLISE DE REGRESSÃO BINOMIAL NEGATIVA NA
DIFUSÃO DAS ARBOVIROSES NA BAHIA ENTRE OS ANOS
DE 2016-2019**

**Salvador
2023**

MAÍRA LIMA DE SOUZA

**ANÁLISE DE REGRESSÃO BINOMIAL NEGATIVA NA
DIFUSÃO DAS ARBOVIROSES NA BAHIA ENTRE OS ANOS
DE 2016-2019**



Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação Multi-Institucional em Difusão do Conhecimento do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Bahia, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor/a em Difusão do Conhecimento.

Áreas de Concentração: Modelagem da Geração e Difusão do Conhecimento

Orientador: Prof. Dr. Marcio Luis Valença Araújo

Coorientador: Prof. Dr. José Garcia Vivas Miranda

Salvador

2023

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELO SISTEMA DE BIBLIOTECAS DO IFBA, COM OS
DADOS FORNECIDOS PELO(A) AUTOR(A)

S729a Souza, Máira Lima de
Análise de regressão binominal negativa na difusão
das arboviroses na Bahia entre os anos de 2016-2019 /
Máira Lima de Souza; orientador Marcio Luis Valença
Araújo; coorientador José Garcia Vivas Miranda --
Salvador, 2023.
327 p.
Tese (Programa de Pós-Graduação Multi-Institucional
em Difusão do Conhecimento) -- Instituto Federal da
Bahia, 2023.
1. Arbovirose. 2. Regressão binominal negativa. 3.
Vigilância epidemiológica. I. Araújo, Marcio Luis
Valença, orient. II. Miranda, José Garcia Vivas,
coorient. III. TÍTULO.
CDU 616-036.21



INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DA BAHIA
Rua Emídio dos Santos - Bairro Barbalho - CEP 40301-015 - Salvador - BA - www.portal.ifba.edu.br

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DA BAHIA
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA, PÓS-GRADUAÇÃO E INOVAÇÃO**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO MULTI-INSTITUCIONALEM DIFUSÃO DO
CONHECIMENTO**

**ANÁLISE DE REGRESSÃO BINOMIAL NEGATIVA NA DIFUSÃO DAS ARBOVIROSES NA
BAHIA ENTRE OS ANOS DE 2016-2019**

MAÍRA LIMA DE SOUZA

Orientador: Prof. Dr. Marcio Luís Valença Araújo

Coorientador: Prof. Dr. José Garcia Vivas Miranda

Banca Examinadora:

Prof. Dr Marcio Luís Valença Araújo

Orientador – Instituto Federal da Bahia (IFBA)

Prof. Dr. José Garcia Vivas Miranda

Coorientador – Universidade Federal da da Bahia (UFBA)

Profa. Dra. Felicidade Mota Pereira

Membro Externo – Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

Profa. Dra. Marcia São Pedro Leal Souza

Membro Interno – Diretoria de Vigilância Epidemiológica (DIVEP) - Secretaria da Saúde do Estado da Bahia – SESAB

Prof. Dr. Hugo Saba Pereira Cardoso

Membro Interno – Universidade do Estado da Bahia (UNEB)

Prof. Dr. Hernane Borges de Barros Pereira

Membro Interno – Universidade do Estado da Bahia (UNEB)

Prof. Dra. Denise Nunes Viola

Membro Externo – Universidade Federal da Bahia (UFBA)

Trabalho de Conclusão de Curso aprovado pela banca examinadora em 25/04/2023.

Em 25 de abril de 2023.



Documento assinado eletronicamente por **Hernane Borges de Barros Pereira, Usuário Externo**, em 25/04/2023, às 22:25, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **Márcia São Pedro Leal Souza, Usuário Externo**, em 26/04/2023, às 13:43, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **MARCIO LUIS VALENCA ARAUJO, Membro do Colegiado**, em 26/04/2023, às 13:56, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **Felicidade Mota Pereira, Usuário Externo**, em 26/04/2023, às 15:37, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **Hugo Saba Pereira Cardoso, Usuário Externo**, em 26/04/2023, às 20:55, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **JOSE GARCIA VIVAS MIRANDA, Usuário Externo**, em 27/04/2023, às 05:34, conforme decreto nº 8.539/2015.



Documento assinado eletronicamente por **Denise Nunes Viola, Usuário Externo**, em 27/04/2023, às 15:55, conforme decreto nº 8.539/2015.



A autenticidade do documento pode ser conferida no site http://sei.ifba.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&acao_origem=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0 informando o código verificador **2877318** e o código CRC **AF0EECAA**.

AGRADECIMENTOS

Início agradecendo à minha família, minha mãe Lícia Maria, meu irmão Humberto Augusto, minha sobrinha linda Giulia Huoya e o caçula Ian Souza. E aquele que estará sempre na minha memória e coração, um beijo ao meu pai amado Humberto Cordeiro.

Minha gratidão é também dirigida a todos que fazem parte da minha rede de afeto curador, que me sustentam quando vacilo e que estão sempre presentes.

Agradeço aos visíveis: A família de fé, de amor e de laços inquebrantáveis Maria Aparecida Brito e Mariana Brito. E a orante querida, Erika Mizutani e Sérgio Lima. Aos meus invisíveis queridos, gratidão eterna! Ogum, Oxalá, PA e ao meu anjo de guarda.

Obrigada as minhas amigas do esporte, companheiras de remo, das travessias marítimas, dos lanches, dos cafés de final de tarde e das conversas. Amigas de anos e aventuras: Tereza e Regina Stella.

Especial gratidão, a Beatriz Giugliani, Maria Carolina Sousa e a Vivian Silva, amigas de escuta, de apoio e de orientações de vida.

Com grande carinho eu cito agora aos meus orientadores queridos, Marcio Araújo e José Garcia, os quais com atenção e sapiência foram os meus companheiros nesta aventura. Obrigada, professores!

Minha gratidão é especialmente dirigida ao professor Eudaldo Francisco dos Santos Filho, que não largou a minha mão, que esteve comigo em uma fase bem difícil da vida. Sempre lembrarei disso e de você.

Agradeço também a mim por não desistir e seguir em frente. Parabéns para mim!

RESUMO

Entre 2016 e 2019 a Bahia teve uma taxa de 270.172,93 casos incidentes de arboviroses, 58,57% dos casos eram de dengue, 25,36% de chikungunya e 16,07% de zika. Ao todo, 136 municípios foram afetados com casos simultâneos e 7 desses municípios tiveram casos contínuos ao longo dos 4 anos (2016 a 2019). Relacionadas ao contexto e com múltiplas ocorrências ao longo do tempo, num escopo de endemia, a questão premente está em identificar os possíveis fatores que influenciam os casos de arboviroses, confirmados e suspeitos, no estado baiano. A dificuldade de contextualizar um cenário geral, com possibilidade de delimitação, foi identificado como problema prioritário e que serviu de parâmetro para localizar a pesquisa na agenda de iniciativas que buscam realizar a análise da susceptibilidade de ocorrência de arboviroses em determinado local. Esta pesquisa objetiva identificar fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos de regressão binomial negativo delineados a partir da frequência anual de casos por municípios da Bahia no período de 2016 a 2019. Duas hipóteses analíticas foram consideradas: a primeira indica que fatores ecológicos impactam na ocorrência de casos e a segunda hipótese considera a existência de influência mútua entre as arboviroses estudadas. Três cenários de casos foram delineados: o cenário de casos suspeitos, o cenário de casos confirmados e o cenário de casos persistentes, este relacionado ao contexto de circulação simultânea. A pesquisa sinalizou que os principais fatores de influência estão ligados ao comércio, migração, transporte e uso da terra, bem como aos aspectos socioeconômicos.

Palavras-chaves: Arbovirose; Regressão Binomial Negativa; Vigilância Epidemiológica.

ABSTRACT

Between 2016 and 2019, Bahia had about 270,172 incident cases of arboviruses; 58.57% were dengue, 25.36% were chikungunya, and 16.07% were zika. One hundred thirty-six municipalities were affected with simultaneous occurrences, and 7 had continuous cases over those four years (2016 to 2019). Related to the context and multiple events over time, within an endemic scope, the pressing issue is identifying the possible factors that influence arboviral cases, confirmed and suspected, in Bahia. The hardship in contextualizing a general scenario, with plenty possibility of delimitation, was identified as a priority problem and served as a parameter to locate the research in the agenda of initiatives that seek to analyze the susceptibility of the occurrence of arboviruses in a given location. This research aims to identify ecological factors associated with confirmed and suspected cases of dengue, chikungunya, and zika through statistical models of negative binomial regression that circle back from the annual frequency of cases by municipalities in Bahia municipalities in the period from 2016 to 2019. Two Analytical hypotheses were considered: the first indicates that ecological factors impact the occurrence of cases, and the second hypothesis assumes that there is mutual influence between the studied arboviruses. Three case scenarios were outlined: the suspected cases scenario, the confirmed cases scenario, and the persistent cases occurrences scenario, the latter related to the context of simultaneous circulation. The survey indicated that the main influencing factors are linked to trade, migration, transport, land use, and socioeconomic aspects.

Keywords: Arboviruses; Negative Binomial Regression; Epidemiological Surveillance.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACE	Agentes de Controle de Endemias
ACS	Agentes Comunitários de Saúde
AIC	Critério de Informação de Akaike
ANOVA	Análise de Variância
BIC	Critério de Informação Bayesianos
CDC	<i>Centers for Disease Control and Prevention</i>
CHIKV	Vírus da Chikungunya
CNES	Cadastro Nacional de Estabelecimentos de Saúde
CODTV	Doenças Transmitidas por Vetores e outras Antropozoonoses
CZS	Síndrome do Zika Congênita
DCC	Dengue com Complicações
DATASUS	Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde
DeCS/MeSH	Descritores em Ciências da Saúde/Medical Subject Headings
DENV	Vírus da Dengue
DIVEP	Diretoria de Vigilância Epidemiológica
DNUS	Declaração de Nascidos Vivos
DTNs	Doenças Tropicais Negligenciadas
eAB	Equipes de Atenção Básica
ECDC	<i>European Center for Disease Prevention and Control</i>
eSF	Equipes de Saúde da Família
FC	Fixação de Complemento
ESP	Evento de Saúde Pública
ESPIN	Emergência em Saúde Pública de Importância Nacional
FA	Febre Amarela
FD	Febre da Dengue
FHD	Febre Hemorrágica da Dengue
FIN-SUS	Força Nacional do Sistema Único de Saúde
FJP	Fundação João Pinheiro
FNC	Ficha de Notificação/Conclusão
FNI	Ficha de Notificação Individual
FTP	Protocolo de Transferência de Arquivos

GAL	Gerenciador de Ambiente Laboratorial
GIIM	Modelo de Infecção Inversa Generalizada
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IDE	Ambiente de Desenvolvimento Integrado
IDEM	Índice da Dinâmica Econômica Municipal
IDH	Índice de Desenvolvimento Humano
IDHM	Índice de Desenvolvimento Humano Municipal
IH	Inibição da Hemaglutinação
IHMC	<i>Institute for Human & Machine Cognition</i>
IRR	<i>Incident Rate Ratios</i>
IPEA	Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada
LACEN	Laboratório Central de Saúde Pública
LERR	Laboratórios Estaduais de Referência Regional
LIRAA	Levantamento Rápido de Índices para <i>Aedes aegypti</i>
LMRR	Laboratórios Municipais de Referência Regional
LNCI	Lista de Notificações Compulsórias Imediatas
MS	Ministério da Saúde
NCI	Notificação Compulsória Imediata
NCS	Notificação Compulsória Semanal
NRS	Núcleos Regionais de Saúde
OMS	Organização Mundial da Saúde
OPAS/OMS	Organização Pan-Americana da Saúde
PAHO/WHO	<i>Pan American Health Organization</i>
PEAa	Plano de Erradicação do <i>Aedes aegypti</i>
PIB	Produto Interno Bruto
PNAD	Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios
PNUD	Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento
PQAVS	Programa de Qualificação das Ações de Vigilância em Saúde
RELSP	Rede Estadual de Laboratórios de Saúde Pública
RESP	Registro de Eventos em Saúde Pública
SAPS	Secretaria de Atenção Primária à Saúde
SC	Sistema Complexo
SCD	Síndrome do Choque da Dengue
SCR	Sistema de Representação do Conhecimento
SEI	Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia

SES	Secretarias Estaduais de Saúde
SESAB	Secretaria de Saúde do Estado da Bahia
SGB	Síndrome de Guillain-Barré
SIH	Sistema de Informações Hospitalares
SIM	Sistema de Informações de Mortalidade
SINAN	Sistema de Informações de Agravos de Notificações
SINASC	Sistema de Informação de Nascidos Vivos
SNIS	Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento
SIS	Sistema de Informação de Saúde
SISLOC	Sistema de Informação de Localidades
SMS	Secretarias Municipais de Saúde
SUS	Sistema Único de Saúde
TCU	Tribunal de Contas da União
TFD	Teoria Fundamentada nos Dados
WHO	<i>World Health Organization</i>
WNV	<i>West Nile Virus</i>
WOS	<i>Web of Science</i>
YF	Febre Amarela
ZIKV	Vírus da Zika

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Número de casos e óbitos de dengue, chikungunya, zika, Brasil, 2008 a 2019	24
Figura 2 – Espectro de interações homem-ambiente	29
Figura 3 – Framework da pesquisa.	33
Figura 4 – Organograma da vigilância epidemiológica das arboviroses da SESAB	64
Figura 5 – Fluxograma do Sistema de Vigilância	65
Figura 6 – Processos da metodologia	71
Figura 7 – Visão da interação entre os métodos e processos da Teoria Fundamentada	73
Figura 8 – Framework avançado da pesquisa.	75
Figura 9 – Modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de Arboviroses	80
Figura 10 – Categorias da variável bioma	90
Figura 11 – Esquema do processo de refinamento sofrido pelos dados	100
Figura 12 – Esquema do processo de evolução dos modelos de análise da regressão binomial negativa	117
Figura 13 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue confirmada	189
Figura 14 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue confirmada	190
Figura 15 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue confirmada	191
Figura 16 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue suspeita	198
Figura 17 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue suspeita	199
Figura 18 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue suspeita	200
Figura 19 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue confirmada cocirculação	205
Figura 20 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue confirmada cocirculação	206
Figura 21 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue confirmada cocirculação	207
Figura 22 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya confirmada	212
Figura 23 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya confirmada	213
Figura 24 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya confirmada	214
Figura 25 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya suspeita	220
Figura 26 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya suspeita.	221
Figura 27 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya suspeita	222
Figura 28 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya confirmada cocirculação	230
Figura 29 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya confirmada cocirculação	231
Figura 30 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya confirmada cocirculação	232
Figura 31 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika confirmada	239
Figura 32 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika confirmada	240
Figura 33 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika confirmada	241
Figura 34 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika suspeita	245
Figura 35 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika suspeita	246
Figura 36 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika suspeita	247
Figura 37 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika confirmada cocirculação	252
Figura 38 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika confirmada cocirculação	253
Figura 39 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika confirmada cocirculação	254

Figura 40 – Espectro de interações ecológicas associadas à transmissão de doenças transmitidas por vetores	260
Figura 41 – Fatores de influência na modelagem da dengue	272
Figura 42 – Fatores de influência na modelagem da chikungunya	275
Figura 43 – Fatores de influência na modelagem da zika	278
Figura 44 – Modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de Arboviroses	279
Figura 45 – Matriz de correlação Spearman	280
Mapa 1 – Distribuição dos casos de dengue registrado na Bahia entre 1994 e 2000	156
Mapa 2 – Cocirculação das arboviroses por Município, Bahia, 2016 a 2019	167
Mapa 3 – Detecção dos sorotipos de dengue por Município, Bahia, 2016 a 2019	173

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Estrutura hierárquica de termos sobre arbovirose	31
Quadro 2 – Dimensão e Indicadores de impacto para ocorrência de casos	43
Quadro 3 – Arbovirose de notificação compulsória	60
Quadro 4 – Termos utilizados na pesquisa bibliográfica	76
Quadro 5 – Principais pacotes utilizados na pesquisa	78
Quadro 6 – Resumo das fontes de dados	81
Quadro 7 – Dicionário das variáveis de análise	103
Quadro 8 – Sumário da variância e da média das variáveis respostas	119
Quadro 9 – Resultado do teste de dispersão para dengue confirmada e suspeita	120
Quadro 10 – Resultado teste dispersão para chikungunya confirmada e suspeita	121
Quadro 11 – Resultado do teste de dispersão para zika confirmada e suspeita	122
Quadro 12 – Resumo do design dos modelos finais de análise	124
Quadro 13 – Área territorial e densidade média populacional das Macrorregiões e Regiões de Saúde da Bahia	128
Quadro 14 – Características de ocupação por Macrorregião e Região de Saúde	130
Quadro 15 – População por ano e área (km ²) dos municípios da Bahia	131
Quadro 16 – Descrição sumária do IDH dos municípios baianos	134
Quadro 17 – Relação do porte dos municípios por IDH	135
Quadro 18 – Relação da macrorregião, região de saúde e municípios com IDH baixo	135
Quadro 19 – Relação de municípios por tipologia	137
Quadro 20 – Descritiva sumária do PIB per capita do período	141
Quadro 21 – Descritiva sumária do PIB per capita 2016	141
Quadro 22 – Descritiva sumária do PIB per capita 2017	141
Quadro 23 – Descritiva sumária do PIB per capita 2018	142
Quadro 24 – Descritiva sumária do PIB per capita 2019	142
Quadro 25 – Macrorregião e Região de Saúde em relação ao PIB per capita	145
Quadro 26 – Distribuição dos casos confirmados e taxa de casos das arbovirose (dengue, zika e chikungunya) por ano, Bahia, 2016 a 2019	162
Quadro 27 – Distribuição dos casos confirmados das arbovirose (dengue, zika e chikungunya) por Macrorregião de Saúde e Núcleo Regional de Saúde (NRS), Bahia, 2016 a 2019	162
Quadro 28 – Redução-incremento de incidência de dengue, chikungunya e zika por ano, Bahia, 2016-2019	168
Quadro 29 – Características dos municípios com casos de dengue recorrentes de 2016 a 2019, Bahia	175
Quadro 30 – Casos confirmados e suspeitos de chikungunya por ano, Bahia, 2016 a 2019	180
Quadro 31 – Características dos municípios com casos de chikungunya recorrentes de 2016 a 2019, Bahia	182
Quadro 32 – Casos confirmados e suspeitos de zika por ano, Bahia, 2016 a 2019	184
Quadro 33 – Características dos municípios com casos de zika recorrentes de	

2016 a 2019, Bahia	186
Quadro 34 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue Confirmada	192
Quadro 35 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	195
Quadro 36 – Análise efeito variável tx_vacina	196
Quadro 37 – Análise efeito variável tx_dg_auto	197
Quadro 38 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue suspeita	200
Quadro 39 – Representação da exponencial dos coeficientes estimados do Modelo 3 (M3)	202
Quadro 40 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue confirmada no cenário de circulação simultânea	207
Quadro 41 – Estimativa do efeito da variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	210
Quadro 42 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto	211
Quadro 43 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya confirmada.	215
Quadro 44 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	217
Quadro 45 – Estimativa do efeito da variável dg_conf	217
Quadro 46 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto:tx_zk_auto	219
Quadro 47 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya suspeita	222
Quadro 48 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 2	224
Quadro 49 – Estimativa do efeito da variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	225
Quadro 50 – Estimativa do efeito da variável tx_G12A	226
Quadro 51 – Estimativa do efeito da variável tx_chik_auto	226
Quadro 52 – Estimativa do efeito da variável tx_vacina	227
Quadro 53 – Estimativa do efeito da variável tx_fluxo	228
Quadro 54 – Estimativa do efeito da variável tx_Ssnis	228
Quadro 55 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya confirmada no cenário de circulação simultânea	232
Quadro 56 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	234
Quadro 57 – Estimativa do efeito da variável tx_chik_auto	235
Quadro 58 – Estimativa do efeito da variável densidade	236
Quadro 59 – Estimativa do efeito da variável tx_vacina	236
Quadro 60 – Estimativa do efeito da variável tx_Ssnis	237
Quadro 61 – Estimativa do efeito da variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	238
Quadro 62 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika Confirmada	241
Quadro 63 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	243
Quadro 64 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika suspeita	247
Quadro 65 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	249
Quadro 66 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika confirmada no cenário de circulação simultânea	254
Quadro 67 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3	256
Quadro 68 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto:tx_chik_auto	257
Quadro 69 – Resumo do resultado dos modelos de análise	268

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 – Municípios da Bahia por porte	131
Gráfico 2 – Macrorregiões da Bahia por porte	132
Gráfico 3 – Região da Saúde da Bahia por porte	133
Gráfico 4 – Relação da região de saúde por IDH	136
Gráfico 5 – Relação dos tipos de municípios por área e densidade	138
Gráfico 6 – Organização tipológica por Macrorregião e Região de Saúde baiana	141
Gráfico 7 – Evolução do PIB per capita da Bahia por ano	140
Gráfico 8 – Municípios baianos de clima semiárido	143
Gráfico 9 – Municípios do semiárido baiano por macrorregião e região de saúde	145
Gráfico 10 – Municípios que não estão no semiárido por macrorregião e região de saúde	146
Gráfico 11 – Uso do solo baiano	147
Gráfico 12 – Tipos de uso do solo por Macrorregião e Região de Saúde	148
Gráfico 13 – População inscrita no Cadastro Único em relação à população da Bahia por ano	149
Gráfico 14 – População inscrita no Cadastro Único em relação à população da Bahia por ano	150
Gráfico 15 – Percentual da população pobre e extra pobre por macrorregião e região de saúde, 2016-2019	151
Gráfico 16 – Percentual da população inscrita no Cadastro Único sem água, esgoto e coleta de lixo por macrorregião e região de saúde, 2015	152
Gráfico 17 – Percentual da população com abastecimento de água por macrorregião e região de saúde, de 2016 a 2019	153
Gráfico 18 – Distribuição dos casos confirmados e incidência de dengue por ano, Bahia, 1997 a 2019	154
Gráfico 19 – Incidência das arboviroses por mês/ano, Bahia, 2016-2019	160
Gráfico 20 – Distribuição dos municípios com casos confirmados de circulação simultânea por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019	161
Gráfico 21 – Distribuição dos casos confirmados das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por Macrorregião de Saúde, Bahia, de 2016 a 2019	163
Gráfico 22 – Distribuição dos casos confirmados das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por Regional de Saúde, Bahia, de 2016 a 2019	164
Gráfico 23 – Circulação simultânea de arboviroses por Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019	165
Gráfico 24 – Circulação simultânea de arboviroses por Macrorregião, Bahia, 2016 a 2019	166
Gráfico 25 – Percentual da população afetada pela ocorrência simultânea de dengue, chikungunya e zika por Macrorregião, Bahia, 2016-2019	168
Gráfico 26 – Casos da dengue confirmados por Município, Bahia, 2016-2019	169
Gráfico 27 – Classificação final dos casos de dengue confirmados, Bahia,	

2016-2019	170
Gráfico 28 – Porcentagem de sorotipo dos casos de dengue confirmados por ano, Bahia, 2016-2019	171
Gráfico 29 – Concentração de sorotipo dos casos de dengue confirmados por Macrorregião, Bahia, 2016 a 2019	172
Gráfico 30 – Incidência dos casos de dengue confirmados por mês e ano, Bahia, 2016 a 2019	174
Gráfico 31 – Taxa percentual de casos confirmados e autóctones de dengue, Bahia, 2016 a 2019	179
Gráfico 32 – Casos de chikungunya confirmados por mês e ano, Bahia, 2016 a 2019	180
Gráfico 33 – Casos de chikungunya confirmados e autóctones por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019	181
Gráfico 34 – Taxas dos municípios com casos de chikungunya recorrentes de 2016 a 2019, Bahia	184
Gráfico 35 – Distribuição da participação percentual dos casos autóctones sobre os casos confirmados por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019	185
Gráfico 36 – Taxas dos municípios com casos de zika recorrentes de 2016 a 2019, Bahia	187
Gráfico 37 – Gráfico de efeito variável tx_Ssnis	204

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	21
1.1 Justificativa	23
1.2 Problema de pesquisa	28
1.2.1 Hipótese	28
1.3 Objetivos	30
1.3.1 Objetivo Geral	30
1.3.2 Objetivo Específico	30
1.4. Delineamento da pesquisa	31
2 ESTUDOS CORRELATOS	36
2.1 Fatores que impactam na ocorrência da arboviroses	36
2.2 Exposição simultânea de arboviroses	40
2.2.1 A infecção e transmissão por mosquitos <i>Aedes aegypti</i>	40
2.2.2 Relação de dependência entre os casos confirmados e descartados de arboviroses	41
2.2.3 Efeito da vacinação da febre amarela na imunidade, infecção e gravidade de casos de dengue.	42
2.3 Resumo dos fatores de ocorrência das arboviroses	43
2.4 Métodos Utilizados para Análise dos Arbovirus	44
3 AS ARBOVIROSES	47
3.1 A Dengue	48
3.2 A Chikungunya	50
3.3 A Zika	51
4 A VIGILÂNCIA	54
4.1. Vigilância em Saúde	54
4.2 Vigilância Epidemiológica	56
4.3 A Notificação	59
4.3.1 O Instrumento de Notificação	61
4.4 Aspectos e Constituição da Vigilância na Bahia	62
4.4.1 A Regionalização da Saúde	66
5 MODELO DE REGRESSÃO BINOMIAL NEGATIVA	68
5.1 Superdispersão	69
6 METODOLOGIA	71
6.1. Desenho da pesquisa	71
6.2. Definição da estratégia epistemológica	72
6.2.1. A Teoria Fundamentada em Dados	72
6.2.2. Aplicação do TFD no desenho da pesquisa	74
6.3. Revisão da literatura	75
6.3.1. Amostragem propositiva sobre a taxonomia das arboviroses	75
6.4. Construções das teorias sociais	77
6.5 Coleta e criação de base de dados de casos para análise	78
6.5.1 A linguagem R e o ambiente de desenvolvimento integrado Rstudio	78
6.5.2 Dados	79
6.5.3 Seleção de dados	83
6.5.3.1 Dados arboviroses	84
6.5.3.2 Dados ecológicos	88
6.5.4 Construção da base de amostral para análise	98

6.5.4.1	Processo de refinamento sofrido pelos dados	99
6.5.4.2	Construção da base amostral de dados	100
6.5.4.3	Construção da base amostral de dados para o contexto de circulação simultânea	110
6.6	Construção de cenários e modelos analíticos	110
6.6.1	Variáveis	111
6.6.1.1	Variáveis Dependentes	111
6.6.1.2	Covariáveis ou variáveis explicativas	111
6.6.1.3	Variável Offset	112
6.6.2	Delineamento dos cenários e dos modelos analíticos	112
6.6.2.1	Fórmula Computacional	113
6.6.2.1.1	Função de Ligação	114
6.6.2.2	Informações trazidas pelos resultados de cada modelo	115
6.6.2.3	Seleção de Covariáveis	116
6.6.2.4	Seleção do Modelo	116
6.6.2.5	Capacidade explicativa do modelo selecionado	116
6.6.2.6	Processo de evolução dos modelos de análise da regressão	117
6.6.3	Estratégia de Modelagem	117
6.6.3.1	Teste de dispersão	118
6.7	Análise dos modelos	122
6.8	Apresentação dos resultados e discussão	126
7	AS ARBOVIROSES NA BAHIA	127
7.1	Perfil da Bahia e seus municípios	127
7.1.1	Porte dos municípios	130
7.1.2	Índice de Desenvolvimento Humano dos Municípios	134
7.1.3	Tipologia do município	137
7.1.4	PIB per capita	140
7.1.5	Semiárido	143
7.1.6	Bioma	148
7.1.7	Índices de Vulnerabilidade	150
7.2	As Arboviroses na Bahia: a Dengue, a Zika e a Chikungunya	154
7.2.1	Perfil Epidemiológico	159
7.2.1.1	Contexto de circulação simultânea	160
7.2.1.2	Contexto de circulação ampliado	168
7.2.1.1	Perfil de casos da dengue	169
7.2.1.2	Perfil de casos da chikungunya	179
7.2.1.3	Perfil de casos da zika	184
8	ANÁLISE DOS DADOS	188
8.1	Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial - casos de dengue	188
8.1.1	Dengue confirmada	188
8.1.2	Dengue suspeita	198
8.1.3	Dengue confirmada - Cenário cocirculação	204
8.2	Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial - casos de chikungunya	211
8.2.1	Chikungunya confirmada	211
8.2.2	Chikungunya suspeita	219
8.1.3	Chikungunya confirmada – Cenário cocirculação	229
8.3	Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial - casos de zika	239
8.3.1	Zika confirmada	239
8.3.2	Zika suspeita	244
8.3.3	Zika confirmada - Cenário cocirculação	252

9 DISCUSSÃO	259
9.1. O Espectro de interações ecológicas	259
9.2. Critérios da Vigilância das Arboviroses	264
9.3. Resultados encontrados	266
9.3.1 Dengue	270
9.3.2 Chikungunya	273
9.3.3 Zika	275
9.4 Síntese dos resultados	278
9.4.1. Correlação de variáveis	279
10 CONCLUSÃO	284
REFERÊNCIAS	289
APÊNDICES	306
APÊNDICE A – Distribuição Binomial Negativa	306
APÊNDICE B – Testes Modelo POISSON	311

1 INTRODUÇÃO

O potencial epidêmico das doenças virais transmitidas por artrópodes (conhecidas como doenças arbovirais ou arbovirose) e seu impacto na saúde pública mundial, na economia e na política têm desafiado a comunidade científica, a médica, os gestores e a população em geral mediante emergências e reemergências (GUBLER, 2001; ONU BRASIL, 2016; OMS, 2016; BRASIL, 2015; BRASIL, 2017c).

Os arbovírus (*Arthropod-borne virus*) são agentes virais zoonóticos transmitidos, em sua maioria, por artrópodes hermatófagos. O termo, introduzido em 1942, refere-se a vírus transmitidos biologicamente por um artrópode para um vertebrado e, principalmente, que era mantido na natureza num ciclo de transmissão entre vertebrados e artrópodes. Contudo, em certos casos, a exemplo da doença do Zika vírus, as transmissões podem ocorrer de outras formas que não por artrópodes. Mesmo que se multipliquem e produzam viremia, para a maioria dos arbovírus, a doença humana não é essencial para o seu ciclo. Na verdade, o envolvimento humano geralmente representa o seu *deadend* (WHO, 1966).

Do total de espécies de arbovírus catalogadas (534), 27% (150) estão listadas como causadoras de doenças em humanos (GUBLER, 2001), como a febre do Mayaro, a meningite e as encefalites virais. Os dois primeiros arbovírus reconhecidos – febre amarela e febre do mosquito – causaram grandes epidemias humanas (WHO, 1966). As arbovirose são identificadas como Doenças Tropicais Negligenciadas (DTNs), uma menção ao fato de serem endêmicas em populações de baixa renda e apresentarem investimentos reduzidos em pesquisas, produção de medicamentos e em seu controle, além de pouco contribuir na mortalidade e debilidade global (WILDER-SMITH *et al.*, 2016).

Assim, outrora negligenciados, alguns arbovírus aumentaram sua importância como patógenos humanos nos últimos anos, a exemplo da dengue, chikungunya e a doença do vírus Zika¹ (WEAVER; REISEN, 2010; MURRAY *et al.*, 2015). Determinadas regiões, além da presença do vírus da Dengue (DENV), sofreram (e sofrem) com a introdução do vírus Chikungunya (CHIKV) ocorrida no final de 2013 e do vírus Zika (ZIKV) em 2015. E, de forma análoga, sofrem com os seus desdobramentos, como as manifestações neurológicas e

¹ A febre amarela também causa preocupação diante dos surtos que ocorreram em 2016 no continente africano (Angola e República Democrática do Congo) e que foram exportados de Angola para outros países, dentre eles a China.

hemorragias associadas à dengue e a microcefalia associada à zika (OMS, 2016; BRASIL, 2017b).

Uma agenda governamental e científica orientada, tanto para caracterização e dinâmica da doença através dos estudos de virologia e entomologia, da epidemiologia e da patogênese e aspectos da infecção quanto para os aspectos de vigilância no que tange à saúde pública e manejo clínico², à resposta dos sistemas e serviços de saúde e à pesquisa tem objetivado traçar um quadro geral de transmissão, ampliar a possibilidade de projetar cenários futuros, levantar fatores de risco e de construir indicadores de combate, principalmente, diante da dinâmica de transmissão dos vírus, da dificuldade de diagnóstico num cenário de cocirculação e dos movimentos migratórios que, dentre outros fatores, incrementam a complexidade e têm dificultado a eficácia dos protocolos de contenção (ECDC, 2017; WILDER-SMITH *et al.*, 2016).

A questão em torno das doenças virais diz respeito ao comportamento e disseminação. Isto porque quando um vírus é introduzido em uma nova espécie de hospedeiro, quando ele está adaptado ao novo hospedeiro e quando ele se dissemina para uma grande quantidade de indivíduos, instituem-se situações de surtos, epidemias ou pandemias (FAÇANHA, 2013; BARATA, 1997).

Ainda que se tenha a percepção que fatores ambientais, ecológicos e sociológicos influenciam nesse cenário e que, por exemplo, a alteração na temperatura e/ou na umidade de uma determinada região impactará na fauna e na flora e, conseqüentemente, no ciclo de vida dos vetores, é difícil prever quais deles serão diretamente afetados com isso (BARATA, 1997; FAÇANHA, 2013). Para mais, no tocante à disseminação do vírus, deve-se também considerar a carga viral lançada no hospedeiro-fonte, a quantidade de vírus nas secreções, o modo de transmissão, a estabilidade das partículas virais, dentre outros aspectos (BARATA, 1997; FAÇANHA, 2013).

A dinâmica comportamental dos arbovírus não apenas desafia a Saúde Pública e a Vigilância Epidemiológica, na busca de estratégias para prevenção e para detectar o aparecimento de algo inusitado ou modificações no comportamento habitual (FAÇANHA, 2013), mas, doenças como as causadas pelos vírus, em geral, têm afetado os princípios da modelagem epidemiológica (ALMEIDA FILHO, 2013).

² Protocolos, boletins epidemiológicos e alertas continuam a ser emitidos diante dos casos ativos de chikungunya, zika e dengue. Os protocolos e boletins precisam ser atualizados a cada desdobramento percebido no comportamento do fenômeno e na sua evolução no corpo humano.

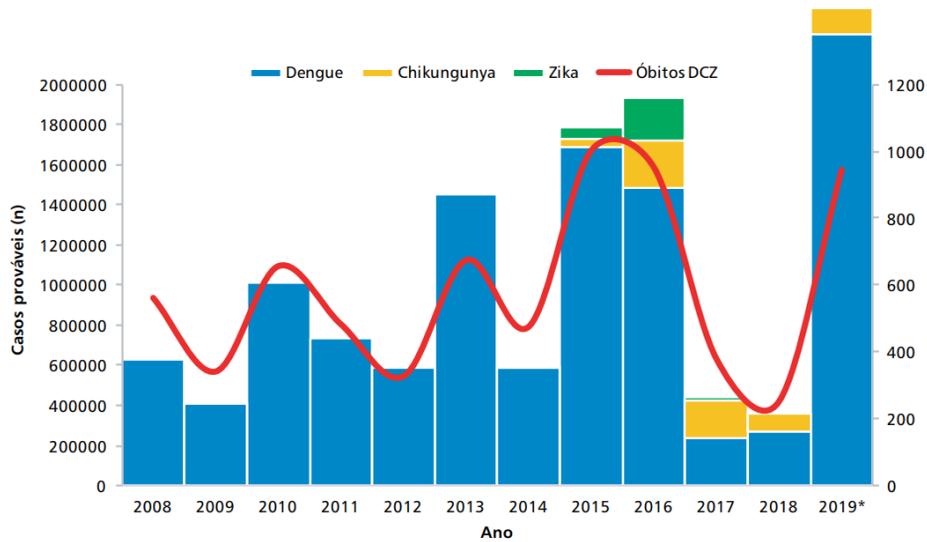
Uma das estratégias da Vigilância Epidemiológica, principalmente das Américas e Caribe, tem sido a construção de cenários de vigilância que possibilitem identificar características que demarcam áreas ou períodos de risco para fins de intervenção preventiva (OPAS, 2019). A estratificação por escalas temporais e espaciais tem auxiliado na identificação de padrões e fatores que incidem sobre a transmissão, persistência e dispersão das arboviroses (OPAS, 2019). A orientação da Vigilância Epidemiológica direciona a uma perspectiva local e contextual, considerando o desempenho do espaço geográfico na incidência das arboviroses a fim de identificar os fatores que influenciam a disseminação dessas doenças.

Entender a dinâmica das arboviroses em escala local por meio de modelos estatísticos tem sido estratégia útil para analisar as associações entre variáveis contextuais aos coeficientes de incidência das arboviroses (UGHADE, 2013; HAYAT *et al.*, 2017) e assim aproximar o campo da Vigilância às particularidades de cada contexto vigiado por ela.

1.1 Justificativa

As arboviroses ameaçam a saúde de milhões de pessoas que habitam áreas tropicais e subtropicais (OPAS, 2019). No Brasil, 11.6 milhões de casos de dengue, chikungunya e de zika foram registrados entre 2008 e 2019. Quanto à letalidade, foram mais de 7 mil mortes notificadas. Destaque para o protagonismo da dengue que sozinha aglutinou 91,2% dos casos (10,6 milhões), como evidencia a Figura 1. Essa arbovirose é, por sinal, a que predomina nas Américas e o Brasil é o país com maior incidência (BRASIL, 2020c). Marca a hiperendemicidade da dengue no Brasil a predominância da circulação de três (DEN-1, 2 e 3) dos quatro sorotipos da dengue (MENDES *et al.*, 2017).

Figura 1 – Número de casos e óbitos de dengue, chikungunya, zika, Brasil, 2008 a 2019



Fonte: BRASIL(2020c).

Dentre as regiões brasileiras, a região Nordeste figura entre as que possuem as maiores taxas de incidência e casos ao longo da história da dengue, da chikungunya e zika (BRASIL, 2009c; BRASIL, 2020c). No cenário nordestino, no período de 2008-2019, as taxas de incidência na Bahia mostram-se relevantes (BRASIL, 2020c).

Desde a introdução no território baiano, em 1985, a dengue adquiriu importância epidemiológica quando a ocorrência de casos intercalado de surtos afetou os municípios do estado (TEIXEIRA; BARRETO; GUERRA, 1999). Ainda que tenham sido registrados relatos de casos suspeitos obtidos de um navio francês aportado em Salvador, em 1923, não foram registrados casos autóctones na cidade (TEIXEIRA; BARRETO; GUERRA, 1999). A primeira epidemia de dengue foi detectada em fevereiro de 1987 em Ipujiara, município do Sudoeste do estado, localizado na região da Chapada Diamantina, com baixa densidade demográfica, causada pelo sorotipo DEN-1. Como informa Mendes *et al.* (2017), como os casos ficaram restritos à área urbana a aplicação de medidas de contenção possibilitou que não se espalhassem para municípios vizinhos.

Cinco anos depois, em 1994, o vírus da dengue voltou a ser detectado na Bahia, momento em que, segundo Teixeira *et al.* (2001), o DEN-2 foi introduzido no território baiano a partir de uma cidade do extremo Sul do estado, disseminando-se em seguida para outras áreas. Travam-se de casos autóctones registrados no extremo sul da Bahia, em municípios como Porto Seguro, Prado e Teixeira de Freitas (MENDES *et al.*, 2017).

Do extremo sul, os casos expandiram-se para regiões do Vale do São Francisco, Centro Sul, Nordeste e Extremo Oeste, entre 1995 e 1998 (MENDES *et al.*, 2017, p.75; MELO *et al.*, 2010).

Ao longo dos anos, foram identificados também os vírus 3, em 2002, e 4, registrado em 2011, montando-se, a partir daí, quatro variações/manifestações sorotípicas da dengue: DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4 (BEZERRA *et al.*, 2021). De acordo com dados da Secretaria de Saúde do Estado da Bahia (SESAB), entre os anos de 1997 a 2020, a incidência média foi de 262,4 casos para cada cidade com 100.000 habitantes (BAHIA, 2020a).

Em setembro de 2014, o município de Feira de Santana teve detectado um dos primeiros casos autóctones de chikungunya causada pela linhagem *Eastern Central and Southern Africa* (ECSA), transmitidas pelo *Aedes aegypti* (outro havia ocorrido na Região Norte, no Oiapoque, no Amapá). Diz-se autóctones casos registrados e manifestados no município de residência do paciente. Entre 2014 e 2015, a doença prevaleceria nas microrregiões de Feira de Santana, Serrinha e Salvador (SILVA;MACHADO, 2018).

Também em 2014, um surto de uma doença desconhecida acometeria a população do Nordeste brasileiro. Se para os médicos o conjunto dos sintomas indicava a ocorrência de alguma doença tropical (ZANLUCA *et al.*, 2015), para o senso comum tratava-se da consequência de água contaminada, conforme indicaram os jornais da época (LENHARO, 2016). Somente no ano seguinte, após a análise sanguínea, que a doença foi identificada (na Bahia) (CAMPO; BANDEIRA; SARDI, 2015) e reportada (no Brasil) ZANLUCA *et al.*, 2015).

Inicialmente tratada como uma enfermidade exantemática banal que causava pouca febre e de menor gravidade que outras doenças tropicais (ZANLUCA *et al.*, 2015), à medida que novos casos ocorriam, os efeitos adversos identificados demonstravam que analisar o fenômeno requereria atenção tanto à sua fase aguda quanto à fase de remissão (ALBUQUERQUE *et al.*, 2018).

Como ocorreu na chikungunya, o estudo sobre a linhagem do vírus e as suas características genéticas sugeriram que este já havia sido introduzido no Brasil antes do surto (NACCACHE *et al.*, 2016).

O fato de ser transmitido por mosquitos vetores do gênero *Aedes* permitiu aproximá-lo da Dengue e da Chikungunya. A tendência natural na construção do conhecimento e tratamentos sobre as arboviroses era aplicar o conhecimento adquirido a partir das doenças prévias no estudo da atual. Assim o combate à dengue se valeu das estratégias oriundas do combate da febre amarela, o que trouxe para o debate a noção de eliminação vetorial e a busca

de vacinas; bem como o estudo sobre a zika teve como referência as observações de tratamento e prevenção obtidas a partir da experiência com a dengue e a chikungunya (CHRISTOFFERSON, 2016). Efetivamente o conhecimento foi se construindo à medida que novos quadros clínicos foram (e são) identificados.

Assim, nos últimos anos, a Bahia tem figurado na lista dos estados prioritários para o combate da dengue e da chikungunya (BRASIL, 2002a). Há a percepção que a prevalência do mosquito *Aedes Aegypti*, nos municípios, dá caráter endêmico a esta espécie (ATTAWAY *et al.*, 2017). Diz respeito à presença habitual e sistemática em um determinado espaço (ROUQUAYROL; GOURGEL, 2013). Suspeita-se que espécies endêmicas de mosquito *Aedes* podem ter sustentado a transmissão tanto do vírus Zika (ATTAWAY *et al.*, 2017) quanto da própria dengue e chikungunya. Haja vista que essas viroses têm tido comportamento endêmico e epidêmico, especialmente a dengue (BRASIL, 2009c).

Diante do contexto endêmico que se apresenta, o setor de vigilância da SESAB concentrou suas ações na caracterização e dinâmica de casos por meio de estudos epidemiológicos e observações entomológicas, a fim de traçar um cenário geral de incidência e vulnerabilidade (BAHIA, 2020b).

Geralmente, para todo o território nacional a eliminação, redução ou erradicação do mosquito *Aedes (aegypti* ou *albopictus)* tem sido a estratégia de controle prioritária (SANTOS *et al.*, 2016; OMS, 2017; BRASIL, 2017b) por ser identificada como urgente e crítica.

A tática de combate ao mosquito fora institucionalizada quando o país buscava combater a epidemia de febre amarela urbana (TEIXEIRA; BARRETO, 1996; BRASIL, 2001; BRAGA, VALLE, 2007; COSTA *et al.*, 2011; ZARA *et al.*, 2016). Buscava-se erradicar o *Aedes aegypti*, a exemplo do sucesso obtido em outras incursões nacionais (TEIXEIRA, BARRETO, 1996) e mediante resoluções internacionais que percebiam na erradicação do vetor alternativa viável de combate (OPAS/OMS, 1947).

Contudo, o retorno do vetor e a situação epidemiológica gerada pelas epidemias de dengue, em 1996, levou à aprovação do Plano de Erradicação do *Aedes aegypti* (PEA), “elaborado por técnicos brasileiros, com a colaboração da Organização Pan-Americana de Saúde (OPAS)” (BRASIL, 2001, p. 7; OPAS/OMS, 1995; 1996) e aplicado dentro do escopo da Saúde Pública e do Sistema Único de Saúde (BRASIL, 2001) de onde se institui a coparticipação das esferas de governo Federal, responsável pelo financiamento, Estadual e Municipal, responsáveis pelas ações, de forma descentralizada, no controle do vetor (BRASIL, 2002a).

Diante da constatação da impossibilidade de erradicação do mosquito a curto e médio

prazo, o foco direcionou-se para programas de prevenção e de controle do vetor perante a sua relação com os espaços urbanos. Como parte da visão, focou-se na integração das ações de vigilância na atenção básica; na vigilância epidemiológica, nos procedimentos laboratoriais, no controle integrado de vetores e na comunicação social (BRASIL, 2020a).

A entrada do século XXI também incorporou à agenda da saúde global (em especial das Américas) e do desenvolvimento sustentável, no escopo do combate a doenças infecciosas, a meta de estabilizar o crescimento de casos de dengue (BRASIL, 2002b; UNDP, 2016; OPAS/OMS, 2016a) ampliado, com a introdução e o rápido avanço de novos arbovírus no território, como o vírus Chikungunya e o vírus Zika, planos de combate a doenças negligenciadas (BRASIL, 2018).

No entanto, essa estratégia tem falhado por uma série de fatores: as ações mal atingem o período de incubação da doença, nem obedecem aos ciclos recomendados; a resistência dos vetores a inseticidas/larvicidas, questões de saneamento público (SANTOS *et al.*, 2016), taxa de população urbana, acesso à água encanada, pobreza (BRASIL, 2016b; QUEIROZ; SILVA; HELER, 2020).

O cenário apresentado reforça a noção que o fenômeno das arboviroses está inserido num contexto e que há um conjunto de elementos que articulam sua existência. Nesse sentido, entram na compreensão da doença as variáveis relacionadas à distribuição das ocorrências em relação ao tempo, que referenciam intervalo de tempo, cronologia e/ou período; e as variáveis relacionadas com o espaço, como os elementos do espaço geográfico, a influência dos fatores demográficos e a variação espacial dos casos (ROUQUAYROL; GOURGEL, 2013).

Se a literatura aponta associação entre o ambiente, a transmissão de arbovírus e o controle de epidemias, uma das estratégias de prevenção envolve o estudo de como as variáveis se correlacionam num cenário de casos (CORDELLIER; DEGALLIER, 1992). Trata-se de mensurar tanto as ocorrências de casos quanto às correlações existentes no âmbito dos fatores indiretos, ou seja, não afetam diretamente o número de larvas do vetor, mas tem relação com a epidemia como o movimento populacional (turismo, trabalho), a imunidade e as condições ambientais (densidade populacional, moradia) (SIRIYASATIEN *et al.*, 2018).

Relacionados ao contexto e com múltiplas ocorrências ao longo do tempo, num escopo de endemia, a questão premente está em identificar os possíveis fatores que influenciam os casos de arboviroses, confirmados e suspeitos.

A dificuldade de contextualizar um cenário geral, com possibilidade de delimitação, foi identificado como problema prioritário e que serviu de parâmetro para localizar a pesquisa na agenda de iniciativas que buscam realizar a análise da susceptibilidade (análise de risco) de

ocorrência de arboviroses em determinado contexto. Ação que visa auxiliar os gestores na adoção de medidas, de modo a reduzir o número de populações afetadas, além de mitigar as consequências sociais e econômicas negativas. Bem como serviu para pensar no contexto como uma unidade de análise.

Há variedade de métodos estatísticos de investigação, considerando que os casos de arboviroses são mensurados como contagens de registros, estes coletados e registrados a partir do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) do Serviço de Vigilância; bem como, que a medida de frequência da doença, aqui tratada como taxa, é obtida a partir da relação da contagem de casos, num intervalo de tempo, e a população residente no mesmo período torna-se necessário um método de análise ajustado a variabilidade de taxas de forma a melhor modelar a resposta do fenômeno aos estímulos. Neste sentido, para a análise foi escolhido o método de regressão binomial negativo.

1.2 Problema de pesquisa

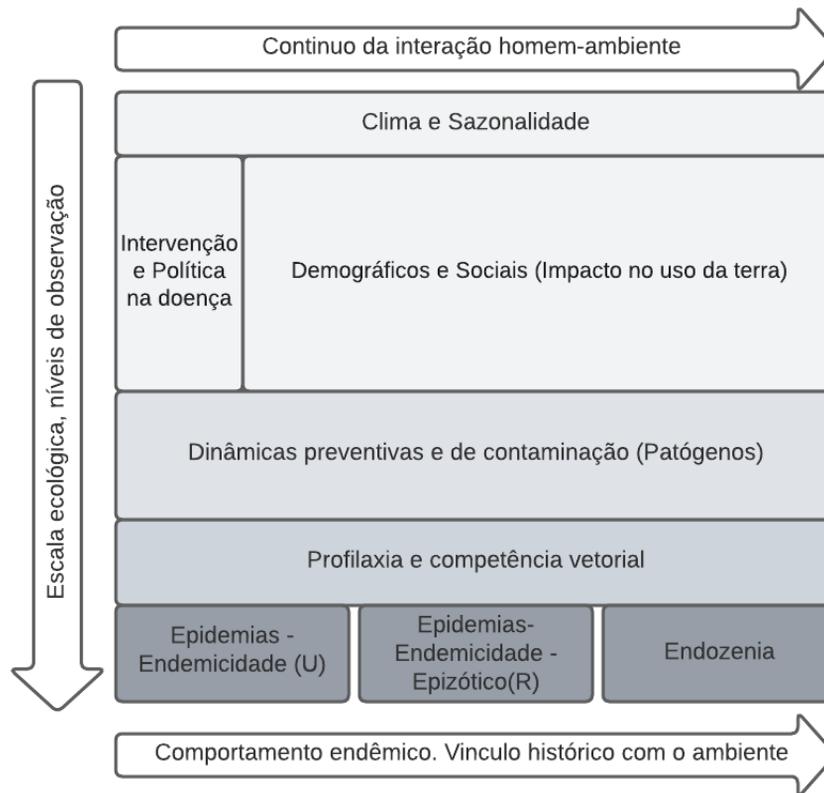
1.2.1 Hipótese

Segundo Ellis e Wilcox (2009, p.156), o contexto ecológico é tido como importante no manejo de doenças zoonóticas desde a descoberta do papel dos artrópodes como vetores de doenças, em 1877. Nessa perspectiva de que humanos e natureza estão entrelaçados e interdependentes, entende-se que as condições ambientais afetam os vetores patógenos e hospedeiros potenciais envolvidos na transmissão.

Se a ecologia liga-se aos “fatores ou processos relacionados às interações de humanos/vetores/patógenos com seus ambientes e as mudanças que afetam essas interações que influenciam a transmissão” (ELLIS; WILCOX, 2009 p.158), o ambiente inclui “padrões demográficos e sociais (por exemplo, migração), saúde pública e infraestrutura básica, juntamente com circunstâncias políticas e econômicas”. (ELLIS; WILCOX, 2009 p.158-159).

Essas interações entre processos humanos e processos naturais, relações causais (e suas forças motrizes), fatores moduladores e efeitos (o surgimento de doenças) são definidas por Ellis e Wilcox (2009, p.156) como um ecossistema ecológico associado à transmissão das doenças zoonóticas. Para os autores, há um *continuum* de fatores iniciados no ambiente humano e que reverbera no ambiente natural e há fatores que se orientam de acordo com a escala ecológica (Figura 2).

Figura 2 – Espectro de interações homem-ambiente



Fonte: adaptado de Ellis e Wilcox (2009, p.159).

Neste sentido, a ecologia das arboviroses e os fatores de suas emergências devem considerar como os fatores humanos interagem no espaço para entender como transmissão e evolução evoluem ao ponto de resultarem em endemias regionais, epidemias, ou pandemias globais (WILCOX, GUBLER, 2005). A interação entre humanos, doenças e sistemas ecológicos ocorre em escalas de tempo e espaço distintas em uma dinâmica que inicia como uma infecção de uma pessoa e se desenvolve por meio de processos de fluxo e disseminação em escala cruzada (WILCOX, GUBLER, 2005, p.269).

Se uma doença “salta” para a população regional e a escala global da população humana é determinada por processos bastante diferentes. Estes dependem de padrões demográficos e de transporte relacionados a processos, como a urbanização, influenciando a transmissão de patógenos e o comportamento operando nas escalas regional e global. Processos ambientais físicos, como variabilidade climática (...), que são episódicos por natureza, incluem variações de curto prazo e de pequena escala na forma de tempestades sazonais (por exemplo, monções), por exemplo, bem como tempo maior e espaço variações de escala. Estes atuam como mediadores de escala cruzada que afetam diretamente reservatórios de doenças e populações de vetores, ou patógenos (por exemplo, dispersão via águas de inundação). Eles fazem com que a

doença salte de uma unidade demográfica menor para uma maior (por exemplo, de uma única unidade demográfica) (WILCOX; GUBLER, 2005, p.269).

Partindo da crença que o comportamento das arboviroses na Bahia é endêmico; e tendo a premissa que a ecologia das arboviroses e os aspectos de sua emergência devem considerar como determinados fatores interagem no espaço para entender como sua transmissão e evolução chegam ao ponto de resultarem em endemias regionais ou epidemias, há a hipótese que a ocorrência dessas doenças é influenciada por fatores ecológicos ligados à localidade na qual se manifesta. Nesse sentido, tem-se a seguinte questão: É possível estabelecer um conjunto de variáveis que refletem os fatores ecológicos capazes de contribuir para a explicação de casos confirmados e suspeitos pelas doenças em estudo que circulam no estado da Bahia?

1.3. Objetivos

1.3.1 Objetivo Geral

Identificar fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos de regressão binomial negativos delineados a partir da frequência anual de casos por municípios da Bahia no período de 2016 a 2019.

1.3.2 Objetivos Específicos

1. Analisar as três arboviroses individualmente para investigar a dinâmica de sua transmissão no território baiano;
2. Criar cenários de teste para verificação das variáveis ecológicas;
3. Estimar se em contextos de circulação simultânea das três arboviroses e em contextos de circulação avulsas há variabilidade de condições que impactam na ocorrência de casos registrados;
4. Construir base de dados que reúna fatores ecológicos dos municípios baianos.

1.4. Delineamento da pesquisa

A tese seguiu o vocabulário controlado proposto pelo *thesaurus* de Descritores em Ciências da Saúde/Medical Subject Headings - DeCS/MeSH - desenvolvido pelo Centro Latino-Americano e do Caribe de Informação em Ciências da Saúde (BIREME), pertencente à Organização Pan-Americana da Saúde/Organização Mundial da Saúde (OPAS/OMS), voltado a categorização de termos das áreas de ciência de Saúde e Vigilância, dentre outros³.

Neste sentido, as arboviroses são descritas como infecções por arbovírus, ou seja, infecções causadas por vírus transmitidos por artrópodes, gerais ou não especificadas, classificação estabelecida desde 1965. As infecções podem ser categorizadas a partir de doenças transmitidas por vetores ou a partir da percepção de que são viroses⁴. Os conceitos são também articulados com a Saúde Pública e podem ser coordenados com o termo Doenças negligenciadas, conforme indica o Quadro 1 adaptado.

Quadro 1 – Estrutura hierárquica de termos sobre arboviroses

DOENÇAS
Infecções [C01]
Doenças Transmitidas por Vetores [C01.920]
Infecções por Arbovirus [C01.920.500] +
Dengue [C01.925.081.270] +
Dengue Grave [C01.920.500.270.200]
Infecção por Zika virus [C01.920.500.990]
DOENÇAS
Infecções [C01]
Viroses [C01.925]
Infecções por Arbovirus [C01.925.081] +
Febre de Chikungunya [C01.925.081.198]
Dengue [C01.925.081.270] +
Dengue Grave [C01.920.500.270.200]
Infecção por Zika vírus [C01.925.081.990]
DOENÇAS
Infecções [C01]
Viroses [C01.925]
Infecções por Vírus de RNA [C01.925.782]
Infecções por Flaviviridae [C01.925.782.350]
Infecções por Flavivirus [C01.925.782.350.250]
Dengue [C01.925.782.350.250.214] +

³ Ver mais em <https://decs.bvsalud.org/sobre-o-decs/>.

⁴ Neste trabalho, as arboviroses entendidas como doenças serão referenciadas no minúsculo já os vírus, ou arbovírus, quando referenciados serão postos em maiúsculo.

<p>Dengue Grave [C01.925.782.350.250.214.200] Infecção por Zika virus [C01.925.782.350.250.990]</p> <p>DOENÇAS</p> <p> Infecções [C01]</p> <p> Viroses [C01.925]</p> <p> Infecções por Vírus de RNA [C01.925.782]</p> <p> Febres Hemorrágicas Virais [C01.925.782.417] Dengue [C01.925.782.417.214] + Dengue Grave [C01.925.782.417.214.200]</p> <p>SAÚDE PÚBLICA</p> <p> Saúde Ambiental [SP4]</p> <p> Transtornos de Origem Ambiental [SP4.909]</p> <p> Doenças Transmissíveis [SP4.909.332]</p> <p> Doenças Transmitidas por Vetores [SP4.909.332.216]</p> <p> Febre de Chikungunya [SP4.909.332.216.124] Infecção por Zika virus [SP4.909.332.216.248] Dengue [SP4.909.332.216.372]</p>
--

Fonte: Adaptado de Descritores em Ciências da Saúde (2017).

Articulada a partir da perspectiva da saúde pública, no escopo das doenças tropicais negligenciadas, principalmente no tocante à dengue. Isto posto, a pesquisa insere-se no contexto das ações de prevenção e controle de doenças negligenciadas. Volta-se à análise da susceptibilidade de risco de ocorrência das arboviroses em determinado contexto. Visa auxiliar os gestores na adoção de medidas a fim de mitigar as consequências dos efeitos causados pela ocorrência de casos. Pretende-se, assim, que a pesquisa beneficie gestores de saúde, principalmente, pesquisadores e interessados em entender a dinâmica de difusão das arboviroses.

Tendo como lócus os municípios do estado da Bahia, a pesquisa difere-se das demais por buscar uma estratégia para aplicar o espectro de interações ecológicas associadas à transmissão de doenças zoonóticas proposto por Ellis e Wilcox (2009), o qual promove o papel da relação entre o comportamento humano e o ambiente (ou ecossistema) no surgimento de doenças. Esse espectro é percebido e articulado nessa pesquisa como um modelo de estrutura (*framework*) analítico de fatores.

Para que se forneça subsídios analíticos, faz-se necessária a produção de dados epidemiológicos sobre a história de casos dos arbovírus na Bahia em associação ao perfil ecológico dos municípios baianos. As informações disponibilizadas pelo Departamento de Informática do SUS (DATASUS) em formato *open access*, coletadas e organizadas no Sistema Nacional de Agravos Notificáveis (SINAN) dão conta sobre a historicidade de casos das doenças causadas pelos arbovírus, mesmo com algumas limitações de registro.

Entretanto, é limitada a encontrabilidade e integrabilidade⁵ das informações ecológicas sobre os municípios baianos, embora a Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia (SEI) forneça dados sobre a Bahia, também de acesso aberto (*open access*), as informações estão segmentadas e desatualizadas. De forma geral, os dados não estão organizados de forma integrada a compor uma “base de fatores da Bahia”. A criação de uma base em formato longitudinal como um subproduto da tese objetiva trazer informações dos fatores ecológicos de forma a acompanhar as variações destes na amostra coletada ao longo dos quatro anos, recorte temporal da tese.

A investigação sobre a associação das arboviroses dengue, zika e chikungunya com o contexto iniciou-se com a perspectiva dele ser parte do sistema analítico. Com o município introduzido como variável analítica, optou-se pelo uso da técnica de análise estatística multinível hierárquica que permite investigar semelhanças e diferenças entre municípios ao agrupar os casos por município. *A priori*, notou-se que os dados de casos das arboviroses coletados a partir dos registros do Sistema Nacional de Agravos Notificáveis (SINAN) eram insuficientes para estimar os modelos para casos classificados como confirmados. Apenas os casos de dengue classificados como suspeitos tiveram resultado representativo para a existência de relação de dependência (e agrupamento) entre casos e municípios. Foi obtido um índice de correlação de pouco mais de 30% que sinalizou a possibilidade do vínculo de dependência de casos suspeitos de dengue e municípios. Uma relação que precisa ser explorada no futuro.

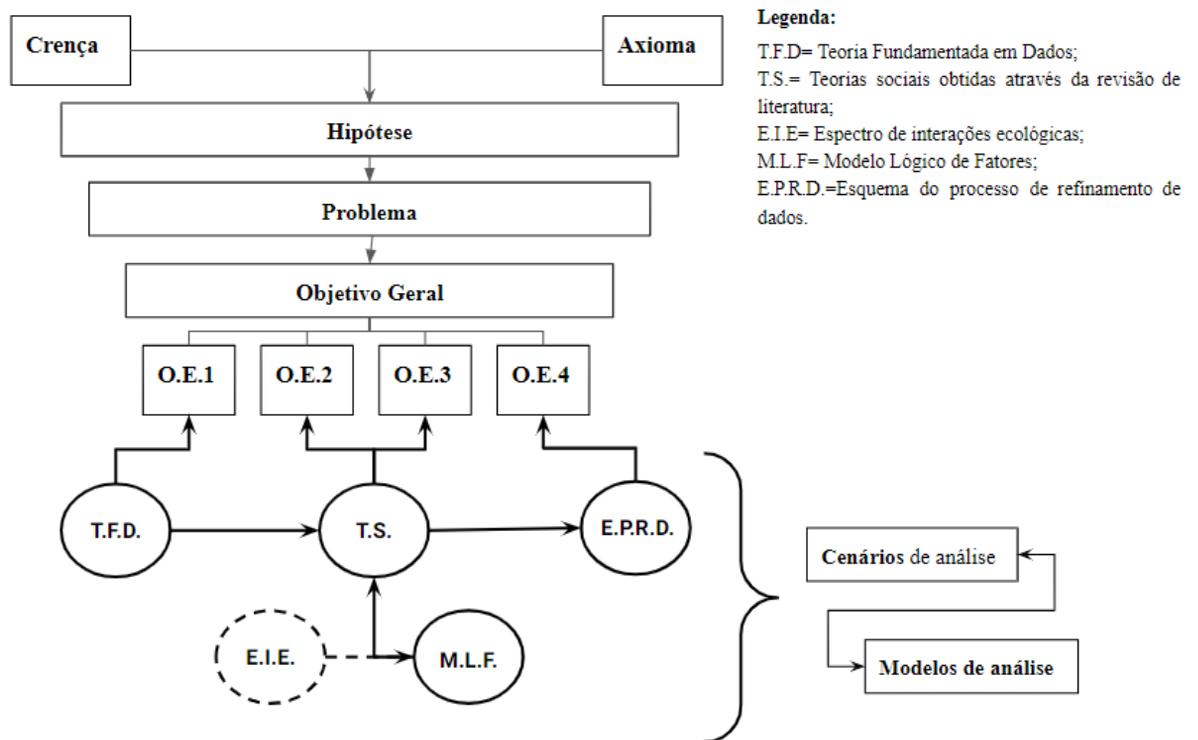
A partir das limitações dos resultados obtidos pelas análises do modelo multinível, optou-se pelo uso da técnica de regressão binomial negativa⁶ ajustada a estrutura dos dados e capaz de responder ao problema de pesquisa.

Através do esquema apresentado na Figura 3, é possível acompanhar o framework de ações utilizadas para delinear e estruturar todo o trabalho da tese.

Figura 3 – Framework da pesquisa

⁵ Refiro-me aqui aos critérios do acrônimo FAIR (*Findability, Accessibility, Interoperability, and reuse*) que estipula que dados devem ser encontráveis, acessíveis, interoperáveis e reutilizáveis.

⁶ Ressalta-se que as limitações relacionam-se ao tamanho da série temporal da amostra, que é de 4 anos, o que impacta na quantidade de casos coletados nos municípios.



Fonte: Elaboração própria (2022)

Derivado da crença, pensamento essencial do trabalho, o pressuposto analítico da tese desdobrou-se na hipótese e no problema. Para satisfazer os objetivos, a pesquisa segue a abordagem epistêmica da Teoria Fundamentada em Dados (GLASER; STRAUSS, 1967), cujo direcionamento é norteado pelas Teorias Sociais obtidas a partir da revisão de literatura, em especial a proposta do Espectro de interações ecológicas proposto por Ellis e Wilcox (2009)⁷. A proposta de Ellis e Wilcox direcionaram o desenho do modelo lógico de fatores que nortearam a seleção dos fatores ecológicos que serão utilizados na análise. Sobre a influência das teorias sociais, bem como, dos pressupostos da análise estatística, os dados e os modelos estatísticos passarão por processo de refinamento e validação até a obtenção dos resultados.

A tese está dividida em dez capítulos, além desta Introdução, a saber:

Capítulo 2 – Estudos Correlatos. Trata-se do resultado da revisão da literatura e estudos sobre as arboviroses que apresenta os fatores que impactam na ocorrência da arboviroses, principalmente os estudos ligados ao cenário de co-circulação e os métodos utilizados para análise dos arbovírus.

⁷ A Teoria Fundamentada em Dados, as Teorias Sociais e o desenho do modelo lógico de fatores serão abordados no Capítulo 6 -Metodologia, nas sessões 6.2, 6.4 e 6.5.2, respectivamente. Já o Espectro de Interações Ecológicas encontra-se nesse capítulo introdutório na sessão 1.2.1.

Capítulo 3 – As arboviroses. Este capítulo resume as principais características das arboviroses: Dengue, Zika e Chikungunya. Trata-se de uma revisão sobre as principais características da doença, vírus e vetor de transmissão. O tema neste capítulo não é tratado com profundidade, uma vez que existe uma ampla literatura.

Capítulo 4 – A Vigilância. Pretende evidenciar a forma como a vigilância de saúde e a vigilância epidemiológica se consubstancia no Estado da Bahia e as estratégias de regionalização da saúde. O capítulo também traz considerações sobre como as notificações dos casos de arboviroses acontecem.

Capítulo 5 – Modelo de Regressão Binomial Negativa. Apresenta uma visão geral das principais características da técnica estatística utilizada para a análise da tese.

Capítulo 6 – Metodologia. Apresenta o desenho da pesquisa, a estratégia epistemológica utilizada, os meios utilizados para a revisão da literatura, as estratégias utilizadas para a coleta e criação de base de dados de casos para análise e as estratégias utilizadas para construção e análise dos modelos de casos que consubstanciam a tese.

Capítulo 7 – As arboviroses na Bahia. Apresenta o perfil da Bahia e seus municípios e o desempenho dos indicadores selecionados no cenário baiano. Este capítulo traça o perfil epidemiológico das arboviroses dengue, zika e chikungunya no Estado. O objetivo do capítulo é traçar um panorama dos casos, bem como apresentar o lócus da pesquisa.

Capítulo 8 – Análises. Esse capítulo retrata o delineamento e os achados obtidos dos modelos estatísticos definidos para cada cenário estipulado na abordagem metodológica.

Capítulo 9 – Discussão. Apresenta os resultados e elabora debates a partir dos resultados encontrados.

Por fim, apresentam-se a Conclusão que finaliza o trabalho, traz limites e recomendações para estudos futuros e as Referências utilizadas nesta tese.

2 ESTUDOS CORRELATOS

As questões que têm movido as pesquisas em torno das arboviroses ligam-se à definição das melhores técnicas e modelos analíticos que possibilitem dar conta da sua dinâmica e diferença de padrões, bem como focam na detecção e controle. O objetivo deste capítulo foi sintetizar os conhecimentos produzidos acerca do comportamento das arboviroses em diferentes contextos e quais fatores influenciam a dinâmica, bem como qual a metodologia de estudo aplicada.

2.1 Fatores que impactam na ocorrência da arboviroses

Como tratado anteriormente, a avaliação de arbovírus em um determinado contexto requer considerar critérios associados que explicariam as características da tríade epidemiológica: agente, hospedeiro e ambiente. A modelagem de perfis de fenômenos, como um indicador sensível ao contexto, envolve a identificação, análise e avaliação de fatores determinantes e condicionantes (SIRIYASATIEN *et al.*, 2018). Identificar condições que tornam os contextos mais suscetíveis de adquirir um determinado arbovírus em comparação com outros.

O objetivo de qualquer técnica é fornecer um modelo mais ajustado e parcimonioso ao contexto e ao objetivo do estudo científico. Nesse sentido, os modelos devem partir das evidências para, através de equações expressas em termos de quantidades chamadas parâmetros e variáveis, descrever a dinâmica e os eventuais desfechos da doença (UGHADE, 2013). Parâmetro é uma constante, seu valor é determinado pelas características da doença, da comunidade, ou ambas: a duração média da infecção, a taxa média de infecção etc. Já as variáveis são quantitativas. É o comportamento das variáveis ao longo do tempo que captura a dinâmica da difusão da doença. Juntos, parâmetros e variáveis, quando bem especificados, modelam o mecanismo que representam a dinâmica da doença (UGHADE, 2013).

No estudo dos arbovírus, a literatura indica alguns fatores que são tipicamente utilizados nas modelagens de sua ocorrência. A perspectiva ecológica considera a escala, ou seja, as dimensões físicas do espaço e do tempo. Articula sobre os parâmetros e a escala geográfica e temporal, escala jurisdicional, escala social, dentre outros aspectos; os limites de fronteira e integração para dinâmica comportamental; a organização do ecossistema e sua ligação com o vetor, se a regulação é independente (no que tange aos impactos da temperatura,

umidade e outros fatores abióticos) ou é dependente (regulado por competição, predação, parasitismo e outros fatores bióticos) (ELLIS; WILCOX, 2009).

Para a dengue, Siriyasatien *et al.* (2018) dividem os fatores que têm impacto direto, aqueles que afetam diretamente o ciclo vivo dos mosquitos, e indireto os que não afetam diretamente o número de larvas do mosquito, mas que podem estar relacionadas à epidemia. Esses fatores incluem o movimento populacional (turismo, trabalho), imunidade, ambiente (densidade populacional, moradia) e geografia (topografia: área urbana, rural e fronteiriças; e localização). Enquanto os primeiros referenciam clima (temperatura, chuva, umidade relativa), a pupa do *Aedes*, o número de mosquitos machos, fêmeas e o sorotipo. Araújo *et al.* (2018) reforçam a associação do tempo ao vetor e sua capacidade de transmitir doenças com os padrões de dispersão.

Grosso modo, os estudos coletados enveredam pelos seguintes caminhos: 1) os que enfatizam a influência dos fatores ambientais e vetoriais; 2) os que tratam da virologia e sorologia sob a perspectiva do período de incubação, do tempo e duração do derramamento viral; 3) os que exploram o aspecto clínico e observam o prazo para a exposição ao vírus, o início dos sintomas, a coleta e coleção de amostras para teste; 4) os que consideram a importância das interações humanas através de conexões de rede – relação entre a suscetibilidade, propensão e infecção – no processo de difusão espacial; e 5) do aspecto genético, da raiz do vírus e da competência do vetor entre seus pares. Unidos, eles geram um conhecimento orientado para a transmissão, o surto e a competência do vetor (MARTINS, 2016).

Gardner *et al.* (2018), ao analisar o peso do deslocamento humano na transmissão do ZIKV entre duas regiões das Américas, conclui que os atributos regionais, tanto da origem quanto do destino, impactam na transmissão local deste. Pesa sobre isto a condição socioeconômica da localidade, sua infraestrutura de saúde, a abundância de mosquitos e a densidade populacional. As regiões com baixo Produto Interno Bruto (PIB) se configuram como as rotas mais comuns de transmissão.

Seguindo nessa direção, Dalvi e Braga (2019), sobre o CKV, mostram que a doença tanto pode se difundir de determinada região para áreas adjacentes, em um processo de expansão – ou padrão de contágio –, quanto pode iniciar em determinado local e “saltar” para outro distante, seguindo um padrão hierárquico e de relocação.

Os estudos ecológicos da transmissão, norteados por investigação laboratorial sobre a relação paridade-vetor-vírus, sugerem a importância das condições ambientais e dos efeitos do genótipo do vetor e do genótipo do vírus. A possibilidade do ZIKV, via arranjo vetor-vírus,

segundo uma rede ecológica, ampliar a faixa de espécies capazes de transmiti-lo impacta na faixa geográfica analisada, estendida para dar conta dos locais em que potenciais vetores foram detectados (EVANS *et al.*, 2017).

Diante da possibilidade de reação cruzada, potencial de neutralização e eliminação entre genótipos asiáticos e africanos do ZIKV, Weger-Lucarelli *et al.* (2016) demonstraram que mesmo a cepa asiática sendo reportada como a mais transmissível, estudos *in vitro* indicam que a cepa africana, além de se ajustar melhor aos vetores, é capaz de extinguir a outra cepa em caso de competição.

Vento, índice pluviométrico e estação do ano foram os dados analisados por Bowman *et al.* (2018) para notar o baixo impacto da chuva na abundância do mosquito e a presença do mosquito *Aedes* em regiões de clima frio (KRAEMER *et al.*, 2019).

Dentre os estudos que avaliam e calibram os parâmetros dependentes de temperatura e localização geográfica para prever os casos de ZIKV, o de Zhang *et al.* (2017) e o de Derek e Park (2018) consideram que, se o mosquito for descoberto em uma região com aproximadamente 5 km de distância, sinaliza-se a região dentro do polígono de ocorrência. As informações sobre o tempo de latência, tempo de infecção – três a sete dias –, possibilidade de infecção bianual, a temperatura da superfície da terra, média anual de temperatura, precipitação média anual foram utilizadas para dar peso aos municípios sujeitos à reprodução, altitude, tipo de solo (savana ou gramados), distância da rede de transporte, densidade populacional e índice de vegetação preservada.

A análise proposta por LI *et al.* (2017), desenvolvida para modelar o risco de transmissão espacial e sazonal da doença do ZIKV, considerou uma estrutura hierárquica com indicadores, gerados com referência a uma série de estudos existentes e consultas com especialistas, selecionados de acordo com a sua importância, após uma série de comparações de pares de duplas matemáticas. Cada indicador tinha um peso atribuído. Para os autores, risco era uma função constituída a partir de elementos naturais, transmitidos por mosquitos, endêmicos, econômicos e sociais. Assim, os indicadores desenvolvidos para a localidade vinculavam-se a todas essas dimensões.

O fator “vulnerabilidade” demográfica se mostrou presente em estudos do Brasil e América do Sul. Para Laureano-Rosario *et al.* (2018), vulnerabilidade à dengue está ligada a: idade em relação à mobilidade (trabalho, escola, casa), a condições biológicas como susceptibilidade à perda de plasma (por exemplo, menores de cinco anos com limiar mais baixo para escape de líquido do espaço intravascular para extravascular) e doenças degenerativas crônicas. O aspecto demográfico se mostra importante por: susceptibilidade a infecções

primárias a partir da exposição; infecções secundárias; desenvolvimento urbano e condições de moradia da localização geográfica (casas sem proteção, como janelas e portas); e serviços públicos (por exemplo, coleta de lixo, limpeza de drenagem; a circulação simultânea de mais de um sorotipo). Vale ressaltar que no estudo sobre os arbovírus, casos de infecções arbovirais anteriores são considerados diante da associação entre população afetada e imunidade. Os casos de dengue são considerados sobre a infecção do ZIKV, por exemplo.

Indicadores sociais e de infraestrutura urbana, como ausência de moradia e estrutura sanitária precária, têm sido utilizados como expressões de desigualdades sociais e indicadores de vulnerabilidade. No contexto brasileiro da dengue, entram na avaliação de De Mattos *et al.* (2007) escolaridade, renda do chefe da família, densidade do domicílio e proporção de crianças e mulheres idosas, saneamento básico. A escala de risco familiar com informações sobre idade, escolaridade, habitação, emprego, uso de drogas, nutrição e morbidade, bem como o acesso aos serviços de saúde também fornecem uma medida baseada em indicadores de risco e vulnerabilidades nos estudos brasileiros (RODRIGUES *et al.*, 2018).

Há estudos que atestam o aumento de casos naqueles locais de menores condições de infraestrutura de serviços de saneamento, alto incremento populacional e com zonas de favela. Indicam a relação de baixa renda e baixo nível de escolaridade e a alta incidência de casos com a precariedade de habitações e a coleta de lixo deficiente, bem como atestam a relação inversa de regiões com baixo crescimento populacional e baixo percentual de terrenos baldios com os casos (BARBOSA; SILVA, 2015).

No Brasil, as regiões metropolitanas como Rio de Janeiro e São Paulo têm se destacado em números de notificações. Cita-se fatores como estimulantes a densidade populacional e das redes de transporte, os padrões de assentamento, habitação, abastecimento de água e coleta de resíduos sólidos urbanos. Já os Estados do Sul do Brasil têm o clima (temperatura, umidade e precipitação pluviométrica) como fator limitante à expansão de casos. (MENDES *et al.*, 2017, p. 74).

Para a Bahia notou-se que as localidades com maiores números de notificações e as maiores taxas de incidência da dengue entre 1994 e 2000 situavam-se próximos ao litoral e próximos à BR-101. Esses locais eram mais urbanizados (como Salvador) e detinham elevadas taxas de densidade populacional (MENDES *et al.*, 2017, p. 74). Outro estudo atesta que um dos fatores para a rápida disseminação das doenças na Bahia-Brasil, ligava-se ao fluxo de pessoas (SABA *et al.*, 2018).

Ao considerar a relação espaço tempo da disseminação da dengue na Bahia, Nascimento Filho, Murari e Ferreira (2021) sinalizaram uma forte correlação de dispersão da

doença entre as regiões limítrofes a Região Metropolitana de Salvador (RMS), que ocorre após 33 dias da confirmação no ponto de origem (RMS). Entende-se a inexistência de uma influência dos aspectos econômicos ou arranjo regional, os autores sugerem que o vetor *Aedes Aegypt* da doença está adaptado a todas as regiões econômicas baianas (NASCIMENTO FILHO; MURARI; FERREIRA, 2021).

O estudo sobre a rede de correlação de casos de dengue na Bahia evidenciou que um município tende a seguir o comportamento de outro município. Quando os casos de dengue aumentam em um município, há também um aumento de casos no município correlacionado. Uma relação de influência mútua (SABA *et al.*, 2014).

Ressalta-se que o desempenho desses parâmetros varia entre localidades, diante da relação de dependência observada entre as variáveis (SIRIYASATIEN *et al.*, 2018).

2.2 Exposição simultânea de arboviroses

Novos fatores são apresentados em estudos ligados ao cenário de cocirculação quando buscava-se descobrir o impacto das “respostas imunes de reação cruzada preexistentes nas infecções subsequentes” (HOU; CHEN; GAO; AN, 2022, p.9), o risco da gravidade em infecções sequenciais e o impacto nas notificações de casos.

2.2.1 A infecção e transmissão por mosquitos *Aedes aegypti*

O aumento de casos das arboviroses apontou para a probabilidade do aumento de coinfeção por múltiplos Ae., vírus transmitidos por *aegypti*. Foi na Índia, em 1964, que o vírus Chikungunya e o vírus da dengue tipo 2 foram isolados do sangue retirado de um paciente quando na fase aguda de uma enfermidade com sintomas semelhantes à dengue (MYERS; CAREY, 1967). Ao longo dos anos outros episódios de coinfeção de CHIKV/DENV também passaram a ser relatados, incluindo-se a ZIKV, desde seu aparecimento. Sugere-se que as coinfeções sejam comuns em localidades endêmicas e epidêmicas. A exemplo do caso ocorrido em 2010, na África, especificamente no Gabão, que ante o surto de CHIKV e DENV-2, foi encontrado um mosquito *Aedes albopictus* coinfectado com CHIKV/DENV-2 nas imediações de casas de pacientes coinfectados (CARON, 2012). Os autores citam a capacidade de mosquitos coinfectados com CHIKV/DENV expelirem ambos os vírus em sua saliva.

Os experimentos realizados por RÜCKERT *et al.* (2017) atestaram a capacidade dos mosquitos de transmitirem mais de um vírus durante um episódio de alimentação, bem como

a possibilidade de tripla infecção e transmissão dos vírus Chikungunya, Dengue-2 ou Zika. Neles “as taxas de infecção tripla foram altas e as taxas de cotransmissão foram comparáveis às taxas de transmissão única de DENV-2 e ZIKV, mas menores para CHIKV” (RÜCKERT *et al.*, 2017, p. 7).

2.2.2 Relação de dependência entre os casos confirmados e descartados de arboviroses

O cenário de circulação simultânea de arbovírus trouxe, no Brasil, a dificuldade de registro e classificação final de casos, considerando que o principal critério de fechamento de caso é o clínico-epidemiológico. A dificuldade dos serviços de saúde em diagnosticar e diferenciar os casos trouxe dúvidas quanto à efetividade dos casos classificados como suspeitos e descartados diante da influência mútua das notificações de doenças.

Com a hipótese de que, possivelmente, casos de zika e/ou chikungunya estavam sendo notificados como suspeitos de dengue, após investigação epidemiológica eram descartados por serem inconclusivos, uma análise indicou que havia uma relação mútua entre os casos de zika e casos de dengue, sugerindo que casos de dengue descartados e confirmados podem ter sido casos de zika, bem como sugerindo que a série de casos confirmados de chikungunya é quase independente das séries de casos de dengue e zika (OLIVEIRA *et al.*, 2020).

Segundo os autores, pode-se atribuir esses achados a: 1) o fato da maior similaridade das manifestações clínicas entre dengue e a Zika do que entre a chikungunya e as suas expressivas manifestações articulares. Neste sentido, os casos suspeitos de dengue podem ser utilizados como apoio a análises preditivas de futuros casos de Zika; 2) A fatores espaciais não considerados ou a uma situação hipotética onde um vírus inibe a proliferação do outro. Essa última percepção direciona-se principalmente à inexistência de associação entre a série de casos confirmados de dengue e chikungunya confirmados, e casos confirmados de Zika e chikungunya confirmados (OLIVEIRA *et al.*, 2020).

Tanto Oliveira *et al.* (2020) quanto Ribeiro *et al* (2018) argumentam que o padrão aumentado de casos de chikungunya em oposição à diminuição de casos de dengue e zika, Oliveira para o Brasil e Ribeiro para a cidade de Salvador, sugere não relação à população de vetores e que a imunidade após a infecção por ZIKAV é capaz de proteger de forma cruzada contra a dengue.

Um ponto relevante para entender os impactos da cocirculação é abordar a vigilância e “como as zonas de maior incidência lidam com as notificações dos casos” (OLIVEIRA *et al.*, 2020, p.9). Como citam os autores:

pelo menos até 2010, o sistema de vigilância da dengue no Brasil foi capaz de informar sobre as tendências temporais e espaciais da ocorrência desta doença, fornecendo bons indicadores de avaliação. No entanto, com o surgimento do CHIKV e do ZIKAV no período 2014-2015, que apresentam manifestações clínicas semelhantes às da dengue, e em um cenário de disponibilidade limitada de exames laboratoriais, surgiram grandes dificuldades com esse sistema. A partir de então, o diagnóstico dos vírus era majoritariamente clínico e epidemiológico, limitando o registro correto dos casos no SINAN. (OLIVEIRA *et al.*, 2020, p.9).

2.2.3 Efeito da vacinação da febre amarela na imunidade, infecção e gravidade de casos de dengue.

No cenário de cocirculação de sorotipos dengue espera-se que a infecção de um sorotipo confira imunidade à infecção subsequente com o mesmo sorotipo, embora não garanta proteção duradoura contra a infecção com outros sorotipos. Como uma pessoa pode ser infectada com cada sorotipo em um total de quatro infecções, o indivíduo é suscetível a infecções secundárias e terciárias. “Além disso, a progressão da dengue para febre hemorrágica da dengue ou síndrome do choque da dengue parece ser facilitada por uma infecção prévia com um sorotipo diferente” (QIAO *et al.*, 2011, p.2). Isso torna o desenvolvimento da vacina contra a dengue um gargalo (HOU *et al.*, 2022).

Considerando que o vírus da dengue e o vírus da febre amarela (FA) são membros do gênero flavivírus de RNA de fita positiva, há a hipótese que populações-alvo para a vacina contra dengue podem ter sido expostas a flavivírus por meio de infecção ou vacinação. Hipótese alimentada pelo fato dos casos de FA também ocorrem na América do Sul em áreas endêmicas da dengue e as ações de imunização contra a FA constituem-se rotina em alguns países. Diante da escala global do problema da dengue e o custo das medidas de prevenção do mosquito, a comunidade científica tem investido na criação de vacinas. O fato é que os estudos sobre vacina têm recorrido a avaliação dos efeitos de uma exposição prévia ao flavivírus na infecção, imunidade e segurança contra a dengue (QIAO; *et al.*, 2011; LUPPE *et al.*, 2019).

Um estudo aberto e controlado de duas fases, realizado na Austrália, observou que uma imunidade pré-existente à dengue ou FA aumenta a resposta imune a uma única injeção da

vacina testada, especificamente contra os sorotipos 1 e 2 com diferenças significativas (QIAO *et al.*, 2011). Outro experimento realizado em São José do Rio Preto, no Brasil, que visava avaliar se as interações sorológicas prévias entre febre amarela e dengue e os anticorpos produzidos agravavam ou atenuavam as infecções por dengue não encontrou nenhuma evidência de aumento de risco para dengue grave em pacientes vacinados contra febre amarela. Não havia evidência de que contra febre amarela em áreas endêmicas de dengue provocasse o aumento de dengue grave (LUPPE *et al.*, 2019).

Além do estudo sobre os impactos da vacinação prévia da FA sobre os casos de dengue, é preciso deixar claro que muitas iniciativas de vacinas utilizam RNAs da FA, como o caso da vacina Dengvaxia, vacina de dengue tetravalente quimérica viva atenuada, construída sobre a 17D da febre amarela. Segundo o relatório, “a Dengvaxia tem se mostrado eficaz na redução de hospitalizações relacionadas à dengue e dengue grave entre pessoas que tiveram infecção por dengue no passado” (PAZ-BAILEY; ADAMS; WONG *et al.*, 2021).

2.3 Resumo dos fatores de ocorrência das arboviroses

De forma esquemática, os estudos, que envolviam os continentes Ásia, Europa, África e América do Sul, elencavam os seguintes fatores como impactantes na ocorrência das arboviroses:

Quadro 2- Dimensão e Indicadores de impacto para ocorrência de casos

Dimensão	Indicador
Densidade do Mosquito	Taxa infecção mosquito Taxa infecção mosquito fêmea Taxa infecção mosquito macho
Epidemiologia	Casos de dengue Casos de dengue autóctones Casos de dengue importados Casos de zika Casos de zika autóctones Casos de zika importados Casos na vizinhança
Profilaxia	Imunidade Suscetibilidade Vacina

Dimensão	Indicador
Demográfica	População População vulnerável
Ambiental	Temperatura Temperatura máxima Temperatura Mínima Temperatura Média Temperatura meses quentes Temperatura meses frios Umidade Umidade média Velocidade do vento Índice pluviométrico Estação Vegetação Vegetação floresta Vegetação de campo natural Vegetação de zona alagada Hidrologia Distância de Rios
Desenvolvimento	Urbano - Rural Distância centro urbanos Atividade internacional Ações de prevenção e controle Mobilidade humana Infraestrutura e transporte

Fonte: Elaboração própria (2021)

2.4 Métodos Utilizados para Análise dos Arbovírus

Segundo Hayat *et al.* (2017), prevalece no estudo da saúde pública as técnicas estatísticas que partem do pressuposto da independência dos dados como a Análise de Variância (ANOVA); regressão linear; logística e de *Poisson*; regressão não linear, dentre outras. O fato é que a escolha da técnica liga-se à percepção de como os dados coletados, a partir da realidade, serão interpretados: se como dados independentes, dependentes ou complexos. Quando se trata de dados dependentes, as técnicas mais utilizadas são modelo misto generalizado linear (MLGM), extensão do GLM para respostas independentes e os modelos marginais (GEE). No tocante aos modelos complexos, a ênfase se dá na modelagem estrutural (modelo de equações estruturais) ou modelo de classe latente e análise factorial (HAYAT *et al.*, 2017).

Para o estudo sobre as arboviroses na análise de séries temporais foi percebido o crescimento do uso dos modelos ARIMA e SARIMA. Modelos de séries temporais

pressupõem uma relação de dependência e objetivam traçar cenários de previsão. De acordo com Siriyasatien *et al.* (2018), a desvantagem é que eles desconsideram outras variáveis associadas à variável dependente, o que leva à busca de outros fatores correlacionados à doença para aumentar a precisão da previsão do modelo quando ele é aplicado a áreas de climas semelhantes, onde fatores climáticos como temperatura, precipitação total e umidade não são substancialmente diferentes. Tais desvantagens podem, conseqüentemente, diminuir o poder preditivo do surto. No que tange ao SARIMA, uma extensão do ARIMA, essa abordagem exige a entrada de uma grande quantidade de dados, o que significa que este pode não ser adequado para estudos com um tamanho de amostra pequeno. Ademais, é baseado na suposição de normalidade, não sendo adequado para doenças que são raras ou ocorrem com menos frequência. A suposição de normalidade pode não ser atendida e, portanto, o SARIMA pode não ser uma escolha apropriada (RACLOZ *et al.*, 2012).

Quando a análise de séries temporais volta-se às variáveis meteorológicas, faz-se uso também de modelos de atraso não linear distribuídos, do inglês *Distributed Lag Non Linear Models* (DLNM), árvores de decisão com validação cruzada, análise de regressão linear multivariada binomial negativa e modelos lineares generalizados dinâmicos (DGLM), dentre outros (MARTÍNEZ-BELLO; LÓPEZ-QUÍLEZ; TORRES-PRIETO, 2017).

Para obter informações sobre o grau de sincronização e direção entre nós de uma rede, sob a ótica de rede complexa, contando o número de ocorrências de alguns padrões entre séries temporais, o *Motif-Synchronization* (ARAÚJO *et al.*, 2018) pode ser utilizado em conjunto com gráficos variáveis no tempo (TVG). Além deste, há os tradicionais métodos *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR) e *Susceptible Infected-Susceptible* (SIS).

