



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM
COMPUTACIONAL E TECNOLOGIA INDUSTRIAL**
Doutorado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

Defesa de Tese de Doutorado

**DISSEMINAÇÃO NÃO LOCAL DA DENGUE NOS
MUNICÍPIOS BAIANOS**

Apresentada por: Marcio Luis Valença Araújo
Orientador: Prof. Dr. Hugo Saba Pereira Cardoso
Co-orientador: Prof. Dr. Renelson Ribeiro Sampaio

Abril de 2018

Marcio Luis Valença Araújo

DISSEMINAÇÃO NÃO LOCAL DA DENGUE NOS MUNICÍPIOS BAIANOS

Defesa de Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial, Curso de Doutorado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial do SENAI CIMATEC, como requisito parcial para a obtenção do título de **Doutor em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial**.

Área de conhecimento: Interdisciplinar

Orientador: Prof. Dr. Hugo Saba Pereira Cardoso
Universidade do Estado da Bahia - UNEB

Co-orientador: Prof. Dr. Renelson Ribeiro Sampaio
SENAI CIMATEC

Salvador
SENAI CIMATEC
2018

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca do Centro Universitário SENAI CIMATEC

A658d Araújo, Marcio Luis Valença

Disseminação não local da dengue nos municípios baianos / Marcio Luis Valença Araújo. – Salvador, 2018.

71 f. : il. color.

Orientador: Prof. Dr. Hugo Saba Pereira Cardoso.

Coorientador: Prof. Dr. Renelson Ribeiro Sampaio.

Tese (Doutorado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial) – Programa de Pós-Graduação, Centro Universitário SENAI CIMATEC, Salvador, 2018. Inclui referências.

1. Dengue. 2. Epidemias de dengue. 3. Séries temporais. 4. TVG (Time Varying Graph). I. Centro Universitário SENAI CIMATEC. II. Cardoso, Hugo Saba Pereira. III. Sampaio, Renelson Ribeiro. IV. Título.

CDD: 614.58852

Nota sobre o estilo do PPGMCTI

Esta defesa de tese de doutorado foi elaborada considerando as normas de estilo (i.e. estéticas e estruturais) propostas aprovadas pelo colegiado do Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial e estão disponíveis em formato eletrônico (*download* na Página Web http://ead.fieb.org.br/portal_faculdades/dissertacoes-e-teses-mcti.html ou solicitação via e-mail à secretaria do programa) e em formato impresso somente para consulta.

Ressalta-se que o formato proposto considera diversos itens das normas da Associação Brasileira de Normas Técnicas (ABNT), entretanto opta-se, em alguns aspectos, seguir um estilo próprio elaborado e amadurecido pelos professores do programa de pós-graduação supracitado.

SENAI CIMATEC

Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

Doutorado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

A Banca Examinadora, constituída pelos professores abaixo listados, leram e recomendam a aprovação [com distinção] da Defesa de Tese de Doutorado, intitulada “DISSEMINAÇÃO NÃO LOCAL DA DENGUE NOS MUNICÍPIOS BAIANOS”, apresentada no dia (02) de (abril) de (2018), como requisito parcial para a obtenção do título de **Doutor em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial**.

Orientador:

Prof. Dr. Hugo Saba Pereira Cardoso
Universidade do Estado da Bahia - UNEB

Co-orientador:

Prof. Dr. Renelson Ribeiro Sampaio
SENAI CIMATEC

Membro externo da Banca:

Prof. Dr. Fábio Vilas-Boas Pinto
Secretaria de Saúde do Estado da Bahia (SESAB)

Membro externo da Banca:

Prof. Dr. Manoel Barral Netto
FIOCRUZ

Membro interno da Banca:

Prof. Dr. Davidson Martins Moreira
SENAI CIMATEC

Membro interno da Banca:

Prof. Dr. Ivan Costa da Cunha Lima
SENAI CIMATEC

Dedico esse trabalho aos meus pais Luiz e Nyter pela sua dedicação quanto ao fortalecimento da minha personalidade e caráter, além da sua persistência na minha formação. A minha alma gêmea Verônica pelos momentos mais felizes da minha vida, e pela delicadeza e brilho no olhar, constante em nossos filhos Lucca e Clara.

Agradecimentos

Agradeço aos meus orientadores. Professor Dr. Renelson Sampaio pelo seu apoio constante, pela longa história de amizade e pela sua orientação desde o mestrado. Ao amigo, irmão e mestre Prof. Dr. Hugo Saba que fortalece diariamente meu caráter com sua forma justa, humana e direta de trabalhar com as pessoas e com a sociedade.

Ao professor Dr. José Garcia minha enorme gratidão, pois esse trabalho é fruto do seu alto comprometimento com a ciência. Obrigado por tanto esforço despendido. Esse trabalho tem o seu DNA.

Ao amigo Dr. Raphael Rosário pelo seu grande apoio na minha pesquisa.

Ao professor Dr. Marcelo Moret, grande amigo, agradeço a paciência e apoio no desenvolvimento da minha pesquisa.

Agradeço ao meu amigo e irmão José Roberto Magalhães por todo apoio no tratamento dos dados diários das ocorrências de dengue.

Agradeço aos amigos Aloísio e Leandro Brito pela parceria nos trabalhos de pesquisa.

Agradeço a professora Dra. Florisneide Barreto do ISC pelo apoio na pesquisa.

Agradeço a Fiocruz em nome do professor Dr. Manoel Barral Netto e da professora Dra. Bethânia pelo apoio na divulgação da nossa pesquisa.

Agradeço ao IBGE em nome de Grinaldo Oliveira e André Urpia pelo apoio no levantamento dos dados brasileiros que foram utilizados nesta pesquisa.

Agradeço ao Dr. Roberto Badaró pela apoio na pesquisa e ao Dr. Eduardo Oyama por toda sua presteza com a minha pesquisa.

Agradeço ao Lacen em nome da Dra. Zuinara Maia pelo apoio no fornecimento dos dados dos sorotipos da dengue.

Por fim, a Secretaria do Estado da Bahia em nome do Secretário Dr. Fábio Villas-Boas, por todo apoio quanto ao fornecimento dos dados epidemiológicos e por sua presteza em nos atender.

Salvador, Brasil
Abril de 2018

Marcio Luis Valença Araújo

Resumo

A dengue é uma arbovirose que tem se disseminado em diferentes regiões do mundo, principalmente nas tropicais e subtropicais. A ocorrência de epidemias de dengue vem aumentando nas últimas três décadas. Com o objetivo de encontrar um padrão quanto ao processo de disseminação desta arbovirose, esta pesquisa apresenta um modelo computacional que baseia-se em três pilares: redes complexas, time varying graph (TVG) e sincronização de series temporais. Para montar as redes de sincronização, foi utilizado o método Motif-Synchronization com TVG em séries temporais de incidência de dengue nos municípios baianos, de forma georreferenciada, no período de 2001 a 2017. Após aplicação do modelo apresentado neste trabalho, foram encontrados padrões de comportamento da disseminação desta viremia entre os municípios do estado da Bahia, quando sincronizados, em momentos epidêmicos. Os resultados encontrados apontam que a incidência de dengue não tem relação direta com a distância entre municípios, mas sim uma relação temporal com desenvolvimento do vetor e sua capacidade de transmitir a doença. O intuito deste modelo é contribuir com a sociedade na compreensão da dinâmica de difusão desta arbovirose.

Palavras-chave: Dengue, Epidemia, Séries temporais, TVG.

Abstract

Dengue is an arbovirus that has spread in different regions of the world, especially in tropical and subtropical regions. The occurrence of dengue epidemics has been increasing in the last three decades. In order to find a pattern regarding the dissemination process of this arbovirose, this research presents a computational model that is based on three pillars: complex networks, time varying graph (TVG) and temporal series synchronization. In order to set up the synchronization networks, the Motif-Synchronization with TVG method was used in time series of dengue incidence in the municipalities of Bahia, in geo-referenced form, from 2001 to 2017. After applying the model presented in this work, we found patterns of behavior of the dissemination of this viremia among the municipalities of the state of Bahia, when synchronized, in epidemic moments. The results indicate that the incidence of dengue is not directly related to the distance between municipalities, but rather a temporal relation with the development of the vector and its capacity to transmit the disease. The purpose of this model is to contribute with the society in the understanding of the diffusion dynamics of this arbovirose.

Keywords: Dengue, Epidemic, Time Series, TVG.

Sumário

1	Introdução	1
1.1	Introdução	1
1.2	Definição do problema	3
1.3	Objetivo	3
1.3.1	Objetivos Específicos	3
1.4	Importância da pesquisa	4
1.5	Motivação	4
1.6	Limites e limitações	4
1.7	Questões e hipóteses	4
1.8	Aspectos metodológicos	5
1.9	Planejamento da Pesquisa de Doutorado	5
1.10	Organização da Tese de Doutorado	6
1.11	Mapa Conceitual da Pesquisa	6
2	Fundamentação Teórica	8
2.1	Dengue	8
2.1.1	O vetor e seu ciclo de vida e de transmissão da doença	10
2.1.2	Transmissão Transovariana	11
2.1.3	Dengue em Números na Bahia	14
2.2	Grafos variantes no tempo - TVG	14
2.3	Modelos Computacionais Existentes	15
2.3.1	Modelos Computacionais Baseados em Redes Complexas	15
2.3.2	Alguns Modelos Utilizados para a Dengue	16
2.3.3	Modelos Explicativos de Redes	17
2.4	Motif-Synchronization	20
3	Modelo de Caracterização da Direção e do Atraso na Disseminação da Dengue	24
3.1	Metodologia	24
3.2	Modelo Explicativo de Caracterização do Fenômeno da Disseminação da Dengue	28
4	Resultados e Discussões	32
4.1	Resultados	32
4.2	Discussões	42
5	Considerações Finais	43
	Referências	45
A	Produções Realizadas	50
A.1	Produção Associada à Tese	50
A.2	Caminho Metodológico	52
I	Anexo	57

Lista de Tabelas

1.1	Cronograma de atividades.	5
3.1	Amostra dos dados de incidência de dengue utilizando a data de primeiros sintomas para alguns municípios da Bahia. Fonte: Autor	25
4.1	Arestas da rede de dengue com peso maior ou igual a 12 anos na série temporal e a distância entre as cidades da aresta calculada pela latitude e longitude. Fonte: Autor.	34
4.2	Arestas da rede de dengue com peso maior ou igual a 11 anos na série temporal e a distância entre as cidades da aresta calculada pela latitude e longitude. Fonte: Autor.	36

Lista de Figuras

1.1	Mapa conceitual da Pesquisa.	7
2.1	Espécies de Mosquitos Transmissores da Dengue. Fonte: (DENGUEORG, 2015)	9
2.2	Ciclo de vida. Fonte: Adaptado de CDC (CDC, 2016)	10
2.3	Ciclo de transmissão da dengue. Fonte: Adaptado de CDC (CDC, 2016)	12
2.4	Grandes epidemias no Brasil. Fonte: Autor	14
2.5	Dimensões utilizadas para a classificação dos mais diversos modelos da pesquisa biomédica. Fonte: Adaptado de (CARVALHO et al., 2011)	17
2.6	Modelos epidemiológicos. Fonte: Autor	18
2.7	Diagrama de implementação da metodologia. Para a janela de tempo W_1 , o método Motif-Synchronization é aplicado obtendo uma rede para o instante de tempo determinado. Ao mover a janela de tempo ao longo da série temporal, o processo é repetido gerando todas as outras redes TVG. Fonte: (ARAÚJO et al., 2018)	22
2.8	Recorte da série temporal do município de Jequié em 17 anos demonstrando os motivos. Fonte: Autor	23
3.1	Histograma de atraso de tempo para todos os pares de municípios baianos na série temporal. Fonte: Autor	27
3.2	Transformada de Fourier de dados de incidência por dia do município de Salvador. Fonte: Autor	28
3.3	Execução do Modelo. Fonte: Autor	29
3.4	Séries temporais (a) e (b). Representam dois municípios distintos. Fonte: Autor	30
3.5	Série temporal entre dois municípios da Bahia em 17 anos e recorte da sincronização. Fonte: Autor	31
4.1	Arestas entre os municípios da Bahia versus incidência de dengue. Fonte: Autor.	32
4.2	Relação entre o tempo e a distância média entre os municípios. Fonte: Autor	33
4.3	Arestas com peso maior ou igual a 12 anos na rede de dengue epidêmica na Bahia e suas distâncias georreferenciadas. Fonte: Autor.	35
4.4	Arestas com peso maior ou igual a 11 anos na rede de dengue epidêmica na Bahia e suas distâncias georreferenciadas. Fonte: Autor.	37
4.5	Municípios de maior grau ponderado na rede. Fonte: Autor.	39
4.6	Municípios de maior grau de entrada na rede. Fonte: Autor.	40
4.7	Municípios de maior grau de saída na rede. Fonte: Autor.	41
A.1	Sincronização da epidemia em dois municípios baianos. Fonte: Autor	52
A.2	Parâmetros da Aplicação Motif-Synchronization. Fonte: Autor	53
A.3	Execução da Aplicação Motif-Synchronization. Fonte: Autor	53
A.4	Ferramenta de vigilância PREPROS, resultado da pesquisa (mapa). Fonte: Autor	54
A.5	Ferramenta de vigilância PREPROS, resultado da pesquisa (parâmetros). Fonte: Autor	55

-
- I.1 Sistema de informação de agravos de notificação (SINAN) - Ficha de notificação/conclusão. Fonte: ([BRASIL, 2014](#)) 57

Lista de Siglas

CDC	Centers for Disease Control and Prevention (Centro de Controle e Prevenção de Doenças)
DENV	Dengue Vírus
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
INMET	Instituto Nacional de Meteorologia
MS	Motif-Synchronization
SINAN	Sistema de Informação de Agravos de Notificação
SIR	Suscetível-Infetado-Recuperado
SIS	Suscetível-Infetado-Suscetível
TVG	Time Varying Graph (Grafo Variante no Tempo)
WHO	World Health Organization and others (Organização Mundial de Saúde-OMS)

Introdução

1.1 Introdução

Aparentemente as epidemias na história das civilizações, mais que as guerras, contribuíram fortemente para o controle do crescimento populacional. A humanidade ao longo dos séculos tenta compreender de que forma estas epidemias surgem e se difundem. Além disso, tenta compreender quem são os agentes causadores e transmissores (UJVARI, 2003).

As primeiras epidemias registradas foram as pragas do Egito e em seguida a peste bubônica que mataram milhares e milhões de pessoas. Exemplos mais atuais como o vírus Ebola na África (POURRUT et al., 2005), a gripe A (H1N1) na Europa (CÁMARA et al., 2010), a recentemente descoberta da pneumonia asiática (BOÉCHAT; SILVA, 2003) e o retorno da dengue (UJVARI, 2003), são ameaças às sociedades mundiais

É observado e registrado por diversas literaturas que existe fortemente uma relação entre as doenças e a situação socioeconômica da população. É sabido que se há um isolamento destas comunidades, há um risco menor de difusão de uma doença, ao passo que, se há um crescimento populacional o risco aumenta (UJVARI, 2003). Um exemplo marcante foi a epidemia de Cólera em Londres entre os séculos XVIII e XIX apoiada pelo êxodo da população do campo para a área urbana no período da Revolução Industrial.

Atualmente, segundo Ujvari (2003) as taxas de mortalidade por epidemias diminuíram de forma expressiva, mas apenas nos países ricos, pois quando se trata de territórios pobres, as estatísticas ainda remetem ao século XIX.

Desde então, a biologia, a química, a biotecnologia e outras áreas do conhecimento surgem como agentes importantes nesta luta contra os micro-organismos causadores de infecções. A criação de vacinas e medicamentos é um caminho positivo e rápido na busca pela erradicação destas epidemias. Mas, nem sempre estas vacinas e medicamentos são criados, preparados e testados à tempo e, com isso, a única saída é a prevenção.

O reconhecimento de padrões e a compreensão dos processos que os geram, são buscas frequentes da Ciência. Descobrir um padrão significa constatar uma singularidade dentre elementos intrincados e processos diferentes. No decorrer da história da Ciência, metodologias e também teorias foram criadas para elucidar os padrões e ocorrências a elas relacionadas.

Segundo (BRASIL, 2014) a dengue é uma doença infecciosa viral, e por se tratar de uma arbovirose, pode ser transmitida por duas espécies de mosquitos, o *Aedes aegypti* e o *Aedes albopictus*, mas seu principal vetor é o *Aedes aegypti* que também pode ser transmissor dos vírus da febre amarela urbana, chikungunya e zika. São dois tipos de dengue: Clássica e a Hemorrágica, sendo esta última, a forma mais grave da doença. Existem quatro sorotipos diferentes da dengue agindo no Brasil: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4.

O Ministério da Saúde do Brasil (BRASIL, 2014) afirma que nos últimos 50 anos, a ocorrência de dengue aumentou em 30 vezes, com ampliação da expansão geográfica para novos países e, na década atual, para cidades menores e regiões rurais. Há uma estimativa que 50 milhões de infecções por dengue aconteçam anualmente e que cerca de 2,5 bilhões de indivíduos estão morando em países onde a dengue é endêmica. Esses dados corroboram com a observação de que as mudanças demográficas e sociais, tais como crescimento populacional, urbanização e transporte moderno contribuem para o aumento da incidência e expansão geográfica da dengue (SABA et al., 2014).

Hodiernamente pesquisadores buscam elucidar os padrões que são determinantes na disseminação da epidemia de dengue, visto que, esta epidemia a um longo tempo, tem causado muito transtorno à sociedade. Trabalhos como o de (NEWMAN, 2003) que trouxe uma discussão sobre características das redes complexas, os diversos tipos que existem e discutiu o processo de alguns modelos epidemiológicos, como por exemplo, Suscetível-Infetado-Recuperado (SIR) e Suscetível-Infetado-Suscetível (SIS) nestas redes complexas, o de Barreto et al. (2008) buscou identificar a progressão da epidemia utilizando a densidade Kernel, georreferenciamento e indicadores epidemiológicos, o de Silva, Ferreira e Martins (2007) que propôs um modelo de difusão do tipo SIS que estuda a transmissão da doença entre os indivíduos de um mesmo município (criado por autômatos celulares) e a difusão da doença para outros municípios interligados por rodovias (rede livre-de-escala), o de Crysttian (2012) que procurou capturar as principais características do ciclo epidemiológico e do processo de infecção utilizando um modelo computacional baseado no índice de Moran e da Teoria da Percolação, o de Saba et al. (2014) que buscou verificar a existência de correlação de casos de dengue, com a rede de transporte inter-municipal rodoviário na Bahia utilizando redes complexas, e o de Vilches (2015) que atuou com a dinâmica da transmissão da dengue, observando a dependência forte da topologia da rede e do número médio de conexões. Além desses autores, outros também estudaram os impactos das mudanças climáticas e outros mecanismos de difusão (EBI; NEALON, 2016; FISCHER et al., 2014; LI et al., 2017; MONDINI; CHIARAVALLOTI-NETO, 2008; RACLOZ et al., 2012; ZHU et al., 2018). Todos estes pesquisadores, até mesmo os que utilizaram redes complexas em séries temporais, como é o caso de Saba et al. (2014), não trabalharam com sincronização de séries temporais utilizando TVG e redes complexas deixando, desta forma, uma lacuna para o desenvolvimento de um modelo que consiga retratar como a epidemia de dengue se dissemina, identificando o seu caminho no tempo. Neste traba-

lho, utilizamos o modelo Motif-Synchronization (ROSÁRIO et al., 2015) como base para criação do nosso modelo computacional de caracterização da epidemia. Foi utilizado o georreferenciamento dos municípios para melhor análise espacial.

A Bahia tem 417 municípios espalhados por 567.295 km^2 da sua dimensão territorial. Estes municípios, mesmos os mais próximos, possuem diferentes organizações socioeconômicas, de clima e índice de desenvolvimento humano (IDH). O principal objetivo deste trabalho, através da criação de um modelo computacional de caracterização da difusão da dengue, é responder a uma questão importante: Como a dengue se dissemina nos municípios baianos? Para responder a esta questão, elaboramos um método de rede baseado em sincronização não local, para caracterizar a dinâmica de difusão da doença e assim contribuir com novos elementos para ajudar a controlar o surgimento de novas epidemias. O foco desta pesquisa é criar subsídios para apoiar o controle da epidemia através do mapeamento do processo de difusão em rede pelos municípios em viremia.

1.2 Definição do problema

Existem trabalhos publicados quanto ao processo de difusão da dengue, mas não se sabe se este fenômeno está caracterizado de forma local entre os municípios.

1.3 Objetivo

Propor um modelo computacional de caracterização não local da direção e do atraso da epidemia de dengue, que possa verificar no tempo, o comportamento da disseminação nos municípios baianos.

