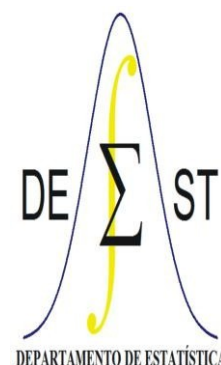




UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS E BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE ESTATÍSTICA
BACHARELADO EM ESTATÍSTICA



Maria Luisa Martins Rocha

Estimação de casos acumulados de dengue em Minas Gerais por meio do modelo Gompertz

Ouro Preto – MG

Julho - 2026

Maria Luisa Martins Rocha

Estimação de casos acumulados de dengue em Minas Gerais por meio do modelo Gompertz

Monografia apresentada ao Curso de Estatística
da Universidade Federal de Ouro Preto como
requisito parcial para obtenção do título de
Bacharel em Estatística

Orientadora: Dra. Diana Campos de Oliveira

Ouro Preto - MG

Julho - 2026



FOLHA DE APROVAÇÃO

Maria Luisa Martins Rocha

Estimação de casos acumulados de dengue em Minas Gerais por meio do modelo Gompertz

Monografia apresentada ao Curso de Estatística da Universidade Federal de Ouro Preto como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Estatística

Aprovada em 30 de julho de 2026

Membros da banca

Dra. Diana Campos de Oliveira - Orientadora (Universidade Federal de Ouro Preto)
Dr. Tiago Martins Pereira (Universidade Federal de Ouro Preto)
Dr. Marcelo Carlos Ribeiro (Universidade Federal de Ouro Preto)

Profª. Dra. Diana Campos de Oliveira, orientadora do trabalho, aprovou a versão final e autorizou seu depósito na Biblioteca Digital de Trabalhos de Conclusão de Curso da UFOP em 30/07/2026



Documento assinado eletronicamente por **Diana Campos de Oliveira, PROFESSOR DE MAGISTERIO SUPERIOR**, em 02/08/2026, às 09:48, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Marcelo Carlos Ribeiro, PROFESSOR DE MAGISTERIO SUPERIOR**, em 03/08/2026, às 19:09, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Tiago Martins Pereira, PROFESSOR DE MAGISTERIO SUPERIOR**, em 09/09/2026, às 13:14, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site http://sei.ufop.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1150767** e o código CRC **6A043223**.

Agradecimentos

Primeiramente, agradeço a Deus, por ter me sustentado até aqui, me concedendo saúde, força e coragem nos momentos mais difíceis, e por nunca ter me deixado desistir dos meus sonhos.

À minha família, que sempre foi meu alicerce, por todo o amor, apoio e confiança depositados em mim ao longo desta jornada. Em especial, à minha irmã Thamyris, por ser minha inspiração diária, por me incentivar mesmo quando eu duvidava de mim e por sempre me lembrar da minha força.

À República Harém, que foi muito mais do que uma casa: foi um lar construído de afeto, liberdade e acolhimento. Vocês me ensinaram que o verdadeiro lar é onde podemos ser quem somos, onde diferentes histórias, culturas e jeitos de viver se encontram com respeito e carinho. Em especial, a Vivo, Bibi Perigosa, Revoada, Kerosa, Popstar, Dólar, Julieta e Furacãozinho, que tornaram essa caminhada mais leve, divertida e inesquecível.

Aos meus amigos Luísa, Marcela, Rodrigo, Joyce, Letícia, Vitor, Wander, Kzé e Kat, que estiveram presentes ao longo dessa trajetória, compartilhando momentos, risadas e desafios. Obrigada por tornarem os dias mais leves, por todo o companheirismo e por colorirem essa caminhada com alegria.

Ao meu namorado, Matheus Fonseca, por ser meu porto seguro, por acreditar em mim até quando eu mesma duvidei e por nunca medir esforços para me lembrar do quanto sou capaz.

Ao Departamento de Estatística, por toda a excelência no ensino e por cada professor que, com dedicação, contribuiu para a minha formação acadêmica e pessoal.

À minha orientadora, Diana, pela paciência, acolhimento e confiança. Obrigada por ter acreditado neste trabalho e por ter me guiado com tanto cuidado para que ele se tornasse realidade.

E, por fim, mas de forma alguma menos importante, à minha dupla de faculdade, Miriam, caminhar ao seu lado tornou tudo mais possível e muito mais leve.

RESUMO

A dengue representa um dos principais problemas de saúde pública no Brasil, apresentando elevada incidência e impactos significativos sobre o sistema de saúde. Nesse contexto, a utilização de modelos estatísticos torna-se uma importante ferramenta para compreender o comportamento temporal da doença e auxiliar no planejamento de ações de prevenção e controle. O presente trabalho teve como objetivo ajustar um modelo de regressão não linear de Gompertz aos casos acumulados de dengue registrados em Minas Gerais durante o ano de 2024. Os dados foram obtidos no Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS), por meio do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN). Inicialmente, foi realizada uma análise exploratória dos dados e aplicado o coeficiente de correlação de postos de Spearman para avaliar a associação monotônica entre o tempo e os casos acumulados. Em seguida, ajustou-se o modelo de Gompertz utilizando o método dos mínimos quadrados, com estimação dos parâmetros pelo algoritmo iterativo de Gauss-Newton, implementado no software R. Os resultados indicaram excelente ajuste do modelo aos dados observados, apresentando coeficiente de determinação de 99,84%, além de parâmetros estatisticamente significativos ($p < 0,001$). A curva estimada descreveu adequadamente o crescimento acelerado da epidemia nos primeiros meses do ano, seguido pela desaceleração e estabilização do número de casos acumulados. Dessa forma, conclui-se que o modelo de Gompertz mostrou-se uma alternativa eficiente para descrever a evolução da epidemia de dengue, evidenciando o potencial dos modelos não lineares como ferramenta de apoio à análise epidemiológica e ao planejamento de estratégias de vigilância em saúde.

Palavras-chave: Dengue, Epidemiologia, Modelagem estatística, Modelo de Gompertz, Regressão não linear.

ABSTRACT

Dengue is one of the major public health problems in Brazil, with a high incidence and significant impacts on the healthcare system. In this context, the use of statistical models has become an important tool for understanding the temporal behavior of the disease and supporting the planning of prevention and control strategies. This study aimed to fit a nonlinear Gompertz regression model to the cumulative dengue cases reported in the state of Minas Gerais, Brazil, during the year 2024. The data were obtained from the Department of Informatics of the Brazilian Unified Health System (DATASUS) through the Notifiable Diseases Information System (SINAN). Initially, an exploratory data analysis was performed, and Spearman's rank correlation coefficient was applied to assess the monotonic association between time and cumulative dengue cases. Subsequently, the Gompertz model was fitted using the least squares method, with parameter estimation carried out by the iterative Gauss–Newton algorithm implemented in the R software. The results indicated an excellent fit of the model to the observed data, with a coefficient of determination of 99.84% and statistically significant parameters ($p < 0.001$). The estimated curve accurately described the rapid growth of the epidemic during the first months of the year, followed by a slowdown and stabilization in the cumulative number of cases. Therefore, it can be concluded that the Gompertz model proved to be an efficient alternative for describing the evolution of the dengue epidemic, highlighting the potential of nonlinear models as a valuable tool for epidemiological analysis and for supporting the planning of public health surveillance strategies.

Keywords: Dengue, Epidemiology, Gompertz model, Nonlinear regression, Statistical modeling.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	8
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	10
2.1 Dengue no contexto da Estatística.....	10
2.2 O Mosquito <i>Aedes aegypti</i>	12
2.3 Surgimento e disseminação do <i>Aedes aegypti</i> e da dengue no Brasil.....	13
2.4 Transmissão e sintomas.....	14
2.5 Prevenção e Tratamento da Dengue.....	15
2.6 Vacina da dengue.....	16
2.7 Uso de modelos não lineares para ajustar curvas de doenças.....	17
2.8 Coeficiente de correlação de postos de Spearman.....	18
2.9 Método dos Mínimos Quadrados.....	19
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1 Origem dos dados.....	22
3.2 Coeficiente de correlação de postos de Spearman.....	22
3.3 Modelos de regressão não linear.....	24
3.4 Método dos Mínimos Quadrados.....	25
3.5 Processos iterativos.....	27
4 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	28
4.1 Casos de dengue em Minas Gerais.....	28
4.2 Estimação do modelo Gompertz.....	30
REFERÊNCIAS.....	35

1 Introdução

Modelos de regressão são técnicas estatísticas amplamente utilizadas para modelar a relação entre uma variável dependente e uma ou mais variáveis independentes ou preditoras (variável que o pesquisador altera para investigar seus efeitos). Eles predizem valores, sendo largamente aplicados em diversas áreas do conhecimento, como engenharia, finanças e saúde, são comumente avaliados por métricas como o erro quadrático médio.