Foram encontrados estudos preditivos que utilizam modelo de árvores de regressão e conjunto com o modelo preditivo logístico (EVANS *et al.*, 2017; ZHANG *et al.*, 2017), o Modelo de Infecção Inversa Generalizada (GIIM) (GARDNER *et al.*, 2018), o *Generalized Additive Models* (GAM), a *Mixed-effects Logistic Regression Model* (CARLSON; DOUGHERTY; GETZ, 2016) e o Método Matemático (SIR) (RIOU; POLETTI; BOËLLE, 2018).

Há, na literatura, algumas críticas em relação a alguns desses modelos. O problema com o modelo SIR é que ele simplifica; trata as populações como entidades contínuas; não considera os indivíduos; não consegue lidar com os detalhes de padrões e redes de conexão individuais; não é útil para análise de doenças complexas. (KOOPTMAN; LYNCH, 1999). Já o modelo GIIM usa observações reais do surto e procura estimar os fatores de risco que direcionam a transmissão. As observações são derivadas das datas de transmissão local relatada

do ZIKV em cada região, a estrutura da rede é definida pelos movimentos de passageiros entre todos os pares de regiões, e os fatores de risco considerados incluem fatores socioeconômicos regionais, adequação do *habitat* do vetor, viagens, volumes e dados epidemiológicos (GARDNER *et al.*, 2018).

A questão que move as pesquisas em torno das arboviroses é que não podemos tratá-las sob a ótica da linearidade, e nesse sentido, o modelo escolhido para sua análise precisa, dentre outros fatores, dar conta da dinâmica e diferença de padrões.

3 AS ARBOVIROSES

Arbovírus são vírus mantidos na natureza transmitidos biologicamente. Trata-se de uma abreviação do termo *arthropod-borne*, introduzido em 1942, utilizado para descrever grupos de vírus animais reconhecido, na época, como causadores da encefalite, endossado oficialmente em 1963, mediante a recomendação do subcomitê de nomenclatura internacional (WHO, 1966).

O conceito refere-se a vírus transmitidos biologicamente por um artrópode para um vertebrado e, principalmente, que se mantêm na natureza em um ciclo de transmissão entre vertebrados e artrópodes.

Agrupados taxonomicamente, a partir da possível relação entre antígenos, estudo feito pela *World Health Organization* (WHO) em 1967, indicava na época, a existência de 28 grupos classificados (os maiores com 36 e 20 agentes aproximadamente) e 50 vírus desagrupados, totalizando 200 vírus. Uma perspectiva mais atualizada trazida por Gubler (2001) amplia a contagem dos vírus listados para 534, dos quais 134 causam doenças humanas.

Febre Amarela (FA) e a febre do mosquito (*Sandfly Fever*), os dois primeiros arbovírus reconhecidos, mostraram-se transmitidos do homem para o vetor e deste para o homem. Os mosquitos são os vetores mais comuns dos arbovírus, embora pássaros, carrapatos e macacos sejam também identificados como vetores.

O ciclo evolutivo do mosquito envolve a fase aquática, a fase da maturação do ovo, larva, pupa e a fase alada, que transcorre em ambientes terrestre e aéreo com o mosquito adulto. O tempo de evolução é variável. Temperatura e clima tropical são postos como condições favoráveis à sua disseminação. Quanto à manutenção, a presença sofre períodos de reintrodução e desaparecimento, embora o mecanismo do ciclo não esteja claro (WHO, 1966).

Na abordagem em torno dos arbovírus, toma curso o estudo sobre os hospedeiros (vertebrados e artrópodes) dada sua importância (WHO, 1966). Visto que a transmissão ocorre, em geral, quando o vetor é infectado e após a multiplicação dos arbovírus no seu tecido, este, subsequentemente, torna-se infeccioso permanecendo assim durante a vida.

Novos vertebrados são infectados pela saliva, através das picadas dos artrópodes após período de incubação extrínseca⁸. Considerando o ciclo de transmissão, a fase humana não é

⁸ Incubação é a fase de desenvolvimento do arbovírus no organismo do hospedeiro. Ela é intrínseca para os hospedeiros vertebrados, e extrínseca quando ocorre no artrópode.

essencial para a maioria dos arbovírus. O homem representa, geralmente, o *dead-end*, a fase final (WHO, 1966).

As doenças que os arbovírus produzem podem ser agrupadas em: 1. benignas, com febres com presença ou ausência de exantemas; 2. causadoras de febres hemorrágicas com risco de morte; 3. causadoras de encefalite ou meningoencefalite que pode escalonar para severas condições neurológicas afetando a mente e o aparato motor. Para esses casos o diagnóstico deve ser laboratorial.

É por meio de provas de Inibição de Hemaglutinação (IH) que se deu a aproximação ou distanciamento dos arbovírus em grupos da forma como conhecemos hoje. Em um primeiro momento os agentes eram classificados de forma individual pelo nome das doenças, a exemplo do vírus da Febre Amarela (FA) e vírus da Dengue, posteriormente passaram a ser relacionados às localidades da ocorrência de casos tais como Weestern (WEE), Eastern (EEE), St. Louis (SLE). O uso do IH nos anos 50 mostrou-se mais eficaz em detectar relações entre antígenos do que a Fixação de Complemento (FC) e neutralização em culturas de tecidos de camundongos recém-nascidos (N) (WHO, 1966).

Agrupados a partir de propriedades físicas e químicas (ácido nucléico, presença de simetria, envelope, formato, tamanho), os grupos de arbovírus de importância em Saúde Pública são os *Togaviridae* (Alfavírus), do grupo A, com destaque para a chikungunya *O'nyong-nyong* e a febre de Mayaro; e os *Flaviviridae* (Flavivírus), do grupo B, cujos vírus causam encefalite, dengue e febre amarela.

3.1 A Dengue

Destaque pela prevalência no Brasil, a dengue está presente na Ásia, na América Central e na América do Sul. Nas Américas, segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), a dengue é mais comum e crescente das arboviroses desde sua reintrodução em 1980 (OPAS/OMS, 2020). No Brasil, ela se mostra contínua, com episódios epidêmicos, geralmente caracterizados pela introdução de novos sorotipos ou alteração do sorotipo predominante (BRASIL, 2009c).

Na análise histórica de casos no cenário brasileiro, o Rio de Janeiro mostrou-se como a principal porta de entrada de casos e dos sorotipos. Ainda que Boa Vista (Roraima) tenha sido o primeiro território brasileiro a sofrer a primeira epidemia de dengue no Brasil entre 1981-1982, causada pelos sorotipos 1 e 4. É a partir de 1986 que os casos epidêmicos de dengue passam a ser relatados no Rio de Janeiro e algumas capitais da região Nordeste. Em 1990, os

três sorotipos da dengue já estavam circulando em solo brasileiro com a introdução do sorotipo DENV2 no Estado do Rio de Janeiro. Esse estado também foi a porta de entrada para a disseminação do sorotipo DENV3 do vírus desde o ano 2000 quando foi identificado (BRASIL, 2009c).

Os quatro sorotipos do vírus Dengue (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4), isolados e identificados, são transmitidos aos humanos por meio de picadas de mosquitos *Aedes*, principalmente *Ae. aegypti*. Habitado a áreas tropicais e subtropicais, o mosquito mostra-se distribuído ao redor do mundo. O limite de sua ocorrência vincula-se às temperaturas mais baixas e latitudes altas, cuja presença do *Ae. aegypti* é relativamente incomum.

A fase aquática e de maturação do ovo ocorre em *habitats* cheios de água, principalmente em recipientes artificiais intimamente associados a habitações humanas. Os ovos podem permanecer viáveis por muitos meses na ausência de água.

De acordo com a OMS, a maioria das fêmeas de *Ae. aegypti* pode passar a vida dentro ou ao redor das casas durante seu ciclo evolutivo até chegar à fase alada, como adulto. Isto move a perspectiva de controle que sai do vetor, para o próprio vírus (WHO, 2009).

Além do *Ae. aegypti*, o *Aedes albopictus*, *Aedes polynesiensis* e outras espécies de *Aedes* como o complexo de *scutellaris* podem transmitir a dengue. Cada uma dessas espécies tem uma ecologia particular, comportamento e distribuição geográfica. Nas últimas décadas, por exemplo, o *Aedes albopictus* se espalhou da Ásia para África, Américas e Europa (WHO, 2009).

A infecção pelo vírus Dengue pode ser leve e simular uma gripe. A doença sintomática clássica caracteriza-se por ser febril, de início agudo, com duração de 5 a 7 dias, e acometer grande número de pessoas. A enfermidade se manifesta sob duas formas clínicas: Dengue Clássica, de baixa mortalidade, mas com sintomatologia importante, que impede a atividade rotineira da maioria da população afetada, e Dengue Hemorrágica, com elevado risco de óbito.

Infecções pelo vírus Dengue (DENV) podem tanto associar-se a manifestações neurológicas como meningite, encefalite (BRASIL, 2017c) quanto a manifestações hemorrágicas (BRASIL, 2009c). Segundo a OMS, a Dengue Hemorrágica e a presença de manifestações neurológicas são formas graves da doença (BRASIL, 2014a).

Ao longo do tempo, os critérios utilizados para classificar as manifestações clínicas sofreram alterações. A OMS tem ativa participação nas definições de protocolos para o tratamento e controle da dengue. Nos anos 80 o controle voltava-se às manifestações da Febre do Dengue ou Dengue clássico (FD) e Febre Hemorrágica do Dengue (FHD) com ou sem Síndrome do Choque do Dengue (SCD) (OPAS/OMS, 1996).

O amplo espectro de apresentações clínicas, muitas vezes com quadros imprevisíveis, dificulta o ajuste dos critérios clínicos aplicado para a FHD (WHO, 2009), nos casos que se mostravam graves e a percepção de quadros associados à presença de alterações neurológicas; à disfunção cardiorrespiratória; à insuficiência hepática e óbitos; dentre outros quadros que até então não estavam enquadrados nos critérios de FHD, devido a isso a classificação foi alterada.

A questão posta estava ligada à evolução da doença que, após o período de incubação, poderia seguir para um quadro severo. Assim, no Brasil, as ocorrências que evoluíram para forma grave, e não cumpriam todos os critérios da FHD passaram a ser encerrados como Dengue com Complicações (DCC) (BRASIL, 2009c, p. 125). Até que 2009, uma nova classificação foi publicada pela OMS, com três formas de apresentação da doença: Dengue, Dengue com Sinais de Alarme (uma forma intermediária) e Dengue Severo (WHO, 2009). O Brasil adotou essa classificação em 2014, usando-a como guia para novo protocolo para manejo clínico em 2016 (BRASIL, 2014a; 2016a; 2017; LUZ *et al.*, 2018).

A caracterização de caso ocorrerá da seguinte forma, segundo o Ministério da Saúde (BRASIL, 2014a, p. 3):

- a) Dengue: estadia ou morada em área endêmica nos últimos 14 dias, com febre, de 2 a 7 dias, e que além dela apresente duas ou mais das seguintes manifestações: náusea, vômitos; exantema; mialgias, artralgia; cefaleia, dor retroorbital; petéquias ou prova do laço positiva; leucopenia.
- b) O sinal de alarme é dado quando durante a defervescência da febre apareçam: Intensa e contínua dor abdominal, ou dor à palpação do abdômen; Episódios persistentes de vômitos; Acumulação de líquidos (ascites, derrame pleural, pericárdico); Sangramento de mucosas; Letargia ou irritabilidade; Hipotensão postural (lipotímia); Hepatomegalia maior do que 2 cm; Aumento progressivo do hematócrito.
- c) É grave os quadros com choque devido ao extravasamento grave de plasma evidenciado por taquicardia, extremidades frias e tempo de enchimento capilar igual ou maior a três segundos, pulso débil ou indetectável, pressão diferencial convergente ≤ 20 mm Hg; hipotensão arterial em fase tardia, acumulação de líquidos com insuficiência respiratória. Sangramento grave, segundo a avaliação do médico (exemplos: hematêmese, melena, metrorragia volumosa, sangramento do sistema nervoso central); Comprometimento grave de órgãos tais como: dano hepático importante (AST o ALT > 1000), sistema nervoso central (alteração da consciência), coração (miocardite) ou outros órgãos.

3.2 A Chikungunya

O vírus foi identificado pela primeira vez na Tanzânia em 1952 e, desde 2004, casos têm sido relatados em mais de 60 países na Ásia, África, Europa e nas Américas.

Na história da doença, o *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus* mostraram-se implicados nos grandes surtos. Ligado aos trópicos e subtropicais, o *Ae. aegypti* vincula-se mais à habitação humana, ambientes fechados e a criadouros como vasos, tanques, *habitats* artificiais ao ar livre. Já o *Ae. albopictus*, mais afeito a regiões temperadas e temperadas frias, está nas áreas rurais e periurbanas, prospera em uma diversidade de *habitats* incluindo cascas de coco, vagens de cacau, tocos de bambu, buracos em árvores e piscinas naturais etc. Ambos são ativos durante o dia.

A chikungunya produz quadro clínico leve na maioria dos casos, ainda que seja sintomática. Em 2017, o Ministério da Saúde (MS) do Brasil indicava que, diferente das outras arboviroses, até 70% dos infectados apresentavam sintomas (BRASIL, 2017a).

A evolução apresenta-se em 3 ciclos: aguda, subaguda e crônica. A infecção pelo vírus Chikungunya é considerada a partir de um quadro febril agudo marcado por febre de início súbito maior do que 38 °C e dor intensa nas articulações acompanhando o período febril, e envolvendo múltiplas articulações de forma sequencial, acompanhada ou não de sinais inflamatórios articulares. Essa fase vai até o 14º dia após o início dos sintomas. A fase subaguda acontece quando as dores articulares persistem por até três meses após a fase aguda. Após três meses, inicia-se a fase crônica da doença (BRASIL, 2017a).

Os casos graves e óbitos relacionados à infecção ocorrem em relação à comorbidades, como disfunção cardíaca, doenças renais ou pulmonares, e a idade elevada (BRASIL, 2017a).

3.3 A Zika

O Zika vírus é da família Flavivírus relacionada ao vírus da Febre Amarela, ao vírus da Dengue (DENV) e ao *West Nile Virus* (WNV). Vários mosquitos do gênero *Aedes*, incluindo *Ae. africanus*, *Ae. luteocephalus*, *Ae. hensili* e *Ae. aegypti*, *Ae. albopictus*, *Ae. fucifer* e *Ae. vittatus* foram encontrados infectados pelo ZIKV (ARMSTRONG; HOU; TANG, 2017).

Estudos demonstram que a rota de transmissão do ZIKV não ocorre apenas pelo mosquito, pode ocorrer de pessoa a pessoa por meio do contato sexual e evidências confirmaram a presença do vírus na urina e na saliva (CAMPOS; BANDEIRA; SARDI, 2015; ZANLUCA *et al.*, 2015; BRASIL, 2016b). Outros relatórios demonstraram a possibilidade da transmissão vertical, ou seja, da mãe para o feto durante a gravidez (ARMSTRONG; HOU;

TANG, 2017), através do leite materno, por transfusão de sangue e hemoderivados (WHO, 2021).

A produção científica tem salientado sobre as especificidades no desempenho do ZIKV (vírus Zika) frente às outras arboviroses pela possibilidade das infecções por ZIKV transmitirem imunidade duradoura, pelo fato dos mosquitos serem capazes de transmitir a cepa do ZIKV com 100% de saliva infecciosa mesmo 14 dias pós-exposição e pela variedade dos meios de transmissão entre humanos, já que o vírus fora detectado na saliva, na urina (CHRISTOFFERSON, 2016), no sêmen (ROWLAND *et al.*, 2016) e mostra-se capaz de atravessar a placenta materna (CHRISTOFFERSON, 2016).

Assintomática ou leve na maioria dos casos, ainda que seja marcada por dor ou edema articular de leve intensidade e que pode persistir por cerca de um mês (BRASIL, 2015; 2017d), nota-se que ela pode ser aguda (com falência de órgãos, meningite, encefalite) (WHO, 2021) bem como pode ser associada à síndrome neurológica, como a Síndrome de Guillain-Barré (BRASIL, 2015).

A história reconhecida do vírus é recente e tornou-se mais evidente a partir do surto no Pacífico, na Polinésia Francesa, em 2013, apesar de casos relatados na África e Ásia. No Brasil, a doença foi identificada em 2015 após exame sanguíneo (CAMPOS; BANDEIRA; SARDI, 2015). O aumento do número de casos, além dos casos agudos e da síndrome de Guillain Barré e a associação com a ocorrência da epidemia de microcefalia tem sido documentado pela literatura (CAMPOS; BANDEIRA; SARDI, 2015).

A preocupação maior em torno da doença diz respeito ao potencial de causar morte fetal, anomalias congênitas e deficiências de neurodesenvolvimento em fetos (BRASIL, 2017c, 2017d; WHO, 2021). Bebês com anomalias congênitas podem ter microcefalia e anomalias cerebrais e oculares, e aqueles que exibem uma combinação específica de achados (por exemplo, microcefalia grave, movimento articular limitado, tecido cerebral diminuído) 327 podem ser diagnosticados com Síndrome da Zika Congênita (CZS) (BRASIL, 2015; 2017d; WHO, 2021).

A definição de caso da zika considera a presença de exantema maculopapular pruriginoso acompanhado de um dos seguintes sinais e sintomas: febre; hiperemia conjuntival sem secreção e prurido; artralgia/poliartralgia e edema periarticular (BRASIL, 2017d).

Estudos têm demonstrado que não se pode interpretar o desempenho do Zika vírus a partir do desempenho da dengue e da chikungunya (CHRISTOFFERSON, 2016). A dinâmica de transmissão do vírus tem sido articulada em um cenário de cocirculação entre Zika, Dengue e Chikungunya, que associa seu desempenho aos movimentos migratórios, à urbanização, às

mudanças climáticas e ecológicas, à situação econômica, dentre outros fatores (PAHO/WHO, 2016).

4 A VIGILÂNCIA

Cabe à vigilância epidemiológica o controle de casos, intervenções e a definição das normas técnicas e procedimentos em relação a cada agravo. De forma compulsória e imediata, os casos suspeitos e/ou confirmados devem ser a ela comunicados. O monitoramento constante dos casos suspeitos, a coleta e o fluxo contínuo dos dados permitem o acompanhamento da curva epidêmica, através do diagrama de controle, das situações epidêmicas com vistas à realização de medidas visando controle em tempo hábil (BRASIL, 2005).

4.1. Vigilância em Saúde

Compreender a Vigilância em Saúde requer considerar a evolução do próprio Setor de Saúde do Brasil e dos esforços empreendidos desde a década de 70 para a sua eficiência e modernização, bem como os esforços de priorizar a situação de saúde brasileira através das estatísticas. As articulações sobre a reforma do Setor de Saúde, mais tarde reconhecida como a Reforma Sanitária, ocorreram tanto no âmbito legal e institucional, quanto no acadêmico. Foi com o advento da nova Constituição de 1988 que os princípios básicos propostos pelo debate da Reforma Sanitária, os quais vieram a ser adotados pelo Sistema Único de Saúde (SUS) (criado pela Lei n.º 8.080/90), foram oficializados (BRASIL, 2009c). Diretrizes que consistiram “na descentralização, com direção única em cada esfera de governo; no atendimento integral, com prioridade para as atividades preventivas, sem prejuízo dos serviços assistenciais; e na participação da comunidade” (BRASIL, 1990).

A descentralização das ações de saúde incluiu no cenário administrativo e gestor a esfera local (municipal). Municípios e Estados passaram a ter papel fundamental, até mesmo na geração e no uso de dados necessários aos diferentes subgrupos de sistemas de informação em saúde existentes no país. Ainda nesse processo de mudança, as iniciativas do final da década de 1980 ampliaram com uso da informática e a consequente informatização dos serviços de saúde, o que agilizou o processo de descentralização da produção, da disseminação e da análise das informações em saúde (BRASIL, 2009a).

Para além dos debates internos, a prática do Sistema de Saúde do Brasil tem sido influenciada pela agenda política de cooperação internacional com vistas à saúde global, e estruturada por sua política externa (KLEINERT; HORTON, 2011, p. 3). Entendida como uma estratégia de fortalecimento dos sistemas nacionais de saúde, a pauta da saúde global, em vigor a partir dos anos 2000, tem como objetivo a construção de um sistema global de saúde alinhado a partir do fortalecimento de determinados atributos (MATTA; MORENO, 2014). Entraram na agenda da saúde ações como o “Fortalecimento do desempenho dos sistemas de informação em saúde das Américas” (OPAS/OMS, 2007); Agenda Sul-Americana de Saúde, em 2009, e os Objetivos do Milênio, em 2000 (ALMEIDA *et al.*, 2010).

Assim, historicamente, a construção e a consolidação da Vigilância em Saúde é tanto produto de um trabalho de amadurecimento dos debates sanitários do Estado brasileiro herdados pela institucionalização do SUS, de 1988/1990, quanto da articulação dos Modelos Assistenciais nos anos 2000, que passaram a ser operacionalizados no processo de distritalização, mobilizando ações de integração, planejamento e gestão das Secretarias Estaduais de Saúde (SES) e das Secretarias Municipais de Saúde (SMS) (TEIXEIRA; PAIM; VILASBOAS, 1998; TEIXEIRA, 2000). Todo cenário construído refletiu o sinergismo de ações em saúde nas esferas global, nacional e regional quando, por exemplo, a parceria entre a Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS/OMS) e o Ministério da Saúde do Brasil expandiu a capacitação técnica de gestão de saúde (OPAS/OMS, 2007).

Diante desse novo panorama, as ações no âmbito do planejamento e (re)organização de sistemas e serviços locais objetivavam a educação para gestão de saúde, a partir de treinamentos e cooperação técnica científicas, como a descentralização e criação de regiões com vistas à assistência solidária de serviços de saúde; e a percepção da necessidade de adequar as ações de vigilância à especificidade da situação demográfica e ao perfil epidemiológico com base na análise de indicadores de morbimortalidade constantes no sistemas de informação (TEIXEIRA, 2010).

A vigilância em saúde constitui-se num:

[...] processo contínuo e sistemático de coleta, consolidação, análise e disseminação de dados sobre eventos relacionados à saúde, visando o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública para a proteção da saúde da população, a prevenção e controle de riscos, agravos e doenças, bem como para a promoção da saúde (BRASIL, 2013, p.).

Assim, as atividades desenvolvidas em torno da vigilância de saúde devem ser anteriores à pesquisa e à elaboração de programas de controle de doenças (WALDMAN, 1998; 2012).

A proposta de uma vigilância em saúde atua sob a perspectiva de integração de serviços de ações básicas de saúde, nutrição, educação, vigilância epidemiológica, vigilância sanitária, vigilância de ambientes e de trabalho. Incorporando diferentes qualificações de vigilância (médica, sanitária, epidemiológica, do trabalhador, ambiental em Saúde Pública) (BRASIL, 2013).

4.2 Vigilância Epidemiológica

Fundamentada no debate sobre o acompanhamento sistemático de doenças, a vigilância epidemiológica articula-se em torno de um conjunto de ações destinadas ao conhecimento, à detecção ou prevenção de elementos que determinam e condicionam a saúde individual ou coletiva, a fim de propor e adotar as medidas de gestão, prevenção e controle das doenças ou agravos.

O debate sobre a vigilância epidemiológica se constitui em torno do processo de definir e selecionar as doenças de notificação compulsória, visto que, para atender à sua finalidade, a vigilância necessita colher informações sobre as doenças e agravos de interesse nacional, estadual e municipal. Ressalta-se que no âmbito da promoção da saúde, a epidemiologia não apenas atua no controle de doenças e de seus vetores, mas, sobretudo, com a melhoria da saúde da população.

A comunicação da ocorrência por meio da notificação tem sido a estratégia adotada pelo governo brasileiro para recolher informações em saúde, cabe aos profissionais de saúde ou qualquer cidadão realizá-la. Quando reunidas de forma sistematizadas, as notificações passam a compor sistemas de informações próprios, que possibilitam o acompanhamento, das características do fenômeno estudado, quanto à sua distribuição e tendências, qualificando e quantificando o fenômeno.

A notificação compulsória ocorre quando a norma legal obriga que doenças ou agravos sob vigilância epidemiológica sejam comunicados à autoridade sanitária, podendo ser imediata ou semanal.

As doenças de notificação obrigatória são de interesse nacional pelo fato de colocar em risco a saúde das coletividades. A relação das doenças é atualizada de acordo com a situação epidemiológica, conforme a necessidade eventual de monitorar novos agravos (SOUZA; DOMINGUES, 2009). Além da lista nacional, estados e municípios podem incluir questões locais de saúde que considerem importantes (CAETANO, 2009).

O processo da vigilância baseia-se na definição de caso para identificar sujeitos portadores de um agravo de interesse, considerado como notificável pela legislação, com vistas ao monitoramento das condições de saúde de uma determinada população. Definido a partir de um conjunto específico de critérios, a definição de caso compreende critérios ligados à pessoa, espaço, tempo, características clínicas, laboratoriais e epidemiológicas. (TEIXEIRA; PAIM; VILASBOAS, 1998)

Além disso, no que tange à notificação compulsória, há um vocabulário de controle que padroniza termos e conceitos. Dessa forma, agravo, doença, Evento de Saúde Pública (ESP), Notificação Compulsória Imediata (NCI), Notificação Compulsória Semanal (NCS), Notificação Compulsória Negativa e Vigilância Sentinela tiveram seus conceitos estabelecidos na Portaria n.º 204/2016 (BRASIL, 2016a).

A estrutura operacional de vigilância baseia-se na rede de unidades permanentes de saúde, coordenadas pelas secretarias estaduais e municipais de saúde, com autonomia técnico-gerecencial para atuar nas questões de saúde próprias de suas respectivas áreas de abrangência. Ao Estado cabe detectar, organizar e responder a eventos em emergência em saúde pública; promover a redução e o controle das doenças imunopreveníveis, as transmitidas por vetores, transmissíveis e não transmissíveis; apoiar na logística e distribuição de imunobiológicos e insumos estratégicos do Ministério da Saúde; capacitar os profissionais de saúde e subsidiar os municípios no controle de doenças e agravos em seus territórios; e participar na formulação das políticas públicas, planos e programas de saúde a partir da gerência do comportamento de um determinado agravo, estabelecendo prioridades de atuação. Também deve o Estado atuar na coordenação, estruturação e operacionalização do programa de imunização (BAHIA, 2009).

Em termos gerais, são funções da vigilância epidemiológica a coleta de dados; o processamento de dados coletados; a análise e a interpretação dos dados processados; a recomendação das medidas de controle adequadas; a promoção das ações de controle recomendadas; a avaliação da eficácia e efetividade das medidas adotadas; e a divulgação de informações pertinentes (BRASIL, 2002a). Dessa forma, as informações de interesse resultantes devem ser divulgadas regularmente através de um boletim epidemiológico.

Ainda que a dengue, chikungunya e zika sejam as mais prevalentes em nosso território, as ações de vigilância concentram-se na vigilância ativa de todos os agravos de saúde pública (BRASIL, 2017c). Fazem parte do escopo das doenças causadas por arbovírus e monitoradas pela vigilância epidemiológica os casos de febre amarela (A95), febre de Mayaro (CID A93.8 – outras febres virais especificadas transmitidas por artrópodes), a síndrome congênita associada à infecção pelo vírus Zika e a doenças neuroinvasivas por arbovírus. Esta última condensa o espectro de síndromes clínicas resultantes das complicações das infecções por arbovírus sobre o sistema nervoso, são elas: encefalite viral aguda (A86), mielite transversa viral aguda (G05.1), encefalomielite disseminada aguda (G05.8) e síndrome de Guillain-Barré (SGB) (G61.0) (BRASIL, 2017c). Já a síndrome congênita faz parte das ações de vigilância da microcefalia e da Síndrome de Guillain-Barré, ampliada em 2016 a partir das ações de enfrentamento da microcefalia, iniciadas em 2015 (GARCIA, 2018). Lembremos que também são monitorados os tipos de dengue obtidos a partir da conclusão do caso, a saber: dengue com sinais de choque, dengue com sangramento, dengue sem sangramento e a dengue sem sinais de alarme (BRASIL, 2009c). Importante esclarecer que o escopo das ações passou por modificações ao longo do tempo ante a introdução das doenças na lista de notificação compulsória.

As notificações e investigações de casos de doenças devem ser registradas no Sistema de Informações de Agravos de Notificação (SINAN). Contudo, por conta da especificidade de eventos de saúde ligados às arboviroses, outros sistemas nacionais de saúde também são utilizados para registros contínuos:

a) A saúde da gestante, o parto e o recém-nascido são representados por meio do Sistema de Informação sobre Nascidos Vivos (SINASC), o qual é alimentado pelas Declarações de Nascidos Vivos (DNVs) preenchidas na ocasião do nascimento. Na DNV estão descritas todas as anomalias congênitas, únicas ou múltiplas, diagnosticadas por médico, inclusive a microcefalia.

b) As informações de natalidade ligadas aos casos de microcefalia são registradas no Registro de Eventos de Saúde Pública (RESP) desde novembro de 2015. Trata-se de um formulário *online* desenvolvido para facilitar a notificação, a investigação e o acompanhamento dos casos de microcefalia. A definição de caso de microcefalia no RESP é distinta daquela adotada no SINASC.

c) As situações de internamento ficam gravadas no Sistema de Informações Hospitalares (SIH).

d) Os óbitos são cadastrados no Sistema de Informação de Mortalidade (SIM).

As notificações ocorrem a partir das unidades que prestam atendimento ao Sistema Único de Saúde (SUS), bem como daquelas oriundas de hospitais privados e/ou consultórios particulares ou instituições não vinculadas ao Setor Saúde cadastradas no SINAN como fontes de notificação. O SINAN usa a tabela de estabelecimentos de saúde composta pelos códigos cadastrados no Cadastro Nacional de Estabelecimentos de Saúde (CNES) (BRASIL, 2007).

As notificações preenchidas nas unidades de saúde ou resultantes da busca ativa da Vigilância Epidemiológica municipal devem ser digitadas no SINAN, as fichas devem ser encaminhadas aos serviços responsáveis pela informação e/ou vigilância epidemiológica das Secretarias Municipais de Saúde (SMS), as quais devem repassar semanalmente os arquivos para as Secretarias Estaduais de Saúde (SES) (BRASIL, 2007).

Fora estabelecido em eventos epidêmicos que a comunicação do número de casos suspeitos na semana epidemiológica correspondente deveria ser feita por *e-mail*, telefone (local ou nacional) e fax quando a unidade de saúde não fizer uso do sistema SINAN e desprover de acesso à internet, ou não puder recolher diariamente as fichas, ou o número de casos ultrapassar a capacidade de digitação, a fim de informar oportunamente à vigilância epidemiológica da SMS. Deve-se garantir que todos os casos sejam incluídos no SINAN o quanto antes. Essa mesma estratégia pode ser adotada para repasse de informações para os níveis estadual e nacional. Ressalta-se que quadros graves devem ser reportados imediatamente à esfera subsequente (BRASIL, 2009a).

4.3 A Notificação

A relação de doenças de notificação compulsória foi definida inicialmente pela Portaria n.º 5, de 21 de fevereiro de 2006 e sofreu alterações desde então, estando vigente a Portaria n.º 264, de 17 de fevereiro de 2020, do Ministério da Saúde (BRASIL, 2006; 2020b).

A dengue estava presente na primeira relação nacional de notificação compulsória (BRASIL, 2006). Já as variações provocadas pelo vírus foram listadas como de notificação imediata a partir da Portaria n.º 104, de 25 de janeiro de 2011: Dengue com Complicações (DCC), Síndrome do Choque da Dengue (SCD), Febre Hemorrágica da Dengue (FHD), Óbito por Dengue, Dengue pelo sorotipo DENV-4 nos estados sem transmissão endêmica desse sorotipo (BRASIL, 2011a).

Foi a partir da Portaria n.º 2.472, de 31 agosto de 2010, que revogou a de 2006, que a Mayaro e a chikungunya foram classificadas na Lista de Notificação Compulsória Imediata (LNCI), no escopo das doenças conhecidas sem circulação ou com circulação esporádica no território nacional (Revogada pela PRT GM/MS n.º 2.472 de 31.08.2010) (BRASIL, 2010).

Já as doenças decorrentes do vírus Zika foram inseridas na LNCI a partir da publicação do Diário Oficial da União da Portaria n.º 204, de 17 de fevereiro de 2016, pelo Ministério da Saúde. Essa nova portaria determinou a notificação dos casos de doença aguda pelo vírus da zika, doença aguda pelo vírus da zika em gestante e óbito com suspeita de doença pelo vírus da zika, sendo que esses dois últimos são de notificação imediata. Para os outros casos, a notificação deve ser semanal (BRASIL, 2016c).

Assim, diante do Decreto Legislativo n.º 395, publicado em 13 de março de 2009, que aprova o texto revisado do Regulamento Sanitário Internacional, acordado na 58ª Assembleia Geral da Organização Mundial de Saúde, em 23 de maio de 2005; considerando o Decreto n.º 7.616, de 17 de novembro de 2011, que dispõe sobre a declaração de Emergência em Saúde Pública de Importância Nacional (ESPIN) e institui a Força Nacional do Sistema Único de Saúde (FN-SUS); diante da necessidade de padronizar os procedimentos normativos relacionados à notificação compulsória no âmbito do Sistema Único de Saúde (SUS), o quadro das doenças de notificação compulsória, com recorte para as arboviroses, está atualmente assim constituído (BRASIL, 2016a; 2016b; BAHIA, 2011a):

Quadro 3 – Arboviroses de notificação compulsória

Nº	DOENÇA OU AGRAVO (Ordem alfabética)	Periodicidade de notificação			
		Imediata (até 24 horas) para*			Semanal
		Ministério Saúde (MS)	Secretaria Estadual de Saúde (SES)	Secretaria Municipal de Saúde (SMS)	
7	a. Dengue – Casos.	-	-	-	X
	b. Dengue – Óbitos.	X	X	X	
14	a. Doença aguda pelo vírus Zika.	-	-	-	X
	b. Doença aguda pelo vírus Zika em gestante.	-	X	X	-

	c. Óbito com suspeita de doença pelo vírus Zika.	X	X	X	-
19	a. Febre de Chikungunya.	-	-	-	X
	b. Febre de Chikungunya em áreas sem transmissão.	X	X	X	-
	c. Óbito com suspeita de Febre de Chikungunya.	X	X	X	-
20	Febre do Nilo Ocidental e outras arboviroses de importância em saúde pública.	X	X	X	-

Fonte: Adaptado de Brasil (2006)

Ficará então estabelecido que os casos suspeitos de dengue, zika e chikungunya deveriam ser notificados exclusivamente no SINAN, da seguinte forma:

a) os casos suspeitos de Dengue deveriam ser notificados através da Ficha de Investigação de Dengue (FID), padronizada pelo MS a partir de janeiro de 2014, com o CID A90;

b) os casos suspeitos de chikungunya deveriam ser notificados em até 24 horas a partir da suspeita inicial, por meio do código: CID 10 A92.0, a ser preenchida na Ficha de Notificação Individual (FNI) para investigação dengue e febre de chikungunya;

c) os casos suspeitos de zika deveriam ser notificados utilizando a ficha de Ficha de Notificação/Conclusão (FNC/SINAN) por meio do código definido pelo CID 10 A92.8.

4.3.1 O Instrumento de Notificação

O principal documento de coleta de informações para o SINAN é a Ficha de Notificação que, padronizada pelo MS, pode ter versões específicas para determinados agravos de notificação compulsória. Por meio dela são levantadas informações sobre o estabelecimento notificante; os aspectos clínicos e as características socioeconômicas do paciente; os dados do agravo notificado e a conclusão da investigação (BRASIL, 2009a; BRASIL, 2016d).

Assim, a qualidade dos registros vincula-se à adesão à notificação pelo profissional ou serviço de saúde. A falta de retorno da informação técnica pertinente gerada por campos em

branco ou informações incongruentes (como a classificação final indicar diagnóstico clínico, mas o registro constar que houve exame laboratorial), por exemplo, acarreta a baixa qualidade do dado (SOUZA; DOMINGUES, 2009).

Todas as fichas, mesmo as versionadas, armazenam informações que identificam a notificação (número, data, semana), a localidade (código do município, nome do município) e o paciente, bem como devem informar o diagnóstico e a evolução da doença. O número (da notificação), data de notificação e município de notificação são os campos-chave e de preenchimento obrigatório. A data dos primeiros sintomas, o nome do paciente, a idade e o município (UF/País) de residência também são de preenchimento obrigatório (BRASIL, 2009a).

Os dados são organizados dentro de uma hierarquia de categorias que capturam e quantificam informações de notificação, clínicas e de comorbidades; e demográficas. É a partir de um ou mais dados combinados que o padrão é inferido.

Se a Ficha de Notificação registra o acontecimento (a doença), as variáveis derivadas dela capturam partições do padrão percebido. Quando essas informações são reunidas, os registros passam a compor um sistema de informação próprio que possibilita o acompanhamento das características do fenômeno estudado de forma mais ampla (SOUZA, DOMINGUES, 2009).

4.4 Aspectos e Constituição da Vigilância na Bahia

O processo de construção de ações de vigilância e planejamento em saúde estadual e, principalmente municipal, precisou superar a carência histórica de infraestrutura de serviços públicos de saúde (TEIXEIRA, 2010, p. 100).

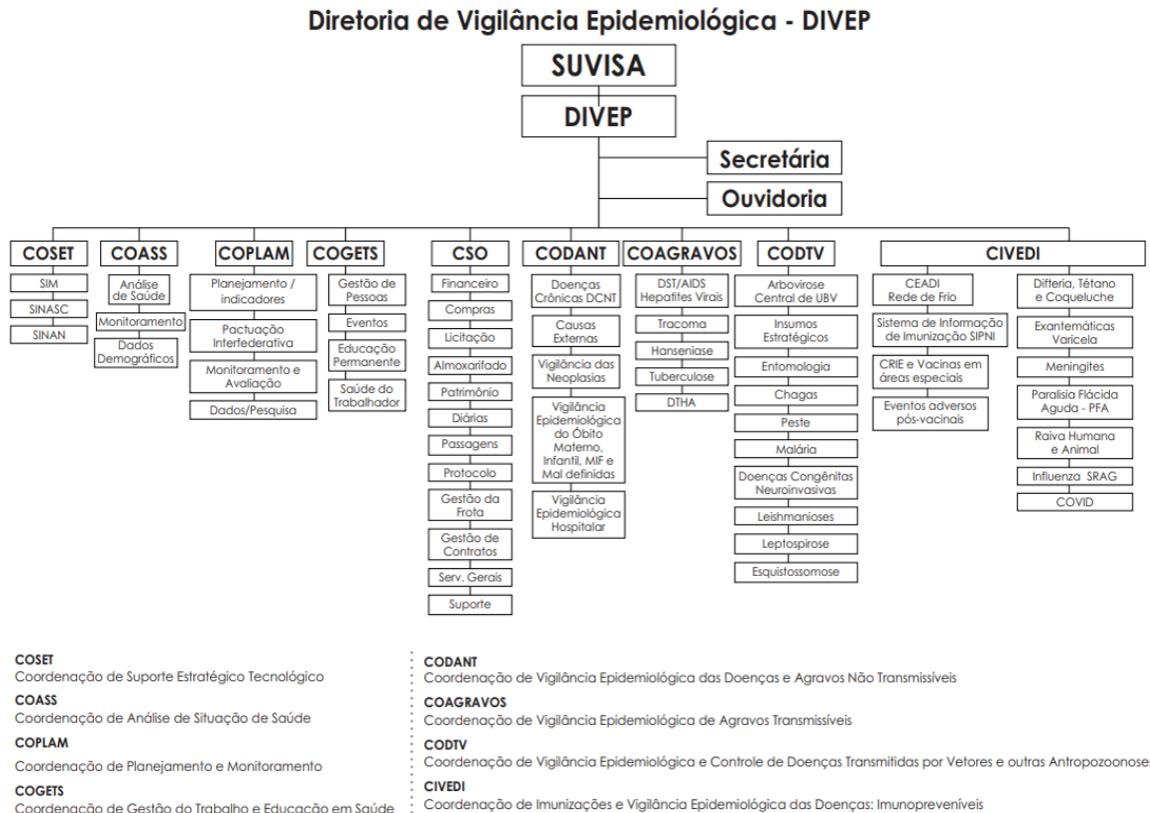
O processo de municipalização, na medida em que venha a significar uma efetiva redefinição de funções e competências entre os níveis de governo do SUS, implica a constituição de sistemas municipais de saúde, nos quais se pode identificar o modelo de gestão e de atenção à saúde ou modelo assistencial. Antes do SUS e especificamente antes da implementação da NOB 001/93, não se poderia considerar que os municípios brasileiros tivessem sistemas municipais. Os municípios tinham serviços de saúde municipais, porém não tinham capacidade de gestão do conjunto das instituições e unidades de prestação de serviços de saúde localizadas em seus territórios (TEIXEIRA; PAIM; VILASBOAS, 1998, p. 9).

Houve necessidade de preparação para a administração da saúde e dos recursos repassados para seu financiamento. Nesse sentido, o processo envolveu troca de experiências e ações para a construção de um modelo assistencial coerente com a problemática de cada município segundo sua disponibilidade de recursos e capacidade gestora (TEIXEIRA; PAIM; VILAS BOAS, 1998). O planejamento e organização da saúde passou a ser mediada pela análise situacional dos espaços de implementação de redes assistenciais, que atualmente se definem como Núcleos Regionais de Saúde (NRS), face à estrutura, organização do serviço de saúde e perfil epidemiológico.

Em termos práticos, a vigilância atual resulta de ações contínuas de monitoramento, interferência e atuação entre diferentes atores, equipes e Sistemas de Informações em Saúde (SIS). Especificamente das arboviroses, ocorre sob a responsabilidade da Diretoria de Vigilância Epidemiológica através da Coordenação de Doenças Transmitidas por Vetores e outras Antropozoonoses (CODTV) (BAHIA, 2009).

À CODTV cabe atender à demanda por informação (dados, esclarecimentos, justificativas, parecer técnico) relativa às doenças e agravos específicos dessa coordenação, oriunda das Regionais de Saúde, dos municípios, bem como de gestores e autoridades do executivo, do legislativo e do judiciário, nas três esferas de governo, inclusive órgãos de controle e auditoria internos e externos (Figura 4).

Figura 4 – Organograma da vigilância epidemiológica das arboviroses da SESAB



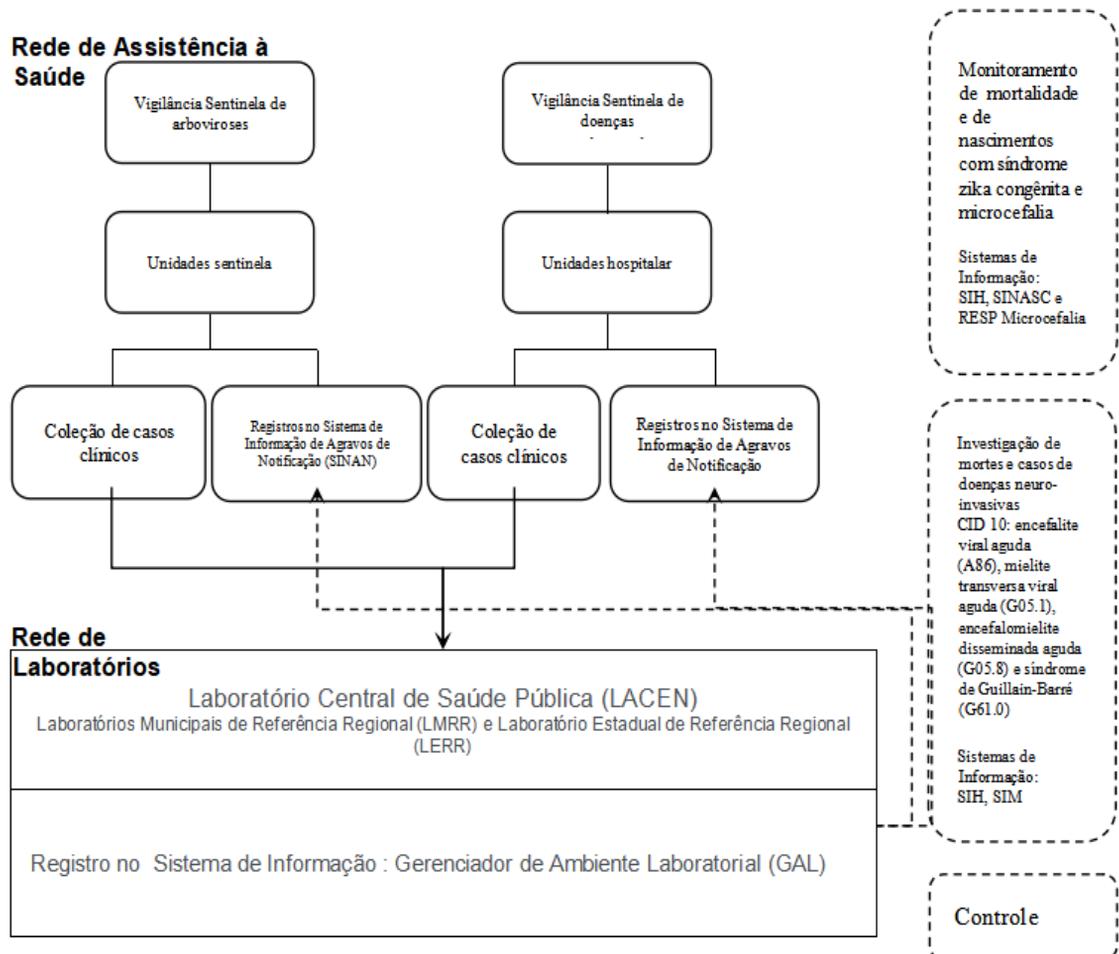
Fonte: BAHIA (2009)

As ações de vigilância seguem a orientação de ação multissetorial. É necessário buscar a articulação da vigilância epidemiológica e da entomológica integradas com a rede assistencial de saúde e a rede laboratorial (BRASIL, 2009c; 2017c). Com essa formação, as informações têm que se retroalimentar entre os envolvidos, em processo que consiste em informar o número total de casos residentes na localidade, da faixa etária, de resultados sorológicos, dos óbitos e do índice de infestação predial da área, dentre outras informações. Dessa forma, o estabelecimento de protocolos, normatizações e controles são instrumentos de construção da rede de monitoramento.

A partir dessa articulação é que se organiza o trabalho dos Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e Agentes de Controle de Endemias (ACE) para a vistoria sistemática dos domicílios e peridomicílios para controle vetorial (e definição de necessidade de utilização de larvicida). O resultado das visitas compõe o índice entomológico (Levantamento Rápido de Índices para *Aedes Aegypti* – LIRAA). Ante a presença ou não do vetor *Aedes aegypti* ou *Aedes albopictus*, os municípios são categorizados como municípios infestados, aqueles com

disseminação e manutenção do vetor nos domicílios (Estrato I) e municípios não infestados (Estrato II) (BRASIL, 2009c).

Figura 5 – Fluxograma do Sistema de Vigilância



Fonte: Adaptação própria a partir de Brasil (2009a).

O território baiano é dividido em 28 (vinte e oito) regiões de saúde, organizados em 9 (nove) Núcleos Regionais de Saúde: Norte, Nordeste, Leste, Sul, Extremo Sul, Sudoeste, Oeste, Centro Norte e Centro Leste. Conta ainda com 18.647 estabelecimentos de saúde cadastrados no CNES (Cadastro Nacional de Estabelecimentos de Saúde) e uma Rede Estadual de Laboratórios de Saúde Pública (RELSP), composta ao todo por 27 (vinte e sete) laboratórios que complementam o diagnóstico de confirmação de casos e, muitas vezes, serve como fonte de conhecimentos de casos não notificados (BAHIA, 2017).

Os laboratórios organizam-se quanto à gestão (estadual-centralizada, ou compartilhada entre estado e município-descentralizada) e quanto ao tipo de vigilância (Epidemiológica, Saúde Ambiental, Entomológica, Sanitária, Saúde do Trabalhador) (BAHIA, 2017).

Compõem a rede de vigilância epidemiológica 13 (doze) laboratórios descentralizados, sendo 11 (onze) Laboratórios Municipais de Referência Regional (LMRR), com gestão compartilhada entre estado e município, localizados nos municípios-sede de Regiões de Saúde e 1 (um) Laboratório Estadual de Referência Regional (LERR), localizado em Jequié, sob a gestão estadual (BAHIA, 2017), além do próprio LACEN unidade sede. A sorologia para as arboviroses é realizada nesses laboratórios. Conta-se também com 14 (quatorze) laboratórios dedicados apenas a análise de água.

Os dados laboratoriais se comunicam em rede por meio do seu próprio sistema de informação: o Sistema Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL). O GAL responde pela gerência do laboratório. Implantado em todo o estado (nas unidades encaminhadoras de amostras e nos LMRR e LERR), e acessado pelas Vigilâncias em Saúde Municipais e Estaduais, Coordenadorias Regionais de Saúde, Laboratórios Locais e outras Unidades de Saúde. O GAL não tem interligação com nenhum outro sistema de informação da vigilância em saúde (BAHIA, 2017).

4.4.1 A Regionalização da Saúde

A estratégia da regionalização da gestão de saúde, no escopo do SUS, organiza os serviços de saúde com vistas a torná-los mais eficientes e eficazes. Em relação ao entendimento e organização do espaço social, demanda ajustes de responsabilidade e controle entre o estado e seus municípios. Inicialmente, essa diretriz ao deslocar o poder decisório para o município resulta em descentralização, ao longo do tempo a chamada para um modelo assistencial de saúde coordenado pelas Secretarias Estaduais (SES) centraliza o processo a partir da concepção operacional de regiões administrativas e sanitárias, de maior grau de autonomia e maior resolutividade, que agregam pequenos municípios em torno de municípios “polos” capazes de assumir uma gestão em termos municipais, articuladas atualmente como Núcleos Regionais de Saúde (NRS) (antiga macro e microrregião).

Articulações em torno de uma gestão descentralizada no que diz respeito às responsabilidades e normatizações atreladas ao repasse de verbas e financiamento da saúde

municipal, que recaem sobre os municípios (SMS); e da centralização do controle, medições e responsabilidades de operacionalização que ocorre sob a égide dos estados a partir das regionais de saúde, que operam no âmbito de uma rede integrada, impactam na gestão da captação de dados.

As regiões de saúde, constituídas a partir das “características epidemiológicas de determinada população vivendo em determinado espaço e tempo” (DUARTE *et al.*, 2015, p. 477) e seus Núcleos Regionais de Saúde, adquirem papel central na vigilância no que diz respeito à gestão do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), seja a partir da percepção de uma análise situacional do território para uma gestão racional dos recursos de saúde, seja na percepção de suporte de infraestrutura aos municípios carentes de aporte tecnológico. A escolha de um município “polo” para referenciar as ações acaba sendo estratégia para dar conta das limitações conjunturais e estruturais da região, contudo isto deixa em segundo plano os limites e desigualdades que as secretarias municipais têm em aderir e usar esse sistema de informação, e em como isso impacta na coleta e acurácia no levantamento das informações.

A ação de centralização e descentralização influenciou a implantação e administração dos Sistemas de Informação em Saúde, o qual adquire novos contornos à medida que o processo de gestão de saúde amadurece.

Nessas condições, o envio de verbas para a saúde pauta-se tanto pela avaliação da qualidade técnica do sistema, e diante da capacidade do município de usar o SINAN no que compete à manutenção da qualidade da base de dados, quanto na avaliação de indicadores de saúde, para perspectiva de diagnóstico. Tem-se como exemplo a pactuação interfederativa de indicadores (SISPACTO, Pacto pela Saúde), que coloca como uma das prioridades o fortalecimento da capacidade de respostas ao combate à dengue no que se relaciona com a redução da letalidade dos casos de dengue grave (Febre Hemorrágica da Dengue, Síndrome do Choque da Dengue e Dengue com Complicações) (BRASIL, 2011c). Pelo Programa de Qualificação das Ações de Vigilância em Saúde (PQAVS) que tanto avalia a regularidade na alimentação do SINAN quanto à cobertura de imóveis visitados para controle vetorial da dengue, através do Sistema de Informação de Localidades (SISLOC) (BRASIL, 2013).

Esses indicadores traçam a relação existente entre os esforços do governo em superar as dificuldades na assistência do sistema de saúde brasileiro, através da definição de prioridades sanitárias, com vistas a atender às necessidades de saúde da população, e à capacidade dos estados (SES) e municípios (SMS) em cumprir as metas estabelecidas pelos indicadores, constando assim no Plano Plurianual de Saúde local.

5 MODELO DE REGRESSÃO BINOMIAL NEGATIVA

Na estatística, as contagens são observações que têm valores inteiros não negativos e que variam de zero a algum valor indeterminado superior, em geral o valor máximo dos dados a ser modelado. Pode-se entender como dados de contagem a taxa de ocorrência de eventos que ocorrem dentro (ou ao longo) de um período de tempo (HILBE, 2014, p. 2). Segundo López-Vásquez (2016), trata-se de variáveis que são discretas e não negativas.

Dados utilizados em análises trazem em si informações estruturais ou contextuais associadas resultantes do processo de coleta e seleção. Esses *biases* devem ser levados em consideração no processo da busca de um padrão que possibilite a sua interpretação. O que requer considerar que há um elemento de variação (variação inexplicada ou aleatória) presente ao longo da trajetória deste dado. O processo de seleção do modelo estatístico mais ajustado requer considerar qual consegue lidar melhor com a variabilidade da amostra, considerando que ele contém os efeitos sistemáticos e efeitos aleatórios (MCGULLAGH; NELDER, 1989 p. 3).

Estudos de eventos raros, por exemplo, têm feito uso da distribuição de Poisson. Já a análise de proporções ou taxas, recorre a distribuição de Bernoulli, a distribuição binomial e a binomial negativa (MCGULLAGH, NELDER, 1989 p. 3).

A distribuição binomial negativa apresenta uma importante propriedade, uma vez que, no processo de inferência, essa distribuição consegue tratar de forma eficiente a influência da variabilidade nos dados. Inicialmente divulgada em 1714 por Pierre Remond de Montmort (1678-1719), quando estudava jogos de azar e foi reconhecida através dos trabalhos de Blaise Pascal (1623-1662) (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016).). Derivada de uma combinação entre as distribuições Poisson e gama, o processo de mistura são observações distribuídas como uma distribuição de Poisson, mas um componente de heterogeneidade que segue uma distribuição gama. É um “modelo conveniente para lidar com alguns processos nos quais uma tentativa ou teste explícita é repetida até que um certo número de resultados favoráveis seja obtido (pela primeira vez)” (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.33).

O modelo de Regressão Binomial Negativa é apresentado como uma alternativa ao modelo de Regressão de Poisson para modelar o número de ocorrências de um determinado evento, pois, não impõe o pressuposto de igualdade entre as médias e variâncias quando há superdispersão entre os dados (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.15).

Diante disso, Nelder e Wedderburn, em 1972, propuseram os modelos lineares generalizados (MLGs) como alternativa de modelagem de dados de contagem com distribuição não linear (LINDSEY, 1997). Eles adicionam a possibilidade de modelar variáveis de resposta contínuas ou categóricas cuja distribuição foge à normalidade (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016). Por incorporarem uma função capaz de atribuir normalidade a fenômenos aleatórios (HILBE, 2014). Esses modelos para respostas na forma de contagem têm sido aplicados nos estudos epidemiológicos e de saúde (MCGULLAGH; NELDER, 1989).

Os modelos para distribuição Poisson e de regressão binomial negativo são os modelos mais citados para dados de contagem pertencentes a família de Modelos Lineares Generalizados (MLG) (MCGULLAGH; NELDER, 1989). No entanto é importante salientar que o modelo binomial negativo só pode ser considerado membro da família exponencial quando seu parâmetro de heterogeneidade for constante (HILBE, 2014).

5.2 Superdispersão

A distribuição binomial negativa aparece em dados super dispersos. A superdispersão é o problema mais difundido na análise de dados e limita o uso do modelo clássico de regressão Poisson. (HILBE, 2014).

Poisson segue o princípio da equidade de dispersão (equidispersão), ou seja, o parâmetro de dispersão ϕ (*phi*) deve ser fixo e conhecido. Quando a variância de um modelo de Poisson excede sua média, o modelo é denominado superdisperso. Segundo Hilbe, a superdispersão evidencia-se quando o Pearson X^2 é maior que 1. A estatística de dispersão é definida como o Pearson X^2 / gl dividido pelos graus de liberdade residuais do modelo. (HILBE, 2014, p.37; LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.33).

A dispersão depende do campo de aplicação e da estrutura dos dados, são os efeitos não observáveis (efeito randômico). A superdispersão pode ocorrer quando o grupo não é homogêneo, de forma que o μ é diferente para diferentes membros – fenômeno conhecido como propensão. Outro caso de superdispersão apresenta-se quando cada elemento do grupo inicia com o mesmo parâmetro médio, mas estes evoluem à medida que a contagem avança (de forma correlacionada). Trata-se de uma perspectiva clusterizada em que cada evento contribui randomicamente e apenas o tempo do primeiro evento é controlado. Caracteriza-se como o último caso, por exemplo, o processo de contágio e como o primeiro caso, o estudo

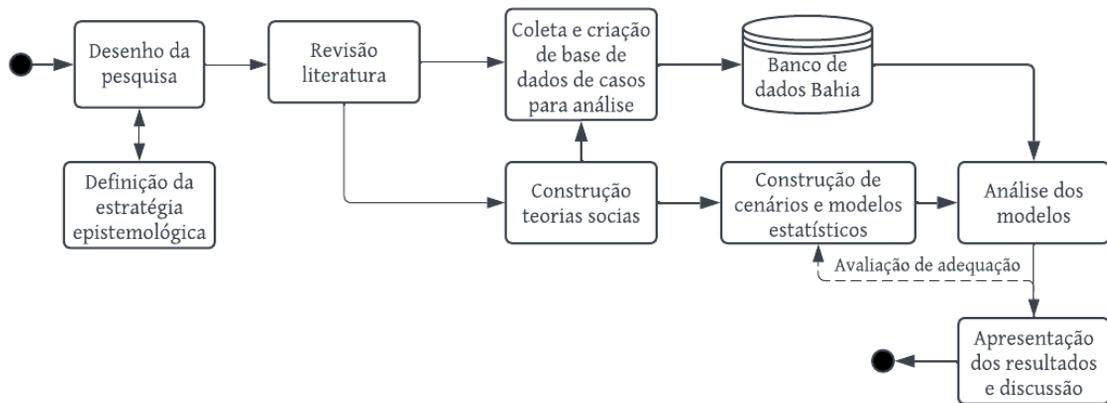
sobre propensão de acidente. A coleta feita de ambientes de características distintas (famílias, bairros) são exemplos comuns de aglomerados de ocorrência natural em populações (LINDSEY, 2022 p.37; MCGULLAGH; NELDER, 1989). Mcgullagh e Nelder (1989 p.199) sinalizam a presença, nos dois cenários acima, de um fator *gamma* de distribuição (Γ) associado à distribuição de Poisson.

Outras informações sobre as características de uma binomial negativa podem ser encontradas no Apêndice A.

6 METODOLOGIA

Este projeto caracteriza-se como uma pesquisa qualiquantitativa, cujo caminhar metodológico envolveu oito processos, conforme a Figura 6.

Figura 6 – Processos da metodologia



Fonte: Elaboração própria (2022).

6.1. Desenho da pesquisa

Tendo o estado da Bahia como cenário analítico, a pesquisa que tem por objetivo identificar fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos de regressão binomial negativo delineados a partir da frequência anual de casos por municípios, foi desenhada com duas perspectivas com intuito de satisfazer esse objetivo. Ela seria pautada tanto pela análise de dados quanto pela fundamentação teórica que consubstanciariam as teorias explicativas e delineadoras das decisões direcionadoras da análise.

Ressalta-se que eticamente, por utilizar exclusivamente dados agregados de acesso público, não foi necessária a apreciação do Comitê de Ética em Pesquisa. E academicamente, o estudo ocorre no escopo da linha 02 – Difusão do Conhecimento – Informação, Comunicação e Gestão.

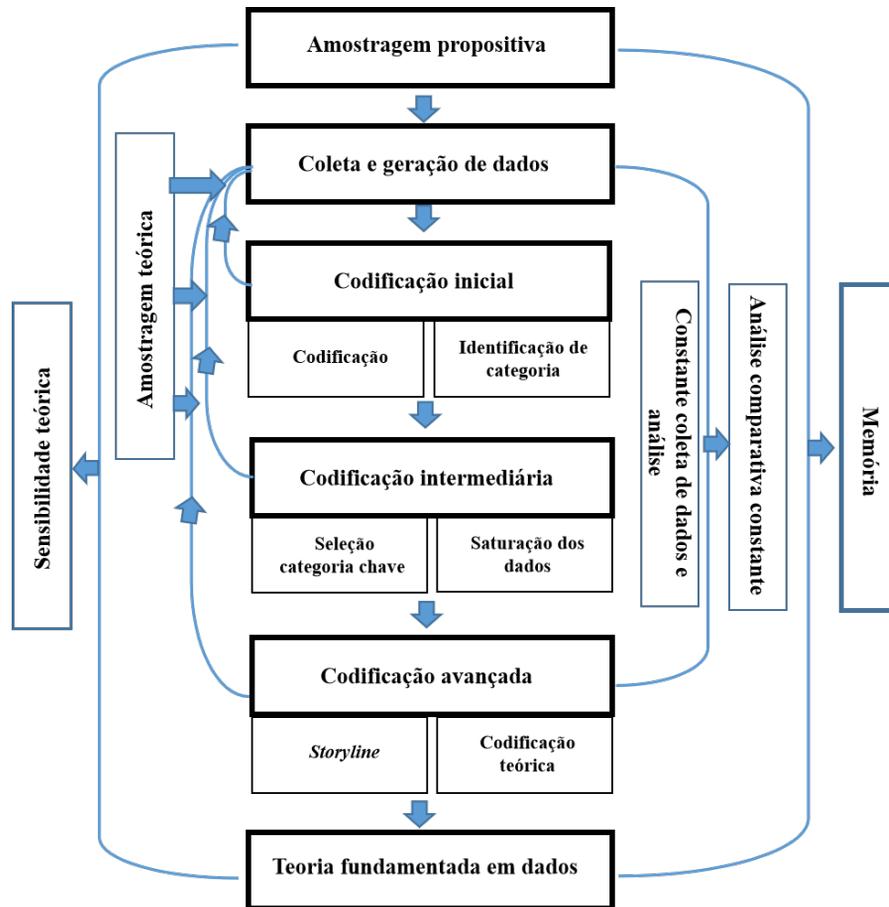
6.2. Definição da estratégia epistemológica

Definiu-se que a orientação epistemológica seria pautada pela Teoria Fundamentada em Dados (TFD) (GLASER; STRAUSS, 1967), ela que orientou os rumos da pesquisa e retroalimentou o delineamento do desenho da pesquisa, conforme será exposto na seção 6.2.2.

6.2.1. A Teoria Fundamentada em Dados

Proposta pelos sociólogos americanos Barney Glaser e Anselm Strauss (1967), a “*grounded theory*” ou a Teoria Fundamentada nos Dados (TFD) é uma metodologia estruturada e flexível, cujo objetivo é produzir ou construir uma teoria explicativa a partir de dados por meio de um conjunto de hipóteses conceituais integradas sistematicamente, gerado para produzir uma teoria indutiva (GLASER; STRAUSS, 1967). Ainda que o processo de experimentação pela teoria tenha aspectos positivistas, a teoria fundamentada é interacionista, recursiva e não linear. Em termos práticos, a TFD provê algumas etapas de execução resumidas aqui na estrutura de *design* proposta por Chun Tie, Birks e Francis (2019), Figura 7.

Figura 7 – Visão da interação entre os métodos e processos da Teoria Fundamentada



Fonte: Chun Tie, Birks e Francis (2019)

a) Amostragem propositiva: O processo começa com a montagem de uma amostragem propositiva em que os dados iniciais são coletados de forma direcionada, a partir de fontes de dados que poderiam responder à pergunta da pesquisa.

A amostragem simulada, então, começa a partir das categorias e fatores coletados desde o primeiro conjunto de dados. A amostragem teórica é usada para parametrizar, identificar e seguir pistas da análise, bem como prover suporte interpretativo à medida que o estudo avança. O modelo de simulação prevê a possibilidade de haver a necessidade de modelar e/ou recodificar os dados segundo princípios da boa administração de base de dados e da política de informação.

b) Análise comparativa constante: Os dados iniciais coletados passam por uma análise comparativa constante, momento em que são examinados, em que hipóteses geradas são provadas ou refutadas, em que falhas e ajustes são considerados no processo de agrupamento de dados em categoria e de codificação do dado e da adequação à análise.

Processo de comparação ocorre a cada etapa entre dados novos e dados anteriores de forma iterativa, indutiva e dedutiva, a fim de levantar consistências e diferenças e de refinar continuamente conceitos e categorias teoricamente relevantes. Como pontuam Chun Tie, Birks e Francis (2019), a relação entre a amostra teórica com a análise comparativa tanto incrementa os níveis conceituais da análise de dados quanto direciona a coleta contínua de dados. Caracteriza a relação, na perspectiva de macroprocesso, o memorando: a escrita e documentação das ideias ao longo da trajetória (*roadmap*) de análise. As notas analíticas com informes sobre decisões, códigos, validações, inconsistências, correções, descobertas.

c) A coleta e geração de dados: A coleta de dados é, então, um processo orientado. E pode permear todas as etapas do processo visto que poderá haver necessidade de novas coletas e ajuste de dados.

d) Codificação: A interação com os dados amplia a percepção de valores, possibilidades de conceitos e criação de códigos e classificações que evolui e refina à medida que as investigações avançam.

e) Sensibilidade teórica: Para Glaser e Strauss a sensibilidade teórica é alcançada quando um segmento de dados é selecionado a partir da sua importância e significância para conformação teórica.

f) A teoria fundamentada: Trata-se da teoria final refinada gerada a partir das simulações, testes e validações apropriadas no escopo da análise, e traz a explicação sistematizada das relações entre variáveis que tentam explicar o fenômeno.

6.2.2. Aplicação do TFD no desenho da pesquisa

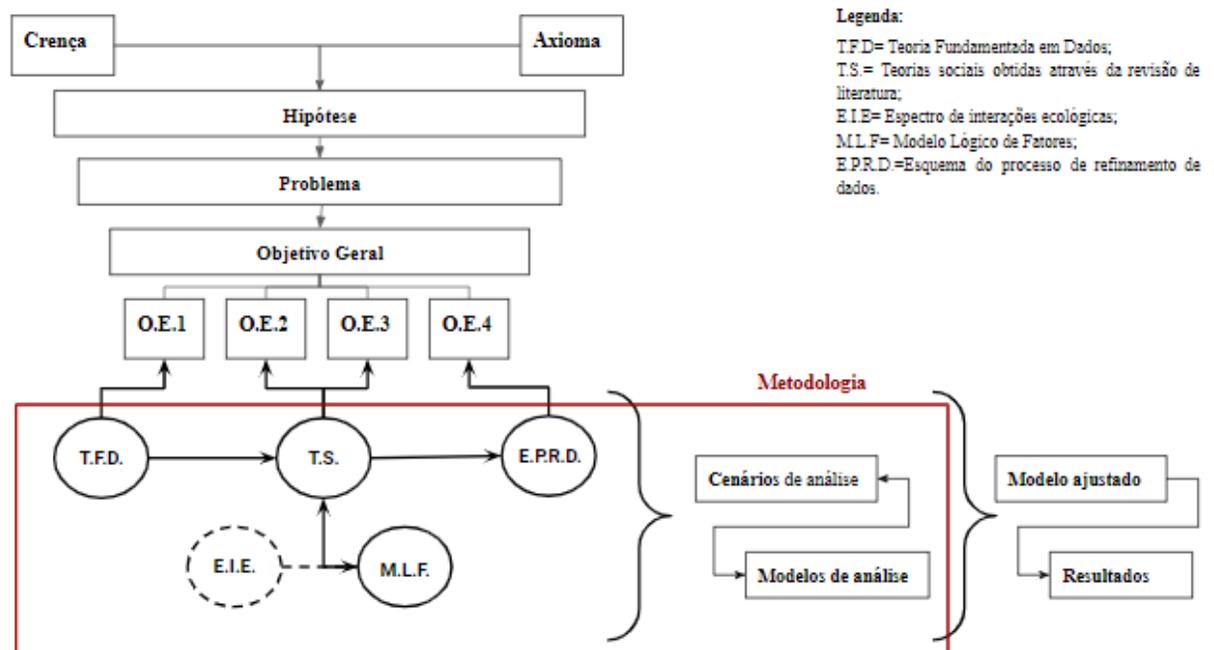
Ajustada à pesquisa, a primeira perspectiva trazida pela TFD volta-se à criação da amostragem propositiva e a coleta e geração de dados, conforme indica a Figura 7. O primeiro passo para tal adveio da criação da amostra teórica voltada para a) revisar a taxonomia das arboviroses, prover orientação acerca dos fatores de sua ocorrência bem como indicar os modelos analíticos utilizados para representar a sua difusão e transmissão e b) direcionar a seleção daqueles dados mais ajustados aos fatores selecionados. O passo seguinte envolveu a coleta e criação de base amostral de casos que foi utilizada como fonte para executar os modelos estatísticos de regressão binomial negativa.

O segundo caminho é o da codificação, no qual cenários e modelos estatísticos são testados e saturados até que os resultados se mostrem e se conformem em uma possível teoria refinada e direcionada a responder à questão problema (Figura 8).

Fruto do processo de revisão de literatura, delineou-se a importância para a tese do espectro de interações ecológicas proposto por Ellis e Wilcox (2009), que adaptado consubstanciou o Modelo Lógico de Fatores. Esse modelo norteou as decisões sobre a escolha dos dados mais adequados e influenciou o alcance dos objetivos específicos 2 e 3. Uma vez selecionados, os dados sofreram um processo de refinamento necessário para formarem a base de casos (Objetivo Específico 4) utilizada na análise.

Na Figura 8 temos a visão avançada da pesquisa.

Figura 8 – Framework ampliado da pesquisa



Fonte: Elaboração própria (2022).

6.3. Revisão da literatura

6.3.1. Amostragem propositiva sobre a taxonomia das arboviroses

A construção do conhecimento teórico sobre as arboviroses, aqui delineada como a taxonomia das arboviroses, envolveu buscar teorias e direcionamentos sobre as arboviroses que foram utilizadas para direcionar a abordagem dos Capítulos 2 e 5. O objetivo foi organizar

as ideias em relação ao domínio do conhecimento associado às Infecções por Arbovírus ou Arboviroses, termo utilizado como conceito principal do trabalho. Conforme abordado na introdução, essa pesquisa incorpora o vocabulário controlado proposto pelo *thesaurus* de Descritores em Ciências da Saúde/*Medical Subject Headings* - DeCS/MeSH para referenciar as arboviroses aqui estudadas.

A busca da literatura publicada concentrou-se na base *Web of Science* e *Google Scholar*. O *Web of Science* (WOS) concentra produções que também estão disponíveis no *Scopus*, *Scielo* e MEDLINE, que alimenta a base de literatura biomédica da PubMed. Já o *Google Scholar* possibilitou coletar textos e publicações oriundos de repositórios universitários brasileiros. Estratégia para coletar um amplo volume de dados da literatura.

Nesse sentido, a busca foi mediada pelos termos do Quadro 4 abaixo e aplicada para selecionar informações a partir do título, resumo ou palavras-chaves. Especificamente para o WOS fez uso da query aplicada ao “*TITLE-ABS-KEY*” e para o *Google Scholar*, usou-se a pesquisa avançada como os termos aplicados apenas no título. Teses, dissertações e artigos foram as publicações selecionadas que poderiam ser escritas em língua inglesa e portuguesa. Os seguintes termos (derivados do DeCS/MeSH) compuseram a *string* das pesquisas:

Quadro 4 – Termos utilizados na pesquisa bibliográfica.

String principal	String secundária
Infecções por Arbovírus ou Arbovírus Infections ou Arbovirose ou Arboviroses	Dengue ou Febre da Dengue ou Dengue fever ou Infecção pelo Vírus da Dengue ou Dengue Virus Infection ou DENV
	Chikungunya ou Chicungunha ou Febre de Chikungunya ou Chikungunya Fever ou Infecção pelo Vírus Chikungunya ou Chikungunya Infection ou CHIK
	Zika ou Infecção por Zika vírus ou Zika 76írus Infection ou Doença pelo Vírus Zika ou Zika Virus Disease ou zkv ou zikv

Fonte: Elaboração própria (2022).

A busca resultou em um total de 7.024 obras que foram organizadas no gerenciador de referências *Mendeley* e passaram por um processo de limpeza e classificação.

Grosso modo, os estudos coletados enveredam pelos seguintes temas: 1) influência dos fatores ambientais e vetoriais; 2) virologia e sorologia; 3) Clínica da doença; 4) Interações humanas; 5) Genética do vírus e 6) Saúde e vigilância (MARTINS, 2016).

Neste sentido, 38 obras foram direcionadas a revisão dos fatores e técnicas utilizadas para a análise das arbovirose, destas 9 obras problematizam a partir de cenários de circulação simultânea.

Para abordar o aspecto histórico e social de conformação da vigilância de saúde e epidemiológica e da trajetória das arbovirose no contexto brasileiro e baiano, 16 obras foram selecionadas. Além delas, a revisão desses dois aspectos precisou recorrer a documentos técnicos e científicos produzidos, em sua maioria, pelo poder público ou por agentes, nacionais ou internacionais, que regulamentam e fiscalizam a vigilância, como a Organização Mundial de Saúde e a Organização Pan-Americana de Saúde. Foram consultados Manuais, Notas Técnicas, Relatórios e Livros.

Já para o método estatístico, recorreu-se a publicações de três autores clássicos e a dois estudos práticos. Essas referências foram obtidas a partir da consultoria estatística da Prof^a. Dr^a. Magali Teresópolis que além do apoio para organizar as variáveis, executar os testes e garantir os pressupostos para execução e validação do modelo binomial negativo, indicou as referências bibliográficas utilizadas neste trabalho.

6.4. Construções das teorias sociais

A coleta teórica sobre os aspectos que impactam nas arbovirose direcionou tanto a composição do quadro de fatores (Quadro 2), como trouxe a perspectiva do contexto ecológico de Ellis e Wilcox (2009) e um modelo de organização das variáveis em categorias analíticas, aqui tratadas como fatores. Fator é entendido como uma representação de um domínio temático que em uma base de dados é contabilizado através de variáveis. Foi determinado que algumas variáveis explicativas podem ser representativas da seguinte abordagem: elas exprimem fatores ecológicos que podem de alguma forma influenciar a taxa de ocorrência de arbovirose. Isso incluiu a gama de variáveis coletadas, além daquelas criadas para o fim de análise.

A revisão de literatura também introduziu a necessidade de se considerar as particularidades dos contextos de circulação simultânea quanto dos contextos de circulação de cada arbovirose.

O passo seguinte envolveu verificar a disponibilidade desses fatores para o cenário baiano. De forma geral, buscava-se estabelecer as categorias mais ajustadas ao lócus de pesquisa e as possíveis fontes de dados capazes de suprir as categorias propostas e prover variáveis válidas para análise.

6.5 Coleta e criação de base de dados de casos para análise

6.5.1 A linguagem R e o ambiente de desenvolvimento integrado Rstudio

Todo o processo relacionado a manipulação e tratamento de dados, bem como o da análise estatística, foi realizado através da linguagem de programação R (*R Foundation For Statistical Computing*), versão 4.2.2 (2020-02-29).

R é uma linguagem para cálculos estatísticos e gráficos de acesso livre. Implementada no início dos anos 1990 para computação estatística por dois professores da Universidade de Auckland, Robert Gentleman e Ross Ihaka (IHAKA, 1998), a ferramenta tem sido utilizada para análises estatísticas e análise de dados.

É através de pacotes, ou bibliotecas para determinadas funções, disponíveis na rede de distribuição do R (em inglês CRAN), que foi possível aplicar as principais técnicas de manipulação e análise estatísticas e gráficas (IHAKA, 1998). Os principais pacotes utilizados no trabalho estão descritos no Quadro 5 abaixo.

Quadro 5 – Principais pacotes utilizados na pesquisa

data.table, data.frame	fornece uma versão de alto desempenho para lidar com base de dados
Magrittr	Fornecer operador <i>pipe</i> (%>%) para manipulação de datasets.
tidyverse: dplyr, ggplot2, readr, stringr	Manipulação de dados: manipulação de dados, visualização de dados, leitura de bases de dados retangulares de arquivos delimitados, manipular strings.
Openxlsx	
Summarytools	Conjunto de funções para exploração de dados e relatórios simples
Corrplot	Ferramenta exploratória para matriz de correlação
MASS	Ajustar modelo binomial negativo
ERA	Teste de dispersão para modelo Poisson
Effects	Auxilia a interpretação dos resultados de efeito para modelos lineares, linear generalizados e outros modelos

jtools, huxtable, texreg	Análise e apresentação de dados científicos sociais, criar tabelas LaTeX e HTML, e converter saída de regressão para uma tabela LaTeX, respectivamente.
--------------------------	---

Fonte: Elaboração própria (2022).

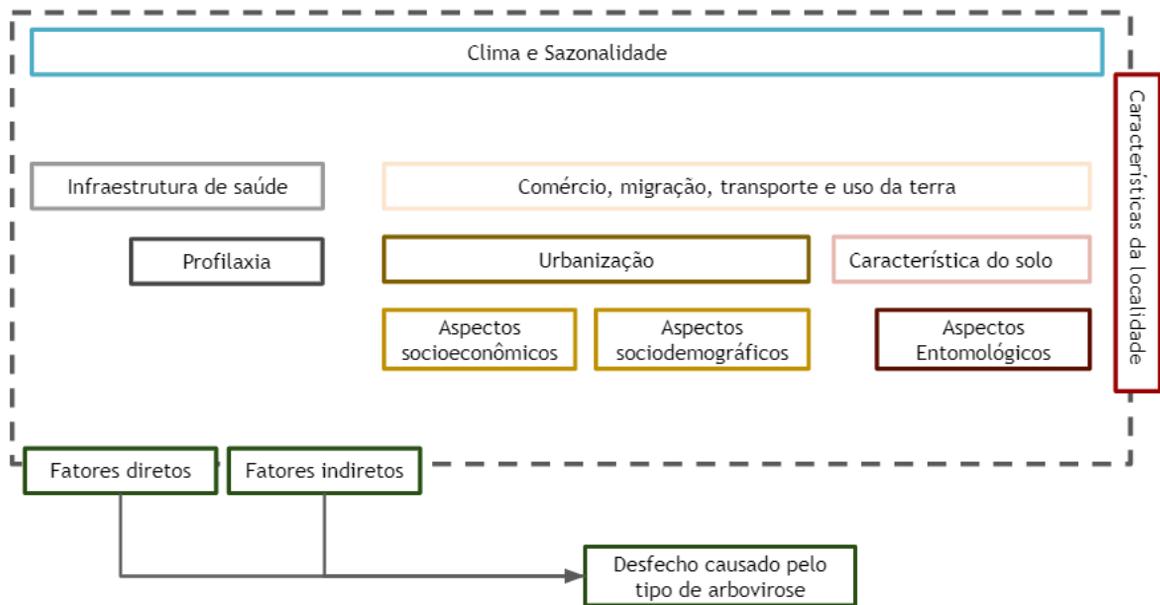
Neste trabalho toda a codificação e uso da linguagem R foi realizada através do ambiente de desenvolvimento integrado (IDE) para R chamada RStudio.

6.5.2 Dados

No Brasil, os casos de arboviroses são registrados no SINAN, como visto no Capítulo 4, trata-se da principal fonte de dados de controle e vigilância. Os dados contidos nesta base representam informações sobre casos classificados como confirmados e suspeitos, e os casos registrados como autóctones, bem como identificam os municípios e ano de ocorrência. No entanto, como o interesse reside em identificar os fatores ecológicos associados à ocorrência de casos fora necessário expandir a coleta de informações em fontes de dados complementares de forma a inserir variáveis ou indicadores que representassem fatores ecológicos.

Seguindo a abordagem de Ellis e Wilcox (2009), que propuseram um espectro de interações ecológicas associadas à transmissão de doenças transmitidas por vetores, perspectiva considerada como referência para este trabalho, delineou-se um modelo lógico de fatores capazes de impactar nos casos locais de arbovirose e possíveis de serem encontradas para o cenário baiano. O modelo lógico da Figura 9 resume e evidencia os fatores que nortearam o processo de seleção de variáveis.

Figura 9 – Modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de arboviroses



Fonte: Adaptado de Ellis e Wilcox (2009)

Entendia-se que os fatores propostos por Ellis e Wilcox estavam ligados a uma localidade visto que o foco estava nos vínculos indissociáveis entre os humanos e os ambientes biofísicos, sociais e econômicos e o impacto desse vínculo na saúde (ELLIS; WILCOX, 2009, p.155). Neste sentido, considerou-se que os municípios baianos, unidades de análise, deveriam ser avaliados a partir de suas determinadas características. Características dimensionadas por meio de fatores agrupados e organizados segundo um espectro de influência entre si (aspecto que será explicado mais detalhadamente no Capítulo 9).

Para abordar tais fatores, fontes de dados com diferentes indicadores foram segmentadas em: clima e sazonalidade; infraestrutura de saúde; profilaxia, ou seja, ações de combate e prevenção das arboviroses; comércio, migração, transporte e uso da terra; urbanização; informações socioeconômicas e sociodemográficas; características do solo e aspectos entomológicos. Fatores listados que podem impactar direta ou indiretamente no desfecho causado por cada arbovirose.

O processo de escolha dessas fontes foi norteado, principalmente, pela data de atualização das informações. O período analisado está entre 2016 e 2019. Marco temporal necessário para incorporar a mudança na estrutura de notificação das três arboviroses. A partir de 2016 a notificação compulsória da zika fora regularizada (OLIVEIRA *et al*, 2020), bem como houve mudança na notificação da chikungunya e dengue. Esse período de estudo

escolhido (2016-2019) permitirá observar a ocorrência de casos tanto da dengue, da chikungunya quanto da zika. Os dados resultantes fornecem uma amostra do cenário de casos das arboviroses na Bahia.

A natureza seletiva da amostra, tanto por período quanto pelo recorte da localidade, foi considerada quando no processo de seleção das fontes de dados e variáveis representativas dos fatores incorporados na análise. O critério de seleção, então, considerou: a. Tempo de mensuração ou criação da variável deveria estar entre 2014 e 2019; b. Para aquelas variáveis levantadas para todo o período de análise, o recorte foi estabelecido com base na completude. Era preciso que pelo menos 90% dos municípios baianos tivessem informação acerca de um dos fatores analíticos representada por uma variável; c. A análise percentual de valores faltantes (*missings*) também foi considerada como critério de escolha. O ponto de corte escolhido delimitava o percentual de preenchimento em 60%.

Durante o processo de seleção de dados lidou-se com fontes desatualizadas, a exemplo dos dados censitários cuja última atualização ocorreu no ano de 2010, e com informações restritas às regiões metropolitanas e capitais (que não são mensuradas para todos os municípios), embora tivessem atualização periódica, como os dados da Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios (PNAD) contínua.

A obtenção de cada fator foi feita em abordagens separadas e dados ecológicos foram obtidos em cada abordagem. Fez-se uso de fontes de dados secundárias obtidas na modalidade *open data* e filtrados para Nordeste e Bahia a fim de obter informações de todos os 417 municípios do estado.

Essas fontes foram separadas por tipo de dado, organizadas segundo os fatores analíticos indicados na Figura 9; abrangência; período que a variável que representa o fator de análise foi criada; a fonte do dado e o endereço web onde o dado foi coletado (Quadro 6).

Quadro 6 – Resumo das fontes de dados

Tipo de dado	Abrangência	Período	Fonte	Local de captação do dado
Informação de doenças				
Casos de arboviroses (dengue, chikungunya e zika) confirmados, suspeitos e autóctones	Municípios baianos	2016-2019	DATASUS / SINAN	ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/ *

Indicadores Profilaxia				
Registro dos imunos de Febre Amarela	Municípios baianos	2016-2019	DATASUS	http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/defthtm.exe?pni/CNV/CPNIBA.def
Indicadores sobre a Situação Socioeconômica				
Informação censitária de vulnerabilidade - Índice de Desenvolvimento Humano	Municípios baianos	2010	ATLAS BRASIL	http://www.atlasbrasil.org.br/acervo/biblioteca
Produto interno bruto	Municípios baianos	2016-2019	SEI	https://www.sei.ba.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=561&Itemid=335
Informação sobre Saneamento / Cobertura de água	Municípios baianos	2016-2019	SNIS-AE	http://www.snis.gov.br/downloads/
Cadastro Único - Famílias/Pessoas por faixas de renda per capita.	Municípios baianos	2016-2019	Governo Digital - Portal Gov.br/ Ministério da Cidadania.	https://dados.gov.br/dataset/cadastro-unico-familias-pessoas-cadastradas-por-faixas-de-renda .
Indicadores sociodemográficos				
Tamanho da população municipal	Municípios baianos	2015-2019	DATASUS	ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/IBGE/POPTCU/
Área territorial	Municípios baianos	2019	IBGE	https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/estrutura-territorial/15761-areas-dos-municipios.html?edicao=27729&t=downloads
Indicadores Clima e Sazonalidade				
Semiárido	Municípios baianos	2017	SEI	https://www.sei.ba.gov.br/
Indicadores sobre migração, transporte e característica do solo				
Tipo de uso do solo	Municípios baianos	2014	MapBiomas	http://mapbiomas.org
Pessoas que chegaram ao município	Municípios baianos	2017	IBGE/REGIC	https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/redes-e-fluxos-geograficos/15798-regioes-de-influencia-das-cidades.html?=&t=downloads .
Urbanização				
Tipologia do município	Municípios baianos	2017	IBGE	https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/tipologias-do-territorio/15790-classificacao-e-caracterizacao-dos-espacos-rurais-e-urbanos-do-brasil.html?=&t=downloads .

*deve ser aberto no navegador internet explorer.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Cada dado obtido das fontes acima passou por processos de validação e tratamento separado e as variáveis que representam cada fator ecológico foram obtidas em cada

abordagem. O total de variáveis selecionadas para a análise incluiu todos os tipos dos fatores listados no Quadro 4 selecionadas para cada um dos 417 municípios baianos para cada ano de sua presença. Assim, uma variável presente entre 2016 e 2019 fornece quatro observações, com valores distintos, (uma para cada ano) vezes os 417 municípios têm ao total 1.668 observações.

Aquelas variáveis cuja mensuração ocorreu por apenas um ano ou que se mantêm constante não variando ao longo do tempo, como a variável do semiárido, por exemplo, terão 417 ocorrências, contudo, como o período de análise considera 4 anos foi preciso triplicar a ocorrência do valor delas para abranger o tempo do estudo. Ou seja, como cada município forneceu uma observação num dado ano para o estudo, o valor foi replicado de forma que os quatro anos foram preenchidos pelo mesmo valor. Ao final, essas variáveis também tiveram 1.668 observações (4x417) (embora o valor se manteve constante ao longo dos anos).

6.5.3 Seleção de dados

Conforme pontuado, um dos principais desafios de lidar com dados administrativos e criados para fins de gestão diz respeito à importância da validação de sua qualidade. Esta é uma das ações de curadoria de dados, especificamente a ação descritiva. Descrever uma base consiste na investigação das suas categorias e valores, além da validação da estrutura da base. A realização deste processo passa pela relação entre a estrutura subjacente dos dados evidenciada na descrição e as informações contidas em seus dicionários.

Como visto no Quadro 6 e tratado na Figura 9, os dados são agrupados em fatores. Entende-se que os dados são organizados dentro de uma hierarquia de categorias que captam informações de interesse e quantificam conceitos. É a partir de um ou mais dados combinados que esta informação é inferida.

6.5.3.1 Dados arboviroses

Recorrer a dados secundários, como o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN)⁹, disponibilizados pelo DATASUS, tem sido prática comum na análise do desempenho das arboviroses (BRASIL, 2009a; SOUZA; DOMINGUES, 2009). Sendo o SINAN a principal base de coleta de casos e entendendo que as bases de saúde fornecem insumos quantitativos no que tange à produção do conhecimento, o desafio repousa na análise qualitativa dos dados obtidos, apesar dos dispositivos legais que garantem a obrigatoriedade do registro do agravo, de indicadores que estipulam que deverá haver, pelo menos, uma informação de notificação (positiva, negativa ou surto) a cada semana epidemiológica, ao longo de todo o ano epidemiológico.

Avaliar a coleção de valores mensurados e identificar padrões válidos e a completude de dados se mostra como estratégia útil para aferir a qualidade do conjunto de dados disponibilizados pelos sistemas de informação (ABATH *et al.*, 2014). Para Santos e Rodrigues (2019), avaliar a completude das variáveis dos principais campos lida com a fidedignidade e consistência das informações e sinaliza a qualidade das informações presentes no sistema.

Para os dados fez-se uso do repositório de dados do DATASUS¹⁰. Essa ferramenta disponibiliza as bases separadas por estado e por ano. Por serem de domínio público, os dados não contêm informações pessoais detalhadas dos pacientes, de forma a garantir a privacidade. Da coleção de bases dispostas, optou-se pelos arquivos dissemináveis para tabulação do SINAN, módulo dados finais.

Os bancos analisados estavam no formato DBC e continham registros anuais. Para melhor visualização dos dados e organização da análise, todos os anos foram agrupados em um único banco em formato CSV. Assim, criou-se uma única base de dados para cada arbovirose.

Vale ressaltar que o processo de definição dos dados e da estrutura de dados necessários para a análise estatística proposta, *a priori* foi definida pela qualidade dos dados de casos das arboviroses, o recorte que definiu a dengue, a chikungunya e a zika como as de interesse passou

⁹ Dados coletados de <ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/>. Acesso em: 29 set. 2022.

¹⁰ Disponível em: <ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/SINAN/DADOS/PRELIM/>. Acesso em: 29 set. 2022. Os dados de 2014 foram atualizados em 13/07/2015; os de 2015, atualizados em 27/09/2016; De 2016 atualizados em 06/07/2017; de 2017 atualizados em 18/07/2018; os de 2018 atualizados em 01/10/2019 e os de 2019 atualizados em 10/07/2020.

pelo crivo de qualidade da análise descritiva. Pela pouca quantidade de casos no território baiano, a Mayaro não foi incluída.

Foi feita, então, uma análise descritiva qualitativa da base de casos da dengue para o período de 2013 a 2019. A primeira etapa na análise descritiva consistiu no processo de mapeamento das variáveis, ação que envolve identificar o significado das variáveis de acordo com a quantidade e nomenclatura. Geralmente, os dados contidos nas bases de saúde derivam de diferentes versões do sistema, atualizados ao longo do tempo. Com isso, os atributos podem ser modificados, eliminados, alterados ou substituídos por novos.