1.3.1 Objetivos Específicos

- i.** Identificar as bases de dados que irão ser utilizadas na pesquisa;
- ii.** Analisar a série temporal identificando os momentos epidêmicos;
- iii.** Analisar modelos preditivos existentes para epidemias e para a dengue;
- iv.** Testar alguns modelos computacionais como: SOC, DFA e Motif-Synchronization;
- v.** Criar o modelo computacional de caracterização não local da direção e do atraso da epidemia de dengue;
- vi.** Gerar hipóteses e testá-las;
- vii.** Gerar os resultados e análises.

1.4 Importância da pesquisa

As doenças caracterizam-se por serem sistemas complexos adaptativos, e assim, pesquisas que trabalham de forma interdisciplinar o comportamento e disseminação destas doenças, podem auxiliar a sociedade fornecendo indicadores e informações pertinentes ao seu tratamento e a sua prevenção. Neste paradigma, a importância deste trabalho está no apoio à comunidade científica e da saúde pública juntando forças para prevenir novas epidemias da dengue.

1.5 Motivação

A antecipação na criação de políticas públicas e apoio às existentes na erradicação da dengue preservando a saúde coletiva, é a motivação desta pesquisa. A dengue é uma doença febril infecciosa e viral, das áreas tropicais e subtropicais do mundo, e geralmente surge onde existem condições climáticas e socioambientais favoráveis para sua disseminação. Assim é de conhecimento público que o Brasil agrega todas estas condições citadas, e desta forma, há uma necessidade imediata de produzir planos diretos e indiretos de combate e prevenção a este mal.

1.6 Limites e limitações

Esta pesquisa está limitada à criação do modelo e sua execução para caracterização do fenômeno da disseminação da dengue na Bahia, mas não faz parte desta pesquisa a criação de cenários com multi-variáveis para determinação do peso de cada variável no processo de disseminação. Isto ficará para um trabalho futuro.

1.7 Questões e hipóteses

Serão apresentadas a seguir, as hipóteses que norteiam esta pesquisa. As informações necessárias para compreensão do modelo, serão fornecidas posteriormente no capítulo 3.

- Existe um tempo característico de sincronização na rede de incidência de dengue nos municípios baianos;
- Deve existir uma relação entre o tempo característico de sincronização e a distância entre os municípios baianos, ou seja, municípios mais afastados devem exibir um

tempo de atraso maior na ocorrência de casos de dengue;

- Existem municípios que aparecem sistematicamente como entrada e saída na rede de sincronização e que podem ser caracterizados como maiores receptores e expulsores de dengue na Bahia.

1.8 Aspectos metodológicos

A pesquisa é do tipo quantitativa e investigativa. A proposta é trabalhar com os dados coletados aplicando algoritmos, testes, modelagens computacionais e testes estatísticos existentes, buscando avaliar as hipóteses levantadas. Os aspectos metodológicos serão detalhadamente discutidos no capítulo 3 na seção 3.1.

1.9 Planejamento da Pesquisa de Doutorado

A tabela 1.1 a seguir apresenta o cronograma planejado e realizado para esta pesquisa de doutorado:

Atividade	2015	2016	2017	2018
Realização das disciplinas.	X	X		
Realização das proficiências.	X			
Realização do tirocínio docente.	X			
Revisão bibliográfica.	X	X	X	
Coleta de dados.	X	X	X	
Análise dos dados coletados.	X	X	X	
Defesa do Projeto.		X		
Elaboração de um modelo computacional.			X	
Publicação de capítulo de livro, artigo em anais de evento, em revista nacional ou internacional.	X	X	X	X
Implementação do modelo computacional.			X	
Elaboração da tese.		X	X	X
Entrega da tese para Qualificação.			X	
Qualificação da tese.			X	
Ajustes após Qualificação da tese.			X	X
Defesa da tese.				X

Tabela 1.1: Cronograma de atividades.

1.10 Organização da Tese de Doutorado

Este documento apresenta 05 (cinco) capítulos e está estruturado da seguinte forma:

- **Capítulo 1** - Introdução com aspectos gerais
- **Capítulo 2** - Fundamentação Teórica
- **Capítulo 3** - Metodologia e Modelo Computacional
- **Capítulo 4** - Resultados e Discussões
- **Capítulo 5** - Considerações Finais

1.11 Mapa Conceitual da Pesquisa

A figura 1.1 apresenta o mapa conceitual da pesquisa, onde se discutem alguns conceitos sobre a questão focal, objetivando apoiar a construção do conhecimento.

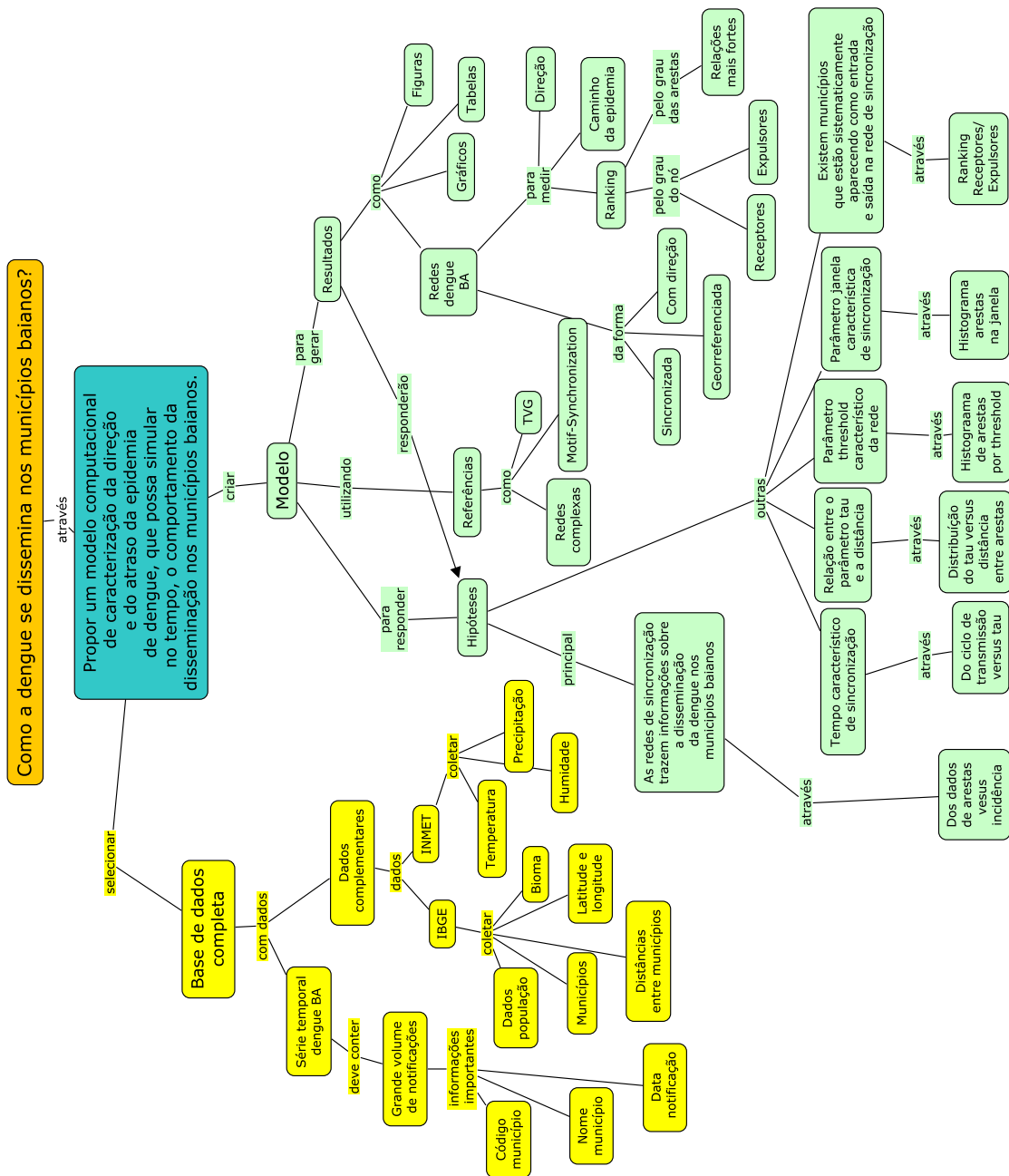


Figura 1.1: Mapa conceitual da Pesquisa.

Fundamentação Teórica

Cada dia que amanhece assemelha-se a uma página em branco, na qual gravamos os nossos pensamentos, ações e atitudes. Na essência, cada dia é a preparação de nosso próprio amanhã..

(Chico Xavier)

2.1 Dengue

A dengue é uma típica doença febril infecciosa viral, das áreas tropicais e subtropicais do mundo, geralmente onde existem condições climáticas e socioambientais favoráveis para sua disseminação. Os sintomas, segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS) ([WHO, 2012](#)) aparecem 3-14 dias após a picada infectante. A transmissão não é diretamente de indivíduo-a-indivíduo e os sintomas variam de febre leve, a incapacitante febre alta, com forte dor de cabeça, dor atrás dos olhos, dores musculares e articulares, e erupção cutânea. A dengue, por se tratar de uma arbovirose, pode ser transmitida por duas espécies de mosquitos, o *Aedes aegypti* e o *Aedes albopictus* Figura 2.1, mas seu principal vetor é o *Aedes aegypti* que também pode ser transmissor dos vírus da febre amarela urbana, Chikungunya e Zika. São dois tipos de dengue: Clássica e a Hemorrágica, sendo esta última, a forma mais grave da doença. Existem quatro sorotipos diferentes da dengue agindo no Brasil: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4. Segundo [Brasil et al. \(2015\)](#), foi recém-descoberto o novo sorotipo DENV-5, mas ainda sem notificações do mesmo no território brasileiro. Estes mosquitos, ao contrário do mosquito comum que pica somente a noite, picam durante o dia e a noite. Usualmente costumam picar nos primeiros momentos da manhã e no final da tarde. A picada é imperceptível, pois no momento não é sentido dor e nem coceira. O *Aedes aegypti* é muito parecido com um mosquito comum e inofensivo, tem o tamanho menor que um centímetro, coloração marrom ou preta e listras brancas no corpo e nas pernas. A proliferação do mesmo, se dá dentro ou nas proximidades de moradias (casas, apartamentos, galpões), em reservatórios onde se acumula água limpa (vasos de plantas, pneus velhos, cisternas, jarros etc.).

A OMS considerando a dengue como um dos mais importantes problemas de saúde pública dos últimos anos, lançou a Estratégia Global para prevenção e controle da dengue, 2012-



Figura 2.1: Espécies de Mosquitos Transmissores da Dengue. Fonte: ([DENGUEORG, 2015](#))

2020, baseados nos dados de 2010 ([WHO, 2012](#)). A estratégia lançada visa aplicar recentes avanços dos estudos dessa doença, como por exemplo, o desenvolvimento de vacinas e o aprendizado gerado pelos países no combate a este mal. O principal objetivo deste plano global é reduzir o peso da doença, diminuindo com isso a mortalidade em 50% e a morbidade em 25% até 2020. A OMS tem uma categorização que indica que áreas com mais de 300 casos da doença por 100.000 habitantes é considerado cenário epidêmico.

O Ministério da Saúde do Brasil ([BRASIL, 2014](#)) afirma que nos últimos 50 anos, a ocorrência aumentou em 30 vezes, com ampliação da expansão geográfica para novos países e, na década atual, para cidades menores e regiões rurais. Há uma estimativa que 50 milhões de infecções por dengue aconteçam anualmente e que cerca de 2,5 bilhões de indivíduos estão morando em países onde a dengue é endêmica. Esse dados corroboram com a observação de que as mudanças demográficas e sociais, tais como crescimento populacional, urbanização e transporte moderno contribuem para o aumento da incidência e expansão geográfica da dengue ([SABA et al., 2014](#)).

Devido à dificuldade inerente de controle destes mosquitos e, por conseguinte, a implantação de estratégias de vigilância, é que há um número significativo de morbidade e mortalidade devido a esta doença. Embora tenham sido feitos grandes esforços, não estão disponíveis vacinas eficazes contra a dengue, filariose ou a malária, e tratamentos específicos estão disponíveis apenas para a malária e filariose. Portanto, a maneira mais eficaz de prevenir doenças transmitidas por vetores é controlar as populações de mosquitos ([WILKE; MARRELLI, 2015](#)).

Apesar de ser uma enfermidade com impacto importante para as políticas de saúde pública, existem questões sobre sua dinâmica de difusão que ainda não foram elucidadas, como é o caso da importância dos meios de transporte ou a rede de propagação entre os municípios ([SABA et al., 2014](#)). O entendimento do vírus da dengue, do agente difusor e das relações com o vetor são pontos importantes para o acompanhamento e tratamento epidêmico.

2.1.1 O vetor e seu ciclo de vida e de transmissão da doença

O principal vetor da dengue é o *Aedes aegypti*. Para controlar a doença é necessário controlar o vetor. Mas para isso é preciso conhecer um pouco da entomologia/ecologia. O mosquito possui sexos separados com fecundação interna e sofre metamorfose completa. Ele apresenta em seu ciclo de vida quatro fases: ovo, larva, pupa e adulto. O repasto sanguíneo das fêmeas está relacionado primordialmente ao desenvolvimento de ovos, então somente as fêmeas adultas transmitem o vírus. Uma só fêmea de *Aedes aegypti* infectada pode, enquanto procura alimentar-se satisfatoriamente de sangue, produzir várias alimentações curtas em diferentes hospedeiros e disseminar o dengue ou a febre amarela (CONSOLI; OLIVEIRA, 1994). Segundo Messias (2011), no início do ciclo mostrado pela Figura 2.2, as fêmeas colocam seus ovos nas paredes interiores e molhadas de recipientes com água. Cada fêmea é capaz de colocar, isoladamente, 150 a 200 ovos em cada postura. O período de seu desenvolvimento (ovo até adulto) dura em média 10 dias. O *Aedes aegypti* adulto vive entre 20 e 40 dias, ou seja, o tempo médio de vida do mosquito adulto é de 30 dias.

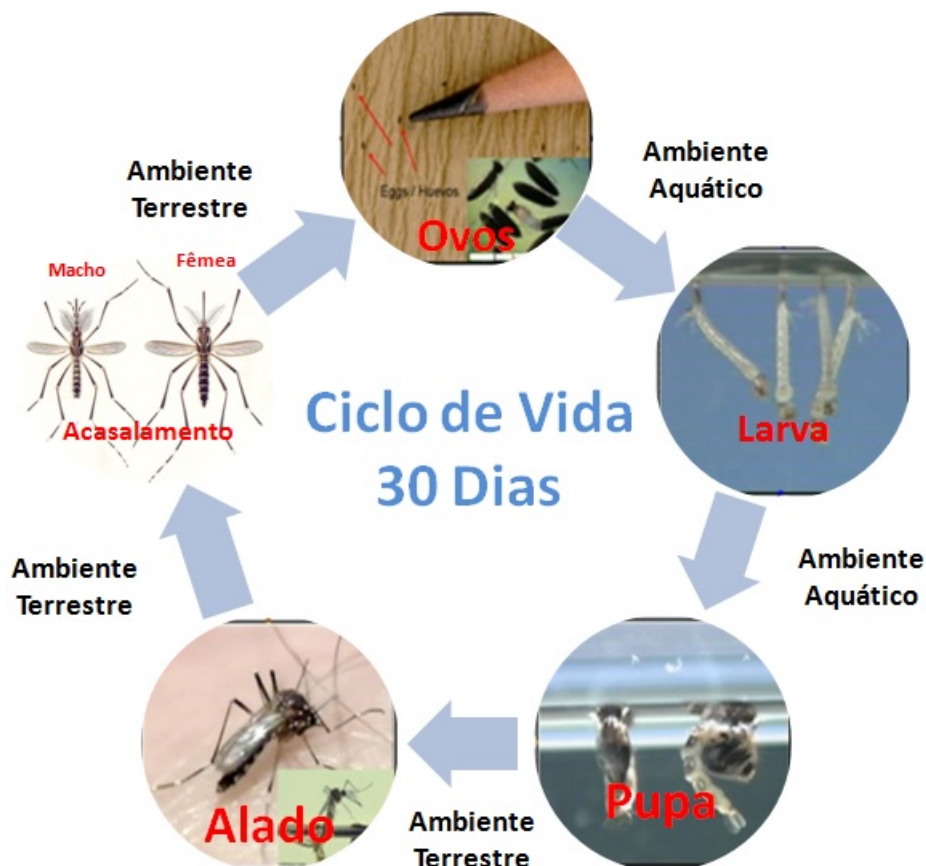


Figura 2.2: Ciclo de vida. Fonte: Adaptado de CDC (CDC, 2016)

Inicialmente, o vírus circulava e era mantido em ciclos de transmissão silvestres, envolvendo primatas inferiores e mosquitos *Aedes*, na Ásia e na África (GUBLER, 1998).

Entretanto, o vírus se instalou em centros urbanos das regiões tropicais, com ciclo de transmissão partindo do indivíduo-mosquito-indivíduo. Observa-se que bairros com alta densidade populacional e pouca vegetação, há uma maior infestação do mosquito, pois este encontra um ambiente favorável para sua alimentação (GOMES, 1998; SANTOS, 2008).

Para que uma epidemia de dengue ocorra, é necessária a existência do agente etiológico, do mosquito com propensão vetora e de hospedeiros suscetíveis. A competência do vetor em transmitir um patógeno é resultante da capacidade do vetor de infectar-se, possibilitar a multiplicação e transmissão do agente etiológico ao novo hospedeiro (BONA; TWERDOCHLIB; NAVARRO-SILVA, 2011). Segundo Araújo (2011), o ciclo de transmissão conforme mostrado na Figura 2.3, inicia com a fêmea não infectada do mosquito *A. aegypti* que pica o indivíduo infectado em viremia através do repasto. Daí inicia o período de incubação extrínseco (PIE), que vai desde o repasto infectante até a transmissão do vírus pela picada do mosquito e que dura em média 8-12 dias (GUBLER, 1998). Após esse período, a fêmea infectada em um novo repasto, transmite a doença pela picada no indivíduo. Neste momento, tem início o período de incubação da dengue no homem, isto é, período de incubação intrínseco (PII) que é de 3 a 15 dias, geralmente em torno de 5 a 6 dias (BRASIL, 2014). A partir disso o indivíduo entra em viremia. Um mosquito *A. aegypti* susceptível pode tornar-se infectado picando a pessoa doente durante o estágio virêmico febril causado pelo DENV.