Os modelos de regressão mais utilizados podem ser classificados como modelos lineares, modelos lineares generalizados e modelos não lineares.

Os modelos lineares generalizados admitem outras distribuições para a variável resposta, além da normal, já o mesmo não ocorre com os modelos lineares e não lineares, uma vez que, a distribuição dos resíduos é normal acarretando normalidade na variável resposta.

Nos modelos de regressão não lineares, a definição principal é que a derivada parcial da função do modelo em relação aos parâmetros depende, pelo menos, de um dos parâmetros. Se as derivadas parciais em relação aos parâmetros forem constantes ou dependerem apenas das variáveis independentes (e não dos parâmetros), o modelo é definido como linear.

Os modelos lineares são possivelmente os mais utilizados, entretanto, é comum, em situações mais complexas, que eles não proporcionam um bom ajuste, sendo os modelos não lineares uma boa alternativa, uma vez que apresentam uma grande variedade de funções, flexibilidade superior para ajustar fenômenos reais que modelos lineares não capturam, permitem utilizar menos parâmetros para descrever relações complexas (parcimônia), frequentemente possuem parâmetros com interpretação física ou biológica direta, e proporcionam predições mais robustas fora da faixa de dados observados.

Na regressão não linear o ajuste é iterativo o que requer algoritmos como, por exemplo, Gauss Newton, Levenberg-Marquardt e Newton-Raphson, para encontrar as estimativas dos parâmetros, necessitando frequentemente de valores iniciais ("chutes

iniciais") para convergir, caso contrário o algoritmo pode não convergir ou travar em um máximo local, o que exige maior conhecimento sobre a natureza dos dados utilizados.

Em diversas áreas do conhecimento, como para modelagem de crescimento, cinética química, econometria e biologia, os modelos não lineares são amplamente utilizados, uma vez que capturam relações não constantes.

A dengue é uma doença que causa problemas significativos ao Brasil, impactando no sistema de saúde, em casos mais graves pode levar a óbito.

Dessa forma, o presente trabalho tem como objetivo apresentar uma rápida descrição dos modelos não lineares e os procedimentos para seu ajustamento, uma vez que, são técnicas poucas abordados nos cursos de graduação em Estatística. Posteriormente aplicar modelos de regressão não linear para descrever a incidência de casos de dengue no ano de 2023, a partir de uma base de dados epidemiológica. Com base na modelagem estatística, busca-se compreender os padrões de propagação da doença, fornecendo subsídios que possam contribuir para o planejamento de medidas de prevenção e controle da dengue.

2 Referencial teórico

2.1 Dengue no contexto da Estatística

A dengue é uma arbovirose de grande relevância para a saúde pública brasileira, transmitida principalmente pelo mosquito *Aedes aegypti*. A doença apresenta elevada incidência em regiões tropicais e subtropicais, encontrando no Brasil condições ambientais e sociais favoráveis à sua manutenção e expansão. A trajetória histórica do vetor e do vírus no território nacional está relacionada ao processo de colonização, à urbanização acelerada e às desigualdades estruturais que influenciam as condições sanitárias.

Bohm et al. (2016) observaram que as taxas de incidência de dengue no Brasil, em 2002 e 2012, permaneceram estáveis na maioria das UF, mas que ainda são altas no país e que políticas mais amplas com foco em novas estratégias de combate à dengue mostram-se necessárias.

A análise de dados epidemiológicos tem se mostrado fundamental para a compreensão do comportamento de doenças transmissíveis e para o suporte à tomada de decisões em saúde pública.

Almeida et al. (2019) observaram que o percentual de domicílios ligados à rede sanitária está associado significativamente à dengue, concluindo que problemas relacionados ao saneamento básico contribuem decisivamente para o aumento do risco da doença.

No caso da dengue, doença viral transmitida pelo mosquito *Aedes aegypti*, a evolução do número de casos ao longo do tempo apresenta variações complexas, influenciadas por diversos o que dificulta sua descrição por meio de modelos estatísticos simples.

Nesse contexto, a estatística oferece ferramentas capazes de modelar a relação entre o número de infectados e variáveis explicativas associadas ao tempo ou a outros fatores de interesse. Entre essas ferramentas, destacam-se os modelos de regressão, amplamente utilizados para descrever, analisar e prever o comportamento de fenômenos

observados. Contudo, nem sempre a relação entre as variáveis pode ser adequadamente representada por um modelo de regressão linear.

Fenômenos epidemiológicos, como a propagação da dengue, frequentemente apresentam comportamentos não lineares, caracterizados por crescimento acelerado, picos epidêmicos e períodos de declínio. Diante dessas características, os modelos de regressão não linear tornam-se especialmente adequados, pois permitem capturar padrões mais complexos e representar de forma mais realista a dinâmica da doença ao longo do tempo.

Assim, a utilização de modelos não lineares possibilita uma descrição mais precisa da evolução dos casos de dengue, contribuindo para a identificação de tendências e para a compreensão do comportamento temporal da infecção. Esses modelos apresentam grande relevância na área da epidemiologia, uma vez que auxiliam na interpretação de dados reais e no apoio às ações de vigilância e controle.

Nesello et al (2021) utilizaram os modelos não lineares Gompertz, Von Bertalanffy e Logístico, para ajustar a curva de prevalência de casos de Covid-19 da cidade de Palmas-TO, observaram que apesar da maior taxa de acometimento da dengue ser em adultos, a maior letalidade foi em idosos. Em relação a variável gênero, a maior taxa de acometimentos foi no sexo feminino e de letalidade no sexo masculino.

Os dados de casos de dengue são observados por semana epidemiológica que é uma padronização internacional de tempo, contada sempre de domingo a sábado, usada na área da saúde para registrar e monitorar a ocorrência de doenças, permitindo que os órgãos de saúde comparem dados de forma precisa ao longo dos anos, sem distorções causadas por variações nos calendários mensais.

A primeira semana epidemiológica do ano é aquela que contém a maior quantidade de dias do mês de janeiro. Por esse motivo, a primeira ou a última semana do ano frequentemente começam ou terminam avançando sobre o ano anterior ou seguinte

2.2 O Mosquito *Aedes aegypti*

Aedes aegypti significando "do Egito" é a nomenclatura taxonômica para o mosquito que é popularmente conhecido como mosquito-da-dengue ou pernilongo-rajado (FERREIRA, 1986)

Aedes aegypti é um mosquito menor do que os mosquitos comuns, é preto com listras brancas no tronco, na cabeça e nas pernas. Suas asas são translúcidas e o ruído que produzem é praticamente inaudível ao ser humano. (ESPÍRITO SANTO. SECRETARIA DA SAÚDE, [s.d.]).

É considerado vector de doenças graves, como dengue, febre amarela urbana, Zica e Chikungunya. O controle das suas populações é considerado assunto da saúde pública, uma vez que, tem acarretado altos custo a população para o tratamento às doenças causadas por este transmissor.

Os mosquitos machos do *Aedes aegypti*, assim como outros insetos se alimentam de frutas. A fêmea se alimenta de sangue de seres humanos ou de outros animais, o sangue é necessário para ela produzir ovos e não para que ela sobreviva, ela procura água limpa ou pouco poluída para despejar os ovos.

O mosquito passa por metamorfose completa (ovo, larva, pupa, adulto) em cerca de 7 a 10 dias, dependendo de temperatura e água disponível. É uma espécie estritamente doméstica comum em áreas urbanas, preferindo viver perto dos humanos para se alimentar de sangue (hematofagia). As fêmeas põem ovos em recipientes com água, e estes podem sobreviver secos por até um ano (NELSON,1986)

A fêmea vive em torno de 30 a 45 dias, ela chega a colocar cerca 100 a 200 ovos por ciclo, esses ovos não são colocados todos de uma vez no mesmo lugar ela espalha o mesmo em diferentes lugares. A fêmea transmite a doença quando completa seu ciclo evolutivo, caso ela esteja contaminada pelo vírus da dengue.

Os ovos não são postos na água, e sim milímetros acima de sua superfície, principalmente em recipientes artificiais. Quando chove, o nível da água sobe, entra em contato com os ovos que eclodem em pouco menos de 30 minutos. Em um período que varia entre sete e nove dias, a larva passa por quatro fases até dar origem a um novo mosquito: ovo, larva, pupa e adulto. (ESPÍRITO SANTO. SECRETARIA DA SAÚDE, [s.d.]).

O mosquito deposita seus ovos em recipientes como: tampas de garrafas, pneus velhos, pratos de planta, garrafas vazias, calhas, caixa d'água destampadas e entre outros.

O *Aedes aegypti* também possui outros ambientes propícios a reprodução como: bromélias, buracos de árvores e bambus.

A fêmea uma vez infectada, sempre portará o vírus. Assim seus descendentes provavelmente nascerão com o vírus. (SECRETARI

A DE SAÚDE, [s.d.]).