O passo seguinte envolveu a verificação das variáveis com o auxílio de documentos oficiais sobre a coleção de metadados que contém definições e representações de elementos de dados do SINAN, a saber: dicionário de dados de notificação individual, o dicionário de dados específico para a dengue e chikungunya, bem como o caderno de treinamento para uso do SINAN. Todas essas informações estão disponíveis no site do Ministério da Saúde. Foi preciso analisar os dados para atribuir a eles significados e significâncias.

O processo de avaliação da completitude checkou o preenchimento de cada variável do banco. Mensurou-se a proporção de registros coletados em relação à presença ou ausência de informações. O processo de inferência sobre o *status* da completude das variáveis começou com a realização da frequência das variáveis. Nesse momento, as inconsistências tendem a aparecer na forma de variáveis mal preenchidas, ou seja, preenchidas erroneamente e/ou vazias.

A validação da qualidade evidenciou a mudança na estrutura de coleta de dados a partir de 2016. À época, variáveis sobre informes clínicos e/ou de comorbidades foram inseridas no sistema quando a versão 3.0 SINAN *online* foi disponibilizada, versão que contemplava a notificação e investigação dos agravos dengue e chikungunya em uma única ficha (BRASIL, 2016b). Além disso, o processo de transição de versão de notificação também alterou o campo “62- Classificação” que passou a ter as seguintes categorias: 10- dengue; 11- dengue com sinais de alarme; 12- dengue grave e 13- chikungunya ¹¹. Condicionado a ele foram inseridos os campos relacionados à dengue com sinais de alarme e dengue grave (BRASIL, 2016b).

As percepções trazidas pela análise de completude findaram por delimitar o período de avaliação de casos para 2016-2019, visto que mudança de versões e de controle de casos impacta na descontinuidade do acompanhamento de variáveis, elemento crucial para análise de séries temporais e análise de correlações.

¹¹ Na versão anterior apresentam-se as seguintes categorias: 1- Dengue Clássico; 2- Dengue com Complicações; 3- Febre Hemorrágica do Dengue- FHD; 4- Síndrome do choque da Dengue - SCD; 5-Descartado.

Definidos o período e as arboviroses que seriam analisadas, o passo seguinte foi criar uma base (*dataset*) de arboviroses que tivesse os municípios como unidades de observação e contivesse informações do total de casos para cada ano analisado.

Das variáveis dispostas na base do SINAN, seis foram escolhidas para a composição do *dataset* de casos de arboviroses da Bahia: "SG_UF", "ID_AGRAVO", "NU_ANO", "CLASSI_FIN", "ID_MN_RESI" e "TPAUTOCTO".

A SG_UF especifica a sigla da unidade federada de residência do paciente quando da notificação. A variável está associada ao código na tabela de códigos e siglas padronizados pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Segundo esta tabela, o código que referencia o estado da Bahia é o 29. CLASSI_FIN é um campo obrigatório que registra o diagnóstico final do caso suspeito. ID_AGRAVO, também obrigatório, especifica o código CID relacionado ao agravo/doença suspeito. NU_ANO, ano da notificação, variável preenchida automaticamente quando ocorre o preenchimento do campo "data de preenchimento da ficha de notificação".

Obrigatório, o campo ID_MN_RESI, sinaliza o código do município de residência do caso notificado segundo seleção daqueles municípios pertencentes ao estado sinalizado a partir da variável SG UF. Esta variável também segue as especificações da tabela do IBGE, versão com 6 dígitos.

TPAUTOCTO, é um campo essencial que responde à questão "o caso é autóctone de residência?", e tem por valores: 1 – Sim; 2 – Não; 3 – Indeterminado. O campo é habilitado apenas quando o caso não é classificado como descartado.

A preparação das variáveis para análise envolveu os seguintes procedimentos: 1) Filtrar os casos para Bahia; 2) filtrar os anos para selecionar registros entre 2016 e 2019; 3) selecionar os agravos de interesse. Após esta última etapa, os arquivos unificados com informações sobre os casos de dengue para os anos de 2016 a 2019 ficaram com 155.801 observações, o da chikungunya com 78.823 observações e o da zika com 66.532 registros.

Uma das etapas foi realizar a contagem de casos classificados como confirmados por município em cada ano de análise para cada arboviroses. As bases de notificação registram as várias ocorrências de caso do município ao longo de cada ano. Trata-se de registros associados às pessoas daquela localidade registradas para fins de investigação de caso de infecção da doença. Com isso, os bancos de notificação podem vir com registros duplicados de casos por município. Para a análise é necessário que o município seja considerado único, desta forma, é preciso agrupar os registros que partilham o mesmo código do município.

Para gerar a base agrupada por município que considerou apenas os casos confirmados de cada arbovirose estudada, aplicou-se nas bases de cada arbovirose um filtro na variável CLASSI_FIN, que indica se um determinado registro teve ou não confirmação. Trata-se de variável categórica cujos valores indicativos de confirmação, suspeição e descarte associam-se às particularidades de notificação associados à cada arbovirose.

Assim, para dengue o critério de confirmação recuperou os registros classificados como 1, casos confirmados; como 10, os confirmados de dengue clássica; como 11, casos de dengue com sinais de alarme; e 12, os casos de dengue grave. Para a chikungunya, buscou-se os registros com valores 1 e 13, que sinalizaram os casos confirmados; e para a zika, considerou-se como confirmados os casos classificados como 1.

Os 76.422 casos confirmados de dengue, 42.441 casos confirmados de chikungunya e 26.361 casos confirmados de zika, quando agregados por ano e por municípios baianos resultou em bases como 883 observações para a dengue, 461 observações para a chikungunya e 341 observações para zika.

Mais uma etapa foi realizar a contagem de casos classificados como suspeitos por município em cada ano de análise. Assim como para os casos confirmados, os registros foram agrupados a partir do código do município. Para as três arboviroses, são suspeitos os registros categorizados através da variável CLASSI_FIN como 8 (inconclusivos).

Separados os registros com valor 8 obteve-se um total de 78.805 casos suspeitos de dengue, 18.726 casos suspeitos de chikungunya e 29.797 casos suspeitos de zika, quando agrupados por ano e por municípios baianos resultou em bases como 1.196 observações para a dengue, 201 observações para a chikungunya e 593 observações para zika.

Posteriormente fez-se necessários realizar a contagem de casos classificados como autóctones por agravo para cada município em cada ano de análise. Com processo similar ao executado para os casos suspeitos e confirmados, a contagem de casos ocorreu a partir do agrupamento dos registros com o mesmo código do município e da contagem dos registros que tinham a variável TPAUTOCTO com valor igual a 1. Ao final, os casos de dengue, chikungunya e zika autóctones, agrupados por ano e município, produziram 835 observações, os de chikungunya, 414 e os de zika, 341.

Vale ressaltar que cada procedimento deu origem a agrupamento de dados distintos, organizados por município e ano, de forma que foram gerados 2 tipos de *datasets*, ou bases amostrais, que ao longo do processo serão utilizadas para montar o *dataset* final de casos que será utilizado para a análise dos modelos de regressão binomial negativa. São elas: 1- *dataset*

de arboviroses confirmados e suspeitos salvo como *dataset_arboviroses_fase1*; 2- *dataset* de casos autóctonos da Bahia (denominado *autoctone_ba*).

Ao final, três grupos de variáveis foram criados para acompanhar os casos de cada arbovirose. O grupo que representa os casos confirmados, o que contabiliza os casos suspeitos e o que contabiliza os casos autóctonos: **a) "dg_conf", "chik_conf" e zika_conf"** retrata a contagem dos casos confirmados de dengue, chikungunya e zika, respectivamente, contabilizados por município baiano ocorridos para cada do período estudado, 2016 a 2019; **b) "dg_susp", "chik_susp" e zika_susp"** retrata a contagem dos casos suspeitos de dengue, chikungunya e zika, respectivamente, contabilizados por município baiano ocorridos para cada do período estudado, 2016 a 2019; **c) "dg_auto", "chik_auto" e "zk_auto"** que ligadas à dengue, chikungunya e zika representam os casos autóctones contabilizados e mensurados para cada município para os anos 2016, 2017, 2018 e 2019.

6.5.3.2 Dados ecológicos

a) Clima e Sazonalidade - Semiárido

A demarcação dos municípios baianos que compõem a zona semiárida ocorreu por meio de filtro aplicado à lista de municípios do semiárido, acessível através do site da Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste - Sudene (BRASIL, 2017e).

De posse de uma lista geral com o nome e código do IBGE de todos os municípios baianos, buscou-se aqueles que participavam da lista de municípios do semiárido. Uma vez encontrados, a variável semiárido era preenchida com o valor 1. Ao final, a lista geral de municípios baianos, além de identificá-los, sinalizava a presença (valor 1) ou a ausência (valor 0) na zona semiárida. Resultando em um banco amostral com 417 observações.

b) Informação sobre Saneamento

Com uma série histórica de 26 anos, o Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento (SNIS), controlado pela Secretaria Nacional de Saneamento, entidade do Ministério do Desenvolvimento Regional. Os dados do SINIS-AE apresentam informações acerca da cobertura dos serviços de abastecimento de água e esgotamento sanitário para os

municípios brasileiros. (SINIS, 2022).

O acesso aos dados ocorreu a partir do repositório de dados do SINIS¹². Após filtro do módulo de interesse, "Água e Esgotos", selecionou-se informações com granularidade municipal e, inicialmente, o download dos dados fora realizado para o período de 2010 até 2019, um dos períodos disponíveis para download. Os dados foram filtrados para 2016-2019, período da análise. As informações foram disponibilizadas para download em formato XLSX (denominada Base_CNJ_SH_Municipios_Dados).

Após análise descritiva sobre completude dos campos, dentre os critérios monitorados, foi selecionada a variável *G12A* que contabiliza a população total residente do(s) município(s) com abastecimento de água, segundo o IBGE, por habitantes. Essa variável foi obtida para o período de 2016 a 2019 (período de análise). As demais variáveis da base não foram utilizadas por estarem inflacionadas de zero.

A amostra de dados final continha informações do nome do município, sua codificação segundo o IBGE e os valores contabilizados do total da população da localidade com abastecimento de água para cada ano da amostra. O *dataset* denominado *SNIS_ba* conteve 1.643 observações.

c) Uso e Cobertura da Terra

O Mapeamento Anual do Uso e Cobertura da Terra no Brasil (MapBiomias¹³) surgiu em 2015, quando as ações de sensoriamento remoto e mapeamento de vegetação ganhava força entre acadêmicos. O projeto visava produzir dados sobre a dinâmica do uso do solo no Brasil e em outros países tropicais a partir de 1985 até os dias atuais (e posterior atualização anual). Isso permitiria conhecer melhor a realidade da cobertura e uso da terra, desmatamentos, a superfície de água e as cicatrizes de fogo dos Estados brasileiros e seus municípios (MAPBIOMAS, 2015)

A execução do MapBiomias é de responsabilidade de uma rede colaborativa, formada por ONGs, universidades e startups de tecnologia. E conta com a cooperação técnica da Google com uso da plataforma Google Earth Engine. Os dados do MapBiomias são públicos, abertos e gratuitos (MAPBIOMAS, 2015).

¹² Os dados do SINIS foram obtidos no site <http://app4.mdr.gov.br/serieHistorica/#>. Acesso em: 29 set. 2022.

¹³ Os dados foram obtidos no site <http://mapbiomas.org>. Acesso em: 29 set. 2022.

Para dar conta dos interesses deste trabalho, foi feito o download do conjunto de dados das estatísticas dos mapas do MapBiomas na Coleção 6.0 que coletam informações sobre a COBERTURA E TRANSIÇÕES MUNICÍPIOS - dados de área (ha) de cobertura e uso do solo por município de 1985 a 2021.

O banco de dados coletado está dividido em dois conjuntos de informações: cobertura da terra e transição, correspondentes ao período de 1985 a 2020. Da base original foram considerados apenas a coleção de dados sobre o controle da cobertura da terra, os registros da Bahia e os dados coletados entre 2014 e 2019 selecionados.

A coleção de bioma é agrupada em três níveis: o "nível 0" que divide o uso do solo em "natural", "antrópico", "mosaico", "antrópico" e "não identificado". O nível seguinte identifica o tipo do bioma encontrado: agropecuária, área não vegetada, floresta, formação natural não florestal, corpos d'água e bioma não observado. O último nível, especifica o bioma do nível 1, conforme indica a Figura 10.

Figura 10 – Categorias da variável bioma

NIVEL	CLASSE (PT)	COD de Classe	Nivel_0
1	1. Floresta	1	NA
2	1.1 Formação Florestal	3	natural
2	1.2. Formação Savânica	4	natural
2	1.3. Mangue	5	natural
2	1.5. Restinga Arborizada (beta)	49	natural
1	2. Formação Natural não Florestal	10	natural
2	2.1. Campo Alagado e Área Pantanosa	11	natural
2	2.2. Formação Campestre	12	natural
2	2.3. Apicum	32	natural
2	2.4. Afloramento Rochoso	29	natural
2	2.6. Outras Formações não Florestais	13	natural
1	3. Agropecuária	14	Antropico
2	3.1. Pastagem	15	Antropico
2	3.2. Agricultura	18	Antropico
3	3.2.1. Lavoura Temporária	19	Antropico
4	3.2.1.1. Soja	39	Antropico
4	3.2.1.2. Cana	20	Antropico
4	3.2.1.3. Arroz (beta)	40	Antropico
4	3.2.1.4. Outras Lavouras Temporárias	41	Antropico
3	3.2.2. Lavoura Perene	36	Antropico
4	3.2.2.1. Café (beta)	46	Antropico
4	3.2.2.2. Citrus (beta)	47	Antropico
4	3.2.1.3. Outras Lavouras Perenes	48	Antropico
2	3.3. Silvicultura (monocultura)	9	Antropico
2	3.4. Mosaico de Agricultura e Pastagem	21	Antropico
1	4. Área não Vegetada	22	Mosaico
2	4.1. Praia, Duna e Areal	23	natural
2	4.2. Área Urbanizada	24	Antropico
2	4.3. Mineração	30	Antropico
2	4.4. Outras Áreas não Vegetadas	25	não identificado
1	5. Corpo D'água	26	Mosaico
2	5.1 Rio, Lago e Oceano	33	não identificado
2	5.2 Aquicultura	31	antrópico
1	6. Não observado	27	não identificado

Fonte: Adaptado de MAPBIOMAS (2015).

A investigação do MapBiomas produz medidas contínuas ou repetidas sobre o uso do solo por municípios por um período prolongado equivalente a 35 anos. Pela característica de classificação dos biomas, os municípios contêm mais de um bioma mapeado. A fase seguinte, então, envolveu a eliminação de duplicados. O objetivo era produzir informações únicas sobre o bioma de cada município por ano. Cada município teve seu bioma característico coletado no nível 1 agrupado, por tipo e por ano. A partir daí o bioma que ocupava a maior área territorial foi o escolhido.

O recorte analítico foi feito para o bioma do ano de 2014, considerando a pouca alteração entre os anos seguintes, resultando na variável bioma, mantida contínua para o período analisado. A base com a amostra final (*bioma_ba*) tem 417 observações.

d) Urbanização - Área urbana

Em 2017 o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE)¹⁴ propôs a discussão sobre os critérios utilizados na delimitação do território nacional. O objetivo do estudo é aprimorar a divulgação do Censo Demográfico de 2020 e oferecer à sociedade avanços na diferenciação de áreas rurais e urbanas que possam servir de base para a otimização de políticas públicas e do planejamento privado (IBGE, 2021a).

O estudo apresentou uma classificação dos espaços rurais e urbanos por município e definiu critérios comuns para todo o país. Foram três critérios básicos para a elaboração dessa classificação: a densidade demográfica; a localização em relação aos principais centros urbanos; o tamanho da população.

Após a análise dos critérios, os municípios foram caracterizados como “urbanos”, “rurais” ou “intermediários”. A metodologia aplicada está alinhada a de organizações internacionais como a União Europeia, e a de países como os Estados Unidos, o que permite a comparabilidade dos resultados brasileiros. Nessa nova tipologia, os municípios ficaram

¹⁴ Os dados foram obtidos no site: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/tipologias-do-territorio/15790-classificacao-e-caracterizacao-dos-espacos-rurais-e-urbanos-do-brasil.html?=&t=downloads>. Acesso em: 29 set. 2022.

classificados como: "Intermediário Adjacente", "Intermediário Remoto", "Rural Adjacente", "Rural Remoto" e "Urbano" (IBGE, 2021a).

Os dados utilizados para a análise advieram da base denominada *RurUrb*, em extensão dbf, e filtrados selecionar os dados do estado da Bahia. A amostra selecionada continha, então, 417 observações. Para fins da análise, a variável de interesse fora a que identifica a tipologia (denominada *tipologia*) e que estava categorizada da seguinte forma: categoria 1, representando "intermediário adjacente"; categoria 2 indicada como "intermediário remoto"; e as categorias 3 e 4, respectivamente, sinalizando "rural adjacente" e "rural remoto".

Análise descritiva da variável evidenciou que apenas 1 município baiano estava na área intermediária adjacente. Neste sentido, a variável *tipologia* precisou passar por processo de agregação onde as categorias intermediárias ("intermediário adjacente" e "intermediário remoto") foram reagrupadas como urbanas (com valor 2) e as categorias "rural adjacente" e "rural remoto", tornaram-se rural (categorizadas com valor 1).

e) Aspectos socioeconômicos

e.1) Produto Interno Bruto

A Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia (SEI)¹⁵ constitui-se como fonte de dados e informações estatísticas do estado da Bahia. A partir das tabelas disponibilizadas sobre o panorama socioeconômico foi obtida a série histórica do Produto Interno Bruto (PIB) para os municípios baianos.

Disponibilizadas no formato XLX, as amostras estavam acessíveis por ano, separadamente, e continham informações acerca do município, o PIB do ano em milhões e o PIB per capita do mesmo ano. Todos os anos foram unificados em um único banco de amostra. Assim, foi realizado um merge¹⁶ entre as amostras de 2016, 2017, 2018 e 2019 a partir da variável município, resultando num *dataset* amostral composto por todos os PIB's percapita de cada ano, na qual cada linha representa as informações do município. Como a variável de interesse era o *PIB_percapita*, a variável PIB do ano da base original foi descartada.

¹⁵ Dados foram obtidos no site:

https://www.sei.ba.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=561&Itemid=335. Acesso em: 29 set. 2022.

¹⁶ Merge é uma função que associa dois bancos a partir de uma variável comum a ambos.

e.2.) Índice de Desenvolvimento Humano

A plataforma Atlas Brasil (AtlasBR)¹⁷ resultante da parceria entre o Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento (PNUD), o Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (IPEA) e a Fundação João Pinheiro (FJP) tem por objetivo retratar o desenvolvimento humano sustentável e as desigualdades no Brasil. No seu acervo, além do Índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDHM), motivo da criação da plataforma, o Atlas Brasil disponibiliza cerca de 330 indicadores socioeconômicos dos municípios e regiões metropolitanas. Dentre as informações do acervo estão: o Índice de Desenvolvimento Humano (IDH), informações sobre o Censo Demográfico (2010) e indicadores de vulnerabilidade coletadas a partir do Cadastro Único, dentre outros (ATLASBR, 2016).

Fez uso da aplicação disponibilizada na plataforma Atlas BR que possibilita a consulta por territorialidade. Filtrados por Estado (Bahia) e selecionados todos os seus municípios, o passo seguinte foi selecionar os indicadores disponibilizados para a categoria Desenvolvimento Humano, que reúne informações de Educação, IDHM, IDHM ajustado, Longevidade e Renda. Fez uso dos dados agrupados na categoria IDHM. Alimentada pelos dados do Censo (1991 - 2010) e da PNAD (2012 - 2021), o IDHM com informações para todos os municípios baianos só estava acessível para os dados coletados a partir do Censo.

Com isso, dentre as variáveis disponibilizadas para acesso, optou-se pelo do IDHM, resultante do último levantamento censitário e cujo período de mensuração data do ano 2010. Assim, a amostra de dados selecionada estava acessível por município, separadamente, satisfazendo o critério necessário para a análise.

A variável passou por um tratamento que a categoriza em cinco faixas segundo o valor do índice: IDHM menor que 0,50 foi classificado como Muito Baixo; entre 0,5 e 0,599, como Baixo; os que estavam entre 0,6 a 0,699: Médio; Alto entre 0,7 a 0,799 e Muito Alto a partir de 0,800. Mesmo criada e sinalizada para o ano 2010, ante a não atualização da classificação para os anos recentes, a nova variável, denominada IDH, categorizada, foi mantida contínua para os anos 2016, 2017, 2018 e 2019.

e.3.) Inscritos no Cadastro Único que não tem água, esgoto e coleta de lixo

¹⁷ Os dados foram obtidos no site <http://www.atlasbrasil.org.br/acervo/biblioteca> Acesso em: 29 set. 2022.

A aplicação da plataforma Atlas BR possibilitou também consultas sobre outras informações de territorialidade. Após o filtro recortando os dados para o estado da Bahia e seus municípios, o passo seguinte foi selecionar dentre os indicadores disponibilizados para a categoria Vulnerabilidade¹⁸, que traz informações coletadas do Censo (1991 - 2010), do DATASUS (2013 - 2017), da PNAD (2012 - 2021) e do Cadastro Único (2014 - 2017), o mais adequado.

Pela completude de informações, disponíveis e com conteúdo válido para os municípios baianos, figurou como variável de interesse as informações acerca do percentual de pessoas inscritas no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados. Denominada de *cadu_Ssnis*, a variável é fruto da mensuração Cadastro Único (2014 - 2017). Como não foi possível obter a série histórica para todo o período de análise, optou-se pela escolha da variável mensurada para o ano de 2015, um ano anterior ao início da série de análise. A amostra de dados resultante continha informações para todos os municípios (com apenas 1 dado faltante).

Fora preciso realizar um trabalho de transformação da variável para obter a contagem da população representada pela taxa percentual dos inscritos no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados. Ação necessária para que os dados ficassem em conformidade com as outras variáveis coletadas em forma de contagem.

O processo de transformação de taxa para contagem aplicou o seguinte cálculo: a variável *cadu_Ssnis* dividida por 100 e multiplicado pela população de cada município no ano de 2015 ($cadu_Ssnis * 100 / populacao_2015$). Com isso, a nova variável foi denominada de *cadu_Ssnis* e a taxa foi renomeada para *cadu_Ssnis_2015*.

A amostra final com 417 observações continha, então, as seguintes informações: nome do município, população em 2015, taxa percentual de inscritos no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados e a contagem da população inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados.

e.4.) Inscritos no Cadastro Único

¹⁸ Dados coletados de: <http://www.atlasbrasil.org.br/consulta/planilha>. Acesso em: 29 set. 2022.

Fora a partir do conjunto de dados disponibilizados pelo Portal Brasileiro de Dados Abertos, que os dados abertos do Cadastro Único - Famílias/Pessoas por faixas de renda per capita coletados pelo Ministério da Cidadania¹⁹ foram acessados. A coletânea de dados contém informações sobre a quantidade de famílias em situação de pobreza e extrema pobreza, o total de famílias e pessoas cadastradas no Cadastro Único, por município e o ano/mês de referência (CADÚNICO, 2022).

Obtidos com recorte anual, em formato CSV e com informações de todo o Brasil, os dados passaram por processo de recorte. Primeiro, fora preciso selecionar os municípios baianos através do código do IBGE para cada conjunto resultando numa base anual de inscritos no território baiano. O passo seguinte envolveu a unificação dos dados utilizando as variáveis ligadas ao município, código do IBGE e nome do município, para criar uma amostra de dados com informações da Bahia.

Da coleção de campos disponibilizados, optou-se pela variável denominada *cadunico_tot_pes_ext_pob* que contabiliza o total de pessoas em situação de extrema pobreza da localidade por ano.

f) Aspectos sociodemográficos:

f.1) População

As informações sobre o tamanho das populações dos municípios baianos foram obtidas a partir do DATASUS, que vem a ser o departamento de Tecnologia da Informação a Serviço do SUS. As informações tabuladas disponibilizadas estimam a população residente dos municípios estimada em 1º de julho do ano de referência. (DATASUS, 2017). Conforme indica a Nota Técnica (DATASUS,2017), trata-se de população estimada anualmente cuja fonte é o IBGE embora para alguns municípios a população estimada não seja compatível com a do IBGE. O propósito das estimativas apresentadas “com data de referência para 1º de julho, para cálculo das cotas do Fundo de Participação dos Estados e Municípios e para áreas propostas para constituição de novos municípios e distritos, bem como dos municípios já existentes que alterem seus limites, em atendimento a dispositivos legais” (DATASUS, 2017, p.1).

¹⁹ <https://dados.gov.br/dados/conjuntos-dados/cadastro-unico-familias-pessoas-cadastradas-por-faixas-de-renda>
Acesso em: 29 set. 2022.

O acesso ocorreu através do aplicativo do Datasus de Informações em Saúde chamado TABNET²⁰, o qual possibilita tabular por meio de cruzamentos variáveis diferentes a partir do conjunto de dados disponibilizados (DATASUS, 2017). Utilizou-se o módulo que acessa dados da Bahia, em especial da população baiana.

Disponibilizadas no formato CSV, as amostras estavam acessíveis por ano, separadamente, e continham informações acerca do município. Para cada ano, a amostra continha informações do código IBGE do município, do nome e da população estimada. Todos os anos foram unificados em um único banco de amostra. Ao final foi realizado um merge entre as amostras de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019 a partir da variável município e código do IBGE, resultando em um *dataset população_ba* com 417 observações e 7 variáveis.

f.2) Área territorial

Em 2021, o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE)²¹ atualizou os limites territoriais dos municípios brasileiros. Intentava-se atualizar as medições ocorridas em 2010 no Censo Demográfico e as praticadas em 2011-2021 quando da realização da projeção populacional anual. Os marcos territoriais aplicados seguiram a estrutura político-administrativa da época (01/07/2021) (IBGE, 2021a).

O acesso ocorreu através do site do IBGE, por meio da seção Áreas Territoriais. Foi feito download dos dados referentes ao ano de 2019. O recorte de dados, em XLS, listava, na guia denominada *AR_BR_MUN_2019*, todos os municípios brasileiros. Após filtro que selecionava os municípios do estado da Bahia, aplicado na variável *CD_GCUF* (*CD_GCUF=29*), foram selecionadas as variáveis código IBGE do município (*CD_GCMUN*), nome do município (*NM_MUN_2019*) e a área do município em 2019 (*AR_MUN_2019*). Com isso, gerou-se uma amostra com 417 informações.

Embora não seja utilizada diretamente na análise, a área territorial foi coletada como dado adicional a ser utilizada para criar outra variável analítica, a densidade demográfica, e na análise do bioma.

f.3) Densidade Demográfica

²⁰ Acesso aos dados: <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/tabcgi.exe?ibge/cnv/poptba.def>. Os dados também podem ser acessados via <ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/IBGE/POPTCU/>. Acesso em: 29 set. 2022.

²¹ Os dados foram obtidos no site: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/estrutura-territorial/15761-areas-dos-municipios.html?edicao=27729&t=downloads>. Acesso em: 29 set. 2022.

Conforme indicam os estudos teóricos, densidade demográfica aparece como um dos fatores ecológicos relevantes para o estudo da transmissão dos arbovírus. A variável densidade demográfica foi criada (*densidade*). A criação utilizou as variáveis: área do município (*AR_MUN_2019*) e as variáveis com a contagem da população por ano. A população de cada ano foi dividida pela área do município através da fórmula: população_(ano) /AR_MUN_2019. O resultado foi uma amostra com 1.668 observações, mensurada para cada ano de investigação para os 417 municípios baianos.

g) Comércio, Migração, Transporte - Fluxo

Em 2018, a Regiões de Influência das Cidades- REGIC realizou um estudo sobre os deslocamentos dos brasileiros que saem dos seus municípios e seguem em direção a outro, para comércio ou para busca de serviços de saúde (IBGE, 2018).

Obtidos por município²², os dados, selecionados para o estado da Bahia, contabilizavam as pessoas que entraram e saíram de cada município em 2018.

h) Profilaxia - Vacina Febre Amarela

O Datasus através do Programa Nacional de Imunizações²³ disponibiliza o registro dos imunos aplicados e do quantitativo populacional vacinado por município e por Estado da federação, em determinado período. O controle vacinal tem como objetivo avaliar a dinâmica do risco quanto à ocorrência de surtos ou epidemias (DATASUS, 2019).

Os dados disponíveis são oriundos do Sistema de Avaliação do Programa de Imunizações - API, sistema este gerido pela Coordenação Geral do Programa Nacional de Imunizações - CGPNI, do Departamento de Vigilância Epidemiológica, Secretaria de Vigilância em Saúde, do Ministério da Saúde (CGPNI/DEVEP/SVS/MS), em conjunto com as Secretarias Estaduais de Saúde, suas regionais e as Secretarias Municipais de Saúde. (DATASUS, 2019).

²² Dados disponíveis em: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/redes-e-fluxos-geograficos/15798-regioes-de-influencia-das-cidades.html?=&t=downloads>. Acesso em: 29 set. 2022.

²³ Os dados foram obtidos no site: <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/defthtm.exe?pni/CNV/CPNIBA.def>. Acesso em: 29 set. 2022.

O acesso ocorreu através do aplicativo do Datasus de Informações em Saúde chamado TABNET²⁴, o qual possibilita tabular por meio de cruzamentos variáveis diferentes a partir do conjunto de dados disponibilizados (DATASUS, 2019). Utilizou-se o módulo Imunizações - Cobertura - Bahia que dispunha de dados atualizados em setembro de 2019. Foi selecionada a série temporal de 2016 a 2019 da vacina de febre amarela, representada pela variável “006 Febre Amarela”, para os municípios baianos.

Conforme indica a nota técnica do Datasus sobre a cobertura vacinal, “a fórmula de cálculo da cobertura compreende o número de doses aplicadas (conforme as especificidades da vacina) dividida pela população alvo, multiplicado por 100” (DATASUS, 2019, p.1).

A variável precisou ser transformada em contagem. O processo de transformação de taxa para contagem aplicou o seguinte cálculo: a variável *006_FA* foi dividida por 100 e multiplicado pela população de cada município para cada ano da série ($006_FA * 100 / \text{população (ano)}$). Com isso, a nova variável foi denominada de *vacina*. A amostra final continha 1668 observações.

6.5.4 Construção da base de amostral para análise

Após a coleta, avaliação descritiva e qualificativa que culminou com a seleção e tratamento de um conjunto de variáveis, o passo seguinte foi agrupá-las em uma base amostral destinada à aplicação dos modelos de regressão da binomial negativa.

Foi preciso ajustar a estrutura dos dados às especificidades estipuladas à aplicação do método estatístico: 1) Todas as variáveis contidas na amostra, ajustadas aos municípios, deveriam ser mediadas pela população; 2) Optou-se por deixar algumas variáveis contextuais em forma de taxa, ou seja, o valor das variáveis deveria ser dividido pelo tamanho da população no ano de sua captura, são elas: *cadunico_tot_pes_ext_pob*, *cadu_Ssnis*, *G12A*, *006_FA* e as variáveis de casos autóctones - “*dg_auto*”, “*chik_auto*” e “*zk_auto*”. Ressalta-se que a variável *PIB_percapita* já estava calculada com base na população, bem como a variável *densidade*.

Ressalta-se que as variáveis *tipologia*, *IDH*, *semiárido* e *bioma* não tem valores quantitativos, são categóricas e ordinais (as categorias são organizadas numa ordem de valores previamente definidas).

²⁴ Acesso aos dados: <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/tabcgi.exe?pni/CNV/CPNIBA.def>. Acesso em: 29 set. 2022.

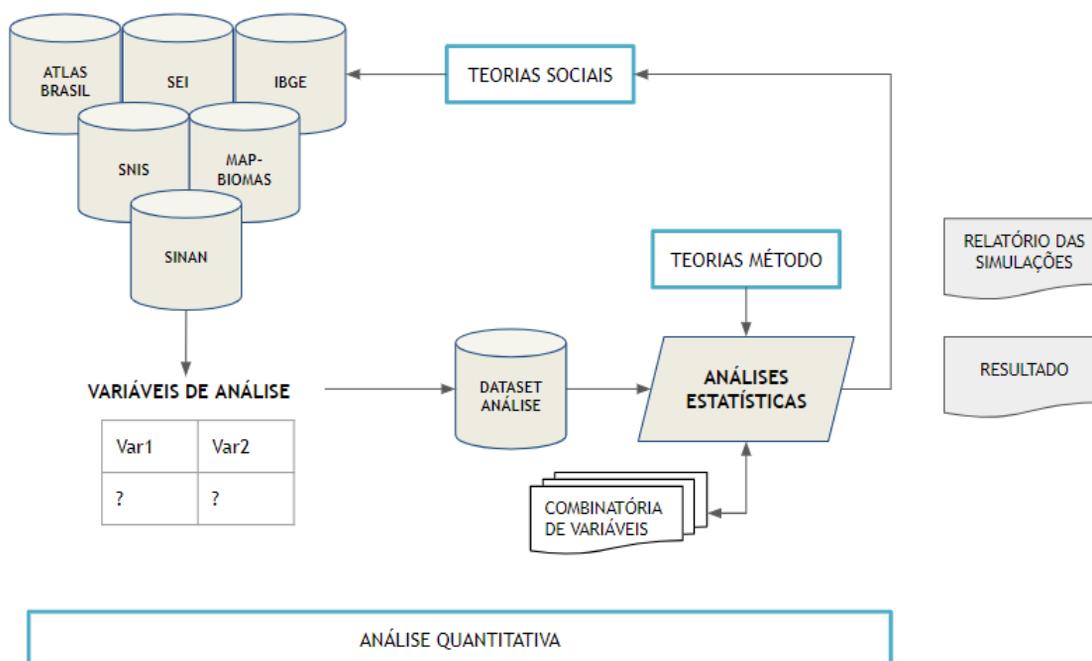
6.5.4.1 Processo de refinamento sofrido pelos dados

As etapas descritas no item 6.4. fazem parte do processo de refinamento pelo qual os dados foram submetidos. Previu-se que o processo de refinamento deveria ser contínuo de forma a obter dados mais ajustados à análise. A solução proposta para o processo de refinamento pode ser visualizada na Figura 11.

Entendia-se que os dados seriam modelados segundo princípios combinatórios que definirão o melhor conjunto de variáveis. Todo processo sofreu a influência das exigências de construção do modelo de análise estatística de regressão binomial negativa (as teorias estatísticas) e, principalmente, das dimensões e variáveis trazidas pelo modelo lógico ilustrado na Figura 9 (que constituem as teorias sociais). A relevância do dado ficou associado à forma como ele se apresentava no modelo e sua relevância ante os pressupostos teóricos conforme orienta a teoria fundamentada em dados.

Importante esclarecer que se uma primeira avaliação descritiva possibilitou a seleção daqueles dados municipais que comporiam a base amostral de casos para a análise, uma segunda avaliação descritiva teve que ser realizada para estudar o cenário representado pela amostra. Entendê-la na perspectiva estadual por meio da descrição das informações. Ainda que as variáveis estivessem presentes para todos ou para a maioria dos municípios, precisava-se saber se o conteúdo apresentado era representativo para uma análise. Esta fase de análise consubstanciou as seguintes definições: 1) Necessidade de ajustar a variável que caracteriza a tipologia da urbanização para duas categorias pelo fato de apenas um município ser representado por uma das categorias sinalizadas (vide seção 6.5.3.2, letra e); 2) Transformar dados de contagem em taxa mediados pela população para aumentar a sensibilidade da medição da variável em relação ao contexto (vide seção 6.5.4); 3) Categorizar a variável IDHM ante a variação de valores entre os municípios. Ao classificar em categorias os valores representados na variável obteve-se uma homogeneidade analítica, facilitando o agrupamento de municípios (vide seção 6.5.3.2, letra f.2.).

Figura 11– Esquema do processo de refinamento sofrido pelos dados



Fonte: Elaboração própria (2021)

6.5.4.2 Construção da base amostral de dados

No total foram utilizadas nove bases com amostras de dados para criação da base amostral geral para fins de análise. Antes do relacionamento das bases de dados, as seguintes etapas de tratamento precisaram ser cumpridas:

- 1. Tratamento e harmonização das variáveis para ligação:** Objetiva-se criar uma base municipal, cuja linha deve conter informações de cada um dos 417 municípios baianos. Houve a necessidade de padronizar e corrigir o nome dos municípios, variável que foi usada na vinculação entre as bases, uma vez que se tratava de dados de diferentes fontes. O nome dos municípios foi transformado para a seguinte estrutura: nome do município foi transformado para maiúsculo; eliminação de caracteres acentos; eliminação de caracteres especiais; correção de grafia do nome dos municípios: de "LUIZ EDUARDO MAGALHAES" para "LUIS EDUARDO MAGALHAES"; de "DIAS D'AVILA" para "DIAS D AVILA"; de "MUQUEM DO SAO FRANCISCO" para "MUQUEM DE SAO FRANCISCO"; de "SANTA TEREZINHA" para "SANTA TERESINHA".

Outra ação executada foi com relação a variável ligada ao ano, a todas elas foram aplicadas uma função que garantia que o formato estivesse numérico.

2. **Estruturação:** manter todas as bases em uma estrutura única. Antes do relacionamento das bases de dados, foi realizada a análise da estrutura dos dados. Nesta análise, foi identificado que algumas bases estavam no formato amplo (*wide*) e outras em formato longo (*long*). Os dados em forma *wide* não se repetem na coluna, significa que só há um registro por município. É *wide* o recorte de dados que só traz informações para os municípios por um ano: bioma, tipologia, semiárido, IDH e *cadu_Ssnis*. Já um formato *long* os valores se repetem, ou seja, cada município tem mais de um valor de variável associado a ele. Esse formato está nas amostras cuja informação foi coletada por município para os 4 anos, as que contêm 1668 observações. São elas: variáveis ligadas às arboviroses, PIB_percapita, G1A, *cadunico_tot_pes_ext_pob*, densidade e vacina (*006_FA*).

Também foi criada uma estratégia de nomenclatura das bases amostrais: os nomes deveriam ser minúsculos, sem acentuação e sem espaço em branco, a separação de nome compostos é feita pelo caractere “_” (*underline*). Para facilitar a manipulação dos arquivos no R, os dados foram salvos em formato RData.

3. **União das bases:** A primeira etapa do processo de relacionamento foi realizada apenas com os bancos de amostras que estavam em formato *long*, por ano e município através do *merge/join* (relacionamento determinístico), entre as cinco bases de amostras de dados, correspondente aos anos de 2016 a 2019. O processo ocorreu em uma estratégia de união pareada, ou seja, dois-a-dois.

O primeiro merge foi feito entre as bases densidade e arbovirose confirmada. Nele, a base densidade foi definida como a base principal porque continha informações para todos os municípios baianos. A decisão foi tomada porque a unidade de observação está no nível municipal, era preciso garantir a presença na amostra dos 417 municípios baianos. E o fato de todos os municípios terem informações sobre densidade fez desta a base principal de casos.

Foi utilizada a estratégia de ligação denominada *left join*, nela todos os registros do primeiro dado e somente os registros correspondentes do segundo dados são selecionados. A decisão é mediada pelo dado mais à esquerda, assim quando a associada densidade e arbovirose confirmada, todas as linhas da densidade são mantidas e apenas as linhas de arbovirose confirmada que têm correspondência são selecionadas.

Ao fazer isso garanto que aqueles municípios que não estão presentes na base arbovirose confirmada são mantidos ao tempo que recupero todas as informações de casos confirmados por município, bem como identifica aqueles que não tiveram caso no ano cuja linha fica vazia.

A base gerada continha 1668 observações que refletem a redundância das linhas dos municípios para contemplar os 4 anos analisados. Houve *match* para com 461 registros com casos confirmados de chikungunya e 341 registros com casos confirmados de zika. Ao final a amostra ficou com 7 campos.

Foi feita uma associação de para entre as bases através do nome do município (mun) e ano (ano). Ao fazer a união, além das linhas, as colunas também são unidas. A base amostral resultante contém as variáveis da primeira base e as variáveis da segunda.

O segundo merge foi feito entre as bases densidade_arbovirose_confirmada e arbovirose suspeita, com a primeira definida como a base principal: houve uma associação de para entre as bases através do nome do município (mun) e ano (ano); a ligação feita por *left join* manteve os registros densidade_arbovirose e recuperou os registros correspondentes de arbovirose suspeita. A base manteve-se com 1668 observações e com 10 campos.

O terceiro merge foi feito entre as bases densidade_arbovirose e casos autoctones. A ligação das bases de origem e destino também ocorreu através do nome do município (mun) e ano (ano). Tendo a base densidade_arbovirose como a principal, foi feita ligação *left join*. O mesmo processo foi realizado com as bases do PIB_percapita, G1A, cadunico_tot_pes_ext_pob e vacina, totalizando 7 uniões.

Após a realização da união com os dados em estrutura longa, o processo ocorreu com as bases em *wide* na seguinte ordem: bioma, tipologia, semiarido, IDH e *cadu_Ssnis*. A associação de para entre as bases ocorreu através do nome do município (mun) e teve a base longa criada como a de referência para aplicação da ligação *left join*.

Após o merge, a última transformação que os dados sofreram foi a mudança da forma de contagem para a forma de taxa, aplicada às variáveis listadas na seção 6.5.4.2. A taxa foi criada dividindo o valor da variável pela população do ano de mensuração do valor.

Ao final, a base de análise tinha 1668 observações e 23 campos. As variáveis selecionadas para compor a base de dados foram tratadas, organizadas e dispostas como coleção de dados conforme indica o dicionário abaixo (Quadro 7).

Quadro 7 – Dicionário das variáveis de análise

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
mun [character]	Nome do município baiano.	2016-2019	1. ABAIRA 2. ABARE 3. ACAJUTIBA 4. ADUSTINA 5. AGUA FRIA 6. AIQUARA 7. ALAGOINHAS 8. ALCOBACA 9. ALMADINA 10. AMARGOSA [407 others]	4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 4(0.2%) 1628(97.6%)	1668 (100.0%)
ano [numeric]	Período analisado	2016-2019	Mean (sd) : 2017.5 (1.1) min ≤ med ≤ max: 2016 ≤ 2017.5 ≤ 2019 IQR (CV) : 1.5 (0)	2016: 417(25.0%) 2017: 417(25.0%) 2018: 417(25.0%) 2019: 417(25.0%)	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
zika_conf [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de zika confirmados no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 15.8 (433.1) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 17618 IQR (CV) : 0 (27.4)	68 valores únicos	1668 (100.0%)
dg_conf [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de dengue confirmados no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 45.8 (541.3) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 1 ≤ 18764 IQR (CV) : 7 (11.8)	182 valores únicos	1668 (100.0%)
chik_conf [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de chikungunya confirmados no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 25.4 (382.6) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 14361 IQR (CV) : 1 (15)	101 valores únicos	1668 (100.0%)
zika_susp [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de zika suspeitos no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 17.9 (111.3) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 2578 IQR (CV) : 2 (6.2)	131 valores únicos	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
dg_susp [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de dengue suspeitos no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 47.2 (254.6) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 3 ≤ 7055 IQR (CV) : 18 (5.4)	220 valores únicos	1668 (100.0%)
chik_susp [integer]	Variável dependente. Contabiliza casos de chikungunya suspeitos no ano por município.	2016-2019	Mean (sd) : 11.2 (115.3) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 3786 IQR (CV) : 0 (10.3)	78 valores únicos	1668 (100.0%)
populacao [integer]	Total de habitantes do município por ano.	2016-2019	Mean (sd) : 36155. (148019.3) min ≤ med ≤ max: 3161 ≤ 17425 ≤ 2953986 IQR (CV) : 16953 (4.1)	1625 valores únicos	1668 (100.0%)
PIB_percapita [numeric]	Valor do PIB per capita mensurada por habitante do município por ano.	2016-2019	Mean (sd) : 12061. (15204.1) min ≤ med ≤ max: 3191.2 ≤ 8822 ≤ 296621.3 IQR (CV) : 4015.6 (1.3)	1667 valores únicos	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
densidade [numeric]	Densidade populacional do município criada para cada ano estudado.	2016-2019	Mean (sd) : 64.2 (272.2) min ≤ med ≤ max: 0.8 ≤ 23.4 ≤ 4257.5 IQR (CV) : 33.5 (4.2)	1459 valores únicos	1668 (100.0%)
semiárido [factor]	Informa se o município está na região do semiárido.	2017	1. zona nao arida 2. semiárido	556(33.3%) 1112(66.7%)	1668 (100.0%)
IDH [character]	Índice de Desenvolvimento Humano Municipal categorizada.	2010	1. ALTO 2. BAIXO 3. MEDIO 4. MUITO ALTO	368(22.1%) 16(1.0%) 1276(76.5%) 8(0.5%)	1668 (100.0%)
tipologia [factor]	Identifica a tipologia do município.	2017	1. rural 2. urbano	1412(84.7%) 256(15.3%)	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
tx_G12A [numeric]	Taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo IBGE/Habitantes.	2016-2018	Mean (sd) : 0.9 (0.2) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 1 ≤ 1.1 IQR (CV) : 0 (0.2)	0.00 : 86(5.2%) 0.81 !: 1(0.1%) 1.00 : 1579(94.7%) 1.01 !: 1(0.1%) 1.07 !: 1(0.1%) !: rounded	1668 (100.0%)
tx_dg_auto [numeric]	Taxa de casos de dengue autóctones por município.	2016-2018	Mean (sd) : 0 (0) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 0.1 IQR (CV) : 0 (5.3)	23 valores únicos	1668 (100.0%)
tx_chik_auto [numeric]	Taxa de casos de chikungunya autóctones por município.	2016-2018	Mean (sd) : 0 (0) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 0.1 IQR (CV) : 0 (9.5)	21 valores únicos	1668 (100.0%)
tx_zk_auto [numeric]	Taxa de casos de zika autóctones por município.	2016-2018	Mean (sd) : 0 (0) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 0.1 IQR (CV) : 0 (12.8)	16 valores únicos	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
tx_vacina [numeric]	Taxa da população vacinada contra Febre Amarela no período	2016-2018	Mean (sd) : 0.7 (0.3) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0.7 ≤ 3.7 IQR (CV) : 0.4 (0.4)	1499 valores únicos	1668 (100.0%)
tx_fluxo [numeric]	Taxa de pessoas que chegaram ao município.	2018	Mean (sd) : 0.1 (0.1) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0 ≤ 0.7 IQR (CV) : 0.1 (1.3)	136 valores únicos	1668 (100.0%)
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext [numeric]	Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano	2016-2018	Mean (sd) : 0.5 (0.1) min ≤ med ≤ max: 0.2 ≤ 0.5 ≤ 1.3 IQR (CV) : 0.1 (0.2)	462 valores únicos	1668 (100.0%)
tx_Ssnis [numeric]	Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados	2015	Mean (sd) : 0.3 (0.2) min ≤ med ≤ max: 0 ≤ 0.2 ≤ 0.8 IQR (CV) : 0.3 (0.7)	302 valores únicos	1668 (100.0%)

Variável	Descrição	Período	Estatística/ Valores	Freqs (% válidos)	Válidos
bioma [factor]	Bioma sinaliza o tipo de cobertura/uso do solo que mais prevalece no município segundo a área (ha) ocupada.	2014	1. floresta 2. natural não florestal 3. agropecuária 4. área não vegetada 5. corpos d'água	716(42.9%) 8(0.5%) 916(54.9%) 4(0.2%) 24(1.4%)	1668 (100.0%)

Fonte: Elaboração própria (2022).

6.5.4.3 Construção da base amostral de dados para o contexto de circulação simultânea

Para saber quais dentre os 417 municípios baianos apresentaram casos de circulação simultânea ao longo do período escolhido para o estudo (2016-2019), selecionou-se registros da base amostral de casos criada que apresentaram pelo menos uma ocorrência de cada uma das arboviroses. Foi feito um filtro que buscava aqueles municípios com contagem de casos maior que zero de dengue, chikungunya e zika confirmadas. Utilizou-se o operador lógico “and (&)” na construção do filtro: “dg_conf>0 & chik_conf>0 & zika_conf>0”.

Assim, a abordagem coletou uma série de intersecção de casos que ocorreram entre 2016 e 2019. Intersecção que gerou ao total 201 observações. Houve a possibilidade de observações repetidas para cada município por ano de ocorrência dos casos, um município poderia ter casos por 1 a 4 anos consecutivamente.

6.6 Construção de cenários e modelos analíticos

O objetivo do estudo é identificar fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos da frequência anual de casos por municípios. Parte-se de dois contextos, no primeiro, serão considerados os casos totais ocorridos por ano e municípios baianos; o segundo, considera um contexto de circulação simultânea das três arboviroses. Para este último, foram selecionados municípios que tiveram ao menos um caso de cada uma das três arboviroses ao mesmo tempo ao longo de 2016 a 2019.

O primeiro contexto dividiu-se em duas perspectivas de abordagem, retratadas como cenários. O cenário de casos suspeitos, prováveis da ocorrência de arboviroses e o cenário de casos confirmados. O segundo contexto institui-se também como um cenário.

Assim, para o contexto de casos totais serão seis os modelos de frequência de casos que serão estimados: (1) Frequência de casos de dengue confirmados; (2) frequência de casos de dengue suspeitos; (3) Frequência de casos de chikungunya confirmados; (4) frequência de casos de chikungunya suspeitos; (5) Frequência de casos de zika confirmados e (6) frequência de casos de zika suspeitos. Para o contexto de casos simultâneos, estimar-se-ão três modelos de frequência de casos: (1) Frequência de casos de dengue confirmados; (2) Frequência de casos de chikungunya confirmados e (3) Frequência de casos de zika confirmados.

6.6.1 Variáveis

Abaixo estão listados os tipos variáveis que compõem os modelos: as variáveis dependentes, as covariáveis ou variáveis explicativas e a variável offset.

6.6.1.1 Variáveis Dependentes

As variáveis de interesse para análise consistem em um número inteiro não negativo e estão listadas abaixo:

- Y_1 : Número de casos confirmados de dengue mensurados para os anos de 2016 a 2019;
- Y_2 : Número de casos suspeitos de dengue mensurados para os anos de 2016 a 2019;
- Y_3 : Número de casos confirmados de chikungunya mensurados para os anos de 2016 a 2019;
- Y_4 : Número de casos suspeitos de chikungunya mensurados para os anos de 2016 a 2019;
- Y_5 : Número de casos confirmados de zika mensurados para os anos de 2016 a 2019;
- Y_6 : Número de casos suspeitos de zika mensurados para os anos de 2016 a 2019.

Além destes, tem-se:

- Y_7 : Número de casos confirmados de dengue mensurados para os anos de 2016 a 2019 num cenário de circulação simultânea;
- Y_8 : Número de casos confirmados de chikungunya mensurados para os anos de 2016 a 2019 num cenário de circulação simultânea;
- Y_9 : Número de casos confirmados de zika mensurados para os anos de 2016 a 2019 num cenário de circulação simultânea.

6.6.1.2 Covariáveis ou variáveis explicativas

A apresentação das variáveis de exposição (e suas respectivas categorias) será feita de acordo com o modelo teórico definido previamente. A lista de variáveis inclui: IDH, tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita,

densidade, tx_fluxo, tx_G12A, tx_dg_auto, tx_chik_auto e tx_zk_auto a partir da estratégia de modelagem definida.

6.6.1.3 Variável Offset

Em algumas situações as contagens precisam ser mediadas por alguma característica populacional, de onde se originam. No caso deste trabalho, a variável população é a característica que fará o ajuste da variável de contagem. Analisada em relação aos habitantes afetados, a análise precisou, então, considerar a diferença do tamanho da população entres os municípios.

A estratégia foi inserir no modelo, para o ajuste da Regressão Binomial Negativa a componente *offset* representada pelo logaritmo da população. Fez-se uso de modelo ponderado pelo offset adicionado à equação de regressão.

6.6.2 Delineamento dos cenários e dos modelos analíticos

A hipótese do trabalho foi subdividida em outras duas hipóteses analíticas. A divisão serviu ao propósito de compreender o arranjo dos fatores e como estratégia de combinação das variáveis preditoras. A primeira indica que fatores ecológicos impactam na ocorrência de casos suspeitos e confirmados de dengue, chikungunya e zika. Inclui-se também as considerações sobre a influência daqueles casos contraídos na própria localidade, sem que a infecção tenha ocorrido em outro cenário, mensurados a partir da taxa de autoctonia. A segunda hipótese analítica aferida considera a existência de influência mútua entre as arboviroses avaliadas. Há uma relação entre os casos confirmados e autóctones entre as arboviroses de forma que, por exemplo, a ocorrência de dengue e/ou a interação entre casos autóctones de dengue e zika podem ser significativas para a ocorrência de chikungunya. Cada análise partirá de 3 modelos analíticos desenvolvidos a partir das hipóteses:

- 1) A primeira hipótese será explorada pelo Modelo 1 (M1), onde cada variável de resposta será mensurada logaritmicamente, a partir da qual explora sua relação com as seguintes covariáveis: índice de desenvolvimento humano (IDH), taxa da cobertura vacinal de febre amarela (vacina), área do semiárido (semiárido), principal cobertura do solo

(bioma), taxa de cobertura do cadastro único por pessoa pobre e extremamente pobre ($tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$), tipo do município em relação à urbanização (tipologia), produto interno bruto per capita para o período analisado ($PIB_percapita$), a densidade média populacional do município (densidade), taxa calculada de fluxo de deslocamento (tx_fluxo), taxa de inscritos no Cadastro Único sem água, esgoto e lixo (tx_Ssnis) e a taxa de cobertura água por habitante (tx_G12A). Além da taxa de autoctonia. A análise de casos de dengue considerará a taxa de autoctonia da dengue (tx_dg_auto), a da chikungunya incorporará a sua taxa de autoctonia (tx_chik_auto) e taxa de autoctonia da zika (tx_zk_auto) entrará na análise da zika. Neste sentido, o Modelo 1 (M1) considerará o impacto destas variáveis em relação a cada variável resposta Y_{1a9} , mensuradas uma a cada vez.

- 2) O Modelo 2 (M2) é a versão reduzida do Modelo 1 composto com as variáveis significativas mantidas a partir do valor de p que deve estar próximo ao nível de significância de 5%.
- 3) O Modelo 3 (M3) incorpora ao Modelo 2 (M2) as taxas de autoctonia referente a cada arbovirose analisada, bem como considera o impacto da circulação simultânea em cada arbovirose a partir da integração de variáveis complementares: contagem de casos confirmados e a interação entre casos autóctones. O Modelo 3 trabalha com a segunda hipótese. Assim, a análise de casos de dengue considerará os casos confirmados de chikungunya e zika ($chik_conf$ e $zika_conf$), bem como a interação entre a taxa de autoctonia de chikungunya e de zika (tx_chik_auto e tx_zk_auto). A análise de casos da chikungunya incorpora os casos confirmados de dengue e zika (dg_conf e $zika_conf$), bem como a interação entre as taxas de autoctonia dessas duas arboviroses (tx_dg_auto e tx_zk_auto). Por fim, a análise de casos de zika terá os casos confirmados de dengue e chikungunya (dg_conf e $chik_conf$), bem como a interação entre as taxas de autoctonia dessas duas arboviroses (tx_dg_auto e tx_chik_auto).

6.6.2.1 Fórmula Computacional

A execução do modelo de regressão binomial negativo ocorreu pelo uso da função $glm.nb()$ do pacote *MASS*, disponível para o R. Os parâmetros da função usados na análise foram os seguintes: $glm.nb$ (fórmula, data, init.theta, link). A *data* referência é o nome do

dataset criado para a análise (vide seção 6.5.4) e o *init.theta*, parâmetro de dispersão, é inicializado com o valor de 1.032713156.

A fórmula da binomial negativa foi delineada conforme definido nos modelos de análise trazidos na seção 6.6.2. Assim como foram três modelos analíticos propostos, foram utilizadas três fórmulas de análise (vide mais detalhes na seção 6.7).

Há uma semântica para declarar a fórmula usada nos modelos: na parte esquerda há a variável dependente seguida pelo símbolo `~` (sinaliza que o desfecho é modelado em função de) seguido pelas covariáveis. Para as fórmulas utilizadas no modelo 1 e 2, foi analisado o efeito aditivo das covariáveis feito por meio do uso do sinal de `+`. Já para o modelo 3, além do efeito aditivo, foi introduzida a interação entre as taxas de autoctonia das arboviroses complementares à arbovirose desfecho analisada. O efeito da interação é obtido através do sinal `*`. A fórmula do modelo também contou com a variável *offset* retratada como `log(população)`, conforme explica a seção sobre a Variável Offset (6.6.1.3). É importante lembrar que a população não foi considerada como variável explicativa. Assim temos, de forma genérica, uma fórmula representada como `fórmula= desfecho ~ covariaveis + log(população)` e a função *glm.nb* como `glm.nb (fórmula, data = basedecajos, ini.theta=1.032713156, link=log)`.

6.6.2.1.1 Função de Ligação

No Capítulo 5, vimos que dados de contagem não lineares devem ser modelados por modelos estatísticos ajustados à sua estrutura. Sendo recomendado para estes casos o uso de modelos lineares generalizados (GLMs). Esses modelos consideram a distribuição de frequência da variável resposta (não linear) em relação aos preditores (lineares). É por meio da função de ligação que essa relação é mediada.

Composto por três componentes, o GLM considera a hipótese sobre a distribuição da variável resposta (Y_i), percebida como função de distribuição; os preditores lineares e a função de ligação. Como visto, a distribuição da variável resposta (Y_i) é definida pela sua média e variância.

A função de ligação, então, relaciona o valor médio da variável resposta com a parte sistemática (as variáveis explicativas) e podem ser de três tipos: Modelos lineares padrão usam

a *Identity link* ($g(\mu) = \mu$); dados binários e de regressão logística usam a *Logit link* ($g(\mu) = \log[\mu/(1-\mu)]$) e dados de contagem usam a *Log link*.

Ressalta-se que os casos de arboviroses aqui apresentados são considerados não lineares por apresentarem grande variação entre municípios e períodos de ocorrência. A Regressão Binomial Negativa nesta pesquisa utiliza como função a ligação “Logaritmica” (ou *Log link*). Essa função é utilizada nos casos de dados de contagem cujos valores preditos na escala da resposta não podem ser negativos. Ela garante valores preditos não negativos em modelos log-linear.

A função torna linear o modelo não linear ajustando a escala. A relação das covariáveis com a variável dependente (resposta) não deve ser interpretada em uma relação um para um. Ela é transformada em escala de log, em uma ligação logaritmica. Os resultados do modelo são estimativas logarítmicas de forma que para calcular o número de casos esperado/estimado pelo modelo, é necessário aplicar uma função inversa à função de ligação, a função exponencial. Se a função de ligação logaritmica é $g(\mu) = \log(\mu)$, a função exponencial é representada por: $E(Y) = e^{g(x)}$. Os resultados do modelo são interpretados em função da Razão (ou taxa) de Incidência (Incident Rate Ratios-IRR).

6.6.2.2 Informações trazidas pelos resultados de cada modelo

Usando a função *summary()* é possível obter o resumo e descrição dos parâmetros de cada modelo binomial negativo modelado. As saídas de um modelo de regressão binomial negativo executado fornecem as seguintes informações: a fórmula utilizada na análise, os resíduos de desvio e os coeficientes de regressão para cada uma das covariáveis presentes na fórmula, junto com erros padrão, escores z e valores p. Bem como informa o critério de informação de Akaike (AIC). Neste sentido, a Seleção de Covariáveis (6.6.2.3), a Seleção do Modelo (6.6.2.4) e a Capacidade explicativa do modelo selecionado (6.6.2.5) são calculadas segundo o resultado de cada um dos modelos analisados.

6.6.2.3 Seleção de Covariáveis

A seleção de covariáveis foi realizada pelo método Backward, que consiste em inserir no modelo todas as covariáveis e remover sequencialmente uma covariável a cada iteração até que todas as restantes sejam significativas. O principal critério de exclusão da variável é conservador e técnico. Ocorreu segundo a determinação linear do valor-p, excluiu-se aquelas variáveis com valor-p teste, ou teste de hipótese, menor que 5% (0.05). O principal critério de inclusão é baseado na justificativa teórica, por isso, algumas variáveis foram mantidas no modelo final, apesar do valor-p se aproximar de 5%. Mesmo sem significância estatística essas variáveis têm explicação.

6.6.2.4 Seleção do Modelo

A seleção e avaliação de modelos ocorreram a partir da análise dos resultados dos *residual deviance* e o critério de informação de Akaike (AIC) e da significância dos parâmetros e informação *Bayesianos* (BIC). Diz respeito a avaliar a contribuição das covariáveis na resposta - o critério de bondade do modelo.

Os critérios AIC e BIC utilizam a probabilidade que corresponde ao logaritmo da verossimilhança máxima. Considerando ambos os critérios, buscou-se o modelo com menor valor. Este foi o considerado o mais adequado para explicar os dados usando a menor quantidade possível de parâmetros.

6.6.2.5 Capacidade explicativa do modelo selecionado

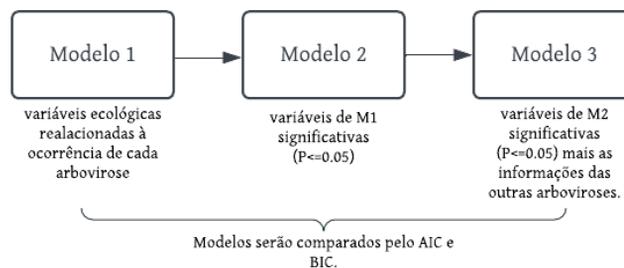
A análise do desvio, desvio nulo (*null deviance*) e desvio residual (*residual deviance*), possibilita a mensurar quanto da variabilidade da variável desfecho é explicada pelo modelo final. O quanto o modelo é capaz de capturar a variação de casos. Enquanto o desvio nulo (*null deviance*) mensura o quanto a variável de resposta pode ser prevista por um modelo com apenas o intercepto, o *residual deviance* evidencia a contribuição das covariáveis na resposta estimada. Representa o critério de bondade do modelo. Quanto menor o valor, melhor o modelo é capaz

de prever o valor da variável de resposta. Para saber o quanto da variabilidade é explicada pelo modelo final, calculou-se a estatística qui-quadrado: $X^2 = \text{desvio nulo} - \text{desvio residual}$. Os graus de liberdade são dados pela quantidade de covariáveis. O valor-p ($P < 0,05$) sinaliza que o modelo é capaz de prever a probabilidade de casos confirmados. Através da divisão do X^2 (Chi-Square Score) pelo desvio nulo obteve-se o percentual explanatório do modelo.

6.6.2.6 Processo de evolução dos modelos de análise da regressão

Os modelos de análise devem ser percebidos em uma relação de influência mútua entre si. Trata-se de modelos aninhados, cujas variáveis incluídas (e incorporadas nos modelos subsequentes) foram aquelas com as estatísticas mais relevantes selecionadas dentre as 15 covariáveis explanatórias possíveis. Já o modelo final será aquele cujos critérios de comparação (explanados na seção 6.6.2.3) tiver o menor valor, conforme a Figura 12.

Figura 12 – Esquema do processo de evolução dos modelos de análise da regressão binomial negativa



Fonte: Elaboração própria (2023)

6.6.3 Estratégia de Modelagem

O início do delineamento da estratégia de modelagem consistiu na realização da análise exploratória dos dados. O problema estatístico postulado dizia respeito a perceber a associação das variáveis dependentes com as covariáveis selecionadas.

O primeiro passo foi fazer o gráfico de dispersão das variáveis candidatas (eixo horizontal) versus as variáveis dependentes (eixo vertical), usando os pares de informações de todos para todo o período. Apenas as variáveis numéricas foram escolhidas, sendo excluídas, assim, as categóricas. As linhas com valores faltantes (*missings*) também foram eliminadas. Desta forma, as seguintes variáveis foram trabalhadas: PIB_percapita, densidade, tx_G12A, tx_vacina, tx_fluxo, tx_Ssnis, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_dg_auto, tx_chik_aut e tx_zk_auto.

Após avaliar a relação das variáveis com o gráfico de dispersão, foi calculado o coeficiente de correlação a fim de estimar a relação da mudança entre duas variáveis, bem como para identificar a presença de multicolinearidade. Diante do cenário de não linearidade, foi utilizada a correlação de Spearman.

6.6.3.1 Teste de dispersão

O segundo passo no delineamento da estratégia de modelagem consistiu no teste de dispersão. O teste foi necessário para confirmar adequação ao modelo de regressão binomial negativa cujo pressuposto fundamental é a existência da superdispersão, que foi descrita anteriormente no Capítulo 5. Foram três as estratégias para o teste de dispersão: a distribuição Poisson com avaliação do valor-p e a aplicação do teste de dispersão a partir do resultado da distribuição; e a validação da variância e da média das variáveis de desfecho (Apêndice B).

O teste da distribuição de Poisson evidenciou através dos modelos gerados a relevância estatística a partir do valor-p de todas as variáveis ($p < 0.05$). O teste do valor de p é aplicado quando o modelo de Poisson é executado. Assim como as saídas do modelo binomial negativos, as saídas de um modelo de regressão Poisson executadas fornecem as informações sobre os resíduos de desvio, os coeficientes de regressão, junto com erros padrão, escores z e valores p sobre todas as variáveis estudadas (os resultados de todos os modelos testados podem ser vistos nos anexos).

A alta relevância do conjunto de covariáveis dava indícios de superdispersão quebrando, portanto, o pressuposto de equidispersão (média igual a variância) necessário ao Poisson (Apêndice B). Outra estratégia para determinar se há ou não superdispersão consistiu em avaliar a distribuição de cada variável resposta $Y_{1 a 9}$ comparando a variância e a média de cada uma. Conclui-se pela superdispersão quando a variância, ou seja, a distância do valor

central (médio), é maior que a média.

Nota-se a partir do Quadro 8 que os valores de média e variância dos casos não são iguais, sendo a variância dos casos maior que sua média. Por essa estratégia, notou-se que os casos de dengue, chikungunya e zika mostravam-se também super dispersos.

Quadro 8 – Sumário da variância e da média das variáveis respostas

Variável Resposta	N = 1,668 ¹
dg_conf	45.82 (292,987.50)
chik_conf	25.44 (146,409.28)
zika_conf	15.80 (187,580.46)
dg_susp	47.25 (64,829.95)
chik_susp	11.23 (13,286.46)
zika_susp	17.86 (12,379.24)

¹Média (Variância)

Fonte: Elaboração própria (2022).

a) Teste da dengue

A média geral de casos confirmados de dengue é de 45.82 e o número de observações por município varia de 0 a 18.764 casos. Já para os casos suspeitos de dengue observou-se média geral de 47.24 casos e o número de observações por município varia de 0 a 7.055 casos.

Já o teste de superdispersão, realizado a partir da função do R *dispersiontest* e aplicado no resultado do modelo de Poisson executado para cada desfecho, confirmado ou suspeito, obteve valor maior que 1. O teste confirmou a hipótese da sobredispersão tanto para os casos de dengue confirmados quanto para os casos suspeitos como evidencia o Quadro 9.

Quadro 9 – Resultado do teste de dispersão para dengue confirmada e suspeita

<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <pre> data: m1P z = 2.6649, p-value = 0.00385 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 158.5597 </pre> <p style="text-align: right;">Poisson para dengue confirmada</p>
<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <pre> data: m1P z = 6.2264, p-value = 2.386e-10 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 245.6657 </pre> <p style="text-align: right;">Poisson para dengue suspeita</p>

Fonte: Elaboração própria (2022).

b) Teste da chikungunya

Enquanto os casos confirmados de chikungunya ocorreram numa média de 25.44, e o número de observações por município variou de 0 a 14.361 casos, foram em média 11.23 casos suspeitos de chikungunya, com observações variando de 0 a 3786 casos. A dispersão também foi confirmada no teste de superdispersão (*dispersiontest*) do modelo Poisson, como indica o Quadro 10.

Quadro 10 – Resultado teste dispersão para chikungunya confirmada e suspeita

<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <p>data: m1P z = 3.6234, p-value = 0.0001454 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 123.5475</p> <p style="text-align: right;">Poisson para chikungunya confirmada</p>
<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <p>data: m1P z = 2.8614, p-value = 0.002109 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 466.7786</p> <p style="text-align: right;">Poisson para chikungunya suspeita</p>

Fonte: Elaboração própria (2022).

c) Teste da zika

Assim como para as outras arboviroses, a análise sumária da zika indicou que a média geral de casos confirmados está em 15.80, com casos variando entre 0 e 17.618 casos, e os casos suspeitos variam de 0 a 2578 casos, com média de 17.86 casos. Validando a hipótese da sobredispersão da zika, o Quadro 11 evidencia o resultado do teste de superdispersão (*dispersiontest*) aplicado aos modelos Poisson.

Quadro 11 – Resultado do teste de dispersão para zika confirmada e suspeita

<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <p>data: m1P z = 2.6882, p-value = 0.003591 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 83.5893</p> <p style="text-align: right;">Poisson para zika confirmada</p>
<p style="text-align: center;">Overdispersion test</p> <p>data: m1P z = 4.905, p-value = 4.672e-07 alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1 sample estimates: dispersion 199.0429</p> <p style="text-align: right;">Poisson para zika suspeita</p>

Fonte: Elaboração própria (2022).

6.7 Análise dos modelos

A análise dos modelos consiste na execução dos modelos delineados para cada desfecho, conforme indicam as seções que retratam as variáveis (6.6.1), o delineamento dos cenários e modelos analíticos (6.6.2) e a fórmula computacional (6.6.3). Antes da aplicação da regressão binomial negativa, foram feitos os testes de dispersão conforme indica a seção 6.6.3.1. Uma vez modelados, o processo de decisão e avaliação de cada modelo seguiu as especificações trazidas nas seções 6.6.2.3 e 6.6.2.4. Cada modelo final selecionado como mais ajustado teve avaliado a sua capacidade explicativa (6.6.2.5).

Ressalta-se que cada análise efetuada resultou em uma avaliação de adequação, seja para definir a estrutura mais adequada das covariáveis para a análise ou do seu potencial explicativo. As observações trazidas neste capítulo evidenciam apenas as decisões e critérios finais definidos.

O Quadro 12 traz a representação dos modelos de análise finais desenhados para cada arbovirose. Ele indica como o Modelo 1 foi representado para cada desfecho e evidencia quais

variáveis foram representativas e selecionadas para comporem o Modelo 2 e o Modelo 3 a partir das análises feitas no Capítulo 8.

Quadro 12 – Resumo do design dos modelos finais de análise*

Modelo	Modelo 1 (M1)	Modelo 2 (M2)	Modelo 3 (M3)
Casos Confirmados			
DENGUE	$dg_conf = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_dg_auto + tx_G12A$	$dg_conf = tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_dg_auto + tx_G12A$	$dg_conf = tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_dg_auto + zika_conf + chik_conf + tx_chik_auto + tx_zk_auto$
CHIKUNGUNYA	$chik_conf = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_chik_auto + tx_G12A$	$chik_conf = IDH + tx_vacina + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tx_chik_auto + tx_G12A$	$chik_conf = IDH + tx_vacina + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tx_chik_auto + tx_G12A + dg_conf + tx_dg_auto + tx_zk_auto$
ZIKA	$zika_conf = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_zk_auto + tx_G12A$	$zika_conf = IDH + tx_vacina + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_zk_auto + tx_G12A$	$zika_conf = tx_Ssnis + tx_zk_auto + chik_conf + dg_conf + tx_dg_auto + tx_chik_auto$
Casos Suspeitos			
DENGUE	$dg_susp = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_dg_auto + tx_G12A + \log(\text{populacao})$	$dg_susp = tx_vacina + bioma + tx_Ssnis + tx_dg_auto$	$dg_susp = tx_vacina + bioma + tx_Ssnis + tx_dg_auto + tx_chik_auto + tx_zk_auto$
CHIKUNGUNYA	$chik_susp = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_chik_auto + tx_G12A$	$chik_susp = tx_vacina + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tx_fluxo + tx_chik_auto + tx_G12A$	$chik_susp = tx_vacina + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tx_fluxo + tx_chik_auto + tx_G12A + dg_conf$

ZIKA	zika_susp=IDH+tx_vacina+semiarido+bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+tipologia + PIB_percapita + densidade+tx_fluxo + tx_zk_auto+ tx_G12A	zika_susp=bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+tx_fluxo+tx_zk_auto	zika_susp=bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+tx_fluxo + tx_zk_auto + tx_chik_auto
Cenário de Circulação Simultânea - Casos Confirmados			
DENGUE	dg_conf = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+tipologia + PIB_percapita + densidade+tx_fluxo + tx_dg_auto+tx_G12A	dg_conf = IDH + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_dg_auto + tx_G12A	dg_conf = IDH + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_dg_auto + tx_G12A + zika_conf+chik_conf + tx_chik_auto:tx_zk_auto
CHIKUNGUNYA	chik_conf=IDH+tx_vacina+semiarido+bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_chik_auto+tx_G12A	chik_conf=IDH+tx_vacina+bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+densidade + tx_chik_auto	chik_conf=IDH+tx_vacina+bioma+tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis+densidade + tx_chik_auto + tx_dg_auto:tx_zk_auto
ZIKA	zika_conf=IDH+ tx_vacina + semiarido +bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext+tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade+ tx_fluxo + tx_zk_auto+ tx_G12A	zika_conf = bioma+tx_Ssnis+PIB_percapita + tx_fluxo+tx_zk_auto	zika_conf=bioma+tx_Ssnis+PIB_percapita + tx_fluxo+tx_zk_auto+ chik_conf + tx_dg_auto:tx_chik_auto

Fonte: Elaboração própria (2022).

*Modelos finais, selecionados após a análise.

Para cada modelo analítico, o tamanho da população foi inserido como *offset*. O critério escolhido para exclusão das variáveis do modelo maior teve por critério de escolha o *p-valor* até 0.50. O parâmetro de dispersão foi inicializado em 1.032713156 (valor padrão indicado pela bibliografia) e a função de ligação é a função logarítmica.

6.8 Apresentação dos resultados e discussão

Os resultados e debates foram submetidos às teorias sociais e avaliadas conforme o modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de arboviroses. A avaliação dos resultados é trazida no Capítulo 9.

7 AS ARBOVIROSES NA BAHIA

Localizada na região Nordeste do Brasil, a Bahia é o quinto estado em extensão territorial, com 564 760 427 km², responsável por 6,6% da área geográfica do país. O estado limita-se ao norte com os estados de Sergipe, Alagoas, Pernambuco e Piauí; do lado oeste é fronteira com os estados Goiás, Tocantins, Minas Gerais e Espírito Santo; a leste, limita-se com o Oceano Atlântico (TAVARES, 2019, p.367). Segundo estimativa do TCU/SEI, em 2019 a população baiana contabilizava 14.873.064 habitantes, enquanto em 2016 a Bahia tinha 15.276.567 habitantes. Político administrativamente o território é composto por 417 municípios, tendo como capital a cidade de Salvador, com densidade populacional de 4139,837²⁵ (Hab/km²) e que representa 19,3% do total de habitantes do estado (BAHIA, 2020b).

Para fins da gestão da saúde, os municípios baianos subdividem-se em torno das 28 (vinte e oito) regiões de saúde e das 9 (nove) macrorregiões, que também organizam as regiões de saúde. O território baiano ainda conta com outra divisão para fins de prestação dos serviços públicos de saneamento básico, que reconheceu e adotou 26 (vinte e seis) Territórios de Identidade como unidade regional²⁶.

7.1 Perfil da Bahia e seus municípios

A partir da subdivisão em macrorregiões e regiões de saúde, o território baiano organiza-se da seguinte forma: a macrorregião Sul composta pelas regiões de saúde Ilhéus, Itabuna, Jaquié e Valença; Brumado, Guanambi, Itapetinga e Vitória da Conquista formam o Sudoeste baiano; o Oeste, por Barreiras, Ibotirama, Santa Maria da Vitória; a região Norte com a presença de Juazeiro, Paulo Afonso e Senhor do Bonfim; o Nordeste, Alagoinhas e Ribeira do Pombal; o Leste com Camaçari, Cruz das Almas, Salvador e Santo Antônio de Jesus; Porto Seguro e Teixeira de Freitas formando o Extremo Sul; e Irecê, Jacobina, Feira de Santana, Itaberaba, Seabra e Serrinha configurando o Centro-Leste.

²⁵ Valor calculado para o ano de 2019.

²⁶ Os territórios de Identidade não serão considerados nesta análise.

Quadro 13 – Área territorial e densidade média populacional das Macrorregiões e Regiões de Saúde da Bahia

Macrorregião	Região de Saúde	Número de Municípios	Área (KM ²)	Densidade Média* (2016-2019)
Sul	Ilhéus	8	8088,044	35,385937
Sul	Itabuna	22	8549,624	71,337420
Sul	Jequié	26	18656,307	34,255567
Sul	Valença	12	5833,642	54,976875
Sudoeste	Brumado	21	24058,082	16,098893
Sudoeste	Guanambi	22	28660,300	19,459659
Sudoeste	Itapetinga	12	11574,527	24,637854
Sudoeste	Vitória da Conquista	19	22252,125	22,791737
Oeste	Barreiras	15	71407,261	8,075467
Oeste	Ibotirama	9	32520,189	7,325639
Oeste	Santa Maria da Vitória	12	53031,333	12,129292
Norte	Juazeiro	10	60995,934	10,552150
Norte	Paulo Afonso	9	18898,467	17,244056
Norte	Senhor do Bonfim	9	15381,134	32,511833
Nordeste	Alagoinhas	18	11934,861	51,360597
Nordeste	Ribeira do Pombal	15	8755,627	44,391983
Leste	Camaçari	6	3022,036	284,813625

Leste	Cruz das Almas	9	1791,656	188,644917
Leste	Salvador	10	2914,674	935,700250
Leste	Santo Antônio de Jesus	22	9155,151	70,845534
Extremo Sul	Porto Seguro	8	12118,327	29,717656
Extremo Sul	Teixeira de Freitas	13	18519,268	25,229731
Centro-Norte	Irecê	19	25577,283	35,260368
Centro-Norte	Jacobina	19	22136,289	25,624526
Centro-Leste	Feira de Santana	28	17086,335	71,408214
Centro-Leste	Itaberaba	14	18473,191	14,615446
Centro-Leste	Seabra	11	14626,454	14,305955
Centro-Leste	Serrinha	19	18704,490	51,534316

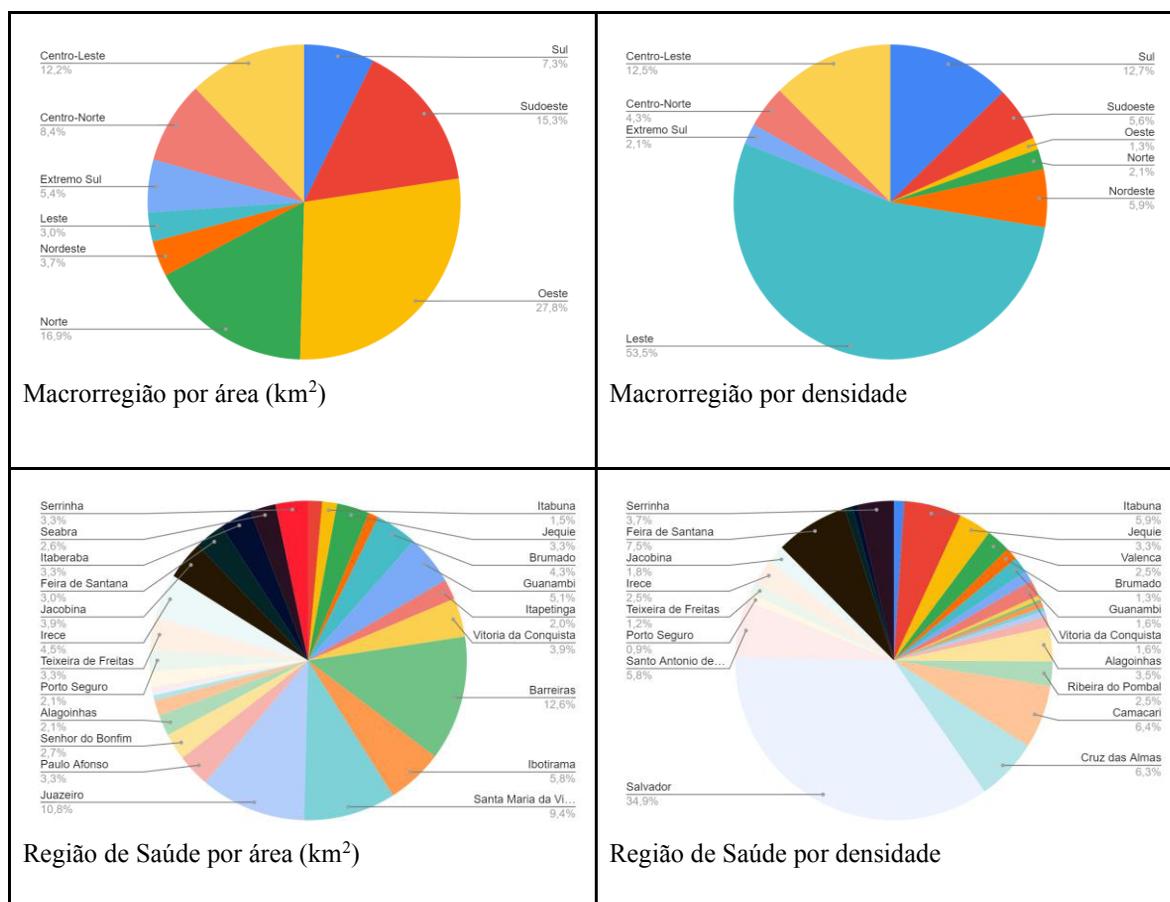
* densidade média populacional=população/área.

Fonte: Elaboração própria (2022)

O Sudoeste concentra a maior parte dos municípios baianos, seguido pela Macrorregião Centro-Leste (72 municípios), Sul (68 municípios) e Leste (47 municípios). O Oeste ocupa 27,9% do território baiano, seguido pelo Norte (16,9%) e Sudoeste (15,3%), embora extensas, as regiões Oeste e Norte são as menos povoadas, conjuntamente com o Extremo Sul baiano. A região Leste é mais densamente povoada, seguida pela macrorregião Sul e Centro-Leste.

Embora as Regiões de Saúde Feira de Santana e Jequié, seguidas por Santo Antônio de Jesus, Guanambi e Itabuna, concentrem a maior parte dos municípios da Bahia (Quadro 13), são as Regiões de Barreiras, Juazeiro e Santa Maria da Vitória que ocupam as maiores áreas do território da Bahia. No que diz respeito a densidade populacional, o destaque vai para Salvador, Camaçari e Cruz das Almas (Quadro 14).

Quadro 14 – Características de ocupação por Macrorregião e Região de Saúde

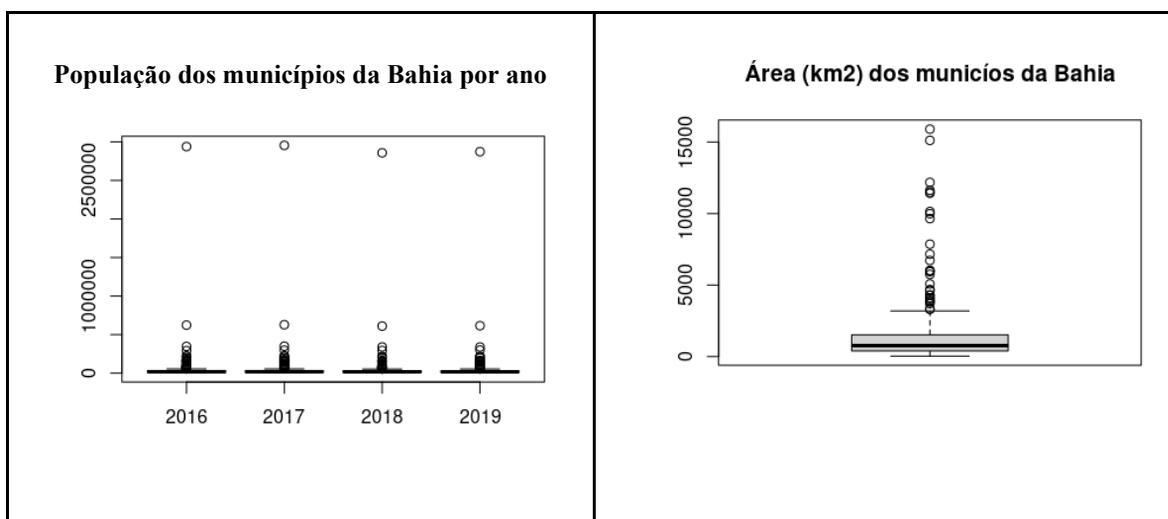


Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021a).

7.1.1 Porte dos municípios

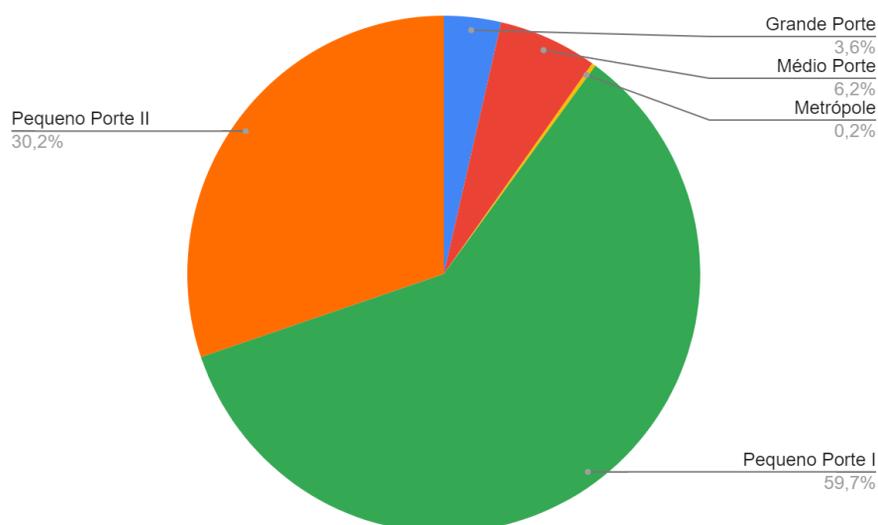
Segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), o porte do município é aferido pelo tamanho da população. Municípios de pequeno porte I têm população abaixo de 20 mil habitantes, aqueles cuja faixa populacional está entre 20 e 50 mil habitantes são classificados como de Pequeno Porte II. Municípios entre 50 e 100 mil habitantes são classificados como de médio porte. Os municípios de grande porte têm população entre 100 e 900 mil habitantes. Já a população nas metrópoles deve ultrapassar os 900 mil habitantes (IBGE, 2021a).

Ressalte-se que o tamanho da população entre as cidades baianas, bem como a área ocupada por elas, apresenta variação. Madre de Deus com seus 32,2 km² tem menor extensão territorial e Formosa do Rio Preto a maior com 15.901,7 km². O território dos municípios baianos têm valor médio em torno de 765,2 km².

Quadro 15 – População por ano e área (km²) dos municípios da Bahia

Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021a).

Salvador como metrópole, a maior parte dos municípios da Bahia têm até 50 mil habitantes (89,93%) classificados como de pequeno porte. 249 municípios são considerados de pequeno porte I e 126 municípios de pequeno porte II. Contabiliza-se 26 municípios de Médio Porte, por terem população em torno de 50 e 100 mil habitantes, e apenas 15 municípios como de grande porte.

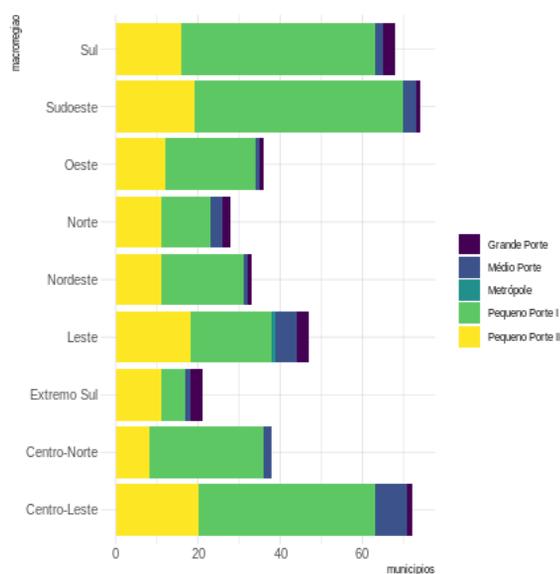
Gráfico 1 – Municípios da Bahia por porte

Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021a).

A maior quantidade dos municípios de pequeno porte I está no Sudoeste e Sul da Bahia; e a maior parte dos municípios de Grande Porte concentra-se nas macrorregiões do Sul, Leste (nela também está a Metrópole) e Extremo-Sul.

Os municípios de Pequeno Porte I estão presentes em quase todas as macrorregiões, exceto no Extremo-Sul baiano onde predominam municípios de porte II. O Centro-Leste, Sudoeste e Leste acolhem os municípios de porte II e os municípios de médio porte estão mais concentrados no Centro-Leste. A região Centro-Norte é a única caracterizada apenas por municípios de pequeno (I e II) e médio porte. Todas as demais macrorregiões têm municípios de todas as faixas populacionais.

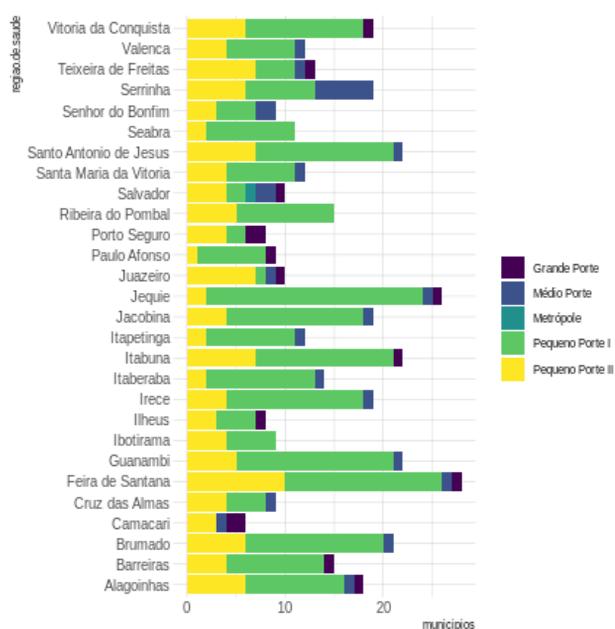
Gráfico 2 – Macrorregiões da Bahia por porte



Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021a).

Em relação às regiões de saúde, os municípios de pequeno porte I estão em maior número em Jequié, Guanambi e Feira de Santana. Os de porte II estão em Feira de Santana, Itabuna, Juazeiro e Teixeira de Freitas. Em Serrinha está a maioria dos municípios de Médio Porte e os de Grande Porte estão em Porto Seguro e Camaçari.