2.1.2 Transmissão Transovariana

Apesar de não ser foco desta pesquisa, pois estuda-se a difusão da dengue entre municípios, a direção da epidemia e o tempo de atraso, deve-se ressaltar que existe, com baixa frequência, a transmissão transovariana do vírus em mosquitos. As fêmeas infectadas podem transmitir o vírus à sua prole (através dos ovos) (GUBLER, 1998). Existem pesquisas que discutem a efetividade e a frequência destes casos. No trabalho de Zeidler et al. (2008) o objetivo foi identificar a presença do vírus dengue em formas larvais de *Aedes aegypti* e relacionar a presença do vetor com índice pluviométrico e número de casos de dengue. Os resultados apontaram que nenhum dos *pools* apresentou positividade para o vírus dengue, apesar do bairro ter apresentado elevados índices de incidência de dengue no período estudado. O trabalho de Bona, Twerdochlib e Navarro-Silva (2011) abordou as técnicas para detecção viral em mosquitos, suas vantagens e limitações. Discute também sobre o método utilizado para a detecção do vírus no vetor e sua dependência das instalações do laboratório e do nível de biossegurança. Com base nos resultados obtidos no trabalho de Martins et al. (2012), houve uma taxa mínima de infecção para *A. aegypti* e para *A. albopictus*. O objetivo do estudo foi isolar os vírus DENV-2 e DENV-3 em culturas de células de conjuntos de *A. aegypti* e *A. albopictus* coletados diretamente do campo em uma área urbana na cidade de Fortaleza no período de 2007 a 2009. O tra-

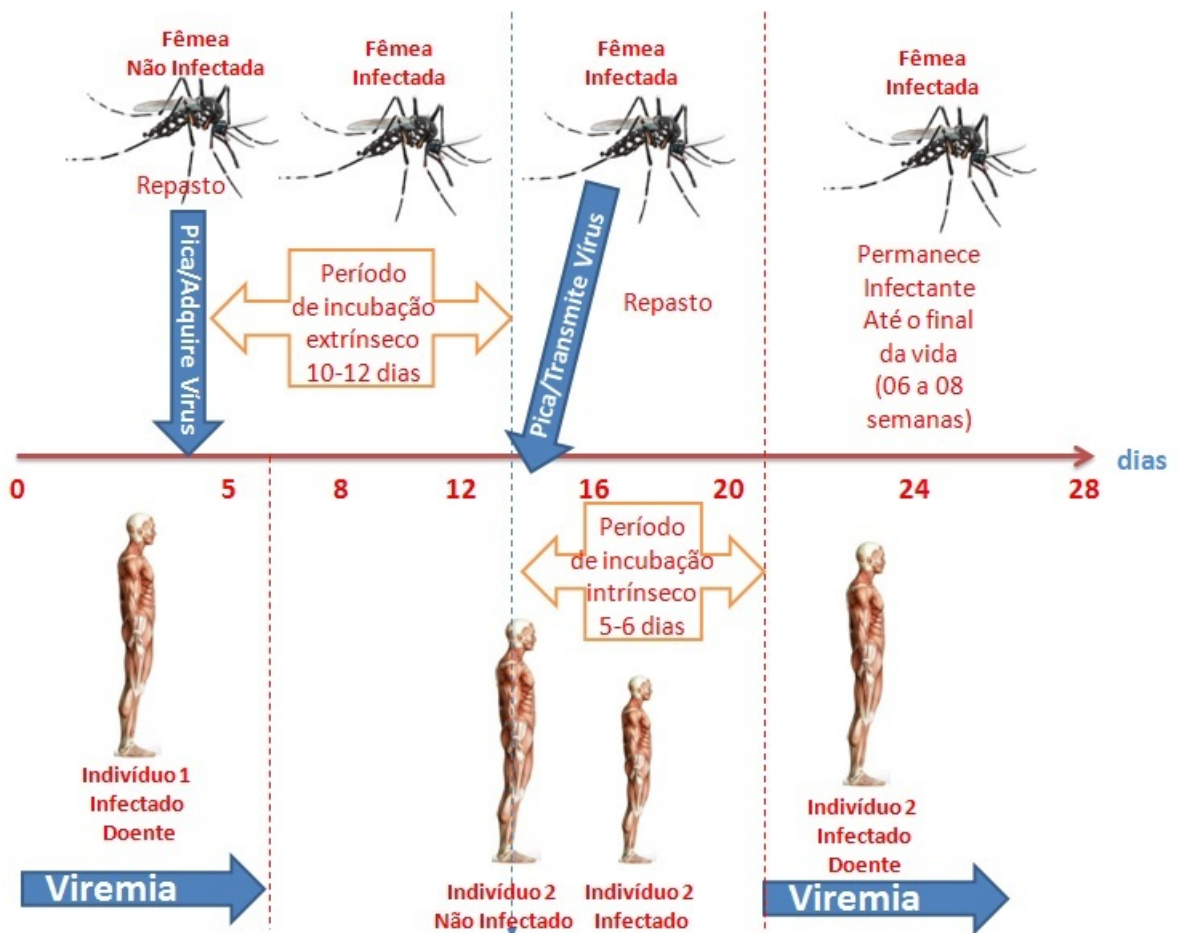


Figura 2.3: Ciclo de transmissão da dengue. Fonte: Adaptado de CDC (CDC, 2016)

balho de [Leandro \(2015\)](#) analisou diversos aspectos da transmissão transovariana, como a cinética de infecção dos ovários pelo vírus Dengue, as taxas de transmissão transovariana na primeira geração filial, a influência viral na fertilidade e fecundidade vetorial, os aspectos citopatológicos e ultraestruturais provocados pelo vírus no tecido ovariano, bem como a expressão diferencial de genes de resposta imune e pró-apoptóticos em ovários de *A. aegypti*. Os resultados da pesquisa apontaram que a infecção ovariana e a transmissão transovariana ocorrem a níveis muito reduzidos.

Os resultados apresentaram que a transmissão transovariana do vírus em mosquitos acontece a uma frequência muito baixa e, por isso, sua continuidade nas áreas urbanas pode não depender desse fenômeno ([ZEIDLER et al., 2008](#)). Apesar do número expressivo de investigações realizadas ainda existe a necessidade de melhorias técnicas ([BONA; TWERDOCHLIB; NAVARRO-SILVA, 2011](#)).

2.1.3 Dengue em Números na Bahia

Sobre as grandes epidemias de dengue, por ordem de magnitude nos últimos anos, conforme a Figura 2.4 criada a partir dos dados do SINAN, e que afetaram também o estado baiano, foram as de 2013, 2009, 2012, 2016, 2015, 2011 e 2002.

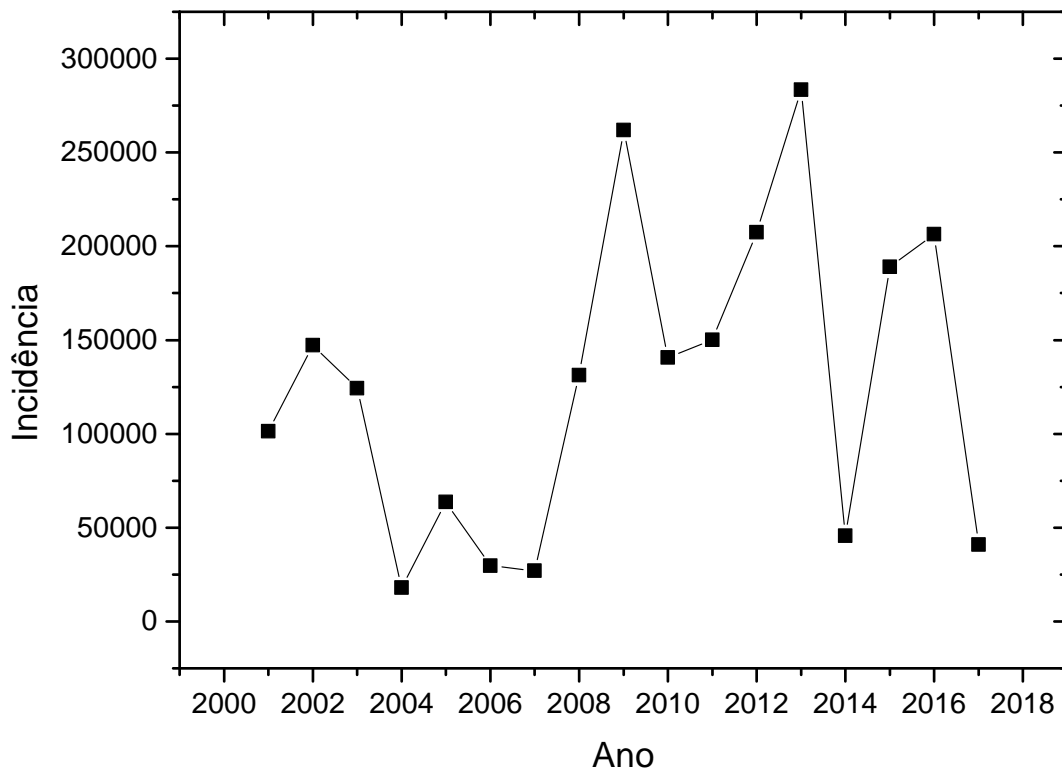


Figura 2.4: Grandes epidemias no Brasil. Fonte: Autor

Nesta série de 17 anos esboçada pela Figura 2.4, o município com maior incidência (em 100.000 habitantes) foi Uibaí com 30.483, seguido por Itabuna com 29.909. A menor incidência foi do município de Mortugaba com 144 (em 100.000 habitantes). A data com maior incidência foi 16/03/2009 com 3895.

2.2 Grafos variantes no tempo - TVG

A utilização de representações através de grafos no mundo real, possui várias aplicações em problemas diferentes, por exemplo, solucionar problemas de roteamento em grandes redes de computadores (TANG et al.; BENEVENUTO; ALMEIDA; SILVA; GUEDES et al.). Segundo Flocchini, Mans e Santoro (2009), as características altamente dinâmicas dessas redes po-

dem ser representadas por meio de grafos que variam no tempo, onde existem ligações entre os nós, e estas podem existir em alguns momentos. Desta forma, em determinados períodos de tempo, arestas entre nós são formadas e podem desaparecer. Diferentemente de grafos estáticos que tem uma foto instantânea da composição dos nós e suas arestas, o TVG revela a dinâmica da rede no tempo. Grafos variantes no tempo segundo definição de [Tang et al. \(2010\)](#), pode ser descrito por uma sequencia discreta (um conjunto ordenado) G_1, G_2, \dots, G_T de T grafos não direcionados ou direcionados, onde T é o comprimento da sequencia. Em notação compacta, denotamos toda a sequência como $G = \{G_t\}_{t=1,2..T}$, onde cada G_t denota estruturação das arestas da rede num dado tempo t , onde T é o tempo total de investigação do sistema considerado. Ainda segundo [Tang et al. \(2010\)](#), um gráfico G variável no tempo pode ser demonstrado por meio de uma matriz de adjacência dependente do tempo $N \times NA(t), t = 1, \dots, T$, onde a_{ij} são os elementos da matriz de adjacência do t -ésimo grafo. Nós indicamos como $K(t)$ o número de ligações no t -ésimo gráfico da sequencia. Nesta pesquisa será utilizada a exploração determinística de grafos que variam no tempo, sobre o aspecto da complexidade do problema da difusão da epidemia de dengue na Bahia. A utilização do TVG utilizando a série temporal de incidência de dengue, poderá elucidar como a rede epidêmica se comporta periodicamente. Segundo [Casteigts et al. \(2011\)](#) dependendo do problema em consideração, pode ser conveniente olhar para a evolução do sistema do ponto de vista de uma determinada relação (aresta) ou do sistema global (grafo inteiro). Para este trabalho, é relevante ter as duas análises, observando quais municípios devem ser atendidos numa epidemia em um tempo definido.

2.3 Modelos Computacionais Existentes

As redes complexas tem sido utilizadas na modelagem matemática e computacional para doenças infecciosas a algum tempo. Existem modelos que na epidemiologia são utilizados para modelar doenças como AIDS, hepatite, herpes e arboviroses ([WATTS; STROGATZ, 1998](#); [NEWMAN, 2003](#); [SILVA; FERREIRA; MARTINS, 2007](#); [MASUDA; KONNO, 2006](#); [YANG et al., 2007](#)).

2.3.1 Modelos Computacionais Baseados em Redes Complexas

A seguir serão apresentados alguns modelos baseados em redes complexas que contribuem para os trabalhos atuais.

Modelos como o de [Watts e Strogatz \(1998\)](#) que apresentaram algumas propriedades das redes complexas, como livre caminho médio e coeficiente de agrupamento, e mos-

traram que esses tem relação direta com a topologia da rede, o de [Newman \(2003\)](#) que fez uma revisão sobre propriedades das redes complexas, os diferentes tipos que existem e discutiram a dinâmica de alguns modelos epidemiológicos, como Suscetível-Infetado-Recuperado (SIR) e Suscetível-Infetado-Suscetível (SIS) nestas redes, o de [Silva, Ferreira e Martins \(2007\)](#) que propuseram um modelo de transmissão do tipo SIS que considera a transmissão da doença entre os indivíduos de uma mesma cidade (modelado por autômatos celulares) e a disseminação da doença para outras cidades conectadas por rodovias (rede livre-de-escala), o de [Masuda e Konno \(2006\)](#) onde foram apresentados vários modelos para propagação de doenças com taxa de contato heterogênea e o de [Yang et al. \(2007\)](#) que apresentaram um modelo SIR através de uma rede livre-de-escala em que todos os indivíduos tem a mesma infectividade.

2.3.2 Alguns Modelos Utilizados para a Dengue

Abaixo, serão exibidos alguns modelos que são utilizados até os dias atuais em diversas pesquisas relacionadas à dengue.

O modelo de equações diferenciais ordinárias que descreve a transmissão de um sorotipo de dengue através de uma população humana e uma de vetores, foi o primeiro trabalho de [Esteva e Vargas \(1998\)](#), baseado em [Bailey et al. \(1975\)](#). Nos anos seguintes, outros trabalhos foram publicados como: Um modelo matemático de equações diferenciais ordinárias, mas dessa vez com população humana variável e uma mortalidade induzida devido a infecção pela doença ([ESTEVA; VARGAS, 1999](#)), um modelo de transmissão mecânica da dengue como objetivo de analisar a importância delas na dinâmica ([ESTEVA; VARGAS, 2000](#)) e um modelo de equações diferenciais ordinárias para transmissão de dois sorotipos de dengue em uma população humana constante e em uma população de vetores também constante ([ESTEVA; VARGAS, 2003](#)).

Outros trabalhos como o de [Greenman, Kamo e Boots \(2004\)](#) que utilizaram modelos matemáticos não-autônomos, [Altizer et al. \(2006\)](#) que apresenta uma síntese de várias aplicações epidemiológicas com a sazonalidade atuando no sistema, o de [Coutinho et al. \(2006\)](#) que propõe a análise de um modelo de equações diferenciais ordinárias não-autônomo para transmissão de dengue considerando humanos, mosquitos adultos e ovos, o de [Pinho et al. \(2010\)](#) onde foi proposto um modelo de equações diferenciais ordinárias com duas populações, a de vetores, dividida nas fases e a população humana.

2.3.3 Modelos Explicativos de Redes

Segundo [Carvalho et al. \(2011\)](#) a pesquisa biomédica tem vários modelos sendo aplicados e na Figura 2.5 são listadas as diversas dimensões utilizadas para a classificação dos mais variados tipos de modelos usados.

Estratégia	
mecanístico	fenomenológico
padrão	processo
explicativo	preditivo
teórica	aplicada
qualitativo	quantitativo
Definições de estrutura	
determinístico	estocástico
analítico	computacional
dinâmico	estático
contínuo	discreto
populacional	individual
paramétrico	não (semi) paramétrico
linear	não linear
Elaboração	
simples	complexo
específico	geral
aproximado	preciso
caricato	realístico
Inferência estatística	
frequentista	bayesiano

Figura 2.5: Dimensões utilizadas para a classificação dos mais diversos modelos da pesquisa biomédica. Fonte: Adaptado de ([CARVALHO et al., 2011](#))

Diferentemente dos modelos citados anteriormente, alguns deles baseados em equações diferenciais ou autômatos celulares, existe uma corrente de modelos que buscam compreender o fenômeno (veja Figura 2.6), neste caso o fenômeno de disseminação da dengue.

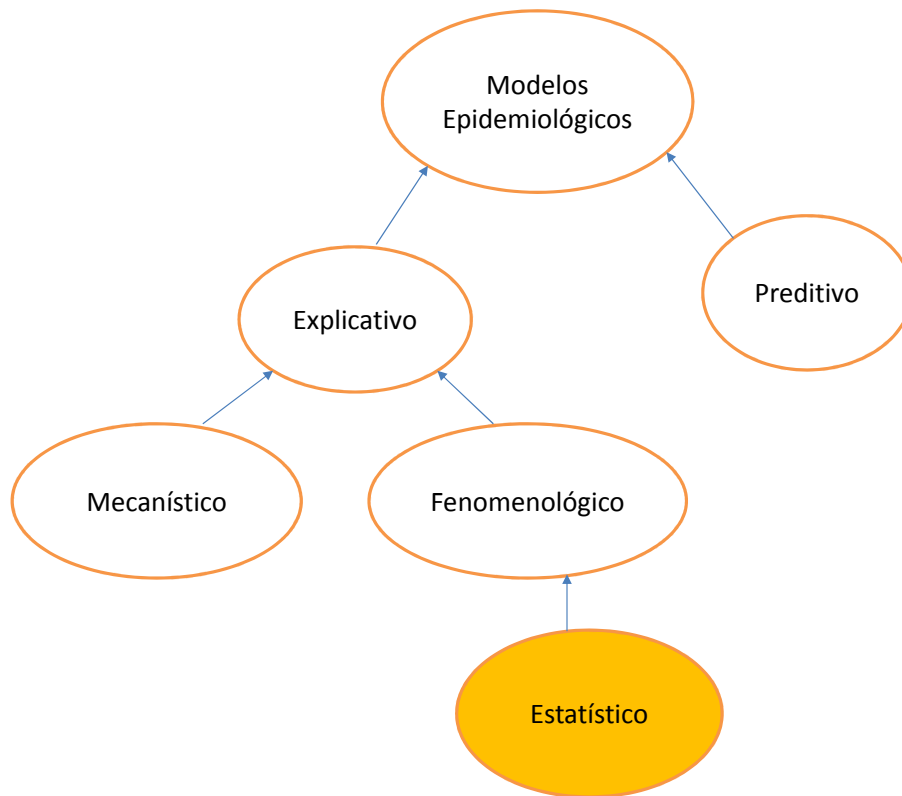


Figura 2.6: Modelos epidemiológicos. Fonte: Autor

Dentro desses modelos epidemiológicos existem duas linhas: Uma preditiva e uma explicativa. Sobre a linha explicativa, esta divide-se em dois ramos. O Mecanístico e o Fenomenológico. O mecanístico representa os processos causais implícitos que têm papel determinante no desfecho em estudo e constituem um dos focos principais de um estudo epidemiológico. Esta rede de causalidade tem, forçosamente, caráter teórico e é construída anteriormente à observação empírica. Os fenomenológicos buscam detectar padrões observáveis empiricamente e que serão objeto de exercícios analíticos futuros ([CARVALHO et al., 2011](#)).

Dentro dessa vertente explicativa fenomenológica, existe um ramo dos modelos estatísticos, que através de dados coletados do fenômeno, procuram entender seus padrões. A partir desses modelos estatísticos, existem trabalhos que utilizam análise de redes complexas e correlações, e que estão mais próximos desta pesquisa. Tais como: [Saba, Oliveira e Miranda \(2008\)](#) que tratou um modelo computacional para auxílio no combate a epidemias com base em redes sociais, [Saba et al. \(2014\)](#) que buscou verificar a existência de correlação de casos de dengue, com a rede de transporte inter-municipal rodoviário na Bahia utilizando redes complexas, ou seja, discutiu a rede de disseminação através da movimentação demográfica por estradas e correlatos, [Saba, Miranda e Moret \(2014a\)](#), que estudou a evolução da dengue no estado da Bahia quanto ao número de casos para cada cidade e se este possuíam um comportamento de criticalidade auto-organizada, [Saba et al. \(2018\)](#) que discutiu a relevância do transporte para correlações entre criticidade, meios físicos de propagação e distribuição de casos de dengue no estado da Bahia e o de [Stoddard et al. \(2009\)](#) que desenvolveu um modelo conceitual para avaliar a importância da variação na exposição devido a movimentos humanos individuais para a transmissão de patógenos, com foco no vírus da dengue transmitida por mosquitos.

Por fim, a partir da linha explicativa fenomenológica estatística, esse trabalho traz de forma pioneira, o método Motif-Synchronization com o objetivo de identificar padrões e compreender o fenômeno da disseminação da dengue nos municípios baianos. Diferentemente que os demais, que utilizaram equações diferenciais, autômatos celulares, simulações, correlações de Pearson e Spearman, esta pesquisa utiliza a sincronização das redes epidemiológicas em uma série temporal de 17 anos de casos de dengue, buscando padrões do fenômeno da difusão da dengue entre os municípios. A escolha desse método, se deu pelo fato de que quando comparado com os demais, já citados, este método de sincronização por motifs se apresentou mais robusto e eficaz do ponto de vista computacional para a identificação dos padrões buscados. Esta escolha se deu após alguns estudos realizados utilizando outros métodos ([FILHO et al., 2018](#); [SABA et al., 2018](#)).

2.4 Motif-Synchronization

O método Motif-Synchronization desenvolvido por (ROSÁRIO et al., 2015) fornece o grau de sincronização e a direção entre diferentes nós de uma rede. O método utiliza o número de ocorrências de padrões específicos entre pares de séries temporais para estimar a sincronização como função do tempo. Esses padrões são chamados de motifs e representam flutuações formadas por sequências de três pontos indicando padrões de picos, vales, subidas e descidas. Os dois parâmetros fundamentais na construção de um motif são a ordem n e o lag τ , que correspondem ao número de pontos usados na sua criação, e o intervalo entre esses pontos, respectivamente. O método permite estimar a sincronização mesmo que exista atraso entre as séries, neste caso, indica a direção informando como origem o município em que os padrões apareceram primeiro e como destino o município que apareceu depois.

O método de sincronização por motifs consiste em reescrever a série temporal de cada município como uma sequência de motifs, tal que, dada uma série temporal X_i , representando os casos notificados de dengue no município i , escreve-se a série temporal como uma sequência de motifs MX_i . Desta forma, MX_i contém uma sequência de códigos representando as sequências de picos, vales e platôs da série original. É feito o mesmo com todos os municípios e uma comparação entre todos os pares de municípios é feita para cada janela temporal.

Considerando X e Y como duas séries temporais de dois municípios, gravados simultaneamente. O primeiro passo é a tradução dessas séries temporais em duas novas séries X_M e Y_M de sequências motif (ROSÁRIO et al., 2015). Então, C_{XY} é definido como o maior número de vezes que o mesmo motif foi encontrado em Y_M pouco depois de ser encontrado em X_M para diferentes tempos de atraso, τ_n .

$$C(X_M; Y_M) = C_{XY} = \max \left(\sum_{i=1}^{L_m} J_i^{\tau_0}, \sum_{i=1}^{L_m} J_i^{\tau_1}, \dots, \sum_{i=1}^{L_m} J_i^{\tau_n} \right) \quad (2.1)$$

com,

$$J_i^\tau = \left\{ \begin{array}{l} 1, \text{ se } M\#_{X_i} = M\#_{Y_{i+\tau}} \\ 0, \text{ caso contrário} \end{array} \right\} \quad (2.2)$$

$M\#_{X_i}$ é o i -th motif das séries temporais X_M e L_m representa o tamanho da janela deslizando dentro da série temporal. Analogamente, definimos C_{YX} .