2.3 Surgimento e disseminação do *Aedes aegypti* e da dengue no Brasil

O surgimento mais antigo da dengue registrado na literatura científica ocorreu em 1779, na Ilha de Java, Indonésia. Nas Américas, evidências históricas apontam para a existência da doença há mais de duzentos anos, com surtos relatados no Caribe e nos Estados Unidos (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2001).

Entretanto, há indícios ainda mais antigos. Segundo Henschel e Putnak (1990), registros médicos chineses do ano 992 d.C., durante a dinastia Jin, descrevem uma enfermidade denominada “febre aquática”, associada à presença de insetos voadores, possivelmente compatível com dengue.

No Brasil, a trajetória do *Aedes aegypti* tem início documentado em 1686, com relatos de sua presença na Bahia, onde ocasionou uma grave epidemia de febre amarela, resultando em aproximadamente 25 mil casos e 900 óbitos. Durante o século XIX, o vetor expandiu-se por diversas províncias, seguindo as rotas marítimas, o que contribuiu para a ocorrência de surtos epidêmicos do norte ao sul do país.

Os primeiros relatos clínicos, no Brasil, compatíveis com dengue ocorreram em 1845, com surtos registrados nas cidades de Rio de Janeiro e Salvador, embora a confirmação laboratorial da circulação do vírus tenha ocorrido apenas no século XX (TEIXEIRA et al., 2009).

Dessa forma, embora a dengue seja considerada uma doença antiga, sua identificação científica e compreensão epidemiológica consolidaram-se apenas a partir do século XVIII, com registros mais sistematizados das epidemias.

Em 1901, influenciado pelas teorias do médico cubano Carlos Finlay, o sanitarista Emílio Ribas promoveu, na cidade de Sorocaba, uma das primeiras campanhas oficiais

de combate à febre amarela no Brasil, adotando medidas voltadas ao controle do mosquito transmissor, posteriormente identificado como *Aedes aegypti* (BENCHIMOL, 1999).

Em 1940, foi proposta oficialmente a erradicação do *Aedes aegypti* no Brasil, inspirada no sucesso obtido com a eliminação do mosquito *Anopheles gambiae*. A introdução do inseticida DDT, em 1947, permitiu ações de controle mais eficazes devido ao seu longo efeito residual, resultando na eliminação dos focos do vetor até 1955. Em 1958, durante a XV Conferência Sanitária Pan-Americana, o Brasil foi declarado livre do *Aedes aegypti*. Entretanto, a partir de 1967, ocorreram sucessivas reintroduções do mosquito, inicialmente em Belém e Salvador, expandindo-se posteriormente para diversos municípios. Entre 1978 e 1984, o vetor já estava presente em grande parte do território nacional (FRANCO, 1969; TEIXEIRA et al., 2009).

Na década de 1990, a disseminação tornou-se alarmante: em 1994, 18 estados estavam infestados; em 1995, restavam apenas dois sem registros; e, em 1998, o mosquito estava presente em todos os estados, com transmissão ativa em 22 deles. E em 1999, 3.535 dos 5.507 municípios apresentavam infestação, e 1.946 registravam casos de dengue, o que evidencia a complexidade do controle desse vetor e a necessidade de estratégias sustentadas e articuladas entre os diversos níveis de gestão em saúde pública (TEIXEIRA, 2000).

A partir do início do século XXI, os dados apontam para uma intensificação ainda maior da circulação viral no país, a dengue apresentou um expressivo avanço no Brasil, refletido pelo crescimento acentuado no número de casos e óbitos. Nesse período, houve elevação significativa nas taxas de incidência e mortalidade, bem como nos indicadores de impacto em saúde pública (CARNEIRO, 2017).

Nos últimos anos, a incidência de enfermidades causadas por arbovírus apresentou um aumento global acentuado (Gould et al., 2017)

Diante desse panorama histórico, é possível compreender a dimensão do desafio imposto pelo *Aedes aegypti* e sua capacidade de adaptação ao território brasileiro. Consolidada como uma doença que circula de forma constante em várias regiões do país, dessa forma compreender como a dengue é transmitida se torna essencial, e esse será o foco do próximo tópico.

2.4 Transmissão e sintomas

A transmissão da dengue ocorre por meio da picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, que necessita de sangue para suprir as demandas proteicas relacionadas ao processo de oviposição. Ao picar um indivíduo em período de viremia, o mosquito pode se infectar com o vírus e, posteriormente, transmiti-lo a outras pessoas durante novas picadas (BRASIL, 2023).

A viremia na dengue refere-se ao período em que o vírus da dengue (DENV) circula na corrente sanguínea do indivíduo infectado, sendo um estágio crucial para a transmissão da doença. Esse período geralmente ocorre nos primeiros 3 a 7 dias após o início dos sintomas, embora possa variar de acordo com o sorotipo viral e a resposta imunológica do hospedeiro. Durante a viremia, o vírus encontra-se em quantidade suficiente para infectar a fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, possibilitando a disseminação da doença para outros indivíduos suscetíveis (GUBLER, 1998).

A intensidade e duração da viremia estão associadas à gravidade da doença e ao risco de transmissão. Estudos indicam que a fase de viremia coincide com o período de febre, sendo um indicador epidemiológico essencial para estratégias de controle vetorial (HENCHAL; PUTNAK, 1990).

A transmissão do vírus da dengue ocorre quando este se multiplica no intestino médio do mosquito *Aedes aegypti*, processo que leva aproximadamente oito a doze dias. Após esse período, o vírus alcança as glândulas salivares do vetor, tornando-o capaz de transmitir a infecção a outros indivíduos durante toda a sua vida, que dura em média de oito a quinze dias. No ser humano, a fase virêmica dura cerca de seis dias, período em que o indivíduo infectado pode servir como fonte de vírus para os mosquitos (SILVA; SILVA, 2019).

A doença não é transmitida por contato direto entre pessoas, nem por meio de secreções, água ou alimentos. A forma mais conhecida é a transmissão vertical do vírus, quando ele passa da gestante para o bebê, embora esse seja um caso raro.

Atualmente, são conhecidos quatro sorotipos do vírus da dengue: DENV1, DENV2, DENV3 e DENV4. Eles podem causar desde quadros leves até os mais graves.

O *Aedes aegypti* sofre influência de períodos com alta umidade e temperaturas elevadas. Nessa época, o ciclo de vida e o período de incubação do mosquito são reduzidos, o que faz com que surjam mosquitos menores. Por isso, as fêmeas precisam de

uma quantidade maior de sangue para produzir seus ovos, o que acaba resultando em um maior número de pessoas infectadas.

Os sintomas da dengue podem se manifestar de diversas formas. Em muitos casos, a pessoa apresenta febre alta, dor de cabeça intensa, dores no corpo e nas articulações, náuseas e mal-estar geral. Também é comum sentir dor atrás dos olhos e apresentar cansaço extremo. No entanto, há pessoas que não apresentam sintomas ou que desenvolvem apenas um quadro leve, o que pode dificultar o diagnóstico.

Com o avanço da doença, o corpo pode ficar avermelhado devido ao surgimento de manchas na pele, e podem ocorrer pequenos sangramentos pelo nariz ou pelas gengivas. Em casos mais graves, surgem sinais de alerta, como dor abdominal intensa, vômitos persistentes, tontura e sangramentos mais acentuados. Esses sintomas indicam a possibilidade de dengue hemorrágica, uma forma grave da doença que requer atendimento médico urgente para evitar complicações.

2.5 Prevenção e Tratamento da Dengue

A prevenção da dengue é baseada principalmente no controle do vetor, *Aedes aegypti*, e na redução de criadouros, uma vez que não existe um tratamento antiviral específico para a doença.

É recomendado eliminar recipientes que acumulem água parada, como pneus, garrafas, caixas d'água descobertas e pratos de plantas, que funcionam como locais de reprodução do mosquito. O uso de repelentes, mosquiteiros e roupas que cubram a maior parte do corpo também reduz o risco de picadas (BRASIL, 2023).

Campanhas de conscientização, programas de fiscalização de imóveis e aplicação de inseticidas em áreas de alta infestação são medidas essenciais. A integração de ações educativas e de saneamento básico contribui para a redução da população do vetor e, conseqüentemente, da incidência de dengue (TEIXEIRA et al., 2009).

Além disso, a vacinação é uma estratégia complementar em áreas endêmicas.

A prevenção da dengue depende da cooperação e o envolvimento de toda a comunidade, junto com o apoio dos serviços de saúde da região, a melhoria do saneamento básico e a manutenção da vigilância epidemiológica.