Gráfico 3 – Região da Saúde da Bahia por porte



Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021a).

Apenas as regiões de Alagoinhas, Juazeiro, Jacobina, Feira de Santana, Salvador e Teixeira de Freitas contêm municípios de todos os portes populacionais. As regiões de Barreiras, Ilhéus, Itabuna, Paulo Afonso, Porto Seguro e Vitória da Conquista são caracterizadas por municípios de pequeno (I e II) e grande porte. Formadas por municípios de pequeno e médio porte estão as regiões de Brumado, Cruz das Almas, Guanambi, Irecê, Itaberaba, Itapetinga, Jacobina, Santa Maria da Vitória, Santo Antônio de Jesus, Senhor do Bonfim, Serrinha e Valença. Camaçari é caracterizada por municípios de Pequeno (porte II), médio e grande porte. Já Ibotirama, Ribeira do Pombal e Seabra tem apenas municípios de pequeno porte I e II.

7.1.2 Índice de Desenvolvimento Humano dos Municípios

O Índice de Desenvolvimento Humano (IDH) é uma medida geral e sintética usada para classificar o grau de desenvolvimento econômico e a qualidade de vida dos países. Foi criado em 1990 e vem sendo publicado anualmente desde 1993 pelo Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento – PNUD da ONU. O IDH varia em uma escala que vai de 0 a 1. Quanto mais próximo de 1, maior o desenvolvimento humano (ATLASBR, 2020). A escala classifica os países em cinco faixas: IDH muito alto, alto, médio, baixo e muito baixo, conforme os intervalos abaixo (ALTASBR, 2020):

< 0,50: Muito Baixo | 0,5 - 0,599: Baixo | 0,6 - 0,699: Médio | 0,7 - 0,799: Alto | >= 0,800: Muito Alto

Em termos gerais, o valor do IDH nos municípios baianos varia entre 0.5735 e 0.8230, com média de 0.6769 e mediana de 0.6725. Isto significa que os municípios baianos têm de médio a alto desenvolvimento, conforme indica o resumo sumário abaixo:

Quadro 16 – Descrição sumária do IDH dos municípios baianos

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
0.5735	0.6535	0.6725	0.6769	0.6970	0.8230

Fonte: Elaboração própria (adaptado de ATLASBR, 2020).

A Bahia tem 323 municípios com IDH médio, 92 municípios com IDH alto (entre 0.7 e 0.79), 2 municípios com IDH maior ou igual a 0.8. Ou seja, 76,50% dos municípios baianos

têm desenvolvimento médio, enquanto 22% apresentam IDH alto. A tabela abaixo evidencia que a maior parte dos municípios com IDH alto é de pequeno porte.

Quadro 17 – Relação do porte dos municípios por IDH

Porte dos Municípios	IDH	Número de Municípios
Grande Porte	ALTO	14
Grande Porte	MUITO ALTO	1
Médio Porte	ALTO	15
Médio Porte	MÉDIO	11
Metrópole	MUITO ALTO	1
Pequeno Porte I	ALTO	30
Pequeno Porte I	BAIXO	3
Pequeno Porte I	MÉDIO	216
Pequeno Porte II	ALTO	33
Pequeno Porte II	BAIXO	1
Pequeno Porte II	MÉDIO	92

Fonte: Elaboração própria (adaptado de ATLASBR, 2020 e IBGE,2021a)

Os municípios de Ibiquera (IDH = 0.5825), Itapicuru (IDH = 0.5735), Lamarão (IDH = 0.5820) e Macajuba (IDH = 0.5990) são os que apresentam índices mais baixos. Ibiquera e Macajuba estão localizados na região de Itaberaba, enquanto Itapicuru e Lamarão são municípios de Alagoinhas e Serrinha, respectivamente. São da região de Salvador os municípios com alto índice de IDH: Lauro de Freitas (IDH = 0.8230) e SALVADOR (IDH = 0.8115).

Quadro 18 – Relação da macrorregião, região de saúde e municípios com IDH baixo

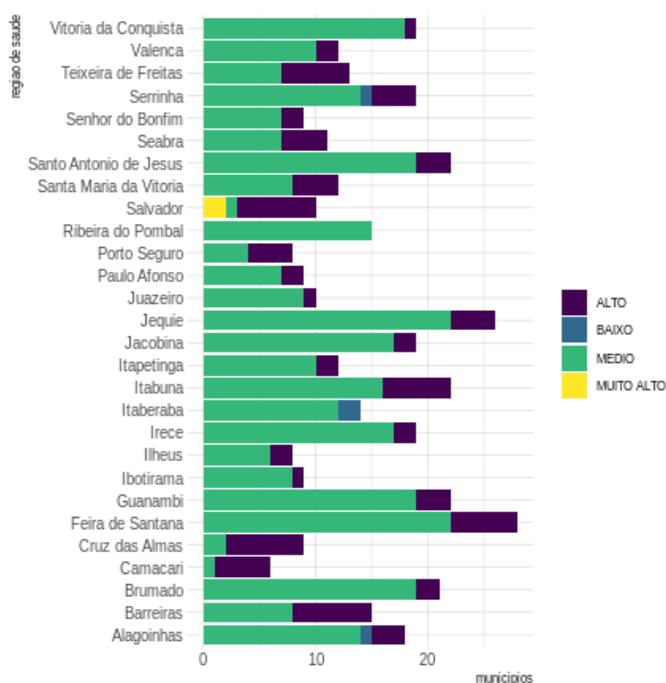
Macrorregião	Região de Saúde	Município	IDH
--------------	-----------------	-----------	-----

Nordeste	Alagoinhas	ITAPICURU	0.5735
Centro-Leste	Serrinha	LAMARÃO	0.5820
Centro-Leste	Itaberaba	IBIQUERA	0.5825
Centro-Leste	Itaberaba	MACAJUBA	0.5990

Fonte: Elaboração própria (adaptado de ATLASBR, 2020)

Prevalece entre as regiões de saúde o IDH médio e alto. A região de Salvador é a única com IDH médio, alto e muito alto. As regiões de Alagoinhas e Serrinha são marcadas por IDH médio, alto e baixo; Itaberaba com IDH médio e baixo e Ribeira do Pombal tem IDH médio.

Gráfico 4 – Relação da região de saúde por IDH



Fonte: Elaboração própria (adaptado de ATLASBR, 2020).

7.1.3 Tipologia do município

Em 2017, o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística propôs a discussão sobre os critérios utilizados na delimitação do território nacional com objetivo de expandir a diferenciação de áreas rurais e urbanas. A nova classificação visava tanto a otimização de políticas públicas e do planejamento privado quanto alinhar as informações nacionais à categorização já utilizada em organizações internacionais como a União Europeia, e a de países como os Estados Unidos, favorecendo a comparabilidade dos resultados brasileiros (IBGE, 2017).

A nova classificação criada para os espaços rurais e urbanos, por município, seguiu critérios definidos como comuns e aplicáveis para todo o país: a densidade demográfica, a localização em relação aos principais centros urbanos e o tamanho da população. A partir da análise desses critérios, os municípios foram caracterizados como "urbanos", "rurais" ou "intermediários". (IBGE, 2017).

Desta forma, os municípios podem ser classificados como: “urbano”, “intermediário adjacente”, “intermediário remoto”, “rural adjacente” e “rural remoto”, ou seja, municípios predominantemente urbanos, intermediários próxima a uma cidade, intermediários remotos, predominantemente rural e próximos a uma cidade ou predominantemente rural e em área remota. (IBGE, 2017).

Esta definição de tipologias de municípios foi aproveitada pelo Ministério da Saúde para fins de novo financiamento da atenção básica, bem como para definição de critério para alocação do provimento médico. (COSEMSBA, 2016).

A Bahia tem 232 municípios com baixo grau de urbanização, 128 municípios com moderado grau de urbanização e 57 unidades populacionais com alto grau de urbanização. Prevalcem em termos quantitativos os municípios do tipo rural adjacente (62.59%), seguidos pelos municípios urbanos (16.07%) e intermediários adjacentes (15.34%), conforme indica o sumário abaixo:

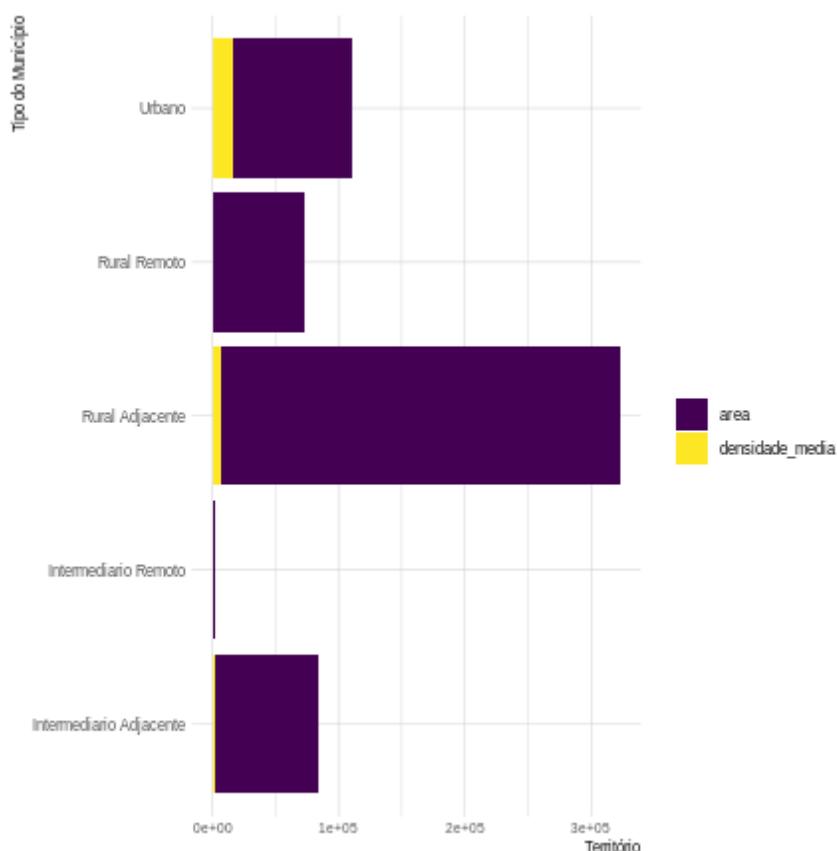
Quadro 19 – Relação de municípios por tipologia

intermediário adjacente	intermediário remoto	rural adjacente
64	1	261
rural remoto	urbano	
24	67	

Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2017)

Além de quantitativa, a prevalência dos municípios rurais adjacentes e urbanos se mantém quando analisamos a área por km² ocupada e a densidade.

Gráfico 5 – Relação dos tipos de municípios por área e densidade



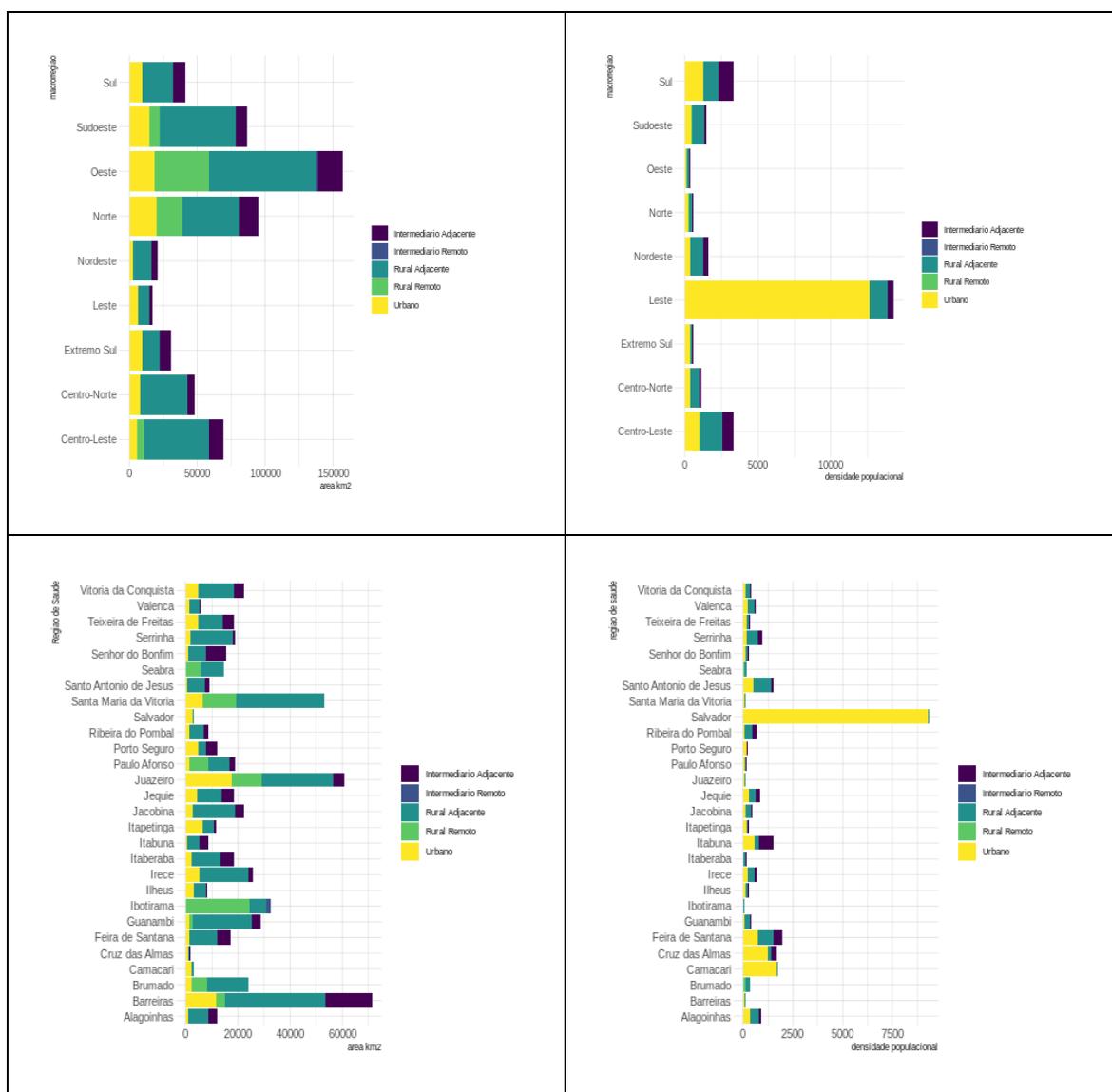
Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2017).

Na macrorregião sul prevalece em termos de área ocupada os municípios rurais e adjacentes (que ficam próximos a uma cidade). Em relação a densidade média, nota-se que em Itabuna e Ilhéus os municípios próximos a cidade e mais urbanos são mais densos, e que Jequié e Valença são as zonas rurais próximas a cidade com mais adensamento populacional.

Mais ruralizadas são as macrorregiões do Sudoeste, Norte e Oeste baiano. Enquanto para as duas primeiras predomina o rural adjacente, a última é marcada pela remotidão. A região Leste é a mais urbanizada. As demais regiões, Nordeste, Extremos Sul, Centro-Norte

e Centro-Leste mostram-se em termos territoriais entre intermediário adjacente, rural adjacente e urbano.

Gráfico 6 – Organização tipológica por Macrorregião e Região de Saúde baiana



Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2017)

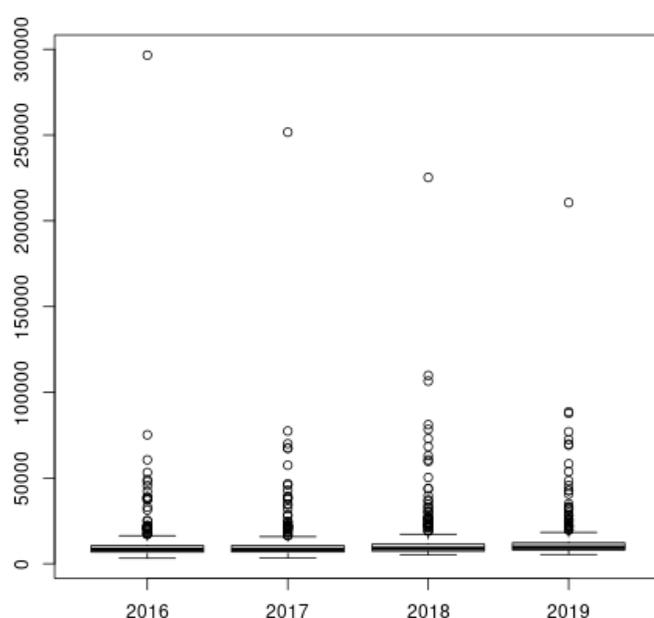
7.1.4 PIB per capita

Como parte das iniciativas para expandir as Contas Regionais do Brasil e integrá-las ao Sistema de Contas Nacionais (metodologia que vem sendo desenvolvida desde 1996), foi criado pelo IBGE um indicador capaz de coletar informações municipais econômicas de forma padronizada e comparável. A estimação do Produto Interno Bruto - PIB dos Municípios integrou Contas Nacionais e Regionais. Ainda que em 2000 os municípios tivessem condições técnicas de estimá-lo, foi em 2005 que o programa foi consolidado através da publicação que evidencia os PIB's municipais entre 1999 e 2003 (IBGE, 2016).

O PIB municipal desde então tem sido utilizado como subsídio para avaliação da economia dos municípios. A partir da estimação do valor bruto por atividade, de cada estado, resultante das Contas Regionais, ocorre a distribuição por município. Ajustes nas Contas Nacionais e Regionais leva a ajustes no cálculo do PIB (IBGE, 2016).

O PIB *per capita* mensura quanto do PIB municipal caberia a cada indivíduo. Ele é obtido por meio da divisão do PIB pelo número de habitantes da localidade (IBGE, 2016). Por ter relação com o número de habitantes, sofre sua influência.

Gráfico 7 – Evolução do PIB *per capita* da Bahia por ano



Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019)

A diferença de perfil populacional entre municípios baianos impacta na variação percebida do PIB *per capita*. A análise sumária feita do PIB *per capita* para o período de 2016 a 2019 mostra que o valor mínimo do PIB estava em R\$ 3.191, o médio em R\$ 12.061 e o máximo em R\$ 296.621.

Quadro 20 – Descritiva sumária do PIB *per capita* do período

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
3191	7251	8822	12061	11267	296621

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019).

Em 2016, o PIB *per capita* médio estava em torno de R\$11.140, variando entre R\$3.191 e R\$296.621. À época, a maioria dos municípios concentrava PIB de R\$ 6.988,57.

Quadro 21: Descritiva sumária do PIB *per capita* 2016

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	Most Values
3191	6800	8283	11140	10619	296621	6988.57

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019).

O valor médio do PIB caiu em 2017, para grande parte dos municípios o PIB por habitante estava em R\$ 6.354,69, variando entre R\$ 3.290 a R\$ 251.665.

Quadro 22 – Descritiva sumária do PIB *per capita* 2017

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	Most Values
3290	6820	8229	11320	10653	251665	6354.69

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019).

Ainda que o valor máximo do PIB tenha decaído, nota-se leve crescimento em 2018.

Quadro 23 – Descritiva sumária do PIB *per capita* 2018

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	Most Values
5065	7384	8924	12764	11470	225290	6794.21

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019).

A queda do valor máximo do PIB se mantém em 2019, ao passo que os valores mínimos, médios e da maior parte dos municípios tenham subido.

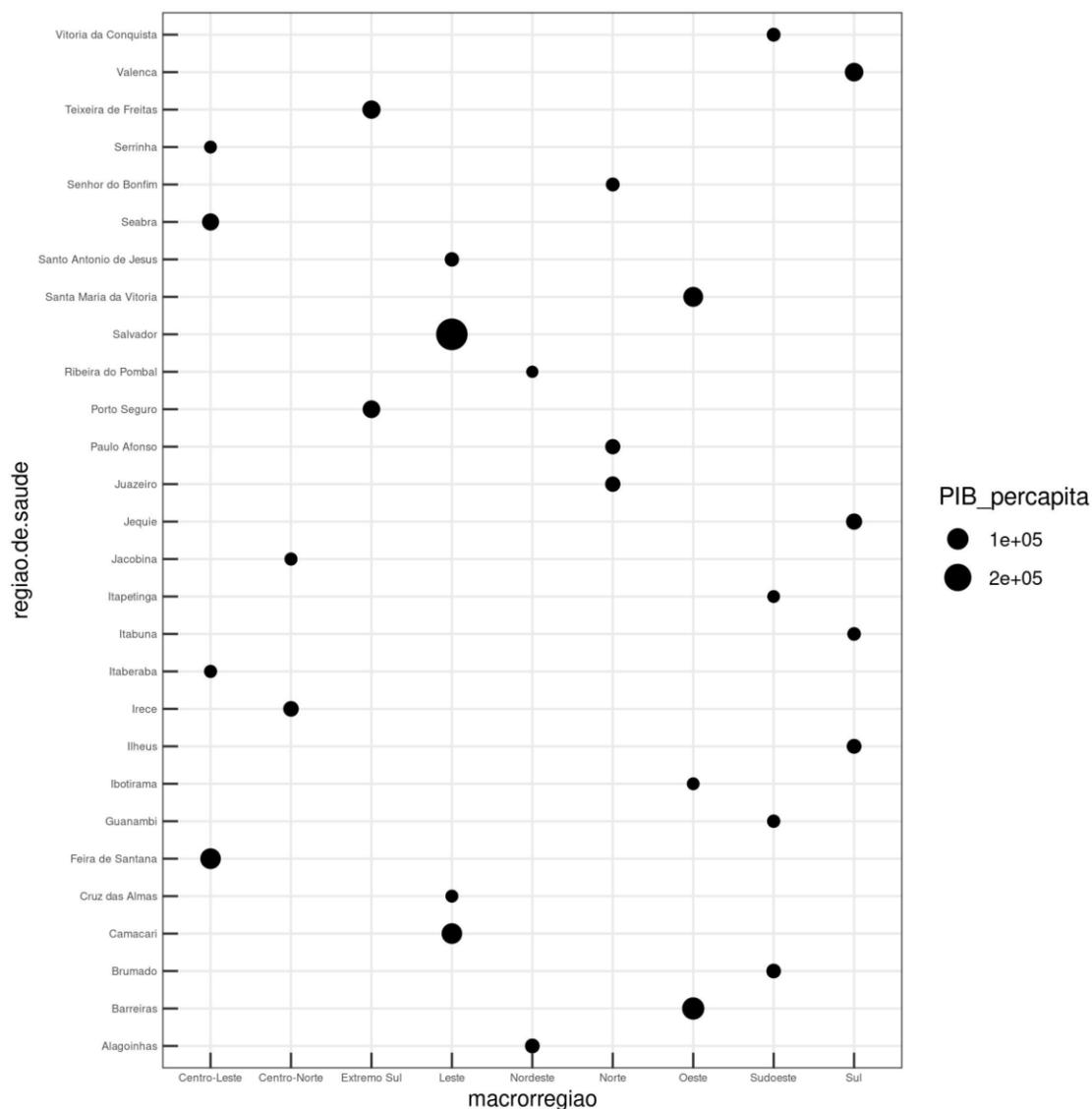
Quadro 24 – Descritiva sumária do PIB *per capita* 2019

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	Most values
5387	7960	9553	13022	12210	210629	8936.13

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019).

A macrorregião Leste, Oeste e Centro-Leste somam os maiores PIBs per capita e Centro-Norte e Nordeste os menores valores (Quadro 25). Contudo, quando analisamos as localidades com que mantiveram os maiores PIBs per capita do Estado ao longo do período estudado (2016 a 2019), dos 417 municípios baianos, 245 municípios destacaram-se.

Embora estes municípios estejam nas regiões de saúde Salvador (Leste), Camaçari (Leste) e Barreiras (Oeste) com a maior soma de PIB per capita médio acumulado no período, é a região Oeste que responde com maior PIB per capita médio do Estado (especificamente R\$ 28.288,52), seguido pelas macrorregiões Leste e Extremo Sul, respectivamente com R\$25.878,38 e R\$ 17.435,36. Já as macrorregiões de Nordeste (R\$ 14.266,42), Sudoeste (R\$12.468,40) e Sul (R\$ 12.834,83) detêm os menores PIBs per capita médio acumulados.

Quadro 25 – Macrorregião e Região de Saúde em relação ao PIB *per capita*

Fonte: Elaboração própria (adaptado de SEI, 2019)

7.1.5 Semiárido

Segundo o SNIRH (IBGE,2021b), o Semiárido passou a referenciar a área anteriormente reconhecida como Polígono das Secas. Decisão fora tomada a partir das convenções internacionais adotadas após a Conferência Internacional das Nações Unidas para o Combate à Desertificação em Nairóbi, ocorrida no Quênia no ano de 1977.

O Polígono das Secas ou "Área da Zona Seca" compreende uma zona marcada por um fenômeno climático caracterizado por irregularidade hídrica, com períodos alternados de

longas estiagens e períodos curtos de chuva concentrada. Foi a lei nº 175 de 1º de janeiro de 1936 que delimitou esta área como "Polígono das Secas" (SUDENE, 1981 apud NASCIMENTO, 1995).

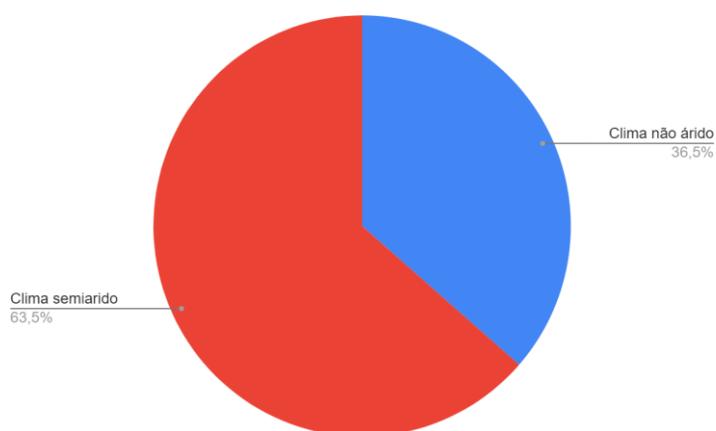
A área da Zona Seca ao longo do tempo sofreu várias reorganizações em 1946, 1951 e 1956 com a incorporação de novas unidades territoriais à sua superfície (NASCIMENTO, 1995). Coube a SUDENE, desde a sua criação em 1959, gerenciar, delimitar e mapear as áreas de ocorrência de secas a qual desde a sua inclusão na Constituição (1934 e ampliada em 1936 e na de 1988) tem prevista dotação orçamentária consignada anualmente para fins de combate aos efeitos gerados pela falta de chuva (NASCIMENTO, 1995).

À época da Sudene identificou-se que precipitações isoietas de 800mm anuais caracterizavam a ocorrência de seca e desde então este tem sido o indicador utilizado para a delimitação da área da Zona Seca. Ele foi adotado pela Constituição de 1988 para a delimitação da região Semiárida para fins de aplicação de recursos do Fundo de Desenvolvimento do Nordeste (FNE) (NASCIMENTO, 1995).

A delimitação da Região Semiárida, determinada pela Resolução nº 10.929 de julho de 1994, do Conselho Deliberativo da SUDENE, pôs em desuso o conceito de Polígono das Secas visto que ele não mais seria referenciado para aplicação de recursos (NASCIMENTO, 1995).

Em 2005, a área geográfica de abrangência foi delimitada de novo após a constatação da inadequabilidade do critério de precipitação adotado e em vigor desde 1989, e posteriormente, em 2017, houve nova redefinição. O Semiárido atual compreende o território de 1.262 municípios (IBGE, 2021b).

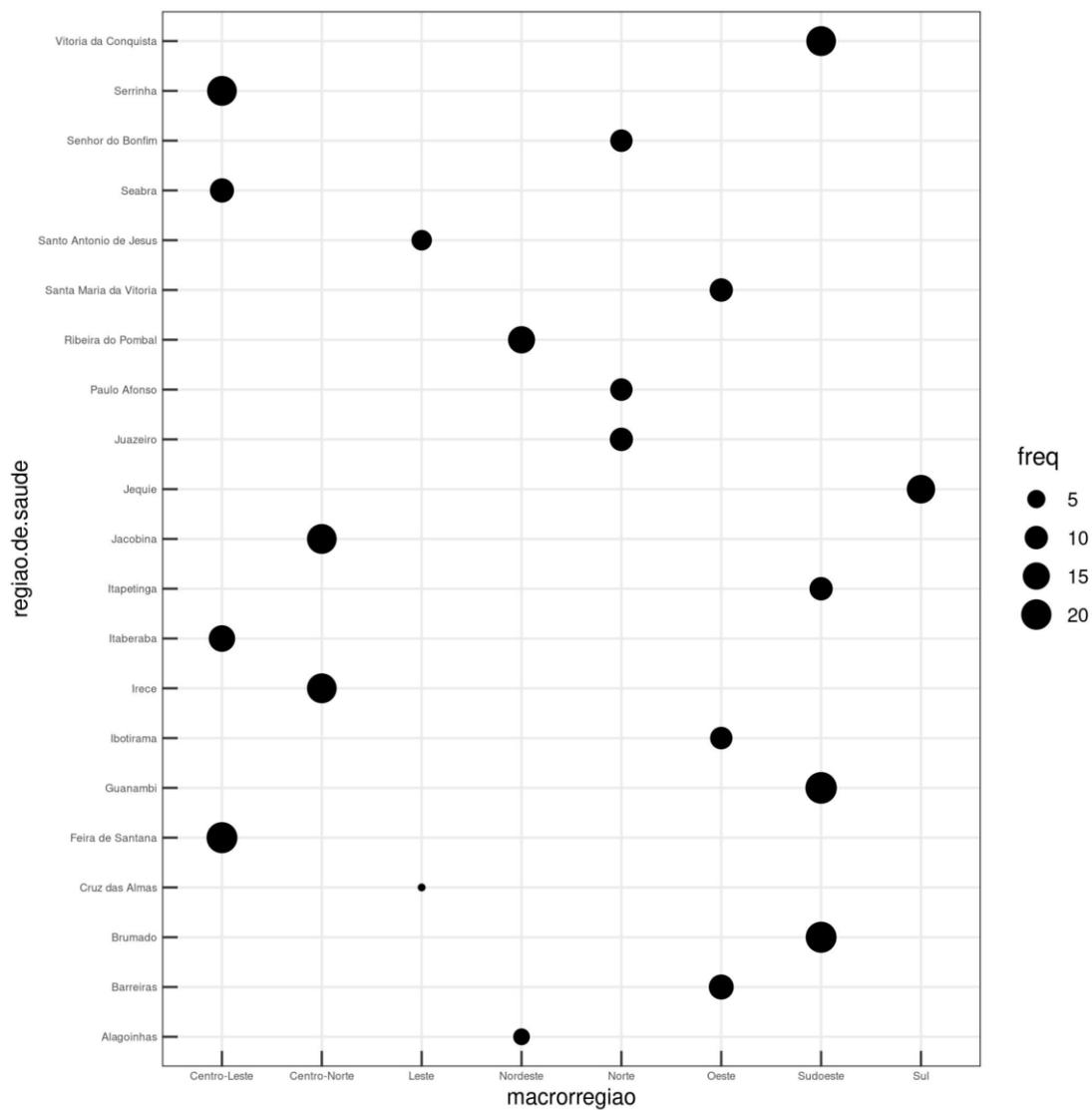
A região Semiárida não corresponde, assim, “à clássica classificação climática de semiárido, mas a uma zona de maior incidência de ocorrência de secas”. (NASCIMENTO, 1995 p.19). O mapeamento realizado pela Sudene em 1994 evidenciou que o Estado da Bahia tinha 257 municípios na área semiárida (NASCIMENTO, 1995). Atualmente, são 278 municípios, o que corresponde a 36,5% dos municípios.

Gráfico 8 – Municípios baianos de clima semiárido

Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021b).

O Centro-Leste e o Sudoeste baiano concentram a maior parte dos municípios do semiárido distribuídos, principalmente, nas regiões de Guanambi, Brumado, Feira de Santana, Jacobina, Irecê e Vitória da Conquista.

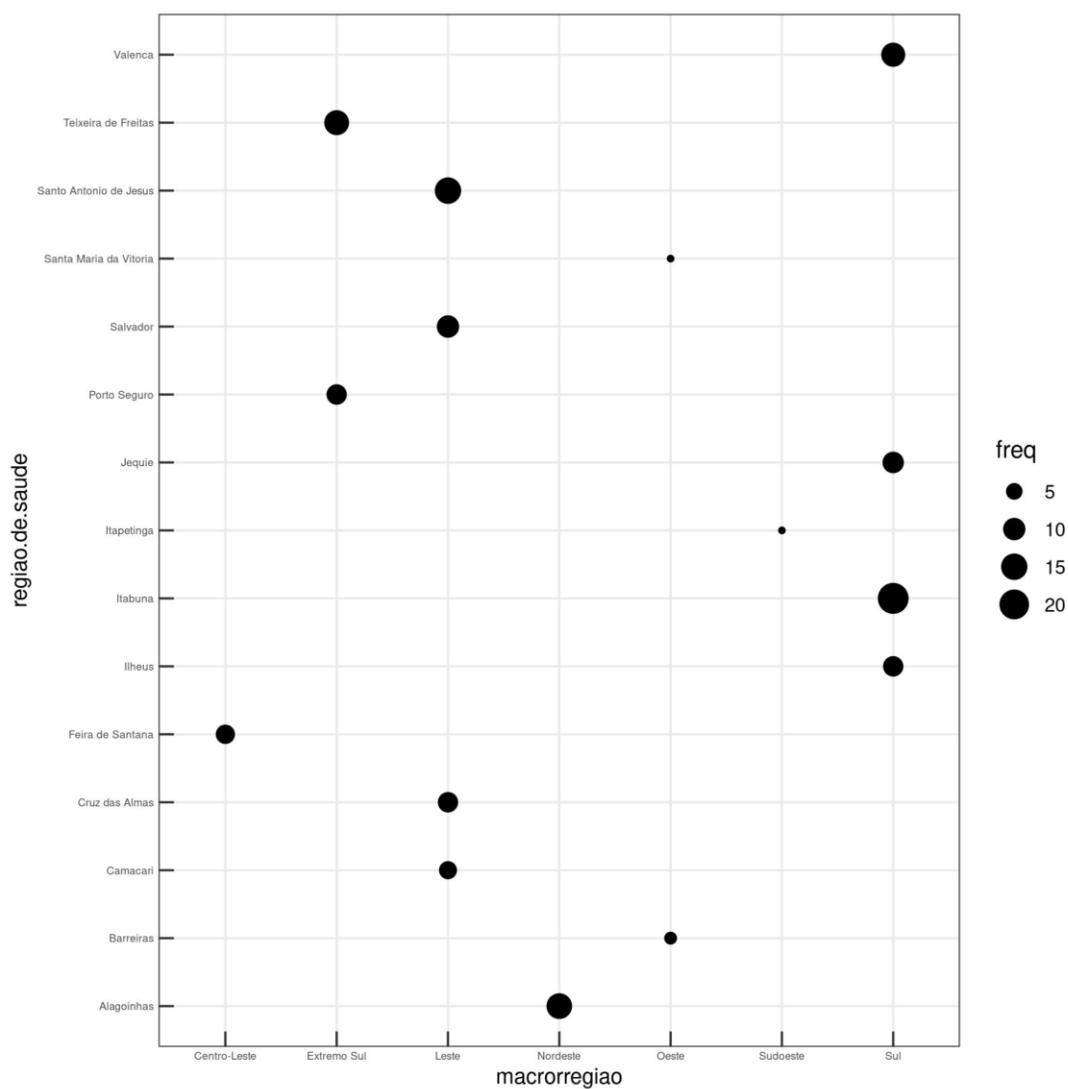
Gráfico 9 – Municípios do semiárido baiano por macrorregião e região de saúde



Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021b).

A região Sul, Extremo-Sul e Leste são notadamente marcadas por municípios que não estão no semiárido, destaque para o Extremo-Sul baiano.

Gráfico 10 – Municípios que não estão no semiárido por macrorregião e região de saúde

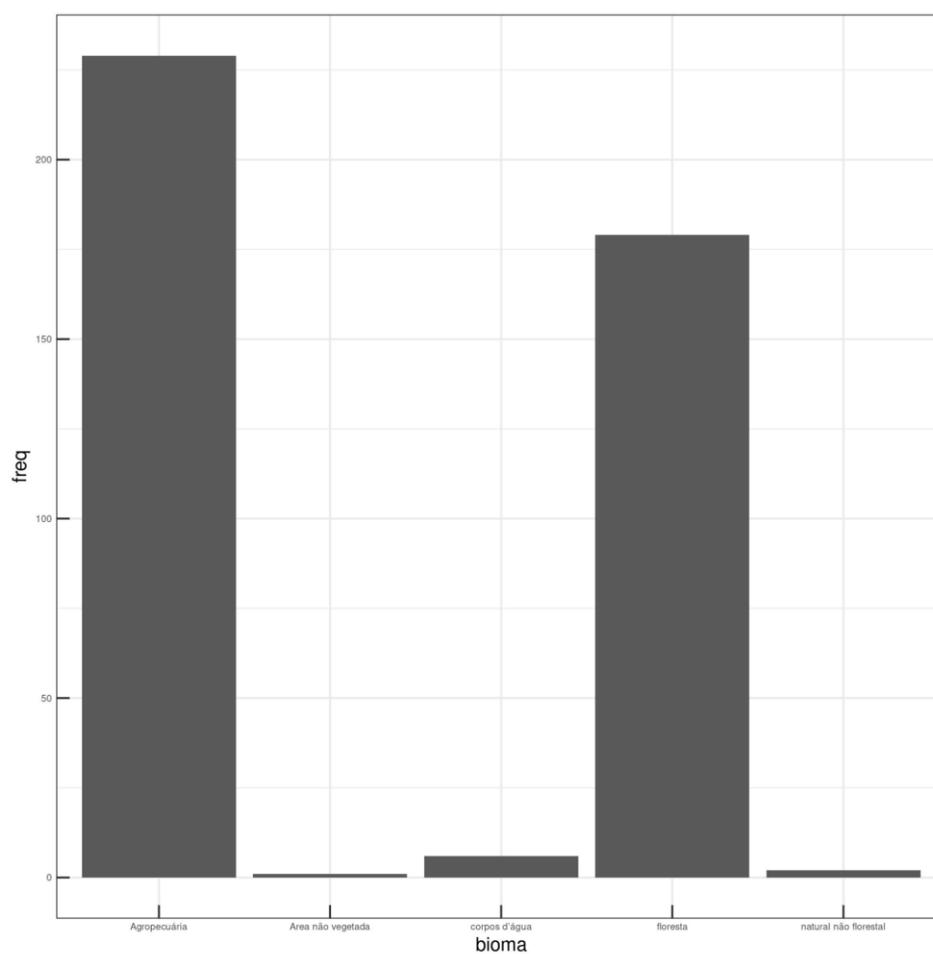


Fonte: Elaboração própria (adaptado de IBGE, 2021b).

7.1.6 Bioma

A maior parte do uso do solo baiano é destinado à agropecuária (54.91%), seguido por áreas florestais (42.92%) e corpos d'água (1.43%) – vide Gráfico 11.

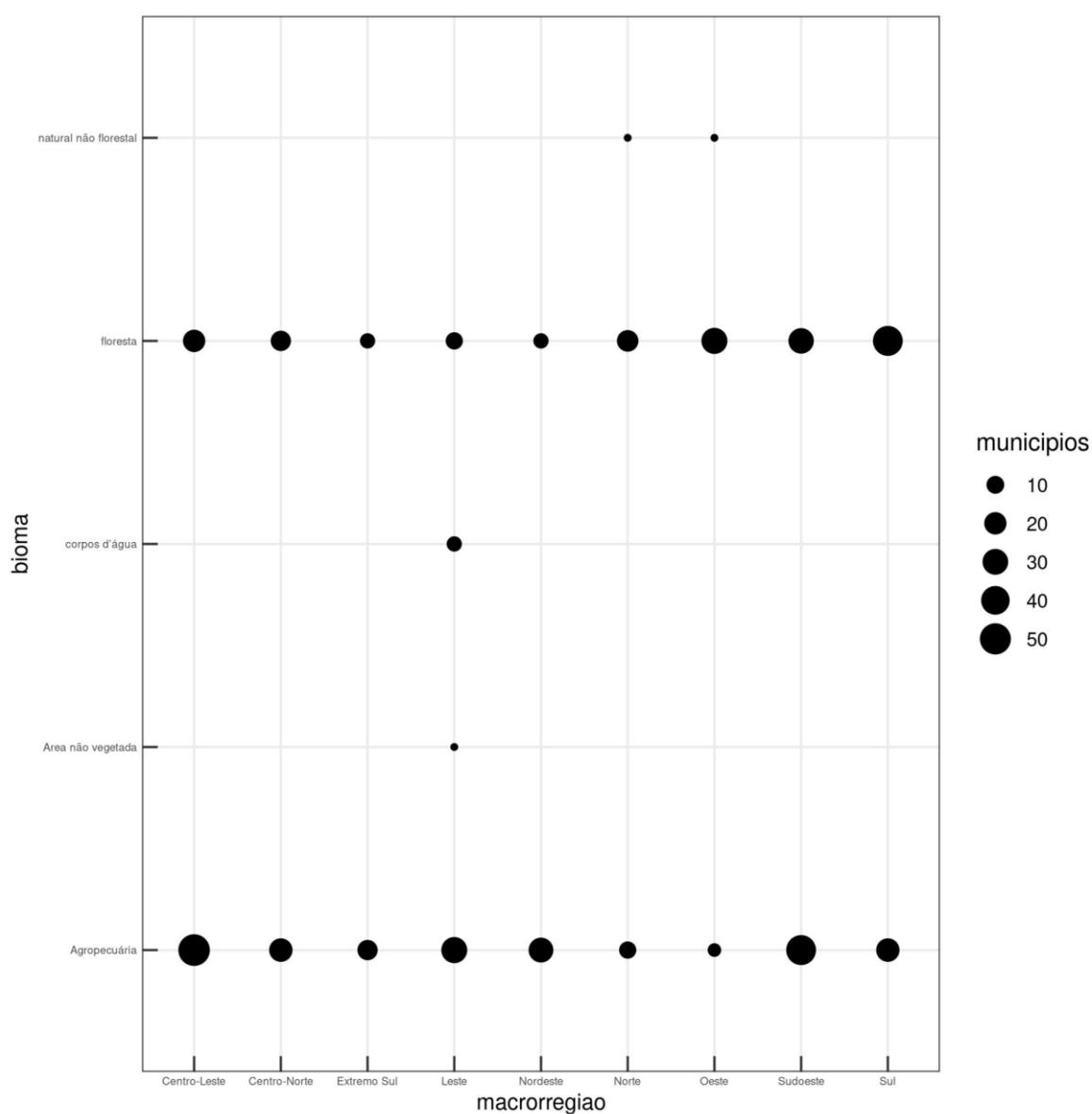
Gráfico 11 – Uso do solo baiano



Fonte: Elaboração própria (adaptado de MAPBIOMAS, 2015).

A agropecuária prevalece na maioria das macrorregiões, a exceção das regiões Norte e Oeste. Apenas a região Leste contém os 5 biomas levantados e as regiões Norte e Oeste têm área natural não florestal que representa campo alagado ou área pantanosa, formação campestre, apicum, afloramento rochoso e outras formações não florestais (MAPBIOMAS,2015).

Gráfico 12 – Tipos de uso do solo por Macrorregião e Região de Saúde



Fonte: Elaboração própria (adaptado de MAPBIOMAS, 2015).

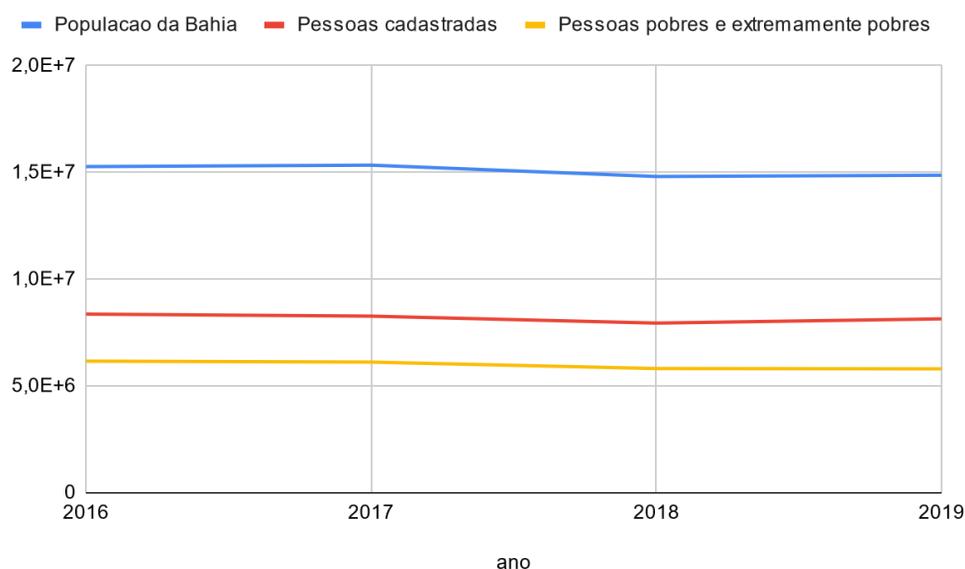
7.1.7 Índices de Vulnerabilidade

Criado em 24 de julho de 2001, através do Decreto nº 3.877, no governo de Fernando Henrique Cardoso, o Cadastro Único para Programas Sociais do Governo Federal abriga informações sobre as condições de vida da população pobre do país, indivíduos e famílias. Ao longo de seu uso, ele tem se instituído como principal fonte de informações sobre a população de baixa renda, capaz de auxiliar os governos na formulação de políticas públicas. As informações do Cadastro Único são utilizadas para definição de público-alvo para políticas sociais, aplicadas em qualquer das três esferas federativas (federal, estadual e municipal) (TORRES, 2016).

Articuladas em torno da concepção de combate à pobreza mediado pela adoção da transferência de renda, as ações em torno das informações coletadas pelo Cadastro Único visam delimitar o público com renda insuficiente, definido a partir de uma linha de pobreza e de um corte de renda, apto a receber benefícios de políticas de enfrentamento à pobreza (TORRES, 2016).

Entre 2016 e 2019, em torno de 50% da população baiana estava inscrita no Cadastro Único, cerca de 40% da população inscrita estava em situação de pobreza ou extrema pobreza.

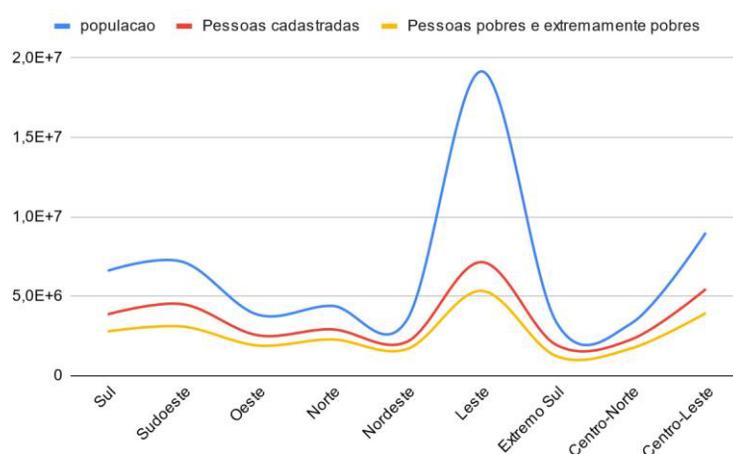
Gráfico 13 – População inscrita no Cadastro Único em relação à população da Bahia por ano



Fonte: Elaboração própria (adaptado de CADÚNICO, 2022).

Embora as macrorregiões Leste, Centro-Leste, Sudeste e Sul concentram o maior número de pobres e extra pobres inscritos no Cadastro Único, são as regiões Centro-Norte (52.075%), Norte (51.848%), Oeste (49.305%) e Nordeste (47.585%) que concentram os maiores percentuais de inscritos quando os relacionamos com a população.

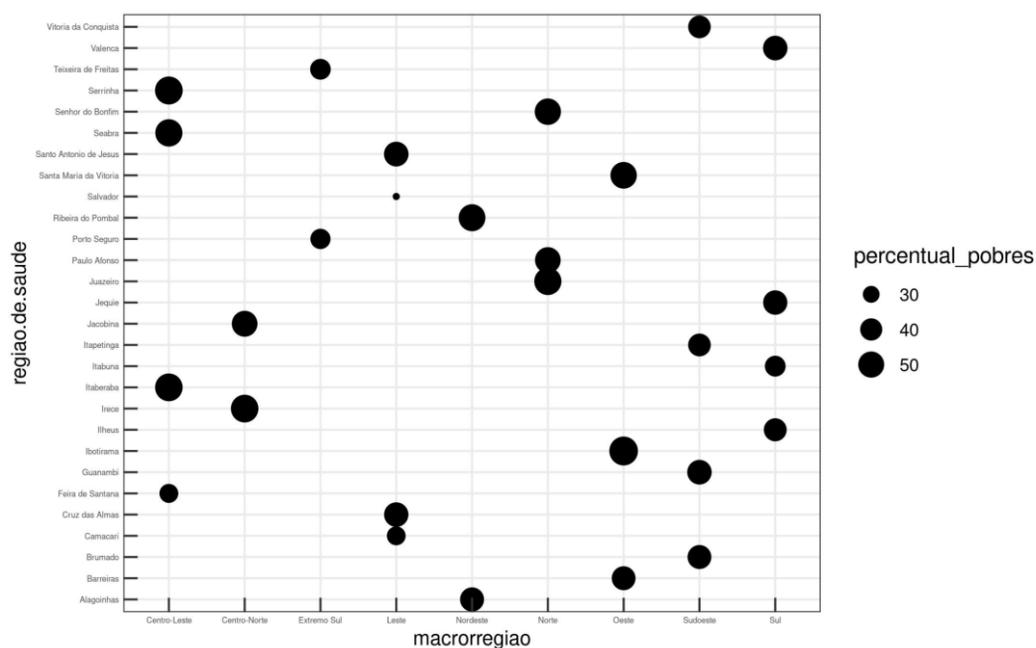
Gráfico 14 – População inscrita no Cadastro Único em relação à população da Bahia por ano



Fonte: Elaboração própria (adaptado de CADÚNICO, 2022).

O maior número de pobres e extra pobres inscritos no Cadastro Único estão nas regiões de Salvador, Feira de Santana, Serrinha e Juazeiro, embora estejam nas regiões de Ibotirama (58.273 %), Serrinha (55.303 %), Itaberaba (54.779 %) e Irecê (54.731 %), os maiores percentuais de pobres e extra pobres inscritos.

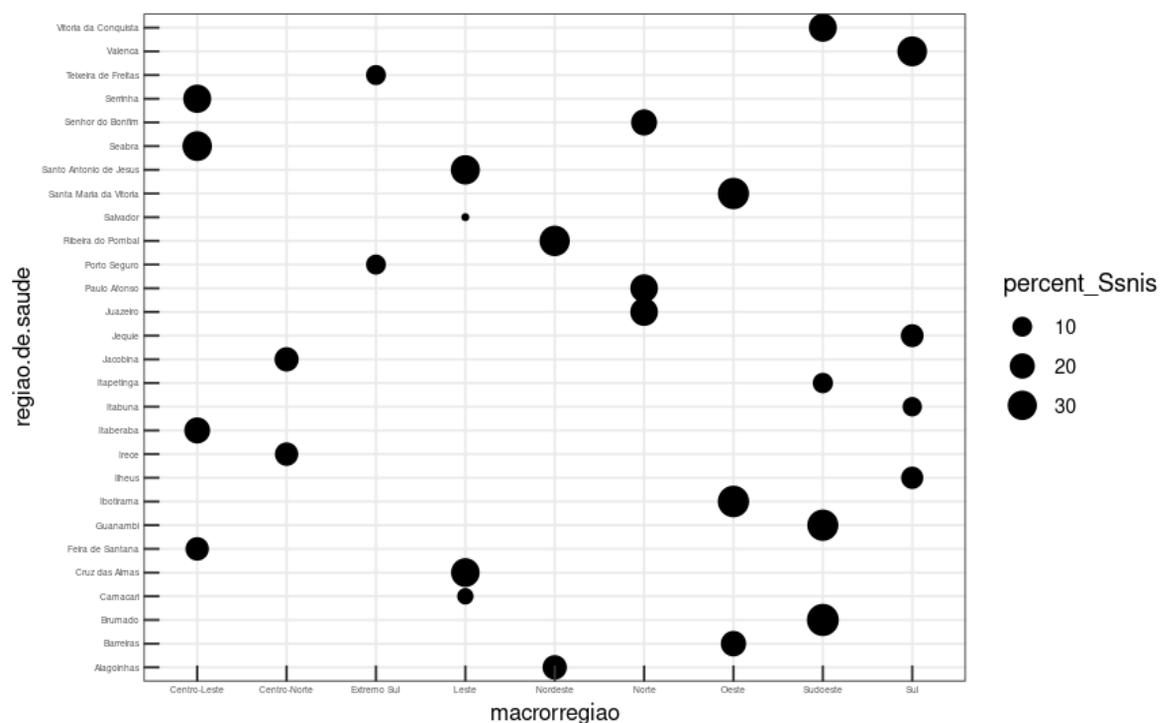
Gráfico 15 – Percentual da população pobre e extra pobre por macrorregião e região de saúde, 2016-2019.



Fonte: Elaboração própria (adaptado de CADÚNICO, 2018).

Em 2015, a população baiana contava com 15.203.869 milhões de habitantes, destes 1.112.414 (7.316%) estavam inscritos no Cadastro Único sem água, esgoto e coleta de lixo. As macrorregiões Sudoeste, Centro-Leste e Leste concentram a maior parte dos inscritos no Cadastro Único nestas condições (1.296.620,6 pessoas) distribuídas, principalmente, entre as regiões de Feira de Santana, Vitória da Conquista, Serrinha e Leste. O Gráfico 16 evidencia a distribuição dos inscritos em termos percentuais.

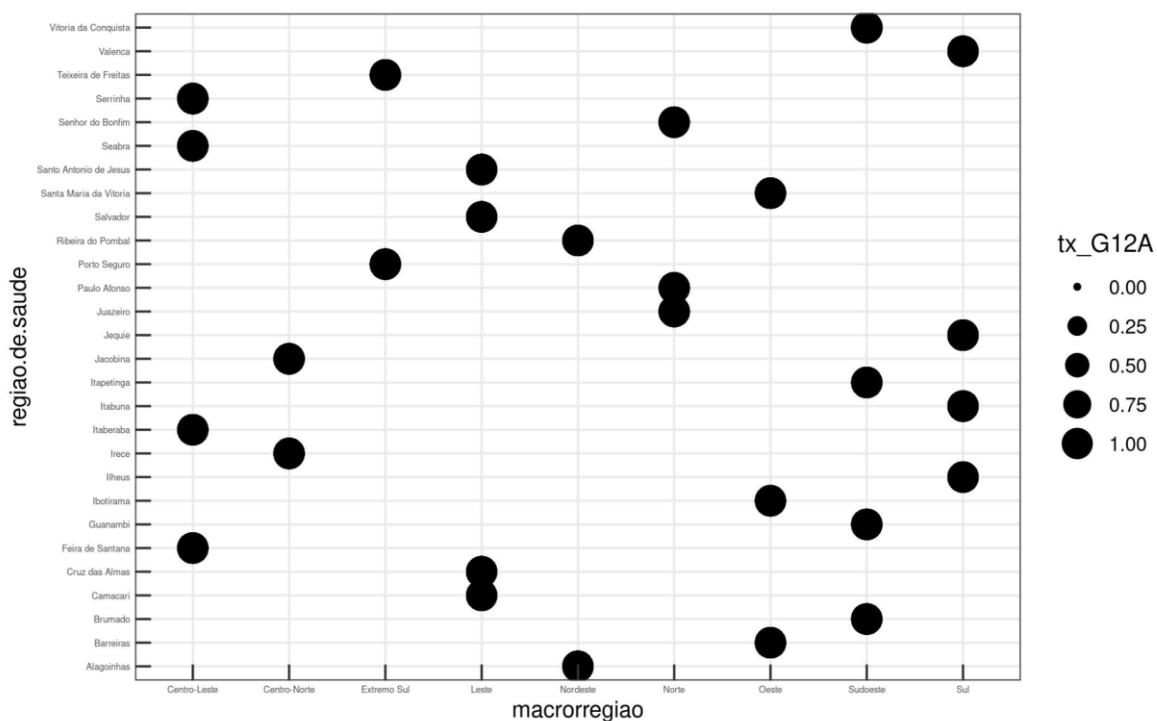
Gráfico 16 – Percentual da população inscrita no Cadastro Único sem água, esgoto e coleta de lixo por macrorregião e região de saúde, 2015



Fonte: Elaboração própria (ATLASBR, 2020).

Cerca de 96% da população baiana tem abastecimento de água. As regiões de saúde de Ibotirama e Santa Maria da Vitória, contidas na macrorregião Oeste, e a região de Juazeiro, da Região Norte, têm os menores percentuais de abastecimento, 52,097%, 78,615% e 79,725% respectivamente. Esse resultado pode estar ligado aos municípios que não tem informações e que se localizam, principalmente, nas macrorregiões Oeste (com 30% municípios sem informação), Sudoeste (23%) e Norte (18%).

Gráfico 17 – Percentual da população com abastecimento de água por macrorregião e região de saúde, de 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria (SNIS, 2021).

7.2 As Arboviroses na Bahia: a Dengue, a Zika e a Chikungunya

Desde 1985, a dengue adquiriu importância epidemiológica na Bahia quando a ocorrência de casos de dengue, intercalado de surtos, afetou os municípios do estado (TEIXEIRA; BARRETO; GUERRA, 1999). Ainda que tenham sido registrados relatos de casos suspeitos obtidos de um navio francês aportado em Salvador, em 1923, não foram registrados casos autóctones na cidade (TEIXEIRA; BARRETO; GUERRA, 1999). A primeira epidemia de dengue foi detectada em fevereiro de 1987 em Ipupiara, município do Sudoeste do estado, causada pelo sorotipo DEN-1. Cinco anos depois, em 1994, o vírus da dengue voltou a ser detectado na Bahia, momento em que, segundo Teixeira *et al.* (2001), o DEN-2 foi introduzido no território baiano a partir de uma cidade do extremo Sul do estado, disseminando-se em seguida.

Segundo Mendes *et al.* (2017), entre 1995 e 1997, com número de municípios atingidos quase quadruplicado, a circulação do sorotipo DENV1 simultaneamente a do DENV2

constituiu-se como um dos principais fatores de risco para ocorrência das formas graves da doença, como ocorreu na cidade do Rio de Janeiro.

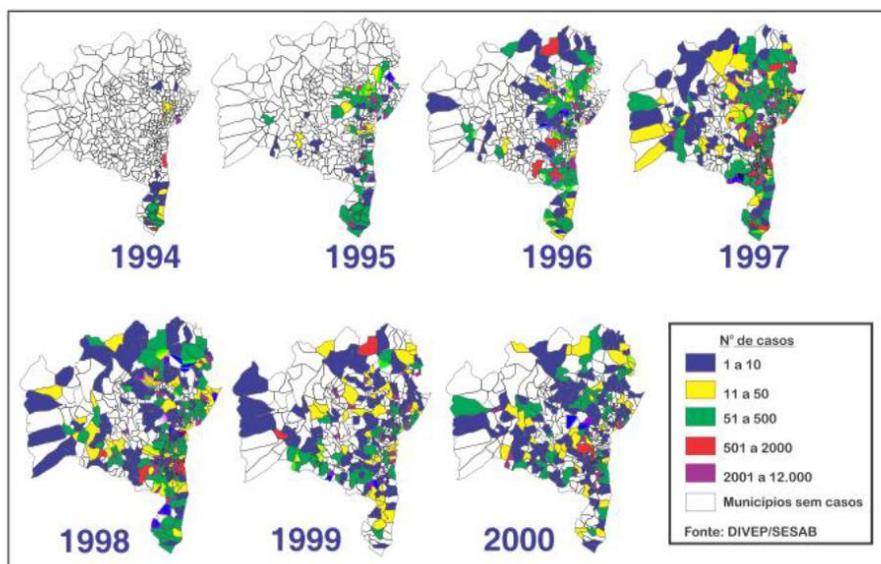
Ao longo dos anos, foram identificados também os vírus 3, em 2002, e 4, registrado em 2011, montando-se, a partir daí, quatro variações/manifestações sorológicas da dengue: DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4 (BEZERRA *et al.*, 2021).

Ao analisar a dinâmica espaço-temporal da dengue no estado da Bahia entre 1994 e 2000, com intuito de obter a compreensão da difusão espacial e da dinâmica das notificações de dengue por município no território baiano no período Melo *et al.* (2010) consideraram tanto o papel da Rodovia BR 101, rodovia próxima ao litoral, na difusão da dengue, bem como dos principais entroncamentos rodoviários federais “(BR-101, BR-407, BR-242, BR-116, BR-415) e estaduais (BA-263, BA-262 e BA-052)”; quanto a correlação entre o Índice de Infestação Predial e os casos, indicando que:

Possivelmente, os casos índices das novas áreas afetadas foram provenientes de cidades do próprio Estado da Bahia, muitas vezes atingindo simultaneamente várias cidades, revelando deste modo a velocidade de difusão do vírus. O fluxo intermunicipal de indivíduos em plena viremia deve ter sido o determinante do aspecto topológico espacial de conectividade encontrado neste estudo, devido ao importante sistema viário intermunicipal que favorece o intenso fluxo de pessoas, principalmente, em municípios que fazem parte dos polos dinâmicos da economia baiana, especialmente os turísticos, que naquela época possivelmente estavam densamente infestados pelo *Aedes aegypti*, conforme constatado pelos níveis de IP registrados (MELO *et al.*, 2010, p.143).

Destacavam-se em casos os municípios urbanizados e com elevadas taxas de densidade populacional, situados ao longo dos principais entroncamentos rodoviários federais e estaduais. Embora “a maior intensidade de detecção de casos e expansão territorial ocorreu nas regiões úmidas e semiúmidas do litoral”, com condições mais favoráveis para o crescimento vetorial, o *Aedes Aegypt* mostrou-se adaptado às regiões do árido e semiárido baiano. Assim, os vírus estiveram em todas as zonas climáticas do estado (MELO *et al.*, 2010, p.144).

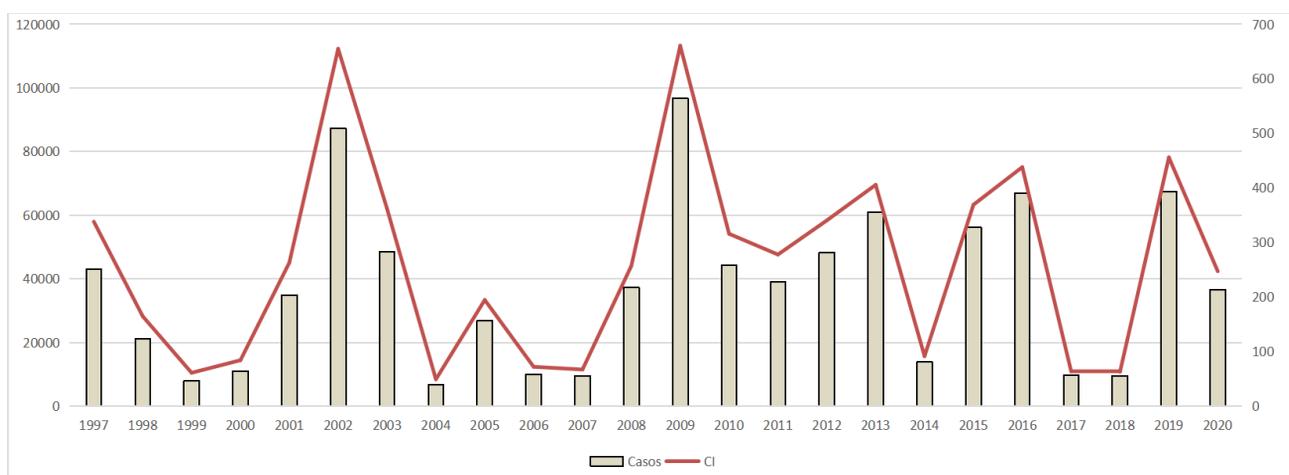
Mapa 1 – Distribuição dos casos de dengue registrado na Bahia entre 1994 e 2000



Fonte: MELO *et al.*, 2010, p.142.

De acordo com dados da SESAB (Gráfico 18), entre os anos de 1997 a 2019, a incidência média foi de 263 casos para cada cidade com 100.000 habitantes (BAHIA, 2020a).

Gráfico 18 – Distribuição dos casos confirmados e incidência de dengue por ano, Bahia, 1997 a 2019.



Fonte: BAHIA (2020a) *Dados até a 20ª Semana Epidemiológica. Extraído em 14/05/2020.

Em setembro de 2014, o município de Feira de Santana teve detectado um dos primeiros

casos autóctones de chikungunya causada pela linhagem *Eastern Central and Southern Africa* (ECSA), transmitidas pelo *Aedes aegypti* (outro havia ocorrido na Região Norte, no Oiapoque, no Amapá). Entre 2014 e 2015, a doença prevaleceria nas microrregiões de Feira de Santana, Serrinha e Salvador (SILVA, 2018).

Também em 2014, um surto de uma doença desconhecida acometeria a população do Nordeste brasileiro. Se para os médicos o conjunto dos sintomas indicava a ocorrência de alguma doença tropical (ZANLUCA *et al.*, 2015), para o senso comum tratava-se da consequência de água contaminada, conforme indica os jornais da época (LENHARO, 2016). Somente no ano seguinte, após a análise sanguínea, que a doença foi identificada para o caso da Bahia (CAMPOS; BANDEIRA; SARDI, 2015) e reportada para o caso do Brasil (ZANLUCA *et al.*, 2015).

Inicialmente tratada como uma enfermidade exantemática banal que causava pouca febre e de menor gravidade que outras doenças tropicais (ZANLUCA *et al.*, 2015), à medida que novos casos ocorriam, os efeitos adversos identificados demonstravam que analisar o fenômeno requereria atenção tanto à sua fase aguda quanto à fase de remissão (ALBUQUERQUE *et al.*, 2018).

Como ocorreu na chikungunya, o estudo sobre a linhagem do vírus e as suas características genéticas sugeriram que este já havia sido introduzido no Brasil antes do surto (BRASIL, 2017d).

O fato do vírus da Zika ser transmitido por mosquitos vetores do gênero *Aedes* permitiu aproximá-lo da Dengue e da Chikungunya. A tendência natural na construção do conhecimento e tratamentos sobre as arboviroses era aplicar o conhecimento adquirido a partir das doenças prévias no estudo da atual, assim o combate à dengue se valeu das estratégias oriundas do combate da febre amarela o que trouxe para o debate a noção de eliminação vetorial e a busca de vacinas; bem como o estudo sobre a zika teve como referência as observações de tratamento e prevenção obtidas a partir da experiência com a dengue e a chikungunya (CHRISTOFFERSON, 2016). Efetivamente o conhecimento foi se construindo à medida que novos quadros clínicos foram (e são) identificados.

Assim, nos últimos anos, a Bahia tem figurado na lista dos estados prioritários para o combate da dengue e da chikungunya (BRASIL, 2002a). Ante o contexto endêmico que se apresenta, o setor de vigilância da SESAB concentrou suas ações na caracterização e dinâmica de casos por meio de estudos epidemiológicos e observações entomológicas, a fim de traçar um cenário geral de incidência e vulnerabilidade (BAHIA, 2020a).

Geralmente, para todo o território nacional a eliminação, redução ou erradicação do

mosquito *Aedes (aegypti* ou *albopictus*) têm sido as estratégias de controle prioritária (SANTOS *et al.*, 2016; OMS, 2017; BRASIL, 2017b) por ser identificada como urgente e crítica.

A tática de combate ao mosquito foi institucionalizada quando o país buscava combater a epidemia de febre amarela urbana (TEIXEIRA; BARRETO, 1996; BRASIL, 2001; BRAGA, VALLE, 2007; COSTA *et al.*, 2011; ZARA *et al.*, 2016). Buscava-se erradicar o *Aedes aegypti*, a exemplo do sucesso obtido em outras incursões nacionais (TEIXEIRA; BARRETO, 1996) e mediante resoluções internacionais que percebiam na erradicação do vetor alternativa viável de combate (OPAS/OMS, 1947).

Contudo, o retorno do vetor e a situação epidemiológica gerada pelas epidemias de dengue, na década de 90, levou à aprovação do Plano de Erradicação do *Aedes aegypti* (PEAa) (1996), “elaborado por técnicos brasileiros, com a colaboração da Organização Pan-Americana de Saúde (OPAS)” (BRASIL, 2001, p. 7; OPAS/OMS, 1995; 1996) e aplicado dentro do escopo da Saúde Pública e do Sistema Único de Saúde (BRASIL, 2001), assim se institui a coparticipação das esferas de governo Federal, responsável pelo financiamento, Estadual e Municipal, responsáveis pelas ações, de forma descentralizada, no controle do vetor (BRASIL, 2002a).

Ante a constatação da impossibilidade de erradicação do mosquito a curto e médio prazo, o foco direcionou-se para programas de prevenção e de controle do vetor perante a sua relação com os espaços urbanos. Como parte da visão, focou-se na integração das ações de vigilância na atenção básica; na vigilância epidemiológica, nos procedimentos laboratoriais, no controle integrado de vetores e na comunicação social (BRASIL, 2009c).

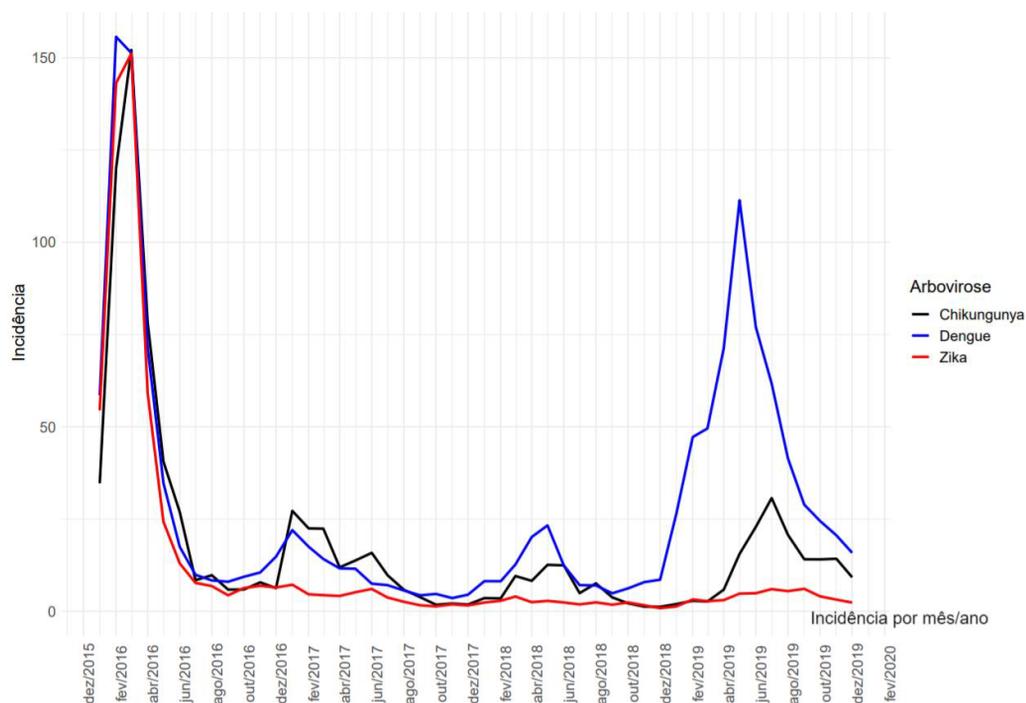
A entrada do século XXI também incorporou à agenda da saúde global (em especial das Américas) e do desenvolvimento sustentável, no escopo do combate a doenças infecciosas, a meta de estabilizar o crescimento de casos de dengue (BRASIL, 2002b; UNDP, 2016; OPAS/OMS, 2016) ampliado, com a introdução e o rápido avanço de novos arbovírus no território, como o vírus Chikungunya e o vírus Zika, para planos de combate a doenças negligenciadas (BRASIL, 2018).

No entanto, essa estratégia tem falhado por uma série de fatores: as ações mal atingem o período de incubação da doença, nem obedecem aos ciclos recomendados; a resistência dos vetores a inseticidas/larvicidas, questões de saneamento público (SANTOS *et al.*, 2016), taxa de população urbana, acesso à água encanada, pobreza (BRASIL, 2016b; QUEIROZ; SILVA; HELER, 2020).

7.2.1 Perfil Epidemiológico

Os estudos das arboviroses citam a possibilidade de o padrão de distribuição dos casos ser agrupado em determinadas áreas, outra característica referencia a repetição sistemática da transmissão da doença em algumas áreas que concentram parte significativa dos casos. A noção de padrão comportamental dos casos pode evidenciar-se a partir das análises iniciais tanto na série temporal do período estudado que ilustra a evolução das taxas de ocorrência (para os casos confirmados e suspeitos), bem como na disposição de casos entre os municípios baianos. Assim, a partir da base longitudinal montada com informações sobre a incidência anual por município da Bahia e sobre a taxa de suspeição de casos, foi feita uma análise acerca do perfil de casos.

O período de 2016 a 2019 caracterizou-se pelo cenário de circulação simultânea das arboviroses dengue, chikungunya e zika nos municípios baianos. Neste cenário, a observação da série temporal evidenciou dois grandes picos: o primeiro, ocorrido entre dezembro/2015 e abril/2016. E o mais recente, ocorrido entre dezembro de 2018 e agosto de 2019, com dois pequenos movimentos expansivos intermediários ocorrendo entre dezembro/2016 e junho de 2017; e entre fevereiro de 2018 e agosto de 2018 (Gráfico 19).

Gráfico 19 – Incidência das arboviroses por mês/ano, Bahia, 2016-2019

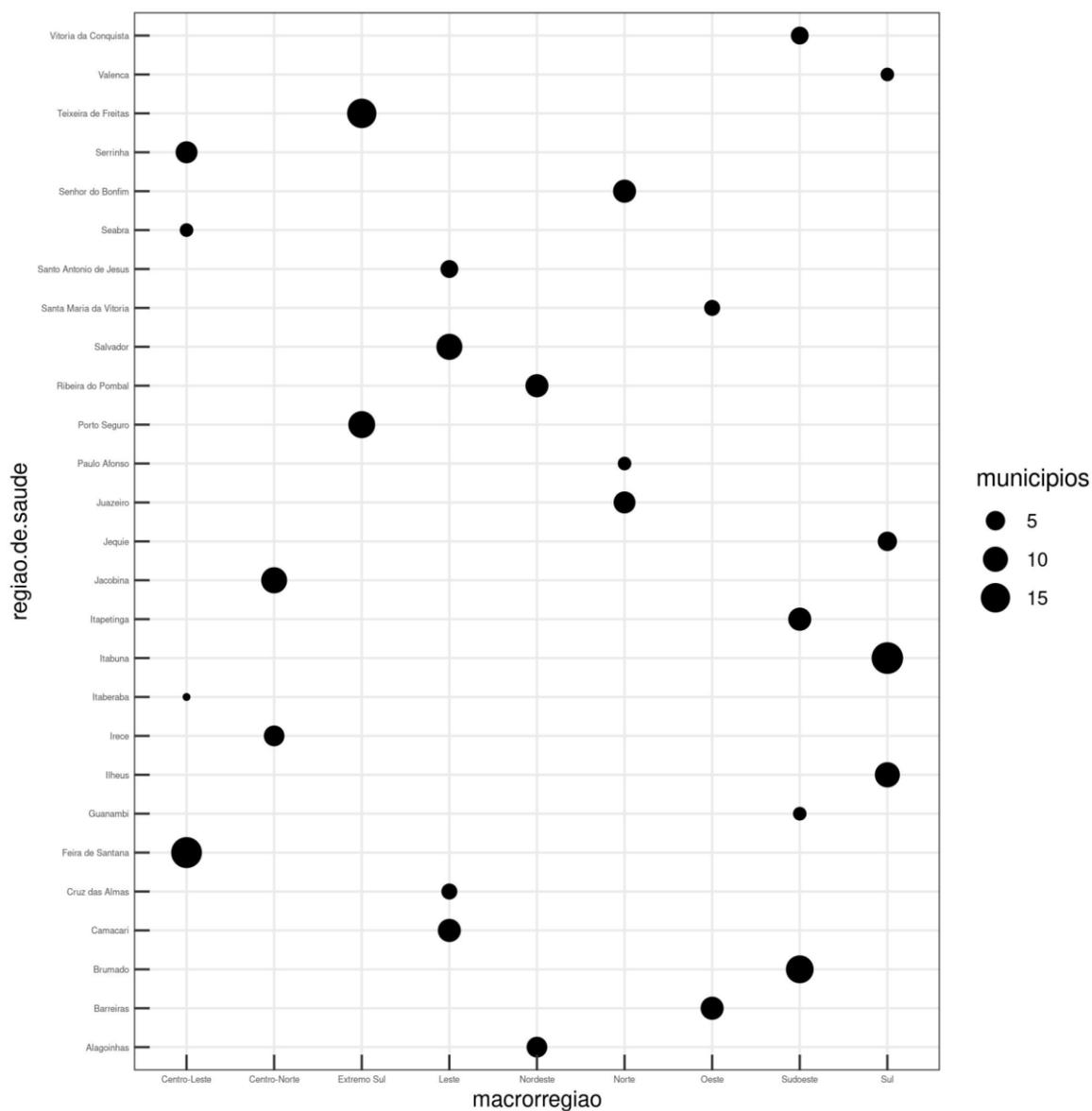
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A população feminina tem sido a mais afetada. Enquanto a população a partir dos 40 anos é a mais impactada pela chikungunya, a zika e a dengue atingem os mais jovens, a partir dos 15 anos e, principalmente, os que estão na faixa etária entre 20 e 29 anos.

7.2.1.1 Contexto de circulação simultânea

Todas as nove macrorregiões da Bahia apresentaram acúmulo simultâneo de casos de dengue, zika e chikungunya distribuídas entre os vinte e oito núcleos regionais de saúde. As macrorregiões Sul, Extremo Sul e as regiões Centro Leste e Sudoeste contiveram o maior número de municípios afetados com destaque para as regionais de Itabuna (Sul), Feira de Santana (Centro Leste), Teixeira de Freitas (Extremo Sul) e Brumado (Sudoeste).

Gráfico 20 – Distribuição dos municípios com casos confirmados de circulação simultânea por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Neste cenário de circulação simultânea, em que houve pelo menos uma ocorrência de casos de cada uma das doenças, foram contabilizados 54.614 casos confirmados de dengue, 35.745 casos confirmados de chikungunya e 24.632 casos confirmados de zika. (Quadro 26).

Quadro 26 – Distribuição dos casos confirmados e taxa de casos das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por ano, Bahia, 2016 a 2019

Ano	Casos de dengue	Casos de chikungunya	Casos de zika	Taxa* de dengue	Taxa de chikungunya	Taxa de zika
2016	28543	23998	23291	1.356	1.351	1.305
2017	2042	5477	756	1.020	1.077	1.005
2018	2066	3174	266	1.035	1.030	1.007
2019	21966	3099	322	1.222	1.018	1.001

*taxa= soma de casos por ano pela população por ano. Ponto utilizado como separador da parte decimal.

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

No total 136 municípios foram impactados com casos simultâneos, contudo apenas 7 municípios tiveram casos em todos os 4 anos (2016 a 2019)²⁷, destes três estão na região do semiárido. Trata-se dos municípios de Barreiras (Oeste baiano), Feira de Santana (Centro Leste), Ilhéus (Sul do estado), Ribeira do Pombal (Nordeste), Salvador (Leste), bem como Eunápolis e Teixeira de Freitas (ambos municípios do Extremo Sul).

Quadro 27 – Distribuição dos casos confirmados das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por Macrorregião de Saúde e Núcleo Regional de Saúde (NRS), Bahia, 2016 a 2019

Macrorregião	Região de Saúde	Casos de dengue	Casos de chikungunya	Casos de zika	Taxa* de dengue	Taxa de chikungunya	Taxa de zika
Centro-Leste	Feira de Santana	11618	855	38	1.018	1.001	1.000
Extremo Sul	Porto Seguro	1243	2187	470	1.011	1.018	1.004
Extremo Sul	Teixeira de Freitas	1840	4563	1030	1.011	1.028	1.006
Leste	Salvador	2688	1486	193	1.001	1.000	1.000

²⁷ 28 municípios tiveram casos por 2 anos e 8 municípios por 3 anos.

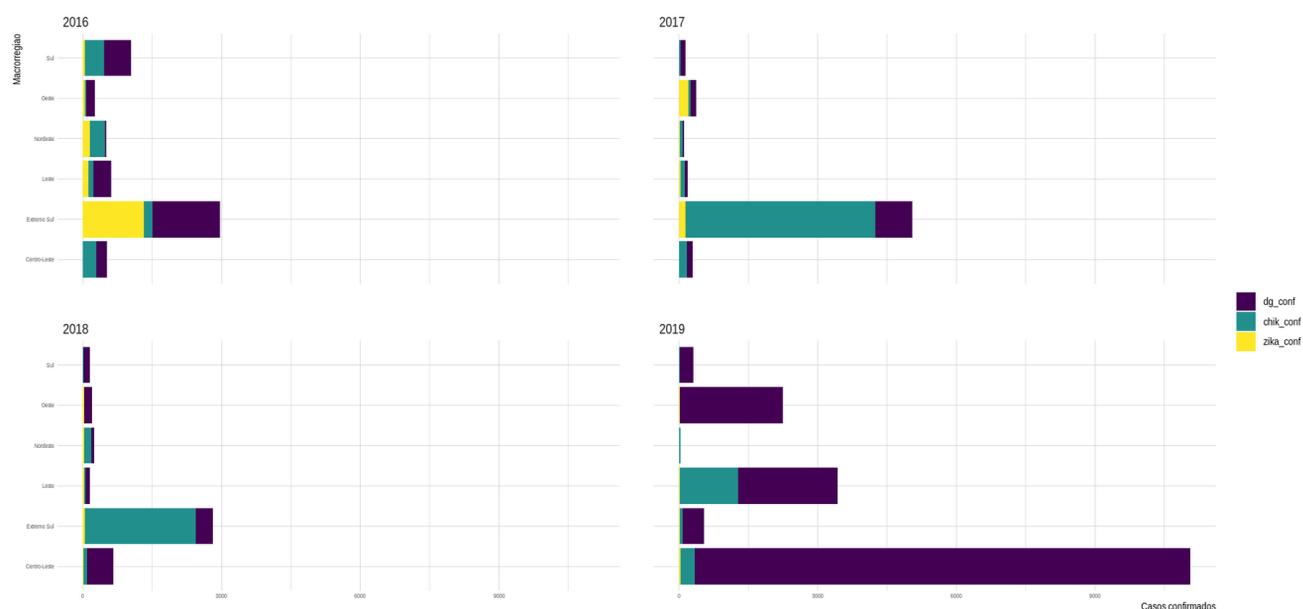
Nordeste	Ribeira do Pombal	119	549	202	1.002	1.010	1.003
Oeste	Barreiras	2696	61	290	1.017	1.000	1.001
Sul	Ilhéus	1124	466	46	1.007	1.002	1.000

*taxa= soma de casos por ano pela população por ano. Ponto utilizado como separador da parte decimal.

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A presença constante ao longo de todos os quatros anos das arboviroses deixou em risco uma população média de 4.178.253 habitantes. Destaque para a região do Extremo Sul baiano que em 2016 assume protagonismo do número de casos de zika e, em 2017 e 2018, do número de casos de chikungunya. Especificamente, para os casos de chikungunya em 2019, o maior número de casos foi registrado na região Leste (Gráfico 21).

Gráfico 21 – Distribuição dos casos confirmados das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por Macrorregião de Saúde, Bahia, de 2016 a 2019

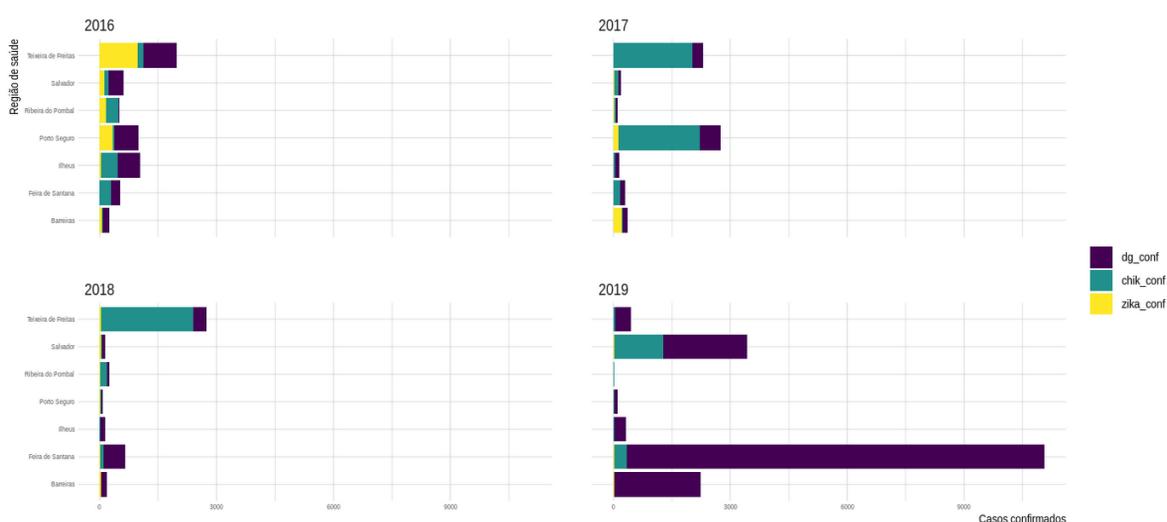


Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Contribui para o desempenho acima retratado a região de saúde de Teixeira de Freitas

que se mostra local mais suscetível a ocorrência de zika e chikungunya, bem como a região de Porto Seguro, ambas pertencentes ao Extremo Sul baiano. Estas regiões apresentam-se com perfis endêmicos, ou seja, as arboviroses são recorrentes ajustando-se apenas em termos da proeminência (a prevalência de casos de uma sobre a outra).

Gráfico 22 – Distribuição dos casos confirmados das arboviroses (dengue, zika e chikungunya) por Regional de Saúde, Bahia, de 2016 a 2019



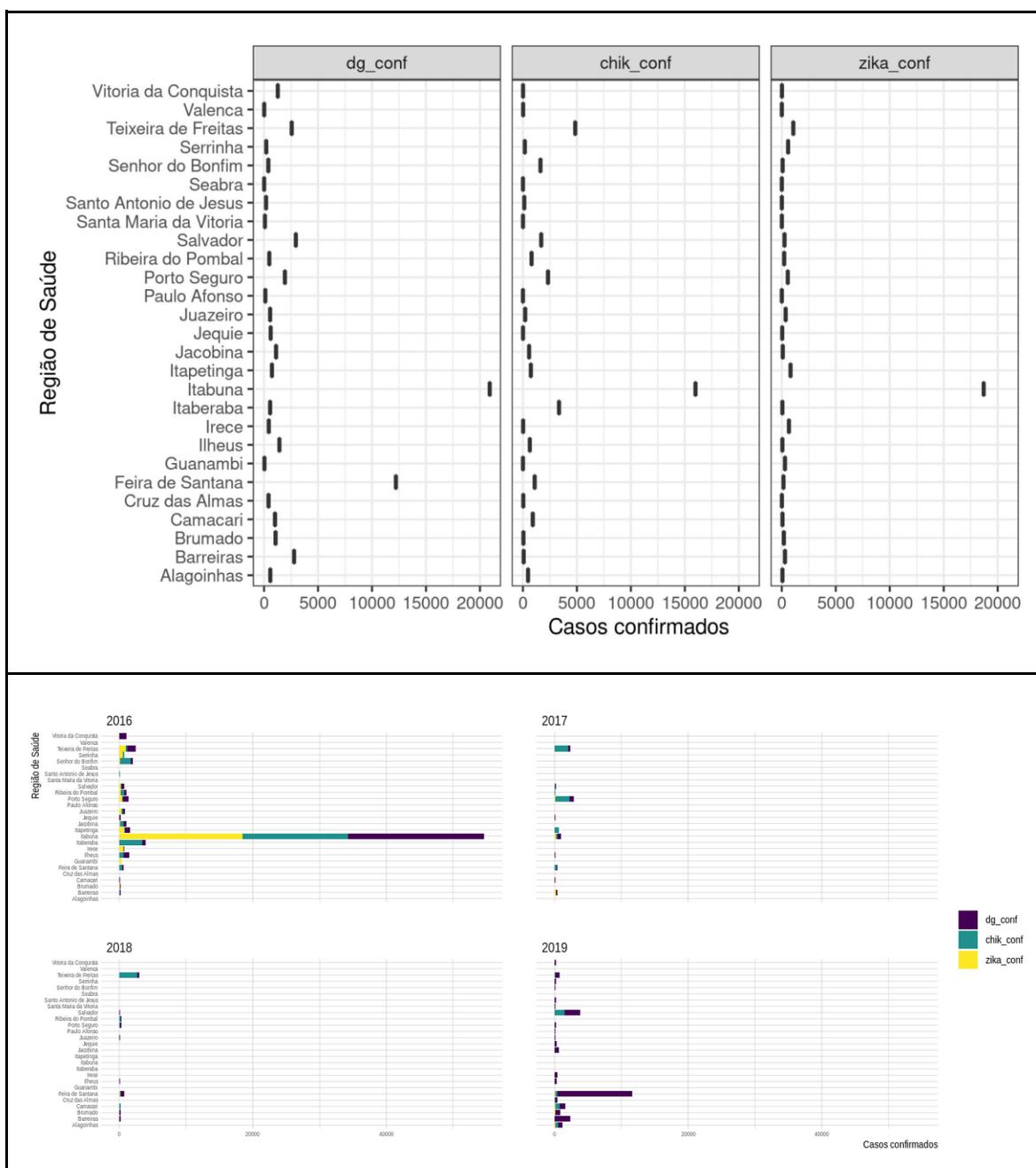
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Considerando o cenário ampliado, no qual há pelo menos uma ocorrência por ano das três doenças causadas pelo arbovírus no período analisado (Quadro 26), a dinâmica da circulação simultânea dessas doenças nas Regiões de Saúde pode ser melhor vista a partir do Gráfico 23. Através das imagens pode-se perceber uma possível predisposição local à ocorrência de determinadas arboviroses. Nota-se que, embora prevaleça a dengue, regiões como Itabuna, Itaberaba e Teixeira de Freitas mostram-se propensas à chikungunya. A região de Teixeira de Freitas também se mostra sensível à ocorrência da zika.