O grau de sincronização é definido como,

$$Q_{XY} = \frac{\max\{C_{XY}, C_{YX}\}}{L_m} \quad (2.3)$$

A direção de sincronização é estimada a partir da relação,

$$q_{XY} = \left\{ \begin{array}{l} 0, \text{ se } C_{XY} = C_{YX} \\ \text{sin}(C_{XY} - C_{YX}) \times 1, \text{ caso contrário} \end{array} \right\} \quad (2.4)$$

O grau de sincronização se apresenta entre $0 \leq Q_{XY} \leq 1$, e o índice q_{XY} assume o valor zero para uma sincronização sem direção preferencial entre X e Y, assume o valor positivo de 1 quando X precede Y, e assume o valor -1 quando Y precede X (ROSÁRIO et al., 2015).

O uso deste método para a série temporal de incidência de dengue cria uma nova metodologia para a análise de redes epidêmicas dinâmicas através da combinação da metodologia (TVG) e do método de associação direcional (Figura 2.7) para estabelecer o caminho das epidemias de dengue no estado e a sincronização dos municípios em momentos de epidemia

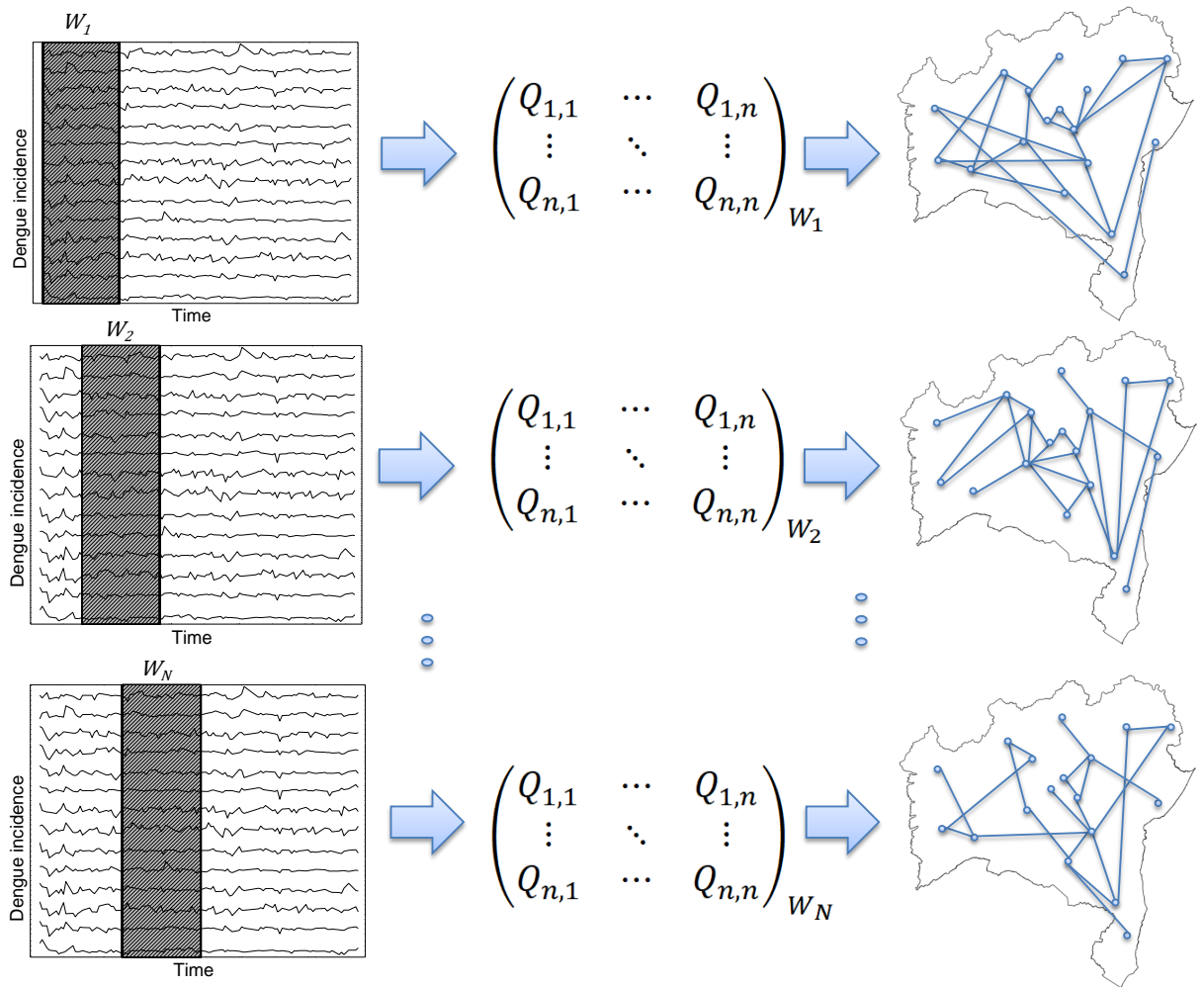


Figura 2.7: Diagrama de implementação da metodologia. Para a janela de tempo W_1 , o método Motif-Synchronization é aplicado obtendo uma rede para o instante de tempo determinado. Ao mover a janela de tempo ao longo da série temporal, o processo é repetido gerando todas as outras redes TVG. Fonte: (ARAÚJO et al., 2018)

A Figura 2.8 mostra as possibilidades de configurações para um motif de ordem 3 e representa os 06 (seis) tipos de motifs e como eles serão identificados nas séries temporais. Para atribuir um grau de conectividade significativa entre as séries dos municípios, deverá ser encontrada uma série de motifs em sequência. A Figura mostra as possibilidades de configurações para um motif de ordem 3.

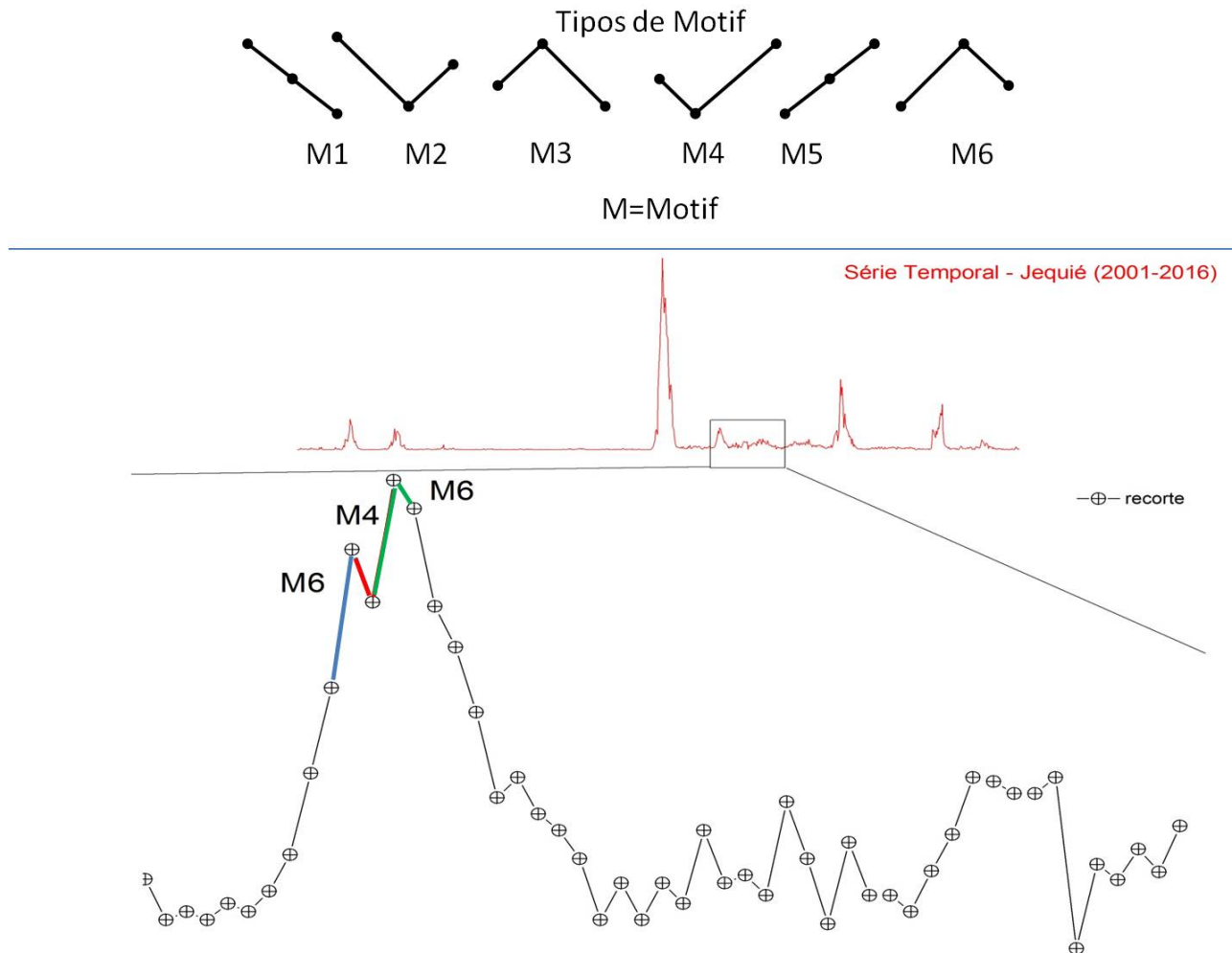


Figura 2.8: Recorte da série temporal do município de Jequié em 17 anos demonstrando os motifs. Fonte: Autor

Na Figura 2.8, para a série temporal em questão, é verificada as sequencias de motifs, no caso M6, M4 e M6. Ao encontrar esta sequencia, o intervalo é selecionado com o objetivo de mapear as sincronizações entre pares de municípios. A quantidade de motifs mínima que deverá ser encontrada para registrar uma sincronização, dependerá do valor da janela multiplicado pelo limite usado para estabelecer arestas significativas.

Modelo de Caracterização da Direção e do Atraso na Disseminação da Dengue

Pensar é o trabalho mais difícil que existe, e esta é provavelmente a razão por que tão poucos se dedicam a ele.
(Henry Ford)

3.1 Metodologia

Os dados referentes aos casos de dengue notificados foram obtidos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) no período entre 01/01/2001 a 31/12/2017 para todos os 417 municípios do estado da Bahia. Informações sobre a população, localização e codificação dos municípios foram obtidas do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) (IBGE, 2016). A partir da combinação dessas bases de dados, séries temporais de incidência de dengue, para cada município, foram criadas tendo como base a data dos primeiros sintomas dos casos. O método de sincronização por Motifs (ROSÁRIO et al., 2015) foi utilizado para a construção da rede de sincronização entre as séries temporais de notificação de dengue no estado. Os nós representam os municípios e as arestas são criadas entre municípios sempre que o grau de sincronização ultrapasse um valor limite. O valor limite de sincronização foi estabelecido a partir da máxima sincronização entre as séries aleatorizadas.

A resolução temporal utilizada foi a de casos por dia para cada município, e assim foi calculada a incidência diária por 100 mil habitantes estimada, conforme pode ser visto na Tabela 3.1. Foi utilizada a data dos primeiros sintomas (campo 7 da Ficha de Notificação do SINAN I.1), pois diferentemente da data de notificação, esta data marca o momento em que o indivíduo apresentou a manifestação da viremia. Para cálculo da incidência, foi utilizada a Fórmula 3.1 já adotada pelo Ministério da Saúde (BRASIL, 2014). Para o número total de pessoas, foi utilizado a estimativa de população para 2016 apresentada pelo IBGE (IBGE, 2016).

$$Incidencia = \frac{num. \text{ casos novos de uma doença em um periodo}}{num. \text{ total de pessoas em risco no mesmo periodo}} \times 100.000 \quad (3.1)$$

Tabela 3.1: Amostra dos dados de incidência de dengue utilizando a data de primeiros sintomas para alguns municípios da Bahia. Fonte: Autor

PRIMEIROS SINTOMAS	ANTAS	ARACI	AURELINO LEAL	BAIXA GRANDE
20010101	0	10,78419038	0	0
20010102	0	0	0	4,674426214
20010103	0	1,797365063	0	0
20010104	5,159426272	1,797365063	0	0
20010105	0	0	0	0
20010106	0	0	0	0
20010107	0	0	0	4,674426214
20010108	0	0	0	0
20010109	0	0	0	28,04655729
20010110	0	3,594730126	7,757350089	0
20010111	0	3,594730126	0	0
20010112	0	3,594730126	0	4,674426214
20010113	0	1,797365063	0	0
20010114	0	3,594730126	0	0
20010115	0	3,594730126	0	0
20010116	0	3,594730126	0	4,674426214
20010117	5,159426272	7,189460251	0	0
20010118	10,31885254	0	0	4,674426214
20010119	0	0	0	32,7209835
20010120	0	1,797365063	7,757350089	4,674426214
20010121	0	5,392095188	0	14,02327864
20010122	15,47827882	7,189460251	0	23,37213107
20010123	10,31885254	5,392095188	0	0
20010124	0	5,392095188	0	23,37213107
20010125	0	1,797365063	0	0
20010126	5,159426272	1,797365063	0	14,02327864
20010127	0	1,797365063	0	14,02327864
20010128	5,159426272	0	0	18,69770486
20010129	5,159426272	0	0	9,348852428
20010130	5,159426272	0	0	0
20010131	5,159426272	0	0	0
20010201	0	7,189460251	23,27205027	28,04655729
20010202	0	0	7,757350089	0
20010203	0	0	7,757350089	18,69770486
20010204	0	1,797365063	7,757350089	9,348852428
20010205	0	7,189460251	0	18,69770486
20010206	0	5,392095188	0	23,37213107
20010207	0	5,392095188	0	23,37213107
20010208	0	1,797365063	0	4,674426214
20010209	5,159426272	0	0	42,06983593
20010210	0	0	7,757350089	74,79081943
20010211	5,159426272	7,189460251	0	42,06983593
20010212	15,47827882	16,17628557	15,51470018	23,37213107
20010213	5,159426272	0	7,757350089	14,02327864
20010214	0	10,78419038	0	93,48852428
20010215	0	0	7,757350089	14,02327864
20010216	0	0	0	65,441967

As redes do TVG foram geradas para uma janela deslizante de 35 dias. O processamento dos dados seguiu as seguintes etapas: Separação e limpeza dos dados das séries temporais da dengue e dados complementares; Fusão das bases de dados para elaboração de um arquivo contendo o número de casos semanais para todos os municípios; construção do TVG; Avaliação da ponderação das arestas a partir da ocorrência de sincronização significativa por ano; Análise e geração dos resultados.

Partindo-se da premissa de que as redes de sincronização capturam o mecanismo fundamental da dinâmica de difusão da dengue podemos enunciar as hipóteses do trabalho: existe um tempo característico de sincronização na rede de incidência de dengue nos municípios baianos; deve existir uma relação entre o tempo característico de sincronização e a distância entre os municípios baianos, ou seja, municípios mais afastados devem exibir um tempo de atraso maior; existem municípios que aparecem sistematicamente como entrada e saída na rede de sincronização e que podem ser caracterizados como maiores receptores e expulsores de dengue na Bahia.

Considerando que este trabalho é a primeira vez que o método Motif-Synchronization é aplicado a dados epidemiológicos foi necessária uma avaliação prévia dos parâmetros do método. O primeiro parâmetro avaliado foi o tamanho da janela deslizante T . O método avalia a sincronização entre todos os pares de municípios dentro de um intervalo de tempo definido como T . Para cada janela T uma rede de sincronização é construída, a janela é movida um ponto no tempo e uma nova rede é estimada. O conjunto de todas as redes forma o TVG. Quanto maior o intervalo T menor a chance de encontrarmos pares de nós perfeitamente sincronizados, e quanto menor T , maior será a resolução temporal da dinâmica da rede. Desta forma, buscamos o menor valor de T que maximizasse a quantidade de sincronizações significativas. Onde sincronizações significativas representam valores de Q_{xy} (Equação 2.1) maiores do que 95% dos valores de Q_{xy} obtidos para séries embaralhadas. Utilizando este critério a janela estimada foi de 35 dias ($T=35$) e o valor de Q_{xy} limite usado para estabelecer arestas significativas foi de 0.457143, o que representa que 95% de semelhança entre a sequência de 35 motifs entre pares de municípios. Este valor, de acordo com o critério de aleatorização usado, representa uma chance de 5% de serem frutos do acaso.

Um dos parâmetros mais importantes do método é o tempo de atraso máximo considerado. Este parâmetro representa o atraso máximo que o algoritmo permite que padrões de oscilações ocorram em pares de series temporais. A estimação desse parâmetro ajudará a responder à pergunta sobre existência de um tempo característico no atraso das sincronizações entre os municípios. Desta forma utilizando janelas de 35 dias e grau de sincronização limite de 0.457143, calculamos um histograma de ocorrência dos atrasos para as sincronizações significativas entre todos os municípios e ao longo de todo o período de análise. A Figura 3.1 apresenta o histograma para valores de τ entre 0 e 150 dias.

Segundo a Figura, o atraso mais provável de ocorrer a sincronização dos municípios para o período, isto é, que gera a maior quantidade de arestas em sincronização, é de 14 dias. Este valor característico no atraso entre as sincronizações está relacionado com o ciclo de transmissão da doença. De fato, de acordo com (CDC, 2016) o período de transmissão do vírus entre dois indivíduos (indivíduo-vetor-indivíduo) é representado pela soma do período de incubação Extrínseca e Intrínseca (Figura 2.3) que pode ser entre 13 e 18 dias. Desta forma, o modelo de rede dinâmica é capaz de identificar propriedades do processo de transmissão da doença.