Até o momento, não existe um tratamento específico para a dengue. A tratamento adotado é baseado ingestão de bastante líquido, fazer uso do soro de reidratação oral e utilizar apenas os medicamentos indicados pelo médico, controle da febre e outros sintomas, além de repouso. Essas medidas visam tratar as complicações que podem surgir durante a evolução da doença, prevenindo o desenvolvimento da forma grave, como a dengue hemorrágica ou a síndrome do choque da dengue (MINEIROS, 2019).

Tratamento da dengue hemorrágica: geralmente é realizado em ambiente hospitalar, podendo envolver a administração de soro diretamente na veia e o uso de medicamentos sob prescrição médica. Nos casos mais graves, em que ocorre perda significativa de sangue, pode ser necessária a realização de transfusão sanguínea para repor o volume perdido e estabilizar o paciente.

A prevenção continua sendo a forma mais eficaz de combater a dengue, mas o diagnóstico precoce e o tratamento adequado são fundamentais para evitar complicações e garantir a recuperação completa do paciente.

2.6 Vacina da dengue

A vacinação representa uma estratégia complementar ao controle do mosquito *Aedes aegypti* e às medidas de prevenção habituais. Atualmente, duas vacinas contra a dengue foram licenciadas para uso em diferentes países: Dengvaxia® (CYD-TDV) e Qdenga® (TAK-003).

Dengvaxia® é uma vacina tetravalente de vírus vivo atenuado desenvolvida pela *Sanofi Pasteur*, indicada principalmente para indivíduos que já tiveram infecção prévia por dengue, devido ao risco de formas graves em pessoas soronegativas. O esquema vacinal consiste em três doses, administradas com intervalo de seis meses, sendo licenciada em diversos países endêmicos, incluindo o Brasil (BRASIL, 2024).

A Qdenga® (TAK-003) é uma vacina tetravalente de vírus vivo atenuado, desenvolvida pela empresa *Takeda*, projetada para oferecer proteção contra os quatro sorotipos do vírus da dengue. A vacina utiliza a estrutura genética do sorotipo 2 para induzir resposta imune ampla e é administrada em duas doses com intervalo de três meses (0 e 3 meses).

Em 2024, a Organização Mundial da Saúde (OMS) incluiu a Qdenga® em sua lista de vacinas pré-qualificadas, recomendando seu uso em contextos de alta transmissão, especialmente em crianças de 6 a 16 anos, com o objetivo de reduzir a incidência de casos sintomáticos e formas graves da doença. A pré-qualificação pela OMS permite que a vacina seja adquirida por agências multilaterais como UNICEF e PAHO, ampliando seu acesso em países endêmicos (WHO, 2024).

No Brasil, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) aprovou a Qdenga® para uso em indivíduos de 4 a 60 anos, sem necessidade de teste sorológico prévio, contribuindo como ferramenta importante de prevenção integrada da dengue (ANVISA, 2023).

Estudos indicam que a vacina proporciona redução significativa de hospitalizações e casos graves de dengue, embora não elimine totalmente o risco de infecção. Por esse motivo, as medidas preventivas tradicionais, como eliminação de criadouros e proteção individual contra picadas do mosquito, continuam sendo essenciais, mesmo em populações vacinadas (BRASIL, 2023).

A vacinação, portanto, deve ser compreendida como complementar ao controle do vetor e à vigilância epidemiológica, e sua implementação exige planejamento estratégico, monitoramento contínuo da cobertura vacinal e educação em saúde para a população.

2.7 Uso de modelos não lineares para ajustar curvas de doenças

Os modelos de regressão não linear não seguem uma relação linear básica entre as variáveis independentes (explicativas ou regressora), que podem ser fixas (controladas) ou aleatórias, e a variável dependente ou de resposta. Esses modelos possibilitam a representação de relações mais complexas, como curvas, padrões oscilatórios, interações não lineares e até comportamentos dinâmicos mais imprevisíveis.

Esse tipo de modelagem é bastante empregado em campos como física, biologia, engenharia, economia e várias ciências aplicadas, especialmente para descrever fenômenos complexos ou fazer previsões mais precisas.

Um modelo é visto como não linear quando sua equação não é linear em relação aos parâmetros. Em outras palavras, pelo menos uma das derivadas parciais da função em

relação a um determinado parâmetro dependente de um parâmetro desconhecido. Assim, ao contrário da regressão linear, não há forma fechada para a estimativa dos parâmetros, é preciso utilizar algoritmos de crescimento numérico para obter os valores ajustados.

Uma das principais vantagens dos modelos não lineares é que, em diversas situações, eles permitem uma representação mais detalhada e fiel da relação entre as variáveis estudadas. Além disso, muitos desses modelos apresentam parâmetros com interpretação biológica direta e, frequentemente, são mais econômicos em termos de parâmetros do que modelos lineares correspondentes.

Entre as limitações dos modelos não lineares, destaca-se o fato de que seus métodos de inferência são, em grande parte, aproximados e dependem de processos iterativos para a estimação dos parâmetros, o que pode tornar o ajuste mais complexo e sensível a escolhas iniciais. Essa é uma das principais desvantagens em relação aos modelos lineares. Ainda assim, o avanço dos recursos computacionais tem reduzido significativamente esses desafios, tornando os ajustes mais estáveis, eficientes e confiáveis.

Na epidemiologia os modelos não lineares desempenham papel fundamental na descrição e previsão de doenças infecciosas. Diferentemente dos modelos lineares simples, que supõem relações proporcionais diretas entre variáveis, os modelos não lineares capturam interações mais complexas, como saturação, efeitos de comportamento humano e heterogeneidade populacional, que frequentemente ocorrem em epidemias reais.

O uso de modelagem não linear na epidemiologia permite não apenas ajustar curvas de casos observados, mas também explorar a sensibilidade do sistema a diferentes condições epidemiológicas, fornecendo uma ferramenta robusta para pesquisadores e formuladores de políticas no enfrentamento de surtos e pandemias.

Vasconcelos e Moura (2020) utilizaram o modelo de regressão logística, estabelecendo uma equação que permite encaminhar os pacientes que testaram positivo para suas residências ou para algum hospital com um nível satisfatório de acertos.

2.8 Coeficiente de correlação de postos de Spearman

Para analisar se há correlação entre duas variáveis quantitativas deve ser feita primeiramente a visualização do diagrama de dispersão (ou gráfico de dispersão) que é uma ferramenta visual que expõe a relação entre duas variáveis numéricas, representada por pontos em um plano cartesiano. Ele permite identificar a existência e a força de uma correlação, indicando padrões, tendências, ou a falta de relação entre elas.

Uma técnica complementar ao diagrama de dispersão é o coeficiente de correlação, para o qual é obtido um valor numérico.

O coeficiente de Spearman é uma medida estatística não paramétrica que avalia a força e a direção da associação entre duas variáveis, classificando os dados em vez de usar seus valores originais, e testando a relação monotônica entre elas.

Ele é adequado para dados ordinais ou quando se espera uma relação que não seja linear, variando de -1 (associação negativa perfeita) a +1 (associação positiva perfeita), onde 0 indica nenhuma associação.

A correlação de Spearman entre duas variáveis é igual à correlação de Pearson entre os valores de classificação dessas duas variáveis; enquanto a correlação de Pearson avalia relações lineares, a correlação de Spearman avalia relações monotônicas (lineares ou não).

Há alguns testes estatísticos que exploram a intensidade e o sentido do comportamento mútuo entre variáveis, estes testes são chamados testes de correlação.

A aplicação de métodos não paramétricos conjuntamente com modelagem complexa em dados de dengue é amplamente fundamentada na literatura epidemiológica.

Como a infecção e a proliferação do mosquito *Aedes aegypti* dependem fortemente de variáveis ambientais e climáticas (que raramente se comportam de forma linear), os pesquisadores utilizam ao coeficiente de Spearman e a modelos não lineares para compreender esses padrões

É comum que, em uma pesquisa, seja do interesse do pesquisador averiguar se os valores de duas ou mais variáveis se modificam de forma conjunta.

Em um estudo referente a infraestrutura urbana, Vidal (2019) observou que o coeficiente de Pearson baixo gerou falsas conclusões. Ao aplicar o coeficiente de Spearman, conseguiram capturar tendências não lineares ocultas entre o acúmulo de resíduos em lotes vagos e os surtos de dengue.

Dasari (2025) explica que nem todas as relações entre variáveis são lineares, e a correlação de Pearson funciona melhor quando a relação segue um padrão de linha reta. Quando a relação não é linear, mas ainda assim apresenta uma tendência consistente em uma direção, utilizamos o coeficiente de correlação de Spearman para capturar esse padrão.

2.9 Método dos Mínimos Quadrados

O método dos mínimos quadrados (MMQ), no contexto da regressão não linear, consiste em um procedimento de estimação de parâmetros no qual se busca determinar os valores que minimizam a soma dos quadrados dos resíduos entre os valores observados e aqueles fornecidos por um modelo não linear. Diferentemente da regressão linear, na regressão não linear os parâmetros do modelo aparecem de forma não linear na função que relaciona a variável resposta as variáveis explicativas, impossibilitando a obtenção de uma solução analítica fechada para os estimadores.