Enquanto em 2016, mesmo com predominância da dengue, percebia-se a incidência das três arboviroses, o cenário muda em 2017 com o protagonismo da chikungunya nas regiões de Jacobina, Porto Seguro e Teixeira Freitas. O protagonismo da chikungunya é percebido também em algumas regiões no ano de 2018. Mesmo com a alternância de arboviroses, é possível perceber que algumas regiões de saúde mantém um patamar de incidência. Porto

Seguro, por exemplo, manteve em 2017 o mesmo patamar de incidência só que dominada pela chikungunya. Além dele, nota-se em Teixeira de Freitas a manutenção de um patamar médio de incidência. Se em 2018 há uma queda de casos, em 2019 eles mostram-se mais perceptíveis em Feira de Santana, Barreira e Salvador.

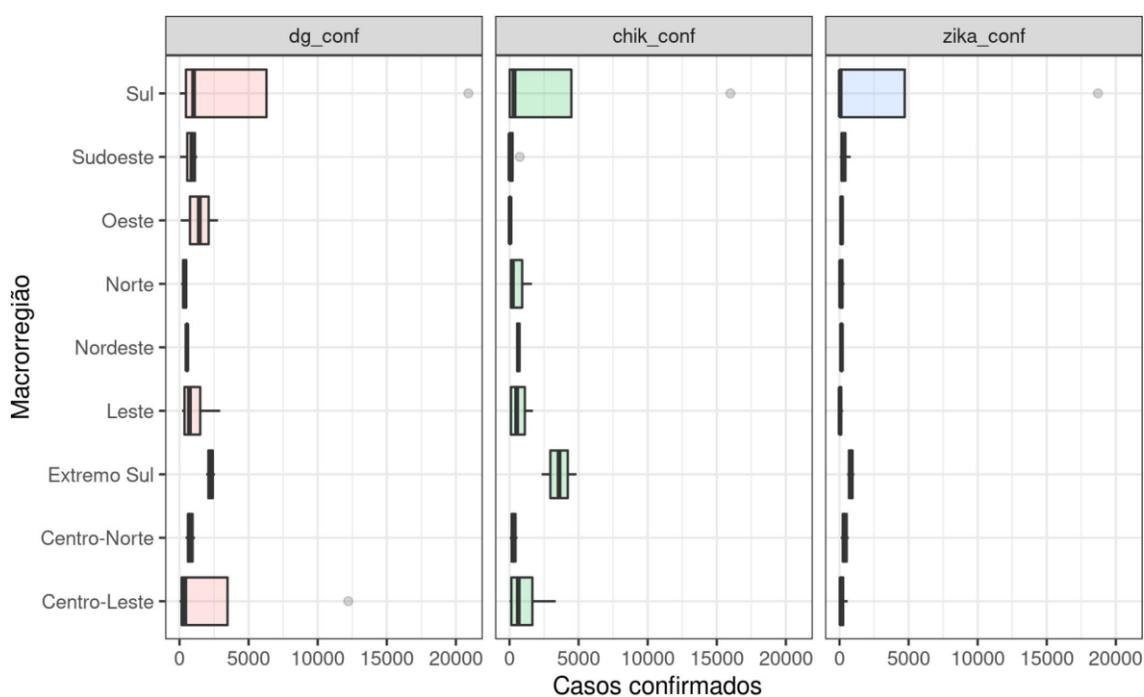
Gráfico 23 – Circulação simultânea de arboviroses por Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

O que se deriva a partir do comportamento das regiões de saúde é o protagonismo da região Sul nos casos de dengue, chikungunya e zika. Percebe-se a partir do gráfico que quando se trata da dengue, as regiões Sul, Centro-Leste, Oeste e Leste se destacam em número de casos. Para a chikungunya, o foco é dividido entre as regiões do Extremo Sul, Centro- Leste, Leste e Norte, enquanto para a zika, apenas a região Sul se destaca (Gráfico 24).

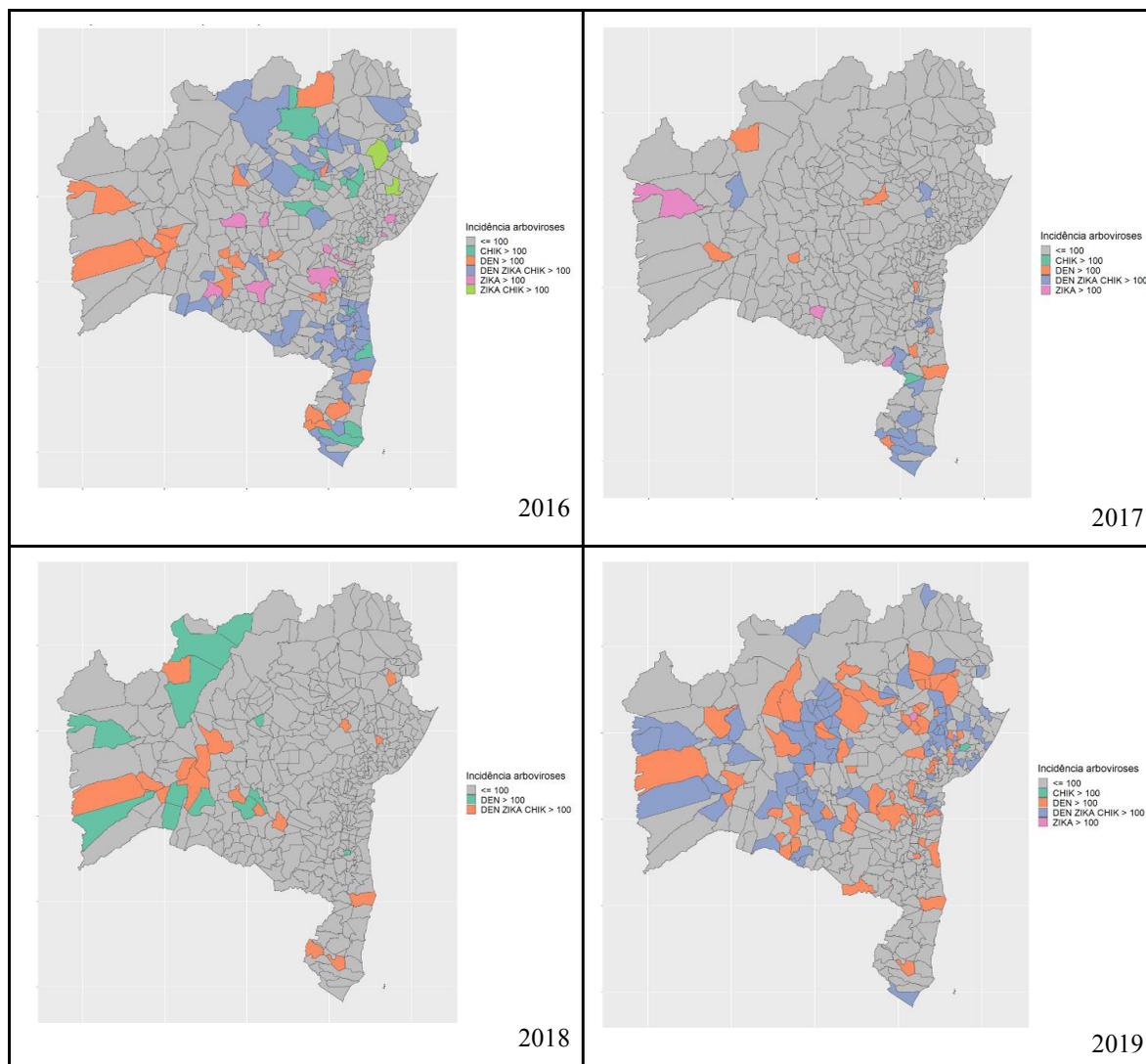
Gráfico 24 – Circulação simultânea de arboviroses por Macrorregião, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Enquanto em 2016 a cocirculação entre os três arbovírus se mostrava mais difundida ao longo do território baiano, ainda que se notem pontos de concentração no Extremo Sul, Sul, Norte e Oeste, o padrão vai se alterando ao longo dos anos, fica mais ao Extremo Sul em 2017, segue em 2018 para o Oeste e alguns municípios do Sudoeste, retomando a difusão em 2019, dessa vez nas regiões Nordeste, Centro-Leste e Centro-Norte, mais no interior do território baiano, como ilustram os mapas:

Mapa 2 – Cocirculação das arboviroses por Município, Bahia, 2016 a 2019



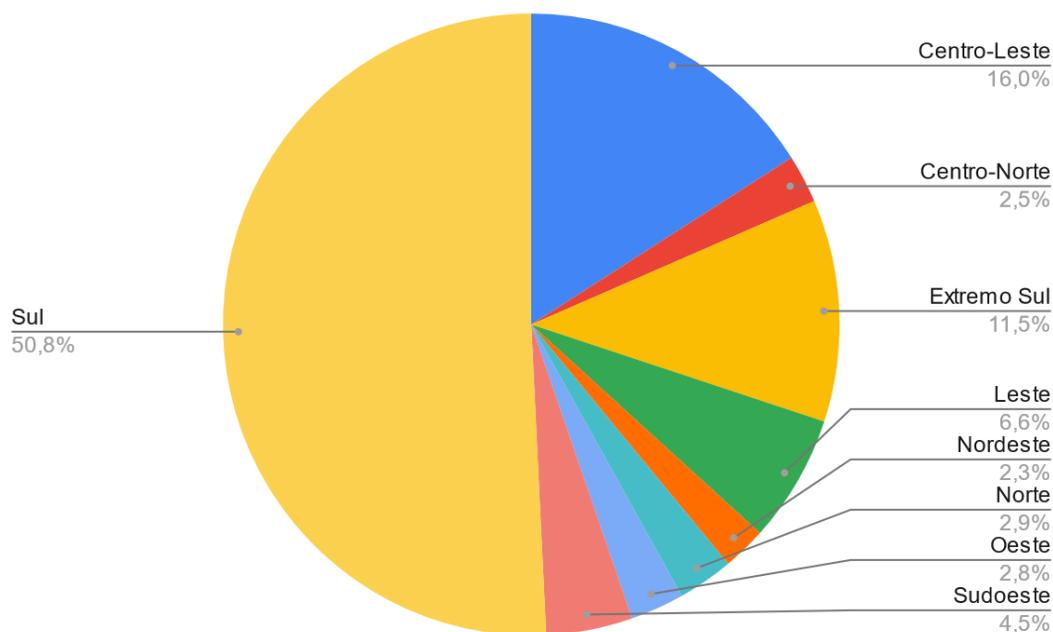
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Esse contexto de circulação simultânea dos três arbovírus afetou, ao longo de 2016 até 2019, 115.015 pessoas²⁸, a maioria da região Sul (50,8%), e adultos entre 40 e 49 anos²⁹ (BAHIA, 2020a; 2020b).

²⁸ Valor representa a soma de casos confirmados.

²⁹ Os dados estão disponíveis em <https://github.com/MairaLimaS/analise-das-arboviroses>.

Gráfico 25 – Percentual da população afetada pela ocorrência simultânea de dengue, chikungunya e zika por Macrorregião, Bahia, 2016-2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

7.2.1.2 Contexto de circulação ampliado

Em se tratando do contexto ampliado, entre 2016 e 2019, como ilustra o Quadro 28, houve incremento de 172,85% na taxa de incidência de dengue e uma queda para chikungunya (14,41%) e para a zika (3,43%).

Quadro 28 – Redução-incremento de incidência de dengue, chikungunya e zika por ano, Bahia, 2016-2019

Ano	Incidência* de Dengue	Incidência de Chikungunya	Incidência de Zika
2019	83286.32	6531.87	1349.38
2018	13850.33	3863.15	1046.92

2017	12925.01	12778.08	1730.08
2016	48182.78	45337.10	39291.91

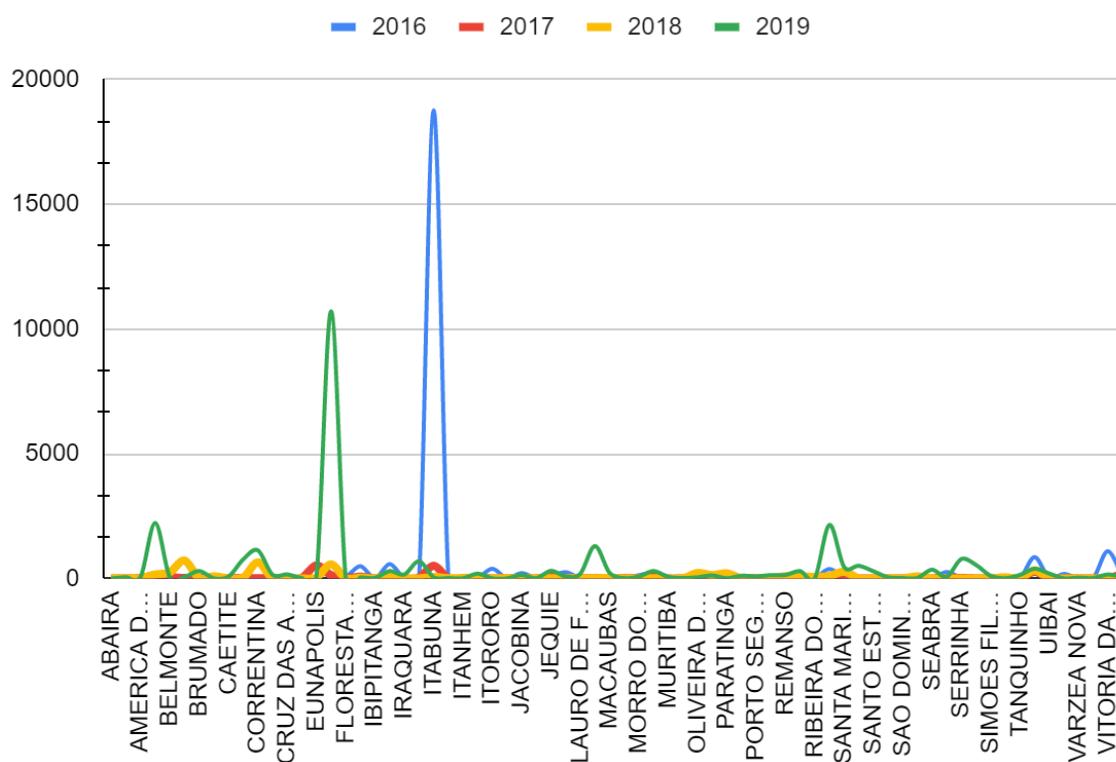
* Incidência= casos por ano/população por ano por 100 mil habitantes. Ponto utilizado como separador da parte decimal.

Fonte: Elaboração própria.

7.2.1.1 Perfil de casos da dengue

A dengue atingiu 393 municípios baianos, os quais contabilizaram casos em pelo menos um dos anos analisados. O gráfico abaixo evidencia que os picos de ocorrência se concentraram em 2016 e 2019.

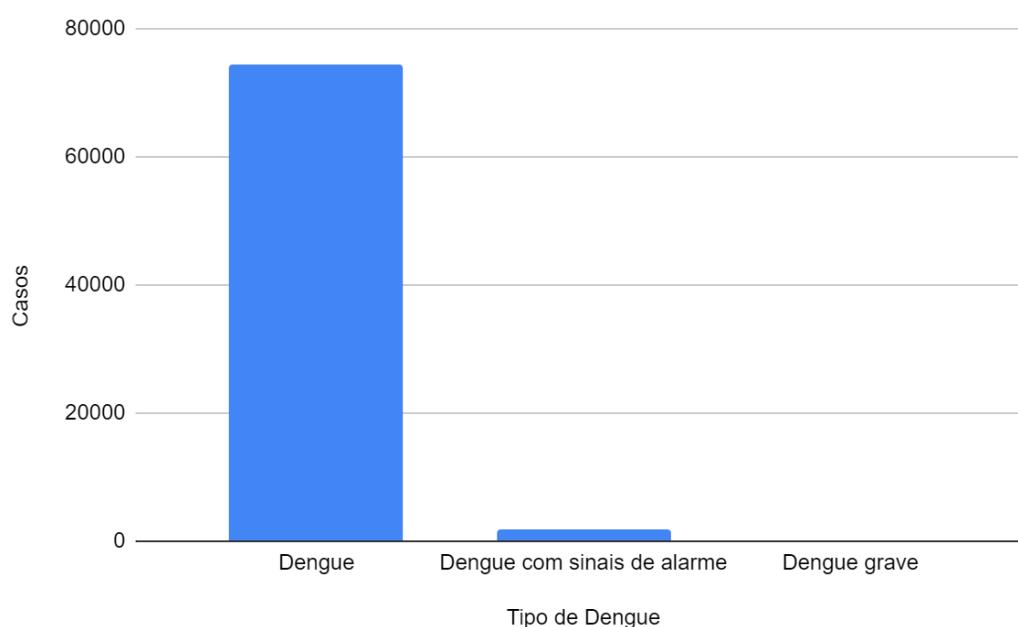
Gráfico 26 – Casos da dengue confirmados por Município, Bahia, 2016-2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A letalidade de casos para dengue é baixa. Apenas 0,1% tiveram óbito por dengue, ou seja, 96,2% dos casos evoluíram para a cura. O critério clínico-epidemiológico foi utilizado para confirmar 75,7% dos casos, os quais em sua maioria foram classificados como dengue clássica (97,4%). Mesmo com a predominância do critério clínico-epidemiológico, o critério laboratorial foi o mais utilizado para o diagnóstico final dos casos de dengue com sinais de alarme e a dengue grave.

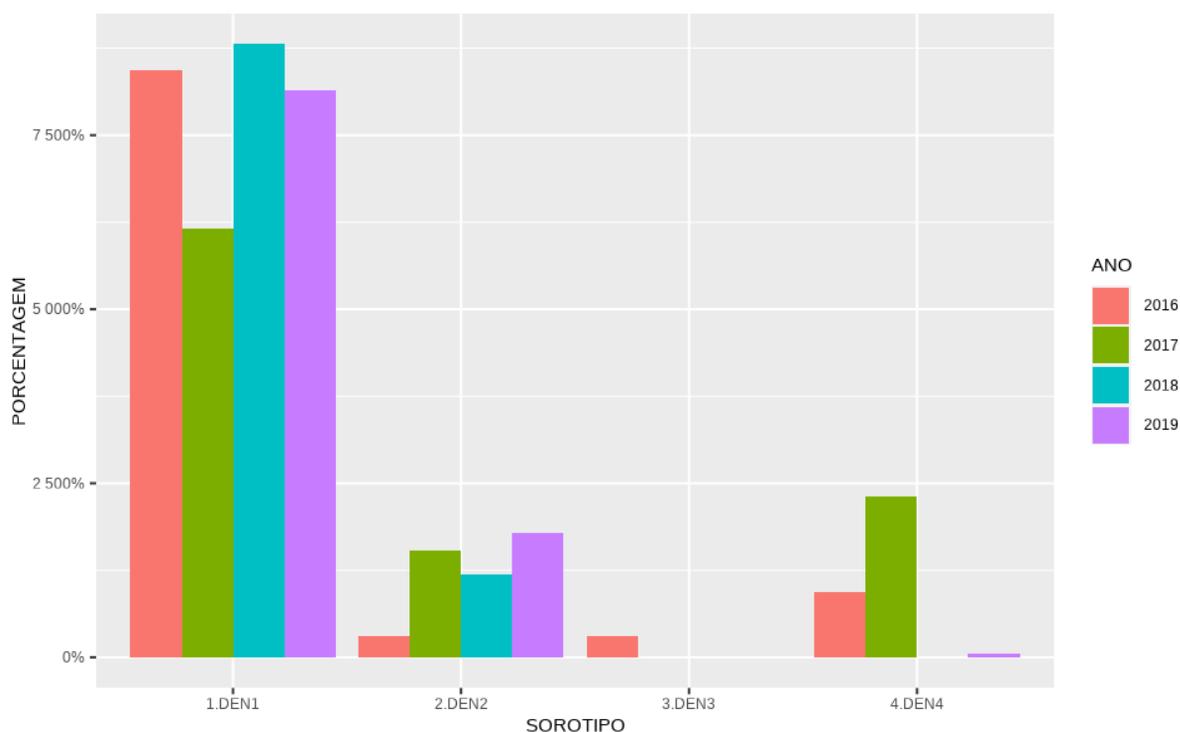
Gráfico 27 – Classificação final dos casos de dengue confirmados, Bahia, 2016-2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Na Bahia, ao longo do período, o sorotipo DENV1 foi o que mais predominou. Em 2019 três sorotipos estavam em circulação, o DENV1, DENV2 (que se mostrava presente desde 2016) e DENV4, este último reaparece em 2019 após ser notado em 2016 quando fez par com o DENV1 e o DENV2 e não ser notado em 2018. Já o DEN 3 esteve presente apenas em 2016. Importante salientar que como são poucos os testes laboratoriais, a coleta de informações sobre o sorotipo e a consequente contabilização mostra-se baixa nos registros do SINAN.

Gráfico 28 – Porcentagem de sorotipo dos casos de dengue confirmados por ano, Bahia, 2016-2019



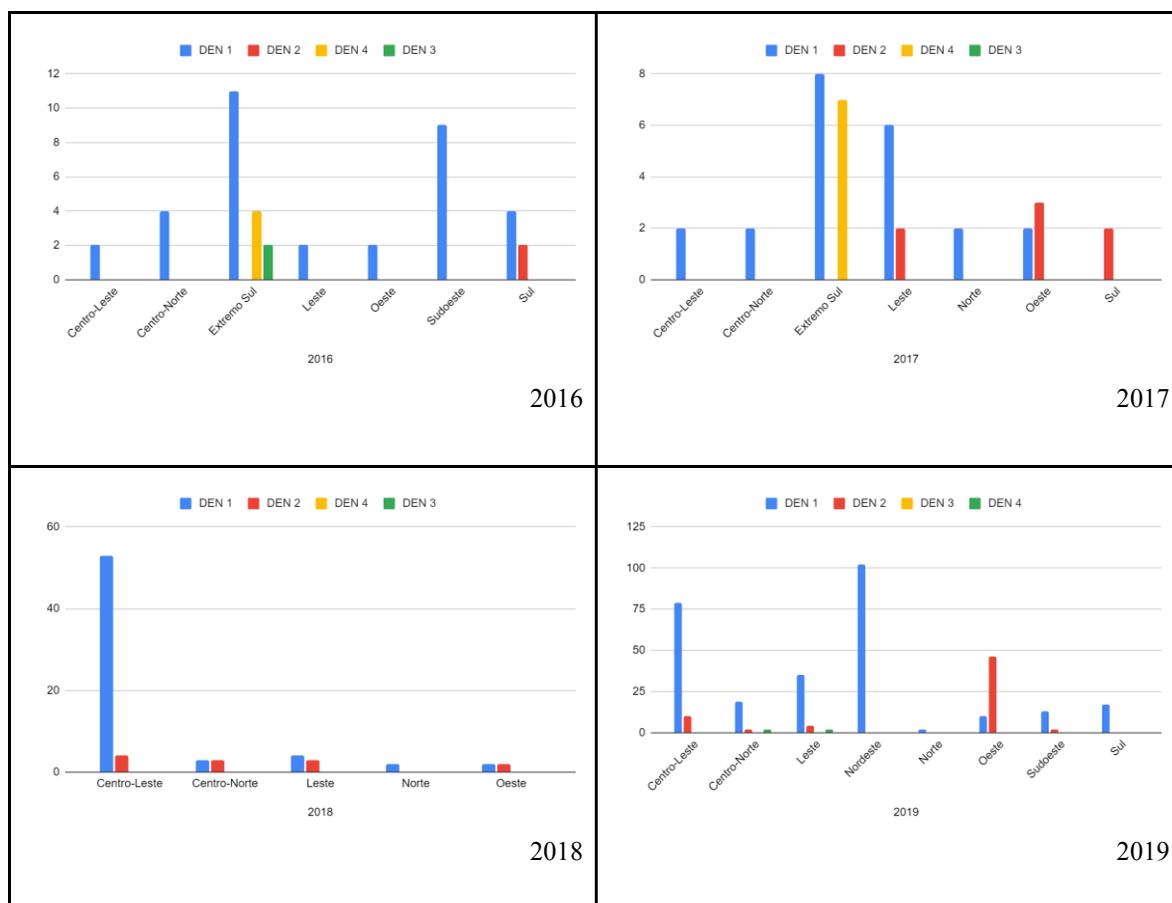
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Em termos de frequência absoluta de casos, em 2016 a maioria dos casos de DEN1 foram contabilizados no Extremo Sul da Bahia, seguida pela região Sudoeste. Os casos de DEN3 e DEN4 só foram detectados na região do Extremo Sul baiano, então marcada pelo cenário de circulação simultânea de três sorotipos. O Sul baiano foi outra região que teve mais de um sorotipo circulando conjuntamente (DEN1 e DEN3).

Embora em 2017 os casos de DEN4 aumentem, não são notados casos de DEN4 no ano seguinte. Além da região do Extremo Sul baiano, as regiões Leste e Oeste passam a ter circulação simultânea de mais de um sorotipo. No ano de 2018 nota-se que os sorotipos DEN1 e DEN2 concentram-se nas regiões centrais: Centro-Leste e Centro-Norte. O ano 2019 marca o retorno do DEN4 e a presença dos sorotipos DEN1 e DEN2 no Nordeste e Oeste baiano, respectivamente.

Todos os casos evoluíram para cura, apenas 10% dos casos de sorotipo DEN4, em 2019, resultaram em óbito por dengue.

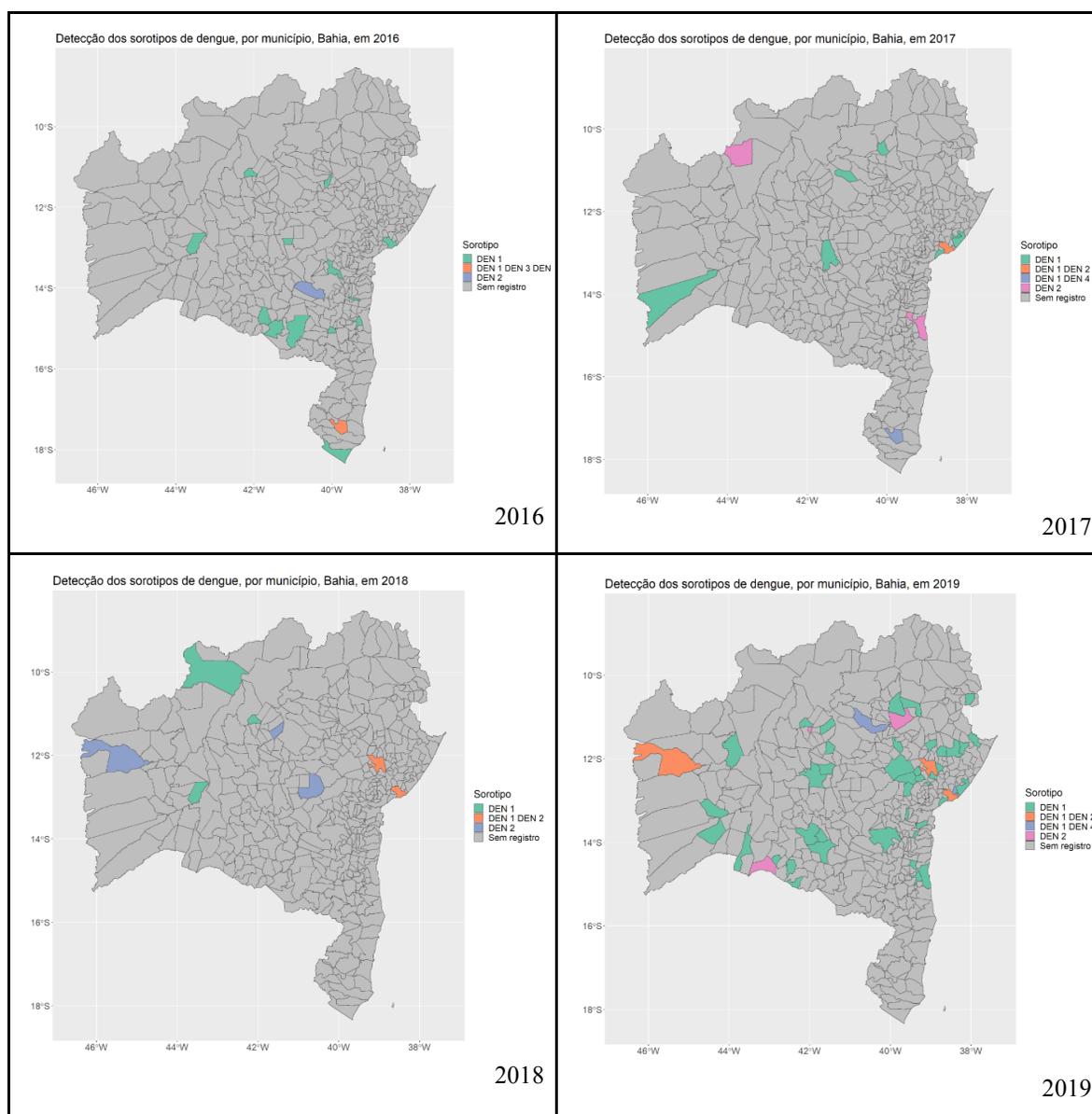
Gráfico 29 – Concentração de sorotipo dos casos de dengue confirmados por Macrorregião, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A visão do mapa facilita perceber a circulação dos sorotipos pelos municípios baianos (Mapa 3)

Mapa 3 – Detecção dos sorotipos de dengue por Município, Bahia, 2016 a 2019



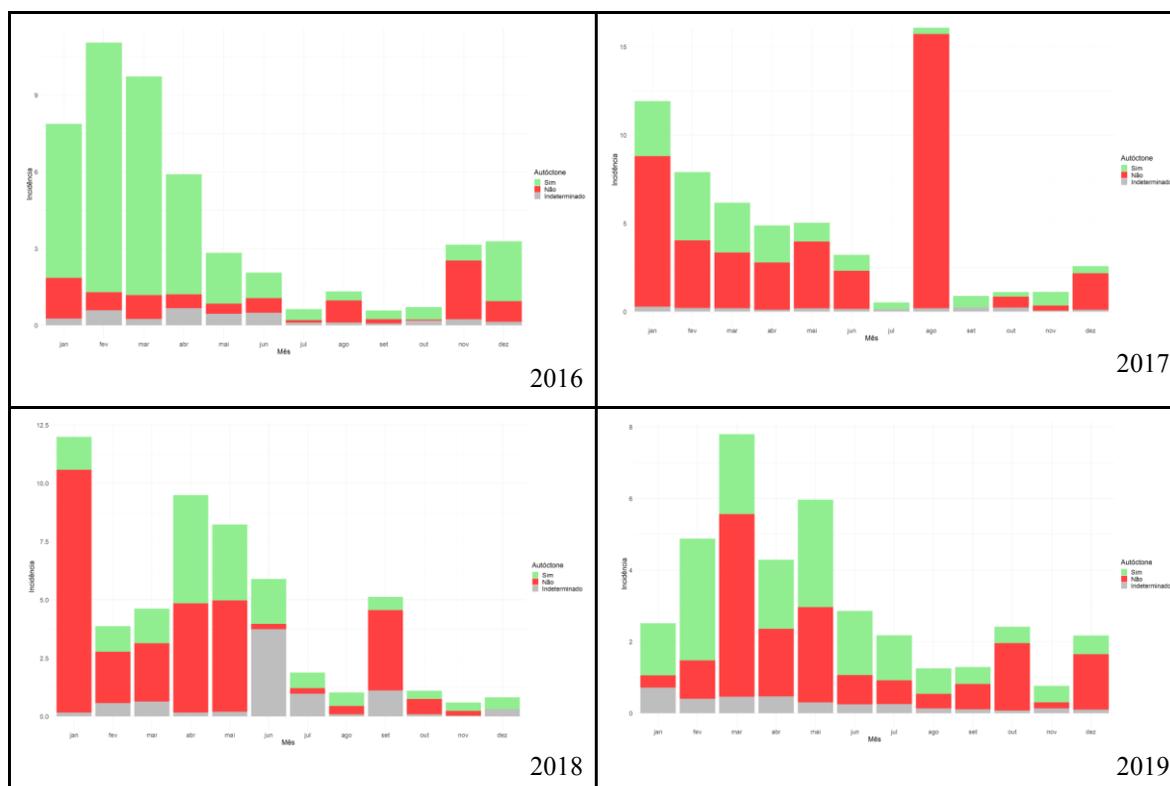
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Nas áreas de transmissão da doença, um importante controle é a classificação dos casos autóctones. Autóctone designa se a doença foi adquirida na zona da residência. Sinaliza, então, se ela se origina e se manifesta na mesma região distinguindo os casos locais dos importados.

A análise descritiva efetuada na base do SINAN Dengue indica que os casos autóctones são a maioria, contudo a singularidade acerca do comportamento da autoctonia pode ser mais bem percebida quando analisamos os casos por mês e ano. Essa análise indica que, na medida

que os casos de 2016 e 2019 se mostravam autóctones, o comportamento muda entre 2017 e 2018, onde a maioria dos casos adveio de fora da região.

Gráfico 30 – Incidência dos casos de dengue confirmados por mês e ano, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Ao longo dos quatro anos, um total de 70 municípios baianos registraram ocorrência de casos de dengue ao longo dos quatro anos. A maior parte dos casos ocorreu nas regiões Oeste, Leste e Centro-Leste. Destacam-se as regiões de saúde de Santa Maria da Vitória, Barreiras e Teixeira de Freitas, esta última pertencente ao Extremo-Sul baiano. Trata-se de localidades de pequeno porte (I e II), do semiárido, com perfil urbano, com alto índice de desenvolvimento humano e que têm como principal uso e ocupação do solo a agropecuária e a vegetação florestal. Cerca de 40% da população destes municípios está inscrita no Cadastro Único em situação de pobreza e extrema pobreza.

Quadro 29 – Características dos municípios com casos de dengue recorrentes de 2016 a 2019, Bahia

Município	Macrorregião	Região de Saúde	Porte	IDH	Bioma	Casos
JEQUIÉ	Sul	Jequié	Grande Porte	ALTO	Floresta	464
JAGUAQUARA	Sul	Jequié	Médio Porte	MÉDIO	Agropecuária	32
ITABUNA	Sul	Itabuna	Grande Porte	ALTO	Floresta	19379
IBICARAÍ	Sul	Itabuna	Pequeno Porte II	ALTO	Floresta	638
FLORESTA AZUL	Sul	Itabuna	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	99
ILHÉUS	Sul	Ilhéus	Grande Porte	ALTO	Floresta	1124
UNA	Sul	Ilhéus	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	192
VITÓRIA DA CONQUISTA	Sudoeste	Vitória da Conquista	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	1258
ITORORO	Sudoeste	Itapetinga	Pequeno Porte I	MEDIO	Agropecuária	398
RIACHO DE SANTANA	Sudoeste	Guanambi	Pequeno Porte II	MEDIO	Floresta	375
CAETITE	Sudoeste	Guanambi	Pequeno Porte II	ALTO	Floresta	139
BRUMADO	Sudoeste	Brumado	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	333
PARAMIRIM	Sudoeste	Brumado	Pequeno Porte II	MEDIO	Floresta	288
MACAUBAS	Sudoeste	Brumado	Pequeno Porte II	MEDIO	Floresta	258
IBIPITANGA	Sudoeste	Brumado	Pequeno Porte I	MEDIO	Agropecuária	36
CORRENTINA	Oeste	Santa Maria da Vitoria	Pequeno Porte II	MEDIO	Floresta	1847
SANTA MARIA DA VITORIA	Oeste	Santa Maria da Vitoria	Pequeno Porte II	MEDIO	Floresta	852

BOM JESUS DA LAPA	Oeste	Santa Maria da Vitória	Médio Porte	ALTO	Floresta	818
SAO FELIX DO CORIBE	Oeste	Santa Maria da Vitória	Pequeno Porte I	ALTO	Floresta	124
SÍTIO DO MATO	Oeste	Santa Maria da Vitória	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	58
JABORANDI	Oeste	Santa Maria da Vitória	Pequeno Porte I	ALTO	Floresta	27
OLIVEIRA DOS BREJINHOS	Oeste	Ibotirama	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	271
PARATINGA	Oeste	Ibotirama	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	223
BURITIRAMA	Oeste	Ibotirama	Pequeno Porte I	MÉDIO	Floresta	130
BARREIRAS	Oeste	Barreiras	Grande Porte	ALTO	Floresta	2696
LUIS EDUARDO MAGALHAES	Oeste	Barreiras	Pequeno Porte I	ALTO	Agropecuária	1320
WANDERLEY	Oeste	Barreiras	Pequeno Porte I	ALTO	Floresta	251
CRISTÓPOLIS	Oeste	Barreiras	Pequeno Porte I	ALTO	Floresta	171
SAO DESIDÉRIO	Oeste	Barreiras	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	62
SENHOR DO BONFIM	Norte	Senhor do Bonfim	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	347
ITIÚBA	Norte	Senhor do Bonfim	Pequeno Porte II	MÉDIO	Agropecuária	226
PAULO AFONSO	Norte	Paulo Afonso	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	123
JUAZEIRO	Norte	Juazeiro	Grande Porte	ALTO	Natural não florestal	372
REMANSO	Norte	Juazeiro	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	317

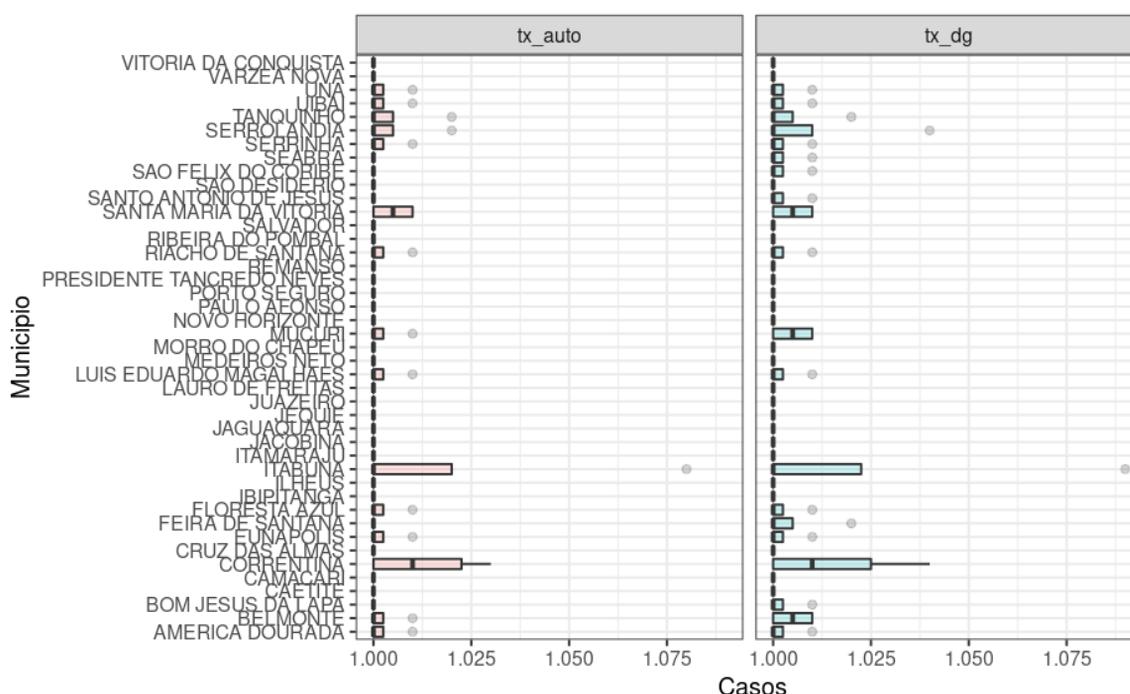
RIBEIRA DO POMBAL	Nordeste	Ribeira do Pombal	Pequeno Porte II	MÉDIO	Agropecuária	119
ALAGOINHAS	Nordeste	Alagoinhas	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	59
SANTO ANTÔNIO DE JESUS	Leste	Santo Antônio de Jesus	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	540
PRESIDENTE TANCREDO NEVES	Leste	Santo Antônio de Jesus	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	139
SALVADOR	Leste	Salvador	Metrópole	MUITO ALTO	Corpos d'água	2688
LAURO DE FREITAS	Leste	Salvador	Grande Porte	MUITO ALTO	Área não vegetada	212
VERA CRUZ	Leste	Salvador	Pequeno Porte II	ALTO	Corpos d'água	36
CRUZ DAS ALMAS	Leste	Cruz das Almas	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	168
MURITIBA	Leste	Cruz das Almas	Pequeno Porte II	ALTO	Agropecuária	70
CAMAÇARI	Leste	Camaçari	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	809
SIMÕES FILHO	Leste	Camaçari	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	138
DIAS D ÁVILA	Leste	Camaçari	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	48
TEIXEIRA DE FREITAS	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	1840
MUCURI	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte II	ALTO	Floresta	665
ITAMARAJU	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	101
MEDEIROS NETO	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte II	MÉDIO	Agropecuária	62
ITANHÉM	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte II	ALTO	Agropecuária	52

EUNÁPOLIS	Extremo Sul	Porto Seguro	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	1243
BELMONTE	Extremo Sul	Porto Seguro	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	507
PORTO SEGURO	Extremo Sul	Porto Seguro	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	135
SERROLÂNDIA	Centro-Norte	Jacobina	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	608
JACOBINA	Centro-Norte	Jacobina	Médio Porte	ALTO	Floresta	370
MORRO DO CHAPÉU	Centro-Norte	Jacobina	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	212
VÁRZEA NOVA	Centro-Norte	Jacobina	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	37
IRECÊ	Centro-Norte	Irecê	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	736
UIBAÍ	Centro-Norte	Irecê	Pequeno Porte I	MÉDIO	Floresta	227
AMERICA DOURADA	Centro-Norte	Irecê	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	182
SERRINHA	Centro-Leste	Serrinha	Médio Porte	ALTO	Agropecuária	837
SÃO DOMINGOS	Centro-Leste	Serrinha	Pequeno Porte I	ALTO	Agropecuária	30
SEABRA	Centro-Leste	Seabra	Pequeno Porte II	ALTO	Floresta	364
IRAQUARA	Centro-Leste	Seabra	Pequeno Porte II	MÉDIO	Floresta	168
NOVO HORIZONTE	Centro-Leste	Seabra	Pequeno Porte I	MÉDIO	Floresta	26
ABAÍRA	Centro-Leste	Seabra	Pequeno Porte I	MÉDIO	Floresta	5
FEIRA DE SANTANA	Centro-Leste	Feira de Santana	Grande Porte	ALTO	Agropecuária	11618
SANTO ESTEVÃO	Centro-Leste	Feira de Santana	Pequeno Porte II	ALTO	Agropecuária	296
TANQUINHO	Centro-Leste	Feira de Santana	Pequeno Porte I	MÉDIO	Agropecuária	157

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Para 61.42% dos municípios que apresentaram casos de dengue pelos 4 anos seguidos (ou seja, para 43 municípios dentre os 70 listados acima), os casos autóctones impactaram. Em 30 municípios baianos os casos autóctones compuseram os 100% dos casos confirmados.

Gráfico 31 – Taxa percentual de casos autóctones e confirmados de dengue, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

7.2.1.2 Perfil de casos da chikungunya

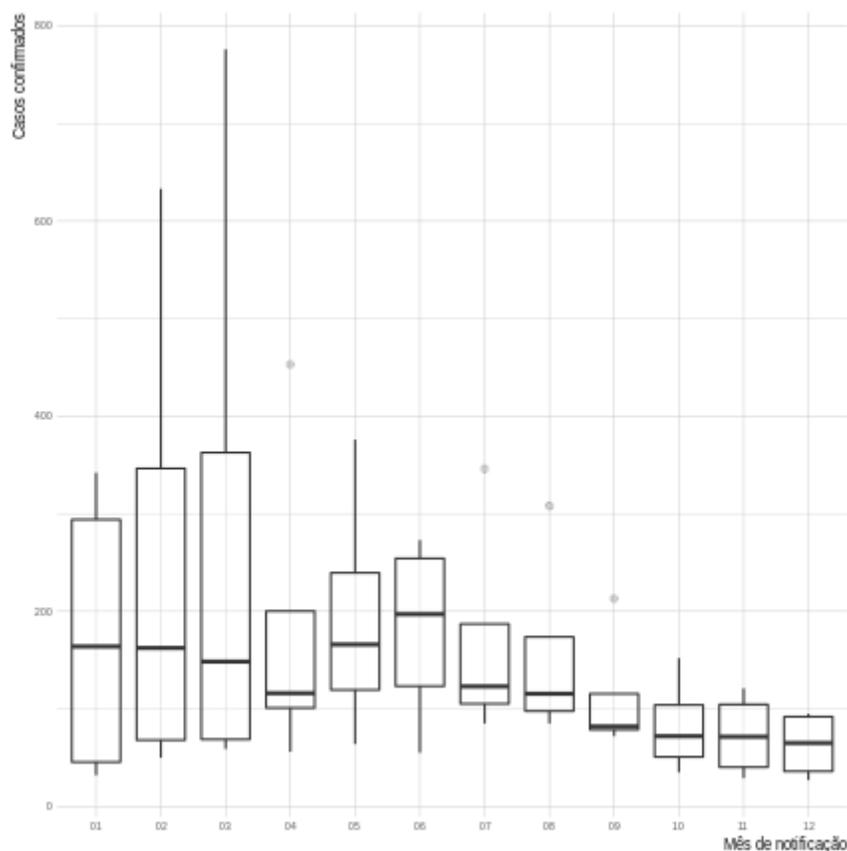
Ao total foram 42445 casos confirmados de chikungunya notificados na Bahia ao longo dos 4 anos estudados. A maioria dos casos ocorreu em 2016, esse ano também concentrou a maior parte dos casos notificados como suspeitos. Cerca de 80.5% dos casos foram fechados pelo critério clínico-epidemiológico e apenas 19.3% (ou 8199 casos) tiveram confirmação pelo critério laboratorial. A cura foi o desfecho em 92% dos casos e os óbitos relacionados à chikungunya representaram apenas 0,1%.

Quadro 30 – Casos confirmados e suspeitos de chikungunya por ano, Bahia, 2016 a 2019

Ano	Casos confirmados	Casos suspeitos
2016	26866	18724
2017	6514	3
2018	3335	-
2019	5730	2

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A chikungunya afetou mais as mulheres e um público com idade média de 39 anos. A maioria das notificações, em grande parte, concentrava-se nos meses de março, fevereiro e janeiro, respectivamente, como demonstra o Gráfico 32:

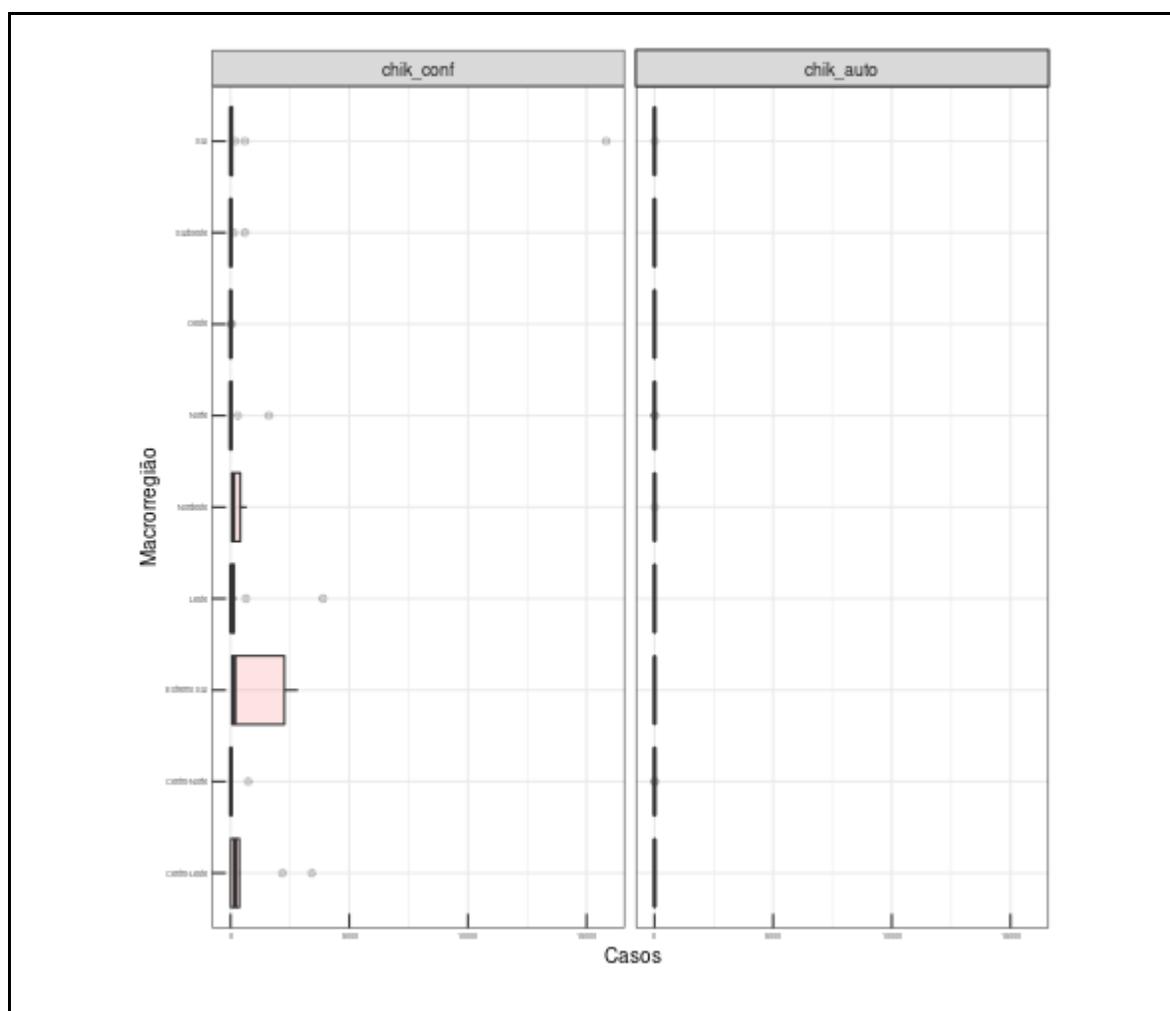
Gráfico 32 – Casos de chikungunya confirmados por mês e ano, Bahia, 2016 a 2019

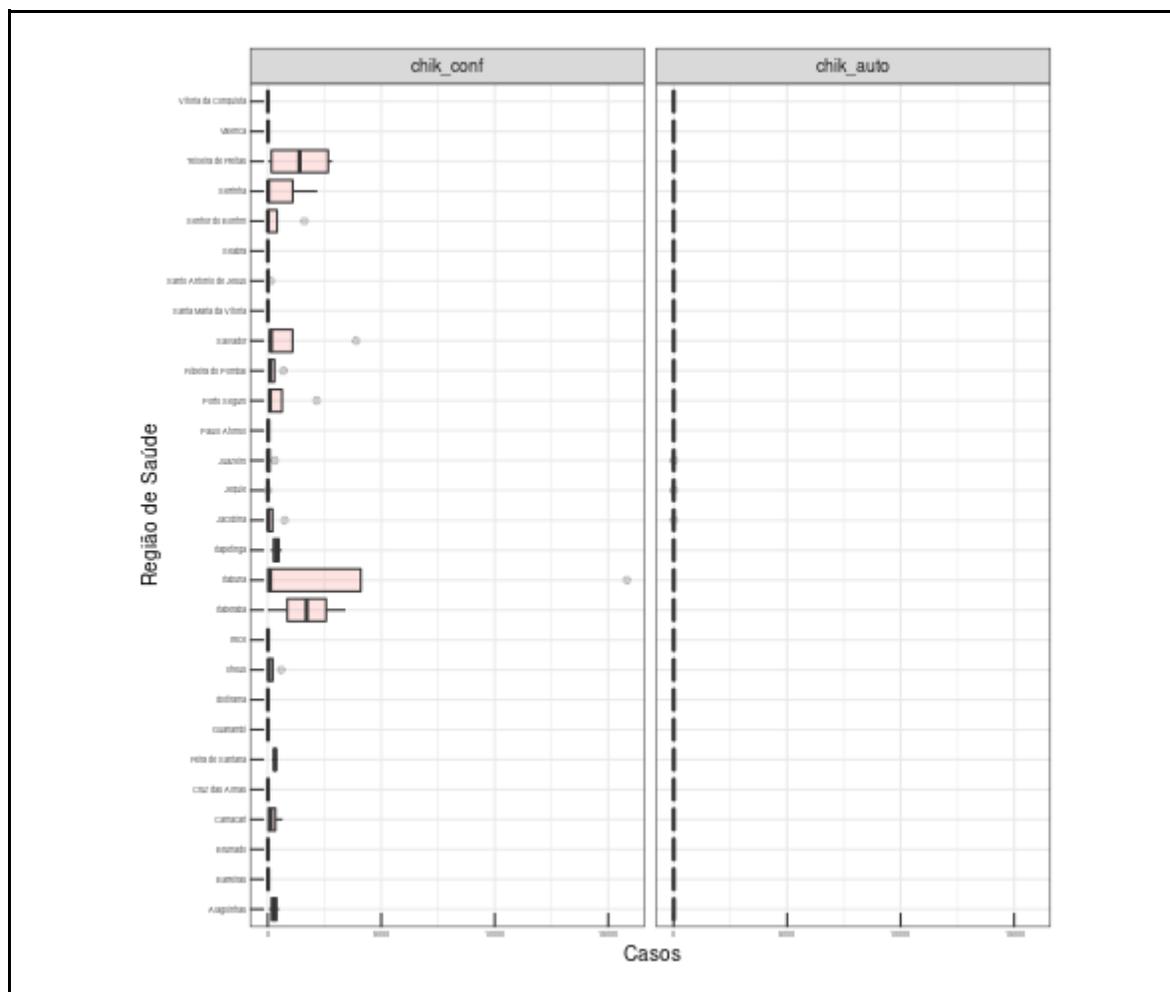
Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Mais de 94% dos casos (exatos 33248) foram identificados como autóctones. Embora 20% dos casos confirmados da região Oeste foram sinalizados como autóctones, estava nas macrorregiões Centro-Leste, seguidas pelas regiões Sul e Leste, o maior quantitativo de casos autóctones. Com destaque para as regiões de saúde de Itabuna, Feira de Santa e Teixeira de Freitas (Gráfico 33).

Especificamente sobre os casos confirmados e autóctones, nota-se que eles ocorreram em regiões de pequeno porte (41,7% naqueles de porte I e 37,2% de porte II, respectivamente), com IDH per capita médio (com 0.7 a 0.799) que tem a agropecuária como principal uso do solo (57,1%), bem como são caracterizadas como urbanas (81.4%) e do semiárido (60.3%), mesma disposição apresentada para os casos confirmados em geral - vide Quadro 31.

Gráfico 33 – Casos de chikungunya confirmados e autóctones por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019





Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Ao longo dos 4 anos analisados, vinte e sete municípios tiveram casos recorrentes de chikungunya. Tratava-se de municípios do Extremo Sul e Sul baianos, que na sua maioria estavam fora da zona do semiárido baiano (61.1%), eram urbanos (83%), de grande porte (44.4%) e com alto IDH (72.2%).

Quadro 31 – Características dos municípios com casos de chikungunya recorrentes de 2016 a 2019, Bahia

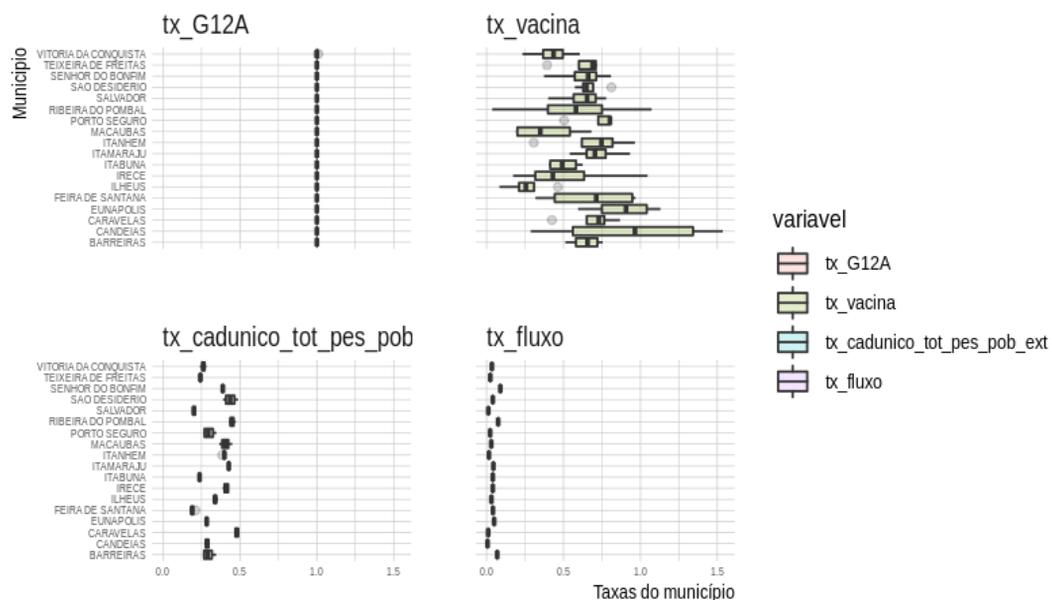
Município	Macrorregião	Região De Saúde	Porte	IDH	Bioma	Casos
Feira de Santana	Centro-Leste	Feira de Santana	Grande Porte	Alto	Agropecuária	855
Irecê	Centro-Norte	Irecê	Médio Porte	Alto	Agropecuária	7

Eunápolis	Extremo Sul	Porto Seguro	Grande Porte	Alto	Agropecuária	2187
Porto Seguro	Extremo Sul	Porto Seguro	Grande Porte	Alto	Agropecuária	84
Caravelas	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte II	Médio	Floresta	157
Itamaraju	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Médio Porte	Alto	Agropecuária	233
Itanhém	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte Ii	Alto	Agropecuária	207
Teixeira de Freitas	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Grande Porte	Alto	Agropecuária	4563
Candeias	Leste	Salvador	Médio Porte	Alto	Agropecuária	2396
Salvador	Leste	Salvador	Metrópole	Muito Alto	Corpo D'agua	1486
Ribeira do Pombal	Nordeste	Ribeira do Pombal	Pequeno Porte II	Médio	Agropecuária	549
Senhor do Bonfim	Norte	Senhor Do Bonfim	Médio Porte	Alto	Agropecuária	417
Barreiras	Oeste	Barreiras	Grande Porte	Alto	Floresta	61
São Desidério	Oeste	Barreiras	Pequeno Porte II	Médio	Floresta	14
Macaúbas	Sudoeste	Brumado	Pequeno Porte II	Médio	Floresta	12
Vitória da Conquista	Sudoeste	Vitória da Conquista	Grande Porte	Alto	Agropecuária	12
Ilhéus	Sul	Ilhéus	Grande Porte	Alto	Floresta	466
Itabuna	Sul	Itabuna	Grande Porte	Alto	Floresta	14500

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Com menos de 50% da população inscrita no cadastro único como pobre e extra pobre, apenas o município de Ribeira do Pombal, em 2015, teve 40% de sua população inscrita no Cadastro Único sem água, luz e coleta de lixo. Para o restante dos municípios, a participação percentual da população sem acesso a água, luz e coleta de lixo mostrava-se abaixo dos 30%. Em relação à cobertura de água, há uma taxa de cobertura, como indica o Gráfico 34.

Gráfico 34 – Taxas dos municípios com casos de chikungunya recorrentes de 2016 a 2019, Bahia



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

7.2.1.3. Perfil de casos da zika

Entre 2015 e 2019, a Bahia teve 26.365 casos confirmados de zika, ou seja 88,44% dos casos suspeitos viriam a se confirmar ao longo do tempo. Concentrados nos anos 2016 e 2017, os casos sofreram uma queda em 2018, voltando a crescer em 2019. Embora 97% dos casos tenham sido encerrados pelo critério clínico-epidemiológico, em 2018 e 2019 foi o critério laboratorial que classificou pouco mais de 50% dos casos. A maior parte das notificações ocorreu nos meses de março, fevereiro e abril; a cura foi o desfecho de mais de 92,7% dos casos.

Quadro 32 – Casos confirmados e suspeitos de zika por ano, Bahia, 2016 a 2019

Ano	Casos confirmados	Casos suspeitos
2016	24710	26199

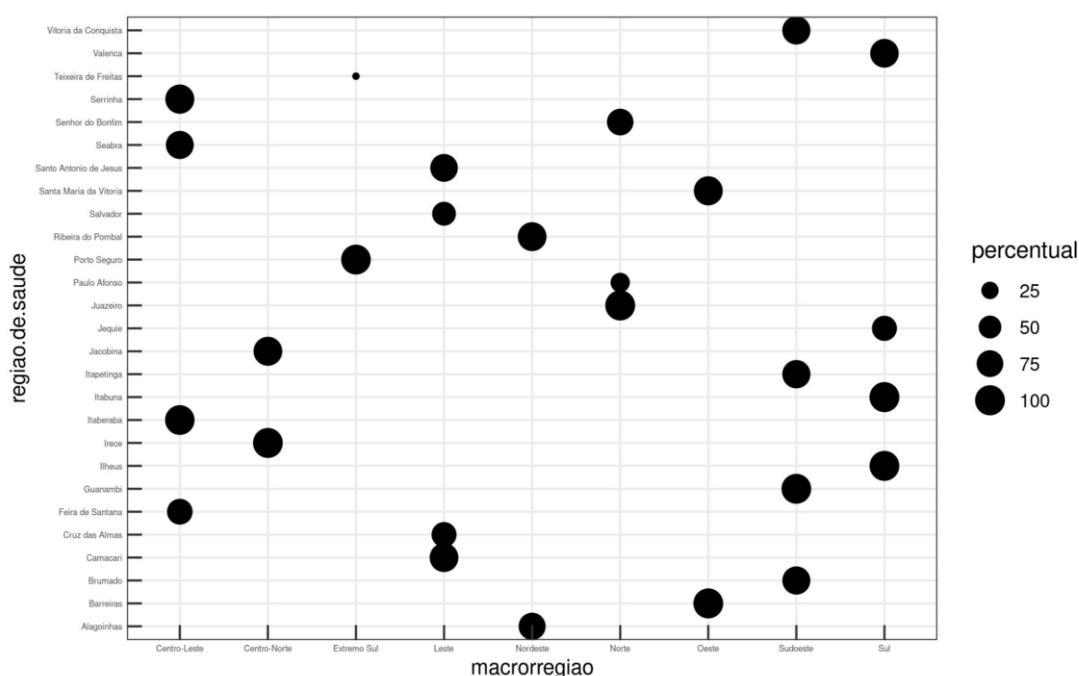
2017	948	1387
2018	294	514
2019	413	1701

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

A ocorrência de zika marcou as macrorregiões do Sul, Centro-Leste e Sudoeste, bem como as regiões de saúde de Feira de Santana, Brumado e Jequié. Assim como ocorreu com a chikungunya, os casos de zika ocorreram mais nos municípios urbano (52.8%), do semiárido (54.7%), de IDH médio (59.5%) e que têm como principal uso do solo a agropecuária (57.5%) e floresta (37.5%).

Os casos autóctones corresponderam a mais de 90% dos casos suspeitos nas macrorregiões do Sul, Oeste, Centro-Norte e Norte. O alto percentual de participação dos casos autóctones dentre os confirmados (que varia entre 64% e 99%) é visto nas outras macrorregiões, apenas na região do Extremo Sul baiano os casos autóctones correspondem a menos de 40% dos casos. O Gráfico 35 ajuda a evidenciar a participação da autoctonia dentre os casos confirmados.

Gráfico 35 – Distribuição da participação percentual dos casos autóctones sobre os casos confirmados por Macrorregião e Região de Saúde, Bahia, 2016 a 2019



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Onze municípios, dentre os 417 baianos, tiveram casos ao longo dos quatro anos analisados afetando em torno de 81.239.688 habitantes³⁰. Neles, a maior parte dos casos eram autóctones, ou seja, provenientes do próprio município e as notificações concentraram-se nos meses de março, maio e abril. Trata-se dos municípios de Barreiras, Eunápolis, Feira de Santana, Ilhéus, Itabela, Lauro de Freitas, Remanso, Ribeira do Pombal, Salvador, Teixeira de Freitas e Prado, este último único município classificado como rural (rural adjacente).

Quadro 33 – Características dos municípios com casos de zika recorrentes de 2016 a 2019, Bahia

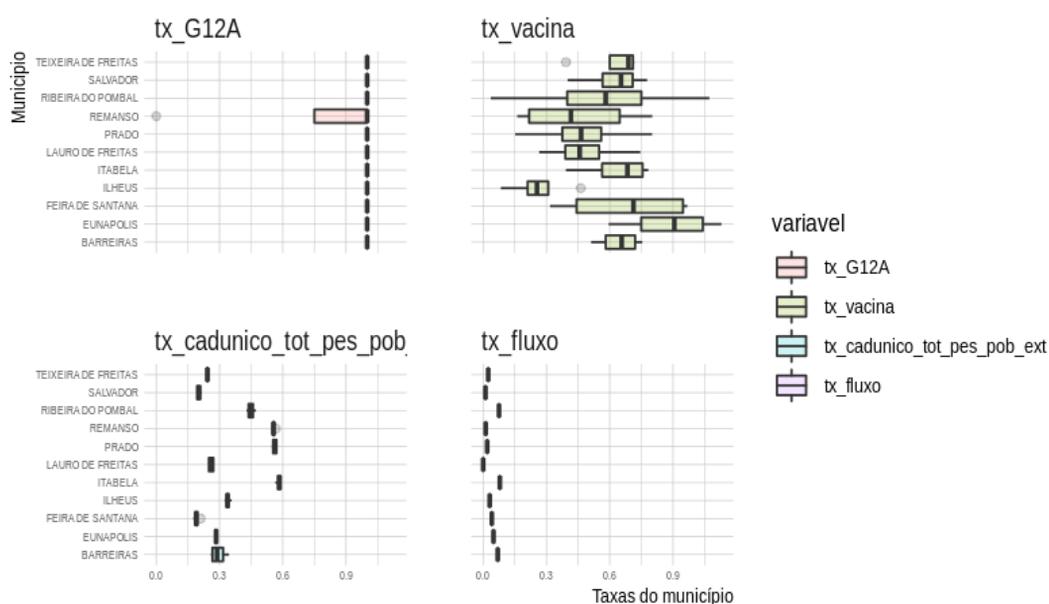
Município	Macrorregião	Região de Saúde	Porte	IDH	Bioma	Casos
Ilhéus	Sul	Ilhéus	Grande Porte	Alto	Floresta	45
Barreiras	Oeste	Barreiras	Grande Porte	Alto	Floresta	289
Remanso	Norte	Juazeiro	Pequeno Porte II	Médio	Floresta	351
Ribeira do Pombal	Nordeste	Ribeira do Pombal	Pequeno Porte II	Médio	Agropecuária	201
Lauro de Freitas	Leste	Salvador	Grande Porte	Muito Alto	Área não vegetada	19
Salvador	Leste	Salvador	Metrópole	Muito Alto	Corpo d'água	192
Prado	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Pequeno Porte II	Médio	Agropecuária	4
Teixeira de Freitas	Extremo Sul	Teixeira de Freitas	Grande Porte	Alto	Agropecuária	1029
Eunápolis	Extremo Sul	Porto Seguro	Grande Porte	Alto	Agropecuária	469
Itabela	Extremo Sul	Porto Seguro	Pequeno Porte II	Médio	Agropecuária	15
Feira de Santana	Centro-Leste	Feira de Santana	Grande Porte	Alto	Agropecuária	37

Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

³⁰ Números obtidos com base na população de 2019.

Esses municípios têm alta taxa de cobertura de água e vacinação contra febre amarela, embora tenham baixa taxa de fluxo. Três destes municípios têm mais de 50% de sua população inscrita no Cadastro Único como pobres e extremamente pobres, como evidencia o gráfico abaixo. Remanso e Ribeira do Pombal tiveram em 2015 mais de 40% da sua população inscritas no Cadastro Único sem acesso à água, luz e coleta de lixo, nesta época o município de Prado contava com 20% dos seus habitantes nessa condição.

Gráfico 36 – Taxas dos municípios com casos de zika recorrentes de 2016 a 2019, Bahia



Fonte: Elaboração própria a partir DATASUS (2020).

Este capítulo introduziu o lócus da pesquisa e trouxe uma visão abrangente do perfil epidemiológico das doenças estudadas, incluindo o número de casos notificados e a caracterização geográfica. Essa caracterização possibilita entender a abrangência e a magnitude da transmissão de arboviroses no estado.

8 ANÁLISE DOS DADOS

Neste capítulo será realizada a aplicação do modelo de regressão Binomial Negativo. Ao todo três modelos foram construídos e analisados para cada arbovirose. Bem como, foram três os modelos traçados para o cenário de circulação simultânea, cada um modelado para uma das arboviroses. Adotou-se a estratégia de modelos aninhados, cujas variáveis incluídas (e incorporadas nos modelos subsequentes) foram aquelas com as estatísticas mais relevantes selecionadas dentre as 15 covariáveis explanatórias possíveis. O processo de escolha foi feito após avaliação sistemática de todas as variáveis a partir dos resultados obtidos de cada modelo.

Iniciou-se o processo de modelagem a partir dos casos de dengue, seguindo para os casos de chikungunya e zika. Os modelos foram delineados a partir das estratégias explanadas no Capítulo 6.

Os resultados de um modelo de regressão binomial negativa serão expostos tanto a partir do conjunto de coeficientes estimados logaritmicamente quanto em termos da exponencial dos coeficientes. Os coeficientes exponenciados refletem a IRR (*incidence rate ratio*) - algo como a razão da taxa de incidência.

Na análise, trata-se de taxa de casos mensurada em razão da exposição à população, inserida como *offset* na equação de regressão.

8.1 Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial - Casos de dengue.

8.1.1 Dengue confirmada

Para o primeiro modelo 1, considerou-se que a dengue poderia ser representada de forma mais simples por $dg_conf = IDH + tx_vacina + semiarido + bioma + tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_Ssnis + tipologia + PIB_percapita + densidade + tx_fluxo + tx_dg_auto + tx_G12A$.

À primeira vista, observou-se para o modelo 1 (M1) um valor de p significativo nas variáveis tx_vacina , $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$, tx_dg_auto e tx_G12A . As variáveis tx_vacina , $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ e tx_G12A apresentam uma relação negativa nos casos de dengue confirmada. Mais significativas, a tx_vacina e $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ têm relação menor que a tx_G12A nos casos de dengue confirmada, embora esta última tenha

menos significância para o modelo proposto. Já a tx_dg_auto tem uma relação positiva intensa, indicativo que a sua elevação eleva as chances de ocorrência de casos de dengue confirmados.

Optou-se por manter as variáveis IDH, densidade, tx_Ssnis, bioma e semiarido que apresentaram pouca significância, com valor de p próximo a 0,05. Enquanto as variáveis IDH alto e semiarido têm efeito positivo; a tx_Ssnis, o bioma corpos de água e densidade têm efeito negativo na probabilidade de ocorrência de casos de dengue confirmada (Figura 13).

Figura 13 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-4.9002  -1.1305  -0.7866  -0.0524   4.0967

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -7.617e+00  1.055e+00  -7.217  5.3e-13 ***
IDHBAIXO     -4.182e-01  5.922e-01  -0.706  0.48004
IDHMEDIO     2.582e-02  1.546e-01   0.167  0.86737
IDHMUITO ALTO 5.932e+00  3.475e+00   1.707  0.08786 .
tx_vacina    -1.440e+00  1.952e-01  -7.379  1.6e-13 ***
semiarido semiárido 2.214e-01  1.267e-01   1.748  0.08041 .
bioma natural não florestal -9.454e-01  7.523e-01  -1.257  0.20883
bioma agropecuária -4.333e-02  1.105e-01  -0.392  0.69495
bioma área não vegetada -2.114e+00  1.617e+00  -1.308  0.19104
bioma corpos d'água -9.840e-01  5.335e-01  -1.844  0.06513 .
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -1.972e+00  5.715e-01  -3.450  0.00056 ***
tx_Ssnis     -5.792e-01  3.371e-01  -1.718  0.08576 .
tipologiaurbano -1.370e-01  1.485e-01  -0.923  0.35602
PIB_percapita -3.385e-06  3.725e-06  -0.909  0.36353
densidade    -1.636e-03  8.697e-04  -1.881  0.06002 .
tx_fluxo     8.826e-01  7.498e-01   1.177  0.23915
tx_dg_auto   6.595e+02  1.519e+01  43.431  < 2e-16 ***
tx_G12A     -4.971e-01  2.394e-01  -2.077  0.03784 *
log(populacao) 1.184e+00  8.702e-02  13.608  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2417) family taken to be 1)

Null deviance: 3076.2 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1551.7 on 1649 degrees of freedom
AIC: 8808.1

Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 0.2417
Std. Err.: 0.0103
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -8768.1420

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Restaram no modelo 2 (M2), construído a partir das variáveis significativas do modelo 1, após os refinamentos as variáveis tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_dg_auto e tx_G12A (Figura 14).

Figura 14 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-4.8872 -1.1314 -0.7868 -0.0511  4.1681

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -7.08538    0.95282  -7.436 1.04e-13 ***
tx_vacina     -1.40286    0.19284  -7.275 3.47e-13 ***
semiarido semiárido    0.27866    0.11586   2.405 0.016160 *
bioma natural não florestal -0.73820    0.74944  -0.985 0.324619
bioma agropecuária  -0.07469    0.10778  -0.693 0.488310
bioma área não vegetada -1.50120    1.04224  -1.440 0.149768
bioma corpos d'água  -1.21027    0.46590  -2.598 0.009385 **
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -2.09986    0.54456  -3.856 0.000115 ***
tx_dg_auto     653.97963   15.16411  43.127 < 2e-16 ***
tx_G12A        -0.42052    0.23930  -1.757 0.078867 .
log(populacao)  1.10353    0.07393  14.927 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2401) family taken to be 1)

Null deviance: 3058.6 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1551.9 on 1657 degrees of freedom
AIC: 8800.2

Number of Fisher Scoring iterations: 1

          Theta: 0.2401
        Std. Err.: 0.0102
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -8776.2370

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

A terceira estratégia de análise delineada pelo modelo 3 introduz ao modelo 2 às variáveis da chikungunya e zika confirmadas e a interação dos casos autóctones. Notou-se a melhoria de desempenho para o modelo 3 após a inserção dos novos preditores, embora a variável tx_G12A tenha perdido sua significância (Figura 15).

Figura 15 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.9836 -1.1360 -0.7901 -0.0505  4.3002

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -6.085e+00  9.096e-01  -6.690 2.23e-11 ***
tx_vacina    -1.508e+00  1.898e-01  -7.945 1.94e-15 ***
semiarido semiárido  3.281e-01  1.137e-01   2.887 0.003894 **
bioma natural não florestal -6.614e-01  7.320e-01  -0.903 0.366261
bioma agropecuária  -1.968e-01  1.044e-01  -1.885 0.059461 .
bioma área não vegetada  -1.237e+00  1.021e+00  -1.211 0.225748
bioma corpos d'água  -1.238e+00  4.577e-01  -2.705 0.006823 **
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -1.968e+00  5.328e-01  -3.693 0.000222 ***
tx_dg_auto    7.236e+02  1.971e+01  36.705 < 2e-16 ***
zika_conf    2.036e-03  9.123e-04   2.231 0.025667 *
chik_conf    2.079e-03  3.323e-04   6.256 3.95e-10 ***
log(populacao)  9.559e-01  7.372e-02  12.966 < 2e-16 ***
tx_chik_auto:tx_zk_auto  -2.341e+04  3.141e+03  -7.452 9.18e-14 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2507) family taken to be 1)

Null deviance: 3175.8 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1555.1 on 1655 degrees of freedom
AIC: 8756.3

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.2507
            Std. Err.: 0.0108

2 x log-likelihood: -8728.3040

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Dos modelos criados, quando os comparamos a partir do critério de informação de Akaike (AIC), o modelo 3 (M3) é o mais ajustado (AIC=8756.30). O parâmetro de dispersão do M3 estimado foi 0.9396621, calculado a partir da relação do valor do *residual deviance*, que ficou em 1555.1, com 1655 graus de liberdade. Enquanto o desvio nulo (*null deviance*) mensura o quanto a variável de resposta pode ser prevista por um modelo com apenas o intercepto, o *residual deviance* evidencia a contribuição das covariáveis na resposta estimada. Representa o critério de bondade do modelo. Quanto menor o valor, mais ajustado e capaz de prever o valor da variável de resposta é o modelo.

Para saber o quanto da variabilidade é explicada pelo modelo final, calculou-se a estatística qui-quadrado: $X^2 = \text{desvio nulo} - \text{desvio residual}$. Os graus de liberdade são dados pela quantidade de covariáveis. No caso do M3, o X^2 (Chi-Square Score) deu 1620.646, com 8 graus de liberdade e com valor-p de 0.00. O valor-p ($P < 0,05$) sinaliza que o modelo é capaz

de prever a probabilidade de casos confirmados. Através da divisão do X^2 (Chi-Square Score) pelo desvio nulo obteve-se o percentual explanatório do modelo, que é 51%.

Os resultados da regressão binomial negativa são descritos em chances de log, para facilitar a interpretação os coeficientes estimados são exponenciados a fim de obter a taxa de incidência (IRR). A taxa que mensura o efeito da variável e pode variar entre 0 e infinito.

Sendo o coeficiente de regressão $\beta(i)$, o valor exponenciado é $e\beta^{(1)}$. Assim, o quadro 34 evidencia a taxa de ocorrência e seus erros padrões.

Quadro 34 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue confirmada

	Modelo 1 $e^{\beta_{i*}}$ (erro padrão)	Modelo 2 $e^{\beta_{i*}}$ (erro padrão)	Modelo 3 $e^{\beta_{i*}}$ (erro padrão)
IDHBAIXO	0.66 (0.59)		
IDHMEDIO	1.03 (0.15)		
IDHMUITO ALTO	376.80 (3.48)		
tx_vacina	0.24 *** (0.20)	0.25 *** (0.19)	0.22 *** (0.19)
semiarido semiárido	1.25 (0.13)	1.32 * (0.12)	1.39 ** (0.11)
bioma natural não florestal	0.39 (0.75)	0.48 (0.75)	0.52 (0.73)
bioma agropecuária	0.96 (0.11)	0.93 (0.11)	0.82 (0.10)
bioma área não vegetada	0.12 (1.62)	0.22 (1.04)	0.29 (1.02)
bioma corpos d'água	0.37 (0.53)	0.30 ** (0.47)	0.29 ** (0.46)
tx_cadunico_tot_pes_p ob_ext	0.14 *** (0.57)	0.12 *** (0.54)	0.14 *** (0.53)
tx_Ssnis	0.56 (0.34)		
tipologiaurbano	0.87 (0.15)		
PIB_percapita	1.00 (0.00)		
densidade	1.00 (0.00)		
tx_fluxo	2.42 (0.75)		
tx_dg_auto	2.743508e+286 ***	1.046517e+284 ***	Inf ***

	(15.19)	(15.16)	(19.71)
tx_G12A	0.61 *	0.66	
	(0.24)	(0.24)	
zika_conf			1.00 *
			(0.00)
chik_conf			1.00 ***
			(0.00)
tx_chik_auto:tx_zk_au to			0.00 ***
			(3141.48)
<hr/>			
AIC	8808.14	8800.24	8756.30
BIC	8916.53	8865.27	8832.17

*** p < 0.001; ** p < 0.01; * p < 0.05.

* exponencial do resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas nos três modelos refere-se ao número total de municípios baianos mensurados pelos 4 anos analisados, ou seja, 1668 (417*4 anos).

Fonte: Elaboração própria (2022).

Após os refinamentos restaram no modelo final para a dengue confirmada as variáveis de tx_vacina, semiarido, bioma corpos d'água e agropecuária, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_dg_auto, zika_conf, chik_conf e tx_chik_auto:tx_zk_auto. A notação do modelo final está abaixo:

$$dg_conf = \log(\text{intercepto} - tx_vacina + semiarido[semiárido] - bioma[corpos d'água] - bioma[agropecuaria] - tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + tx_dg_auto + zika_conf + chik_conf - tx_chik_auto:tx_zk_auto + \log(populacao))$$

Nele, a autoctonia de casos de dengue mostrou-se mais significativa, seguida pela vacina e pela relação da taxa da chikungunya autóctone com a zika autóctone. Dentre a taxa de confirmados, a confirmação de chikungunya tem mais relevância que a da zika, ambas com impacto positivo.

A vacina tem relação negativa, sugere que população vacinada de febre amarela (tx_vacina) decai 0.22 vezes as chances dos casos de dengue confirmada³¹ em comparação com baixa taxa de vacina. A variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext também impacta negativamente na taxa de confirmação. Comparativamente, em relação às baixas taxas da

³¹ Ressalta-se que quando o valor exponenciado é menor que 1 sinaliza que a variável se correlaciona negativamente com a ocorrência do resultado.

população inscrita, aquelas mais altas tendem a diminuir em aproximadamente 0.14 vezes a taxa de confirmação da dengue.

Dentre as categorias do bioma levantadas, os corpos de água e agropecuária são as mais significativas. O bioma corpos de água mais significativo que a agropecuária decresce a taxa de casos em 0.29 vezes. Os casos na zona semiárida tendem a incrementar positivamente a taxa de dengue em 1.40 vezes. Valor acima de 1 indica uma correlação positiva.

Os casos de zika e chikungunya confirmadas têm impacto positivo na taxa de casos confirmados de dengue, embora significativas, elas não apresentam efeito relevante no incremento de casos. Isso porque ambas têm efeito igual a 1. Apesar disso, elas foram mantidas no modelo a fim de evidenciar a existência de alguma interação e influência com a confirmação dos casos de dengue.

A autoctonia de dengue tem uma forte relação de dependência com os casos de dengue confirmada, incrementando em $\exp(7.236291e+02)$ vezes os casos. O valor da taxa de ocorrência infinita sinaliza que a autoctonia está incorporada (contida) aos casos de dengue confirmada e assim considerada uma condição preliminar de sua ocorrência.

Para melhor obter a explicação sobre o efeito dos parâmetros das variáveis, foi feita uma estimativa do efeito das variáveis com base no coeficiente logarítmico exponencial do modelo binomial negativo. Essa estimativa permite mensurar o impacto médio de uma variável em termos percentuais na variação da taxa de casos.

O quadro 35 abaixo mostra duas possibilidades de avaliar o efeito das variáveis: através da taxa e^{β} da vacina (ou IRR) e da sua transformação em termos percentuais.

Quadro 35 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3.

Variável	Estimate (beta)	e^{beta} *	Percentual
tx_vacina	-1.508	0.221	-77.857
semiarido semiárido	0.328	1.388	38.833
bioma natural não florestal	-0.661	0.516	-48.387
bioma agropecuária	-0.197	0.821	-17.863
bioma área não vegetada	-1.237	0.290	-70.977
bioma corpos d'água	-1.238	0.290	-71.012
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-1.968	0.140	-86.021
tx_dg_auto	723.63	Inf	Inf
zika_conf	0.002	1.002	0.204
chik_conf	0.002	1.002	0.208
tx_chik_auto:tx_zk_auto	-23410.80	0.000	-100.000

Fonte: Elaboração própria (2022).

A partir da avaliação dos efeitos se nota que:

Os municípios cuja taxa de vacinados da febre amarela (tx_vacina) está em 0.9, por exemplo, têm taxa de 8.9 casos confirmados de dengue. Sem a vacina, a taxa de casos fica em 34.8. A mudança da taxa de vacinados provoca uma variação de 0.26 (8.9/34.8) na taxa de casos.

Como visto no Quadro 35, a taxa e^{beta} da vacina (ou IRR) fica em torno de 0.221. A mudança entre as taxas, altera em 0.221 vezes a taxa de casos. Assim, pode-se sinalizar a

mudança do valor zero de vacina para o valor 0.9, multiplicando o IRR ao valor da taxa de casos. O valor obtido mostra-se aproximado ao predito na análise: enquanto o previsto estava em 1.71, obteve-se um taxa de 1.99 (8.9 x 0.221) casos.

Transformada em percentual, a taxa e^{beta} da vacina (ou IRR) indica que a mudança entre as taxas de vacina provoca uma redução percentual de 77.9%³² (vide Quadro 35). Ou seja, uma redução em taxa de casos em torno de 27.11 casos quando aplicada para a taxa de casos estimada de 34.8 (34.8*77.9/100) - Valor similar ao previsto (25.84), como mostra o Quadro 36.

Quadro 36 – Análise efeito variável tx_vacina.

tx_vacina*	Taxa de dengue confirmado	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de dengue confirmada
0	34.8005354	0.00	0.0000000
0.9	8.9597065	0.26	25.8408288
2	1.7062703	0.19	7.2534362
3	0.3778146	0.22	1.3284557
4	0.0836584	0.22	0.2941562

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

As variáveis que computam os casos confirmados de chikungunya (chik_conf) e de zika (zika_conf) tem taxa de razão de incidência em torno de 1 e baixo percentual de impacto. São variáveis muito dispersas.

O incremento da taxa de autoctonia da dengue provoca acréscimo na taxa de dengue confirmada. No valor 0, é previsto uma taxa de dengue confirmada em 7.91. Quando está no valor 0.02, a taxa prevista é de 1.53e+07. À medida que a taxa aumenta, a taxa de casos

³² Fórmula=100 * (exp(-beta) - 1)

confirmados de dengue eleva a 10^n e tende ao infinito, conforme indica o Quadro 36 acima e o Quadro 37.

Quadro 37 – Análise efeito variável tx_dg_auto.

tx_dg_auto*	Taxa de dengue confirmado	Diferença de taxa	Valor aumentado da taxa de dengue confirmada
0	7.910443e+00	0	0
0.02	1.526032e+07	1929136	15260310
0.04	2.943922e+13	1929136	2.943921e+13
0.06	5.679225e+19	1929136	5.679222e+19
0.08	1.095600e+26	1929136	1.095599e+26

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A variação percentual da taxa de casos de dengue confirmada no bioma corpos d'água em comparação com o bioma florestal, entendido como o bioma de referência, reduz em média a taxa de dengue confirmada estimada em 71%. E a variação percentual da taxa de casos de dengue confirmada no semiárido em comparação com o cenário fora da zona semiárida (a zona de referência) aumenta em média a taxa de dengue confirmada estimada de 38.8%. Na zona não árida espera-se que a taxa de casos confirmados fique em torno de 10, a mudança para a zona semiárida eleva a taxa para aproximadamente 14.

Assim, a equação do modelo de regressão binomial negativa para dengue confirmada é dada a partir do valor exponencial do coeficiente é representada pela notação abaixo:

$$dg_conf = -0.002 - 0.22 * tx_vacina + 1.39 * semiarido[semiárido] - 0.82 * bioma [corpos d'água] - 0.29 * bioma [corpos d'água] - 0.14 * tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + Inf * tx_dg_auto + 1 * zika_conf + 1 * chik_conf - 0 * tx_chik_auto : tx_zk_auto$$

8.1.2 Dengue suspeita

Partiu-se do modelo com as seguintes covariáveis: IDH, tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_fluxo, tx_dg_auto e tx_G12A como estratégia de análise para o cenário que analisa a dengue suspeita (Figura 16).

Figura 16 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.9781 -1.3075 -0.7904 -0.2592  3.5313

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -6.724e+00  1.003e+00  -6.701 2.07e-11 ***
IDHBAIXO      -1.016e+00  5.420e-01  -1.873 0.061003 .
IDHMEDIO      -3.044e-01  1.472e-01  -2.068 0.038603 *
IDHMUITO ALTO  3.779e+00  3.356e+00   1.126 0.260173
tx_vacina     -2.450e-01  1.786e-01  -1.372 0.170157
semiarido semiárido -1.359e-02  1.208e-01  -0.113 0.910425
bioma natural não florestal -2.689e+00  7.557e-01  -3.558 0.000374 ***
bioma agropecuária -2.027e-01  1.057e-01  -1.918 0.055151 .
bioma área não vegetada -3.957e+00  1.581e+00  -2.503 0.012305 *
bioma corpos d'água -8.040e-01  4.936e-01  -1.629 0.103322
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  9.387e-01  5.323e-01   1.764 0.077800 .
tx_Ssnis      -9.519e-01  3.213e-01  -2.962 0.003054 **
tipologiaurbano  3.237e-01  1.432e-01   2.261 0.023760 *
PIB_percapita -6.274e-06  3.566e-06  -1.759 0.078518 .
densidade     -8.024e-04  8.390e-04  -0.956 0.338893
tx_fluxo     -1.180e-01  7.155e-01  -0.165 0.869063
tx_dg_auto    1.881e+02  1.495e+01  12.579 < 2e-16 ***
tx_G12A       3.090e-01  2.324e-01   1.330 0.183656
log(populacao) 1.003e+00  8.292e-02  12.103 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2488) family taken to be 1)

Null deviance: 2389.6 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1865.6 on 1649 degrees of freedom
AIC: 11951

Number of Fisher Scoring iterations: 25

              Theta:  0.24977
            Std. Err.:  0.00858
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -11910.86600

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com base no critério do p-valor, optou-se pela retirada das variáveis densidade, semiarido, PIB_percapita, densidade e tx_G12A. O teste de análise de variância (ANOVA), a partir da inspeção dos coeficientes identificou-se a baixa contribuição das variáveis tipologia,

tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_Ssnis que posteriormente, através da avaliação do AIC, foram retiradas da análise (Figura 17).

Figura 17 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue suspeita.

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.9882  -1.2943  -0.7906  -0.2757   3.7744

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -5.79781    0.66403  -8.731 < 2e-16 ***
tx_vacina         -0.53698    0.17452  -3.077 0.002092 **
bioma natural não florestal -2.67427    0.74188  -3.605 0.000313 ***
bioma agropecuária  -0.24098    0.10132  -2.378 0.017390 *
bioma área não vegetada  -3.07214    1.02564  -2.995 0.002742 **
bioma corpos d'água    -0.85417    0.42963  -1.988 0.046794 *
tx_Ssnis          -1.02326    0.29352  -3.486 0.000490 ***
tx_dg_auto        183.48457   14.88953  12.323 < 2e-16 ***
log(populacao)      0.98222    0.06286  15.624 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2481) family taken to be 1)

Null deviance: 2383.8 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1866.0 on 1659 degrees of freedom
AIC: 11936

Number of Fisher Scoring iterations: 25

                Theta: 0.24826
                Std. Err.: 0.00851
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -11915.68100

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Ao final, mostraram-se relevantes as variáveis taxa de vacina da febre amarela (tx_vacina), a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis) e as variáveis ligadas a autoctonia: tx_dg_auto e a interação entre as taxas autóctonos de chikungunya e zika (tx_chik_auto:tx_zk_auto). Além do bioma, em especial o bioma natural não florestal, a área não vegetada e a agropecuária (Figura 18).