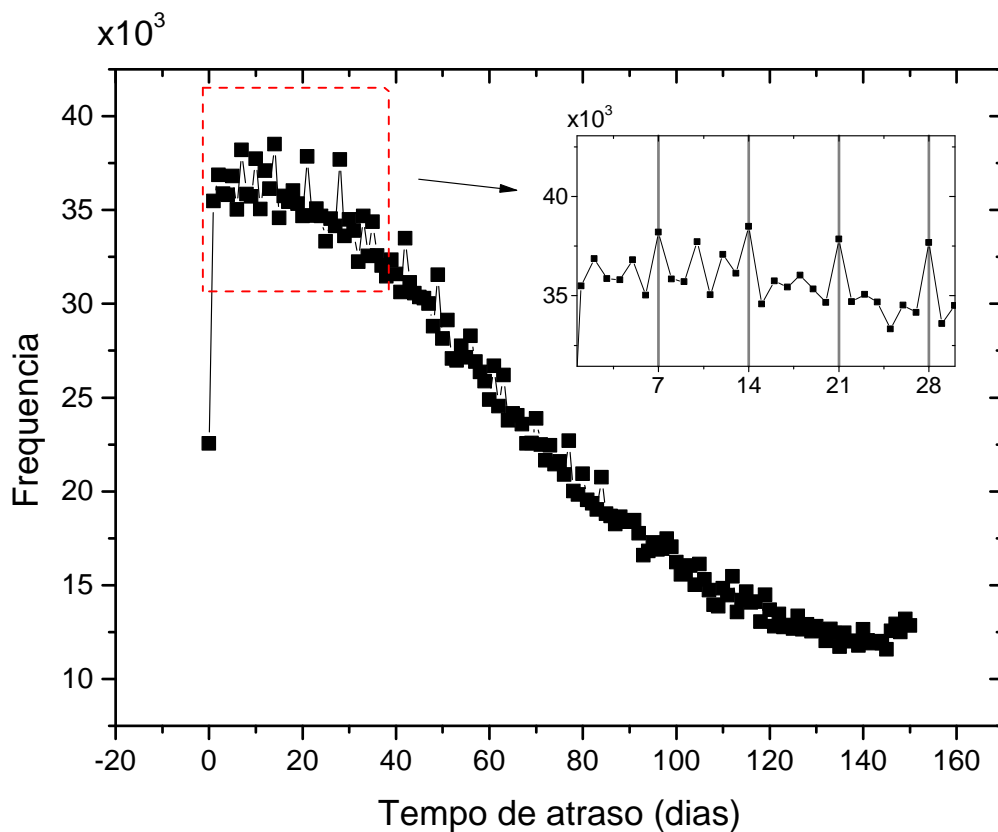


Figura 3.1: Histograma de atraso de tempo para todos os pares de municípios baianos na série temporal. Fonte: Autor

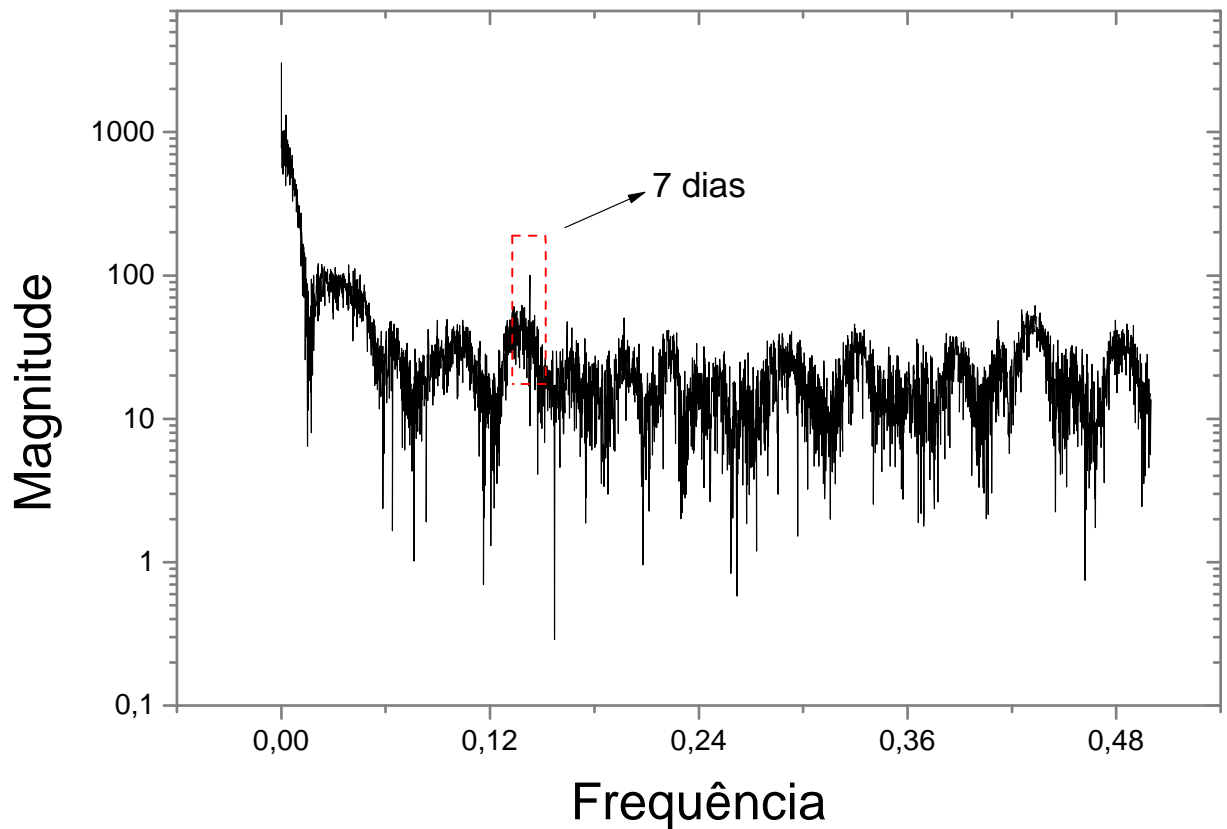


Figura 3.2: Transformada de Fourier de dados de incidência por dia do município de Salvador. Fonte: Autor

Geramos a transformada de Fourier (Figura 3.2) para analisar se existia mesmo um ciclo de 7 dias, detectado na Figura 3.1. Segundo a Figura 3.2, existe sim um ciclo de 7 dias, e entende-se que este ciclo deve estar acontecendo em momento epidêmico e que, provavelmente, está ligado com os períodos de incubação extrínseco e intrínseco.

3.2 Modelo Explicativo de Caracterização do Fenômeno da Disseminação da Dengue

No presente estudo, analisamos se o método computacional Motif-Synchronization baseado em TVG seria útil para caracterizar a difusão da dengue na Bahia, utilizando dados da série temporal de incidência de dengue. Foi criado o modelo de caracterização da epidemia buscando evidenciar o padrão da direção e o atraso através do método citado. Conforme já relatado anteriormente, todos os modelos pesquisados e que tentaram caracterizar o fenômeno da difusão da epidemia, até mesmo os que utilizaram redes complexas em séries temporais, como é o caso de [Saba et al. \(2014\)](#), deixaram uma lacuna quanto

a direção da dengue entre os municípios e qual o atraso de chegada, entre estes, em momentos epidêmicos. A Figura 3.3 apresenta visualmente como o modelo foi constituído e seu funcionamento.

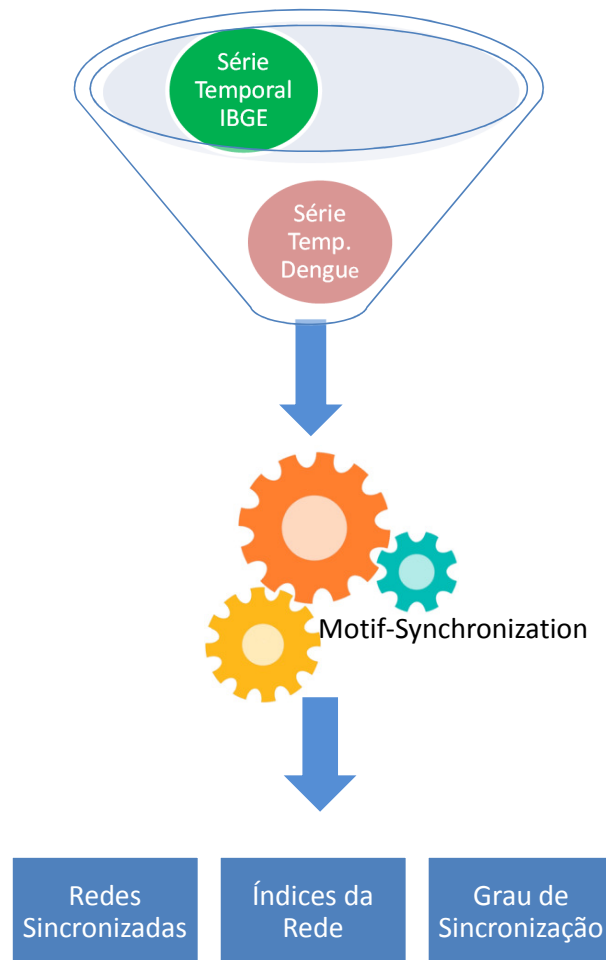


Figura 3.3: Execução do Modelo. Fonte: Autor

Conforme já citado anteriormente, após a etapa de elaboração dos dados de entrada, uma próxima etapa do modelo proposto é processar os dados na aplicação do método Motif-Synchronization (Figura A.3) para gerar o TVG e as sincronizações significativas. São geradas as séries temporais (Figura 3.4) para todos os 417 municípios e para todos os 6209 dias (365 dias x 17 anos + 4 dias de anos bissextos).

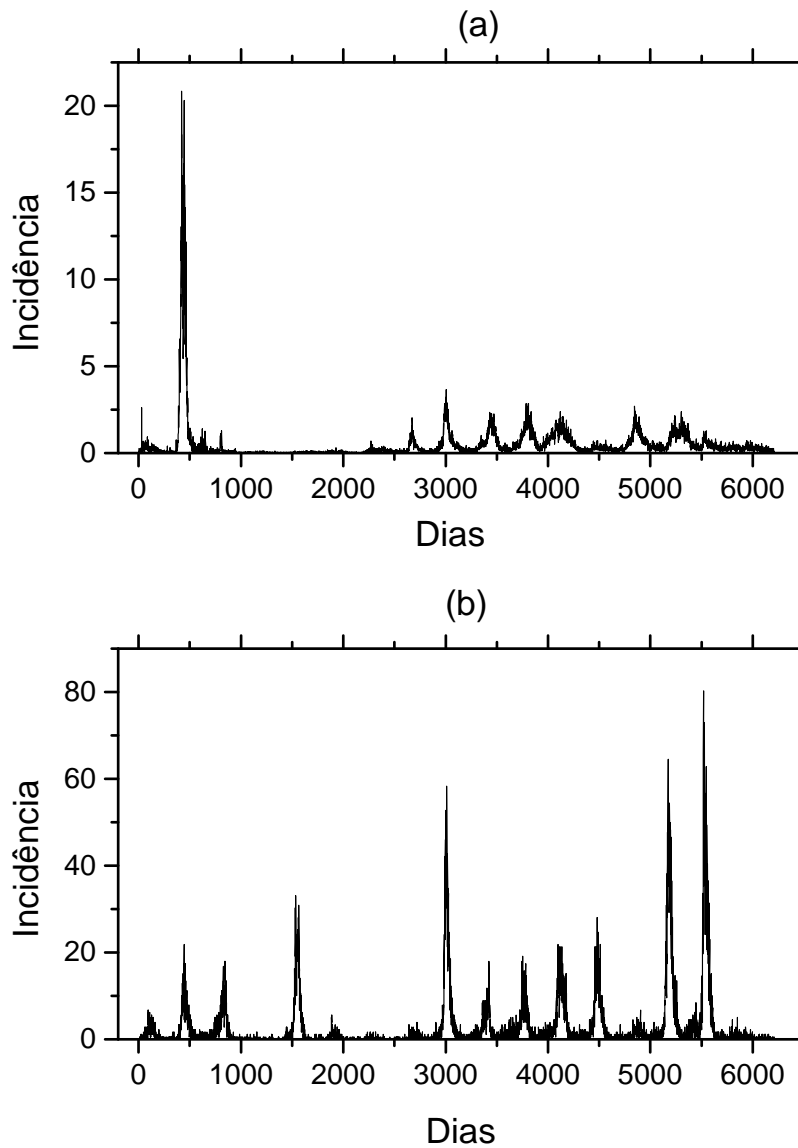


Figura 3.4: Séries temporais (a) e (b). Representam dois municípios distintos. Fonte: Autor

A Figura 3.5 demonstra a forma que o algoritmo Motif-Synchronization trabalha buscando municípios sincronizados com pelo menos 03 Motifs, utilizando os parâmetros pré-definidos.

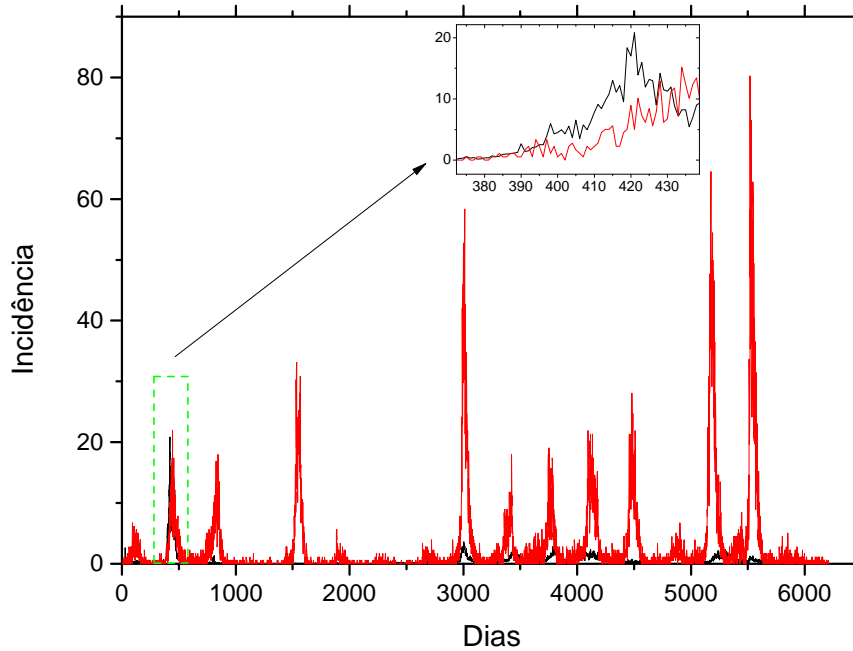


Figura 3.5: Série temporal entre dois municípios da Bahia em 17 anos e recorte da sincronização. Fonte: Autor

A partir da geração do TVG, inicia então a avaliação da ponderação das arestas a partir da ocorrência de sincronização significativa por ano, para então montar a rede dengue georreferenciada dos municípios baianos. Com a rede montada, é possível ver o caminho da dengue no tempo e o atraso para ir de um município a outro. Com isso, são geradas as análises e resultados.

Resultados e Discussões

O ignorante afirma, o sábio duvida, o sensato reflete.
(Aristóteles)

4.1 Resultados

Com base nos resultados apresentados na Figura 3.1 utilizamos como atraso máximo $\tau=21$ dias. Com isso, as redes de sincronização representarão a transição mais imediata da doença. A Figura 4.1 mostra a correlação entre incidência de dengue e a quantidade de arestas na rede de sincronização para cada semana ao longo de todo o período de estudo e para todos os municípios da Bahia. A relação apresentada na Figura 4.1 mostra uma correlação crescente de forma linear com um coeficiente de correlação $R=0,72935$, assim, um aumento nas sincronizações da rede representa um aumento na incidência geral da doença no estado. Esse resultado corrobora com a hipótese de que as redes de sincronização da epidemia de dengue entre municípios baianos caracterizam o processo de difusão da doença.

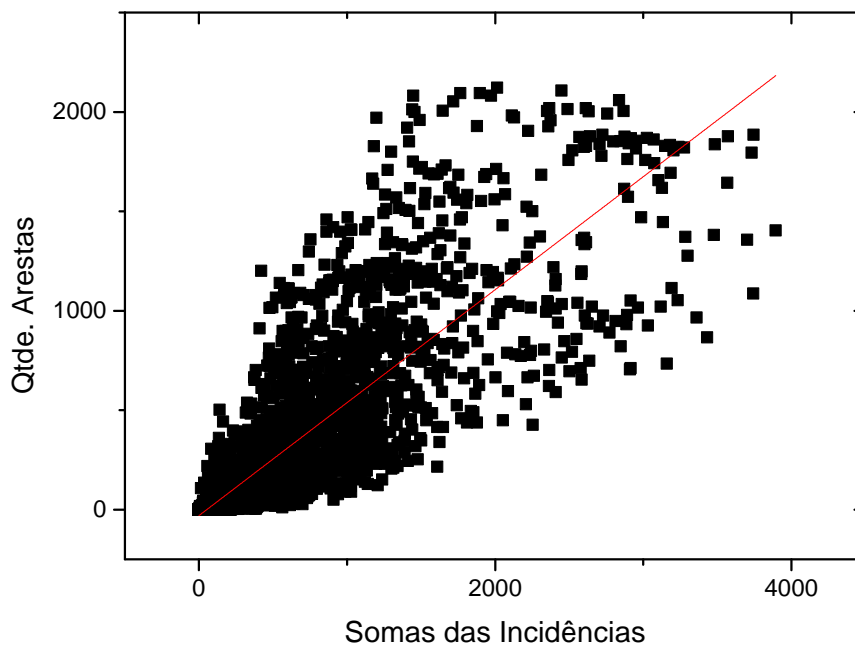


Figura 4.1: Arestas entre os municípios da Bahia versus incidência de dengue. Fonte: Autor.

O gráfico da Figura 4.2 mostra a relação entre o atraso temporal de sincronização e a distância média entre municípios. Observa-se que não há uma distância característica para cada atraso entre os municípios baianos, visto que, a distância média é a mesma para todos os valores de atraso. Esse resultado indica que o processo de difusão da doença não leva em consideração o espaço físico na propagação, apresentando uma difusão não local. Para fortalecer este argumento, a Figura A.1 ilustra a disseminação da doença de forma não local. Ainda sobre a Figura 4.2, existe uma inclinação da média das distâncias pelo tempo de atraso com valor $0,13722$. Isso quer dizer que para municípios mais distantes, o atraso temporal é sutilmente maior.

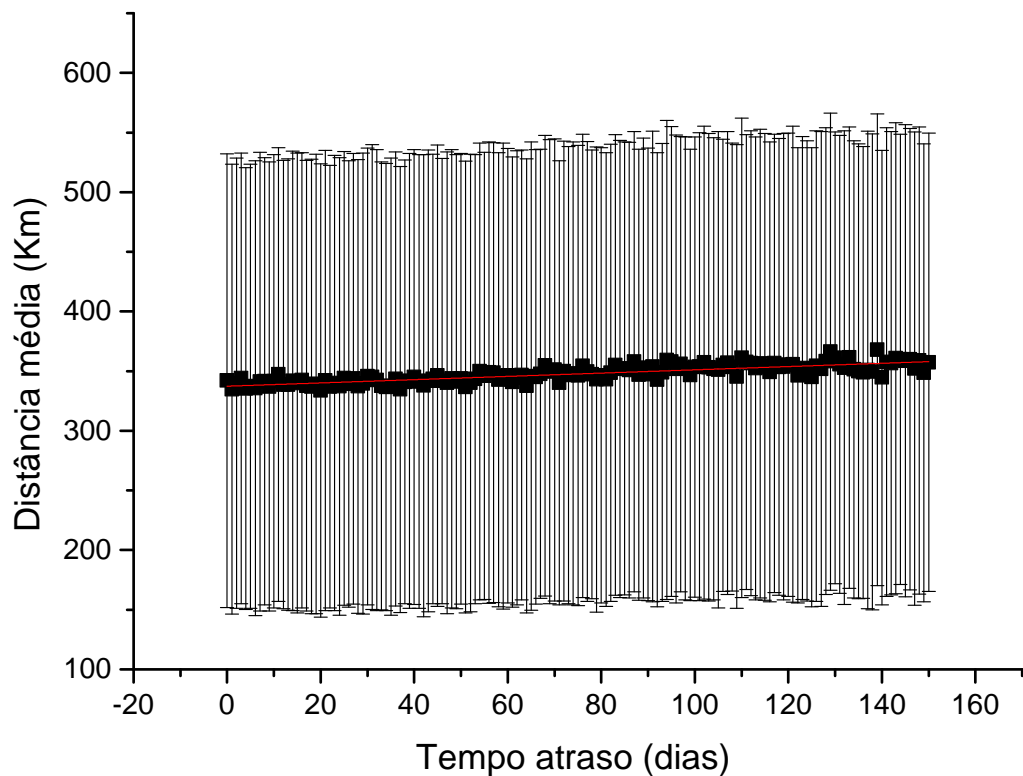


Figura 4.2: Relação entre o tempo e a distância média entre os municípios. Fonte: Autor

Para avaliarmos a importância das relações entre os municípios ao longo do tempo foram construídas redes para cada ano e uma rede ponderada considerando como peso a quantidade de anos que cada aresta ocorreu ao longo dos 17 anos. Esta rede ponderada representa a probabilidade de recorrência da sincronização para o período avaliado (2001 a 2017). A tabela 4.1 mostra as arestas com peso maior ou igual a 12 anos de recorrência. O peso maior ou igual a 12 anos, foi em decorrência de se ter 70% de chance de ocorrência destas arestas. Também faz parte desta tabela, a distância entre os municípios participantes nas arestas. Esta distância é em linha reta no mapa do Brasil e foi calculada levando

em consideração a latitude/longitude de cada município. A menor distância foi entre os municípios Ilhéus e Itabuna, ou seja, 25 km aproximadamente. E a maior distância entre Juazeiro e Ilhéus com 618 km aproximadamente. A Figura 4.3 mostra os resultados da tabela 4.1 georeferenciados no mapa do estado. Observa-se que não existe uma dependência entre o peso de recorrência e a distância entre municípios, reforçando a hipótese de difusão não local da dengue.

Tabela 4.1: Arestas da rede de dengue com peso maior ou igual a 12 anos na série temporal e a distância entre as cidades da aresta calculada pela latitude e longitude. Fonte: Autor.

Município de Origem	Município de Destino	Peso	Distância O-D (km)
Salvador	Ilhéus	15	210
Salvador	Feira de Santana	15	93
Serrinha	Ilhéus	14	348
Feira de Santana	Salvador	14	93
Feira de Santana	Ilhéus	14	281
Juazeiro	Ilhéus	14	618
Ilhéus	Feira de Santana	14	281
Ilhéus	Salvador	14	210
Vitória da Conquista	Juazeiro	13	607
Salvador	Itabuna	13	218
Juazeiro	Jacobina	13	196
Juazeiro	Feira de Santana	13	359
Ilhéus	Itabuna	13	25
Ilhéus	Serrinha	13	348
Itabuna	Ilhéus	13	25
Itabuna	Salvador	13	218
Serrinha	Vitória da Conquista	12	407
Teixeira de Freitas	Itabuna	12	310
Teixeira de Freitas	Feira de Santana	12	592
Vitória da Conquista	Feira de Santana	12	353
Vitória da Conquista	Teixeira de Freitas	12	319
Vitória da Conquista	Jacobina	12	411
Ilhéus	Jacobina	12	432
Ilhéus	Porto Seguro	12	185
Itabuna	Feira de Santana	12	282
Jacobina	Juazeiro	12	196
Jacobina	Ilhéus	12	432
Jacobina	Feira de Santana	12	208

Para aumentar a visão da análise, foi realizado o levantamento das arestas com peso maior ou igual a 11 anos de recorrência (Tabela 4.2), ou seja, 65% de chance de ocorrência destas arestas em 17 anos. A menor distância foi entre os municípios Ilhéus e Itabuna, ou seja, 25 km aproximadamente. E a maior distância entre Porto Seguro e Juazeiro com 798 km aproximadamente. A Figura 4.4 mostra os resultados da tabela 4.2 georeferenciados no mapa do estado. É observado que municípios no extremo oeste da Bahia, como Luís Eduardo Magalhães (LEM) e Barreiras surgem criando arestas com Vitória da Conquista, sudeste da Bahia em 11 anos da série temporal.