O MMQ na regressão não linear é utilizado para ajustar modelos que descrevem relações complexas entre variáveis, frequentemente encontradas em áreas como biologia, farmacologia, economia, engenharia e ciências ambientais. Esse método permite modelar processos de crescimento, saturação, decaimento e outras dinâmicas que não podem ser adequadamente representadas por funções lineares.

3. Material e Métodos

3.1 Origem dos dados

Para este estudo, foram utilizados dados referentes aos casos de dengue de Minas Gerais no ano de 2024, obtidos no Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS), por meio do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN).

A utilização do DATASUS possibilita o acesso a dados padronizados e de ampla cobertura populacional, contribuindo para a realização de análises epidemiológicas e para a compreensão do comportamento da dengue na população estudada. Apesar de sua relevância e confiabilidade como fonte de informação em saúde pública, os dados podem apresentar limitações relacionadas à subnotificação dos casos, inconsistências no preenchimento das notificações e atrasos na atualização do sistema.

3.2 Coeficiente de correlação de postos de Spearman

É comum que, em uma pesquisa, seja do interesse do pesquisador verificar se os valores de duas ou mais variáveis se modificam de forma conjunta.

O coeficiente de Spearman é uma medida estatística não paramétrica que avalia a força e a direção da associação entre duas variáveis, classificando os dados em vez de usar seus valores originais, e testando a relação monotônica entre elas.

Ele é adequado para dados ordinais ou quando se espera uma relação que não seja linear, variando de -1 (associação negativa perfeita) a +1 (associação positiva perfeita), onde 0 indica nenhuma associação.

Os valores de cada variável são convertidos em postos (rankings), onde o menor valor recebe o posto 1, o segundo menor recebe o posto 2, e assim por diante. A correlação é calculada entre esses postos, e não entre os valores originais das variáveis.

A correlação é monotônica perfeita positiva quando $r=1$. À medida que uma variável aumenta, a outra também aumenta de forma consistente, a correlação é monotônica perfeita negativa quando $r= -1$. À medida que uma variável aumenta, a outra diminui de forma consistente. A ausência de associação monotônica entre as variáveis ocorre quando $r=0$.

Pra amostras de tamanho n , os n pares de pontuações brutas $(X_i; Y_i)$ são convertidos em classificações $R[X_i]$, $R[Y_i]$ e coeficiente de correlação de Spearman é calculado como:

$$r = \rho[R[X_i], R[Y_i]] = \frac{cov(R[X_i], R[Y_i])}{\sigma_{R[X]} \sigma_{R[Y]}}$$

Em que:

- ρ denota o operador de coeficiente de correlação de Pearson convencional, mas aplicado às variáveis de classificação,
- é a covariância das variáveis de classificação,
- são os desvios padrão das variáveis de classificação.

Somente quando todas as classificações são números inteiros distintos (sem empates), podem ser calculadas usando a fórmula popular:

$$r = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

Em que:

- d é a diferença entre as duas classificações (postos) de cada observação,
- n é o número de observações.

Se houver empates no conjunto de dados, a fórmula simplificada acima produzirá resultados incorretos.

Para testar a significância do coeficiente de correlação de Spearman, utilizamos as seguintes hipóteses:

1. Hipóteses

$H_0: \rho_s = 0$ (não existe correlação monotônica entre as variáveis)

$H_1: \rho_s \neq 0$ (existe correlação monotônica entre as variáveis)

3.3 Modelos de regressão não linear

Ao observar o diagrama de dispersão na Figura 2 percebe-se que o crescimento é muito rápido entre os meses 1 e 4, em seguida, aproxima-se de um platô em torno de 1.666.000 casos acumulados. Esse comportamento é típico de um modelo assintótico, o que resultou na escolha do modelo não linear Gompertz por ter esta característica.

Foi utilizada a função `SSgompertz()` do R (pacote **stats**), e o modelo de Gompertz é parametrizado como:

$$y = A \times \exp(-b_2 b_3^x)$$

onde:

- **A**: assíntota superior ($\lim_{x \rightarrow \infty} y = A$ que é o valor máximo da curva);
- **b2**: parâmetro relacionado ao valor inicial da curva;
- **b3**: parâmetro relacionado à taxa de crescimento, controla a rapidez com que a curva se aproxima da assíntota (deve satisfazer $0 < b_3 < 1$ para uma curva crescente); quanto menor for b_3 maior o em crescimento e mais rapidamente a curva se aproxima da assíntota. Quanto mais próximo de 1 for b_3 , mais lentamente a curva cresce.
- **x**: variável independente.

Para a estimação dos parâmetros do modelo foi utilizado método dos mínimos quadrados ordinários através do processo iterativo de Gauss-Newton

3.4 Método dos Mínimos Quadrados

O método dos mínimos quadrados (MMQ), no contexto da regressão não linear, consiste em um procedimento de estimação de parâmetros no qual se busca determinar os

valores que minimizam a soma dos quadrados dos resíduos entre os valores observados e aqueles fornecidos por um modelo não linear.

Considere o modelo de regressão não linear dado por:

$$y_i = f(x_i, \theta) + \varepsilon_i \quad i = 1, 2, \dots, n$$

em que:

y_i = representa a variável resposta observada.

x_i é o vetor de variáveis explicativas associadas à observação i .

θ é o vetor de parâmetros desconhecidos.

$f(x_i, \theta) = \begin{bmatrix} f(x_1, \theta) \\ f(x_2, \theta) \\ \vdots \\ f(x_n, \theta) \end{bmatrix}$ é a função que relaciona x_i e y_i , através dos parâmetros θ .

$\varepsilon_i = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix}$ é o erro aleatório associado à observação de i .

O Método dos Mínimos Quadrados não lineares baseia-se na minimização da soma dos quadrados dos resíduos, definida por:

$$SQRes(\theta) = \sum_{i=1}^n [y_i - f(x_i, \theta)]^2$$

Em notação vetorial, essa expressão pode ser escrita como:

$$SQRes(\theta) = \|y - f(\theta)\|^2$$

$$SQRes(\theta) = [y - f(\theta)]^T [y - f(\theta)]$$

temos que:

$SQRes$: Expressa a soma dos quadrados dos erros aleatórios associada ao modelo, a qual é minimizada em relação a θ .

$\|y - f(\theta)\|$ é a norma euclidiana de $y - f(\theta)$.

Derivando $SQRes(\theta)$ em relação a θ , igualando-se a zero se obtém o sistema de equações normais (SEN) não-linear, onde não possível obter uma solução explícita para os parâmetros, sendo necessário a utilização de métodos iterativos.

Desta forma, o estimador de mínimos quadrados θ que satisfaz a equação $\frac{SQRes(\theta)}{\partial \theta^T} = \phi$ representa a minimização em estudo, dada por:

$$\frac{SQRes(\theta)}{\partial \theta^T} = \frac{\partial}{\partial \theta^T} [y - f(\theta)]^T [y - f(\theta)] = -2[y - f(\theta)]^T F(\theta), \text{ em que } F(\theta) \text{ é a matriz}$$

Jacobiana de $f(\theta)$ de dimensão $n \times p$ dada por:

$$F(\theta) = \frac{\partial f(\theta)}{\partial \theta} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_p} \\ \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_p} \end{bmatrix}$$

Logo, tem-se:

$$-2[y - f(\theta)]^T F(\theta) = \phi$$

$$-2F^T(\theta)[y - f(\theta)] = \phi$$

$$F^T(\theta)[y - f(\theta)] = \phi$$

Portanto, o sistema de equações normais (SEN), para um modelos não-lineares é dado por:

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 \\ \vdots & \vdots \end{bmatrix} \theta = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix}$$

Estas equações do SEN acima são não lineares nos estimadores e, em geral, não existe uma solução explícita. Sendo assim, a solução para o sistema deve ser obtida por meio de processos iterativos.

3.5 Processos iterativos

Uma maneira de resolver problemas de mínimos quadrados não-lineares é através de procedimentos numéricos por meio de métodos iterativos no qual é determinada a solução do SEN (Sistema de Equações Normais).

Um método iterativo amplamente utilizado para regressão não-linear é o Método de Gauss-Newton, no qual é feita a linearização da função não-linear.

Seja $y_i = f(x_i, \theta) + \varepsilon_i$ o modelo não-linear e θ_0 um valor tal que $F^T(\theta_0)[y - f(\theta_0)] \approx 0$. Por expansão de série de Taylor de primeira ordem pelo ponto θ_0 tem-se: $f(\theta) \approx f(\theta_0) + F(\theta_0)(\theta - \theta_0)$.