Figura 18 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.1310 -1.3019 -0.7887 -0.2730  3.7278

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -5.8846    0.6649  -8.851 < 2e-16 ***
tx_vacina        -0.4055    0.1747  -2.321 0.020291 *
bioma natural não florestal -2.6564    0.7394  -3.593 0.000327 ***
bioma agropecuária -0.2539    0.1012  -2.509 0.012106 *
bioma área não vegetada -3.0553    1.0242  -2.983 0.002854 **
bioma corpos d'água  -0.8218    0.4290  -1.915 0.055433 .
tx_Ssnis        -1.0619    0.2931  -3.622 0.000292 ***
tx_dg_auto       222.2688   19.5164  11.389 < 2e-16 ***
log(populacao)    0.9820    0.0629  15.612 < 2e-16 ***
tx_chik_auto:tx_zk_auto -4249.0158  506.8244  -8.384 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.2488) family taken to be 1)

Null deviance: 2389.8 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1865.7 on 1658 degrees of freedom
AIC: 11933

Number of Fisher Scoring iterations: 25

Theta: 0.24924
Std. Err.: 0.00855
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -11910.80700

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

A união dos resultados dos três modelos está representada no Quadro 38. O quadro inclui os coeficientes estimados logaritmicamente, o erro padrão, o valor de p, o log likelihood, deviance, o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano (BIC) de cada modelo.

Quadro 38 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue suspeita

Variáveis	Modelo 1 beta (erro padrão)	Modelo 2 beta (erro padrão)	Modelo 3 beta (erro padrão)
IDHBAIXO	-1.02 (0.54)		
IDHMEDIO	-0.30 (0.15) *		

IDHMUITO ALTO	3.78 (3.36)		
tx_vacina	-0.24 (0.18)	-0.54 (0.17) **	-0.41 (0.17) *
semiarido semiárido	-0.01 (0.12)		
bioma natural não florestal	-2.69 (0.76) ***	-2.67 (0.74) ***	-2.66 (0.74) ***
bioma agropecuária	-0.20 (0.11)	-0.24 (0.10) *	-0.25 (0.10) *
bioma área não vegetada	-3.96 (1.58) *	-3.07 (1.03) **	-3.06 (1.02) **
bioma corpos d'água	-0.80 (0.49)	-0.85 (0.43) *	-0.82 (0.43)
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	0.94 (0.53)		
tx_Ssnis	-0.95 (0.32) **	-1.02 (0.29) ***	-1.06 (0.29) ***
Tipologiaurbano	0.32 (0.14) *		
PIB_percapita	-0.00 (0.00)		
Densidade	-0.00 (0.00)		
tx_fluxo	-0.12 (0.72)		
tx_dg_auto	188.08 (14.95) ***	183.48 (14.89) ***	222.27 (19.52) ***
tx_G12A	0.31 (0.23)		
tx_chik_auto:tx_zk_auto			-4249.02 (506.82) ***
AIC	11950.87	11935.68	11932.81
BIC	12059.25	11989.87	11992.42
Log Likelihood	-5955.43	-5957.84	-5955.40
Deviance	1865.64	1866.04	1865.73

*coeficiente estimação beta para cada variável.

*** p-value < 0.05

O número de observações consideradas nos três modelos foi 1668 referente ao total de municípios.
Fonte: Elaboração própria (2022).

Do quadro acima, a partir da análise comparativa feita pelo critério de informação de Akaike (AIC), o modelo resultante da terceira estratégia de análise, o Modelo 3, mostrou-se como o mais ajustado dentre os três por ter AIC igual a 11932.81, o menor.

O parâmetro de dispersão do M3 estimado foi 1.13, calculado a partir da relação do valor do *residual deviance*, que ficou em 1865.7, com 1658 graus de liberdade. O cálculo da variabilidade (o X^2 - Chi-Square Score) deu 524.0501, com 6 graus de liberdade e com valor-p de 0.00. O valor-p ($P < 0,05$) sinaliza que o modelo é capaz de prever a probabilidade de casos suspeitos. Através da divisão do X^2 pelo desvio nulo obteve-se o percentual explanatório do modelo, que é 21%.

Como as unidades apresentadas no quadro são contagens de log, que significa que valores incrementam ou decrescem a contagem de logs, trabalhou-se com a taxa de incidência correspondente obtida por meio da exponencial do coeficiente. A interpretação da notação acima requer considerar também que há uma relação de constância entre as variáveis do modelo. Relação definida a partir da média de cada variável final do modelo. Para cada variável, as outras variáveis de previsão devem ser consideradas constantes (Quadro 39).

Quadro 39 – Representação da exponencial dos coeficientes estimados do Modelo 3 (M3)

	Estimate (beta)	Taxa de incidência*	Percentual
tx_vacina	-0.406	6.670000e-01	-3.333800e+01
bioma natural não florestal	-2.656	7.000000e-02	-9.298000e+01
bioma agropecuária	-0.254	7.760000e-01	-2.242300e+01
bioma área não vegetada	-3.055	4.700000e-02	-9.528900e+01
bioma corpos d'água	-0.822	4.400000e-01	-5.603700e+01
tx_Ssnis	-1.062	3.460000e-01	-6.542000e+01

tx_dg_auto	222.269	3.389356e+96	3.389356e+98
tx_chik_auto:tx_zk_auto	-4249.016	0.000000e+00	-1.000000e+02

* e^{β}

Fonte: Elaboração própria (2022).

Mais significantes (em termos do valor de p) à ocorrência de casos suspeitos de dengue são a taxa de autoctonia da dengue, a interação entre a taxa de autoctonia de chikungunya e taxa de autoctonia de zika e taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis).

Assim, a vacina tem relação negativa, sugere que um aumento em uma unidade da taxa de vacina de febre amarela (tx_vacina) decai a taxa dos casos de dengue suspeita (redução estimada em 0.667 vezes)³³. Município com taxa de vacina da população em 0.9, por exemplo, tem taxa de 42 casos suspeitos de dengue e o município com taxa de vacina em 2 tem prevista a ocorrência de 27 casos suspeitos. Uma variação de 0.642 casos. Percentualmente, a mudança entre as taxas de vacina provoca uma redução de 33.3% na taxa de casos suspeitos.

Dentre as categorias do bioma levantadas, têm significância os biomas: bioma natural não florestal, bioma área não vegetada, bioma agropecuária. Apenas o bioma corpos d'água tem baixa significância, embora seja considerado na análise. A relação do bioma com a taxa de casos é negativa, indicando que em presença dos biomas relevantes a taxa de casos apresenta redução.

A taxa de casos suspeitos de dengue no bioma floresta fica em torno de 54 e adquire valor de 42 quando se considera a agropecuária. Os casos previstos para os biomas de área não vegetada e natural não florestal são estimados em 3 e 4, respectivamente.

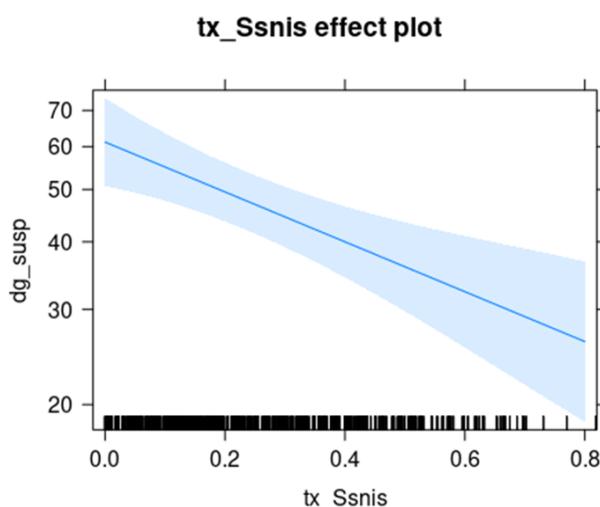
Os casos de dengue suspeitas no bioma natural não florestal em comparação com o bioma florestal, entendido como o bioma de referência, têm redução em média de 9.3%. Entre o bioma agropecuária e o bioma florestal há uma redução de 2.24%. E bioma área não vegetada e bioma florestal, a redução é de 9.53%.

A partir da estimativa feita para as variáveis contidas no Quadro 39, notou-se que a elevação em uma unidade dos inscritos da tx_Ssnis decresce em 0.34 vezes as chances de casos suspeitos de dengue. Quando presente, a variação do valor da variável reduz a taxa de dengue

³³ Ressalta-se que quando o valor exponenciado é menor que 1 sinaliza que a variável se correlaciona negativamente com a ocorrência do resultado.

suspeita em 65.42%. Naqueles municípios com taxa de inscritos igual a de 0.8 (por exemplo) a taxa de ocorrência de 26.17 casos suspeitos, com valor zero a taxa de dengue suspeita fica em 26.16 casos, conforme Gráfico 37.

Gráfico 31 – Gráfico de efeito variável tx_Ssnis



Fonte: Elaboração própria (2022).

Como no modelo de casos confirmados, o incremento da taxa de autoctonia da dengue eleva a taxa de casos suspeitos. A autoctonia de dengue mostrou-se altamente relacionada à taxa de casos de dengue suspeita. Ela incrementa $3.39e+96$ vezes os casos. Índícios de uma possível incorporação nos casos suspeitos de dengue e, assim, considerada uma condição preliminar de sua ocorrência.

A equação do modelo final de regressão binomial negativa para dengue suspeita, dado a partir do valor exponencial do coeficiente das covariáveis, é apresentada a seguir:

$$dg_susp = -0.00 - 0.66*tx_vacina - 0,07*bioma[natural\ não\ florestal] - 0.77*bioma[agropecuária] - 0.05*bioma[área\ não\ vegetada] - 0.44*bioma\ [corpos\ d'água] - 0.35*tx_Ssnis + 3.38e+96*tx_dg_auto + 0*tx_chik_auto:tx_zk_auto$$

8.1.3. Dengue confirmada - Cenário cocirculação

Para o cenário de cocirculação, considerou-se, inicialmente, que a dengue poderia ser representada por relação entre as covariáveis: IDH, tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_fluxo, tx_dg_auto e tx_G12A.

À primeira vista, observou-se para o modelo 1 (M1) um valor de p sem significância para as variáveis IDH, tx_vacina, semiarido, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_fluxo e tx_G12A (Figura 19).

Figura 19 – Resultado do modelo 1 (M1) da dengue confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-4.0951 -1.1277 -0.4082  0.3738  2.9065

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.816e+00  1.743e+00 -1.616  0.1062
IDHMEDIO    2.974e-01  2.353e-01  1.264  0.2062
IDHMUITO ALTO -4.675e-01  3.359e+00 -0.139  0.8893
tx_vacina    -2.979e-01  3.109e-01 -0.958  0.3379
semiarido semiárido 1.029e-01  1.901e-01  0.541  0.5883
bioma natural não florestal -2.996e-01  8.363e-01 -0.358  0.7202
bioma agropecuária -2.662e-01  1.836e-01 -1.449  0.1472
bioma área não vegetada -1.594e+00  1.341e+00 -1.189  0.2344
bioma corpos d'água -1.568e+00  8.627e-01 -1.818  0.0691
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -2.733e+00  1.063e+00 -2.570  0.0102 *
tx_Ssnis     -8.404e-01  6.959e-01 -1.208  0.2272
tipologiaurbano 1.225e-02  2.275e-01  0.054  0.9571
PIB_percapita -1.560e-06  4.741e-06 -0.329  0.7421
densidade     8.546e-05  8.379e-04  0.102  0.9188
tx_fluxo      2.439e+00  1.540e+00  1.584  0.1131
tx_dg_auto    1.762e+02  1.177e+01 14.970 < 2e-16 ***
tx_G12A       -6.873e-01  4.286e-01 -1.603  0.1089
log(populacao) 8.321e-01  1.321e-01  6.298 3.02e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.8235) family taken to be 1)

Null deviance: 646.6 on 200 degrees of freedom
Residual deviance: 232.7 on 183 degrees of freedom
AIC: 2187

Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 0.8235
Std. Err.: 0.0737

2 x log-likelihood: -2148.9520

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

No primeiro momento optou-se pela seleção manual, com base no critério do p-valor. Após análise do Anova e teste do stepAIC foram retirados do modelo as variáveis: bioma, tx_vacina, semiarido, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade e tx_fluxo (Figura 20).

Figura 20 – Resultado do modelo 2 (M2) da dengue confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
  Min       1Q   Median       3Q      Max
-4.0723  -1.0842  -0.4266   0.2890   2.8737

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -2.7765     1.5098  -1.839 0.065912 .
IDHMEDIO         0.3408     0.2133   1.598 0.110000
IDHMUITO ALTO   -1.6496     0.4975  -3.315 0.000915 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.2924     0.9945  -3.311 0.000931 ***
tx_dg_auto     181.5963    11.4132  15.911 < 2e-16 ***
tx_G12A        -0.9189     0.4227  -2.174 0.029710 *
log(populacao)  0.8394     0.1104   7.603 2.9e-14 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.7957) family taken to be 1)

Null deviance: 625.15  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 233.60  on 194  degrees of freedom
AIC: 2173.6

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.7957
              Std. Err.: 0.0709

2 x log-likelihood:  -2157.5600

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Ao final, as variáveis IDH , tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_dg_auto e tx_G12A, derivadas do modelo 1 e incorporadas ao modelo 2 (M2) (Figura 20), compuseram o modelo final (M3) juntamente com zika_conf, chik_conf e tx_dg_auto:tx_zk_auto (Figura 21).

Figura 21 – Resultado do modelo 3 (M3) da dengue confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.3993  -1.0609  -0.4582   0.1836   3.2815

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -2.825e+00  1.456e+00  -1.941 0.052312 .
IDHMEDIO     3.477e-01  2.012e-01   1.728 0.083964 .
IDHMUITO ALTO -1.678e+00  4.700e-01  -3.571 0.000356 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.214e+00  9.389e-01  -3.424 0.000618 ***
tx_dg_auto    2.688e+02  2.410e+01  11.152 < 2e-16 ***
tx_G12A      -8.624e-01  3.978e-01  -2.168 0.030148 *
zika_conf     9.622e-04  5.262e-04   1.829 0.067445 .
chik_conf     5.526e-04  2.066e-04   2.675 0.007476 **
log(populacao) 8.140e-01  1.074e-01   7.576 3.56e-14 ***
tx_chik_auto:tx_zk_auto -8.359e+03  1.938e+03  -4.314 1.60e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.9079) family taken to be 1)

Null deviance: 711.64  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 230.16  on 191  degrees of freedom
AIC: 2146.8

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.9079
              Std. Err.: 0.0826

2 x log-likelihood: -2124.7540

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

A união dos resultados dos três modelos está representada no Quadro 40. com informações sobre os coeficientes exponenciados, o erro padrão, o valor de p, o log likelihood, deviance, o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano (BIC) de cada modelo.

Quadro 40 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de dengue confirmada no cenário de circulação simultânea

	Modelo 1 e^{beta^*} (erro padrão)	Modelo 2 e^{beta^*} (erro padrão)	Modelo 3 e^{beta^*} (erro padrão)
(Intercept)	0.06 (1.74)	0.06 (1.51)	0.06 (1.46)
IDHMEDIO	1.35	1.41	1.42

	(0.24)	(0.21)	(0.20)
IDHMUITO ALTO	0.63	0.19 ***	0.19 ***
	(3.36)	(0.50)	(0.47)
tx_vacina	0.74		
	(0.31)		
semiarido	1.11		
semiárido			
	(0.19)		
bioma natural	0.74		
não florestal			
	(0.84)		
bioma	0.77		
agropecuária			
	(0.18)		
bioma área não	0.20		
vegetada			
	(1.34)		
bioma corpos	0.21		
d'água			
	(0.86)		
tx_cadunico_tot_	0.07 *	0.04 ***	0.04 ***
pes_pob_ext			
	(1.06)	(0.99)	(0.94)
tx_Ssnis	0.43		
	(0.70)		
tipologiaurbano	1.01		
	(0.23)		
PIB_percapita	1.00		
	(0.00)		
densidade	1.00		
	(0.00)		
tx_fluxo	11.47		
	(1.54)		
tx_dg_auto	3.448e+76***	7.349e+78***	5.50e+116***
	(11.77)	(11.41)	(24.10)
tx_G12A	0.50	0.40 *	0.42 *
	(0.43)	(0.42)	(0.40)
log(populacao)	2.30 ***	2.31 ***	2.26 ***
	(0.13)	(0.11)	(0.11)
zika_conf			1.00
			(0.00)
chik_conf			1.00 **
			(0.00)
tx_chik_auto:tx_			0.00 ***
zk_auto			(1937.54)
AIC	2186.95	2173.56	2146.75
BIC	2249.72	2199.99	2183.09

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$.

* exponencial do resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas refere-se ao número total de municípios baianos com ocorrência das três arboviroses ao mesmo tempo ao longo dos 4 anos analisados (n=201).

Fonte: Elaboração própria (2022).

Dos modelos criados, quando os comparamos a partir do critério de informação de Akaike (AIC), o modelo 3 (M3) é o mais ajustado (AIC=2146,08). O parâmetro de dispersão do M3 estimado foi 1.21, calculado a partir da relação do valor do desvio residual, que ficou em 230.16, com 191 graus de liberdade. O cálculo da variabilidade (o X^2 - Chi-Square Score) deu 481.48, com 7 graus de liberdade e com valor-p de 0.00. Modelo 3 explica 67% dos casos de dengue confirmados no cenário de circulação simultâneo.

O quadro 40 mostra que para o modelo final selecionado, o modelo 3, a maioria das variáveis têm valores estimados baixos e que as variáveis mais significativas em termos de p-valor são a tx_dg_auto (de efeito positivo) e tx_chik_auto:tx_zk_auto e o IDHMUITO ALTO, ambas com efeito negativo.

No cenário de circulação simultânea, dentre as categorias do IDH, municípios com IDH médio têm efeito positivo nos casos confirmados, diferente daquele com IDH muito alto. Também têm efeito negativo as variáveis tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_G12A, a primeira mais significativa que a segunda a partir do valor de p.

Municípios com IDH médio incrementam em 1.41 vezes a taxa de casos e os de municípios com IDH muito alto provocam decréscimo em 0.187 vezes. O aumento de pobres e extremamente pobres (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext) e daqueles sem abastecimento de água (tx_G12A) diminui em 0.04 e 0.422 vezes, respectivamente, as chances de casos de confirmados.

Houve uma forte associação entre a taxa de autoctonia de dengue (tx_dg_auto) e a interação entre casos autóctones de chikungunya e zika (tx_chik_auto:tx_zk_auto) na confirmação de casos de chikungunya (IRR=0=Infinito, $P < 0,0001$).

Bem como notou-se pouco efeito na taxa de casos das variáveis zika confirmada (zika_conf) e chikungunya confirmada (chik_conf) (IRR=1=Infinito, $P < 0.1$), embora sejam significativas. Apesar disso, elas foram mantidas no modelo a fim de evidenciar a existência de alguma interação e influência com a confirmação dos casos de dengue.

Nota-se uma forte associação entre as variáveis zika_conf, tx_chik_auto:tx_zk_auto e chik_conf.

Para avaliar os efeitos marginais de cada variável do modelo ajustado, utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais.

Considerando a relação da média com o coeficiente estimado na análise binomial, a variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext tem maior potencial de efeito entre as variáveis contínuas. Potencial estimado em 1.66. A partir da análise do IRR (Quadro 40), a variação do

valor da $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ provoca uma redução de 0.04 vezes a taxa de incidência de casos de chikungunya confirmado. Percentualmente, trata-se de redução de -95.98% (Quadro 41).

Quadro 41 – Estimativa do efeito da variável $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$

$tx_cadunico_tot_pes_pob_ext^*$	Taxa de dengue confirmado	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de dengue confirmada
0.2	486.70065	0.00	0.00000
0.3	356.32906	0.73	130.37160
0.5	190.99845	0.54	165.33060
0.7	102.37843	0.54	88.62002
0.8	74.95451	0.73	27.42392

*valor marginal da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

O incremento da taxa de autoctonia da dengue provoca acréscimo na taxa de dengue confirmada (Quadro 42). No valor 0, é previsto uma taxa de confirmação de 130.4, e ao mudar para o valor 0.02, a taxa prevista é de 31.286. À medida que a taxa aumenta, a taxa de casos confirmados eleva a 10^n (o IRR é estimado em $1.609085e+123$ e o percentual $1.609085e+125$).

Quadro 42 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto.

tx_dg_auto*	Taxa de dengue confirmado	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de dengue confirmada
0	1.304168e+02	0.00	0.000000e+00
0.02	3.128555e+04	239.89	-3.115513e+04
0.04	7.505053e+06	239.89	-7.473768e+06
0.06	1.800379e+09	239.89	-1.792874e+09
0.08	4.318908e+11	239.89	-4.300904e+11

*valores marginais da variável

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com efeito negativo, a variação do valor da tx_G12A provoca uma redução na taxa de incidência de casos de dengue confirmado que percentualmente é de 55.05%.

A equação do modelo de regressão binomial negativa para dengue confirma no cenário de circulação simultânea é representada por:

$$dg_conf = -0,038 + 1,456 * IDH[MEDIO] - 0,18 * IDH[MUITOALTO] - 0,04 * tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + 1,61e + 123 * tx_dg_auto - 0,44 * tx_G12A + 1 * zika_conf + 1 * chik_conf - 0 * tx_dg_auto : tx_zk_auto$$

8.2 Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial - casos de chikungunya.**8.2.1 Chikungunya confirmada**

Para o primeiro modelo, considerou-se a chikungunya poderia ser modelada pela relação entre: IDH , tx_vacina , semiarido , bioma , tx_cadunico_tot_pes_pob_ext , tx_Ssnis , tipologia , PIB_percapita , densidade , tx_fluxo , tx_chik_auto e tx_G12A. Após a análise do p-valor foram retiradas as variáveis semiarido, bioma, tipologia, densidade e tx_fluxo (Figura 22).

Figura 22 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.3927 -0.8013 -0.6438 -0.3890  4.9843

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -1.111e+01  1.531e+00 -7.252 4.10e-13 ***
IDHBAIXO     3.679e-01  8.627e-01  0.426 0.669811
IDHMEDIO     5.269e-01  2.272e-01  2.319 0.020405 *
IDHMUITO ALTO 4.178e+00  4.783e+00  0.874 0.382376
tx_vacina    -4.437e-01  2.740e-01 -1.619 0.105412
semiarido semiárido -1.567e-01  1.805e-01 -0.869 0.385087
bioma natural não florestal -1.062e+00  1.167e+00 -0.910 0.362920
bioma agropecuária 3.251e-01  1.596e-01  2.036 0.041733 *
bioma área não vegetada 2.917e-01  2.218e+00  0.132 0.895357
bioma corpos d'água 8.674e-01  7.007e-01  1.238 0.215753
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -2.932e+00  8.484e-01 -3.456 0.000549 ***
tx_Ssnis     -3.989e+00  5.117e-01 -7.795 6.42e-15 ***
tipologiaurbano -1.034e-01  2.073e-01 -0.499 0.617961
PIB_percapita -5.813e-07  5.130e-06 -0.113 0.909787
densidade    -1.886e-03  1.200e-03 -1.572 0.116019
tx_fluxo     1.305e-01  1.092e+00  0.120 0.904876
tx_chik_auto 7.968e+02  2.423e+01 32.882 < 2e-16 ***
tx_G12A      3.781e-01  3.678e-01  1.028 0.303950
log(populacao) 1.361e+00  1.254e-01 10.850 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.1273) family taken to be 1)

Null deviance: 2120.78 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 968.96 on 1649 degrees of freedom
AIC: 4754.1

Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 0.12733
Std. Err.: 0.00750
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -4714.08200

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Embora com valor-p maior que 0.05 foram mantidas as variáveis tx_vacina e tx_G12A. As variáveis tx_vacina, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_Ssnis apresentam uma relação negativa nos casos de chikungunya confirmada. Mais significativas, a tx_chik_auto, IDHMEDIO e tx_G12A tem relação positiva com os casos confirmados de chikungunya (Figura 23).

Figura 23 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.4821 -0.7977 -0.6417 -0.3919  5.2489

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -10.4548    1.4647  -7.138 9.48e-13 ***
IDHBAIXO      0.5161     0.8513   0.606 0.544349
IDHMEDIO      0.5826     0.2139   2.724 0.006451 **
IDHMUITO ALTO -2.0842     1.0609  -1.965 0.049468 *
tx_vacina     -0.4973     0.2701  -1.841 0.065629 .
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.0963     0.8251  -3.753 0.000175 ***
tx_Ssnis     -3.9636     0.4913  -8.068 7.15e-16 ***
tx_chik_auto  827.7766    24.2204  34.177 < 2e-16 ***
tx_G12A      0.5597     0.3624   1.544 0.122514
log(populacao) 1.2825     0.1141  11.241 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.1261) family taken to be 1)

Null deviance: 2103.60 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 968.37 on 1658 degrees of freedom
AIC: 4742.1

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.12613
              Std. Err.: 0.00741
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -4720.13500

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

O modelo 2 já evidencia a relação positiva intensa da tx_chik_auto com a ocorrência de casos de chikungunya confirmados. Influência herdada pelo modelo 3 (Figura 24).

Figura 24 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.2300 -0.7990 -0.6439 -0.3849  5.5883

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -9.392e+00  1.452e+00  -6.468 9.92e-11 ***
IDHBAIXO        5.336e-01  8.370e-01   0.637 0.523810
IDHMEDIO        6.600e-01  2.114e-01   3.122 0.001798 **
IDHMUITO ALTO  -2.070e+00  1.044e+00  -1.982 0.047464 *
tx_vacina       -5.332e-01  2.670e-01  -1.997 0.045847 *
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -2.746e+00  8.124e-01  -3.380 0.000725 ***
tx_Ssnis        -4.011e+00  4.869e-01  -8.238 < 2e-16 ***
tx_chik_auto     9.145e+02  2.906e+01  31.466 < 2e-16 ***
tx_G12A         6.713e-01  3.623e-01   1.853 0.063933 .
dg_conf         2.245e-03  2.408e-04   9.322 < 2e-16 ***
log(populacao)  1.133e+00  1.140e-01   9.942 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_zk_auto -1.408e+04  8.115e+02 -17.351 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.1306) family taken to be 1)

Null deviance: 2166.7 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 971.5 on 1656 degrees of freedom
AIC: 4725.2

Number of Fisher Scoring iterations: 1

                Theta: 0.13057
                Std. Err.: 0.00773
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -4699.16800

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Dos três modelos elaborados, o terceiro modelo (M3) foi o mais ajustado segundo o critério de informação de Akaike (AIC). Com melhor critério de bondade (AIC=4725.17), o modelo 3 (M3) apresentou parâmetro de dispersão estimado de 0.55, indicando que o modelo explica 55% casos de Chikungunya confirmada.

As variáveis incluídas neste modelo (e modelos subsequentes) são aquelas que resultaram nas estatísticas-t mais altas (após uma avaliação sistemática de todas as variáveis) e foram selecionadas entre as 15 possíveis variáveis explanatórias disponíveis.

Assim, no modelo final, oriundas da primeira estratégia de análise traçada no modelo 1 (M1) as variáveis IDH médio e muito alto, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_vacina e tx_chik_auto, bem como a variável tx_G12A, que apesar de não apresentar significância foi mantida na análise, mostraram-se relevantes para a análise de casos confirmados de chikungunya. Os resultados estimados evidenciaram também a influência dos casos de dengue confirmada (dg_conf) e a significância da interação entre casos autóctones de dengue e zika (tx_dg_auto:tx_zk_auto).

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos de chikungunya confirmada são apresentados no Quadro 43. Essa tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio

padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Quadro 43 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya confirmada

	Modelo 1 e ^{beta*} (erro padrão)	Modelo 2 e ^{beta*} (erro padrão)	Modelo 3 e ^{beta*} (erro padrão)
(Intercept)	0.00 *** (1.53)	0.00 *** (1.46)	0.00 *** (1.45)
IDHBAIXO	1.44 (0.86)	1.68 (0.85)	1.70 (0.84)
IDHMEDIO	1.69 * (0.23)	1.79 ** (0.21)	1.93 ** (0.21)
IDHMUITO ALTO	65.25 (4.78)	0.12 * (1.06)	0.13 * (1.04)
tx_vacina	0.64 (0.27)	0.61 (0.27)	0.59 * (0.27)
semiarido semiárido	0.85 (0.18)		
bioma natural não florestal	0.35 (1.17)		
bioma agropecuária	1.38 * (0.16)		
bioma área não vegetada	1.34 (2.22)		
bioma corpos d'água	2.38 (0.70)		
tx_cadunico_tot_pe s_pob_ext	0.05 *** (0.85)	0.05 *** (0.83)	0.06 *** (0.81)
tx_Ssnis	0.02 *** (0.51)	0.02 *** (0.49)	0.02 *** (0.49)
tipologiaurbano	0.90 (0.21)		
PIB_percapita	1.00 (0.00)		
densidade	1.00 (0.00)		
tx_fluxo	1.14 (1.09)		
tx_chik_auto	Inf *** (24.23)	Inf *** (24.22)	Inf *** (29.06)
tx_G12A	1.46 (0.37)	1.75 (0.36)	1.96 (0.36)
dg_conf			1.00 *** (0.00)

tx_dg_auto:tx_zk_a uto			0.00 ***
			(811.49)
AIC	4754.08	4742.14	4725.17
BIC	4862.47	4801.75	4795.62

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$.

* exponencial do resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas nos três modelos refere-se ao número total de municípios baianos mensurados pelos 4 anos analisados, ou seja, 1668 (417*4 anos).

Fonte: Elaboração própria (2022).

O Quadro 43 mostra que a maioria das variáveis têm valores baixos (sinal positivo aumenta a contagem e o sinal negativo diminui a contagem de casos) e são altamente significantes.

Municípios com IDH médio têm mais casos de chikungunya enquanto os casos diminuem nos municípios com IDH muito alto. O incremento é em 1.93 vezes e o decréscimo é em 0.13 vezes. O aumento de pobres e extremamente pobres (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext) e daqueles sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequado inscritos no Cadastro Único (tx_Ssnis) diminui em 0.06 e 0.02 vezes, respectivamente, as chances de casos de confirmados. Também afeta negativamente as chances de queda de casos, o aumento da taxa de vacinados de febre amarela (tx_vacina).

Houve uma forte associação entre a taxa de autoctonia de chikungunya (tx_chik_auto) e a interação entre casos autóctones de dengue e zika (tx_dg_auto:tx_zk_auto) na confirmação de casos de chikungunya (IRR=0=Infinito, $P < 0,0001$).

A taxa de autoctonia da chikungunya (tx_chik_auto), a interação entre a taxa de autoctonia de dengue e taxa de autoctonia de zika (tx_dg_auto:tx_zk_auto) e os casos confirmados de dengue (dg_conf), seguidos pela taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis) são as mais significantes (em termos do valor de p) à confirmação de casos de chikungunya.

Para avaliar os efeitos marginais de cada variável do modelo ajustado utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais.

Quadro 44 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3

Variável	Estimate (beta)	e ^{beta*}	Percentual
IDHBAIXO	0.534	1.705	70.498
IDHMEDIO	0.660	1.935	93.475
IDHMUITOALTO	-2.070	0.126	-87.383
tx_vacina	-0.533	0.587	-41.325
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-2.746	0.064	-93.579
tx_Ssnis	-4.011	0.018	-98.189
tx_chik_auto	914.467	Inf	Inf
tx_G12A	0.671	1.957	95.674
dg_conf	0.002	1.002	0.225
tx_dg_auto:tx_zk_auto	-14.080.287	0.000	-100.000

Fonte: Elaboração própria (2022).

Nesse sentido, o Quadro 44 indica que o percentual de variação do valor da *dg_conf* é estimado em 0.22. Um valor de influência considerado baixo. Já a taxa de IRR foi mensurada em 1.00. Mesmo significativa, a variável não apresenta efeito relevante no incremento de casos. Comportamento que pode ser consequência da variância dos dados. Contudo, ao crescer os casos em expoente de 10, a dengue confirmada apresenta indícios de imbricamento com os casos de chikungunya, como mostra o Quadro 45 e o Gráfico 38.

Quadro 45 – Estimativa do efeito da variável *dg_conf*

dg_auto*	Taxa de chikungunya confirmado	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de chikungunya confirmada
0	2.862687e+00	0.000000e+00	0.000000e+00

5000	2.143194e+05	7.486651e+04	-2.143166e+05
9000	1.700167e+09	7.932870e+03	-1.699953e+09
10000	1.604535e+10	9.440000e+00	-1.434518e+10
20000	8.993409e+19	5.604995e+09	-8.993409e+19

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A vacina tem um efeito negativo na taxa de casos de chikungunya confirmado. Em um cenário em que a tx_vacina tem valor 0.9, por exemplo, a taxa de casos fica em 2.82. Sem vacina, a taxa de casos fica em 4.56. Com a mudança, a taxa de variação da taxa de casos é de 0.62, valor próximo à taxa de incidência de 0.59 mensurada no quadro 42. Em termos percentuais, a mudança de valor da taxa de vacina reduz em 41.32% os casos. Quando a taxa de incidência de chikungunya está em torno de 2.82, o percentual de redução levaria a uma taxa de aproximadamente 1.66 casos.

Com efeito negativo, a variação do valor da $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ provoca uma redução na taxa de incidência de casos de chikungunya confirmado que porcentualmente representa de redução de -93.58%. Também é alto o efeito provocado pela variação do valor da tx_G12A que leva ao aumento na taxa de incidência de casos de chikungunya confirmado em 95.67%.

O incremento da taxa de autoctonia da chikungunya provoca acréscimo na taxa de chikungunya confirmada. No valor 0, é previsto uma taxa de confirmação de 2.40. Quando está no valor 0.02, a taxa prevista é de $2.11e+08$. À medida que a taxa aumenta, a taxa de casos confirmados eleva a 10^n e tende ao infinito.

No que diz respeito a influência da interação da tx_dg_auto com a tx_zk_auto o efeito é alto (Quadro 46). Nota-se que a variação da taxa da dengue tem mais efeito que a variação da taxa da zika. O efeito da variação da taxa da dengue é maior quando a taxa da zika está em 0.02 e 0.04 e ambas apresentam o mesmo efeito quando as taxas estão em 0.6 e 0.8.

Quadro 46 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto:tx_zk_auto

	tx_zk_auto*				
tx_dg_auto*	0	0.02	0.04	0.06	0.08
0	3.178.513	3,18E+06	3,18E+06	3,18E+06	3,18E+06
0.02	3.178.513	1,14E+04	4,08E+01	1,46E-01	5,23E-04
0.04	3.178.513	4,08E+01	5,23E-04	6,70E-09	2,22E-10
0.06	3.178.513	1,46E-01	6,70E-09	2,22E-10	2,22E-10
0.08	3.178.513	5,23E-04	2,22E-10	2,22E-10	2,22E-10

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022)

A equação do modelo de regressão binomial negativa selecionado para responder aos casos de chikungunya confirmada, a partir do coeficiente exponenciado das covariáveis, é representada pela notação abaixo:

$$chik_conf = 0.00 + 0.66 * IDH[MEDIO] - 2.07 * IDH [MUITO ALTO] - 0.533 * tx_vacina - 2.746 * tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 4.01 * tx_Ssnis + 914.46 * tx_chik_auto + 0.67 * tx_G12A + 0.002 * dg_conf - 14080.28 * tx_dg_auto:tx_zk_auto .$$

8.2.2 Chikungunya suspeita

Das 13 co-variáveis consideradas, a análise binomial negativa para os casos de chikungunya suspeita partiu das variáveis IDH, tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_fluxo, tx_chik_auto e tx_G12A. À primeira vista mostraram-se sem significância: IDH, semiarido, tipologia, PIB_percapita e densidade e com pouca significância: tx_vacina, bioma, tx_Ssnis e tx_G12A (Figura 25).

Figura 25 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.7317 -0.5390 -0.4880 -0.4241  2.6295

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -1.555e+01  3.243e+00 -4.796 1.62e-06 ***
IDHBAIXO       -4.701e-01  1.706e+00 -0.276 0.78292
IDHMEDIO       -3.915e-01  4.714e-01 -0.831 0.40622
IDHMUITO ALTO  1.122e+01  1.104e+01  1.017 0.30926
tx_vacina      -9.961e-01  5.717e-01 -1.742 0.08146 .
semiarido semiárido -1.749e-01  3.877e-01 -0.451 0.65189
bioma natural não florestal -5.035e+00  2.984e+00 -1.688 0.09148 .
bioma agropecuária 2.382e-01  3.382e-01  0.704 0.48127
bioma área não vegetada -5.763e+00  5.117e+00 -1.126 0.26005
bioma corpos d'água -3.522e+00  1.644e+00 -2.143 0.03213 *
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext 5.187e+00  1.705e+00  3.043 0.00234 **
tx_Ssnis       -2.578e+00  1.031e+00 -2.501 0.01240 *
tipologiaurbano 7.312e-01  4.573e-01  1.599 0.10982
PIB_percapita  3.364e-07  1.140e-05  0.030 0.97646
densidade      -2.959e-03  2.745e-03 -1.078 0.28094
tx_fluxo       -4.590e+00  2.348e+00 -1.955 0.05054 .
tx_chik_auto   1.537e+02  5.548e+01  2.771 0.00559 **
tx_G12A        1.402e+00  7.580e-01  1.850 0.06432 .
log(populacao) 1.519e+00  2.681e-01  5.666 1.46e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0243) family taken to be 1)

Null deviance: 508.16 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 436.68 on 1649 degrees of freedom
AIC: 2977.1

Number of Fisher Scoring iterations: 25

Theta: 0.02448
Std. Err.: 0.00192
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -2937.07100

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Optou-se pela seleção manual, com base no critério do p-valor. Neste sentido, foram retirados do modelo as variáveis: IDH, semiarido, tipologia, PIB_percapita e densidade. Nesta versão, as variáveis bioma e tx_vacina apresentaram pouca significância ($p > 0.05$). A eliminação do bioma melhorou o desempenho do modelo. Já a eliminação da taxa de vacina afetou o desempenho da taxa de fluxo e piorou o desempenho do modelo. O AIC do modelo com todas as variáveis fica em 2964 e sem as variáveis, 2964.7. Essas duas variáveis (tx_vacina e tx_fluxo) tiveram valor-p > 0.05 .

Aplicou-se teste para avaliar o desvio por meio do teste qui-quadrado de Pearson. Pelo teste, as variáveis tx_vacina, tx_fluxo e tx_G12A não apresentaram variação. Testou-se o modelo sem as variáveis e comparou-se o AIC de cada teste: sem a variável tx_G12A (AIC=2964.7); sem tx_fluxo (AIC=2964.2); sem a tx_fluxo e a tx_vacina (AIC=2964.6); e sem a

tx_fluxo, tx_vacina e tx_g12A (AIC= 2965.3). O resultado comprovou que as variáveis deveriam permanecer no modelo (Figura 26).

Figura 26 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.7612 -0.5336 -0.4923 -0.4338  2.5694

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -13.7708    2.9447  -4.676 2.92e-06 ***
tx_vacina      -0.9140    0.5634  -1.622 0.104747
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  4.7103    1.6486   2.857 0.004275 **
tx_Ssnis      -3.2240    0.9628  -3.349 0.000812 ***
tx_fluxo      -4.1951    2.2915  -1.831 0.067144 .
tx_chik_auto  178.1553   55.6433   3.202 0.001366 **
tx_G12A        1.4564    0.7371   1.976 0.048179 *
log(populacao)  1.3395    0.2257   5.935 2.94e-09 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0238) family taken to be 1)

Null deviance: 500.79  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 439.28  on 1660  degrees of freedom
AIC: 2964

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta:  0.02384
              Std. Err.:  0.00187

2 x log-likelihood:  -2945.96900

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Compuseram o modelo 2 como as mais significativas do modelo 1: a tx_vacina, a tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, a tx_Ssnis, a tx_fluxo, a tx_chik_auto e a tx_G12A. A partir delas, delineou-se o modelo 3 com adição das variáveis zika_conf, dg_conf e a interação das taxas de autoctonia de dengue e taxa de autoctonia da zika (tx_dg_auto:tx_zk_auto).

Ao final, restaram como significativas no modelo (M3) as variáveis: tx_vacina, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tx_fluxo, tx_chik_auto, tx_G12A e dg_conf. Embora a variável tx_vacina tenha valor-p >0.1, sinalizando sua pouca significância, ela foi mantida. Sua retirada piora o desempenho (Figura 27).

Figura 27 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.8185 -0.5345 -0.4925 -0.4331  2.6427

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -1.421e+01  2.951e+00 -4.815 1.47e-06 ***
tx_vacina      -9.207e-01  5.629e-01 -1.636 0.101917
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  4.796e+00  1.647e+00  2.912 0.003595 **
tx_Ssnis      -3.257e+00  9.613e-01 -3.388 0.000703 ***
tx_fluxo      -4.224e+00  2.290e+00 -1.845 0.065054 .
tx_chik_auto   2.541e+02  6.577e+01  3.864 0.000112 ***
tx_G12A        1.460e+00  7.363e-01  1.983 0.047339 *
dg_conf       -9.755e-04  3.824e-04 -2.551 0.010737 *
log(populacao)  1.381e+00  2.273e-01  6.077 1.22e-09 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0239) family taken to be 1)

Null deviance: 502.38  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 439.41  on 1659  degrees of freedom
AIC: 2964.7

Number of Fisher Scoring iterations: 1

                Theta: 0.02393
                Std. Err.: 0.00188

2 x log-likelihood: -2944.73400

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Parâmetro de dispersão calculado pela divisão do residual deviance pelos graus de liberdade dos resíduos a fim de detectar superdispersão (overdispersion). Para o modelo 2, o valor deu 0.2646284. Quando esse valor é próximo de 1, sugere-se inexistência de overdispersion. No entanto, se ele for maior que 1.5, isso sugere que o modelo sofre de overdispersion.

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos de chikungunya confirmada são apresentados no Quadro 47. Esta tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Quadro 47 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya suspeita

	Modelo 1 e^{beta} (erro padrão)	Modelo 2 e^{beta} (erro padrão)	Modelo 3 e^{beta} (erro padrão)
(Intercept)	0.00 *** (3.24)	0.00 *** (2.94)	0.00 *** (2.95)
IDHBAIXO	0.60 (1.71)		
IDHMEDIO	0.66 (0.47)		
IDHMUITO ALTO	75062.78 (11.03)		

tx_vacina	0.37 (0.57)	0.40 (0.56)	0.40 (0.56)
semiarido semiárido	0.82 (0.39)		
bioma natural não florestal	0.01 (2.98)		
bioma agropecuária	1.28 (0.34)		
bioma área não vegetada	0.00 (5.12)		
bioma corpos d'água	0.03 * (1.64)		
tx_cadunico_tot_ pes_pob_ext	174.56 **	111.09 **	121.01 **
	(1.70)	(1.65)	(1.65)
tx_Ssnis	0.08 * (1.03)	0.04 *** (0.96)	0.04 *** (0.96)
tipologiaurbano	2.09 (0.46)		
PIB_percapita	1.00 (0.00)		
densidade	1.00 (0.00)		
tx_fluxo	0.01 * (2.35)	0.02 (2.29)	0.01 (2.29)
tx_chik_auto	5.768099e+66** (55.48)	2.35432e+77** (55.64)	2.329925e+110 *** (65.77)
tx_G12A	4.07 (0.76)	4.29 * (0.74)	4.31 * (0.74)
log(populacao)	4.63 *** (0.27)	3.82 *** (0.23)	3.98 *** (0.23)
dg_conf			1.00 * (0.00)
<hr/>			
AIC	2976.92	2963.97	2964.73
BIC	3085.31	3012.74	3018.93

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$.

* exponencial do resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas nos três modelos refere-se ao número total de municípios baianos mensurados pelos 4 anos analisados, ou seja, 1668 (417*4 anos).

Fonte:

Dos três modelos elaborados, o segundo modelo (M2) foi o mais ajustado segundo o critério de informação de Akaike (AIC). Com melhor critério de bondade (AIC=2963.97), o modelo 2 (M2) apresentou parâmetro de dispersão estimado de 0.123, indicando que o modelo explica 12% casos de Chikungunya suspeita.

O Quadro 48 mostra que as variáveis tx_Ssnis , tx_chik_auto , $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ e tx_G12A são as mais altamente significantes (sinal positivo aumenta a contagem e o sinal negativo diminui a contagem de casos).

A taxa de e daqueles sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequado inscritos no Cadastro Único (tx_Ssnis) diminui em 111 e 121 vezes, respectivamente, as chances de casos de suspeitos. Também afeta negativamente as chances de queda de casos, o aumento da taxa de vacinados de febre amarela (tx_vacina). Já o aumento de pobres e extremamente pobres ($tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$), a taxa de autoctonia de chikungunya (tx_chik_auto) e a taxa da população com esgotamento sanitário (tx_G12A) tem efeito positivo na taxa de casos.

Para melhor obter o relacionamento das variáveis com o desfecho calculou-se os efeitos marginais. Utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais (quadro 48).

Quadro 48 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 2

Variável	Estimate (beta)	e^{beta} *	Percentual
tx_fluxo	-4.195	1.50000e-02	-9.849300e+01
tx_Ssnis	-3.224	4.00000e-02	-9.602100e+01
tx_vacina	-0.914	4.01000e-01	-5.990900e+01
tx_G12A	1.456	4.29100e+00	3.290600e+02
$tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$	4.710	1.11085e+02	1.100854e+04
tx_chik_auto	178.155	2.35432e+77	2.354320e+79

Fonte: Elaboração própria (2022).

Há alto efeito obtido da taxa de autoctonia de chikungunya (tx_chik_auto), da taxa de pobres e extremamente pobres inscritos no Cadastro Único ($tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$) e

da taxa da população com esgotamento sanitário (tx_G12A) na suspeição de casos de chikungunya ($p < 0.001$).

Observou-se que a multiplicação do valor médio da tx_cadunico_tot_pes_pob_ext (em torno do 0.52) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 11.53 vezes na taxa de casos de chikungunya suspeitos. Altamente significativa e com alto desvio padrão, a variável apresenta alta taxa de incidência (IRR), indicando que tem efeito na taxa de casos de 111.09 vezes. Variação percebida pelos valores obtidos na tabela abaixo quando analisamos os efeitos marginais da variável (Quadro 49).

Quadro 49 – Estimativa do efeito da variável tx_cadunico_tot_pes_pob_ext

tx_cadunico_tot_pes_pob_ext*	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor acrescido à taxa de chikungunya suspeita
0.18	2.359530	0.00	0.000000
0.45	8.416915	3.57	6.057384
0.73	31.472908	3.74	23.055993
1	112.270136	3.57	80.797228
1.3	461.276506	4.11	349.006370

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A multiplicação do valor médio da tx_G12A (em torno do 0.94) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 3.98 vezes na taxa de casos de chikungunya suspeitos. A variação percebida pelos valores obtidos na tabela abaixo quando analisamos os efeitos marginais da variável (Quadro 50).

Quadro 50 – Estimativa do efeito da variável tx_G12A

tx_G12A*	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor acrescido à taxa de chikungunya suspeita
0	2.930183	0.00	0.000000
0.3	4.535761	1.55	1.605578
0.5	6.069511	1.34	1.533750
0.8	9.395266	1.55	3.325755
1	12.572240	1.34	3.176974

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Pela avaliação do desvio a partir do teste qui-quadrado de Pearson, a taxa de chikungunya autóctone (tx_chik_auto) apresenta alto desvio no modelo 2 (532.7) e é altamente significativa. O estudo dos efeitos marginais na taxa de casos de chikungunya suspeitos indica que à medida que a taxa de casos autóctones incrementa, a chance de casos suspeitos eleva a 10ⁿ, conforme indica o Quadro 51.

Quadro 51 – Estimativa do efeito da variável tx_chik_auto

tx_chik_auto*	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor acrescido à taxa de chikungunya suspeita
0	11.05047	0.00	0.0000
0.02	389.77882	35.27	378.7283
0.03	2314.92484	5.94	1925.1460
0.05	81653.38733	35.27	79338.4625
0.06	484945.41876	5.94	403292.0314

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com efeito negativo, a taxa de vacina pelo teste anova não apresenta desvio padrão significativo. A multiplicação do valor médio da tx_vacina (em torno do 0.68) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 0.53 vezes na taxa de casos de chikungunya suspeitos (53%). O Quadro 52 mostra que esse padrão médio é mantido.

Município com tx_vacina de 0.9 (por exemplo) tem taxa de casos de 9.55 Sem vacina a taxa de casos fica em 21.74. A taxa de variação da taxa de casos fica em torno de 0.40. Valor próximo à variação média e ao IRR mensurado no quadro 49. Em termos percentuais, a mudança de valor da taxa de vacina reduz em 59.91% os casos (Quadro 52).

Quadro 52 – Estimativa do efeito da variável tx_vacina

tx_vacina*	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de chikungunya suspeita
0	21.7494847	0.00	0.0000000
0.9	9.5540897	0.44	-12.1953950
2	3.4957360	0.37	-6.0583538
3	1.4014688	0.40	-2.0942671
4	0.5618602	0.40	-0.8396086

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com efeito negativo, a taxa de fluxo pelo teste anova não apresenta desvio padrão significativo. A multiplicação do valor médio da tx_fluxo com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 0.79 vezes na taxa de casos de chikungunya suspeitos (78.50%). O Quadro 53 mostra que esse padrão médio quase se mantém. Pode-se esperar a partir unicamente do valor do exponenciado do coeficiente (IRR) uma variação de 0.02 vezes na taxa de casos a cada variação do valor da tx_fluxo (Quadro 53).

Quadro 53 – Estimativa do efeito da variável tx_fluxo

tx_fluxo	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de chikungunya suspeita
0	14.6679943	0.00	0.000000
0.2	6.3385114	0.43	-8.329483
0.3	4.1667318	0.66	-2.171780
0.5	1.8005786	0.43	-2.366153
0.7	0.7780878	0.43	-1.022491

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com efeito negativo, a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados tem taxa de incidência (IRR) de 0.04. Embora a partir do valor médio e considerando a variância apresentada pela variável no modelo, espera-se a variação média na taxa em torno de 0.42 a cada mudança do valor da tx_Ssnis (Quadro 54).

Quadro 54 – Estimativa do efeito da variável tx_Ssnis

tx_Ssnis	Taxa de chikungunya suspeita	Diferença de taxa	Valor reduzido da taxa de chikungunya suspeita
0	27.558293	0.00	0.000000
0.2	14.461582	0.52	-13.096712
0.4	7.588908	0.52	-6.872674
0.6	3.982380	0.52	-3.606527
0.8	2.089807	0.52	-1.892573

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A equação do modelo de regressão binomial negativa para chikungunya suspeita selecionado é representada pela notação abaixo (e^{beta}):

$$\text{chik_susp} = 0.0 - 0.401 * \text{tx_vacina} + 111 * \text{tx_cadunico_tot_pes_pob_ext} - 0,40 * \text{tx_Ssnis} + 0,02 * \text{tx_fluxo} + 2.35432e+77 * \text{tx_chik_auto} + 4.29 * \text{tx_G12A}$$

8.1.3. Chikungunya confirmada – Cenário cocirculação

O cenário de circulação simultânea para a análise da chikungunya confirmada contém 201 observações. Ao total 15 covariáveis explanatórias consideradas para a avaliação do desfecho foram distribuídas em 3 modelos analíticos. Cada modelo evoluiu a partir das variáveis mais significativas, segundo critério do valor-p.

A análise binomial negativa para os casos de chikungunya confirmada partiu das variáveis IDH, tx_vacina, semiarido, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_fluxo, tx_chik_auto e tx_G12A. À primeira vista mostraram-se significantes tx_vacina, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tx_chik_auto e IDH. A exceção do IDH, todas tiveram valor $p < 0.05$ (Figura 28).

A partir do critério do p-valor, foram retirados do modelo as variáveis PIB_percapita, tx_fluxo, semiarido, tx_G12A, tipologia. Com a eliminação das variáveis, o AIC do modelo saiu de 1835.6 e foi para 1830.

Figura 28 – Resultado do modelo 1 (M1) da chikungunya confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.69696 -1.15415 -0.66635  0.03899  2.91733

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.744e+00  2.151e+00 -1.276  0.2021
IDHMEDIO    4.864e-01  2.956e-01  1.646  0.0998 .
IDHMUITO ALTO 1.007e+01  4.065e+00  2.478  0.0132 *
tx_vacina   -8.107e-01  3.868e-01 -2.096  0.0361 *
semiarido semiárido -3.078e-01  2.358e-01 -1.306  0.1917
bioma natural não florestal 4.615e-01  1.028e+00  0.449  0.6535
bioma agropecuária  8.803e-01  2.262e-01  3.892  9.96e-05 ***
bioma área não vegetada -2.357e+00  1.634e+00 -1.443  0.1491
bioma corpos d'água  1.018e-01  1.032e+00  0.099  0.9214
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.215e+00  1.325e+00 -2.427  0.0152 *
tx_Ssnis    -4.194e+00  8.848e-01 -4.741  2.13e-06 ***
tipologiaurbano 2.916e-01  2.810e-01  1.038  0.2994
PIB_percapita -4.926e-06  5.788e-06 -0.851  0.3947
densidade    -2.967e-03  1.013e-03 -2.929  0.0034 **
tx_fluxo    -2.235e+00  1.950e+00 -1.146  0.2517
tx_chik_auto 2.031e+02  1.416e+01 14.347 < 2e-16 ***
tx_G12A     -6.389e-01  5.395e-01 -1.184  0.2363
log(populacao) 8.471e-01  1.629e-01  5.199  2.00e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.5468) family taken to be 1)

Null deviance: 584.81  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 234.79  on 183  degrees of freedom
AIC: 1835.6

Number of Fisher Scoring iterations: 25

Theta: 0.5443
Std. Err.: 0.0472
Warning while fitting theta: alternation limit reached

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Assim, as variáveis mais significativas do modelo 1 compuseram o modelo 2: o IDH, a tx_vacina, o bioma, o tx_cadunico_tot_pes_pob_ext , a tx_Ssnis, a densidade e a tx_chik_auto (Figura 29).

Figura 29 – Resultado do modelo 2 (M2) da chikungunya confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.7879 -1.1196 -0.6427  0.1326  2.8287

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -2.848e+00  2.049e+00  -1.390  0.16461
IDHMEDIO      4.712e-01  2.873e-01  1.640  0.10097
IDHMUITO ALTO  9.371e+00  3.964e+00  2.364  0.01807 *
tx_vacina     -9.078e-01  3.807e-01  -2.385  0.01709 *
bioma natural não florestal  1.983e-01  1.028e+00  0.193  0.84702
bioma agropecuária  5.949e-01  2.156e-01  2.759  0.00580 **
bioma área não vegetada -2.416e+00  1.612e+00  -1.498  0.13401
bioma corpos d'água  7.630e-02  1.024e+00  0.074  0.94062
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.189e+00  1.311e+00  -2.432  0.01503 *
tx_Ssnis      -4.472e+00  8.566e-01  -5.221  1.78e-07 ***
densidade     -2.750e-03  9.823e-04  -2.799  0.00512 **
tx_chik_auto  2.097e+02  1.411e+01  14.863  < 2e-16 ***
log(populacao)  7.940e-01  1.553e-01  5.112  3.19e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.5384) family taken to be 1)

Null deviance: 576.02 on 200 degrees of freedom
Residual deviance: 235.67 on 188 degrees of freedom
AIC: 1830

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta:  0.5384
            Std. Err.:  0.0467

2 x log-likelihood: -1801.9520

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Embora a análise de variância aplicada no modelo 2 tenha indicado que as variáveis `tx_vacina` e `tx_cadunico_tot_pes_pob_ext` tinham tanto baixo desvio quanto pouca significância, o teste do modelo sem as variáveis e o impacto provocado pela retirada de ambas no AIC do modelo comprovou que as variáveis deveriam permanecer.

Para o modelo 3, às variáveis significativas do modelo 2 foram acrescentados os casos de zika confirmados (`zika_conf`), os casos de dengue confirmados (`dg_conf`) e a relação entre as taxas de dengue e zika autóctones (`tx_dg_auto:tx_zk_auto`). Inicialmente, a primeira análise indicou que as novas variáveis se mostraram sem significado. Ao final, notou-se que com a retirada das variáveis `zika_conf` e `dg_conf` o modelo teve melhor desempenho (o AIC alterou de 1825.8 para AIC 1822.5, valor mais parcimonioso). Embora a variável `tx_dg_auto:tx_zk_auto` tenha valor-p >0.1 ela foi mantida já que a sua retirada piora o desempenho (AIC 1830).

Figura 30 – Resultado do modelo 3 (M3) da chikungunya confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.9763 -1.1197 -0.6339  0.1375  2.9484

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -2.609e+00  2.019e+00  -1.292  0.1963
IDHMEDIO     5.440e-01  2.836e-01  1.918  0.0551 .
IDHMUITO ALTO 7.765e+00  4.007e+00  1.938  0.0527 .
tx_vacina    -8.443e-01  3.749e-01  -2.252  0.0243 *
bioma natural não florestal 2.548e-01  1.010e+00  0.252  0.8009
bioma agropecuária 5.484e-01  2.164e-01  2.534  0.0113 *
bioma área não vegetada -2.085e+00  1.593e+00  -1.309  0.1905
bioma corpos d'água 1.349e-01  1.008e+00  0.134  0.8935
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.584e+00  1.294e+00  -2.770  0.0056 **
tx_Ssnis     -4.550e+00  8.479e-01  -5.366  8.04e-08 ***
densidade    -2.355e-03  9.933e-04  -2.371  0.0178 *
tx_chik_auto 2.621e+02  1.874e+01  13.984  < 2e-16 ***
log(populacao) 7.746e-01  1.531e-01  5.060  4.20e-07 ***
tx_dg_auto:tx_zk_auto -1.718e+03  2.782e+02  -6.175  6.62e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.5576) family taken to be 1)

Null deviance: 596.04  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 234.09  on 187  degrees of freedom
AIC: 1822.5

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.5576
              Std. Err.: 0.0486

2 x log-likelihood: -1792.4810

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Ao final, restaram como significativas no modelo (M3) as variáveis: IDH, tx_vacina, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, densidade, tx_chik_auto e tx_dg_auto:tx_zk_auto (Figura 30).

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos de chikungunya confirmada são apresentados no quadro 55. Esta tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Quadro 55 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de chikungunya confirmada no cenário de circulação simultânea

	Modelo 1 beta*(erro padrão)	Modelo 2 beta*(erro padrão)	Modelo 3 beta*(erro padrão)
(Intercept)	-2.74 (2.15)	-2.85 (2.05)	-2.61 (2.02)
IDHMEDIO	0.49 (0.30)	0.47 (0.29)	0.54 (0.28)

IDHMUITO ALTO	10.07 (4.07) *	9.37 (3.96) *	7.77 (4.01)
tx_vacina	-0.81 (0.39) *	-0.91 (0.38) *	-0.84 (0.37) *
semiarido semiárido	-0.31 (0.24)		
bioma natural florestal não	0.46 (1.03)	0.20 (1.03)	0.25 (1.01)
bioma agropecuária	0.88 (0.23) ***	0.59 (0.22) **	0.55 (0.22) *
bioma área não vegetada	-2.36 (1.63)	-2.42 (1.61)	-2.08 (1.59)
bioma corpos d'água	0.10 (1.03)	0.08 (1.02)	0.13 (1.01)
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-3.22 (1.32) *	-3.19 (1.31) *	-3.58 (1.29) **
tx_Ssnis	-4.19 (0.88) ***	-4.47 (0.86) ***	-4.55 (0.85) ***
tipologiaurbano	0.29 (0.28)		
PIB_percapita	-0.00 (0.00)		
densidade	-0.00 (0.00) **	-0.00 (0.00) **	-0.00 (0.00) *
tx_fluxo	-2.23 (1.95)		
tx_chik_auto	203.11 (14.16) ***	209.72 (14.11) ***	262.05 (18.74) ***
tx_G12A	-0.64 (0.54)		
log(populacao)	0.85 (0.16) ***	0.79 (0.16) ***	0.77 (0.15) ***
tx_dg_auto:tx_zk_auto			-1717.82 (278.19) ***
AIC	1835.56	1829.95	1822.48
BIC	1898.33	1876.20	1872.03
Log Likelihood	-898.78	-900.98	-896.24
Deviance	234.79	235.67	234.09

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$.

* resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas refere-se ao número total de municípios baianos com ocorrência das três arboviroses ao mesmo tempo ao longo dos 4 anos analisados (n=201).

Fonte: Elaboração própria (2022).

Pelo critério AIC e BIC, o modelo 3 é o mais parcimonioso dentre os três modelos com AIC no valor de 1822.5 O parâmetro de dispersão calculado pela divisão do residual *deviance* pelos graus de liberdade dos resíduos afim de detectar superdispersão (*overdispersion*) para o modelo 3 deu 1.25. Valor que sugere a inexistência de *overdispersion*. O modelo 3 explica 60% casos de chikungunya confirmada no cenário de circulação simultânea.

Para melhor obter o relacionamento das variáveis com o desfecho calculou-se os efeitos marginais. Utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais (quadro 56).

Quadro 56 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3

Variável	Estimate (beta)	e ^{beta*}	Percentual
tx_dg_auto:tx_zk_auto	-1717.822	0.000000e+00	-1.000000e+02
tx_Ssnis	-4.550	1.100000e-02	-9.894300e+01
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-3.584	2.800000e-02	-9.722300e+01
bioma área não vegetada	-2.085	1.240000e-01	-8.756800e+01
tx_vacina	-0.844	4.300000e-01	-5.701600e+01
densidade	-0.002	9.980000e-01	-2.350000e-01
bioma corpos d'água	0.135	1.144000e+00	1.444000e+01
bioma natural não florestal	0.255	1.290000e+00	2.902300e+01
IDHMEDIO	0.544	1.723000e+00	7.228200e+01
bioma agropecuária	0.548	1.731000e+00	7.305500e+01
IDHMUITO ALTO	7.765	2.356709e+03	2.355709e+05
tx_chik_auto	262.053	6.427778e+113	6.427778e+115

Fonte: Elaboração própria (2022).

As variáveis tx_chik_auto , $tx_dg_auto:tx_zk_auto$, tx_Ssnis e $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$, segundo critério do valor de p , foram as mais significativas do modelo 3 escolhido para representar os casos confirmados de chikungunya num ambiente de circulação simultânea.

A partir dos quadros 55 e 56 temos que: Municípios com IDH muito alto e médio têm mais relevância nos casos de chikungunya, ambas com baixa significância ($P > 0.1$). O aumento de pobres e extremamente pobres ($tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$) e daqueles sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequado inscritos no Cadastro Único (tx_Ssnis) diminui as chances de casos de confirmados. Também afetam negativamente as chances de queda de casos, o aumento da taxa de vacinados de febre amarela (tx_vacina), a densidade e interação da taxa de dengue e zika autóctones ($tx_dg_auto:tx_zk_auto$). Dentre os tipos de bioma, apenas o bioma agropecuário tem significância ($P = 0.0113$) e provoca o efeito marginal de 111.140427 casos de chikungunya confirmada, afetando negativamente os casos.

A taxa de chikungunya autóctone (tx_chik_auto) apresenta alto desvio no modelo 3 (166.66) e é altamente significativa. O estudo dos efeitos marginais na taxa de casos de chikungunya confirmados indica que à medida que a taxa de casos autóctones incrementa, a chance de casos confirmados eleva a 10^n , conforme indica o quadro 57.

Quadro 57 – Estimativa do efeito da variável tx_chik_auto

$tx_chik_auto^*$	Taxa de chikungunya confirmada	Diferença de taxa	Valor acrescido à taxa de chikungunya confirmada
0	5.345330e+01	0.00	0.00
0.02	1.009568e+04	188.87	10042.23
0.03	1.387447e+05	13.74	128649.01
0.05	2.620460e+07	188.87	26065858.50
0.06	3.601291e+08	13.74	333924480.69

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A densidade populacional também apresenta alto desvio no modelo 3 (61.041) e é altamente significativa. A multiplicação do seu valor médio (em torno do 641) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa (Quadro 56) indica que a variável induz a uma variação média de 0.86 vezes na taxa de casos de chikungunya confirmado. Variação percebida pelos valores obtidos na tabela abaixo quando analisamos os efeitos marginais da variável.

Quadro 58 – Estimativa do efeito da variável densidade

densidade*	Taxa de chikungunya confirmada	Diferença de taxa	Valor reduzido à taxa de chikungunya confirmada
0.8	143.8317584	0.00	0.000000
1000	13.6776333	0.10	-130.154125
2000	1.2982221	0.09	-12.379411
3000	0.1232217	0.09	-1.175000
4000	0.0116957	0.09	-0.111526

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Com desvio padrão pouco significativo, observa-se que a multiplicação do valor médio da tx_vacina (em torno do 3.822) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 0.56 vezes na taxa de casos de chikungunya confirmados (55%). O Quadro 59 mostra que esse padrão médio é mantido.

Quadro 59 – Estimativa do efeito da variável tx_vacina

tx_vacina*	Taxa de chikungunya confirmada	Diferença de taxa	Valor reduzido à taxa de chikungunya confirmada
------------	--------------------------------	-------------------	---

0.022	142.18425	0.00	0.00000
0.38	105.09347	0.74	-37.09078
0.74	77.54729	0.74	-27.54619
1.1	57.22127	0.74	-20.32602
1.5	40.82072	0.71	-16.40055

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

Município com tx_vacina de 0.38 (por exemplo) tem taxa de casos de 105.1. Sem vacina a taxa de casos fica em 142.1. Taxa de variação da taxa de casos fica em torno de 0.74. Valor próximo à variação média e ao IRR mensurado no quadro 56. Em termos percentuais, a mudança de valor da taxa de vacina reduz em 57% os casos.

Com efeito negativo, a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados tem taxa de incidência (IRR) de 0.01. Embora a partir do valor médio e considerando a variância apresentada pela variável no modelo, espera-se a variação média na taxa em torno de 0.29 a cada mudança do valor da tx_Ssnis.

Quadro 60 – Estimativa do efeito da variável tx_Ssnis

tx_Ssnis*	Taxa de chikungunya confirmada	Diferença de taxa	Valor reduzido à taxa de chikungunya confirmada
0.002	190.309837	0.00	0.00000
0.2	77.306458	0.41	-113.00338
0.3	49.047521	0.63	-28.25894
0.5	19.743295	0.40	-29.30423
0.7	7.947347	0.40	-11.79595

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A multiplicação do valor médio da $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ (em torno do 0.52) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma redução média de 0.155 vezes na taxa de casos de chikungunya confirmados. Sem significativa e com baixo desvio padrão, a variável apresenta taxa de incidência (IRR) de 0.03. Variação percebida pelos valores obtidos na tabela abaixo quando analisamos os efeitos marginais da variável.

Quadro 61 – Estimativa do efeito da variável $tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$

$tx_cadunico_tot_pes_pob_ext$ *	Taxa de chikungunya confirmada	Diferença de taxa	Valor reduzido à taxa de chikungunya confirmada
0.2	202.39137	0.00	0.00000
0.3	141.43455	0.70	-60.95682
0.5	69.06891	0.49	-72.36564
0.7	33.72948	0.49	-35.33943
0.8	23.57074	0.70	-10.15874

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022).

A equação do modelo de regressão binomial negativa para chikungunya confirmada no cenário de circulação simultânea é representada pela notação abaixo (e^{β}):

$$chik_conf = -0.074 + 1.72*IDH[MEDIO] + 2356.71*IDH [MUITO ALTO] -0.73*tx_vacina + 1.73*bioma_agropecuária - 0.028*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -0.01*tx_Ssnis -0.99*densidade + 6.427778e+113*tx_chik_auto + 0*tx_dg_auto:tx_zk_auto$$

8.3. Aplicação do Modelo de Regressão de Binomial – casos de Zika

8.3.1 Zika confirmada

Das 12 covariáveis explanatórias consideradas para a avaliação do desfecho utilizadas no primeiro modelo (escolhidas dentre as 15), mostraram-se não relevantes as variáveis bioma, tipologia, PIB_per capita, tx_fluxo e tx_zk_auto. E com pouca significância as variáveis: tx_Ssnis e densidade (Figura 31).

Figura 31 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika confirmada

```

Deviance Residuals:
  Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.8689  -0.6787  -0.6091  -0.4856   5.1953

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -4.413e+00  1.793e+00  -2.462  0.013832 *
IDHBAIXO     -3.733e+01  1.664e+07   0.000  0.999998
IDHMEDIO     -9.707e-01  2.552e-01  -3.804  0.000143 ***
IDHMUITO ALTO  1.480e+01  5.787e+00  2.557  0.010562 *
tx_vacina    -8.101e-01  3.224e-01  -2.512  0.011992 *
semiarido semiárido -3.384e-01  2.121e-01  -1.595  0.110677
bioma natural não florestal -2.332e+00  1.565e+00  -1.490  0.136246
bioma agropecuária  2.223e-01  1.866e-01  1.191  0.233659
bioma área não vegetada -2.731e+00  2.670e+00  -1.023  0.306315
bioma corpos d'água  9.015e-01  8.420e-01  1.071  0.284362
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.090e+00  9.788e-01  -3.157  0.001596 **
tx_Ssnis     -1.071e+00  5.737e-01  -1.867  0.061917 .
tipologiaurbano -5.514e-01  2.524e-01  -2.184  0.028926 *
PIB_per capita -1.277e-05  6.867e-06  -1.859  0.063014 .
densidade    -4.243e-03  1.453e-03  -2.920  0.003503 **
tx_fluxo     -6.278e-01  1.283e+00  -0.489  0.624572
tx_zk_auto   6.931e+02  3.167e+01  21.884 < 2e-16 ***
tx_G12A      8.104e-01  4.412e-01  1.837  0.066219 .
log(populacao) 7.478e-01  1.466e-01  5.100  3.39e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0883) family taken to be 1)

Null deviance: 1530.89  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 761.54  on 1649  degrees of freedom
AIC: 3617.2

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta:  0.08835
              Std. Err.:  0.00605
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -3577.20100

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Optou-se pela seleção manual, com base no critério do p-valor. Nesse sentido, foram retirados do modelo as variáveis: bioma e tx_fluxo. Com a eliminação das variáveis, o AIC do modelo saiu de 3617.2 e foi para 3612.3. Com a retirada das variáveis, a variável semiarido perde significado e sua retirada melhora o ajuste do modelo, o AIC cai para 3611.8. Assim,

restaram no modelo como mais relevantes as variáveis: IDH, tx_vacina, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tipologia, PIB_percapita, densidade, tx_zk_auto e tx_G12A (Figura 32).

Figura 32 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.8642  -0.6743  -0.6072  -0.4943   5.4569

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -3.931e+00  1.726e+00  -2.277 0.022780 *
IDHBAIXO     -3.733e+01  1.670e+07   0.000 0.999998
IDHMEDIO     -9.685e-01  2.511e-01  -3.857 0.000115 ***
IDHMUITO ALTO  9.860e+00  4.592e+00   2.147 0.031767 *
tx_vacina    -7.600e-01  3.174e-01  -2.394 0.016643 *
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.303e+00  9.626e-01  -3.431 0.000601 ***
tx_Ssnis     -1.257e+00  5.664e-01  -2.218 0.026535 *
tipologiaurbano -5.734e-01  2.510e-01  -2.284 0.022345 *
PIB_percapita -1.207e-05  6.771e-06  -1.783 0.074657 .
densidade    -2.927e-03  1.243e-03  -2.355 0.018529 *
tx_zk_auto   6.927e+02  3.180e+01  21.785 < 2e-16 ***
tx_G12A      8.620e-01  4.291e-01   2.009 0.044577 *
log(populacao) 6.883e-01  1.400e-01   4.915 8.87e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0871) family taken to be 1)

Null deviance: 1513.06 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 760.56 on 1655 degrees of freedom
AIC: 3611.8

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.08713
              Std. Err.: 0.00595

2 x log-likelihood: -3583.79400

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Compuseram o terceiro modelo 3 as variáveis mais significativas do modelo 2 (M2) acrescidas das variáveis sobre a chikungunya e a dengue confirmada, e a relação da taxa de autoctonia da dengue com a da chikungunya. Após ajustes, ao final, restaram no modelo apenas a tx_Ssnis, a tx_zk_auto, a chik_conf, a dg_conf e a tx_dg_auto:tx_chik_auto (Figura 33).

Figura 33 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika confirmada

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.2286 -0.6751 -0.6171 -0.5428  6.0270

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -6.051e+00  1.166e+00  -5.187  2.14e-07 ***
tx_Ssnis     -1.841e+00  5.254e-01  -3.504  0.000459 ***
tx_zk_auto   7.996e+02  5.126e+01  15.599 < 2e-16 ***
chik_conf    2.076e-03  6.411e-04  3.238  0.001206 **
dg_conf      1.408e-03  3.019e-04  4.663  3.12e-06 ***
log(populacao) 6.637e-01  1.144e-01  5.801  6.58e-09 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto -1.473e+04  2.164e+03  -6.805  1.01e-11 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0824) family taken to be 1)

Null deviance: 1443.83  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 760.14  on 1661  degrees of freedom
AIC: 3629.7

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.08245
              Std. Err.: 0.00560
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -3613.73900

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos de zika confirmada são apresentados no quadro 62. Esta tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Quadro 62 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika confirmada

	Modelo 1 beta (erro padrão)	Modelo 2 beta (erro padrão)	Modelo 3 beta (erro padrão)
(Intercept)	-4.41 (1.79)*	-3.93 (1.73)*	-6.05 (1.17)***
IDHBAIXO	-37.33 (16636904.60)	-37.33 (16697506.56)	
IDHMEDIO	-0.97 (0.26)***	-0.97 (0.25)***	
IDHMUITO ALTO	14.80 (5.79)*	9.86 (4.59)*	
tx_vacina	-0.81 (0.32)*	-0.76 (0.32)*	

semiarido semiárido	-0.34 (0.21)		
bioma natural não florestal	-2.33 (1.57)		
bioma agropecuária	0.22 (0.19)		
bioma área não vegetada	-2.73 (2.67)		
bioma corpos d'água	0.90 (0.84)		
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-3.09 (0.98)**	-3.30 (0.96)***	
tx_Ssnis	-1.07 (0.57)	-1.26 (0.57)*	-1.84 (0.53)***
Tipologiaurbano	-0.55 (0.25)*	-0.57 (0.25)*	
PIB_percapita	-0.00 (0.00)	-0.00 (0.00)	
Densidade	-0.00 (0.00)**	-0.00 (0.00)*	
tx_fluxo	-0.63 (1.28)		
tx_zk_auto	693.13 (31.67)***	692.75 (31.80)***	799.56 (51.26)***
tx_G12A	0.81 (0.44)	0.86 (0.43)*	
log(populacao)	0.75 (0.15)***	0.69 (0.14)***	0.66 (0.11)***
chik_conf			0.00 (0.00)**
dg_conf			0.00 (0.00)***
tx_dg_auto:tx_chik_auto			-14726.38 (2163.96)***
AIC	3617.20	3611.79	3629.74
BIC	3725.59	3687.67	3673.09
Log Likelihood	-1788.60	-1791.90	-1806.87
Deviance	761.54	760.56	760.14

***p < 0.001; **p < 0.01; *p < 0.05

* Resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas nos três modelos refere-se ao número total de municípios baianos mensurados pelos 4 anos analisados, ou seja, 1668 (417*4 anos).

Fonte: Elaboração própria (2022).

Pelo critério AIC e BIC, o modelo 2 é o mais parcimonioso dentre os três modelos com AIC no valor de 3611.79. Contudo, por critérios analíticos, o modelo 3 foi o escolhido como o representante da zika confirmada. O parâmetro de dispersão calculado pela divisão do *residual deviance* pelos graus de liberdade dos resíduos a fim de detectar superdispersão (*overdispersion*) para o modelo final deu 0.46. Valor que sugere a inexistência de superdispersão. Esse modelo explica 50% dos casos de zika confirmados.

Abaixo o quadro dos efeitos marginais auxiliará na percepção do relacionamento das variáveis com o desfecho. Utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais (Quadro 63).

Quadro 63 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3

Variável	Estimate (beta)	e^{beta^*}	Percentual
tx_dg_auto:tx_chik_auto	-14726.376	0.000	-100.000
(Intercept)	-6.051	0.002	-99.764
tx_Ssnis	-1.841	0.159	-84.133
dg_conf	0.001	1.001	0.141
chik_conf	0.002	1.002	0.208
log(populacao)	0.664	1.942	94.194
tx_zk_auto	799.556	Inf	Inf

Fonte: Elaboração própria (2022).

Significativas no modelo escolhido para representar os casos confirmados de zika, segundo critério do valor de p, foram as variáveis tx_zk_auto, tx_dg_auto:tx_chik_auto, dg_conf, tx_Ssnis e chik_conf.

De influência positiva, a taxa de zika autóctone (tx_zk_auto) é altamente significativa. O estudo dos efeitos marginais na taxa de casos de zika confirmados indica que à medida que a taxa de casos autóctones incrementa, a chance de casos confirmados tende ao infinito,

conforme indica o quadro abaixo. Já as variáveis *dg_conf* e *chik_conf* provocam efeito positivo, embora a variação tenha valor 1.

Com efeito negativo, a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (*tx_Ssnis*) tem taxa de incidência (IRR) de 0.16. Embora a partir do valor médio e considerando a variância apresentada pela variável no modelo, espera-se a variação média na taxa em torno de 0.61 a cada mudança do valor da *tx_Ssnis*.

A equação do modelo de regressão binomial negativa para zika confirmada é representada pela notação:

$$zika_conf = -0.002 - 0.159*tx_Ssnis + Inf*tx_zk_auto + 1*chik_conf + 1*dg_conf + 0*tx_dg_auto:tx_chik_auto$$

8.3.2 Zika suspeita

Ao total 15 covariáveis consideradas para a avaliação do desfecho foram distribuídas em 3 modelos analíticos. Cada modelo evoluiu a partir das variáveis mais significativas, segundo critérios do valor-p.

Das 12 variáveis consideradas no modelo inicial (M1), mostraram-se relevantes o Tipo de uso do solo (bioma), Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext*), a Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (*tx_Ssnis*), Taxa de pessoas chegaram ao município (*tx_fluxo*), Taxa de casos de zika autóctones por município (*tx_zk_auto*). A retirada das variáveis não significativas melhorou o desempenho do modelo que teve AIC alterado de 6630.8 para 6618.1 (Figura 34).

Figura 34 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.6484 -0.9321 -0.8173 -0.4291  3.0543

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -1.386e+01  1.632e+00  -8.491 < 2e-16 ***
IDHBAIXO         -1.307e+00  8.950e-01  -1.460 0.144237
IDHMEDIO         -8.918e-02  2.381e-01  -0.375 0.708012
IDHMUITO ALTO     5.117e+00  5.475e+00   0.935 0.349985
tx_vacina         4.639e-03  2.852e-01   0.016 0.987025
semiarido semiárido  3.865e-03  1.955e-01   0.020 0.984228
bioma natural não florestal -3.195e+00  1.308e+00  -2.442 0.014608 *
bioma agropecuária -5.615e-02  1.710e-01  -0.328 0.742633
bioma área não vegetada -3.578e+00  2.568e+00  -1.394 0.163416
bioma corpos d'água -1.331e+00  8.026e-01  -1.659 0.097156 .
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  2.992e+00  8.624e-01   3.469 0.000522 ***
tx_Ssnis         -2.097e+00  5.215e-01  -4.021 5.80e-05 ***
tipologiaurbano  6.840e-02  2.310e-01   0.296 0.767202
PIB_percapita    -3.336e-06  5.753e-06  -0.580 0.562057
densidade        -1.625e-03  1.368e-03  -1.188 0.234833
tx_fluxo         4.606e+00  1.150e+00   4.006 6.16e-05 ***
tx_zk_auto       1.336e+02  3.047e+01   4.385 1.16e-05 ***
tx_G12A          6.121e-01  3.787e-01   1.616 0.106011
log(populacao)   1.458e+00  1.348e-01  10.810 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0954) family taken to be 1)

Null deviance: 1382.7 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1150.1 on 1649 degrees of freedom
AIC: 6630.8

Number of Fisher Scoring iterations: 25

                Theta: 0.09530
                Std. Err.: 0.00453
Warning while fitting theta: alternation limit reached

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Assim, bioma, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis, tx_fluxo e tx_zk_auto foram as variáveis que compuseram o M2 (Figura 35) e foram importadas para o Modelo 3 (Figura 36).

Figura 35 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.6532 -0.9287 -0.8144 -0.4321  3.0455

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -12.69022    1.41625  -8.960 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -3.08925    1.24442  -2.482 0.013047 *
bioma agropecuária      -0.07619    0.16480  -0.462 0.643865
bioma área não vegetada -3.67530    1.67217  -2.198 0.027954 *
bioma corpos d'água     -1.67890    0.70013  -2.398 0.016486 *
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  3.12359    0.83721   3.731 0.000191 ***
tx_Ssnis        -2.20814    0.49036  -4.503 6.70e-06 ***
tx_fluxo        4.76864    1.12594   4.235 2.28e-05 ***
tx_zk_auto     128.68050    30.34115   4.241 2.22e-05 ***
log(populacao)    1.37768    0.11524  11.955 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0948) family taken to be 1)

Null deviance: 1375.9 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1149.9 on 1658 degrees of freedom
AIC: 6618.1

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.09482
             Std. Err.: 0.00450

2 x log-likelihood: -6596.12800

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Ao final, a zika suspeita pode ser modelada através da relação das seguintes variáveis: Tipo de uso do solo (bioma), Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext), a Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis), Taxa de pessoas chegaram ao município (tx_fluxo), Taxa de casos de zika autóctones por município (tx_zk_auto), as taxas de chikungunya e dengue confirmadas (chik_conf e dg_conf, respectivamente) e pela interação entre as taxas de dengue e chikungunya autoctónes (tx_dg_auto:tx_chik_auto).

Figura 36 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika suspeita

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.4833 -0.9305 -0.8203 -0.4182  3.0960

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -1.192e+01  1.435e+00  -8.306 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -2.931e+00  1.226e+00  -2.391 0.016821 *
bioma agropecuária      -1.192e-01  1.643e-01  -0.726 0.467963
bioma área não vegetada  -3.509e+00  1.664e+00  -2.109 0.034959 *
bioma corpos d'água     -1.565e+00  6.951e-01  -2.251 0.024385 *
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  3.039e+00  8.336e-01  3.646 0.000266 ***
tx_Ssnis        -2.079e+00  4.872e-01  -4.268 1.97e-05 ***
tx_fluxo        4.608e+00  1.119e+00  4.119 3.80e-05 ***
tx_zk_auto      1.671e+02  4.725e+01  3.535 0.000408 ***
chik_conf       2.564e-03  5.930e-04  4.324 1.54e-05 ***
dg_conf        -1.471e-03  6.385e-04  -2.303 0.021273 *
log(populacao)   1.301e+00  1.193e-01  10.904 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto  -4.696e+03  2.581e+03  -1.819 0.068906 .
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.0962) family taken to be 1)

Null deviance: 1392.8 on 1667 degrees of freedom
Residual deviance: 1150.5 on 1655 degrees of freedom
AIC: 6611.2

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta:  0.09618
              Std. Err.:  0.00458

2 x log-likelihood:  -6583.15300

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos suspeitos de zika são apresentados no Quadro 64. Esta tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Pelo critério AIC e BIC, o modelo 3 é o mais parcimonioso dentre os três modelos com AIC no valor de 6611.2. O parâmetro de dispersão calculado pela divisão do residual deviance pelos graus de liberdade dos resíduos a fim de detectar superdispersão (overdispersion) para o modelo 3 deu 0.70. Valor que sugere a inexistência de superdispersão. O modelo final, modelo 3, explica 17% casos suspeitos de zika.

Quadro 64 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika suspeita

Modelo 1	Modelo 2	Modelo 3
beta*(erro padrão)	beta* (erro padrão)	beta* (erro padrão)

(Intercept)	-13.86 (1.63) ^{***}	-12.69 (1.42) ^{***}	-11.92 (1.44) ^{***}
IDHBAIXO	-1.31 (0.90)		
IDHMEDIO	-0.09 (0.24)		
IDHMUITO ALTO	5.12 (5.47)		
tx_vacina	0.00 (0.29)		
semiarido semiárido	0.00 (0.20)		
bioma natural não florestal	-3.20 (1.31) [*]	-3.09 (1.24) [*]	-2.93 (1.23) [*]
bioma agropecuária	-0.06 (0.17)	-0.08 (0.16)	-0.12 (0.16)
bioma área não vegetada	-3.58 (2.57)	-3.68 (1.67) [*]	-3.51 (1.66) [*]
bioma corpos d'água	-1.33 (0.80)	-1.68 (0.70) [*]	-1.56 (0.70) [*]
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	2.99 (0.86) ^{***}	3.12 (0.84) ^{***}	3.04 (0.83) ^{***}
tx_Ssnis	-2.10 (0.52) ^{***}	-2.21 (0.49) ^{***}	-2.08 (0.49) ^{***}
Tipologiaurbano	0.07 (0.23)		
PIB_percapita	-0.00 (0.00)		
Densidade	-0.00 (0.00)		
tx_fluxo	4.61 (1.15) ^{***}	4.77 (1.13) ^{***}	4.61 (1.12) ^{***}
tx_zk_auto	133.61 (30.47) ^{***}	128.68 (30.34) ^{***}	167.05 (47.25) ^{***}
tx_G12A	0.61 (0.38)		
log(populacao)	1.46 (0.13) ^{***}	1.38 (0.12) ^{***}	1.30 (0.12) ^{***}

chik_conf			0.00 (0.00)***
dg_conf			-0.00 (0.00)*
tx_dg_auto:tx_chik_auto			-4695.57 (2581.35)
AIC	6630.76	6618.13	6611.15
BIC	6739.15	6677.74	6687.02
Log Likelihood	-3295.38	-3298.06	-3291.58
Deviance	1150.05	1149.93	1150.51
Num. obs.	1668	1668	1668

***p < 0.001; **p < 0.01; *p < 0.05

* Resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas nos três modelos refere-se ao número total de municípios baianos mensurados pelos 4 anos analisados, ou seja, 1668 (417*4 anos).

Fonte: Elaboração própria (2022).

O quadro dos efeitos marginais desenvolvido a partir do coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais servirá na percepção do relacionamento das variáveis com o desfecho (quadro 65).

Quadro 65 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3

Variável	Estimate (beta)	e ^{beta*}	Percentual
tx_dg_auto:tx_chik_auto	-4695.565	0.000000e+00	-1.000000e+02
bioma área não vegetada	-3.509	3.000000e-02	-9.700600e+01
bioma natural não florestal	-2.931	5.300000e-02	-9.466500e+01

tx_Ssnis	-2.079	1.250000e-01	-8.749900e+01
bioma corpos d'água	-1.565	2.090000e-01	-7.908300e+01
bioma agropecuária	-0.119	8.880000e-01	-1.124000e+01
dg_conf	-0.001	9.990000e-01	-1.470000e-01
chik_conf	0.003	1.003000e+00	2.570000e-01
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	3.039	2.089000e+01	1.989014e+03
tx_fluxo	4.608	1.002750e+02	9.927475e+03
tx_zk_auto	167.051	3.541165e+72	3.541165e+74

Fonte: Elaboração própria (2022).

Apresentam-se como variáveis significativas no modelo 3, segundo critério do valor de p, as variáveis `chik_conf`, `tx_Ssnis`, `tx_fluxo`, `tx_cadunico_tot_pes_pob_ext` e `tx_zk_auto`. Dentre os biomas destacam-se: o bioma natural não florestal, bioma corpos d'água e bioma área não vegetada. Já o bioma agropecuário apresenta $P > 0.1$ não tem significância. A dengue confirmada (`dg_conf`) tem mais significância que a `tx_dg_auto:tx_chik_auto`. A partir dos quadros 64 e 65 temos que:

A multiplicação do valor médio da `chik_conf` com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 1 vez na taxa de casos de zika suspeito (um aumento de 105.74%).

Com efeito negativo na taxa de casos suspeitos de zika, a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequada (`tx_Ssnis`) apresenta taxa de incidência (IRR) de 0.13 (influência de 0.13 vezes). A partir do valor da média da variável em relação ao valor estimado no modelo, espera-se uma variação média na taxa acima de 50% a cada mudança do valor da `tx_Ssnis`.

Com efeito positivo, a taxa de pessoas que chegaram ao município (`tx_fluxo`) tem taxa de incidência (IRR) de 0.16. Espera-se, considerando o valor médio e a estimativa da variável no modelo, que a variação média provocada na taxa seja em média 100%.

Com efeito negativo, a taxa da população pobre e extremamente pobre residente do município inscrita no Cadastro Único (*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext*) tem taxa de incidência (IRR) de 20.89. A relação do valor estimado da variável no modelo e o valor da sua média, indica que cada mudança do valor da *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* tende a provocar uma variação média na taxa acima de 100%.

De influência positiva, o estudo dos efeitos marginais da taxa de zika autóctone (*tx_zk_auto*) na taxa de casos de zika suspeitos indica que, à medida que a taxa de casos autóctones incrementa, a chance de casos confirmados cresce a 10 n.

A multiplicação do valor médio da variável *dg_conf* com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa provoca uma variação negativa média de 0.93 vezes na taxa de casos.

No que diz respeito a interação entre as taxas de dengue e chikungunya autóctones (*tx_dg_auto:tx_chik_auto*) nota-se uma influência negativa embora sem relevância a partir da taxa de incidência (IRR) que apresenta valor 0. Mesmo sem efeito relevante, a análise da dinâmica da interação dos casos permite identificar que a variação da taxa da chikungunya autóctone tem mais efeito que a variação da taxa da dengue. O efeito da variação da taxa da chikungunya em relação à variação da taxa da dengue é maior à medida que a taxa da primeira cresce.

Dentre os biomas, são significativos o bioma corpos d'água, o bioma área não vegetada e o bioma natural não florestal ($P < 0.05$). Com $P < 0.1$ está o bioma agropecuária

Com efeito negativo na taxa de casos, o bioma natural não florestal impacta 0.053 vezes; o bioma corpos d'água, 0.209 vezes; o bioma área não vegetada, 0,03 vezes; e o bioma agropecuário, 0.888 vezes.

A equação do modelo de regressão binomial negativa para zika suspeita é representada na forma exponencial pela notação abaixo:

$$zika_susp = 0 - 0.053 * bioma\ natural\ não\ florestal - 0.209 * bioma\ corpos\ d'água - 0.03 * bioma\ área\ não\ vegetada + 20.89 * tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 0.125 * tx_Ssnis + 100.28 * tx_fluxo + 3.541165e+72 * tx_zk_auto + 1.003 * chik_conf - 0,999 * dg_conf - 0 * tx_dg_auto:tx_chik_auto$$

8.3.3. Zika confirmada - Cenário cocirculação

O cenário de circulação simultânea para a análise da chikungunya confirmada contém 201 observações. Das 12 covariáveis explanatórias consideradas para a avaliação do desfecho utilizadas no primeiro modelo (escolhidas dentre as 15), mostraram-se relevantes as variáveis bioma, tipologia, PIB_percapita, tx_fluxo e tx_zk_auto. E com pouca significância as variáveis: tx_Ssnis e densidade.

Figura 37 – Resultado do modelo 1 (M1) da zika confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.7940 -1.1359 -0.5906  0.0893  3.5381

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -4.005e+00  2.033e+00 -1.970  0.0489 *
IDHMEDIO    1.223e-01  2.783e-01  0.439  0.6604
IDHMUITO ALTO 5.933e+00  3.908e+00  1.518  0.1290
tx_vacina    4.636e-01  3.633e-01  1.276  0.2020
semiarido semiárido -1.387e-01  2.219e-01 -0.625  0.5320
bioma natural não florestal -1.853e+00  1.003e+00 -1.848  0.0645 .
bioma agropecuária 4.515e-01  2.148e-01  2.102  0.0355 *
bioma área não vegetada -2.197e+00  1.578e+00 -1.392  0.1638
bioma corpos d'água -1.076e+00  1.013e+00 -1.061  0.2885
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -1.557e+00  1.251e+00 -1.245  0.2132
tx_Ssnis    -1.606e+00  8.277e-01 -1.940  0.0524 .
tipologiaurbano 7.705e-02  2.656e-01  0.290  0.7717
PIB_percapita -1.721e-05  6.715e-06 -2.563  0.0104 *
densidade    -1.717e-03  9.734e-04 -1.764  0.0777 .
tx_fluxo    -2.634e+00  1.865e+00 -1.413  0.1577
tx_zk_auto   2.383e+02  1.331e+01 17.901 < 2e-16 ***
tx_G12A     -6.517e-01  5.057e-01 -1.289  0.1975
log(populacao) 7.603e-01  1.544e-01  4.924 8.49e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.6309) family taken to be 1)

Null deviance: 734.60 on 200 degrees of freedom
Residual deviance: 224.63 on 183 degrees of freedom
AIC: 1545.9

Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 0.6310
Std. Err.: 0.0573
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -1507.8870

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Optou-se pela seleção manual, com base no critério do p-valor. Neste sentido, foram retirados do modelo as variáveis: IDH, tx_vacina, semiarido, tx_G12A, tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_G12A. Com a eliminação das variáveis, o AIC do modelo saiu de 1545.9 (Figura 37) e foi para 1540.8 (Figura 38). Com a retirada das variáveis, perdem

significância a variável densidade e tipologia que retiradas do modelo melhoram seu desempenho, o AIC cai para 1538.1.

Figura 38 – Resultado do modelo 2 (M2) da zika confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.9280  -1.0684  -0.6270   0.2072   3.9045

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -4.715e+00  1.056e+00  -4.463  8.09e-06 ***
bioma natural não florestal -2.112e+00  9.877e-01  -2.139  0.03246 *
bioma agropecuária    4.462e-01  2.030e-01   2.198  0.02797 *
bioma área não vegetada -1.844e+00  8.162e-01  -2.260  0.02385 *
bioma corpos d'água    -1.656e+00  6.372e-01  -2.599  0.00935 **
tx_Ssnis         -1.900e+00  7.343e-01  -2.588  0.00966 **
PIB_per capita    -1.876e-05  6.274e-06  -2.991  0.00279 **
tx_fluxo        -3.420e+00  1.836e+00  -1.863  0.06247 .
tx_zk_auto       2.458e+02  1.315e+01  18.697  < 2e-16 ***
log(populacao)   7.306e-01  9.603e-02   7.608  2.79e-14 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.6098) family taken to be 1)

Null deviance: 710.77  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 225.67  on 191  degrees of freedom
AIC: 1538.1

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.6098
              Std. Err.: 0.0549
Warning while fitting theta: alternation limit reached

2 x log-likelihood: -1516.0730

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Compuseram o modelo 2 as 5 variáveis: bioma, tx_Ssnis, PIB_per capita, tx_fluxo e tx_zk_auto. Essas variáveis foram importadas para o modelo 3 com acréscimo de chikungunya confirmados (chik_conf), os casos de dengue confirmados (dg_conf) e a relação entre as taxas de dengue e chikungunya autóctones (tx_dg_auto:tx_chik_auto). Ao final, apenas a variável dg_conf mostrou-se sem significância. Sua retirada melhorou o desempenho do modelo 3 com AIC saindo de 1524.7 para 1522.7 (Figura 39).

Figura 39 – Resultado do modelo 3 (M3) da zika confirmada cocirculação

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-3.3789 -1.1144 -0.6055  0.2005  4.3261

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -4.372e+00  1.068e+00  -4.094 4.24e-05 ***
bioma natural não florestal -2.004e+00  9.542e-01  -2.100 0.03570 *
bioma agropecuária      3.866e-01  1.981e-01  1.952 0.05093 .
bioma área não vegetada -1.740e+00  7.895e-01  -2.203 0.02758 *
bioma corpos d'água     -1.562e+00  6.163e-01  -2.535 0.01125 *
tx_Ssnis               -2.036e+00  7.187e-01  -2.833 0.00461 **
PIB_percapita          -1.814e-05  6.095e-06  -2.976 0.00292 **
tx_fluxo                -3.594e+00  1.798e+00  -1.999 0.04561 *
tx_zk_auto              3.399e+02  2.269e+01  14.981 < 2e-16 ***
chik_conf               5.742e-04  2.716e-04  2.114 0.03451 *
log(populacao)          6.915e-01  9.738e-02  7.101 1.24e-12 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto -5.229e+03  8.462e+02  -6.179 6.45e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.659) family taken to be 1)

Null deviance: 766.16 on 200 degrees of freedom
Residual deviance: 222.47 on 189 degrees of freedom
AIC: 1522.7

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta: 0.6590
              Std. Err.: 0.0603

2 x log-likelihood: -1496.7220

```

Fonte: Elaboração própria (2022).