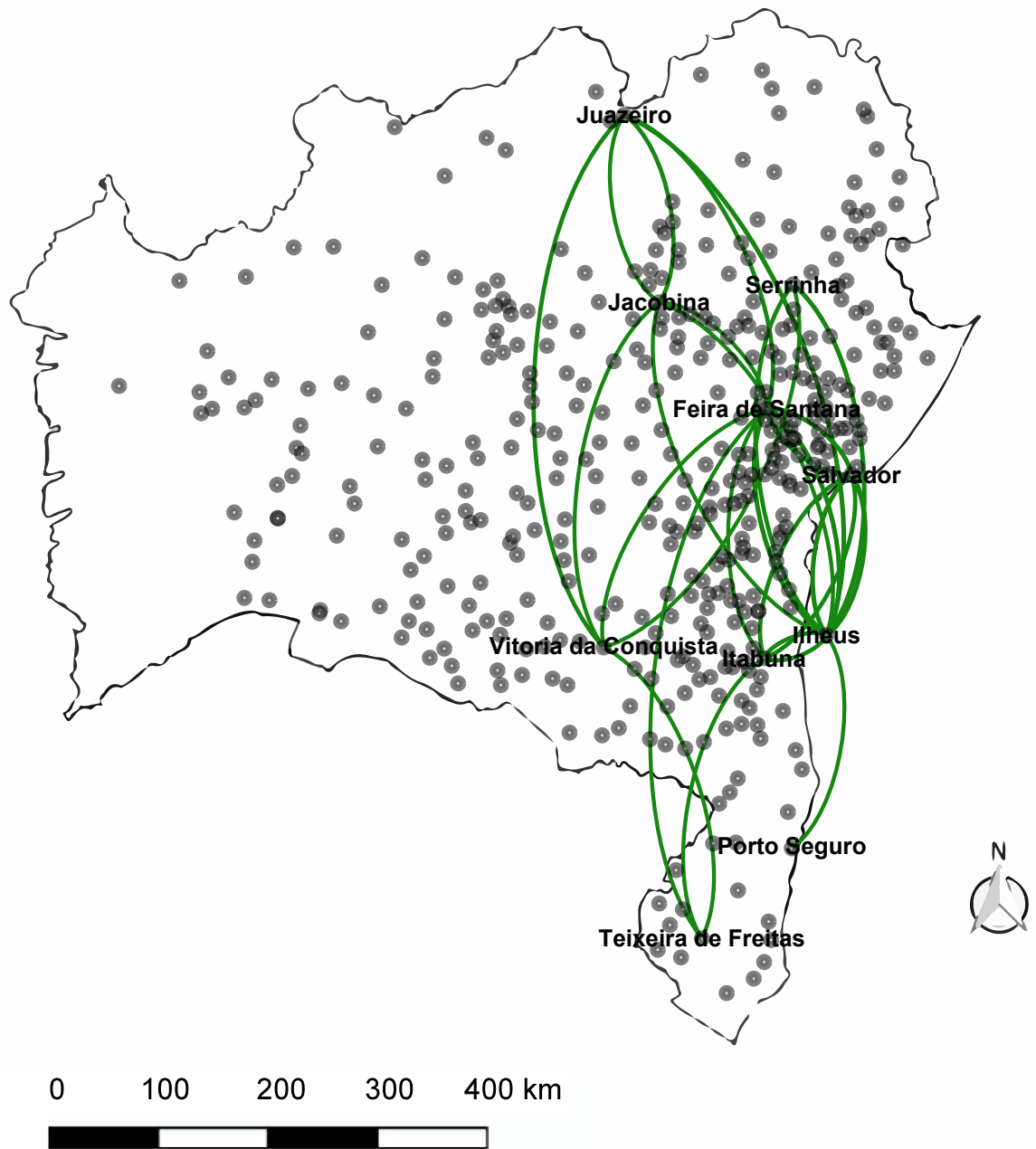


Figura 4.3: Arestas com peso maior ou igual a 12 anos na rede de dengue epidêmica na Bahia e suas distâncias georreferenciadas. Fonte: Autor.

Tabela 4.2: Arestas da rede de dengue com peso maior ou igual a 11 anos na série temporal e a distância entre as cidades da aresta calculada pela latitude e longitude. Fonte: Autor.

Município de Origem	Município de Destino	Peso	Distância O-D (km)
Salvador	Ilhéus	15	210
Salvador	Feira de Santana	15	93
Serrinha	Ilhéus	14	348
Feira de Santana	Salvador	14	93
Feira de Santana	Ilhéus	14	281
Juazeiro	Ilhéus	14	618
Ilhéus	Feira de Santana	14	281
Ilhéus	Salvador	14	210
Vitória da Conquista	Juazeiro	13	607
Salvador	Itabuna	13	218
Juazeiro	Jacobina	13	196
Juazeiro	Feira de Santana	13	359
Ilhéus	Itabuna	13	25
Ilhéus	Serrinha	13	348
Itabuna	Ilhéus	13	25
Itabuna	Salvador	13	218
Serrinha	Vitória da Conquista	12	407
Teixeira de Freitas	Itabuna	12	310
Teixeira de Freitas	Feira de Santana	12	592
Vitória da Conquista	Feira de Santana	12	353
Vitória da Conquista	Teixeira de Freitas	12	319
Vitória da Conquista	Jacobina	12	411
Ilhéus	Jacobina	12	432
Ilhéus	Porto Seguro	12	185
Itabuna	Feira de Santana	12	282
Jacobina	Juazeiro	12	196
Jacobina	Ilhéus	12	432
Jacobina	Feira de Santana	12	208
Teixeira de Freitas	Vitória da Conquista	11	319
Teixeira de Freitas	Ilhéus	11	314
Serrinha	Teixeira de Freitas	11	658
Serrinha	Camaçari	11	137
Serrinha	Itabuna	11	348
Serrinha	Salvador	11	155
Teixeira de Freitas	Porto Seguro	11	140
Vitória da Conquista	Salvador	11	328
Vitória da Conquista	Serrinha	11	407
Vitória da Conquista	Ilhéus	11	193
Porto Seguro	Ilhéus	11	185
Porto Seguro	Juazeiro	11	798
Feira de Santana	Vitória da Conquista	11	353
Feira de Santana	Teixeira de Freitas	11	592
Feira de Santana	Itabuna	11	282
Luís Eduardo Magalhães	Vitória da Conquista	11	619
Jequié	Feira de Santana	11	214
Ilhéus	Juazeiro	11	618
Ilhéus	Vitória da Conquista	11	193
Ilhéus	Teixeira de Freitas	11	314
Jacobina	Vitória da Conquista	11	411
Jacobina	Itabuna	11	423
Itabuna	Porto Seguro	11	186
Jacobina	Guanambi	11	418
Itabuna	Vitória da Conquista	11	168
Barreiras	Vitória da Conquista	11	541
Barreiras	Jequié	11	564
Barreiras	Feira de Santana	11	655
Camaçari	Teixeira de Freitas	11	559

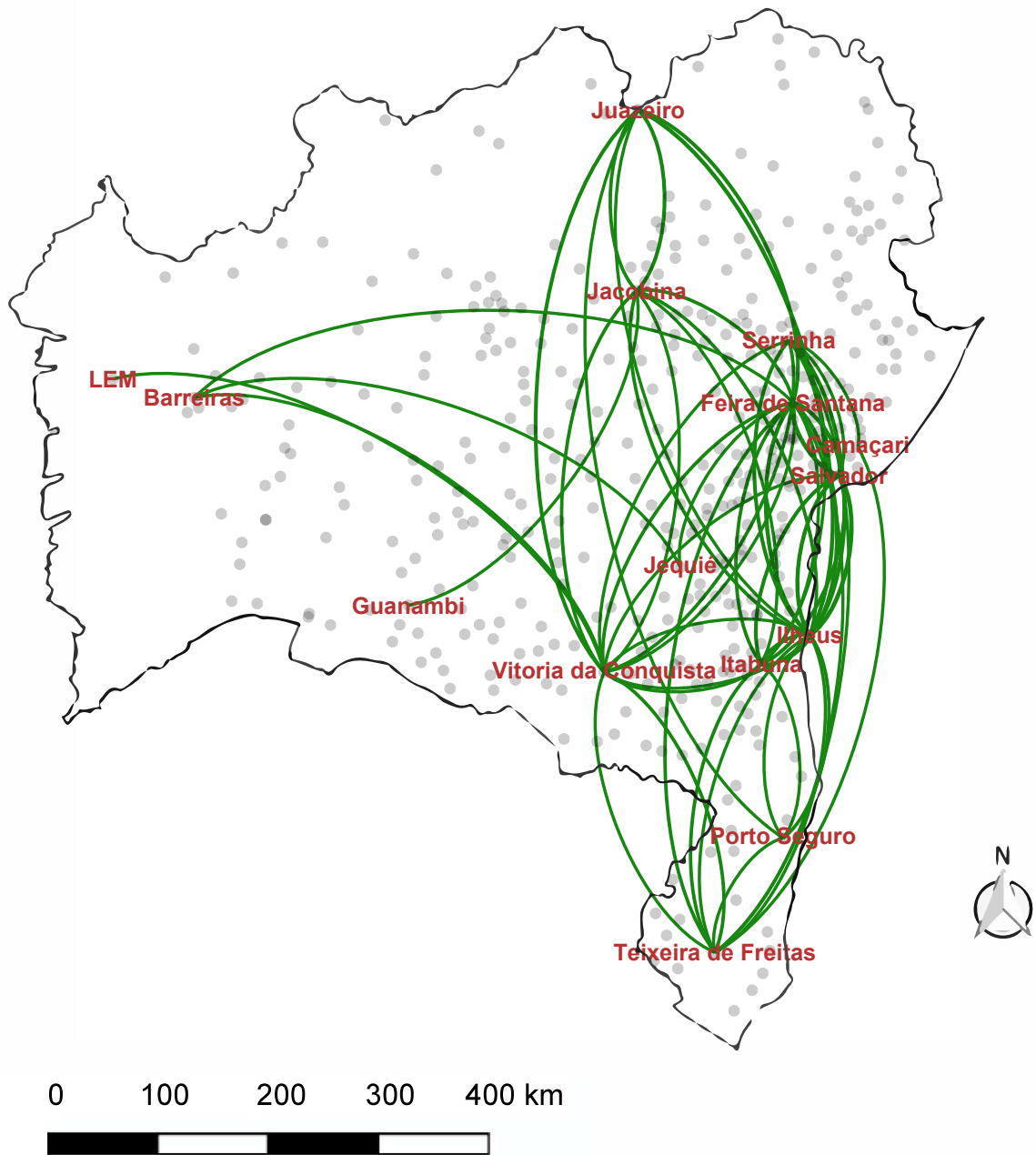


Figura 4.4: Arestas com peso maior ou igual a 11 anos na rede de dengue epidêmica na Bahia e suas distâncias georreferenciadas. Fonte: Autor.

Utilizando a rede de arestas de maior peso, foi extraído o grau ponderado, grau de entrada ponderado e grau de saída ponderado. O grau do vértice é número total de vértices adjacentes ao vértice. Para o caso dos dígrafos a concepção de grau pode ser expandido para graus de entrada e graus de saída. O grau de saída é o número total de arestas que têm como origem o vértice, e o grau de entrada é o número total de arestas que têm como destino o vértice. Em um grafo ponderado, o grau ponderado de um vértice é dado pela soma dos pesos de cada aresta ligada a esse vértice (BULLMORE; SPORNS, 2009).

Estas informações apontam para os grandes *hubs* da rede epidêmica, isto é, o grau ponderado (Figura 4.5) demonstra os nós de maior importância, o grau de entrada ponderado (Figura 4.6) sugere que tais municípios são os que mais recebem casos de dengue advindos de outros municípios e o grau de saída ponderado (Figura 4.7) sugere maior saída de casos de dengue para outros municípios. Quanto maior a circunferência, maior fonte do rótulo e cor mais forte do nó, enfatiza a importância quanto ao grau.

Ao analisar a Figura 4.5, os municípios de Ilhéus e Feira de Santana aparecem com muita importância na rede epidêmica da Bahia.

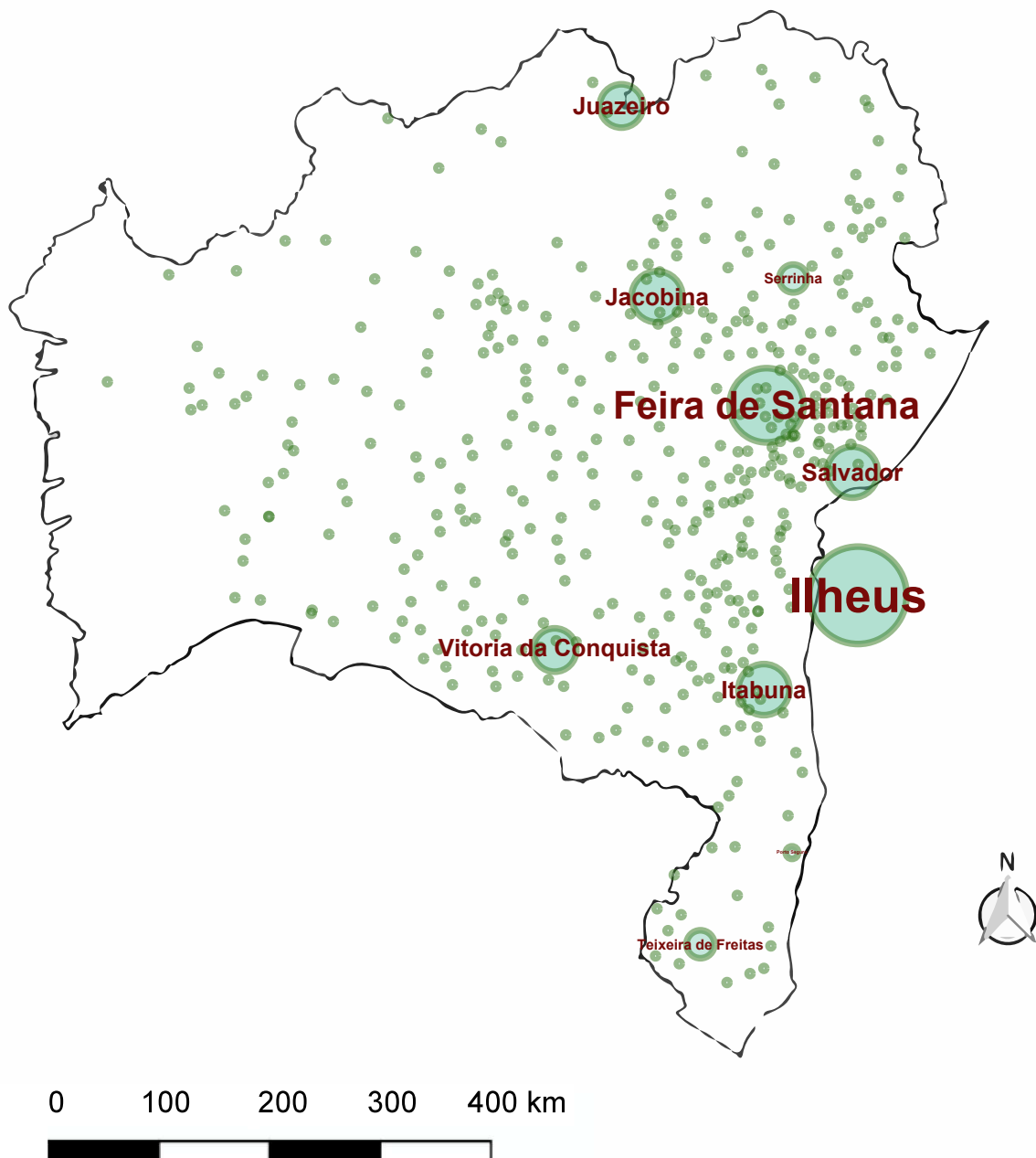


Figura 4.5: Municípios de maior grau ponderado na rede. Fonte: Autor.

Utilizando a Figura 4.6, a partir da aplicação do modelo, os municípios de Feira de Santana, Ilhéus, Jacobina, Itabuna, Salvador e Juazeiro estão sendo os maiores vértices de entrada de dengue na rede epidemiológica.

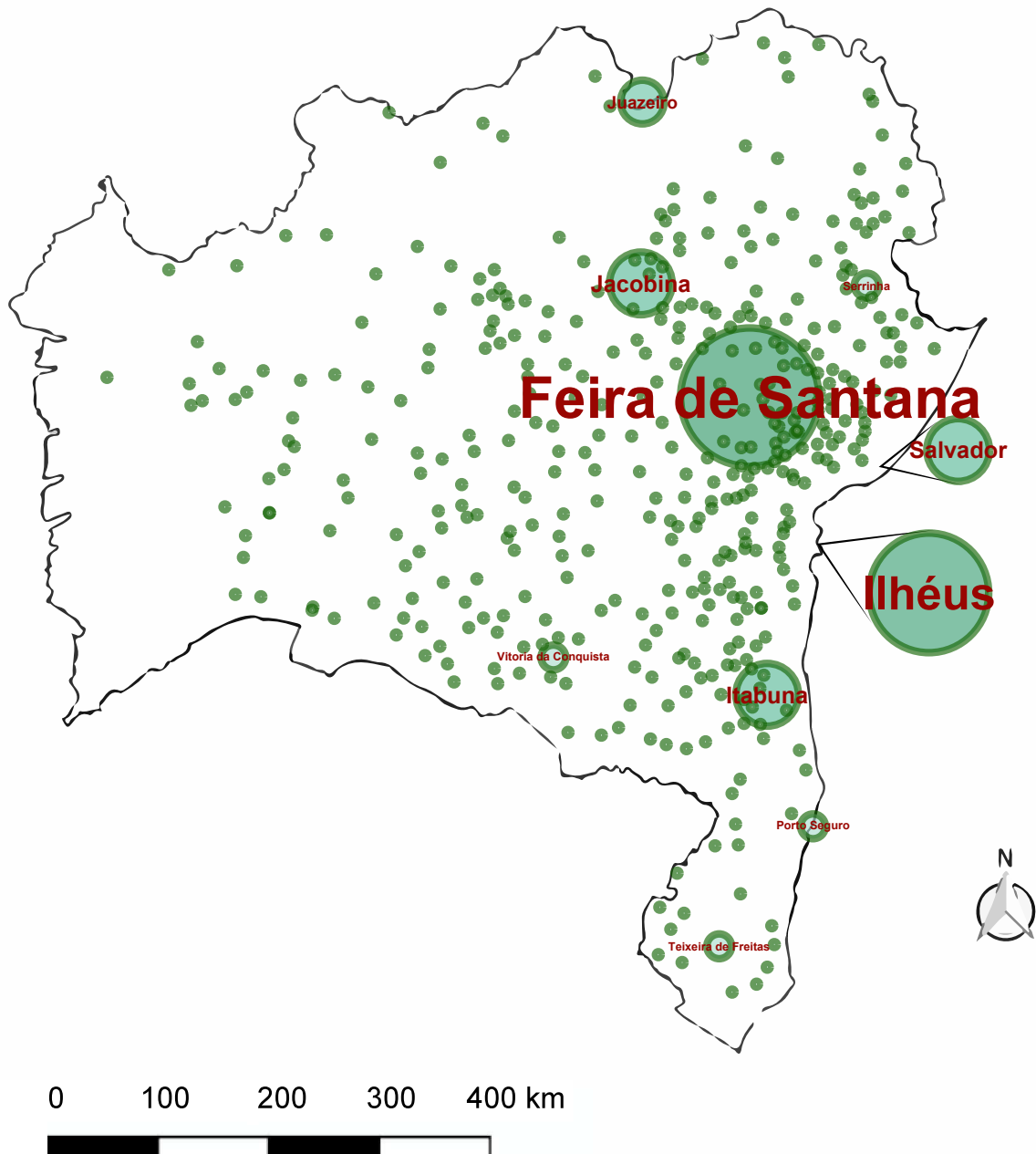


Figura 4.6: Municípios de maior grau de entrada na rede. Fonte: Autor.