Sendo assim, aplicando a aproximação anterior em $F^T(\theta)[y - f(\theta)] \approx \varphi$ obtém-se: $F^T(\theta)[y - f(\theta_0) - F(\theta_0)(\theta - \theta_0)] \approx \varphi$.

Ao multiplicar $[F^T(\theta_0)F(\theta_0)]^{-1}$ à esquerda de ambos os lados obtém-se: $y - f(\theta_0) - F(\theta_0)\theta \approx \varphi$.

Dessa forma: $F(\theta_0)\theta \approx F(\theta_0)\theta_0 + [y - f(\theta_0)]$.

Multiplicando por $[F(\theta_0)]^{-1}$ à esquerda: $\theta = \theta_0 + [F(\theta_0)]^{-1}[y - f(\theta_0)]$.

Tomando $\theta_0 = \theta_{i-1}$ e $\theta = \theta_i$ obtém-se: $\theta_{i+1} = \theta_i + [F(\theta_i)]^{-1}[y - f(\theta_i)]$, que é a expressão para a i-ésima iteração do processo iterativo de Gauss-Newton.

Isto gera um processo iterativo para determinar θ onde se pretende que $SQE(\theta_i)$ seja menor que $SQE(\theta_{i-1})$, sendo θ_i um estimador melhor que θ_{i-1} .

O processo iterativo continua até a convergência, isto é:

$$|(\theta_{ij+1} - \theta_{ij})/\theta_{ij}| < \delta, \quad j = 1, 2, \dots, p.$$

Onde δ é um número pequeno para garantir redução sucessiva da SQE.

Após a convergência, o quadrado médio residual é dado por:

$$QMR = \Sigma[y_i - f(x_i, \theta)]^2 / (n-p), \text{ que é um estimador de } \sigma^2.$$

Um problema dos métodos iterativos é determinar os valores iniciais θ_0 dos parâmetros utilizados para o ajustamento de modelos de regressão não-linear. A escolha de valores próximos aos verdadeiros facilita a convergência do processo iterativo.

Segundo Regazzi (2003), podem ser utilizadas estimativas de trabalhos anteriores, parâmetros com significado biológico ou a linearização do modelo para obtenção dos valores iniciais.

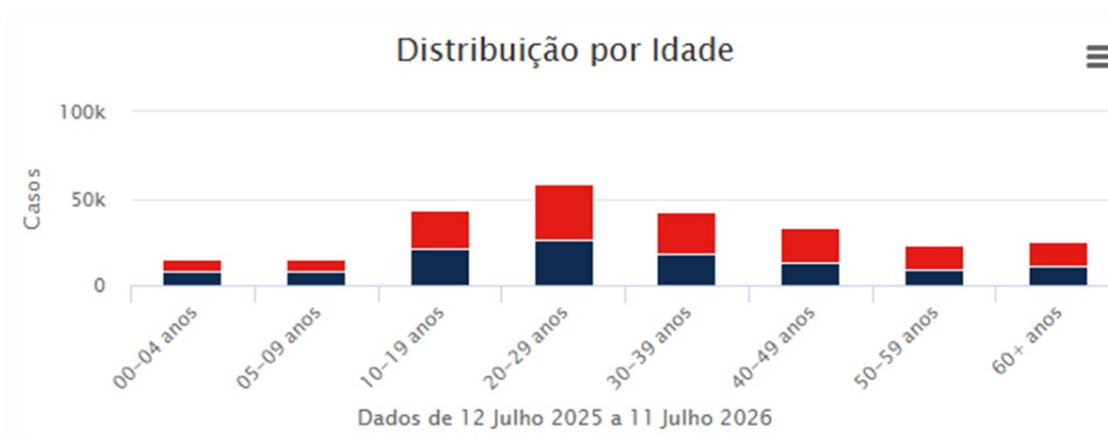
Neste trabalho foi analisado o diagrama de dispersão dos dados para determinar os valores iniciais dos parâmetros

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1 Casos de dengue em Minas Gerais

A figura 1 apresenta a distribuição dos casos de dengue por faixa etária, considerando o período de 12 de julho de 2025 a 11 de julho de 2026. No eixo vertical está o número de casos (até 100 mil), enquanto o eixo horizontal mostra as diferentes faixas etárias.

Figura1 - Casos de dengue por faixa etária e gênero



- Mulheres
- Homens

Fonte: info.dengue.mat.br

Nota-se que, quanto ao gênero, há uma pequena predominância, em quase todas as faixas etárias, no número de casos de mulheres infectadas, sugerindo que essa categoria representa a maior parte dos infectados.

Percebe-se que a faixa etária de 20–29 anos concentra o maior número de casos, ultrapassando aproximadamente 55 mil notificações, indicando que adultos jovens representam o grupo mais afetado.

As faixas 10–19 anos e 30–39 anos também apresentam elevada ocorrência, com cerca de 40–45 mil casos, sugerindo que adolescentes e adultos em idade produtiva são os mais expostos ou suscetíveis.

A partir dos 40 anos, observa-se uma redução gradual no número de casos, embora as faixas 40–49, 50–59 e 60 anos ou mais ainda registrem quantidades relevantes.

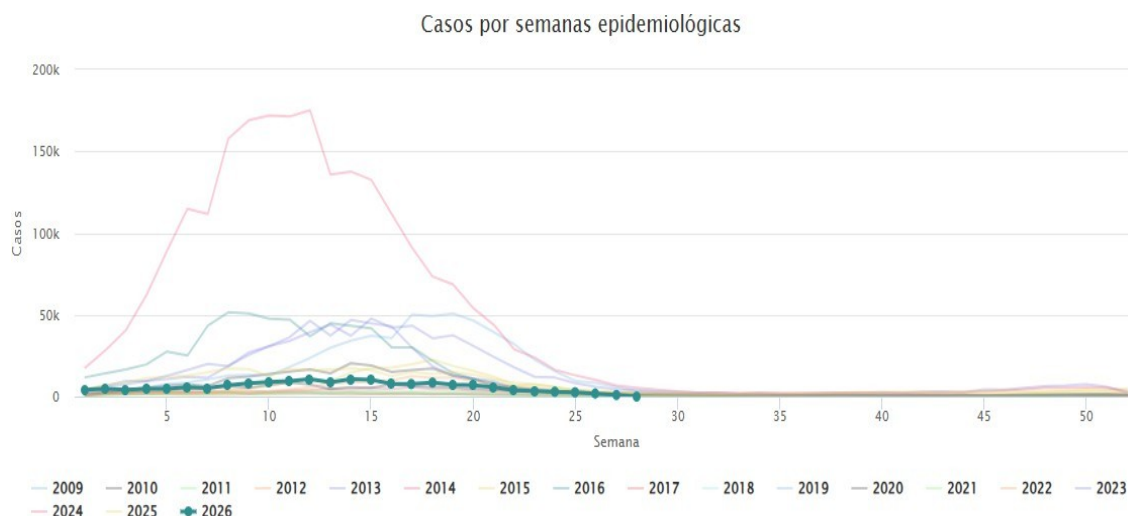
As crianças de 0–4 anos e 5–9 anos apresentam os menores números de casos, indicando menor incidência nessa população em comparação com os demais grupos.

O padrão observado está de acordo com a epidemiologia da dengue, a maior concentração de casos ocorre em adultos jovens, possivelmente devido à maior mobilidade e exposição ao mosquito *Aedes aegypti*. Embora os idosos apresentem menos casos absolutos, esse grupo merece atenção especial, pois possui maior risco de desenvolver formas graves e complicações da doença.

A figura evidencia que a maior incidência da dengue está concentrada principalmente entre 10 e 39 anos, com pico na faixa de 20–29 anos. Esses resultados sugerem a necessidade de intensificar ações de prevenção, vigilância e educação em saúde voltadas para adolescentes e adultos jovens, sem negligenciar crianças e idosos, que apresentam maior vulnerabilidade.

A figura 4 retrata os casos de dengue em Minas Gerais, distribuídos pelas semanas epidemiológicas, contemplando os anos de 2009 a 2026.

Figura 4 – Casos de dengue em Minas Gerais, distribuídos pelas semanas epidemiológicas, cobrindo o período de 2009 a 2026.



Fonte: info.dengue.mat.br

Na figura 4 percebe-se que há um padrão epidemiológico claro. Os casos se concentram no primeiro semestre do ano (semanas 1 a 25). O pico das curvas ocorre geralmente entre as semanas 10 e 15 (fim do verão e início do outono). Após a semana 25 (inverno), os registros caem para níveis próximos a zero em quase todos os anos.