Os resultados de estimativa binomial negativa de casos de zika confirmada são apresentados no Quadro 66. Esta tabela inclui os coeficientes exponenciados estimados, desvio padrão associadas, valor de p e os critérios de informação de Akaike e o Bayesiano de Schwarz para cada modelo.

Quadro 66 – Modelos binomial negativo para avaliação da taxa de zika confirmada no cenário de circulação simultânea

	Modelo 1 e^{beta} * (erro padrão)	Modelo 2 e^{beta} * (erro padrão)	Modelo 3 e^{beta} * (erro padrão)
(Intercept)	0.02 * (2.03)	0.01 *** (1.06)	0.01 *** (1.07)
IDHMEDIO	1.13 (0.28)		
IDHMUITO ALTO	377.21 (3.91)		
tx_vacina	1.59 (0.36)		

semiarido	0.87		
semiárido	(0.22)		
bioma natural não florestal	0.16	0.12 *	0.13 *
	(1.00)	(0.99)	(0.95)
bioma agropecuária	1.57 *	1.56 *	1.47
	(0.21)	(0.20)	(0.20)
bioma área não vegetada	0.11	0.16 *	0.18 *
	(1.58)	(0.82)	(0.79)
bioma corpos d'água	0.34	0.19 **	0.21 *
	(1.01)	(0.64)	(0.62)
tx_cadunico_tot_ pes_pob_ext	0.21		
	(1.25)		
tx_Ssnis	0.20	0.15 **	0.13 **
	(0.83)	(0.73)	(0.72)
tipologiaurbano	1.08		
	(0.27)		
PIB_percapita	1.00 *	1.00 **	1.00 **
	(0.00)	(0.00)	(0.00)
densidade	1.00		
	(0.00)		
tx_fluxo	0.07	0.03	0.03 *
	(1.86)	(1.84)	(1.80)
tx_zk_auto	3.248724e+103***	5.621684e+106***	3.941537e+147***
	(13.31)	(13.15)	(22.69)
tx_G12A	0.52		
	(0.51)		
log(populacao)	2.14 ***	2.08 ***	2.00 ***
	(0.15)	(0.10)	(0.10)
chik_conf			1.00 *
			(0.00)
tx_dg_auto:tx_ch ik_auto			0.00 ***
			(846.17)
AIC	1545.89	1538.07	1522.72
BIC	1608.65	1574.41	1565.66

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$.

* exponencial do resultado estimado para cada variável.

O número de observações consideradas refere-se ao número total de municípios baianos com ocorrência das três arboviroses ao mesmo tempo ao longo dos 4 anos analisados ($n=201$).

Fonte: Elaboração própria (2022).

Pelo critério AIC e BIC, o modelo 3 é o mais parcimonioso dentre os três modelos com AIC no valor de 1522.72. O parâmetro de dispersão calculado pela divisão do residual *deviance* pelos graus de liberdade dos resíduos a fim de detectar superdispersão (*overdispersion*) para o modelo 3 deu 1.177. Valor que sugere a inexistência de *overdispersion*. O modelo 3 explica 71% casos de zika confirmada no cenário de circulação simultânea.

Para melhor obter o relacionamento das variáveis com o desfecho calculou-se os efeitos marginais. Utilizou-se o coeficiente logarítmico exponencial (ou IRR) do modelo binomial negativo e da sua transformação em termos percentuais (Quadro 67).

Quadro 67 – Estimativa do efeito das variáveis do Modelo 3

Variável	Estimate (beta)	e^{beta} *	Percentual
tx_dg_auto:tx_chik_auto	-5228.518	0.000000e+00	-1.000000e+02
tx_fluxo	-3.594	2.700000e-02	-9.725100e+01
tx_Ssnis	-2.036	1.310000e-01	-8.694500e+01
bioma natural não florestal	-2.004	1.350000e-01	-8.652200e+01
bioma área não vegetada	-1.740	1.760000e-01	-8.244000e+01
bioma corpos d'água	-1.562	2.100000e-01	-7.903600e+01
PIB_percapita	0.000	1.000000e+00	-2.000000e-03
chik_conf	0.001	1.001000e+00	5.700000e-02
bioma agropecuária	0.387	1.472000e+00	4.719800e+01
tx_zk_auto	339.852	3.941537e+147	3.941537e+149

Fonte: Elaboração própria (2022).

Apresentam-se como variáveis significativas no modelo 3, a tx_zk_auto, a tx_dg_auto:tx_chik_auto, o PIB_percapita e a tx_Ssnis, segundo critério do valor de p, foram as mais significativas do modelo escolhido (M3) para representar os casos confirmados de zika num ambiente de circulação simultânea. A partir dos Quadros 66 e 67 temos que:

De influência positiva, a taxa de zika autóctone (tx_zk_auto) é altamente significativa. O estudo dos efeitos marginais na taxa de casos de zika confirmados indica que, à medida que a taxa de casos autóctones incrementa, a chance de casos confirmados eleva a 10^n .

Com influência negativa, notou-se que para o PIB_per capita a multiplicação do seu valor médio (em torno do 1206) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 0.80 vezes na taxa de casos de zika confirmado. Variação percebida pelos valores obtidos na tabela abaixo quando analisamos os efeitos marginais da variável.

Com efeito negativo, a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados tem taxa de incidência (IRR) de 0.13. Embora a partir do valor médio e considerando a variância apresentada pela variável no modelo, espera-se a variação média na taxa em torno de 0.58 a cada mudança do valor da tx_Ssnis.

A multiplicação do valor médio da tx_fluxo (em torno do 0.05467) com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a uma variação média de 0.82 vezes na taxa de casos de zika confirmados (uma redução de 81%).

A multiplicação do valor médio da chik_conf com o valor do coeficiente estimado na binomial negativa indica que a variável induz a um aumento médio de 1.01 vezes na taxa de casos de zika confirmados. A taxa de incidência (IRR) de 1.

Dentre os biomas, são significativos o bioma corpos d'água, o bioma área não vegetada e o bioma natural não florestal ($P < 0.05$). Com $P < 0.1$ está o bioma agropecuária.

A influência da interação da tx_dg_auto com a tx_chik_auto com a taxa de casos de zika confirmada no cenário de circulação simultânea pode ser considerada nula, já que apresenta valor zero. Contudo, a variável foi mantida na análise como forma de auxiliar a interpretação da dinâmica da autoctonia na ocorrência de casos.

Nota-se que a variação da taxa da chikungunya autóctone tem mais efeito que a variação da taxa da dengue. O efeito da variação da taxa da chikungunya em relação à variação da taxa da dengue é maior à medida que a taxa da primeira cresce. Os dados evidenciam, contudo, que o efeito cessa a partir de um limite de crescimento (Quadro 68).

Quadro 68 – Estimativa do efeito da variável tx_dg_auto:tx_chik_auto

	tx_chik_auto*				
tx_dg_auto	0	0.02	0.03	0.05	0.06

0	4,E+06	3,94E+10	3,94E+07	3,94E+07	3,94E+07
0.02	4,E+06	4,87E+09	1,71E+06	2,12E+05	7,43E+04
0.04	4,E+06	6,02E-01	74333,10	1,13E+03	1,40E+02
0.06	4,E+06	7,43E-02	3,23E+03	6,08E+00	2,64E-01
0.08	4,E+06	9,18E-03	1,40E+02	3,26E-02	4,97E-04

*valores marginais possíveis da variável.

Fonte: Elaboração própria (2022)

A equação do modelo de regressão binomial negativa para zika confirmada no cenário de circulação simultânea é representada pela notação abaixo:

$$zika_conf = -0.01 - 0.21*bioma_corpos\ d'\acute{a}gua - 0.18*bioma\ \acute{a}rea\ n\tilde{a}o\ vegetada - 0.13*bioma\ natural\ n\tilde{a}o\ florestal + 1.47*bioma\ agropecu\acute{a}ria - 0.13*tx_Ssnis + 1*PIB_percapita - 0.03*tx_fluxo + 3.941537e+147*tx_zk_auto + 1*chik_conf + 0*tx_dg_auto:tx_chik_auto$$

9 DISCUSSÃO

9.1. O Espectro de interações ecológicas

Este trabalho, como visto, utilizou a perspectiva do estudo ecológico a fim de obter um *framework* (ou um modelo de estrutura) que possibilite a articulação e exploração de fatores que impactam direta ou indiretamente na ocorrência de doenças transmitidas por vetores.

Ellis e Wilcox (2009) propõem esta perspectiva numa abordagem que têm em foco o desenvolvimento humano, o desenvolvimento social e como estes têm afetado a relação do homem com o fenômeno global das doenças infecciosas emergentes (ELLIS; WILCOX, 2009; WILCOX; GULBER, 2005). A ênfase posta está em como os fatores humanos interagem com o ambiente e o impacto nos mecanismos de transmissão e evolução de vetores e patógenos ao ponto dessa interação resultar em doenças locais, regionais ou globais (em termos de endemia regional, epidemia ou pandemia) (ELLIS; WILCOX, 2009; WILCOX; GULBER, 2005).

Segundo os autores, os fatores conectam-se direta ou indiretamente, numa relação cruzada e escalável, por meio de processos de interação. Há uma hierarquia de tempo e espaço nessa interação. Entende-se que a relação do homem com o ambiente ocorre em um contínuo de interações cujos efeitos são escaláveis e afetam sistematicamente a ecologia da doença (do menor ao maior elemento) - impactam no ambiente, nos vetores e seus patógenos, considerando níveis de observação (ELLIS; WILCOX, 2009; WILCOX; GULBER, 2005).

Entende-se que a abordagem sistêmica requer a compreensão das partes que compõem o sistema, suas propriedades e características. A quantidade de componentes, os limites, os fatores e as variáveis que pertencerão ao sistema, bem como as interações entre as componentes deverão ser consideradas. Na perspectiva dos autores, a abordagem sistêmica e estrutural possibilita ações racionais de monitoramento e controle de doenças (ELLIS; WILCOX, 2009).

No que diz respeito aos componentes, duas perspectivas macros são consideradas: sistemas de design essencialmente natural versus sistemas que emergem do design humano (fruto da ação do homem) (WILCOX; GULBER, 2005). Já os fatores herdam a sua origem, teremos os fatores humanos e os fatores ambientais. Fatores são escaláveis e devem ser articulados hierarquicamente (ELLIS; WILCOX, 2009). Neste sentido, os autores propõem um espectro de interações ecológicas articulados em fatores que se retroalimentam, aninham e sofrem influências mútuas.

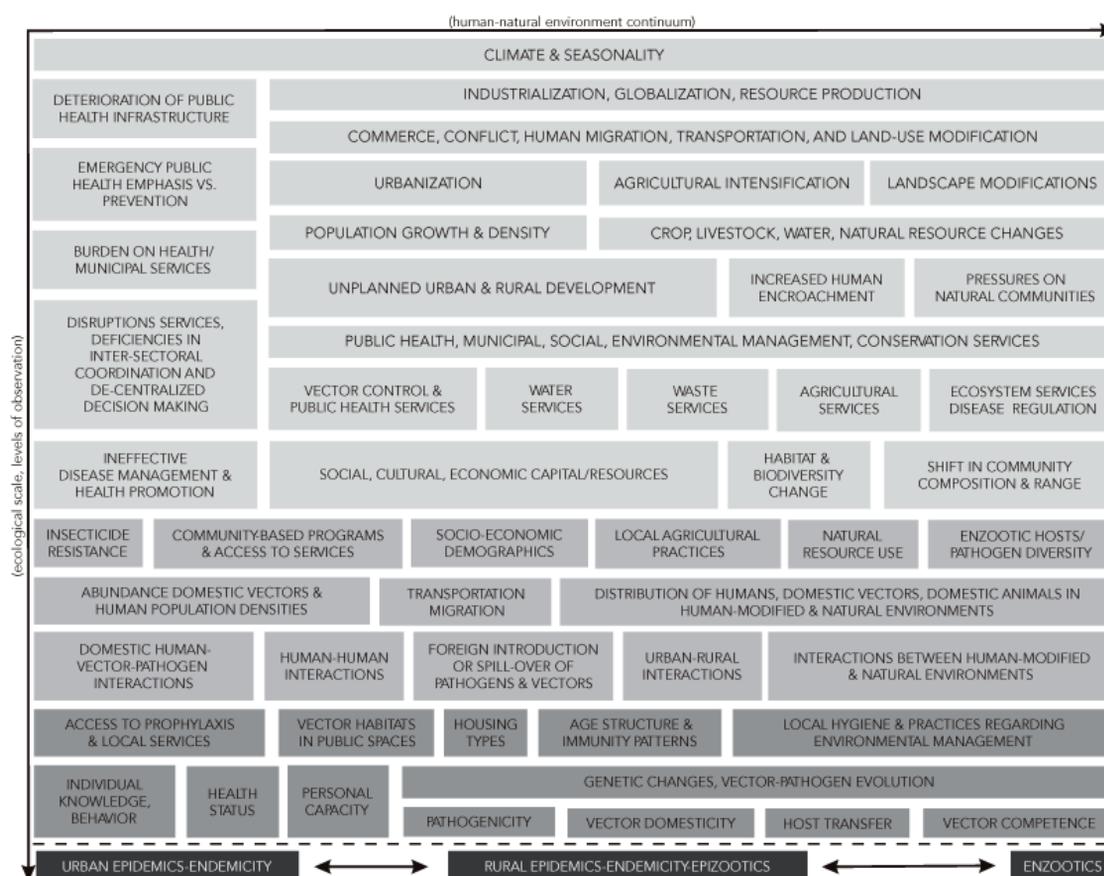
Diferenciar variáveis e o potencial destas serem determinantes de saúde aptas ao

monitoramento requer também separar aquelas que podem ser controladas e acionadas daquelas que devem ser monitoradas como potenciais fatores de confusão (ELLIS; WILCOX, 2009). Perspectiva, que entendo, pode ser também aplicada aos fatores.

Ressalta-se que embora utilizemos como referência o framework interacional de fatores proposto por Ellis e Wilcox (2009), a abordagem desses autores dialoga com a abordagem ecológica prévia de Wilcox e Gulber (2005).

O espectro de interações ecológicas (Figura 40), indica todo esse sistema. As caixas ilustram a estrutura hierarquicamente dimensionada dos fatores e as cores indicam o escopo de abrangência.

Figura 40 – Espectro de interações ecológicas associadas à transmissão de doenças transmitidas por vetores



Fonte: Ellis e Wilcox (2009, p.159)

Relacionados aos sistemas naturais temos na instância superior os fatores ambientais de “clima e sazonalidade” e logo abaixo, ligadas ao sistema humano, os fatores “demográficos e sociais” e as ações de “intervenção e política na doença” (conjunto de fatores localizados à esquerda) (WILCOX, GULBER, 2005). Esses fatores são submetidos a uma escala aplicada segundo dimensões físicas de espaço e tempo, ou seja, “o espaço, temporal, dimensões quantitativas ou analíticas usadas para medir e estudar quaisquer fenômenos” (ELLIS; WILCOX, 2009, p.160).

No bloco dos fatores “demográficos e sociais” a “industrialização, globalização e recursos de produção” é a principal instância, abaixo dela emergem aqueles fatores que surgem com base na influência da instância superior e ao lado os fatores que se modulam entre si. Assim, a “industrialização, globalização e recursos de produção” é força motriz para a “urbanização” e esta tem efeito modulador nos fatores “intensificação da agricultura” e “modificações do solo” (e vice-versa).

O bloco dos fatores “intervenção e política na doença” inicia com a “deterioração da infraestrutura de saúde pública” e tem como última instância a “gestão de doenças infecciosas e promoção de saúde”. Com tonalidade mais escura, instituindo-se como categoria intermediária, têm-se três camadas de fatores associados aos vetores. As últimas três camadas do espectro, as mais escuras, são de categorias Zoonóticas ligadas às doenças.

Como indicam Wilcox e Gulber (2005, p.269), “das interações envolvendo constituintes e processos humanos e naturais, relações causais incluindo forças motrizes, fatores moduladores e efeitos (incluindo o surgimento de doenças) que coletivamente constituem um ecossistema”.

Como visto no Capítulo 6 (Figura 9), o framework proposto foi adaptado para os propósitos desta pesquisa, designado como Modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de arbovirose. A imagem traz a representação dos fatores utilizados para este trabalho, tem-se que:

- 1) Clima e sazonalidade são fatores significativos na regulação das populações de vetores impactando na reprodução de mosquitos e na taxa de transmissão (WILCOX; GUBLER, 2005; ELLIS; WILCOX, 2009).
- 2) Comércio, migração, transporte e uso da terra: a dinâmica das relações comerciais, a modernização e ampliação das estratégias de transporte e interconexão de localidades e a migração humana, que tendem tanto a afetar a dinâmica da movimentação de pessoas quanto alteram a relação do uso da terra - “afetando a intensificação da produção agrícola e alimentar, bem como os ecossistemas rurais e naturais” (WILCOX,

GUBLER, 2005, p.269).

- 3) Urbanização: Em relação direta com o fator 2 (comércio, migração, transporte e uso da terra) diz respeito às mudanças causadas pelo processo de vida urbana como o crescimento populacional, o aumento da densidade e o processo de urbanização planejada e não controlada. Como causa primária ou consequência, a urbanização também provoca mudanças na relação com a terra e liga-se aos fatores socioeconômicos e sociodemográficos. (WILCOX; GUBLER, 2005; ELLIS; WILCOX, 2009).
- 4) As características do solo ligam-se à mudança de cobertura da terra; mudanças no uso e cobertura da terra; mudança relacionada ao uso da terra. A relação da mudança do uso e o impacto na cobertura da terra de forma geral ocorre lentamente (e muitas vezes de forma obscura) ao longo do tempo. Mudanças que podem ser inseridas em um contexto político, em uma perspectiva econômica, pela pressão demográfica ou por fatores naturais (MEYER; TURNER, 1994). As consequências da mudança da cobertura alteram tamanhos, formas e relações espaciais dos habitats (das comunidades ecológicas naturais) (WILCOX; GUBLER, 2005).
- 5) Os fatores socioeconômicos ligados ao desenvolvimento econômico da localidade, envolve também políticas (e fatores políticos econômicos) que impulsionam o desenvolvimento (WILCOX; GUBLER, 2005) e as relações de vulnerabilidade e desigualdades que discorrem a partir das mediações entre distribuição e acesso à riqueza e bens.
- 6) Os fatores sociodemográficos envolvem as características e o estilo de vida contidas e apresentadas pela população do espaço social como composição da população (etária, civil, sexo, educacional, étnica, racial), estilo de moradia, subgrupos da população etc. (WILCOX; GUBLER, 2005).
- 7) Aspectos entomológicos, fatores que mensuram e controlam a proliferação dos vetores de doenças.
- 8) Infraestrutura de saúde, no sentido mais ampliado, e a profilaxia, como subfator da infraestrutura de saúde, sinalizam as políticas de saúde pública, as estratégias de resposta de emergência e prevenção (WILCOX; GUBLER, 2005).

O fator no topo da Figura 9 (p.81), “Clima e Sazonalidade”, segue o mesmo princípio do modelo de Ellis e Willcox (2009), liga-se ao sistema natural. Dos fatores humanos, o fator representando “comércio, migração, transporte e uso da terra” é o condutor ou “função forçada” responsável pela urbanização, pela mudança na característica do solo atributos de uma determinada região. O resultado são várias formas de urbanização que definem os aspectos socioeconômicos e sociodemográficos, bem como os diferentes tipos de solo decorrentes das mudanças no uso da terra. As alterações no solo e na paisagem afetam o habitat natural dos vetores e impactam e definem os aspectos entomológicos.

No outro bloco dos fatores humanos têm-se também as ações de “intervenção e política na doença”, representado pelo fator “infraestrutura de saúde” e seu efeito na “profilaxia”.

Esses fatores foram selecionados como aptos no contexto local a constituírem o *framework* analítico para as arboviroses. Condições que podem ser mensuradas na instância municipal e que podem servir para monitorar a expansão geográfica ou aspectos da atividade epidêmica.

Inicialmente, segundo os critérios abordados no Capítulo 6 (seção 6.5.2 Dados), as 16 covariáveis selecionadas para análise foram agrupadas e categorizadas nos fatores evidenciados na Figura 41, ficando assim subdivididas:

- Clima e sazonalidade: área do semiárido (**semiarido**);
- Comércio, migração, transporte e uso da terra: Taxa de pessoas que chegaram ao município (**tx_fluxo**);
- Urbanização: tipo do município em relação à urbanização (**tipologia**);
- Características do solo: o tipo de cobertura/uso do solo que mais (**bioma**);
- Fatores socioeconômicos: Produto interno bruto per capita para o período analisado (**PIB_percapita**), Índice de Desenvolvimento Humano Municipal (**IDH**), Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (**tx_Ssnis**), Variáveis vulnerabilidade: taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo o IBGE/Habitantes (**tx_G12A**), taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (**tx_cadunico_tot_pes_pob_ext**);
- Fatores sociodemográficos: Distribuição da população por território (**densidade**);
- Infraestrutura de saúde: Número de casos confirmados e suspeitos de dengue, zika e chikungunya (**dg_conf**, **dg_susp**, **chik_conf**, **chik_susp**, **zika_conf**, **zika_susp**);
- Profilaxia: taxa da cobertura vacinal de febre amarela (**vacina**).

Vale ressaltar que mesmo sem variáveis classificadas para a análise, devido a restrição de fonte de dados e a dificuldade de coleta de informações para todos os municípios, o fator entomológico foi mantido no modelo lógico com vistas a expansão do estudo em momentos futuros (tópico que será trazido na conclusão).

Classificados como fatores que contribuem (direta e indiretamente) nos fatores característicos da localidade estão postas as taxas de autoctonia dos casos e que foram utilizadas neste trabalho para demarcar o potencial endêmico da localidade. O fator caracterizado como direto diz respeito à taxa de autoctonia relacionada ao desfecho mensurado. Assim, por exemplo, para a dengue o fator direto será a taxa de autoctonia da dengue (**tx_dg_auto**). Já o fator indireto relaciona-se com o fator direto de forma a afetá-lo. Nesta categoria estão postas as interações entre as taxas de autoctonia das arboviroses complementares. De forma que se a análise é feita para a dengue, serão categorizadas como variáveis indiretas **tx_chik_auto:tx_zk_auto**. Em resumo temos como:

- Fatores diretos: taxa de autoctonia da dengue (**tx_dg_auto**), taxa de autoctonia da chikungunya (**tx_chik_auto**) e taxa de autoctonia da zika (**tx_zk_auto**);
- Fatores indiretos: interações entre as taxas de autoctonia das arboviroses complementares a analisada.

9.2. Critérios da Vigilância das Arboviroses

A fim de reforçar critérios que nortearam a seleção de variáveis, abaixo recapitulamos algumas das teorias sociais trazidas neste trabalho.

Como sabido, a vigilância epidemiológica baseia as suas decisões a partir da definição de casos, criado com vistas a apoiar o processo de notificação uma vez que este é delineado considerando as especificidades da pessoa, espaço, tempo e das características clínicas, laboratoriais e epidemiológicas (TEIXEIRA *et al*, 1998; SILVA *et al*, 2021). Fazendo-se necessário “a observação sistemática e ativa de casos suspeitos ou confirmados de doenças transmissíveis e de seus contatos” (BRASIL, 2002a, p.11).

O roteiro de investigação baseia-se na situação entomológica e na circulação prévia do vírus e considera área não infestada, área que embora infestada não tem transmissão de casos e aquelas áreas com história prévia de transmissão e que devem ser monitoradas tanto nos

períodos epidêmicos quanto naqueles não epidêmicos (BRASIL, 2002a, p.210). Para que isso ocorra, a vigilância de casos suspeitos, segundo critérios estabelecidos de definição de casos, torna-se ponto central.

Trabalha-se com a ideia de que o caso notificado pode ser “caso provável”. Assim, no bojo dos casos tratados como suspeitos estão casos que futuramente podem se confirmar. Os casos classificados como confirmados, então, representam os casos suspeitos da doença que não foram descartados ou mostraram-se inconclusivos. A classificação baseia-se em critérios clínico/epidemiológicos, a partir da presença de sintomas clínicos na mesma área e no mesmo tempo que outros casos prováveis, ou com base em critérios clínicos/laboratoriais, segundo a presença de sintomas clínicos e resultado de “IgM positivo, detecção de ARN viral via PCR, detecção do antígeno viral NS1 ou cultura viral positiva” (BRASIL, 2002b, p.191; OLIVEIRA *et al.*, 2020, p.1). Importante esclarecer que o diagnóstico laboratorial não é aplicado para todos os casos notificados.

Outro critério de controle diz respeito às considerações sobre a imunidade e susceptibilidade: volta-se a suscetibilidade do indivíduo em adquirir infecções e manifestar as doenças a partir de exposição prévia. O debate em torno da imunidade também traz luz a relação de imunidade cruzada entre as arboviroses e a prevenção de surtos. Espera-se que após um grande surto inicial, com a população imunizada ou menos susceptível, os episódios seguintes sejam marcados por novos surtos em menor escala ou por longos períodos com baixa transmissão viral.

Segundo o guia de vigilância epidemiológica, a suscetibilidade ao vírus da dengue é universal. Embora a imunidade seja permanente para o mesmo sorotipo, há o risco de imunidade cruzada. Ante a infecção por dengue, a resposta imunológica pode ser primária (quando a pessoa não foi exposta anteriormente ao flavivírus e os anticorpos crescem lentamente) ou secundária (ante a infecção aguda por dengue e com infecção prévia por flavivírus, os anticorpos se elevam rapidamente, atingindo níveis altos) (BRASIL, 2002a, p.204).

Espera-se, para o vírus da chikungunya (CHIKV), que aqueles previamente acometidos pela doença adquiram imunidade duradoura e protetora contra novas infecções (BRASIL, 2014b, p.9). Embora estudos atestem que nem sempre a ocorrência de surtos seja capaz de propiciar uma imunidade de grupo (ou imunidade de rebanho) capaz de impedir ou limitar epidemias subsequentes (ANJOS; MUGABE; MOREIRA, *et al.*, 2020). Já para a zika, Netto *et al.* (2017) apontam para Salvador a possibilidade de o surto ter cedido ante a imunidade da população e que a imunidade protetora da comunidade pode restringir a disseminação do vírus,

a susceptibilidade ocorreria pela introdução de novos indivíduos por nascimento ou migração. Segundo os autores, o ZIKV assim como o CHIKV tem variabilidade antigênica limitada.

Para além da imunidade natural tratada a partir da infecção natural do vírus, considera-se também a imunidade cruzada. Aproveitando-se que zika e dengue são transmitidas por flavivírus, estudos se voltam a respeito das interações imunológicas e transmissão têm buscado sinalizar similaridades e padrões de influência entre casos. Ao mesmo tempo que se atestam que o vírus chikungunya, um alfa vírus, não tem relação antigênica com o vírus Zika ou vírus da dengue (RIBEIRO *et al.*, 2018; RODRIGUEZ-BARRAQUER *et al.*, 2019).

Em um estudo sobre o impacto da imunidade preexistente à dengue na emergência do vírus Zika em Salvador, a partir dos exames laboratoriais colhidos dos casos de Zika em 2015, Rodriguez-Barraquer *et al.* (2019) associou a presença de anticorpos preexistentes para DENV ao menor risco de infecção por ZIKV e menos sintomas. Outro estudo atestou que as infecções pelo vírus Zika podem induzir a imunidade ou trazer a proteção cruzada contra a dengue vírus. (RIBEIRO *et al.*, 2018).

Além da imunidade natural, observa-se a hipótese da imunidade vacinal. Paz-Bailey, Adams e Wong (2021) abordam as iniciativas de vacinas que utilizam RNA's da Febre Amarela, como o caso da vacina Dengvaxia® do laboratório francês Sanofi Pasteur, na produção de vacinas contra a dengue.

9.3. Resultados encontrados

O Quadro 69 sintetiza os resultados obtidos na análise de cada arbovirose vista no Capítulo 7. Evidencia a arbovirose que foi modelada, a notação que representa o modelo final e a capacidade explicativa do modelo.

Modelou-se informações dos casos confirmados e suspeitos tendo em vista um contexto de circulação individual das arboviroses e os casos confirmados no contexto de circulação simultânea. É importante salientar que os cenários de casos modelados devem ser percebidos numa relação de influência mútua sobre a possibilidade de casos. Como exposto acima, do cenário suspeito têm-se os casos prováveis e as variáveis que podem ser monitoradas preventivamente. Através do cenário de casos confirmados, buscou-se observar se as variáveis dos modelos suspeitos se mantinham ativas. Já o cenário de circulação simultânea retrata o cenário de persistência das arboviroses e tende a introduzir aquelas variáveis mais sensíveis

aos três casos das doenças.

Em suma, a relação entre os modelos deve ser percebida da seguinte forma: da suspeição pode-se levar à confirmação e da confirmação pode-se levar à persistência. Modelo Suspeito -> Modelo Confirmado -> Modelo Persistente. Nesse sentido, percebe-se que o potencial explicativo também se expande à medida que se avança do provável até o persistente (Quadro 69).

Quadro 69 – Resumo do resultado dos modelos de análise

Modelo	Notação e ^{beta}	Capacidade explicativa
Casos de Dengue		
DENGUE SUSPEITO	$dg_susp = -0.00 - 0.66*tx_vacina - 0.07*bioma[natural\ não\ florestal] - 0.77*bioma[agropecuária] - 0.05*bioma[área\ não\ vegetada] - 0.44*bioma[corpos\ d'água] - 0.35*tx_Ssnis + 3.38e+96*tx_dg_auto + 0*tx_chik_auto:tx_zk_auto$	21%
DENGUE CONFIRMADO	$dg_conf = -0.002 - 0.22*tx_vacina + 1.39*semiariado[semiariado] - 0.82*bioma[corpos\ d'água] - 0.29*bioma[corpos\ d'água] - 0.14*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + Inf*tx_dg_auto + 1*zika_conf + 1*chik_conf - 0*tx_chik_auto:tx_zk_auto$	51%
DENGUE CONFIRMADO SIMULTÂNEA	$dg_conf = -0.038 + 1.456*IDH[MEDIO] - 0.18*IDH[MUITOALTO] - 0.04*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext + 1.61e + 123*tx_dg_auto - 0.44*tx_G12A + 1*zika_conf + 1*chik_conf - 0*tx_dg_auto:tx_zk_auto$	67%
Casos de Chikungunya		
CHIKUNGUNYA SUSPEITO	$chik_susp = 0.0 - 0.401*tx_vacina + 111*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 0.40*tx_Ssnis + 0.02*tx_fluxo + 2.35432e+77*tx_chik_auto + 4.29*tx_G12A$	12%
CHIKUNGUNYA CONFIRMADO	$chik_conf = 0.00 + 0.66*IDH[MEDIO] - 2.07*IDH[MUITOALTO] - 0.533*tx_vacina - 2.746*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 4.01*tx_Ssnis + 914.46*tx_chik_auto + 0.67*tx_G12A + 0.002*dg_conf - 14080.28*tx_dg_auto:tx_zk_auto$	55%
CHIKUNGUNYA CONFIRMADO SIMULTÂNEA	$chik_conf = -0.074 + 1.72*IDH[MEDIO] + 2356.71*IDH[MUITOALTO] - 0.73*tx_vacina + 1.73*bioma[agropecuária] - 0.028*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 0.01*tx_Ssnis - 0.99*densidade + 6.427778e+113*tx_chik_auto + 0*tx_dg_auto:tx_zk_auto$	60%
Casos de Zika		
ZIKA SUSPEITO	$zika_susp = 0 - 0.053*bioma[natural\ não\ florestal] - 0.209*bioma[corpos\ d'água] - 0.03*bioma[área\ não\ vegetada] + 20.89*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext - 0.125*tx_Ssnis + 100.28*tx_fluxo + 3.541165e+72*tx_zk_auto + 1.003*chik_conf - 0.999*dg_conf - 0*tx_dg_auto:tx_chik_auto$	17%

ZIKA CONFIRMADA	$zika_conf = -0.002 - 0.159*tx_Ssnis + Inf*tx_zk_auto + 1*chik_conf + 1*dg_conf + 0*tx_dg_auto:tx_chik_auto$	50%
ZIKA CONFIRMADO SIMULTÂNEA	$zika_conf = -0.01 - 0.21*bioma_corpos_d'água - 0.18*bioma_área_não_vegetada - 0.13*bioma_natural_não_florestal + 1.47*bioma_agropecuária - 0.13*tx_Ssnis + 1*PIB_percapita - 0.03*tx_fluxo + 3.941537e+147*tx_zk_auto + 1*chik_conf + 0*tx_dg_auto:tx_chik_auto$	71%

Fonte: Elaboração própria (2022)

9.3.1 Dengue

Os achados para Dengue, expostos no Quadro 69, revelaram que a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequada (tx_Ssnis) tem influência estendida entre o cenário de casos suspeitos e confirmados de dengue. Outra variável mediada pelo Cadastro Único e que influencia o cenário de casos confirmados e de circulação simultânea é a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext). Ambas têm relação negativa com a taxa de casos.

Chama atenção nos casos de dengue no cenário de circulação simultânea o índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDH) categorizado como médio e muito alto, o primeiro em relação positiva com os casos e o segundo em relação negativa. Bem como a relação negativa dos casos com a taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo o IBGE/Habitantes (tx_G12A).

De acordo com Queiroz e Medronho (2021), para o Rio de Janeiro, encontraram associação negativa do percentual de domicílios com abastecimento público de água e a incidência de dengue (ÁGUA) ao realizarem a regressão linear. Bem como encontraram associação negativa do Índice de desenvolvimento social - IDE (indicador composto inspirado no Índice de Desenvolvimento Humano), validando os nossos achados.

Nota-se a relação negativa da taxa da população vacinada contra febre amarela (tx_vacina) nos cenários de casos prováveis e confirmados. O aumento da taxa induz ao decréscimo de casos. Embora os vírus da dengue e o vírus da febre amarela (FA) partilhem o mesmo gênero vírus, não há evidência que os anticorpos da febre amarela agravam ou atenuam as infecções por dengue (LUPPE *et al.*, 2019). Considerando que o efeito efetivo da taxa de vacina de febre amarela na ação do vírus só pode ser mensurado a partir de avaliação sorológica, uma interpretação razoável para essa relação negativa é que o controle profilático tomado pelos municípios pode limitar a taxa de casos prováveis e suspeitos e confirmados. Há a hipótese que municípios com maior taxa de vacinação dão mais atenção à saúde.

O tipo de cobertura/uso do solo (bioma) com destaque para o bioma natural não florestal e o bioma de área não vegetada afetam o cenário de casos suspeitos, já os biomas corpos d'água e agropecuária estendem sua influência do cenário de casos suspeitos para o cenário de casos confirmados. O bioma natural não florestal indica zonas com campo, alagadas, pântano e áreas

não rochosas; já o bioma de área não vegetada agrupa área urbanizada, praias, dunas, mineração, dentre outras. O bioma agropecuário diz respeito a áreas de agricultura, lavoura perene e lavoura temporária. Já o bioma corpos d'água, que agrupa rios, lagos, oceanos e áreas de aquicultura (MAPBIOMAS, 2015).

Melo *et al.* (2010) apontam a expressividade dos casos na faixa litorânea entre os municípios baianos ao longo de 10 anos de casos de dengue, em parte devido à conexão entre os municípios provocada pela BR 101. Percepção que pode justificar a influência do bioma corpos de água nos achados dos casos confirmados.

O modelo para os casos confirmados indicou a influência do semiárido antigo Polígono das Secas, região marcada por baixos índices pluviométricos - longas estiagens e com regime de chuva irregular concentrada em períodos curtos, (NASCIMENTO, 1994). Como esclarece Nascimento:

À delimitação de uma área denominada de Polígono das Secas ou Região Semiárida - FNE, não corresponde à clássica classificação climática de semiárido, mas a uma zona de maior incidência de ocorrência de secas, com efeitos econômicos e sociais que repercutem em todo o país, (NASCIMENTO, 1994, p.19).

O achado valida o estudo prévio de Teixeira e demais que apontam as altas taxas de incidência de dengue nos municípios que compõem a região do semiárido baiano (porção centro-norte) (TEIXEIRA *et al.* 1999, p.12).

A taxa incidência de dengue apresentou associação positiva com os casos confirmados de zika e chikungunya (zika_conf e chik_conf) no cenário de casos confirmados e circulação simultânea.

Sobre a associação positiva entre as notificações de dengue e as notificações de zika dos casos ocorrido no Brasil, Oliveira *et al.* (2020) encontraram relação significativa e positiva entre a série de casos confirmados de dengue e a série de casos descartados de Zika, em que a primeira afeta de forma significativa e positiva (aumentando) a segunda. Para os autores uma possível interpretação é que pessoas com zika foram classificadas erroneamente com dengue e vice-versa ou talvez tenha sido caso de coinfeção do indivíduo, causado dentre outros fatores pela similaridade das manifestações clínicas de sintomas e escassez de exames laboratoriais. Netto *et al.* (2017) também apontam que as similaridades clínicas entre o ZIKV e DENV podem dificultar a identificação de casos. Esses mesmos autores identificaram a falta de

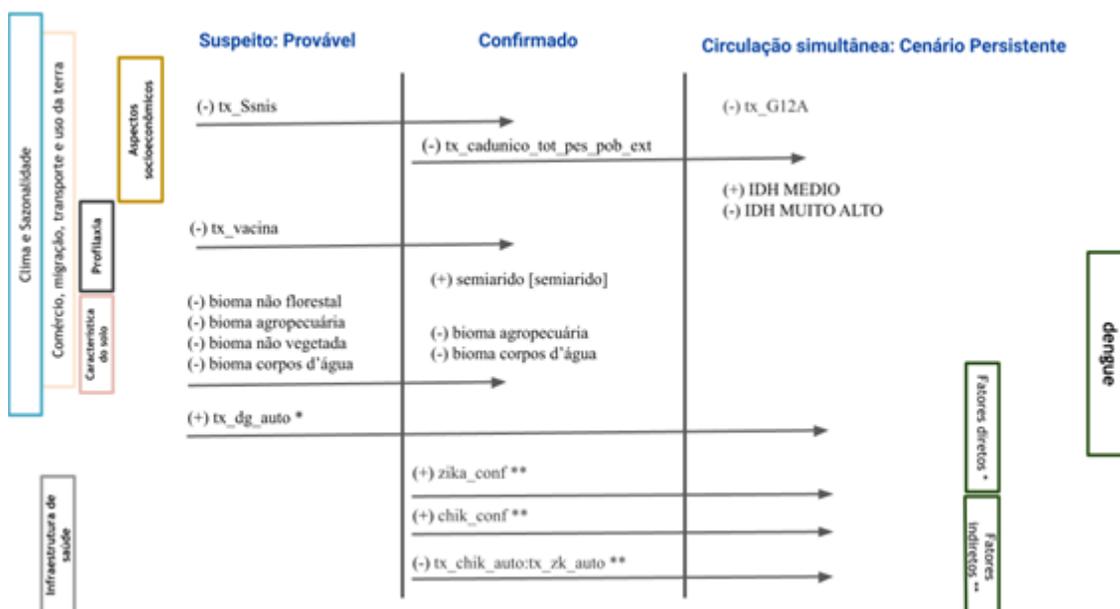
associação entre série de casos confirmados de dengue e chikungunya confirmados (OLIVEIRA *et al.*, 2020).

A relação dos casos de dengue e chikungunya apresentadas encontradas podem sinalizar problemas na notificação de casos, uma vez que chikungunya e dengue partilham a mesma ficha de notificação ou a possibilidade de o universo de casos confirmados de dengue coexistir com os casos de chikungunya.

As taxas de autoctonia da dengue (tx_dg_auto) impactam na ocorrência de casos de dengue, seja ele suspeito, confirmado ou confirmado no cenário de circulação simultânea, já as taxas de autoctonia da chikungunya e zika (tx_chik_auto:tx_zk_auto) influenciam os cenários confirmado ou confirmado no cenário de circulação simultânea.

A Figura 41 sintetiza os achados e mostra como as variáveis relacionam-se e movem-se entre os cenários. São as setas na figura que indicam onde a variável aparece e para qual cenário ela se estende. Além de representar a relação de influência das variáveis entre os três modelos, a figura sinaliza quais categorias de fatores as variáveis pertencem, segundo o modelo lógico de análise estabelecido para pesquisa (Figura 40).

Figura 41 – Fatores de influência na modelagem da dengue



Fonte: Elaboração própria (2023).

Para a dengue nota-se a influência dos fatores socioeconômicos representados por quatro variáveis, a profilaxia e o uso da terra, bem como do clima e sazonalidade. Medidas

também como fatores de “infraestrutura de saúde”, uma vez que as confirmações e classificações da origem dos casos advém dos sistemas de notificação de casos, as variáveis diretamente relacionadas à ocorrência de casos são também evidenciadas. Além da *tx_dg_auto* que era esperada, nota-se que no cenário confirmado e no persistente a presença de indicadores de zika e chikungunya.

9.3.2 Chikungunya

Os achados para a Chikungunya indicam que enquanto a taxa de pessoas que chegaram ao município (*tx_fluxo*) impacta de forma positiva exclusivamente no cenário suspeito, a distribuição da população por território (densidade) afeta de forma negativa o cenário persistente. O trânsito de pessoas pode ser uma porta de entrada para os casos suspeitos de chikungunya, mas quanto mais adensada é a localidade menor é a taxa de casos no cenário de persistência. Os achados podem corroborar com estudos iniciais que destacaram a possibilidade da dispersão do vírus da chikungunya (CHIKV) pode estar relacionada ao deslocamento de indivíduos, seja de longa duração, como emigração, ou por mobilidade pendular (de curta duração) para fins de trabalho ou estudo (CARON, 2012; CARMO, 2015; SILVA *et al*, 2021).

O bioma agropecuária (agricultura, lavoura perene e lavoura temporária) tem efeito positivo no cenário persistente. A história comportamental da chikungunya reforça os mosquitos *Aedes Aegypt* tendem a ficar em área periurbana, habitats ao ar livre (BRASIL, 2014b).

Os casos de chikungunya suspeita, confirmada e simultânea e confirmada têm em comum a influência da taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext*), a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (*tx_Ssnis*) e a taxa da população vacinada contra febre amarela (*tx_vacina*). Enquanto as duas últimas têm relação negativa com os cenários, indicando que a expansão das taxas provoca queda nas taxas de incidência (e vice-versa), a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext*) apresenta-se com influência positiva no cenário suspeito (provável) e adquire conformação negativa nos cenários confirmados e persistente. No cenário suspeito, pode sinalizar ocorrência de casos em cenários

socioeconômicos relacionados à pobreza. Já para os cenários de casos confirmados e persistentes pode representar que o amparo de programas sociais, diminui a pobreza e pode melhorar acesso a melhores infraestruturas e cuidados.

O efeito positivo da taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo o IBGE/Habitantes (tx_G12A) nos cenários suspeitos e confirmados, bem como o fato do índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDH) categorizado como médio e muito alto afetar o cenário confirmado e persistente indica que a chikungunya tende a acontecer em cenários mais desenvolvidos e com acesso a sistemas sociais. A percepção que municípios que dispõem de mais acesso à água, saneamento e credenciam a população para acesso a políticas sociais pode ser reforçado pelo efeito negativo percebido das variáveis ligadas ao Cadastro Único (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_Ssnis).

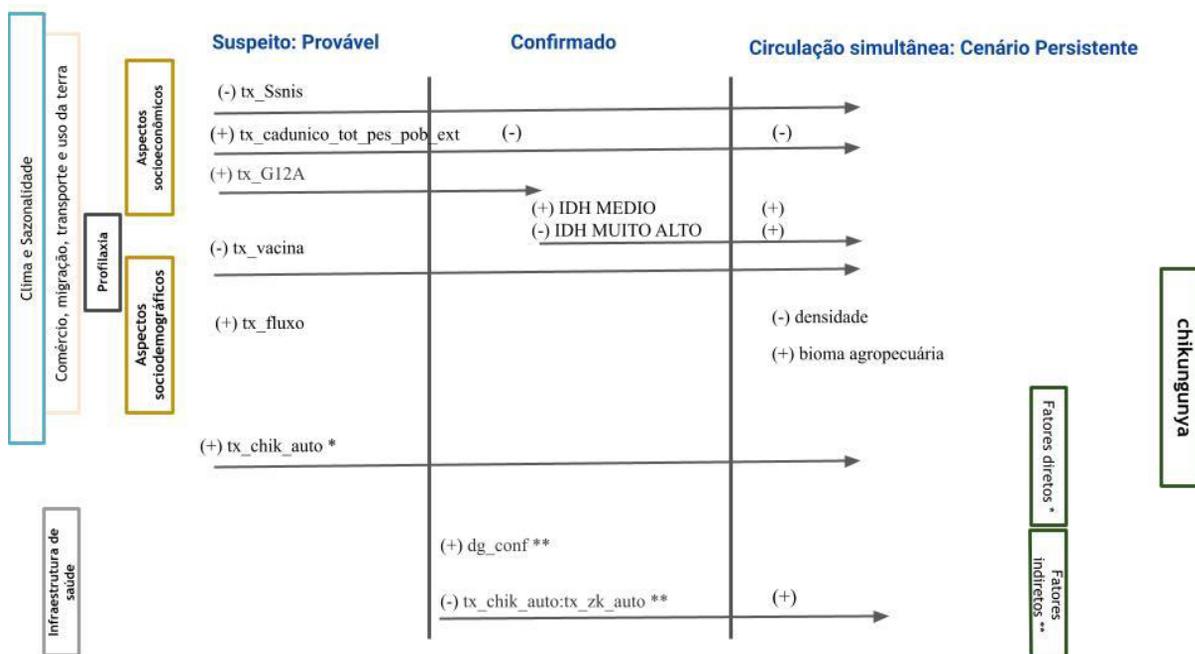
Nota-se que o IDH muito alto tem relação negativa na taxa de casos no cenário confirmado, ou seja, quanto maior IDH menor taxa de casos confirmados, o efeito torna-se negativo quando no cenário persistente. O IDH mensura o grau de desenvolvimento econômico e a qualidade de vida dos municípios, uma interpretação para as alterações nas correlações hora positiva e hora negativa do IDH é que a positiva pode indicar municípios que dispõem de melhor infraestrutura de monitoramento. Quanto mais ágil na coleta, os casos são notados.

Já o efeito negativo pode sinalizar os achados de Queiroz e Medronho (2021). Os autores identificaram para a chikungunya, nos modelos de regressão linear e de Poisson ($P < 0,05$), uma relação negativa com a renda média, o Índice de desenvolvimento social (IDE) e coleta de lixo. No sentido que pode ser interpretado como o desenvolvimento da região tende a diminuir os casos.

A relação dos casos de chikungunya com a dengue aparece nos cenários de casos confirmados e persistentes. No cenário de casos confirmados é medida pela variável que coleta os casos de dengue confirmada (dg_conf), O aumento do valor desta variável provoca impacto positivo na taxa de casos confirmados da chikungunya. Outra variável ligada a dengue e que afeta o cenário de casos confirmados e persistentes é representada pela interação das taxas de autoctonia da dengue e zika (tx_dg_auto:tx_zk_auto). Com efeito negativo para o primeiro cenário, a taxa mostra que o aumento da interação reduz a taxa de casos de chikungunya confirmado, já o efeito positivo no cenário persistente, indica que interação crescente amplia os casos. Percepção que condiz com cenário de circulação simultânea das arboviroses e é marcada por quadros persistentes da doença.

A Figura 42 resume a relação de influência das variáveis entre os três modelos e os fatores aos quais as variáveis são classificadas.

Figura 42 – Fatores de influência na modelagem da chikungunya



Fonte: Elaboração própria (2023).

Para a chikungunya têm-se a influência dos fatores socioeconômicos representados por quatro variáveis, fatores sociodemográficos, a profilaxia e o uso da terra, bem como do clima e sazonalidade. Nota-se que os fatores de “infraestrutura de saúde” aparecem na forma da tx_chik_auto, nos casos confirmados de dengue e na relação de autoctonia dos casos de chikungunya e zika.

9.3.3 Zika

Os resultados da análise dos cenários modelados para a Zika indicam influência das variáveis ligadas ao Cadastro Único (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext e tx_Ssnis). Enquanto a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext) apresenta-se com influência positiva no cenário suspeito (provável), a taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis) influencia negativamente os cenários suspeito, confirmado

e persistente.

Outra variável socioeconômica relevante foi o PIB per capita (PIB_percapita). A influência positiva do PIB é encontrada no cenário de circulação simultânea, dando indícios que zonas com maior atividade econômica por habitante têm mais casos de zika.

Os tipos de coberturas/uso do solo mais relevantes para o cenário de casos suspeitos de zika são o bioma natural não florestal representado pelas zonas com campo alagado, área pantanosa, formação campestre, apicum e afloramento rochoso; o bioma de área não vegetada que agrupa praias, dunas e areal, áreas urbanizadas e áreas de mineração; e o bioma corpos d'água trata dos rios, lago e oceano, bem como áreas de aquicultura (MAPBIOMAS, 2015). Já o bioma agropecuário que se trata das áreas de pastagem, de agricultura com lavoura perene (café, citrus etc.) ou lavoura temporária (soja, cana, arroz, dentre outros), de silvicultura e com mosaico de agricultura e pastagem (MAPBIOMAS, 2015) aparece com impacto positivo no cenário persistente de zika - de circulação simultânea.

A taxa de pessoas que chegaram ao município (tx_fluxo) tem relação positiva no cenário suspeito e de forma negativa no cenário persistente. O trânsito de pessoas pode ser uma porta de entrada para os casos suspeitos de zika, mas a relação negativa com o cenário persistente pode indicar que municípios com baixa taxa de movimentação têm mais casos de zika.

A relação dos casos de zika com a dengue e a chikungunya aparece nos três cenários. A variável que coleta os casos confirmados de chikungunya (chik_conf) aparece com influência positiva nos cenários de casos prováveis, confirmados e persistentes. O crescimento de casos de chikungunya parece incrementar o crescimento de casos de zika.

Uma vez que não é possível estabelecer uma relação direta entre zika e chikungunya a fim de mensurar a persistência nos três cenários, um dos caminhos para interpretar de que forma essa relação pode ocorrer diz respeito à forma diferencial como os vírus ligados às doenças se disseminam no espaço.

Embora ambos os vírus tenham como vetores os mosquitos *Aedes*, observou-se que os mosquitos co-infectados com ZIKV e CHIKV tinham uma carga viral de CHIKV maior que a de ZIKV (DALVI; BRAGA, 2019; FREITAS *et al.*, 2019), embora traços que o ZIKV tenha mais vantagem na transmissão em detrimento ao DENV ou CHIKV seja apontado em alguns estudos (NETTO, *et al.*, 2017; FREITAS *et al.*, 2019). “Não só o *Ae. aegypti* transmite ZIKV em uma taxa mais alta, mas também é mais facilmente infectado por ZIKV em comparação com DENV e CHIKV”, como informam Freitas *et al.* (2019, p.5).

Netto *et al.* (2017) apontaram uma disseminação acelerada do ZIKV em comparação

com o CHIKV em Salvador. Queiroz e Medronho (2021) citam que, para o Rio de Janeiro, há uma possibilidade de competição entre os arbovírus no vetor diante da justaposição espacial de Zika e chikungunya, visto que o aumento da taxa de incidência de chikungunya começou após o declínio da incidência de zika. Freitas *et al.* (2019) mencionam a possibilidade da circulação do ZIKV inibir o CHIKV, e não o fato da introdução do CHIKV deslocar o ZIKV e citam experimento laboratoriais controlados que sugerem aumento da transmissão do ZIKV após infecção sequencial de CHIKV e ZIKV.

Do exposto pelos achados e a partir das mediações teóricas referenciadas não há um caminho claro na interpretação desses resultados. Um estudo mais aprofundado é necessário para estabelecer uma relação direta.

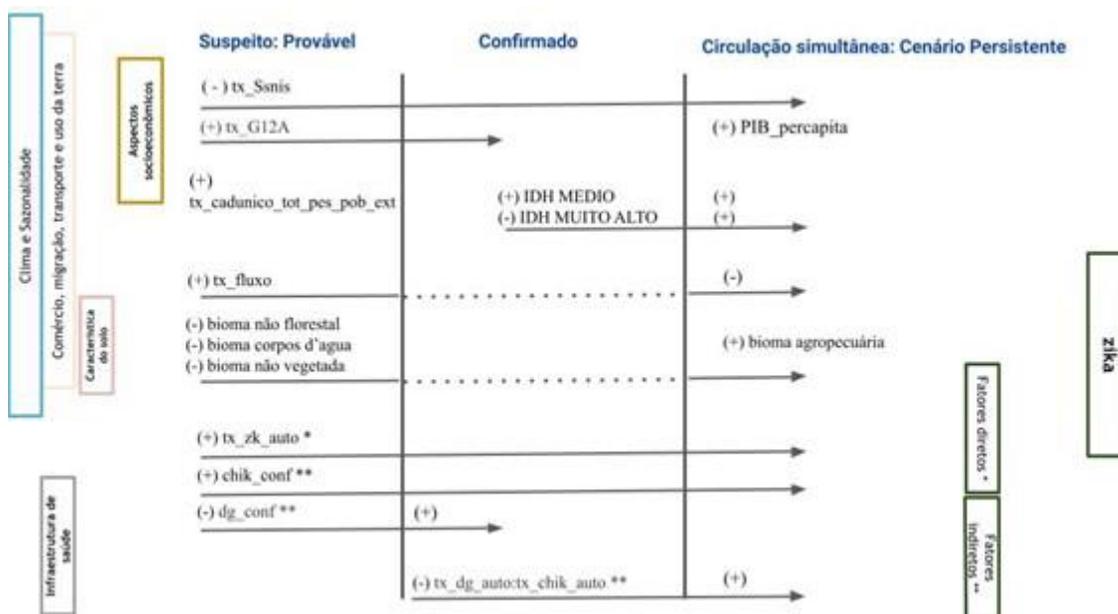
Notou-se também associação entre os casos confirmados de dengue e zika suspeito e confirmado. Relação negativa no primeiro caso e positiva no segundo. Essa relação é evidenciada também nos modelos da dengue e reforça que na Bahia, no período estudado, a percepção de influência recíproca trazida por Oliveira *et al.* (2020) para o Brasil, entre 2010 e 2017, mantém-se no estado.

Outra variável ligada à taxa de zika confirmada e persistente é representada pela interação das taxas de autoctonia da dengue e chikungunya ($tx_dg_auto:tx_chik_auto$). Com relação negativa para a taxa de casos confirmados, o aumento da interação reduz a taxa de casos de zika confirmado; já o efeito positivo no cenário persistente, indica que interação crescente amplia os casos.

A taxa de autoctonia da zika marca os casos suspeitos, confirmados e de circulação persistente que pode ser interpretado como variável que demarca o locus, ou seja, o município baiano como endêmico.

A Figura 43 resume a relação de influência das variáveis entre os três cenários de ocorrência de zika e os fatores aos quais pertencem as variáveis. Enquanto as setas contínuas sinalizam onde a variável aparece e para qual cenário ela se estende, as tracejadas indicam o salto da variável nos cenários. A variável tx_fluxo , por exemplo, surge no cenário suspeito e reaparece no cenário de persistência.

Figura 43 – Fatores de influência na modelagem da zika



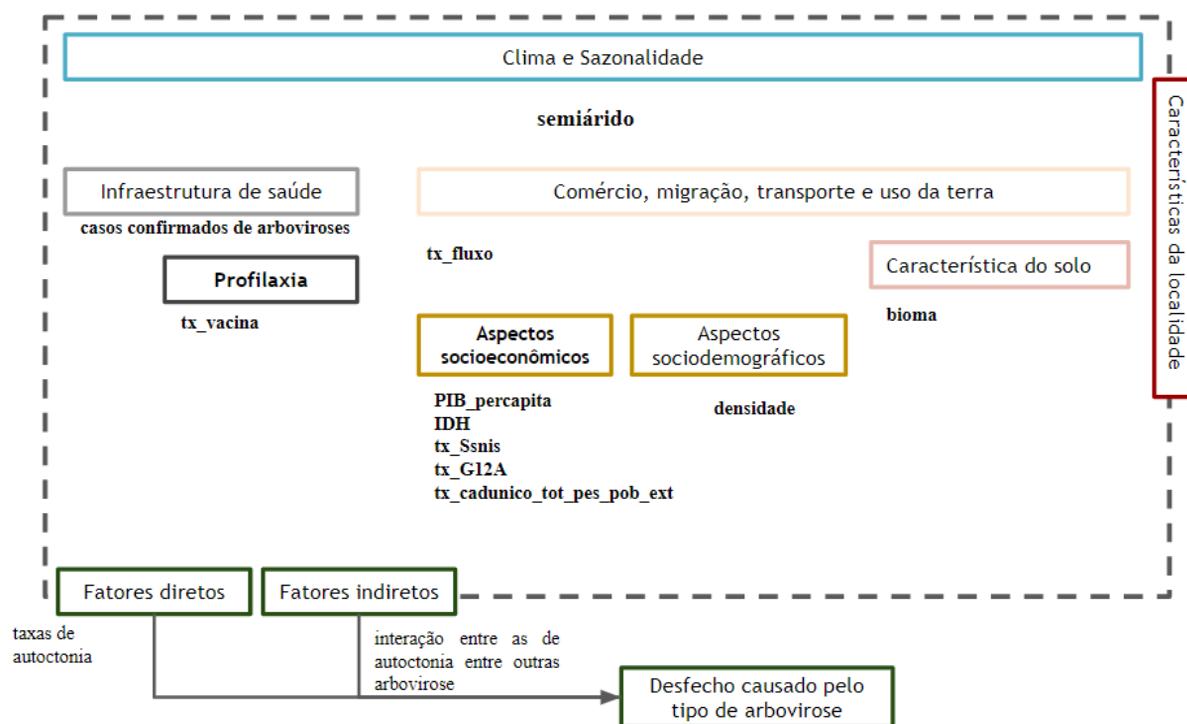
Fonte: Elaboração própria (2023).

No cenário da zika nota-se a influência dos fatores socioeconômicos representados por cinco variáveis, o uso da terra, bem como do clima e sazonalidade. Nota-se que os fatores de “infraestrutura de saúde” aparecem na forma da tx_chik_auto, com variáveis relacionadas a chikungunya e dengue.

9.4 Síntese dos resultados

Os fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos das principais arboviroses no estado da Bahia no período de 2016 a 2019 estão representados na Figura 44. Trata-se do modelo lógico que sumariza os resultados obtidos para cada arbovirose modelada. Dos nove fatores trazidos no estudo, ao final, 7 fatores tiveram representação.

Figura 44 – Modelo lógico de fatores que impactam nos casos locais de arboviroses



Fonte: Elaboração própria (2023).

O bloco dos fatores “intervenção e política na doença” traz a profilaxia representada pela tx_vacina. Já no bloco dos fatores “demográficos e sociais” grande parte das variáveis liga-se aos aspectos socioeconômicos.

9.4.1. Correlação de variáveis

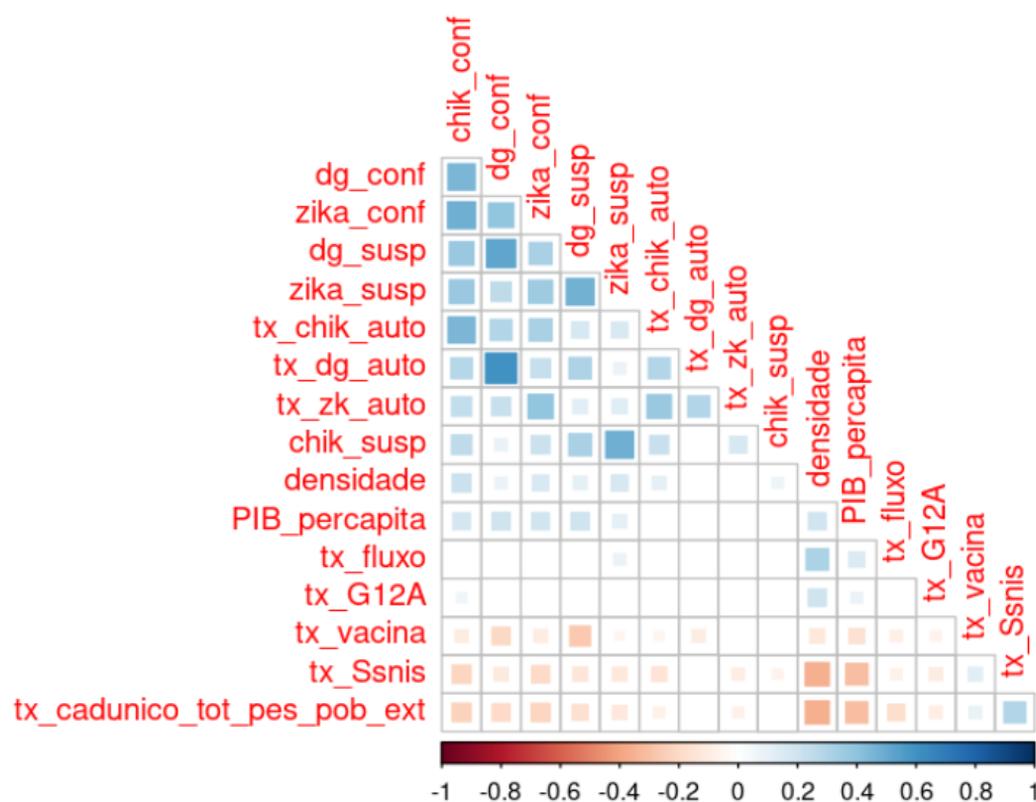
A fim de analisar melhor a associação que se estabelece entre as covariáveis e as variáveis resposta foi feita uma análise de correlação de *Spearman* (Figura 45). Uma vez que os cenários de casos modelados não possibilitam a distinção das variáveis em termos de importância, buscou-se através dessa análise identificar aquelas que têm relação direta e indireta com as variáveis resposta, bem como quais podem ser classificadas como controladoras e de confusão. São controladoras as variáveis que atuam como determinantes da ocorrência e manutenção de comportamentos e de confusão aquelas que não afetam o resultado embora pareçam influenciá-los.

Para analisar o efeito dos resultados obtidos, Cohen (1992) sugere a seguinte classificação conforme os valores de correlação:

- $r \geq |0, 10|$, correlação fraca;
- $r \geq |0, 30|$, correlação moderada;
- $r \geq |0, 50|$, correlação forte.

Já Mukaka (2012) sugere uma faixa menos abrangente que Cohen (1992). O autor propõe que: $>0,9$, uma correlação muito forte; $>0,7$ a $0,9$ indica uma correlação forte; $>0,5$ a $0,7$ sinaliza uma correlação moderada; $>0,3$ a $0,5$ sinaliza uma correlação fraca; e 0 a $0,3$ sinaliza uma correlação desprezível.

Figura 45 – Matriz de correlação Spearman



Fonte: Elaboração própria (2023).

A matriz de correlação de Spearman elaborada para evidenciar as variáveis estatisticamente significativa ($P < 0,05$) apresentadas na Figura 45, sinalizou a necessidade de avaliar três relações: a relação entre as variáveis PIB_percapita com densidade e tx_fluxo e as

relações entre a variável PIB_percapita e as variáveis tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis e tx_G12A; e a relação da variável tx_vacina com as variáveis dg_conf e dg_susp.

As variáveis tx_cadunico_tot_pes_pob_ext, tx_Ssnis e tx_G12A aparecem em todos os modelos das arboviroses estudadas. Já a tx_fluxo em dois modelos, no modelo da zika e da chikungunya. Na matriz de correlação, o PIB_percapita e a densidade são as mais representativas dentre as covariáveis.

Embora com correlação fraca, segundo os critérios de Mukaka (2012) e moderada para Cohen (1992), há uma relação positiva e significativa da variável tx_fluxo com a densidade. Fora também identificada uma associação positiva e significativa, embora fraca (COHEN, 1992) ou desprezível (MUKAKA, 2012), do fluxo de pessoas (tx_fluxo) e o PIB_percapita, ou seja, entre a movimentação de pessoas e a produção de bens.

Nos cenários modelados, a variável tx_fluxo aparece relevante quando aplicadas aos modelos da chikungunya e da zika. Especificamente, no modelo da chikungunya influencia o cenário de casos prováveis e no modelo da zika, o cenário de casos prováveis e persistentes. Esse resultado levanta a hipótese que a variável tx_fluxo seja fator de inserção e disseminação de casos de chikungunya e zika ante a sua influência em mais cenários. O fluxo mais alto de pessoas na maior parte dos cenários eleva o número de casos. Tanto a densidade quanto o PIB_percapita aparecem em apenas no cenário de casos persistentes, a primeira no modelo da chikungunya e a segunda no modelo da zika.

Os resultados obtidos a partir da análise da correlação e da presença das variáveis nos cenários modelados levanta a conclusão de que, dentre as três variáveis, a variável tx_fluxo é a variável de influência, a variável densidade é de confusão e o PIB_percapita é uma variável controladora, embora seja menos significativa que as outras duas (quando percebida a partir do valor-p e da correlação com as variáveis desfecho).

Supõe-se que o PIB_percapita atraia o fluxo de pessoas e isso afeta a migração de casos de chikungunya e zika. Assim, o impacto da variável tx_fluxo nos cenários de arboviroses modelados advém da sua relação com o PIB_percapita.

Já a capacidade explicativa da densidade no cenário de casos persistentes da chikungunya supõe-se mediada pelo efeito da tx_fluxo. Os resultados para essa variável podem sinalizar uma relação indireta de influência no modelo em que ela aparece.

A percepção que as regiões econômicas são atratoras de casos de arbovirose foi trabalhada em alguns estudos (FILHO *et al.*, 2018; FILHO *et al.*, 2021).

Especificamente para a dengue e no cenário baiano, Filho *et al.* (2018), bem como Filho *et al.* (2021) identificaram que apesar do fato dos municípios apresentarem conexões de ordem

econômica entre si, num arranjo persistente e cruzado, esta relação não forma uma cadeia de transmissão da dengue. Os estudos sinalizaram que a difusão da dengue não apresentava correlação com fator econômico ou arranjos econômicos. Como motivo para sustentação de casos, os autores sugeriram a possível adaptação do vetor da doença a todas as regiões econômicas. Aspectos que corroboram com os achados deste estudo

A classificação da *tx_fluxo* como a variável de referência de casos de chikungunya e zika valida o argumento trazido em outros estudos acerca do impacto do fluxo de pessoas na disseminação da dengue (MENDES *et al*, 2017; SABA; MORET; BARRETO, 2018).

A *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* e a *tx_Ssnis* aparecem nos três cenários dos modelos da chikungunya. Nos modelos da dengue, a *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* está nos casos confirmados e persistentes e a *tx_Ssnis* nos casos suspeitos e confirmados. Para a zika, a *tx_Ssnis* afeta os três cenários (efeito negativo) e a *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* apenas afeta o cenário de casos suspeitos. Para todas as arboviroses a *tx_Ssnis* tem efeito negativo e a *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* tem efeito positivo nos cenários de casos suspeitos e adquire efeito negativo nos cenários confirmados e persistentes.

Tanto nos modelos da chikungunya quanto nos da zika, a variável *tx_G12A* aparece positivamente nos cenários suspeitos e confirmados. Na dengue, ela está no cenário de casos persistentes com efeito negativo.

Os modelos levantaram a hipótese que é possível o aumento da confirmação e persistência de casos de chikungunya e zika ante a diminuição da *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* e *tx_Ssnis*. Bem como que os casos aumentam face ao aumento da taxa da população com abastecimento de água (*tx_G12A*).

A avaliação da correlação entre o *PIB_percapita* e as variáveis *tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* e *tx_Ssnis* demonstrou que quanto maior a divisão per capita do PIB por habitantes menor o número de inscritos no cadastro único (*tx_cadunico_tot_pes_pob_ext* e *tx_Ssnis*). Sinalizando uma relação significativa e negativa entre essas variáveis e o PIB. Indicaram também que o aumento do *PIB_percapita* aumenta a taxa da população com abastecimento de água (*tx_G12A*).

Todas as variáveis socioeconômicas numéricas apresentam correlação com a variável do *PIB_percapita*. Ainda que ela só tenha aparecido em um dos modelos de regressão binomial final (no modelo do cenário de casos persistentes da zika), a associação dessas variáveis com o *PIB_percapita* reforça a hipótese que a variável *PIB_percapita* é controladora: Quanto maior o *PIB_percapita*, maior o investimento em abastecimento de água e melhor divisão de recursos

entre os habitantes. Neste sentido, aumenta o poder de atração migratória do município. Reforçando o efeito da variável *tx_fluxo*.

A maior parte das variáveis ligadas aos cenários modelados das doenças estudadas estavam no bloco dos fatores socioeconômicos. O fato é que a facilidade de acesso a variáveis ligadas a esses fatores tem mobilizado seu uso em análises sobre a difusão das arboviroses.

Classificadas como doenças negligenciadas, as arboviroses têm sido marcadas como doenças de regiões pobres. Por essa característica tem sido comum a associação argumentativa da sua alta intensidade e incidência aos fatores socioeconômicos baixos (DALVI; BRAGA, 2019), mesmo que essa associação seja criticada (MULLIGAN *et al.*, 2014).

Conforme aponta Mulligan *et al.* (2014), o debate sobre a associação da dengue com a pobreza está inserido no debate sobre os determinantes sociais da saúde, que dentro do campo da saúde, visava identificar os fatores de risco indiretamente ligados à doença e que provocam uma cadeia causal no acometimento dos adoecimentos seja de indivíduos ou grupos sociais. Neste sentido, os determinantes sociais de saúde (SDH) sinalizam as condições sociais de vida e trabalho e demarcam doenças e riscos para a saúde no século vinte e um (ROCHA, 2011).

Não importa se a pobreza é articulada como condição de vida; em torno da distribuição de riqueza e desigualdade; ou como diferenças socioeconômicas distintas em grupos ou indivíduos (MULLIGAN *et al.*, 2014). Como visto nas nossas análises, a interface com a situação de saúde e indicadores de vulnerabilidade nem sempre se mostra como um caminho reto na análise das arboviroses.

Conforme indicam os estudos (PAZ-BAILEY; ADAMS; WONG, 2021), a matriz de correlação evidenciou a relação negativa, significativa e direta da taxa de vacina de Febre Amarela com a dengue (*dg_conf* e *dg_susp*). Essa relação também é percebida nos modelos de casos suspeitos e confirmados da dengue.

A análise da matriz de correlação também evidenciou a relação dos casos autóctones com os casos confirmados, validando a hipótese da relação direta dos casos com a localidade de ocorrência e excluindo a *tx_vacina* como variável de confusão.

10 CONCLUSÃO

Ante a crença que o comportamento das arboviroses na Bahia é endêmico; e tendo a premissa que a ecologia das arboviroses e os aspectos de suas emergências ligam-se a forma como determinados fatores interagem no espaço, há a hipótese que a ocorrência dessas doenças é influenciada por fatores ecológicos ligados à localidade na qual se manifesta. Esse entendimento apoia o conhecimento acerca da sua transmissão e evolução. Com isso, a questão de pesquisa levantada foi: É possível estabelecer um conjunto de variáveis que refletem os fatores ecológicos capazes de contribuir para a explicação de casos confirmados e suspeitos pelas doenças em estudo que circulam no estado da Bahia?

Para dar conta da questão, buscou-se identificar fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos de regressão binomial negativo delineados a partir da frequência anual de casos por municípios da Bahia no período de 2016 a 2019.

Partiu-se de dois contextos analíticos: O primeiro considerou os casos totais ocorridos por ano nos municípios baianos e o segundo considerou o cenário de circulação simultânea. Conforme indicado no segundo objetivo específico, desses contextos foram criados os cenários de teste para verificação das variáveis ecológicas.

O primeiro contexto dividiu-se em duas perspectivas de abordagem, retratadas como cenários. O cenário de casos suspeitos, prováveis da ocorrência de arboviroses e o cenário de casos confirmados. Para cada doença estudada, três cenários foram modelados: cenário de casos suspeitos, cenário de casos confirmados e cenários de casos de circulação simultânea, entendido aqui como cenário de casos persistentes visto sua manutenção ao longo dos 4 anos. Para dar conta dos cenários foram construídos nove modelos de regressão binomial negativos.

Esses cenários serviram para estimar se em contextos de circulação simultânea das três arboviroses e em contextos de circulação avulsas havia variabilidade de fatores que impactam na ocorrência de casos registrados.

A hipótese do trabalho foi subdividida em duas hipóteses analíticas como estratégia de arranjo das variáveis preditoras que representaram os fatores. A primeira hipótese delineou-se a partir de fatores ecológicos incluindo-se as considerações sobre a influência dos casos autóctones, aqueles casos contraídos na própria localidade. Essa variável representava a hipótese do fator da localidade na ocorrência de casos. A segunda hipótese analítica aferida considera a existência de influência mútua entre as arboviroses avaliadas.

Foram trabalhados sete fatores: Clima e sazonalidade; Comércio, migração, transporte e uso da terra; Urbanização; Características do solo; Aspectos socioeconômicos, Aspectos sociodemográficos; Infraestrutura de saúde e Profilaxia. Além destes, discorreu sobre fatores diretos e fatores indiretos. Excetuando-se pelos fatores socioeconômicos com cinco variáveis e pelos fatores diretos e indiretos (com três variáveis), e de infraestrutura de saúde (com seis variáveis), os demais fatores contêm apenas uma variável. Ressalta-se que os fatores indiretos também se inscrevem como fatores ligados a infraestrutura de saúde.

Para dengue, foram seis fatores ecológicos de influência identificados: Clima e sazonalidade; Comércio, migração e uso da terra; Características do solo; Aspectos socioeconômicos; Profilaxia e fatores ligados a infraestrutura de saúde. Todos eles impactando em mais de um cenário.

A maior parte das variáveis estava no grupo dos fatores socioeconômicos: Produto interno bruto per capita para o período analisado (PIB_percapita), Índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDH), Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis), Variáveis vulnerabilidade: taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo o IBGE/Habitantes (tx_G12A), taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext).

A presença de fatores indiretos, ou seja, a relação dos casos com a autoctonia das outras doenças estudadas comprovou a segunda hipótese analítica: a existência de influência mútua entre as arboviroses avaliadas presente tanto na influência de casos confirmados quanto da interação de casos autóctones das outras doenças estudadas. A dengue apresentou relação com a chikungunya e a zika confirmadas e na interação dos casos autóctones. Nesse sentido, os resultados para a dengue confirmaram as duas hipóteses analíticas.

Todos os sete fatores impactaram nos cenários de casos modelados para a chikungunya. A maior parte das variáveis estava no grupo dos fatores socioeconômicos: Índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDH), Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis), Variáveis vulnerabilidade: taxa da população total residente do município com abastecimento de água, segundo o IBGE/Habitantes (tx_G12A), taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext).

Taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único sem

abastecimento de água, esgotamento sanitário e coleta de lixo adequados (tx_Ssnis) e taxa da população total residente do município inscrita no Cadastro Único em situação de extrema pobreza da localidade por ano (tx_cadunico_tot_pes_pob_ext) impactaram nos três cenários. Além deles, também a taxa da cobertura vacinal de febre amarela (vacina) influenciou os três cenários (suspeitos, confirmados e persistentes, ou seja, de circulação simultânea).

Notou-se a relação com a dengue confirmada e com a interação dos casos autóctones da dengue e zika, resultado que valida a hipótese da existência da relação de influência mútua entre as arboviroses. Também para a chikungunya as duas hipóteses foram validadas.

Os fatores Clima e sazonalidade; Comércio, migração, transporte e uso da terra; Características do solo; Aspectos socioeconômicos, Aspectos sociodemográficos e Infraestrutura de saúde foram aqueles que impactaram nos casos de zika.

Assim como as outras doenças do estudo, os fatores socioeconômicos foram os que mais impactaram na ocorrência de casos. Como ocorreu com a dengue, a zika encontrou relação com os casos confirmados da dengue e chikungunya, bem como com a interação dos casos autóctones de ambas. Resultado que valida as duas hipóteses.

O cenário geral das arboviroses também validou a crença da endemia quando se nota que a influência da variável ligada a autoctonia nos casos modelados, ou seja, o alto efeito da tx_dg_auto nos casos de dengue, o da tx_chik_auto nos casos de chikungunya e a da tx_zk_auto nos casos de zika.

Os cenários estimaram que há variabilidade de fatores na ocorrência de casos entre os cenários modelados a partir dos contextos. Em resposta ao terceiro objetivo específico da pesquisa.

O papel da variável PIB_percapita como variável controladora, a variável densidade como a variável de confusão, o papel da variável tx_fluxo como variável de difusão de casos e a relação direta da tx_vacina com a dengue foram os principais achados deste estudo.

O alto custo de casos de arboviroses, em especial, a dengue, a chikungunya e a zika, para a sociedade tem mobilizado uma série de estudos sobre fatores que possibilitem a definição de um padrão de distribuição de casos e/ou que forneça caminhos para modelos preditivos e preventivos. A busca por identificar a velocidade de transmissão, vias de circulação do vírus, população e áreas afetadas como indica Barreto e demais (2008) têm pautado esses estudos.

Com intuito de prover base empírica a este respeito a partir de um trabalho exploratório, esta pesquisa voltou-se a identificação de fatores ecológicos associados à ocorrência de casos confirmados e suspeitos da dengue, da chikungunya e da zika através de modelos estatísticos

de regressão binomial negativo delineados a partir da frequência anual de casos por municípios da Bahia no período de 2016 a 2019. Os resultados e a metodologia adotados fornecem um primeiro passo para desenvolver uma abordagem sistemática no sentido de identificar os fatores possíveis de monitoramento e intervenção.

Os resultados apresentados nesta tese demonstram a possibilidade de identificação destes fatores e das variáveis associadas e significativas à ocorrência de casos. A identificação desses elementos pode ser usada para entender melhor os aspectos ligados aos casos confirmados e suspeitos de cada arbovirose quanto os aspectos ligados aos casos confirmados no cenário de circulação simultânea das três doenças em estudo.

Compreender os fatores que podem afetar os casos de arboviroses podem ser benéficos de duas formas. Primeiro, esse conhecimento pode ser aplicado ao controle municipal de casos. Identificar e monitorar variáveis que possam ser classificadas como controladoras e de confusão e seu impacto indireto em outras variáveis pode ser feito com mais facilidade. O levantamento destas variáveis em estudos futuros pode servir de parâmetro para sinalizar localidades de risco.

Em segundo lugar, esse conhecimento pode ser usado para estimular o acesso a outros tipos de dados com intuito de ampliar a análise de casos. O acesso a variáveis entomológicas, por exemplo, ampliaria a percepção da influência do aspecto vetorial nos cenários prováveis, confirmados e persistentes.

Houve algumas dificuldades no manejo da pesquisa que precisaram ser superadas ou precisam ser consideradas para entender as suas limitações:

O uso de dados secundários agregados no nível municipal fruto de diversas fontes pode ter direcionado este estudo a não captar com precisão as particularidades e especificidades necessárias à análise de casos. Tendo como fonte primária de informações sobre as doenças o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), a falta de informações laboratoriais e a premência da classificação final das doenças do estudo por critérios clínicos-epidemiológicos, pode ter favorecido a ocorrência de viés de informação. Alia-se a isso outras limitações dos dados levantados do SINAN, como a incompletude de variáveis-chaves para o controle da notificação do caso e o tempo de fechamento de casos.

Foi preciso superar o desconhecimento acerca da técnica de modelagem estatística utilizada, bem como estruturar os dados para que estes estivessem adequados a sua aplicação segundo seus pressupostos.

O acesso a variáveis sociodemográficas é limitado ante a descontinuidade de pesquisas censitárias e à defasagem de tempo de variáveis existentes.

Embora a análise tenha evidenciado os fatores no cenário baiano das arboviroses, é preciso ter em mente que não se trata de uma análise causal. Em verdade, o que se tem notado em estudos diversos é que a distribuição espacial das arboviroses é heterogênea e varia entre localidades e os fatores de risco também variam entre áreas (BRAGA *et al.*, 2010; BARBOSA; SILVA, 2015)

As diferenças podem estar relacionadas ao tipo de unidade espacial utilizada como indica (BARBOSA; SILVA, 2015) ou ligada às diferenças na introdução geoespacial das doenças (NETTO *et al.*, 2017) e ao padrão de difusão espacial apresentado a partir da expansão das infecções (DALVI; BRAGA, 2019).

Dalvi e Braga (2019) identificaram que a expansão do ZIKV e do DENV se inicia em uma localidade e expande-se para áreas adjacentes. Saba *et al.* (2014) sinalizaram a hipótese diante da correlação dos municípios baianos, aqueles com alta taxa de incidência de dengue influenciam a difusão para outras localidades. Dalvi e Braga (2019) também identificaram que o CHIKV inicia a partir de uma determinado local e “salta”, segundo os autores, para outro local mais distante (DALVI; BRAGA, 2019).

Segundo Netto *et al.* (2017), os focos de CHIKV apareceram no interior. Com a cessão do surto em uma localidade, autores indicam que o vírus pode ser reintroduzido a partir de um ciclo silvestre (NETTO *et al.*, 2017).

Entendidas as limitações, os trabalhos futuros devem ser ampliados com a inserção de fatores entomológicos na amostra. Tal amostra permitiria uma exploração mais aprofundada dos determinantes de frequências de casos entre os cenários. As informações deste trabalho forneceriam uma contribuição significativa para o campo da vigilância.

REFERÊNCIAS

- ABATH, M. de B. *et al.* Avaliação da completude, da consistência e da duplicidade de registros de violências do Sinan em Recife, Pernambuco, 2009-2012. **Epidemiol. Serv. Saúde**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 131-142, mar. 2014. Disponível em: http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1679-49742014000100013&lng=pt&nrm=iso. Acesso em: 28 nov. 2020.
- ALBUQUERQUE, M.F.P.M. *et al.* Epidemia de microcefalia e vírus Zika: a construção do conhecimento em epidemiologia. **Caderno de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, v. 34, n. 10, 2018. <http://dx.doi.org/10.1590/0102-311x00069018>. Acesso em: 28 nov. 2020.
- ALMEIDA FILHO, N. Towards a unified theory of health-disease: i. health as a complex model-object. **Revista de Saúde Pública**, São Paulo, v. 47, n. 3, p. 433-450, 2013.
- ALMEIDA FILHO, N. *et al.* (org.). **Teoria epidemiológica hoje: fundamentos, interfaces, tendências**. Rio de Janeiro: FIOCRUZ, 1998. 256 p.
- ALMEIDA, C. *et al.* Brazil's conception of South-South "structural cooperation" in health. **Rev Electron Comun Inf Inov Saude**, [s.l.], v. 377, n. 9779, p.1722-1723, mar. 2010. Disponível em: <http://www6.ensp.fiocruz.br/repositorio/sites/default/files/arquivos/343-1635-2-PB.pdf>. Acesso em: 22 mar. 2021.
- ANJOS, R. O. *et al.* Transmission of Chikungunya Virus in an Urban Slum, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**, Volume 26, Number 7, [s.l.], v. 26 n. 7 p. 1364-1373, July 2020, 26(7), <https://doi.org/10.3201/eid2607.190846>. Acesso em: 22 mar. 2021
- ARAÚJO, M. L. V. *et al.* Nonlocal dispersal os dengue in the state of Bahia. **The Science of the Total Enviroment**, Amsterdam, n. 631-632, p. 40-46, ago. 2018, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.02.198>.
- ARMSTRONG, N.; HOU, W.; TANG, Q. Biological and historical overview of zika virus. **World Journal of Virology**, Pleasanton, v. 6, n. 1, p. 1-8, fev. 2017.
- ATLASBR. Atlas do Desenvolvimento Humano no Brasil. **Pnud Brasil, Ipea e FJP**, São Paulo: ATLASBR, 2020. Disponível em: <http://www.atlasbrasil.org.br/>. Acesso em: 23 set. 2020. Base de dados.
- ATLASBR. Atlas de Desenvolvimento Humano no Brasil. **Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento (PNUD), Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (IPEA) e Fundação João Pinheiro (FJP)**. São Paulo: ATLASBR, 2016. Disponível em: <http://www.atlasbrasil.org.br/acervo/biblioteca>. Acesso em: 23 set. 2020. Base de dados.
- ATTAWAY, D. F. *et al.* Zika virus: Endemic and epidemic ranges of Aedes mosquito transmission. **Journal of Infection and Public Health**, Elsevier, v. 10, n. 1, p. 120-123, jan. - fev. 2017.
- BAHIA. Secretaria da Saúde do Estado. **Vigilância em Saúde**. Salvador: BA, 2009. Disponível em: <http://www.saude.ba.gov.br/suvisa/institucional-vigilancia-em-saude/>. Acesso

em: 29 out. 2020.