Ao mesmo tempo que o municípios de Ilhéus, Vitória da Conquista, Itabuna, Salvador, Jacobina e Juazeiro estão sendo os maiores vértices de saída de dengue na rede epidemiológica, conforme a Figura 4.7, a partir da aplicação do modelo.

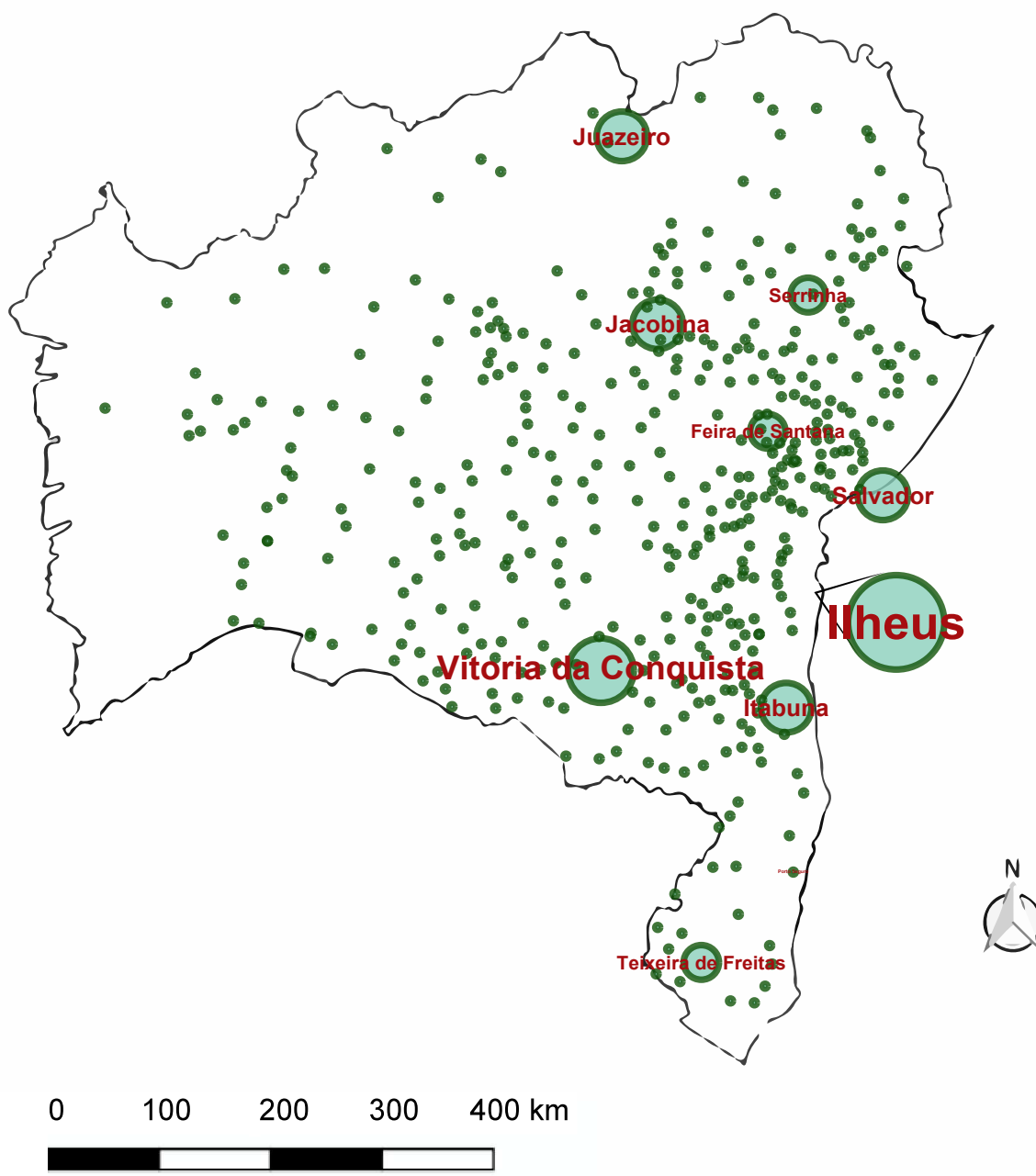


Figura 4.7: Municípios de maior grau de saída na rede. Fonte: Autor.

Além das figuras anteriores que ilustram o processo de difusão entre os municípios, foi gerado um vídeo (<https://www.youtube.com/watch?v=iSuZhBi0EaU>) que demonstra o TVG da rede dengue nos 17 anos da série temporal em questão. Foi fixado o rótulo dos municípios que aparecem nas maiores arestas nos 17 anos. O tempo do vídeo são os 6209 dias da série temporal.

4.2 Discussões

Trabalhos anteriores (SABA *et al.*, 2014) mostram que a técnica de redes de correlação aplicadas na avaliação dos mecanismos de difusão da dengue revela padrões de movimentação não triviais da doença, como por exemplo sua relação com as dinâmicas de auto-organizações que existem dentro de cada município (SABA; MIRANDA; MORET, 2014b; STODDARD *et al.*, 2009). Neste trabalho acrescentamos à avaliação dinâmica da rede, dois elementos fundamentais na compreensão da sua difusão: O tempo de atraso e a sequência em que os surtos ocorrem. Estes novos elementos permitem uma avaliação mais precisa dos mecanismos de difusão da doença, uma vez que é possível determinar não apenas a direção de difusão mais provável, mas também o tempo médio que a onda epidêmica leva para alcançar os municípios adjacentes.

A avaliação do atraso temporal mais provável entre os municípios se mostrou coerente com o ciclo de transmissão da dengue observado por Gubler (1998). Esse resultado sugere que o tempo de movimentação dos agentes da doença é menor ou próximo do tempo mínimo de transmissão do vírus entre dois sujeitos. Assim, esse resultado leva a crer que a movimentação dos agentes no espaço se dá de forma direta entre os municípios, independente do espaço. Esse comportamento não local é reforçado a partir dos resultados onde relacionamos o tempo de atraso e a probabilidade das arestas com a distância entre os municípios, em ambos casos nenhuma correlação foi encontrada. Esse comportamento pode ser explicado se supomos que a movimentação dos agentes tem como componente principal os meios de transporte da região. Esta hipótese vem sendo avaliada na literatura por Saba *et al.* (2014) e Ferreira *et al.* (2009) e nossos resultados reforçam a importância de se rever os mecanismos de vigilância sanitária para arboviroses.

Considerações Finais

”Todo efeito tem uma causa.
Todo efeito inteligente tem
uma causa inteligente. O poder
da causa inteligente está na
razão da grandeza do efeito.”

(Allan Kardec)

Este trabalho avalia a dinâmica de evolução de redes de difusão da dengue no estado da Bahia utilizando o método de sincronização por Motifs. A utilização desse método permite a obtenção de medidas até então não avaliadas na literatura para esse fenômeno: a direção de ocorrência dos casos e o atraso médio dessa sequência. Essas medidas nos permitiram obter uma avaliação das arestas que mais ocorreram ao longo do período estudado e assim estabelecer uma rede de probabilidade de recorrência de sincronização. Essa rede é de fundamental importância no controle inicial da doença, uma vez que permite-nos estimar a sequência de municípios que participam de um possível evento iniciado em um município qualquer. Além da sequência também podemos propor um tempo mínimo de atuação considerando o atraso mais frequente de 14 dias encontrado. Esses resultados reforçam a importância do método para revelar estruturas dinâmicas no fenômeno e a importância dessa informação no controle da doença, tanto do ponto de vista sanitário quanto econômico.

Detalhando os resultados podemos observar que dentre as 20 mais importantes relações da rede (Tabela 4.1), Ilhéus e Vitória da Conquista aparecem como os principais expulsores no estado, estando conectados a mais de 4 outros municípios e cujas sincronizações ocorreram mais de 12 vezes (70%) para os 17 anos estudados. Por outro lado, os municípios de Feira de Santana e Ilhéus são os maiores receptores da rede, tendo como origem 7 outros municípios e também apresentando mais do que 70% de chance de ocorrência no período. Importante notar que todos os municípios têm aeroporto em suas sedes, reforçando a hipótese de relação entre a difusão e o transporte.

Outro resultado importante é que a distância entre os municípios não definem as sincronizações dos mesmos, existem outros fatores agindo nesta rede complexa e multivariada. Os resultados encontrados corroboram com o modelo atualmente utilizado por várias agências de saúde sobre a forma como o combate é realizado. Os órgãos de saúde hodiernamente aplicam como forma de prevenção e combate à epidemia de dengue, o chamado ”Cinturão

de Segurança” ou ”Cinturão de Bloqueio”, que significa que quando surgem surtos em um determinado município, os órgãos de saúde estabelecem um círculo segurança ao redor do mesmo, atuando apenas nas cidades circunvizinhas. Os resultados apontados pela Tabela 4.1, mostram que este tipo de ação sozinha, é ineficiente. Tomando como exemplo o par Juazeiro e Ilhéus, que estão distantes, aproximadamente, em 618 km, se ocorresse uma epidemia em Juazeiro, provavelmente os órgãos competentes iriam ”cercar” os municípios de Campo Formoso, Jaguarari, Curaçá e Sobradinho em território baiano, Petrolina e Lagoa Grande em território pernambucano, por estarem próximos. Mas, não iriam se preocupar com Ilhéus, pois está muito distante de um surto.

Estas discussões sugerem que a difusão da dengue não é local nos municípios do estado da Bahia, ou seja, o processo de difusão revelado pelo modelo aqui em exposição, prova que o tempo de sincronização da viremia entre municípios não depende da distância espacial. Propomos que a aplicação deste método de cinturão de segurança não seja a primeira ação a ser realizada, e somente quando os surtos começarem a aparecer.

Deve existir um sistema de vigilância capaz de caracterizar epidemias e gerar alertas prévios para direcionar medidas que visem à descontinuação da cadeia de transmissão e prevenção de novos casos da doença, exemplo o sistema PREPROS A.4. Portanto, é importante investir nos municípios que são os maiores receptores e expulsores de dengue, pois estes representam grandes *hubs* na rede epidêmica da dengue, de modo a ampliar a capacidade de predição do sistema de vigilância.

Neste trabalho não foram estudados cenários que contribuem para a difusão da dengue no estado da Bahia, mas devem ser trabalhados futuramente, pois revelarão as principais variáveis deste ambiente diverso.

Referências

- ALTIZER, S. et al. Seasonality and the dynamics of infectious diseases. *Ecology letters*, Wiley Online Library, v. 9, n. 4, p. 467–484, 2006.
- ARAÚJO, H. R. C. *Caracterização morfológica dos hemócitos do Aedes aegypti e do Aedes albopictus e a resposta imune dos hemócitos do Aedes aegypti após a infecção pelo Dengue virus*. Tese (Doutorado) — Centro de Pesquisas René Rachou, 2011.
- ARAUJO, M. L. V. et al. Nonlocal dispersal of dengue in the state of bahia. *Science of the Total Environment*, Elsevier, v. 1, n. 1, p. 1, 2018.
- BAILEY, N. T. et al. *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*. [S.l.]: Charles Griffin & Company Ltd, 5a Crendon Street, High Wycombe, Bucks HP13 6LE., 1975.
- BARRETO, F. R.; TEIXEIRA, M. G.; CONCEIÇÃO, N. C. Maria da; CARVALHO, M. S.; BARRETO, M. L. Spread pattern of the first dengue epidemic in the city of salvador, brazil. *BMC Public Health*, BioMed Central, v. 8, n. 1, p. 51, 2008.
- BENEVENUTO, F.; ALMEIDA, J. M.; SILVA, A. S. Explorando redes sociais online: Da coleta e análise de grandes bases de dados às aplicações. *Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação*, 2011.
- BOÉCHAT, N.; SILVA, J. R. L. Pneumonia asiática ou srag, síndrome respiratória aguda grave. *Pulmão RJ*, v. 12, n. 1, p. 30–35, 2003.
- BONA, A. C. D.; TWERDOCHLIB, A. L.; NAVARRO-SILVA, M. A. Detecção do vírus da dengue em populações naturais de mosquitos. *Boletín de malariología y salud ambiental*, Instituto de Altos Estudios en Salud Pública Dr. Arnoldo Gabaldon, v. 51, n. 2, p. 107–116, 2011.
- BRASIL, L. M.; GOMES, M. M.; MIOSSO, C. J.; SILVA, M. M. da; AMVAME-NZE, G. D. Web platform using digital image processing and geographic information system tools: a brazilian case study on dengue. *Biomedical engineering online*, 2015.
- BRASIL, M. D. S. *Guia de Vigilância em Saúde / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde*. 1ª. ed. <http://portalsaude.saude.gov.br/images/pdf/2014/novembro/27/guia-vigilancia-saude-linkado-27-11-14.pdf>, 2014.
- BULLMORE, E.; SPORNS, O. Complex brain networks: graph theoretical analysis of structural and functional systems. *Nature Reviews Neuroscience*, Nature Publishing Group, v. 10, n. 3, p. 186, 2009.

- CÁMARA, A. L.; JIMÉNEZ-JORGE, S.; MÉNDEZ, L. S.; ONTAÑÓN, S. de M. Vigilancia de la pandemia de gripe (h1n1) 2009 en españa. *Revista Española de Salud Pública*, SciELO Espana, v. 84, n. 5, p. 569–588, 2010.
- CARVALHO, M. S. et al. *Análise de Sobrevivência: teoria e aplicações em saúde*. [S.l.]: SciELO-Editora FIOCRUZ, 2011.
- CASTEIGTS, A.; FLOCCHINI, P.; QUATTROCIOCCHI, W.; SANTORO, N. Time-varying graphs and dynamic networks. In: SPRINGER. *ADHOC-NOW*. [S.l.], 2011. v. 6811, p. 346–359.
- CDC. *Centers for Disease Control and Prevention-Aedes Life-cycle*. may 2016. Disponível em: <https://www.cdc.gov/dengue/entomologyecology/m_lifecycle.html>.
- CONSOLI, R. A.; OLIVEIRA, R. L. de. *Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil*. [S.l.]: SciELO-Editora FIOCRUZ, 1994.
- COUTINHOA, F.; BURATTINIA, M.; LOPEZA, L.; MASSADA, E. Threshold conditions for a non-autonomous epidemic system describing the population dynamics of dengue. *Bulletin of mathematical biology*, Springer, v. 68, n. 8, p. 2263–2282, 2006.
- CRYSTTIAN, A. P. *Modelo de Bitstring para Estudo da Propagação da Dengue*. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agropecuária) — Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.
- DENGUEORG. *Espécies de Mosquitos Transmissores da Dengue*. apr 2015. Disponível em: <http://www.dengue.org.br/mosquito_aedes.html>.
- EBI, K. L.; NEALON, J. Dengue in a changing climate. *Environmental research*, Elsevier, v. 151, p. 115–123, 2016.
- ESTEVA, L.; VARGAS, C. Analysis of a dengue disease transmission model. *Mathematical biosciences*, Elsevier, v. 150, n. 2, p. 131–151, 1998.
- ESTEVA, L.; VARGAS, C. A model for dengue disease with variable human population. *Journal of mathematical biology*, Springer, v. 38, n. 3, p. 220–240, 1999.
- ESTEVA, L.; VARGAS, C. Influence of vertical and mechanical transmission on the dynamics of dengue disease. *Mathematical biosciences*, Elsevier, v. 167, n. 1, p. 51–64, 2000.
- ESTEVA, L.; VARGAS, C. Coexistence of different serotypes of dengue virus. *Journal of Mathematical Biology*, Springer, v. 46, n. 1, p. 31–47, 2003.
- FERREIRA, J. A. et al. Um modelo multiescalas de autômatos celulares para pandemia da dengue. Universidade Federal de Viçosa, 2009.

- FILHO, A. 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*, Elsevier, v. 502, p. 619–628, 2018.
- FISCHER, D.; THOMAS, S.; NETELER, M.; TJADEN, N.; BEIERKUHNLEIN, C. Climatic suitability of aedes albopictus in europe referring to climate change projections: comparison of mechanistic and correlative niche modelling approaches. *Eurosurveillance*, SE, v. 19, n. 6, 2014.
- FLOCCHINI, P.; MANS, B.; SANTORO, N. Exploration of periodically varying graphs. In: SPRINGER. *International Symposium on Algorithms and Computation*. [S.l.], 2009. p. 534–543.
- GOMES, A. d. C. Medidas dos níveis de infestação urbana para aedes (stegomyia) aegypti e aedes (stegomyia) albopictus em programa de vigilância entomológica. *Informe epidemiológico do SUS*, Centro Nacional de Epidemiologia/Fundação Nacional de Saúde/Ministério da Saúde, v. 7, n. 3, p. 49–57, 1998.
- GREENMAN, J.; KAMO, M.; BOOTS, M. External forcing of ecological and epidemiological systems: a resonance approach. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, Elsevier, v. 190, n. 1, p. 136–151, 2004.
- GUBLER, D. J. Dengue and dengue hemorrhagic fever. *Clinical microbiology reviews*, Am Soc Microbiol, v. 11, n. 3, p. 480–496, 1998.
- GUEDES, D. A. et al. Classificação dinâmica de nós em redes em malha sem fio. Instituto de Informática-INF (RG), 2014.
- IBGE, I. E. . Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 20/05/2017, v. 3, 2016.
- LEANDRO, D. d. C. *Transmissão transovariana do vírus dengue soropositivo 2 em Aedes aegypti (Diptera: Culicidae) e suas implicações na biologia reprodutiva do mosquito*. Tese (Doutorado) — UFPE, 2015.
- LI, C. et al. Modeling and projection of dengue fever cases in guangzhou based on variation of weather factors. *Science of the Total Environment*, Elsevier, v. 605, p. 867–873, 2017.
- MARTINS, V. E. P. et al. Occurrence of natural vertical transmission of dengue-2 and dengue-3 viruses in aedes aegypti and aedes albopictus in fortaleza, ceará, brazil. *PloS one*, Public Library of Science, v. 7, n. 7, p. e41386, 2012.
- MASUDA, N.; KONNO, N. Multi-state epidemic processes on complex networks. *Journal of Theoretical Biology*, Elsevier, v. 243, n. 1, p. 64–75, 2006.
- MESSIAS, M. C. Vivendo com os insetos. In: *Vivendo com os insetos*. [S.l.: s.n.], 2011. p. 120–120.

- MONDINI, A.; CHIARAVALLOTI-NETO, F. Spatial correlation of incidence of dengue with socioeconomic, demographic and environmental variables in a brazilian city. *Science of the Total Environment*, Elsevier, v. 393, n. 2-3, p. 241–248, 2008.
- NEWMAN, M. E. The structure and function of complex networks. *SIAM review*, SIAM, v. 45, n. 2, p. 167–256, 2003.
- PINHO, S. T. R. d. et al. Modelling the dynamics of dengue real epidemics. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, The Royal Society, v. 368, n. 1933, p. 5679–5693, 2010.
- POURRUT, X. et al. The natural history of ebola virus in africa. *Microbes and infection*, Elsevier, v. 7, n. 7, p. 1005–1014, 2005.
- RACLOZ, V.; RAMSEY, R.; TONG, S.; HU, W. Surveillance of dengue fever virus: a review of epidemiological models and early warning systems. *PLoS neglected tropical diseases*, Public Library of Science, v. 6, n. 5, p. e1648, 2012.
- ROMÁRIO, J. *blog Pasta1.xls*. apr 2017. Disponível em: <<https://pasta1xls.blogspot.com.br/2009/05/como-calculiar-distancia-entre.html>>.
- ROSÁRIO, R.; CARDOSO, P.; MUÑOZ, M.; MONTTOYA, P.; MIRANDA, J. Motif-synchronization: A new method for analysis of dynamic brain networks with eeg. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, Elsevier, v. 439, p. 7–19, 2015.
- SABA, H.; MIRANDA, J.; MORET, M. Self-organized critical phenomenon as a q-exponential decay?avalanche epidemiology of dengue. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, Elsevier, v. 413, p. 205–211, 2014.
- SABA, H.; MIRANDA, J.; MORET, M. Self-organized critical phenomenon as a q-exponential decay?avalanche epidemiology of dengue. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, Elsevier, v. 413, p. 205–211, 2014.
- 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. *Science of The Total Environment*, Elsevier, 2018.
- SABA, H.; OLIVEIRA, M. A. de; MIRANDA, J. G. V. Modelo computacional para auxilio no combate a epidemias com base em redes sociais. *WIVA*, 2008.
- SABA, H.; VALE, V. C.; MORET, M. A.; MIRANDA, J. G. V. Spatio-temporal correlation networks of dengue in the state of bahia. *BMC public health*, BioMed Central Ltd, 2014.
- SANTOS, M. A. V. d. M. *Aedes aegypti (diptera: culicidae): estudos populacionais e estratégias integradas para controle vetorial em municípios da região metropolitana do Recife, no período de 2001 a 2007*. Tese (Doutorado), 2008.