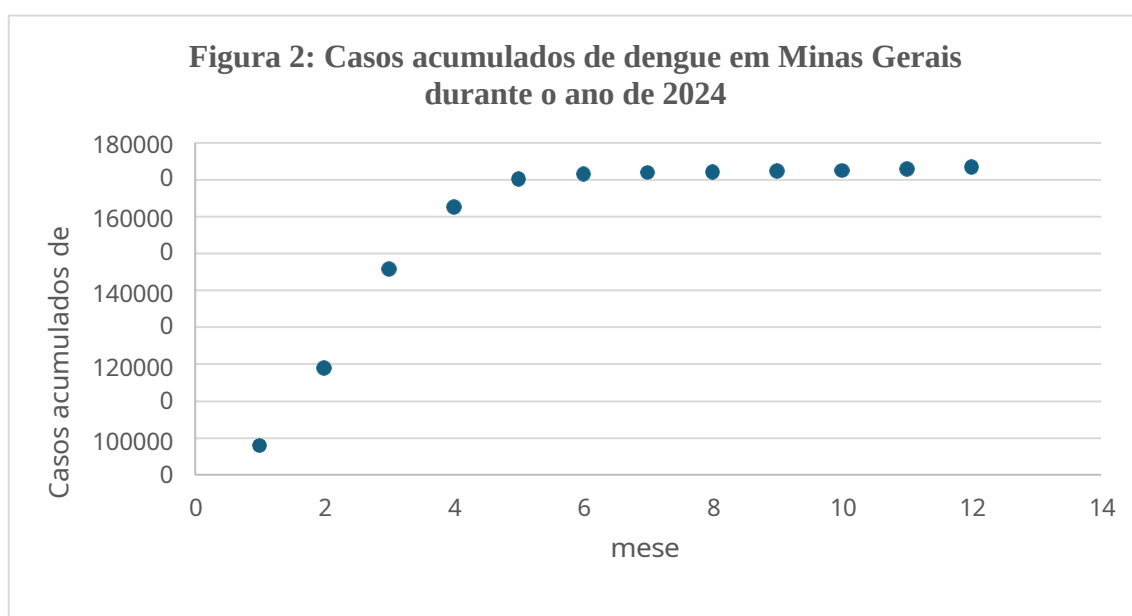
O Ano Atípico 2024, linha rosa claro, se destaca drasticamente dos demais, registrou uma epidemia severa e sem precedentes históricos no gráfico. O pico ultrapassou a marca de 175 mil casos semanais por volta da semana 12.

O Ano recente 2026, a linha verde escura, com marcadores circulares mostra o cenário atual de 2026 até por volta da semana 28. O comportamento deste ano mostra-se controlado. A curva se manteve achatada, com pico inferior a 25 mil casos semanais. O ciclo de transmissão já se encerrou, operando na faixa de estabilidade do segundo semestre.

Os demais anos oscila em patamares intermediários. Eles registram picos sazonais que variam entre 25mil e 50mil casos semanais.

4.2 Estimação do modelo Gompertz

A Figura 2 apresenta a evolução dos casos acumulados de dengue ao longo do ano de 2024, em Minas Gerais. A escolha do ano se deve ao fato de que foi o pior ano de epidemia de dengue no Brasil, considerado o maior da série histórica desde o início dos registros nacionais. Segundo dados do Ministério da Saúde, foram registrados aproximadamente 6,48 milhões de casos prováveis e 5.972 óbitos no Brasil, superando amplamente todos os recordes anteriores. Esse cenário foi favorecido por fatores climáticos, como temperaturas elevadas e o fenômeno El Niño, além da ampla circulação do vetor *Aedes aegypti* e dos diferentes sorotipos do vírus, tornando 2024 o ano de maior impacto epidemiológico da dengue no país.



Observa-se, na Figura 2, um crescimento muito acentuado entre os primeiros meses do ano, com aumento expressivo de janeiro até abril. Esse comportamento indica que a maior parte das notificações ocorreu no primeiro quadrimestre, período que coincide com os meses mais quentes e chuvosos, condições que favorecem a proliferação do mosquito *Aedes aegypti* e, conseqüentemente, a transmissão da dengue.

A partir de maio, a curva passa a apresentar uma tendência de estabilização, com incrementos mensais cada vez menores. Isso significa que, embora novos casos ainda tenham sido registrados ao longo do restante do ano, o ritmo de crescimento diminuiu significativamente em relação aos primeiros meses. Esse comportamento é esperado em

uma curva de casos acumulados, pois os valores nunca diminuem, apenas aumentam ou permanecem próximos de um platô.

Ao final do mês de dezembro, o total acumulado aproxima-se de 1,65 milhão de casos, evidenciando a magnitude da epidemia registrada em 2024. Esse resultado está de acordo com os registros nacionais do Ministério da Saúde, que apontaram 2024 como um dos anos de maior incidência de dengue no Brasil, superando os recordes históricos observados em anos anteriores.

A figura demonstra que a epidemia se concentrou principalmente no início do ano, seguida de desaceleração e estabilização dos casos acumulados nos meses subsequentes, refletindo o comportamento sazonal característico da dengue no Brasil.

Em 2024, Minas Gerais registrou aproximadamente 1,7 milhão de casos acumulados (casos prováveis) de dengue, configurando a maior epidemia da história do estado.

O coeficiente de Spearman estimado foi igual a 1, com tamanho da amostra $n = 12$, e nível de significância de 5% o valor crítico de r é igual a 0,587, conclui-se que existe evidência amostral para a rejeição de H_0 . É importante destacar que em séries temporais de casos acumulados de dengue, esse comportamento é esperado, pois os casos acumulados, por definição, não diminuem ao longo do tempo. Por esse motivo, um coeficiente de Spearman igual a 1 é uma consequência natural da estrutura dos dados e não deve ser interpretado, isoladamente.

As estimativas dos parâmetros do modelo Gompertz com equação: $y = A \times \exp(-b_2 b^x)$ foram:

	Estimativa dos parâmetros		Erro padrão	Valor de t	P - valor
A	1,659e+06		8,669e+03	191,43	< 2e-16
b₂	6,951		5,618e-01	12,37	5,93e-07
b₃	0,3821		1,337e-02	28,57	3,84e-10

O parâmetro A, estimado em aproximadamente 1.659.000, representa a assíntota do modelo, ou seja, o número máximo de casos acumulados de dengue esperado ao final

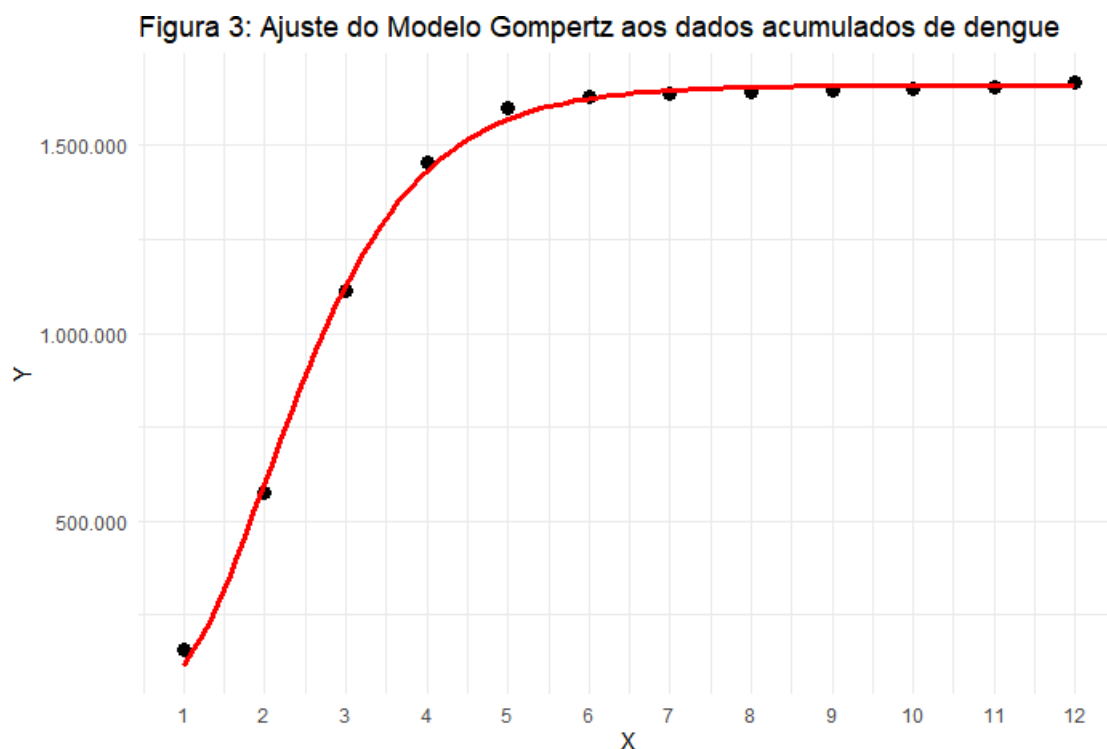
do período de crescimento da epidemia. Esse parâmetro foi altamente significativo ($p < 0,001$), evidenciando que o limite superior estimado é estatisticamente diferente de zero.