BAHIA. **Portaria n.º 125, de 24 de novembro de 2011**. Define as terminologias, a relação de doenças, agravos e eventos em saúde pública de notificação compulsória, em todo o território do Estado da Bahia, e estabelece fluxos, critérios, responsabilidades e atribuições aos profissionais e serviços de saúde. Secretaria da Saúde do Estado. Salvador: BA, 2011. Disponível em: http://www.saude.ba.gov.br/wp-content/uploads/2017/12/PORTARIA_125_24_01_2011.pdf. Acesso em: 16 maio 2020.

BAHIA. Secretaria da Saúde do Estado. **Laboratório Central de Saúde Pública**. Salvador: BA, 2017. Disponível em: <http://www.saude.ba.gov.br/suvisa/lacen/>. Acesso em: 29 out. 2020

BAHIA. Secretaria de Saúde do Estado da Bahia. **Matriz Arbov_2019 até 14.05.2020** (Semana Epidemiológica 19), 2020a. [manuscrito não publicado].

BAHIA. **Boletim Epidemiológico da Bahia, n.º 07 05/2020**. Salvador: SESAB, 2020b. Disponível em: <http://www.saude.ba.gov.br/wp-content/uploads/2017/11/BOLETIM-EPIDEMIOLOGICO-SE-20.pdf>. Acesso em: 22 out. 2020.

BARATA, R. C. O. B. O desafio das doenças emergentes e a revalorização da epidemiologia descritiva. **Revista de Saúde Pública**, São Paulo, v. 31, n. 5, p. 531-537, 1997.

BARBOSA, I. R.; SILVA, L. P. da. Influência dos determinantes sociais e ambientais na distribuição espacial da dengue no município de Natal-RN. **Revista Ciência Plural**, [S. l.]: v. 1, n. 3, p. 62–75, 2015. Disponível em: <https://periodicos.ufrn.br/rcp/article/view/8583>. Acesso em: 5 out. 2022.

BARTLEY, L. M.; DONNELLY, C. A.; GARNETT, G. P. The seasonal pattern of dengue in endemic areas: mathematical models of mechanisms. **Transactions of the royal society of tropical medicine and hygiene**, Oxford, v. 96, n. 4, p. 387-397, 2002.

BEZERRA, J. M. T. *et al.* Entry of dengue virus serotypes and their geographic distribution in Brazilian federative units: a systematic review. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, v. 24, out. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1980-549720210020>. Acesso em: 4 out. 2021.

BOWMAN, L. R.; ROCKLOV, J.; KROEGER, A. *et al.* A comparison of Zika and dengue outbreaks using national surveillance data in the Dominican Republic. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 12, n. 11, p. 13, 2018.

BRAGA, I. A.; VALLE, D. *Aedes aegypti*: histórico do controle no Brasil. **Epidemiol. Serv. Saúde**, Brasília, v. 16, n. 2, p. 113-118, jun. 2007. Disponível em: http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1679-49742007000200006&lng=pt&nrm=iso. Acesso em: 4 out. 2021.

BRASIL. Lei n.º 8.080, de 19 de setembro de 1990. Dispõe sobre as condições para a promoção, proteção e recuperação da saúde, a organização e o funcionamento dos serviços correspondentes e dá outras providências. **Diário Oficial da União**: Brasília, DF, 1990. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l8080.htm. Acesso em: 8 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Dengue: instruções para pessoal de combate ao vetor**. Manual de normas técnicas. 3. ed. rev. Brasília: Ministério da Saúde: Fundação Nacional de Saúde, 2001. 84 p.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Guia de vigilância epidemiológica**. 5. ed. Brasília, DF: FUNASA, 2002a. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/funasa/guia_vig_epi_vol_1.pdf. Acesso em: 10 out. 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Programa Nacional de Controle da Dengue: PNCD/Fundação Nacional de Saúde**. Brasília: Ministério da Saúde, 2002b. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/pncd_2002.pdf. Acesso em: 5 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Guia de vigilância epidemiológica**. 6. ed. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2005. 816 p.

BRASIL. **Portaria n.º 5, de 21 de fevereiro de 2006**. Inclui doenças na relação nacional de notificação compulsória, define doenças de notificação imediata, relação dos resultados laboratoriais que devem ser notificados pelos Laboratórios de Referência Nacional ou Regional e normas para notificação de casos. Brasília: DF, 2006. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/svs/2006/prt0005_21_02_2006_comp.html. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Sistema de Informação de Agravos de Notificação-SINAN: normas e rotinas**. 2. ed. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2007. 68 p.

BRASIL. Ministério da Saúde. **A experiência brasileira em sistemas de informação em saúde**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2009a. v. 1 e 2 148p.

BRASIL. **Portaria n.º 2.669, de 3 de novembro de 2009**. Estabelece as prioridades, objetivos, metas e indicadores de monitoramento e avaliação do Pacto pela Saúde, nos componentes pela Vida e de Gestão, e as orientações, prazos e diretrizes do seu processo de pactuação para o biênio 2010-2011. Brasília: DF, 2009b. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2009/prt2669_03_11_2009.html. Acesso em 12 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Diretrizes nacionais para prevenção e controle de epidemias de dengue**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2009c.

BRASIL. **Portaria n.º 2.472, de 31 de agosto de 2010**. Define as terminologias adotadas em legislação nacional, conforme disposto no Regulamento Sanitário Internacional 2005 (RSI 2005), a relação de doenças, agravos e eventos em saúde pública de notificação compulsória em todo o território nacional e estabelecer fluxo, critérios, responsabilidades e atribuições aos profissionais e serviços de saúde. Brasília: DF, 31 de agosto de 2010. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2010/prt2472_31_08_2010.html. Acesso em: 30 out. 2020.

BRASIL. **Portaria n.º 104, de 25 de janeiro de 2011**. Define as terminologias adotadas em legislação nacional, conforme o disposto no Regulamento Sanitário Internacional 2005 (RSI 2005), a relação de doenças, agravos e eventos em saúde pública de notificação compulsória

em todo o território nacional e estabelece fluxo, critérios, responsabilidades e atribuições aos profissionais e serviços de saúde. Brasília: DF, 2011a. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2011/prt0104_25_01_2011.html. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. **Decreto n.º 7.616, de 17 de novembro de 2011**. Dispõe sobre a declaração de Emergência em Saúde Pública de Importância Nacional - ESPIN e institui a Força Nacional do Sistema Único de Saúde - FN-SUS. Brasília: DF, 2011b. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2011/decreto/d7616.htm. Acesso em: 8 out. 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Orientações acerca dos indicadores de monitoramento e avaliação do pacto pela saúde, nos componentes pela vida e de gestão para o biênio 2010-2011**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2011c.

BRASIL. **Portaria n.º 1.708, de 16 de agosto de 2013**. Regulamenta o Programa de Qualificação das Ações de Vigilância em Saúde (PQAVS), com a definição de suas diretrizes, financiamento, metodologia de adesão e critérios de avaliação dos Estados, Distrito Federal e Municípios. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2013. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2013/prt1708_16_08_2013.html. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. **Portaria n.º 1.378, de 9 de julho de 2013**. Regulamenta as responsabilidades e define diretrizes para execução e financiamento das ações de Vigilância em Saúde pela União, Estados, Distrito Federal e Municípios, relativos ao Sistema Nacional de Vigilância em Saúde e Sistema Nacional de Vigilância Sanitária. Brasília: DF, 2013b. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2013/prt1378_09_07_2013.html. Acesso em: 29 out 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Nova classificação de caso de Dengue**: Organização Mundial da Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2014a. Disponível em http://www.epi.uff.br/wp-content/uploads/2013/10/Nova_classificacao_de_caso_de_Dengue_OMS.pdf. Acesso em: 20 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. **Preparação e resposta à introdução do vírus Chikungunya no Brasil**. Brasília: Ministério da Saúde, 2014b. 100 p. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/preparacao_resposta_virus_chikungunya_brasil.pdf. Acesso em: 8 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância da Saúde. **Protocolo de atenção à saúde e resposta à ocorrência de microcefalia relacionada à infecção pelo vírus Zika**. Brasília: Ministério da Saúde, 2015. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/protocolo_resposta_microcefalia_relacionada_infeccao_virus_zika.pdf. Acesso em: 8 out. 2020.

BRASIL. **Portaria n.º 204, de 17 de fevereiro de 2016**. Define a Lista Nacional de Notificação Compulsória de doenças, agravos e eventos de saúde pública nos serviços de saúde públicos e privados em todo o território nacional, nos termos do anexo, e dá outras providências. Brasília: DF, 2016a. Disponível em:

<https://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2018/abril/25/Portaria-n---2014-de-17--Fevereiro-2016.pdf>. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. Sala Nacional de Coordenação e Controle para o enfrentamento à dengue, ao vírus chikungunya e ao vírus Zika. **Diretriz SNCC n.º 3: Saneamento Básico**. Brasília: DF, 2016b. Disponível em: <http://combateaedes.saude.gov.br/images/salade-situacao/diretriz-sncc-n-3-saneamento-basico.pdf>. Acesso em: 10 out. 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Nota Informativa n.º 59 /2016 CGPNCD/DEVIT/SVS/MS**. Trata da atualização do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) online versão 3.0 para dengue/chikungunya. Brasília, DF: 2016c. Disponível em: http://www.portalsinan.saude.gov.br/images/documentos/Agravos/Dengue/Nota_Informativa_059.pdf. Acesso em: 13 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Portal Sinan dengue/chikungunya**. 7 de março de 2016. Brasília: DF, 2016d. Disponível em: <http://portalsinan.saude.gov.br/sinan-dengue-chikungunya>. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Chikungunya: manejo clínico**. Brasília: Ministério da Saúde, 2017a. Disponível em: https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/chikungunya_manejo_clinico.pdf. Acesso em: 29 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Ministério da Saúde declara fim da emergência nacional do zika e microcefalia**. 11 de maio de 2017. Brasília: DF, 2017b. Disponível em: <https://antigo.saude.gov.br/noticias/agencia-saude/28347-ministerio-da-saude-declara-fim-da-emergencia-nacional-para-zika-e-microcefalia>. Acesso em: 25 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Manual de vigilância sentinela de doenças neuroinvasivas por arbovírus**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2017c. Disponível em: https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/manual_vigilancia_sentinela_doencas_arbovirus.pdf. Acesso em: 25 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Vírus Zika no Brasil: a resposta do SUS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2017d. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/zika/af_zika_28mar17_isbn_web.pdf/view. Acesso em: 20 out. 2020.

BRASIL. Sudene - Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste. **Delimitação do semiárido**. Ministério do Desenvolvimento Regional. Brasília: SUDENE, 2017e. Disponível em: <http://antigo.sudene.gov.br/delimitacao-do-semiarido> Acesso em: 22 out. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Saúde Brasil 2017: uma análise da situação de saúde e os desafios para o alcance dos objetivos de desenvolvimento sustentável**. Brasília: Ministério da Saúde, 2018. Disponível em: https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/saude_brasil_2017_analise_situacao_saude_desafios_objetivos_desenvolvimento_sustentavel.pdf Acesso em: 20 out. 2020.

BRASIL. **Portaria n.º 1.061, de 18 de maio de 2020**. Revoga a Portaria n.º 264, de 17 de fevereiro de 2020, e altera a Portaria de Consolidação n.º 4/GM/MS, de 28 de setembro de

2017, para incluir a doença de Chagas crônica, na Lista Nacional de Notificação Compulsória de doenças, agravos e eventos de saúde pública nos serviços de saúde públicos e privados em todo o território nacional. Brasília: DF, 2020a. Disponível em: <https://www.in.gov.br/en/web/dou/-/portaria-n-1.061-de-18-de-maio-de-2020-259143078> Acesso em: 29 out 2020.

BRASIL. **Portaria n.º 264, de 17 de fevereiro de 2020**. Altera a Portaria de Consolidação n.º 4/GM/MS, de 28 de setembro de 2017, para incluir a doença de Chagas crônica, na Lista Nacional de Notificação Compulsória de doenças, agravos e eventos de saúde pública nos serviços de saúde públicos e privados em todo o território nacional. Brasília: DF, 2020b. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2020/prt0264_19_02_2020.html. Acesso em: 27 out. 2020.

BRASIL. **Boletim Epidemiológico da Bahia, n.º 33 51/2020**. Brasília: SVS, 2020c. Disponível em: <http://plataforma.saude.gov.br/anomalias-congenitas/boletim-epidemiologico-SVS-33-2020.pdf> . Acesso em: 22 out. 2022.

BIREME. Centro Latino-Americano e do Caribe de Informação em Ciências da Saúde. **DECS**. São Paulo: BIREME, 2017. Disponível em: https://decs.bvsalud.org/ths/resource/?id=1106&filter=ths_termall&q=arboviroses#Details. Acesso em: 22 de jun. 2022.

CAMPOS, G. S.; BANDEIRA, A. C.; SARDI, S. I. Zika virus outbreak, Bahia, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**, Atlanta, v. 21, n. 10, 2015.

CARMO, Roberto Luiz (org.) *et al.* **Dengue e Chikungunya: estudos da relação entre população, ambiente e saúde**. Campinas: Núcleo de Estudos de População “Elza Berquó” / Unicamp, 2015, 83p. Disponível em: https://www.nepo.unicamp.br/publicacoes/textos_nepo/textos_nepo_72.pdf Acesso em: 29 out. 2020.

CARLSON, C. J.; DOUGHERTY, E. R.; GETZ, W. An ecological assessment of the pandemic threat of zika virus. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 10, n. 8, p.18, 2016.

CARON, M. *et al.* Introdução recente e rápida disseminação do vírus chikungunya e do sorotipo 2 do vírus da dengue associados a coinfeções humanas e de mosquitos no Gabão, África Central. **Clin. Infectar. Des**, v. 55, p. 45–53, 2012.

CDC – Centers for disease control and preventing emerging infectious diseases. A strategy for the 21st century overview of the updated CDC plan. **Morbidity and Mortality Weekly Report**, Atlanta, v. 47, n. 15, p. 1-14, 1998.

CHOWELL, G.; SATTEENSPIEL, L.; BANSAL, S. *et al.* Mathematical models to characterize early epidemic growth: A review. **Physics of Life Reviews**, Atlanta, v. 18, p. 66-97, 2016.

CHRISTOFFERSON, R. C. Zika virus emergence and expansion: lessons learned from Dengue and Chikungunya may not provide all the answers. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, Rockville Pike, v. 95, n. 1, p. 15-18, 2016.

CHUN TIE, Y.; BIRKS, M.; FRANCIS, K. Grounded theory research: A design framework for novice researchers. **SAGE Open Med**, [s.l.], p. 2019. Disponível em: <https://journals.sagepub.com/doi/full/10.1177/2050312118822927>. Acesso em: 20 out. 2021.

COHEN, J. Statistical power analysis. Current directions in psychological science, **Sage Publications Sage CA**: Los Angeles, v. 1, n. 3, p. 98–101, 1992.

CONTRERAS VILCA, N. **Análisis de votos electorales usando modelos de regresión para datos de conteo**. 2012. 83p. Tesis para optar el grado de Magister en Estadística. Pontificia Universidad Católica del Perú. 2012.

CORDELLIER, R.; DEGALLIER, N. Environment, arbovirus transmission and control of epidemics. **Caderno de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, v. 8, n. 3, p. 249-253, set. 1992. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-311X1992000300004>. Acesso em: 20 out. 2021.

CORDEIRO, G.M.; DEMÉTRIO, C.G.B. **Modelos Lineares Generalizados e Extensões**. São Paulo: USP, 2008. 264p.

COSEMSBA. Conselho Estadual de Secretários Municipais de Saúde. **Tipologia de municípios, segundo IGBE, e cadastros de usuários por município**: Bahia, BA: COSEMS/BA, 2016. Disponível em: <https://www.cosemsba.org.br/wp-content/uploads/2016/06/Resumo-Bahia.pdf>. Acesso em: 20 out. 2021.

COSTA, Z. G. A. *et al.* Evolução histórica da vigilância epidemiológica e do controle da febre amarela no Brasil. **Rev Pan-Amaz Saúde**, Ananindeua, v. 2, n. 1, p. 11-26, mar. 2011. Disponível em: http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2176-62232011000100002&lng=pt&nrm=iso. Acesso em: 3 out. 2021.

CADÚNICO. Cadastro Único. **Famílias/Pessoas por faixas de renda per capita**. Organizações Ministério da Cidadania, Cadastro Único: 2022. Disponível em: <https://dados.gov.br/dataset/cadastro-unico-familias-pessoas-cadastradas-por-faixas-de-renda>. Acesso em: 20 out. 2021. Base de dados.

DATASUS. **Diretório FTP**: dissemin/públicos/SINAN/DADOS/PRELIM. Brasília: DATASUS, 2020. Disponível em: <ftp://ftp.datasus.gov.br/dissemin/publicos/SINAN/DADOS/PRELIM/>. Acesso em: 29 set. 2022. Base de dados.

DATASUS. **Notas técnicas**: População Residente Estimativas para o TCU. Brasília: DATASUS, 2017. Disponível em: http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/Ibge//Popula_Residente_Estim_TCU.pdf. Acesso em: 22 out. 2020.

DATASUS. **Notas técnicas**: Imunizações Cobertura – desde 1994. Brasília: DATASUS, 2019. Disponível em: http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/pni/Imun_cobertura_desde_1994.pdf. Acesso em: 22 out. 2022.

DALVI, A. P. R.; BRAGA, J. U. Spatial diffusion of the 2015-2016 Zika, Dengue and

Chikungunya epidemics in Rio de Janeiro Municipality, Brazil. **Epidemiology and Infection**, Cambridge, v. 147, p. 1-13, 2019.

DE MATTOS, A. *et al.* “Spatial vulnerability to dengue in a Brazilian urban area during a 7-year surveillance.” **Journal of urban health**: Bulletin of the New York Academy of Medicine, Springer, v. 84, n. 3, p. 334-45, 2007.

DEREK, L. O.; PARK, B. Modeling the spread of the Zika virus using topological data analysis. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 13, n. 2, p. 1-7, 2018.

DESCRITORES EM CIÊNCIAS DA SAÚDE. **DeCS**. ed. rev. e ampl. São Paulo: BIREME / OPAS / OMS, 2017. Disponível em: <http://decs.bvsalud.org> . Acesso em 22 de jun. 2017.

DE SOUZA, M. L.; ROSÁRIO, R. S.; ARAÚJO, L. V. A. Aplicação do Método Estatístico Multinível no Estudo da Difusão do Zika. *In*: SOUZA, A. C. dos S.; SAMPAIO, R. L. (org.). **Difusão do conhecimento**: educação, saúde, gestão e inovação. Salvador: EDUFBA, 2020. 271 p.

DUARTE, L. S. *et al.* Regionalização da saúde no Brasil: uma perspectiva de análise. **Saúde & Sociedade**, São Paulo, v. 24, n. 2, p. 472-485, abr./jun. 2015. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0104-12902015000200472&lng=en&nrm=iso. Acesso em: 7 abr. 2021.

ELLIS, B. R.; WILCOX, B. A. The ecological dimensions of vector-borne disease research and control. **Cadernos de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, v. 25, n. 1, p. 155-167, 2009.

ECDC – EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL. **Rapid Risk Assessment**. Zika virus disease epidemic. Tenth update, 4 April 2017. Stockholm: ECDC, 2017

EVANS, M. V. *et al.* Data-driven identification of potential Zika virus vectors. **eLife**, Cambridge, fev. 2017. Disponível em: <https://elifesciences.org/articles/22053>. Acesso em: 3 out. 2020.

FAÇANHA, M. C. Doenças emergentes e reemergentes. *In*: ROUQUAYROL, M. Z.; GOURGEL, M. G. C. (org.). **Epidemiologia & Saúde**. 7. ed. Rio de Janeiro: MedBook, 2013. p. 235-252.

FILHO, A. S. N. *et al.* “Self-affinity and self-organized criticality applied to the relationship between the economic arrangements and the dengue fever spread in Bahia”, **Physica A Statistical Mechanics and its Applications**, [s.l.], vol. 502, p. 619–628, 2018.

FILHO, A.S.N., MURARI, T.B., FERREIRA, P. *et al.* A spatio-temporal analysis of dengue spread in a Brazilian dry climate region. **Sci Rep** v. 11, p. 11892, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s4159> Acesso em: 20 out. 2021.

GARCIA, L. P. Epidemia do vírus Zika e microcefalia no Brasil: emergência, evolução e enfrentamento. *In*: **Texto para discussão**. Rio de Janeiro: IPEA-DF, 2018. 62 p. Disponível em: http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/8282/1/td_2368.pdf. Acesso em: 29 out. 2020.

GARDNER, L. M. *et al.* Inferring the risk factors behind the geographical spread and transmission of Zika in the Americas. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 12, n. 1, p. 1-25, 2018.

GLASER, B.; STRAUSS, A. **The discovery of grounded theory**. New York: Aldene de Gruyter, 1967. 271 p.

GUBLER, D. J. Human arbovirus infections worldwide. **Ann NY Acad Sci**. [s.l.], v. 951, n. 1, p. 13-24, dez. 2001. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11797771/>. Acesso em: 12 out. 2020.

HAYAT, M. J. *et al.* Statistical methods used in the public health literature and implications for training of public health professionals. **PLOS ONE**. San Francisco, v. 12, n. 6, p. 1-10, 2017.

HILBE, J. **Modeling Count Data**. Cambridge: Cambridge University Press. p. 126 - 161. August 2014. doi:10.1017/CBO9781139236065

HOU, B.; CHEN, H.; GAO, N.; AN, J. Cross-Reactive Immunity among Five Medically Important Mosquito-Borne Flaviviruses Related to Human Diseases. **Viruses**. Local, v. 14, n. 6, p. 1213. Jun. 2022. doi:10.3390/v14061213 Acesso em: 12 out. 2020.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produto interno bruto dos municípios: ano de referência 2010 / IBGE, Coordenação de Contas Nacionais**. 3. ed. Rio de Janeiro: IBGE, 2016. 58p. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/livros/liv97483.pdf> Acesso em: 12 out. 2020. Base de dados.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Classificação e caracterização dos espaços rurais e urbanos do Brasil: uma primeira aproximação / IBGE, Coordenação de Geografia**. Número 11. Rio de Janeiro: IBGE, 2017. 84p. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/livros/liv100643.pdf>. Acesso em: 12 out. 2022.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Regiões de Influência das Cidades-REGIC**. IBGE, Redes e fluxos geográficos. Rio de Janeiro: IBGE, 2018. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/redes-e-fluxos-geograficos/15798-regioes-de-influencia-das-cidades.html?=&t=outros-links> Acesso em: 12 out. 2020. Base de dados.

IBGE. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Geociências. Organização do território. Estrutura territorial: Áreas Territoriais. Rio de Janeiro: IBGE, 2021a. Disponível em: <https://ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/estrutura-territorial/15761-areas-dos-municipios.html?t=downloads&c=29>. Acesso em: 29 jan. 2021.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Semiárido Brasileiro. **IBGE, Geociências, Cartas e Mapas, Mapas regionais, Redes geográficas**. Rio de Janeiro: IBGE, 2021b. Disponível em: <https://ibge.gov.br/geociencias/cartas-e-mapas/mapas-regionais/15974-semiarido-brasileiro.html?=&t=o-que-eA> Acesso em: 12 out. 2020. Base de

dados.

IHAKA, R. R. Past and Future History. Statistics Department. The University of Auckland Auckland, New Zealand. **Unpublished paper**, 1998. Disponível em: <https://www.stat.auckland.ac.nz/~ihaka/downloads/Interface98.pdf> Acesso em: 12 out. 2020.

KLEINERT, S.; HORTON, R. Brasil: no caminho da sustentabilidade e da igualdade na saúde. *In: The Lancet*. Nova Iorque: The Lancet, 2011. p. 1-5.

KOOPMAN, J. S.; LYNCH, J. W. Individual causal models and population system models in epidemiology. **American journal of public health**, Washington, D.C, v. 89, n. 8, p. 1170-1174, 1999.

KRAEMER, M. U. G. *et al.* Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. **Nature Microbiology**, Londres, v. 4, n. 5, p. 854-863, 2019.

LAUREANO-ROSARIO, A. E. *et al.* “Application of Artificial Neural Networks for Dengue Fever Outbreak Predictions in the Northwest Coast of Yucatan, Mexico and San Juan, Puerto Rico.” **Trop Med Infect Dis**. [s.l.], v. 3, n. 1, p. 5, jan. 2018.

LENHARO, M. Cientista que primeiro detectou zika no Brasil sofre com falta de verba. **Globo**, São Paulo, 9 mar. 2016. Disponível em: <http://g1.globo.com/bemestar/noticia/2016/03/cientista-que-primeiro-detectou-zika-no-brasil-sofre-com-falta-de-verba.html>. Acesso em: 20 jun. 2019.

LI, X. *et al.* Application of the analytic hierarchy approach to the risk assessment of Zika virus disease transmission in Guangdong Province, China. **BMC Infectious Diseases**, Springer, v. 17, n. 1, p. 65, Jan. 2017.

LINDSEY, J.K. **Applying Generalized Linear Models**. Springer, New York. 1997. 270p.

LÓPEZ-VÁSQUEZ, P. Modelos de regresión Poisson y binominal negativa en modelos lineales generalizados aplicados a datos correspondientes a accidentes de tránsito y lesionados entre los años 2011 y 2014 en la región de Valparaíso. 2016. 71p. Tese (Doutorado em Engenharia Estatística) – Facultad de Ciencias, Instituto de Estadística. Universidade de Valparaíso. Chile, p. 7, 2016.

LUPPE, M.J. *et al.* Yellow fever (YF) vaccination does not increase dengue severity: A retrospective study based on 11,448 dengue notifications in a YF and dengue endemic region. **Travel Med Infect Dis**, [s.l.], p. 2019. 30:25-31. doi:10.1016/j.tmaid.2019.05.002 Acesso em: 20 jun. 2019.

LUZ, K. G. *et al.* Comparação da gravidade dos casos de Dengue segundo a classificação antiga e a classificação revisada. **Revista de Medicina**, [S. l.], v. 97, n. 6, p. 547-553, 2018. Disponível em: <https://www.revistas.usp.br/revistadc/article/view/142039>. Acesso em: 30 abr. 2021.

MAPBIOMAS. Projeto MapBiomias – Coleção 6 da série Cobertura e transições municípios - dados de área (ha) de cobertura e uso do solo por município de 1985 a 2021, 2015. Disponível em: <https://mapbiomas.org/> Acesso em: 30 abr. 2021.

MARTÍNEZ-BELLO, D. A.; LÓPEZ-QUÍLEZ, A.; TORRES-PRIETO, A. Bayesian dynamic modeling of time series of dengue disease case counts. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 11, n. 7, p. 1-19, 2017.

MARTINS, M. F. M. Análise bibliométrica de artigos científicos sobre o vírus Zika. **Revista Eletrônica de Comunicação, Informação & Inovação em Saúde**, Manguinhos, v. 10, n. 1, p. 1-9, 2016.

MATTA, G. C.; MORENO, A. B. Global health: an analysis of the relations between the processes of globalization and the use of health indicators. **Interface**, Botucatu, v. 18, n. 48, p. 9-22, 2014.

MCGULLAGH, P.; NELDER, J. A. Generalized Linear Models. **Chapman and Hall**, London, 2nd ed., 532p. 1989.

MELO, M. S. S. *et al.* Progressão da circulação do vírus do dengue no Estado da Bahia, 1994-2000. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 2, p.139-144, mar./abr. 2010.

MENDES, Clarice Camargo. Modelos para dados de contagem com aplicações. 2007. 109p. Dissertação (mestrado em estatística) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, Campinas, SP, 2007. Disponível em: <https://hdl.handle.net/20.500.12733/1604621>. Acesso em: 21 set. 2022.

MENDES, J. S. *et al.* Dengue na Bahia: mapeamento e análise da dinâmica espacial de sua manifestação espaço-temporal. **Caminhos de Geografia**, Uberlândia, MG, v. 18, n. 62, p. 73–86, 2017. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/caminhosdegeografia/article/view/35293>. Acesso em: 17 nov. 2022.

MEYER, W.B.; URNER, B.L. **Changes in Land Use and Land Cover: A Global Perspective**. Cambridge University Press; 1994. Disponível em: <http://mtc-m12.sid.inpe.br/col/sid.inpe.br/iris@1912/2005/07.20.05.00/doc/INPE%206541.pdf>. Acesso em: 30 abr. 2021.

MYERS, R.M.; CAREY, D.E. Concurrent isolation from patient of two arboviruses, Chikungunya, and dengue type 2. **Science**. [s.l.], v. 15, n. 157, p. 8-1307, Sep 1967, doi: 10.1126/science.157.3794.1307. PMID: 6038994 Acesso em: 30 abr. 2021.

MUKAKA, M. M. A guide to appropriate use of correlation coefficient in medical research. **Malawi medical journal**, [s.l.], v. 24, n. 3, p. 69–71, 2012.

MULLIGAN, Kate *et al.* Is dengue a disease of poverty? A systematic review. **Pathog Glob Health**, [s.l.], v. 109, n. 1, p. 10-8, fev. 2015. doi: 10.1179/2047773214Y.0000000168 Acesso em: 9 out. 2021.

MURRAY, C. J. *et al.* Global, regional, and national disability-adjusted life years (DALYs) for 306 diseases and injuries and healthy life expectancy (HALE) for 188 countries, 1990-2013: quantifying the epidemiological transition. **Lancet**, [s.l.], v. 386, n. 10009, p. 2145-2191,

nov. 2015. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)323](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)323) Acesso em: 30 abr. 235-3.

NASCIMENTO, Dária Maria Cardoso. O polígono das secas ou região semiárida? In: BAHIA AGRÍCOLA - ANO 1 - N2. p. 17-19, 1995, Bahia, **Comunicações**. Disponível em: http://www.seagri.ba.gov.br/sites/default/files/comunicacoesV1N0_2.pdf. Acesso em: 9 out. 2021.

ONU BRASIL – NAÇÕES UNIDAS NO BRASIL. **OMS declara vírus Zika e microcefalia “emergência pública internacional”**. São Paulo: ONU BRASIL, 1 fev. 2016. Disponível em: <https://nacoesunidas.org/oms-declara-virus-zika-e-microcefalia-emergencia-publica-internacional/>. Acesso em: 28 set. 2019. Base de dados.

OLIVEIRA, J.F. *et al.* Interdependence between confirmed and discarded cases of dengue, chikungunya and Zika viruses in Brazil: A multivariate time-series analysis. **PLoS One**. [s.l.], v. 15, n. 2, p. 1–13, 2020. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0228347>. Acesso em: 9 out. 2021.

OMS – ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **Esquema de classificação de país do vírus Zika**: orientação provisória. Genebra: OMS, 2017. Disponível em: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/254619>. Acesso em: 12 jan. 2019. Base de dados

OMS – ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **OMS declara fim da emergência de saúde pública Internacional, mas diz que resposta ao zika e suas consequências deve continuar**. Genebra: OMS, 2016. Disponível em: https://www.paho.org/bra/index.php?option=com_content&view=article&id=5297:oms-declara-fim-de-emergencia-de-saude-publica-internacional-mas-diz-que-resposta-ao-zika-e-suas-consequencias-deve-continuar&Itemid=812. Acesso em: 28 set. 2019. Base de dados

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resolução CD1.R1 OPAS, 1947. Erradicación continental del Aedes Aegypti. **1º Conselho Diretor da OPAS**, Washington, DC, 24 de setembro a 02 de outubro de 1947. Disponível em: <https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/1733/CD1.R1sp.pdf?sequen%20ce=2&isAllowed=y>. Acesso em: 28 set. 2020.

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resolução CD38.R12. Doenças infecciosas novas, emergentes e reemergentes. **38º Conselho Diretor da OPAS, 47ª Sessão do Comitê Regional da OMS para as Américas**, Washington, DC, 25 a 30 de setembro de 1995. Disponível em: <http://iris.paho.org/xmlui/bitstream/handle/123456789/1605/CD38.R12sp.pdf?sequence=2&isAllowed=y>. Acesso em: 28 set. 2020.

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resolução CD39.R11. Aedes aegypti. **39º Conselho Diretor da OPAS, 48ª Sessão do Comitê Regional da OMS para as Américas**, Washington, DC, 23 a 27 de setembro de 1996. Disponível em: <http://iris.paho.org/xmlui/bitstream/handle/123456789/1614/CD39.11sp.pdf?sequen%20ce=2&isAllowed=y>. Acesso em: 28 set. 2020.

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Estratégia de Cooperação Técnica da OPAS/OMS com a República Federativa do Brasil, 2008-2012. Brasília, DF:

Organização Pan-Americana da Saúde, 2007. Disponível em: https://www.paho.org/bra/images/stories/Documentos2/ccs_portugues.pdf. Acesso em: 28 set. 2020.

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resolução CD55.R16. Política de pesquisa para a saúde. **55º Conselho Diretor da OPAS, 68ª Sessão do Comitê Regional da OMS para as Américas**, Washington, DC, 26 de setembro a 30 de setembro de 2016. Disponível em: <https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2016/CD55-16-p.pdf>. Acesso em: 5 out. 2020.

OPAS/OMS – ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resolução CD58/INF/11. Política de pesquisa para a saúde. **58º Conselho Diretor da OPAS, 72ª Sessão do Comitê Regional da OMS para as Américas**, Washington, DC, 28 de setembro a 29 de setembro de 2020. Disponível em: <https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2020/CD58-INF-11-p-arboviroses.pdf>. Acesso em: 5 out. 2020.

PAHO/WHO – PAN AMERICAN HEALTH ORGANIZATION/WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Zika Epidemiological Update**. Washington, D.C, 30 June 2016. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/50633>. Acesso em: 15 out. 2020.

PAULA, G. A. **Modelos de Regressão com apoio computacional**. São Paulo: Instituto de Matemática de São Paulo - Universidade de São Paulo. 440p. 2010 Disponível em: https://www.ufjf.br/clecio_ferreira/files/2013/05/Livro-Gilberto-20131.pdf. Acesso em: 15 out. 2021.

PAZ-BAILEY, G.; ADAMS, L.; WONG, J.M. *et al.* Dengue Vaccine: Recommendations of the Advisory Committee on Immunization Practices, United States, 2021. **MMWR Recomm Rep**. [s.l.], v. 70, n. 6, p. 1-16, dez. 2021. doi:10.15585/mmwr.rr7006a1 Acesso em: 9 out. 2021.

PNUD. Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento no Brasil. IDH: Desenvolvimento Humano e IDH. [s.l.]. Disponível em: <https://www.undp.org/pt/brazil/idh>. Acesso em: 9 out. 2021. Banco de dados.

QIAO, M.; SHAW, D.; FORRAT, R. *et al.* Priming effect of dengue and yellow fever vaccination on the immunogenicity, infectivity, and safety of a tetravalent dengue vaccine in humans. **Am J Trop Med Hyg**, [s.l.], v. 85, n. 4, p. 724-731, 2011. doi:10.4269/ajtmh.2011.10-0436 Acesso em: 9 out. 2021

QUEIROZ, J. T. M. de; SILVA, P. N.; HELLER, L. Novos pressupostos para o saneamento no controle de arbovirozes no Brasil. **Cadernos de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, v. 36, n. 5, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0102-311X00223719>. Acesso: 9 out. 2021.

QUEIROZ, ERDS; MEDRONHO, RA. Spatial analysis of the incidence of Dengue, Zika and Chikungunya and socioeconomic determinants in the city of Rio de Janeiro, Brazil. **Epidemiol Infect**. Aug. 2021 v. 2, n. 149, p. 188. doi: 10.1017/S0950268821001801. PMID: 34338179; PMCID: PMC8365848.

RACLOZ, V. *et al.* Surveillance of dengue fever virus: a review of epidemiological models and early warning systems. **PLOS neglected tropical diseases**, San Francisco, v. 6, n. 5, p. 1-

9, 2012.

RIBEIRO, G.S. *et al.* Does immunity after Zika virus infection cross-protect against dengue? **The Lancet Global health**, [s.l.], v. 6, n. 2, p. 140–141, 2018. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(17\)30496-5](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(17)30496-5). Acesso em: 9 out. 2021.

RIOU, J.; POLETTO, C.; BOËLLE, P. Improving early epidemiological assessment of emerging Aedes-transmitted epidemics using historical data. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 12, n. 6, p. 1-16, 2018.

ROCHA, J. S. Y. Os Determinantes Sociais da Saúde. In: IBANHEZ, Nelson; ELIAS, Paulo Eduardo Mangeon; SEIXAS, Paulo Henrique Dangelo. (org.). **Política e Gestão Pública em Saúde**. 1ed. São Paulo: Hucitec Editora, 2011, p. 219-242.

RODRIGUES, N. C. P. *et al.* Risk factors for arbovirus infections in a low-income community of Rio de Janeiro, Brazil, 2015-2016. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 13, n. 6, 2018. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0198357>. Acesso em: 23 out. 2020.

RODRIGUEZ-BARRAQUER, Isabel, *et al.* Impact of preexisting dengue immunity on Zika virus emergence in a dengue endemic region. **Science**, cidade, V. 363, n. 6427, p. 607-610. 2021. DOI: 10.1126/science.aav Acesso em: 20 out. 6618.

ROUQUAYROL, M. Z.; GOURGEL, M. G. C. (org.). **Epidemiologia & Saúde**. 7. ed. Rio de Janeiro: MedBook, 2013, 752p.

ROWLAND, A. *et al.* Zika virus infection in semen: a call to action and research. **Journal of assisted reproduction and genetics**, Germantown, v. 33, n. 4, p.435-437, 2016.

RÜCKERT, Claudia *et al.* Impact of simultaneous exposure to arboviruses on infection and transmission by Aedes aegypti mosquitoes. **Nature communications**, v. 8. Mai. 2017. doi:10.1038/ncomms15412. Acesso em: 20 out. 2021.

SABA H. *et al.* Relevance of transportation to correlations among criticality, physical means of propagation, and distribution of dengue fever cases in the state of Bahia. **Sci Total Environ**, Butesda, v. 618, p. 971-976, March 2018.

SABA, H. *et al.* Spatio-temporal correlation networks of dengue in the state of Bahia. **BMC Public Health**. v. 14, n. 1085. out. 2014. doi:10.1186/1471-2458-14-1085 Acesso em: 20 out. 2021.

SANTOS, D. N. *et al.* **Documento de posição sobre a tríplice epidemia de zika-dengue-chikungunya**. Salvador: UFBA, 2016.

SANTOS, J. A. DA S.; RODRIGUES, D. F. Análise comparativa do sistema de informação de mortalidade entre municípios de uma regional de saúde do estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Ciências da Saúde**, João Pessoa, v. 23, n. 3, out. 2019.

SEI. Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia. SEI/ IBGE. **PIB Municipal**. Produto Interno Bruto a Preços Correntes por Territórios de Identidade e Municípios, Bahia -

2010 - 2019. Bahia: SEI, 2019. Disponível em: https://sei.ba.gov.br/images/pib/xls/municipal/pib_territ_ident_2019.xls. Acesso em: 20 out. 2021. Banco de dados.

SILVA, J. C. B. da; MACHADO, C. J. S. Associations between dengue and socio-environmental variables in capitals of the brazilian northeast by cluster analysis. **Ambiente & Sociedade**, São Paulo, v. 21, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1809-4422asoc0133r2vu18L4TD>. Acesso em: 31 out. 2021.

SILVA, N. M. da. *et al.* Vigilância de chikungunya no Brasil: desafios no contexto da Saúde Pública. **Epidemiol. Serv. Saúde**, Brasília, v. 27, n. 3, e2017127, set. 2018. Disponível em: http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1679-49742018000300006&lng=pt&nrm=iso. Acesso em: nov. 2021.

SIRIYASATIEN, P. *et al.* Dengue epidemics prediction: a survey of the state-of-the-art based on data science processes. **IEEE Access**, Piscataway, v. 6, p. 53757-53795, 2018.

SNIS - Série Histórica. **Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento**. Ministério do Desenvolvimento Regional. Disponível em: <http://app4.mdr.gov.br/serieHistorica>. Acesso em: 23 set. 2020.

SOUZA, G. A. A. de. O uso de dados censitários na análise de dimensões particulares da vida social. **Caderno CRH**, Salvador, n. 29, p. 227-241, jul./dez. 1998.

SOUZA, W. V.; DOMINGUES, C. M. A. S. Notificação compulsória de doenças e agravos no Brasil: um breve histórico sobre a criação do Sistema de Informação de Agravos de Notificação – SINAN. *In*: BRASIL, Ministério da Saúde. **A experiência brasileira em sistemas de informação em saúde**. MS/OPAS/OMS: Brasília: Ministério da Saúde, 2009.

TAVARES, L.H.D. **História da Bahia**. Salvador: EDUFBA, 2019. 551 p.

TEIXEIRA M. G.; BARRETO, M. L; GUERRA, Z. Epidemiologia e medidas de prevenção do dengue. **Informe Epidemiológico do SUS**, Brasília, v. 8, n. 4, p. 5-33, dez. 1999.

TEIXEIRA, C. (org.) **Promoção e Vigilância da Saúde**. Salvador: ISC, 2000, 237.

TEIXEIRA, C. F. PAIM, J. S., VILASBOAS, A. L. SUS: modelos assistenciais e vigilância da saúde. **Informe Epidemiológico do SUS**, Brasília, v. 2, n. 2, p. 7-28, 1998.

TEIXEIRA, C. F. (org.). **Planejamento em saúde: conceitos, métodos e experiências**. Salvador: EDUFBA, 2010. 161 p.

TEIXEIRA, M. G.; BARRETO, M. L. Porque devemos, de novo, erradicar o *Aedes aegypti*. **Ciência & Saúde Coletiva**, Manguinhos, v.1, n.1, p.122-35, 1996.

TEIXEIRA, M. da G. *et al.* Epidemiologia do dengue em Salvador-Bahia, 1995-1999. **Rev. Soc. Bras. Med. Trop.**, Uberaba, v. 34, n. 3, p. 269-274, jun. 2001. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0037-86822001000300007&lng=en&nrm=iso. Acesso em: 11 set. 2020.

TORRES, J. C. da Exaltação. **Cadastro Único**: tecnologia de reclassificação social [online]. Salvador: EDUFBA, 2016, 265p. ISBN: 978-65-5630-011-5.

TURKMAN, M. A. A.; SILVA, G.L. **Modelos Lineares Generalizados** - da Teoria à Prática, Lisboa: Edições SPE, 156p, 2000.

UGHADE, S. Statistical modeling in epidemiologic research: some basic concepts. **Clinical Epidemiology and Global Health**, Nagpur, v. 1, n. 1, p. 32-26, 2013.

UNDP – Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento. **Transformando o nosso mundo**: a agenda 2030 para o desenvolvimento sustentável. Nova Iorque: UNDP, 2016. Disponível em: <https://www.undp.org/content/dam/brazil/docs/agenda2030/undp-br-Agenda2030-completo-pt-br-2016.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2020.

WALDMAN, E. A. **Vigilância em Saúde Pública**. São Paulo: Faculdade de Saúde Pública da Universidade de São Paulo, 1998. Disponível em: http://bvsm.sau.gov.br/bvs/publicacoes/saude_cidadania_volume07.pdf. Acesso em: 10 nov. 2020.

WALDMAN, E. A. Vigilância em Saúde Pública: Conceitos, abrangência, aplicações e estratégias. In: CAMPOS, G. W. S. *et al.* (orgs.). **Tratado de Saúde Coletiva**. São Paulo: HUCITEC, 2012, p. 513-555.

WEAVER, S. C.; REISEN, W. K. Present and future arboviral threats. **Antiviral Res.** Elsevier, v. 85, n. 2, p. 328-345, Fev, 2010. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0166354209004951?via%3Dihub>. Acesso em: 10 nov. 2020.

WEGER-LUCARELLI, J. *et al.* Vector Competence of American Mosquitoes for Three Strains of Zika Virus. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, San Francisco, v. 10, n. 10, p. 1-16, 2016.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. Scientific Group on Arboviruses and Human Disease & World Health Organization. **Arboviruses and human disease**: report of a WHO scientific group. Meeting held in Geneva from 26 September to 1 October 1966. Disponível em: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/40664>. Acesso em: 10 out. 2020.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Dengue**: guidelines for diagnosis, treatment, prevention and control: new edition. Geneva: WHO, 2009. 160 p.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. Zika Virus Research and Development (R&D) Roadmap-France, February, 2021. Disponível em: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/blue-print/zikv_roadmap.pdf?sfvrsn=25506ad8_5&download=true. Acesso em: 12 out. 2021.

WILCOX, B. A.; GUBLER, D. J. Disease ecology and the global emergence of zoonotic pathogens. **Environ Health Prev Med.** v. 10, n. 5, p. 263-272, 2005. Disponível em: doi:10.1007/BF02897701 Acesso em: 30 abr. 2021.

WILDER-SMITH, A. *et al.* Epidemic arboviral diseases: priorities for research and public

health. **The Lancet Infectious Diseases**, Bethesda, v. 17, n. 3, p. e101-e106. 2016.

ZANLUCA, C. *et al.* First report of autochthonous transmission of Zika virus in Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro, v. 110, n. 4, p. 569-572, 2015.

ZARA, A. L. de S. A. *et al.* Estratégias de controle do *Aedes aegypti*: uma revisão. **Epidemiol. Serv. Saúde**, Brasília, v. 25, n. 2, p. 391-404, abr./jun. 2016.

ZHANG, Q. *et al.* Spread of Zika virus in the Americas. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Rockville Pike, v. 114, n. 22, p. 1-10, 2017.

APÊNDICES

APÊNDICE A – Distribuição Binomial Negativa

Enquanto a distribuição de Poisson tem variância $\text{Var}(Y) = \mu$, a distribuição Binomial Negativa será aplicada segundo impacto do fator de dispersão na variabilidade dos dados, como vimos acima (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.34). Quando a distribuição é condição notada tem-se:

Densidade da distribuição Binomial Negativa dada por:

$$f(y_i) = \frac{\Gamma(\phi + y_i)}{\Gamma(y_i + 1)\Gamma(\phi)} (1 - \mu_i)^{y_i} \mu_i^\phi, \text{ com } y_i = 0, 1, 2, 3, \dots$$

- a) Valor esperado de Y (ou média) medido como $E(Y) = \phi \frac{1-\mu}{\mu}$ e variância medida mensurada por $\text{Var}(Y) = \phi \frac{1-\mu}{\mu^2}$.

A função de probabilidade pode assumir formas e valores segundo os parâmetros de que caracteriza a distribuição. Neste sentido, pode-se derivar de um processo Bernoulli de tal forma que a variável aleatória x corresponderá ao número de experimentos necessários para alcançar K sucessos (resultados A). Para tal, as seguintes condições devem ser satisfeitas:

- Sequência de tentativas independentes;
- Cada tentativa apresenta dois resultados excludentes: A ou não A;
- A distribuição Binomial Negativa terminará quando um determinado número de resultados favoráveis chamados k for obtido;
- Para o resultado A, a probabilidade de uma das tentativas é p , e para não A, a probabilidade é q , resultando em $p + q = 1$;
- Ambas as probabilidades são constantes em todas as tentativas.

Satisfeitas as condições, tem-se a variável aleatória X de distribuição binomial negativa, com parâmetros p e k , notada como: $X \Rightarrow BN(p, k)$.

A Distribuição Binomial Negativa como Família Exponencial

Quando se aplicam as propriedades da família exponencial, a função de probabilidade da distribuição binomial negativa pode ser escrita da seguinte forma (PAULA, 2010; LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.34):

$$f(y_i; \mu, \phi) = \frac{\Gamma(\phi+y_i)}{\Gamma(y_i+1)\Gamma(\phi)} \left(\frac{\mu_i}{\mu_i+\phi}\right)^{y_i} \left(\frac{\phi}{\mu_i+\phi}\right)^\phi$$

Com $Y = 0, 1, \dots$, com os parâmetros μ_i e ϕ , com $\mu_i > 0$ e $\phi > 0$. (PAULA, 2010, p.305).

- Se a dispersão for fixa, ϕ , a densidade é da família exponencial e pode-se aplicar o modelo linear generalizado Binomial Negativo.

Se há a presença da variância Poisson e Gama, onde $Y|z$ tem distribuição de Poisson com média z ; e Z segue uma distribuição gama de média μ e parâmetro de dispersão $k = \mu$, ϕ (ϕ não depende de μ), tem-se distribuição $Y|z \sim P(z)$ e $Z \sim G(\mu, \phi)$:

$$\text{com média de } E(Z) = \mu \text{ e variância, } Var(Z) = \frac{\mu^2}{\phi}.$$

A média e variância de Y ficam dadas, respectivamente, por:

$$E(Y) = \mu \text{ e } Var(Z) = \frac{\mu+\mu^2}{\phi} = \frac{\mu(1+\phi)}{\phi}$$

As funções de densidades $f(y|z)$ e $g(z; \mu, \phi)$ assumem as seguintes formas:

$$f(y|z) = \frac{e^{-z} z^y}{y!} \text{ e } g(z; \mu, \phi) = \frac{1}{\Gamma(\phi)} \left(\frac{z\phi}{\mu}\right)^\phi e^{-\frac{\phi k}{\mu} \frac{1}{z}}$$

Da fórmula acima, a função de probabilidade de Y será dada por:

$$\begin{aligned} P(Y = y) &= \int_0^\infty f(y|z)g(z; \mu, \phi)dz \\ &= \frac{1}{y! \phi} \left(\frac{\phi}{\mu}\right)^\phi \int_0^\infty e^{-z(1+\phi/\mu)} z^{\phi+y-1} dz \end{aligned}$$

Considerando que $t=1 + \frac{\phi}{\mu}$, o desvio (d) ficará $\frac{dz}{dt} (1 + \frac{\phi}{\mu})^{-1}$, a fórmula assume a seguinte notação, com $\pi = \mu / (\mu + \phi)$:

$$\begin{aligned}
P(Y = y) &= \frac{1}{y! \Gamma(\phi)} \left(\frac{\phi}{\mu}\right)^\phi \left(1 + \frac{\phi}{\mu}\right)^{-(\phi+y)} \int_0^\infty e^{-t} t^{\phi+y-1} dt \\
&= \frac{\Gamma(\phi+y) \mu^y \phi^\phi}{\Gamma(\phi) \Gamma(y+1) (\mu+\phi)^{\phi+y}} \\
&= \frac{\Gamma(\phi+y)}{\Gamma(y+1) \Gamma(\phi)} \left(\frac{\mu}{\mu+\phi}\right)^y \left(\frac{\phi}{\mu+\phi}\right)^\phi \\
&= \frac{\Gamma(\phi+y)}{\Gamma(y+1) \Gamma(\phi)} (1 - \pi)^\phi \pi^y
\end{aligned}$$

A distribuição binomial seguida por Y , assim, tem média μ e parâmetro de dispersão de forma ϕ e pode ser denotada como $Y \sim \text{BN}(\mu, \phi)$. A probabilidade da distribuição então pode ser escrita em termos de:

$$\log f(y) = \exp\left\{y \log\left(\frac{\mu_i}{\mu_i + \phi}\right) - \phi \log\left(\frac{\mu + \phi}{\phi}\right) + \log \frac{\Gamma(\phi + y)}{\Gamma(y + 1) \Gamma(\phi)}\right\}$$

Modelo de Regressão Binomial Negativa

Considerando a variável Y como a variável que se quer mensurar como resposta, aleatória e dependente (“ y ” será o vetor de valores observados no tempo t , Y^t), e uma matriz $x = (x_1, \dots, x_n)^T$ composta de n variáveis explicativas, ou covariáveis (tidas como independentes), selecionadas a partir da crença no poder explanatório acerca de parte da variabilidade inerente a Y . Associada a cada covariável está um coeficiente ou parâmetro $(\beta_{1\dots k})$, então desconhecido. (TURKMAN; SILVA, 2000 p.9).

O objetivo é calcular o valor estimado de Y , variando de 1 a n , tal que $Y_i \sim \text{BN}(\mu_i, \phi)$ e $g(\mu_i = x_i^T \beta)$.

Para tanto, a componente aleatória do modelo considera que as circunstâncias moldam a resposta ($y = t(y)$) (LINDSEY, 1997 p.10) para ser possível $Y_i \sim \text{BN}(\mu_i, \phi)$ com $i = 0$ a n .

A componente fixa, considerando μ_i , é representado por $\mu_i = x_i^T \beta$ e a função de ligação, $g(\cdot)$, é $g(\mu_i) = \eta_i$

As ligações mais comuns são a logarítmica ($\log \mu_i = \eta_i$), raiz quadrada ($\sqrt{\mu_i} = \eta_i$) e de identidade ($\mu_i = \eta_i$).

Função Desvio

A função desvio mensura a distância entre o logaritmo da função de verossimilhança do modelo com n parâmetros e do modelo investigado (com p parâmetros). Assumindo o ϕ fixo, a função de desvio é dada por Paula (2010, p.311):

$$D * (y; \hat{\mu}) = 2 \sum_{i=1}^n \left[\phi \log \left\{ \frac{\hat{\mu}_i + \phi}{y_i + \phi} \right\} + y_i \log \left\{ \frac{y_i (\hat{\mu}_i + \phi)}{\hat{\mu}_i (y_i + \phi)} \right\} \right]$$

Onde, $\hat{\mu}_i = g^{-1}(x_i^T \beta)$. Com a hipótese que o modelo adotado é o correto, $D * (y; \hat{\mu})$, para ϕ e μ_i grande, segue uma distribuição $X^2_{(n-p)}$ com $(n - p)$ graus de liberdade.

Estimação da Máxima Verossimilhança

Para identificar a possibilidade de um vetor $\beta \in R^p$ gerar o vetor resposta, aplicam-se as estimativas de verossimilhança. (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.21). Assim, considerando a partição $\theta = (\beta^T, \phi)^T$, o logaritmo da função de verossimilhança para θ fica:

$$\log(\theta) = \sum_{i=1}^n \left[\log \left\{ \frac{\Gamma(\phi + y_i)}{\Gamma(y_i + 1) \Gamma(\phi)} \right\} + \phi \log \phi + y_i \log y_i \mu_i - (\phi + y_i) \log (\mu_i + \phi) \right]$$

Considerando em que $\mu_i = g^{-1}(x_i^T \beta)$, a partir do cálculo de derivadas, é possível calcular a função de escore para β na forma matricial: $U_{\beta}(\theta) = X^T W F^{-1} (y - \mu)$, em que (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.21):

- X é a matriz modelo com linhas x_i^T , $i = 1$ a n ;
- $W = \text{diag} \{ \omega_1, \dots, \omega_n \}$, com $\omega_i = \frac{\left(\frac{d\mu_i}{dn_i} \right)^2}{\mu_i^2 \phi^{-1} + \mu_i}$, é a matriz de pesos que muda a cada passo do processo iterativo;
- $F = \text{diag} \{ f_1, \dots, f_n \}$ com $f_i = \frac{d\mu_i}{dn_i}$,
- $y = (y_1, \dots, y_n)^T$ e $\mu = (\mu_1, \dots, \mu_n)^T$.

Para o parâmetro ϕ , considerando $\psi(\cdot)$ como função digama (derivada logarítmica da função gama), a função escore pode ser calculada por (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.21):

$$U_{\phi}(\theta) = \sum_{i=1}^n \left[\psi(\phi + y_i) - \psi(\phi) - \frac{(y_i + \phi)}{(\phi + \mu_i)} + \log \left\{ \frac{\phi}{\phi + \mu_i} \right\} + 1 \right]$$

Através de um algoritmo de mínimos quadrados ponderados é possível obter as estimativas de máxima verossimilhança para β e ϕ . Basta seguir a partir do ponto $U_{\beta}(\theta) = X^T W F^{-1} (y - \mu)$, e a partir do ponto dado pelo método de Newton-Raphson obtido para ϕ ,

$$U_{\phi}(\theta) = \sum_{i=1}^n \left[\psi(\phi + y_i) - \psi(\phi) - \frac{(y_i + \phi)}{(\phi + u_i)} + \log \left\{ \frac{\phi}{\phi + u_i} \right\} + 1 \right]$$

Os dois procedimentos são aplicados simultaneamente até convergir (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.21):

$$\beta^{(m+1)} = (X^T W^{(m)} X)^{-1} X^T W^{(m)} y^{*(m)} \text{ e } \phi^{(m+1)} = \phi^m - \left\{ \frac{\mu_{\phi}^m}{L_{\phi}^m} \right\}, \text{ para } m=0, 1, 2, \dots,$$

$$y^* = X\beta + F^{-1}(y - \mu)$$

Seleção do Modelo

Dois critérios podem ser utilizados para escolher o modelo mais ajustado aos dados (LÓPEZ-VÁSQUEZ, 2016, p.21):

- a) Critério de Informação AIC - Proposto por Akaike, em 1974, considera as mudanças na bondade do ajuste e os números de parâmetros. É definido da seguinte forma:

$$AIC = -2 \cdot \log \text{Lik} + 2K, \text{ em que } K \text{ é o número de parâmetros.}$$

$$AIC = D^*(y; \hat{\mu}) + 2p.$$

- b) Critério de Informação Bayesiano BIC - Como o AIC é calculado em função da qualidade de ajuste da verossimilhança ($\log \text{Lik}$) com o número de parâmetros ajustados (K) e com o número total de dados (N): $BIC = -2 \cdot \log \text{Lik} + \log(N) \cdot K$.

Para ambos os critérios, o modelo que resultar no menor valor de AIC ou BIC será considerado o mais adequado para explicar os dados utilizando o menor número possível de parâmetros.

APÊNDICE B - Testes Modelo POISSON

Dengue confirmada

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-54.832  -4.474  -2.658  -0.927   81.458

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -8.910e+00  1.110e-01 -80.273 < 2e-16 ***
IDHBAIXO    -7.794e-01  1.411e-01  -5.522 3.35e-08 ***
IDHMEDIO    -1.602e-01  1.498e-02 -10.695 < 2e-16 ***
IDHMUITO ALTO -3.699e+00  1.955e-01 -18.923 < 2e-16 ***
tx_vacina   -1.601e+00  1.849e-02 -86.612 < 2e-16 ***
semiarido semiárido  9.633e-01  1.234e-02  78.050 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -2.063e+00  5.396e-02 -38.234 < 2e-16 ***
bioma agropecuária -5.535e-01  1.042e-02 -53.112 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada -3.146e-01  1.624e-01  -1.937  0.0527 .
bioma corpos d'água -1.971e+00  1.440e-01 -13.687 < 2e-16 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -1.048e-01  6.638e-02  -1.578  0.1145
tx_Ssnis    -9.874e-01  4.228e-02 -23.355 < 2e-16 ***
tipologiaurbano  1.274e-02  1.594e-02   0.799  0.4243
PIB_percapita  2.473e-06  3.025e-07   8.174 2.98e-16 ***
densidade     7.570e-04  3.747e-05  20.204 < 2e-16 ***
tx_fluxo     2.581e+00  8.962e-02  28.802 < 2e-16 ***
tx_dg_auto   1.418e+02  4.790e-01 296.018 < 2e-16 ***
tx_G12A     -4.632e-01  2.335e-02 -19.835 < 2e-16 ***
zika_conf    1.842e-03  4.324e-05  42.612 < 2e-16 ***
chik_conf    7.599e-04  8.217e-06  92.482 < 2e-16 ***
log(populacao) 1.262e+00  8.179e-03 154.260 < 2e-16 ***
tx_chik_auto:tx_zk_auto -9.923e+03  1.524e+02 -65.094 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 502019  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 103293  on 1646  degrees of freedom
AIC: 106896

Number of Fisher Scoring iterations: 7

```

Teste de superdispersão

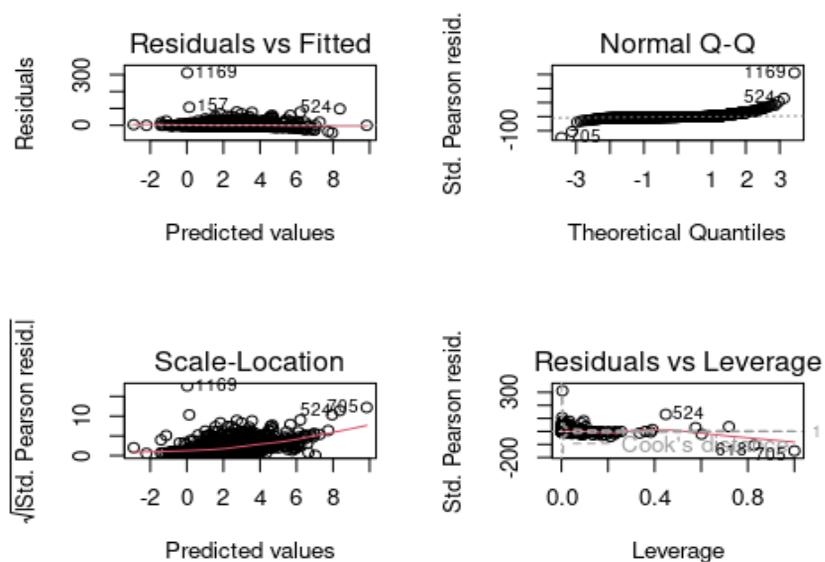
Overdispersion test

```
data: m1P
z = 2.6649, p-value = 0.00385
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
sample estimates:
dispersion
158.5597
```

Overdispersion test

```
data: m1P
z = 2.6649, p-value = 0.00385
alternative hypothesis: true alpha is greater than 0
sample estimates:
alpha
157.5597
```

Gráfico dos Resíduos



Dengue suspeita

```
Call:
glm(formula = p1, family = poisson, data = base_maira)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-32.794	-6.993	-4.517	-2.007	111.548

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-4.664e+00	8.801e-02	-52.994	< 2e-16	***
IDHBAIXO	-1.334e+00	1.014e-01	-13.159	< 2e-16	***
IDHMEDIO	-4.905e-01	1.090e-02	-45.011	< 2e-16	***
IDHMUITO ALTO	4.512e+00	1.706e-01	26.446	< 2e-16	***
tx_vacina	-1.058e+00	1.498e-02	-70.678	< 2e-16	***
semiarido semiárido	-1.236e-01	9.284e-03	-13.314	< 2e-16	***
bioma natural não florestal	-2.187e+00	6.208e-02	-35.231	< 2e-16	***
bioma agropecuária	-4.448e-01	8.506e-03	-52.294	< 2e-16	***
bioma área não vegetada	-4.521e+00	1.322e-01	-34.190	< 2e-16	***
bioma corpos d'água	-1.291e+00	5.360e-02	-24.084	< 2e-16	***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	1.326e+00	4.823e-02	27.498	< 2e-16	***
tx_Ssnis	-1.206e+00	3.196e-02	-37.747	< 2e-16	***
tipologiaurbano	3.816e-01	9.911e-03	38.499	< 2e-16	***
PIB_percapita	-1.468e-05	4.058e-07	-36.177	< 2e-16	***
densidade	-8.928e-04	4.305e-05	-20.737	< 2e-16	***
tx_fluxo	-3.168e-01	7.904e-02	-4.008	6.12e-05	***
tx_dg_auto	7.710e+01	7.286e-01	105.809	< 2e-16	***
tx_G12A	-2.070e-01	1.886e-02	-10.976	< 2e-16	***
zika_conf	-9.938e-04	5.144e-05	-19.318	< 2e-16	***
chik_conf	5.144e-04	8.003e-06	64.278	< 2e-16	***
log(populacao)	9.376e-01	6.668e-03	140.621	< 2e-16	***
tx_chik_auto:tx_zk_auto	3.297e+02	1.764e+02	1.868	0.0617	.

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 347623 on 1667 degrees of freedom
 Residual deviance: 183907 on 1646 degrees of freedom
 AIC: 188927

Number of Fisher Scoring iterations: 7

Teste de Superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

z = 6.2264, p-value = 2.386e-10

alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

sample estimates:

dispersion
 245.6657

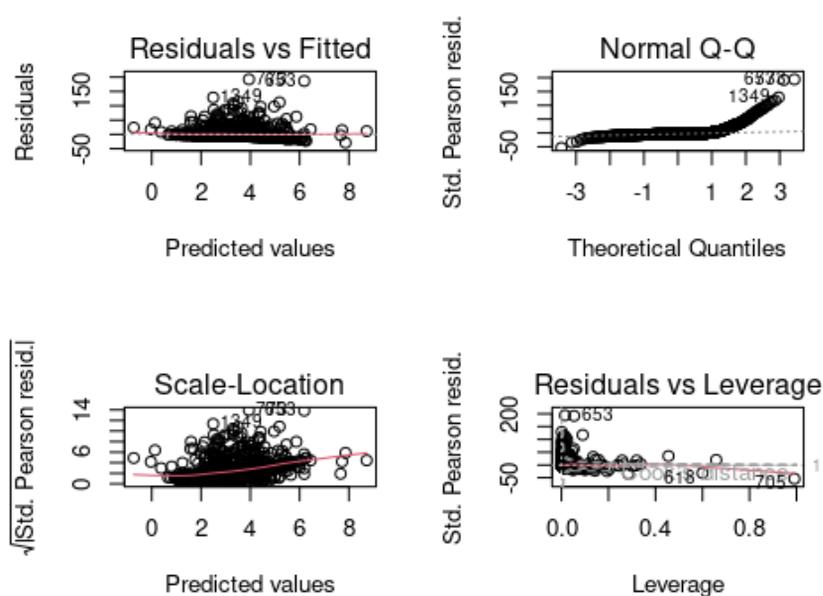
Overdispersion test

```

data: m1P
z = 6.2264, p-value = 2.386e-10
alternative hypothesis: true alpha is greater than 0
sample estimates:
alpha
244.6657

```

Gráfico dos Resíduos



Cocirculação dengue confirmada

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-51.332	-6.662	-0.309	6.041	68.246

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-5.624e+00	2.079e-01	-27.055	< 2e-16 ***
IDHMEDIO	6.357e-01	2.341e-02	27.153	< 2e-16 ***
IDHMUITO ALTO	-2.531e+00	2.896e-01	-8.740	< 2e-16 ***

```

tx_vacina -1.850e+00 2.462e-02 -75.113 < 2e-16 ***
semiarido semiárido 3.955e-01 1.706e-02 23.190 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -7.355e-01 6.201e-02 -11.861 < 2e-16 ***
bioma agropecuária -3.944e-01 1.524e-02 -25.876 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada 9.138e-01 2.506e-01 3.647 0.000265 ***
bioma corpos d'água -1.286e-01 2.380e-01 -0.540 0.588937
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -4.060e+00 1.381e-01 -29.412 < 2e-16 ***
tx_Ssnis -2.493e+00 8.262e-02 -30.175 < 2e-16 ***
tipologiaurbano 5.618e-01 2.369e-02 23.711 < 2e-16 ***
PIB_percapita -4.482e-07 4.597e-07 -0.975 0.329559
densidade -1.059e-04 4.956e-05 -2.136 0.032668 *
tx_fluxo 5.976e+00 1.751e-01 34.137 < 2e-16 ***
tx_dg_auto 2.376e+02 1.791e+00 132.704 < 2e-16 ***
tx_G12A -1.463e+00 4.050e-02 -36.127 < 2e-16 ***
zika_conf 7.675e-04 4.240e-05 18.102 < 2e-16 ***
chik_conf 5.038e-04 9.547e-06 52.776 < 2e-16 ***
log(populacao) 1.226e+00 1.543e-02 79.484 < 2e-16 ***
tx_chik_auto:tx_zk_auto -7.209e+03 1.513e+02 -47.660 < 2e-16 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 251292 on 200 degrees of freedom
Residual deviance: 33377 on 180 degrees of freedom
AIC: 34518

Number of Fisher Scoring iterations: 6

Teste de superdispersão

Overdispersion test

```

data: m1P
z = 5.118, p-value = 1.544e-07
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
sample estimates:
dispersion
218.5165

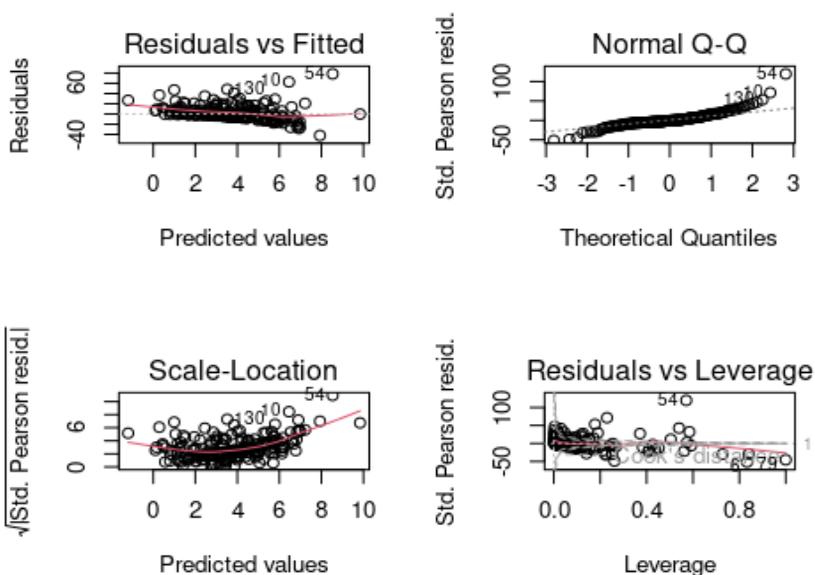
```

```

data: simulationOutput
ratioObsSim = 0, p-value = 0.024
alternative hypothesis: two. sided

```

Gráfico dos Resíduos



Chikungunya confirmada

Call:

```
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-26.052	-2.868	-1.884	-1.097	68.121

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-3.181e+00	1.587e-01	-20.041	< 2e-16	***
IDHBAIXO	-1.673e+00	3.177e-01	-5.267	1.39e-07	***
IDHMEDIO	-3.582e-01	2.622e-02	-13.663	< 2e-16	***
IDHMUITO ALTO	8.596e+00	2.648e-01	32.463	< 2e-16	***
tx_vacina	-2.243e-01	2.401e-02	-9.341	< 2e-16	***
semiarido semiárido	-1.299e+00	1.935e-02	-67.134	< 2e-16	***
bioma natural não florestal	1.230e-01	8.053e-02	1.528	0.127	
bioma agropecuária	7.627e-01	2.035e-02	37.486	< 2e-16	***
bioma área não vegetada	-2.509e+00	1.667e-01	-15.052	< 2e-16	***
bioma corpos d'água	-2.430e-01	1.061e-01	-2.291	0.022	*
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	-4.148e+00	1.007e-01	-41.213	< 2e-16	***
tx_Ssnis	-1.155e+00	8.147e-02	-14.176	< 2e-16	***
tipologiaurbano	-5.673e-01	2.701e-02	-20.999	< 2e-16	***
PIB_percapita	-1.150e-05	5.174e-07	-22.221	< 2e-16	***
densidade	-2.615e-03	6.379e-05	-40.995	< 2e-16	***
tx_fluxo	-9.576e+00	2.532e-01	-37.817	< 2e-16	***
tx_chik_auto	1.229e+02	4.595e-01	267.395	< 2e-16	***
tx_G12A	-6.308e-01	4.988e-02	-12.647	< 2e-16	***
zika_conf	-8.639e-04	4.245e-05	-20.351	< 2e-16	***

```

dg_conf          1.277e-04  4.832e-06  26.426 < 2e-16 ***
log(populacao)   9.121e-01  1.217e-02  74.978 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_zk_auto  1.493e+03  1.096e+02  13.623 < 2e-16 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

```

Null deviance: 362175  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 60494  on 1646  degrees of freedom
AIC: 62177

```

Number of Fisher Scoring iterations: 8

Teste de superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

$z = 3.6234$, p-value = 0.0001454

alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

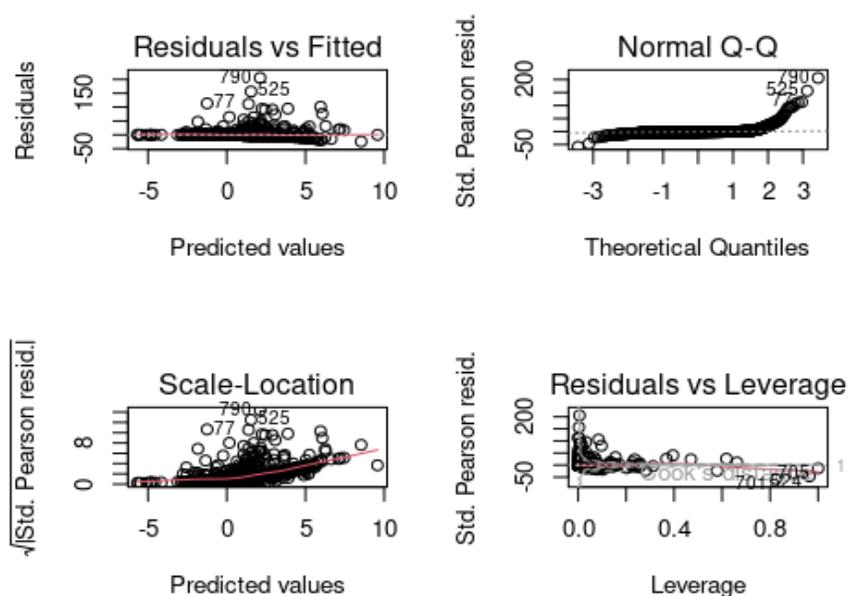
sample estimates:

```

dispersion
 123.5475

```

Gráfico dos Resíduos



Chikungunya suspeita

Call:

glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-22.360	-4.368	-2.712	-1.595	117.400

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-1.595e+01	1.938e-01	-82.298	< 2e-16	***
IDHBAIXO	1.103e+00	8.998e-02	12.256	< 2e-16	***
IDHMEDIO	2.058e-01	2.301e-02	8.947	< 2e-16	***
IDHMUITO ALTO	1.157e+01	6.819e-01	16.963	< 2e-16	***
tx_vacina	-5.874e-01	2.972e-02	-19.763	< 2e-16	***
semiarido semiárido	-5.467e-01	1.780e-02	-30.706	< 2e-16	***
bioma natural não florestal	-5.184e+00	3.544e-01	-14.627	< 2e-16	***
bioma agropecuária	-8.396e-01	1.671e-02	-50.245	< 2e-16	***
bioma área não vegetada	-6.426e+00	6.735e-01	-9.542	< 2e-16	***
bioma corpos d'água	-4.870e+00	5.778e-01	-8.428	< 2e-16	***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext	3.639e+00	9.197e-02	39.565	< 2e-16	***
tx_Ssnis	-1.779e+00	6.934e-02	-25.649	< 2e-16	***
tipologiaurbano	2.384e-01	1.988e-02	11.992	< 2e-16	***
PIB_percapita	1.712e-06	3.529e-07	4.852	1.23e-06	***
densidade	-2.960e-03	9.280e-05	-31.898	< 2e-16	***
tx_fluxo	-2.787e-01	1.775e-01	-1.571	0.1163	
tx_chik_auto	7.071e+01	7.382e-01	95.787	< 2e-16	***
tx_G12A	1.727e+00	7.696e-02	22.439	< 2e-16	***
dg_conf	-2.781e-05	1.088e-05	-2.557	0.0106	*
zika_conf	4.588e-04	9.879e-05	4.644	3.41e-06	***
log(populacao)	1.581e+00	1.351e-02	117.016	< 2e-16	***
tx_dg_auto:tx_zk_auto	-1.943e+03	2.571e+02	-7.560	4.02e-14	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 144581 on 1667 degrees of freedom
 Residual deviance: 108876 on 1646 degrees of freedom
 AIC: 109780

Number of Fisher Scoring iterations: 24

Teste de superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

 $z = 2.8614$, $p\text{-value} = 0.002109$

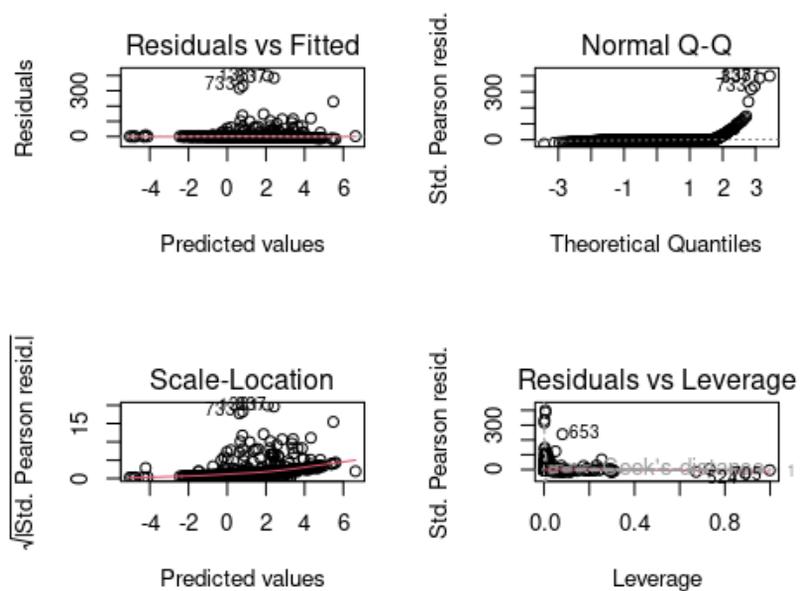
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

sample estimates:

dispersion

466.7786

Gráfico dos Resíduos



Cocirculação chikungunya confirmada

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-26.775  -8.235  -4.368  -0.672   60.503

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -3.451e-01  2.034e-01  -1.696   0.0898 .
IDHMEDIO        2.757e-01  3.607e-02   7.645  2.09e-14 ***
IDHMUITO ALTO   8.446e+00  3.409e-01  24.773 < 2e-16 ***
tx_vacina       1.267e-01  2.939e-02   4.309  1.64e-05 ***
semiarido semiárido -1.103e+00  2.116e-02 -52.131 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal  5.452e-01  8.367e-02   6.515  7.25e-11 ***
bioma agropecuária  8.038e-01  2.421e-02  33.209 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada -3.154e+00  2.268e-01 -13.907 < 2e-16 ***
bioma corpos d'água  -8.357e-01  1.834e-01  -4.556  5.21e-06 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -3.654e+00  1.333e-01 -27.423 < 2e-16 ***
tx_Ssnis       -4.944e-01  1.081e-01  -4.571  4.84e-06 ***
tipologiaurbano -7.560e-01  3.520e-02 -21.479 < 2e-16 ***
PIB_percapita  -1.255e-05  6.662e-07 -18.841 < 2e-16 ***
densidade      -2.245e-03  7.606e-05 -29.514 < 2e-16 ***
tx_fluxo       -3.680e+00  2.608e-01 -14.113 < 2e-16 ***
tx_chik_auto    8.310e+01  6.479e-01 128.264 < 2e-16 ***
tx_G12A        -4.764e-01  5.955e-02  -8.000  1.25e-15 ***
zika_conf      -3.856e-04  3.213e-05 -12.001 < 2e-16 ***
dg_conf        1.166e-04  4.949e-06  23.563 < 2e-16 ***
log(populacao)  6.330e-01  1.609e-02  39.348 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_zk_auto  6.274e+02  8.409e+01   7.460  8.62e-14 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 183442  on 200  degrees of freedom
Residual deviance:  31619  on 180  degrees of freedom
AIC: 32532

Number of Fisher Scoring iterations: 7

```

Teste de superdispersão

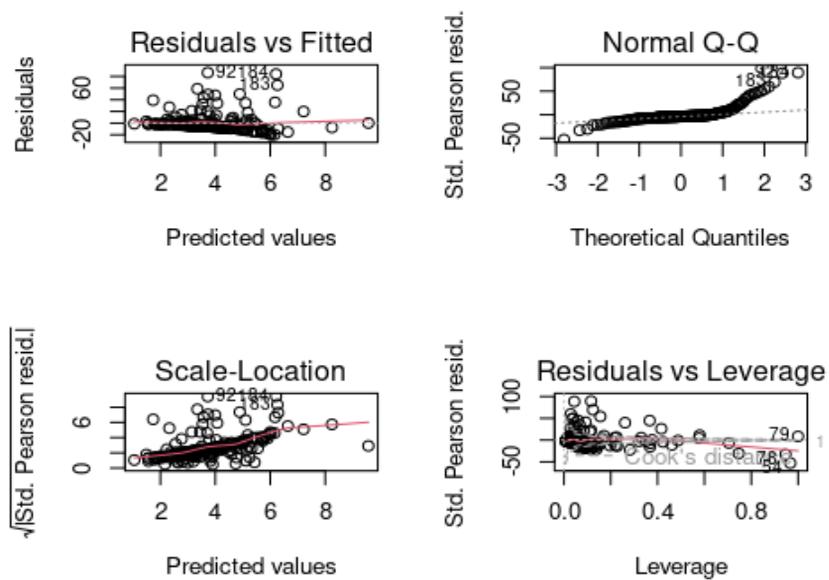
Overdispersion test

```

data: m1P
z = 3.9446, p-value = 3.997e-05
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
sample estimates:
dispersion
245.3893

```

Gráfico dos Resíduos



Zika confirmada

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-20.612  -2.116  -1.442  -0.896   46.334

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -3.729e+00  2.936e-01 -12.702 < 2e-16 ***
IDHBaixo    -1.355e+01  1.028e+02  -0.132   0.895
IDHMEDIO    -5.294e-01  3.626e-02 -14.600 < 2e-16 ***
IDHMUITO ALTO  1.439e+01  6.114e-01  23.538 < 2e-16 ***
tx_vacina    2.726e-01  4.666e-02   5.843 5.13e-09 ***
semiarido semiárido -7.985e-01  2.713e-02 -29.434 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -1.812e+00  3.188e-01  -5.684 1.31e-08 ***
bioma agropecuária  7.855e-01  2.782e-02  28.240 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada -1.347e+00  2.989e-01  -4.506 6.61e-06 ***
bioma corpos d'água  7.923e-01  1.429e-01   5.546 2.93e-08 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -5.444e+00  1.773e-01 -30.703 < 2e-16 ***
tx_Ssnis    -1.139e+00  7.859e-02 -14.490 < 2e-16 ***
tipologiaurbano  1.656e-01  3.235e-02   5.117 3.10e-07 ***
PIB_percapita -5.842e-05  2.358e-06 -24.774 < 2e-16 ***
densidade    -4.460e-03  1.545e-04 -28.873 < 2e-16 ***
tx_fluxo     9.446e-01  2.414e-01   3.913 9.12e-05 ***
tx_zk_auto   1.846e+02  1.112e+00 165.952 < 2e-16 ***
tx_G12A     -1.539e+00  5.340e-02 -28.819 < 2e-16 ***
chik_conf   -2.868e-04  3.339e-05  -8.591 < 2e-16 ***
dg_conf     9.195e-05  1.210e-05   7.597 3.04e-14 ***
log(populacao) 9.971e-01  2.236e-02  44.592 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto -8.880e+02  8.942e+01 -9.930 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 286832  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance:  27138  on 1646  degrees of freedom
AIC: 28321

Number of Fisher Scoring iterations: 11

```

Teste de superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

$z = 2.6882$, $p\text{-value} = 0.003591$

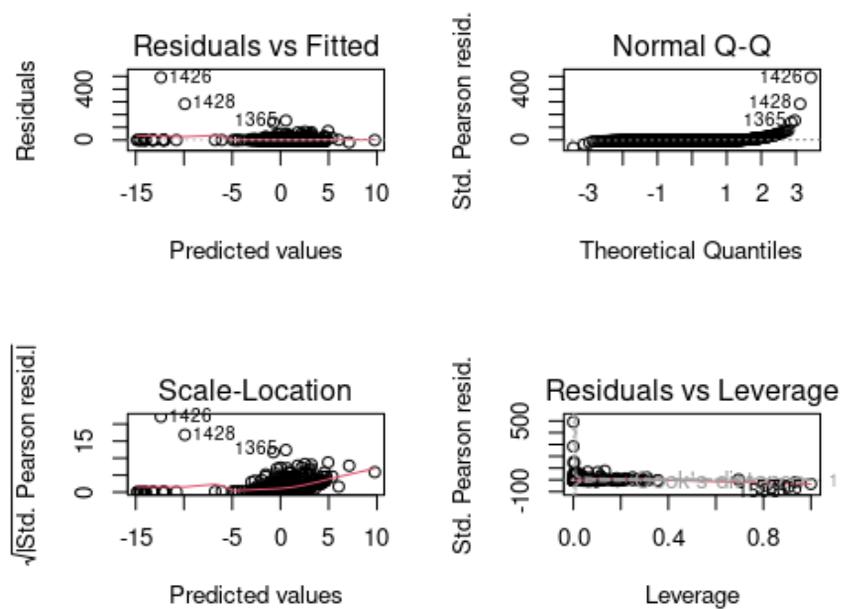
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

sample estimates:

dispersion

83.5893

Gráfico dos Resíduos



Zika suspeita

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-37.442  -5.084  -3.170  -1.672   90.885

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -1.476e+01  1.524e-01 -96.880 < 2e-16 ***
IDHBAIXO          -2.218e+00  2.680e-01  -8.274 < 2e-16 ***
IDHMEDIO          -2.041e-01  1.799e-02 -11.345 < 2e-16 ***
IDHMUITO ALTO     2.201e+00  2.673e-01   8.233 < 2e-16 ***
tx_vacina         -2.767e-01  2.341e-02 -11.819 < 2e-16 ***
semiarido semiárido  7.415e-02  1.479e-02   5.015 5.3e-07 ***
bioma natural não florestal -3.107e+00  1.079e-01 -28.800 < 2e-16 ***
bioma agropecuária -5.752e-01  1.351e-02 -42.576 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada -2.842e+00  2.831e-01 -10.040 < 2e-16 ***
bioma corpos d'água -1.347e+00  7.494e-02 -17.969 < 2e-16 ***
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext  4.904e+00  7.635e-02  64.230 < 2e-16 ***
tx_Ssnis          -2.484e+00  5.566e-02 -44.636 < 2e-16 ***
tipologiaurbano   2.858e-01  1.624e-02  17.603 < 2e-16 ***
PIB_percapita    -6.988e-06  4.749e-07 -14.714 < 2e-16 ***
densidade        -9.180e-04  6.735e-05 -13.630 < 2e-16 ***
tx_fluxo         4.237e+00  8.048e-02  52.642 < 2e-16 ***
tx_zk_auto       4.503e+01  2.294e+00  19.629 < 2e-16 ***
tx_G12A          9.476e-01  4.603e-02  20.588 < 2e-16 ***
chik_conf        1.144e-03  1.097e-05 104.268 < 2e-16 ***
dg_conf          -4.002e-04  1.767e-05 -22.645 < 2e-16 ***
log(populacao)   1.471e+00  1.105e-02 133.181 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto -2.383e+03  7.346e+01 -32.437 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 167692  on 1667  degrees of freedom
Residual deviance: 112542  on 1646  degrees of freedom
AIC: 114867

Number of Fisher Scoring iterations: 13

```

Teste de superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

$z = 4.905$, $p\text{-value} = 4.672e-07$

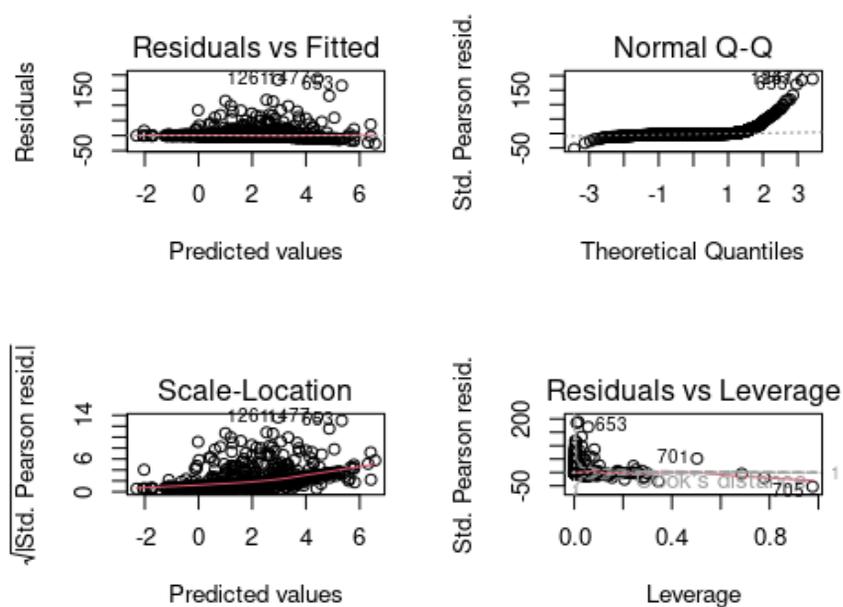
alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

sample estimates:

dispersion

199.0429

Gráfico dos Resíduos



Cocirculação zika confirmada

```

Call:
glm (formula = p1, family = poisson, data = base_maira)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-13.977   -5.045   -2.188    0.852   41.107

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      1.077e+00  3.500e-01   3.078 0.002081 **
IDHMEDIO          6.177e-02  4.416e-02   1.399 0.161841
IDHMUITO ALTO     7.746e+00  6.632e-01  11.680 < 2e-16 ***
tx_vacina         7.927e-01  5.307e-02  14.938 < 2e-16 ***
semiarido semiárido -7.113e-01  3.019e-02 -23.562 < 2e-16 ***
bioma natural não florestal -1.170e+00  3.217e-01  -3.636 0.000277 ***
bioma agropecuária  6.853e-01  3.428e-02  19.992 < 2e-16 ***
bioma área não vegetada -2.013e+00  4.505e-01  -4.468 7.89e-06 ***
bioma corpos d'água  -9.535e-01  3.582e-01  -2.662 0.007766 **
tx_cadunico_tot_pes_pob_ext -5.465e+00  2.378e-01 -22.983 < 2e-16 ***
tx_Ssnis          -2.586e-01  1.341e-01  -1.928 0.053874 .
tipologiaurbano   3.059e-01  3.590e-02   8.520 < 2e-16 ***
PIB_percapita    -6.194e-05  2.750e-06 -22.523 < 2e-16 ***
densidade        -2.171e-03  1.478e-04 -14.691 < 2e-16 ***
tx_fluxo          1.283e+00  3.159e-01   4.060 4.90e-05 ***
tx_zk_auto        1.367e+02  1.673e+00  81.729 < 2e-16 ***
tx_G12A          -1.837e+00  6.166e-02 -29.795 < 2e-16 ***
chik_conf        -2.616e-04  2.825e-05  -9.263 < 2e-16 ***
dg_conf           7.009e-05  1.119e-05   6.261 3.82e-10 ***
log(populacao)    5.987e-01  2.643e-02  22.652 < 2e-16 ***
tx_dg_auto:tx_chik_auto -3.754e+02  8.257e+01  -4.546 5.46e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 180021  on 200  degrees of freedom
Residual deviance: 10554  on 180  degrees of freedom
AIC: 11342

Number of Fisher Scoring iterations: 7

```

Teste de superdispersão

Overdispersion test

data: m1P

$z = 1.4032$, $p\text{-value} = 0.08027$

alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1

sample estimates:

dispersion

274.809

Gráfico dos Resíduos