O parâmetro b_2 foi estimado em 6,951 e apresentou significância estatística ($p < 0,001$). Esse parâmetro está relacionado à posição da curva no eixo do tempo, influenciando o momento em que ocorre a fase de crescimento acelerado da epidemia. Já o parâmetro b_3 foi estimado em 0,3821, foi igualmente altamente significativo ($p < 0,001$), está associado à taxa de crescimento da curva de Gompertz, determinando a velocidade com que o número acumulado de casos se aproxima da assíntota.

Todos os parâmetros do modelo apresentaram elevados valores da estatística (t) e valores de (p) inferiores a 0,001, indicando que contribuem significativamente para explicar a evolução temporal dos casos acumulados de dengue.

O erro padrão residual foi de 22140 casos, representando a magnitude média dos desvios entre os valores observados e os valores estimados pelo modelo. Considerando que os casos acumulados atingem aproximadamente 1,66 milhão, esse erro corresponde a cerca de 1,3% do valor assintótico estimado, sugerindo um bom ajuste do modelo aos dados observados.

De forma geral, os resultados indicam que o modelo de Gompertz descreve adequadamente a dinâmica de crescimento acumulado dos casos de dengue, caracterizada por um crescimento inicial acelerado, seguido de desaceleração progressiva até a estabilização próxima ao valor assintótico estimado. Esse comportamento é compatível com a evolução esperada de epidemias, nas quais o número acumulado de casos tende a crescer rapidamente no início e a se estabilizar à medida que a transmissão diminui.



O gráfico da Figura 3 mostra o excelente ajuste do modelo não linear de Gompertz aos dados acumulados de dengue evidenciado pela proximidade entre a curva estimada (linha vermelha) e os dados reais (pontos pretos). A curva descreve um comportamento sigmoide clássico de crescimento epidemiológico. Inicialmente, ocorre uma expansão acelerada e exponencial de casos até o terceiro período. Na sequência, observa-se um ponto de inflexão seguido por desaceleração entre os períodos 4 e 6. Por fim, a partir do sétimo período, o surto atinge a maturidade e entra em estabilização.

O modelo não linear de Gompertz consegue explicar 99,84% (valor do R^2) da variabilidade total do número de casos acumulados de dengue ao longo do tempo. Apenas uma fração mínima (0,16%) da variação dos dados se deve ao erro residual ou a fatores não capturados pela equação.

Um coeficiente desse nível confirma que a curva matemática estimada descreve com extrema precisão a dinâmica real do surto epidêmico. Na prática, isso valida o uso do modelo tanto para compreender o histórico do avanço da doença quanto para realizar projeções confiáveis de quando o surto da doença atinge a maturidade e entra em estabilização.

Esperamos ter contribuído para ilustrar a grande flexibilidade e aplicabilidade dos modelos não lineares, nas mais diversas áreas do conhecimento.

Referências:

AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA – ANVISA. **Vacina Qdenga (TAK-003) aprovada no Brasil**. Brasília: Anvisa, 2023. Disponível em: <https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/medicamentos/novos-medicamentos-e-indicacoes/qdenga-vacina-dengue-1-2-3-e-4-atenuada-novo-registro>. Acesso em: 23 fev. 2026.

BRASIL. Ministério da Saúde. *Dengue Instruções para Pessoal de Combate ao Vetor - Manual de Normas Técnicas*. [Brasília]: Ministério da Saúde, Abril.2001. Disponível em: https://bvsmis.saude.gov.br/bvs/publicacoes/funasa/man_dengue.pdf. Acesso em: 22, jun de 2025.

DASARI, Nikhil. *Spearman Correlation Coefficient for When Pearson Isn't Enough*. Towards Data Science, 13 nov. 2025. Disponível em: <https://towardsdatascience.com/spearman-correlation-coefficient-for-when-pearson-isnt-enough/> Acesso em: 12 jul. 2026

TEIXEIRA, Maria da Glória Lima Cruz Teixeira. Dengue e espaços intra-urbanos: Dinâmica de circulação viral e efetividade de ações de combate vetorial, Salvador, p. 8-11, 2000. <https://bvsmis.saude.gov.br/bvs/ct/PDF/1dout.pdf>. Acesso em: 30, ago de 2025.

CARNEIRO, Mariângela Carneiro. Aumento da carga de dengue no Brasil e unidades federadas, 2000 e 2015: análise do *Global Burden of Disease Study* 2015, p. 7, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbepid/a/LSLvTbD7jfd7r5BbD7dzWcP/>. Acesso em: 22, jun de 2025.

SECRETARIA DE SAÚDE DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO. *Mosquito – Aedes Aegypti*. Espírito Santo [s.d.]. Disponível em: <https://mosquito.saude.es.gov.br/aedes-aedypti>. Acesso em: 22, jun de 2025.

COSTA, Flávia. *Tratamento para dengue: Clássica ou hemorrágica (e quando ir ao hospital)*. Tua Saúde, 2025. Disponível em: <https://www.tuasaude.com/tratamento-da-dengue/> Acesso em: 30, out de 2025.

BÖHM, Andrea Wendt; COSTA, Caroline dos Santos; NEVES, Rosália Garcia; FLORES, Thaynã Ramos; NUNES, Bruno Pereira. Tendência da Incidência de dengue no Brasil, 2002 – 2012. *Epidemiol. Serv. Saude. Brasília*. v. 25 (4), p. 725-733, outdez de 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ress/a/DVxtRGwmTrGb3sSFnZdLLpb/abstract/?lang=pt>.

BENCHIMOL, Jaime Larry. **Dos micróbios aos mosquitos: febre amarela e a revolução pasteuriana no Brasil**. Rio de Janeiro: Editora Fiocruz, 1999.

Almeida, A. S. de; Medronho, R. de A.; Valência, L. I. O. "Análise espacial da dengue e o contexto econômico no município do Rio de Janeiro, RJ". *Revista de Saúde Pública*, São Paulo, v. 43, nº 4, p. 666-673, Aug. 2009.

FERREIRA, A. B. H. *Novo Dicionário da Língua Portuguesa*. Segunda edição. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1986. p.1 314

MIOT, Hélio Amante. Análise de correlação em estudos clínicos e experimentais. **Jornal Vascular Brasileiro**, v. 17, n. 4, p. 275-279, 2018. DOI: 10.1590/1677-5449.174118.

NELSON, Michael J. *Aedes aegypti: biología y ecología*. Washington, DC: Organización Panamericana de la Salud, 1986. 48 p. (PNSP 86-64).

Gould E, Pettersson J, Higgs S, Charrel R, de Lamballerie X. Emerging arboviruses: why today? *One Heal*. 2017;4(June):1-13.

HENCHAL, E. A.; PUTNAK, J. R. The dengue viruses. *Clinical Microbiology Reviews*, Washington, v. 3, n. 4, p. 376–396, 1990.

TEIXEIRA, M. G. et al. Dengue: twenty-five years since reemergence in Brazil. *Cadernos de Saúde Pública*, Rio de Janeiro, v. 25, supl. 1, p. S7–S18, 2009.

FRANCO, O. **História da febre amarela no Brasil**. Rio de Janeiro: Ministério da Saúde, 1969.

BRASIL. **Ministério da Saúde**. *Dengue: diagnóstico e manejo clínico – adulto e criança*. Brasília: Ministério da Saúde, 2023.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária – Anvisa. **Vacinas registradas: dengue**. Brasília: Anvisa, 2024. Disponível em: <https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/campanhas/dengue/vacinas-registradas>. Acesso em: 23 fev. 2026.

SILVA, J. R.; SILVA, M. A. *Dengue: epidemiologia, ciclo de transmissão e controle vetorial*. São Paulo: Editora Saúde & Ciência, 2019.

MINEIROS, A. **Aspectos históricos e clínicos da dengue no Brasil: uma revisão narrativa**. *Revista de Saúde Pública*, v. 53, e45, 2019.

VASCONCELOS, Fernando Freire; MOURA, Heber José de. Elaboração de uma metodologia baseada em estatística para encaminhamento dos casos da COVID-19. **Fórum Perspectivas Práticas: Seção Especial COVID-19**, [S. l.], ano. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rap/a/whc5pSDKfxT9N3rgC9Mwnqf/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 12 jul. 2026.

VIDAL, Juliana Batista Pessoa. *Correlação entre a incidência de dengue e os resíduos sólidos urbanos e lotes vagos em Lavras, MG*. 2019. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Ambiental e Sanitária) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2019.

WORLD HEALTH ORGANIZATION – WHO. **Vaccines and immunization: dengue**. Geneva: WHO, 2025. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/questions-and-answers/item/dengue-vaccines>. Acesso em: 23 fev. 2026.