- SILVA, S.; FERREIRA, J.; MARTINS, M. Epidemic spreading in a scale-free network of regular lattices. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, Elsevier, v. 377, n. 2, p. 689–697, 2007.
- STODDARD, S. T. et al. The role of human movement in the transmission of vector-borne pathogens. *PLoS neglected tropical diseases*, Public Library of Science, v. 3, n. 7, p. e481, 2009.
- TANG, J.; SCELLATO, S.; MUSOLESI, M.; MASCOLO, C.; LATORA, V. Small-world behavior in time-varying graphs. *Physical Review E*, APS, v. 81, n. 5, p. 055101, 2010.
- UJVARI, S. C. A história e suas epidemias: a convivência do homem com os microrganismos. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 2003.
- VILCHES, T. N. Modelos matemáticos e computacionais para descrever a transmissão de dois sorotipos de vírus de dengue. Universidade Estadual Paulista (UNESP), 2015.
- WATTS, D. J.; STROGATZ, S. H. Collective dynamics of 'small-world' networks. *nature*, Nature Publishing Group, v. 393, n. 6684, p. 440, 1998.
- WHO. Global strategy for dengue prevention and control 2012-2020. World Health Organization, 2012.
- WILKE, A. B. B.; MARRELLI, M. T. Paratransgenesis: a promising new strategy for mosquito vector control. *Parasites & vectors*, BioMed Central, 2015.
- YANG, R. et al. Epidemic spreading on heterogeneous networks with identical infectivity. *Physics Letters A*, Elsevier, v. 364, n. 3, p. 189–193, 2007.
- ZEIDLER, J. D.; ACOSTA, P. O. A.; BARRÊTO, P. P.; CORDEIRO, J. da S. Vírus dengue em larvas de aedes aegypti e sua dinâmica de infestação, roraima, brasil. *Revista de Saúde Pública*, SciELO Public Health, v. 42, n. 6, p. 986–991, 2008.
- ZHU, G. et al. The spatiotemporal transmission of dengue and its driving mechanism: A case study on the 2014 dengue outbreak in guangdong, china. *Science of The Total Environment*, Elsevier, v. 622, p. 252–259, 2018.

Produções Realizadas

A.1 Produção Associada à Tese

Artigo aceito e publicado em revista internacional

Physica A-ISSN: 0378-4371

NASCIMENTO FILHO, A. S. ; ARAUJO, M. L. V. ; MIRANDA, J. G. V. ; MURARI, T. B. ; SABA, H. ; MORET, M. A. . 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, Mar/2018

Science of the Total Environment - ISSN: 0048-9697

ARAÚJO, M. L. V; J.G.V. MIRANDA; SAMPAIO, R.; MORET, M.; ROSÁRIO, R.S; SABA, H.

Nonlocal dispersal of dengue in the state of Bahia. Fev/2018

Science of the Total Environment - ISSN: 0048-9697

SABA, H.; MORET, M.; BARRETO, F. R.; ARAÚJO, M. L. V.; JORGE, E. M. F.; NASCIMENTO FILHO, A.; J.G.V. MIRANDA

Relevance of transportation to correlations among criticality, physical means of propagation, and distribution of dengue fever cases in the state of Bahia. Mar/2018

Capítulos de livros publicados

ARAÚJO, M. L. V.; NASCIMENTO FILHO, A.; AZEVEDO, S.; SAMPAIO, R.; MORET, M.; SABA, H.

Inovação Tecnológica no Controle da Disseminação da Dengue Utilizando Modelos Computacionais: Uma análise bibliográfica entre as técnicas utilizadas no período de 2010 as 2016 In: Pesquisa Aplicada e Inovação.1 ed.Salvador : EDIFBA, 2016, v.1, p. 1-404. Palavras-chave: Dengue, Modelos Computacionais, Epidemiologia Áreas do conhecimento : Saúde Pública,Ciência da Computação Referências adicionais : Brasil/Português. Meio de divulgação: Impresso, ISBN: 9788567562100

Apresentação de trabalho e palestra em eventos

AZEVEDO, S.; ARAÚJO, M. L. V.; NASCIMENTO FILHO, A.; SABA, H.; MORET, M.

CORRELAÇÃO ENTRE BIOMA E DENGUE NO ESTADO DA BAHIA, 2016. (Congresso, Apresentação de Trabalho) Palavras-chave: Dengue, Bioma, Auto-afinidade, Séries Temporais, Aleatorização Áreas do conhecimento : Ciência da Computação Referências adicionais : Brasil/Português. Meio de divulgação: Meio digital. Home page: <http://nbcgib.uesc.br/emc2013/ocs/index.php/sa/ENMC2016>; Local: UFPB-Paraíba; Cidade: João Pessoa; Evento: XIX ENMC e VII ECTM Encontro Nacional de Modelagem Computacional 2016; Inst.promotora/financiadora: Universidade Federal da Paraíba

ARAÚJO, M. L. V.; SABA, H.; SAMPAIO, R.

REDES DE CORRELAÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DA DENGUE NO ESTADO DE SÃO PAULO, BRASIL, 2015. (Conferência ou palestra, Apresentação de Trabalho) Palavras-chave: Epidemiologia Áreas do conhecimento : Modelagem de Sistemas Biológicos Referências adicionais : Brasil/Português. Meio de divulgação: Meio digital; Local: SENAI CIMATEC; Cidade: Salvador; Evento: XVIII Encontro Nacional de Modelagem Computacional e o VI Encontro de Ciência e Tecnologia de Materiais; Inst.promotora/financiadora: UERJ (IPRJ)

Demais produções bibliográficas

ARAÚJO, M. L. V.; SAMPAIO, R.; SABA, H.

Dengue no Brasil: Aplicação de modelos computacionais apoiando o combate a epidemias. Artigo Resumido. Salvador:UNEB, 2017. (Outra produção bibliográfica) Palavras-chave: Dengue, Epidemiologia, Difusão, Políticas Públicas Áreas do conhecimento : Epidemiologia, Modelagem de Sistemas Biológicos, Computabilidade e Modelos de Computação Referências adicionais : Brasil/Bretão. Meio de divulgação: Meio digital. Home page: <https://www.revistas.uneb.br/index.php/gestecimc/issue/view/167/showToc>

ARAÚJO, M. L. V.; SABA, H.; SAMPAIO, R.

Disseminação da Dengue no Brasil - Mapeamento de Potenciais Níveis de Risco Epidemiológico. Artigo Resumido. , 2016. (Outra produção bibliográfica) Palavras-chave: Sistemas Complexos, Epidemiologia, Políticas Públicas, Dengue Áreas do conhecimento : Sistemas de Computação Referências adicionais : Brasil/Português. Meio de divulgação: Meio digital. Home page: <https://www.revistas.uneb.br/index.php/gestecimc/issue/view/123/showToc>

A.2 Caminho Metodológico

Nesta seção serão exibidas atividades que foram realizadas no caminho da pesquisa e que foram de extrema importância para ajudar nas análises efetuadas.

A Figura A.1 retrata um exercício realizado no momento de refinamento dos parâmetros do modelo para entender o comportamento da disseminação não-local da dengue nos municípios baianos. A Figura revela uma infecção não local e de forma sincronizada entre 2 municípios, com um período de início de epidemia para eles, entre 14 e 21 dias. A viremia começa em Itabuna no dia 21 e começa em Ilhéus no dia 37, ou seja, 16 dias de intervalo (entre 14 e 21 dias). O exemplo trazido pela Figura A.1 respeita todo o ciclo de transmissão, desde o primeiro repasto, período de incubação extrínseco, novo repasto e período de incubação intrínseco.

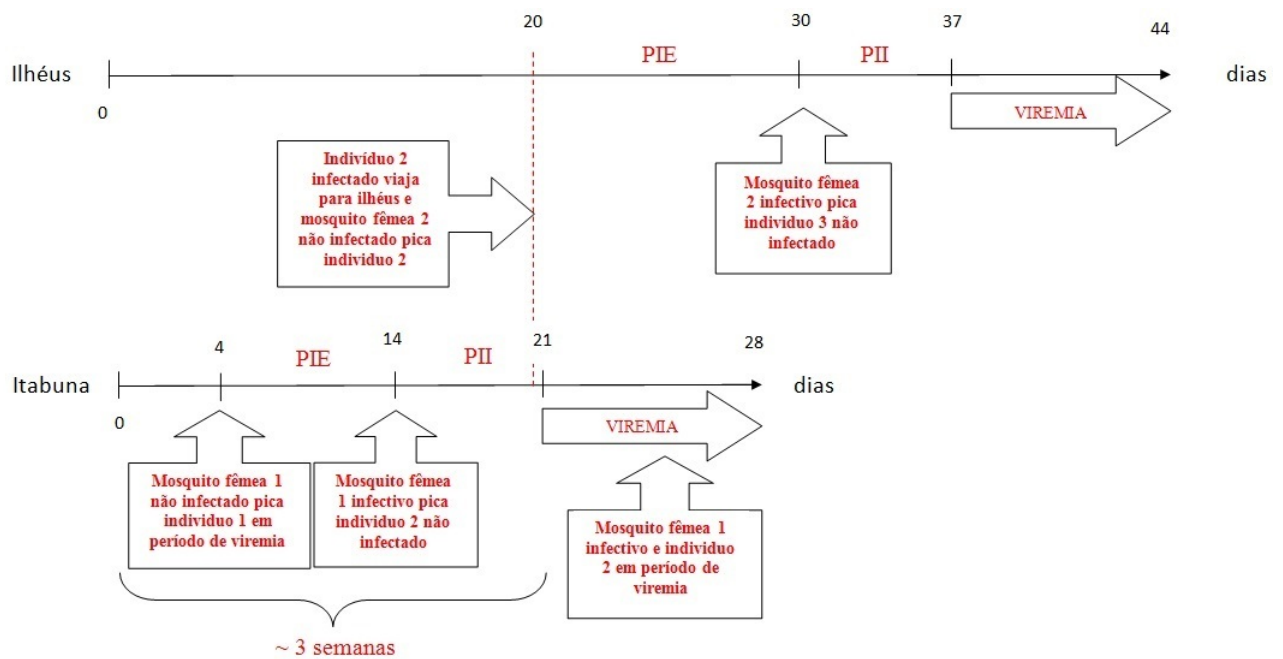


Figura A.1: Sincronização da epidemia em dois municípios baianos. Fonte: Autor

As Figura A.2 e A.3 apresentam os parâmetros e a execução da ferramenta Motif-Synchronization desenvolvida na linguagem C.

```
C:\Marcio\Trabalho\Doutorado\Doutorado\Garcia\DengueNetMarcio>more roda.bat
REM      nome      threshold janela lag tau dia_inicial dia_final Aleato
rio=1 ImprimeLog=1 Valor_Min
dengueNetMotifCMD incidenciaBA.txt 0.9 5 1 3 0 548 0 1 1.19
pause
C:\Marcio\Trabalho\Doutorado\Doutorado\Garcia\DengueNetMarcio>
```

Figura A.2: Parâmetros da Aplicação Motif-Synchronization. Fonte: Autor

```
C:\Marcio\Trabalho\Doutorado\Doutorado\Garcia\DengueNetMarcio>REM
nome      threshold janela lag tau dia_inicial dia_final Aleatorio=1 ImprimeLog
=1 Valor_Min
C:\Marcio\Trabalho\Doutorado\Doutorado\Garcia\DengueNetMarcio>dengueNetMotifCMD
incidenciaBA.txt 0.9 5 1 3 0 548 0 1 1.19
Carregando dados...
calculando tvq...
Calc dia:0
Calc dia:1
Calc dia:2
Calc dia:3
Calc dia:4
Calc dia:5
Calc dia:6
Calc dia:7
Calc dia:8
Calc dia:9
Calc dia:10
Calc dia:11
Calc dia:12
Calc dia:13
Calc dia:14
Calc dia:15
Calc dia:16
Calc dia:17
Calc dia:18
Calc dia:19
Calc dia:20
Calc dia:21
Calc dia:22
Calc dia:23
Calc dia:24
Calc dia:25
Calc dia:26
```

Figura A.3: Execução da Aplicação Motif-Synchronization. Fonte: Autor

As Figuras A.4 e A.5 apresentam uma ferramenta desenvolvida em R utilizando o modelo desta pesquisa. Através da utilização dos parâmetros cidade, repetições ao longo do tempo e movimento na janela temporal, o usuário poderá verificar ao longo dos 17 anos como se comportou a direção e o atraso da disseminação da dengue entre os municípios baianos.

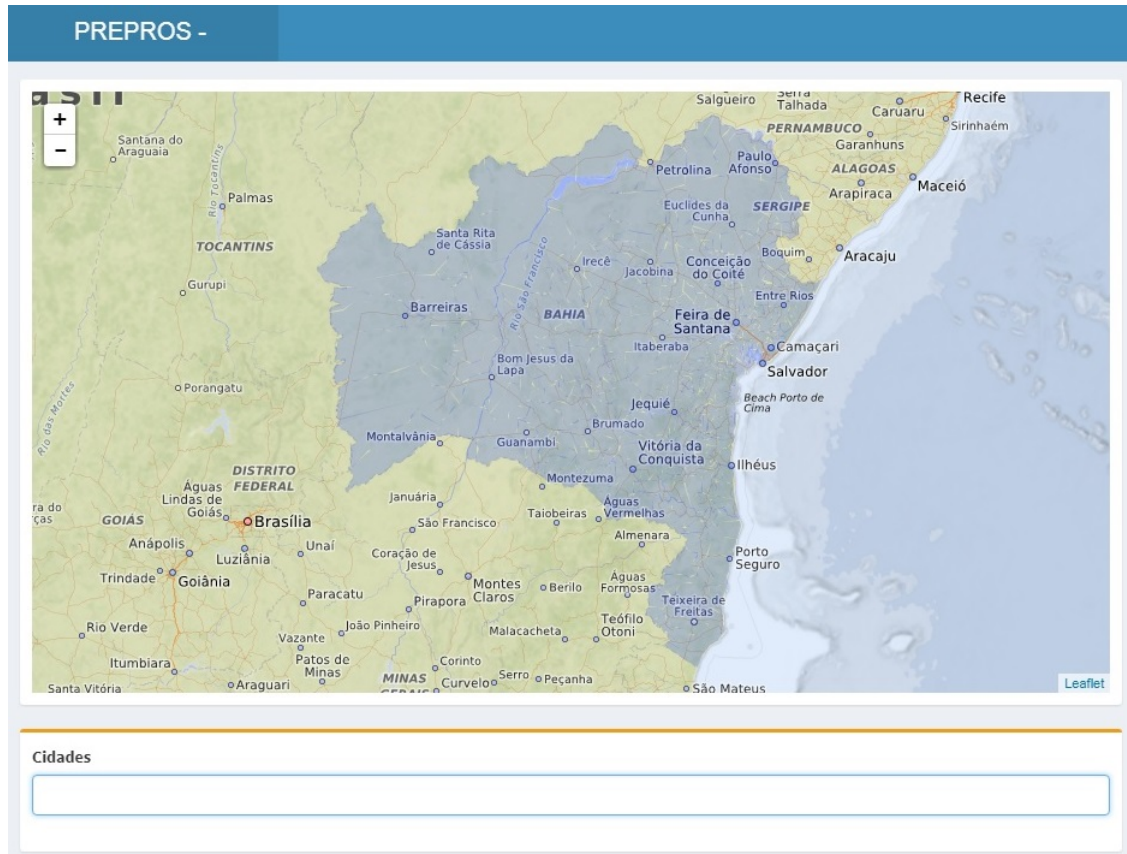


Figura A.4: Ferramenta de vigilância PREPROS, resultado da pesquisa (mapa). Fonte: Autor

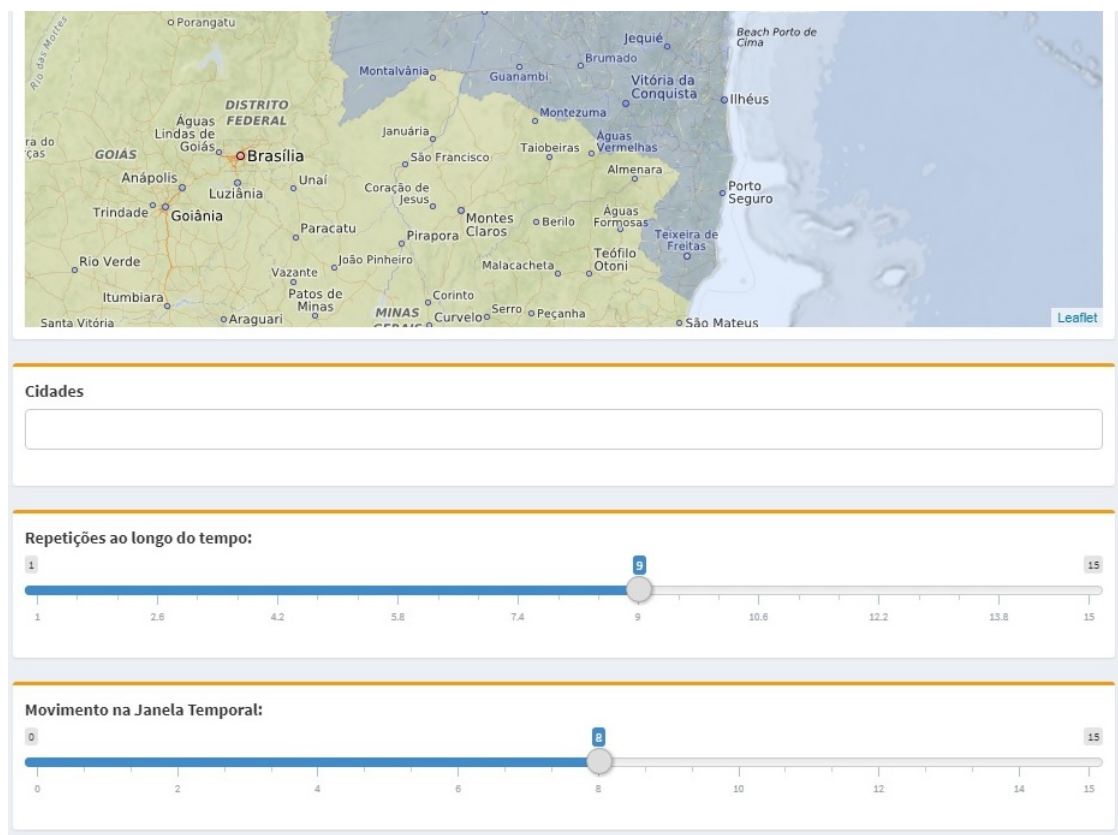


Figura A.5: Ferramenta de vigilância PREPROS, resultado da pesquisa (parâmetros). Fonte: Autor

Para cálculo da distância georreferenciada entre os municípios origem e destino, foi utilizada a seguinte fórmula através da ferramenta Microsoft Excel (ROMÁRIO, 2017):

$$6371 * \text{ACOS}(\text{COS}(\text{PI}() * (90 - \text{LATDEST}) / 180) * \text{COS}((90 - \text{LATORIG}) * \text{PI}() / 180) + \\ \text{SEN}((90 - \text{LATDEST}) * \text{PI}() / 180) * \text{SEN}((90 - \text{LATORIG}) * \text{PI}() / 180) * \\ \text{COS}((\text{LONGORIG} - \text{LONGDEST}) * \text{PI}() / 180))$$

Anexo I

Anexo

República Federativa do Brasil Ministério da Saúde		SINAN SISTEMA DE INFORMAÇÃO DE AGRAVOS DE NOTIFICAÇÃO		Nº	
FICHA DE NOTIFICAÇÃO/CONCLUSÃO					
Dados Gerais	1 Tipo de Notificação 2 - Individual		3 Data da Notificação		
	2 Agravado/doença		Código (CID10)	3	
	4 UF	5 Município de Notificação	Código (IBGE)		
	6 Unidade de Saúde (ou outra fonte notificadora)		Código	7 Data dos Primeiros Sintomas	
Notificação Individual	8 Nome do Paciente		9 Data de Nascimento		
	10 (ou) Idade 1 - Hora 2 - Dia 3 - Mês 4 - Ano	11 Sexo M - Masculino F - Feminino 1 - Ignorado	12 Gestante 1-1º Trimestre 2-2º Trimestre 3-3º Trimestre 4- Idade gestacional Ignorada 5-Não 6- Não se aplica 9- Ignorado	13 Raça/Cor 1-Branca 2-Preta 3-Amarela 4-Parda 5-Indígena 9- Ignorado	
	14 Escolaridade 0-Analfabeto 1-1ª a 4ª série incompleta do EF (antigo primário ou 1º grau) 2-4ª série completa do EF (antigo primário ou 1º grau) 3-5ª a 8ª série incompleta do EF (antigo ginásio ou 1º grau) 4-E ensino fundamental completo (antigo ginásio ou 1º grau) 5-E ensino médio incompleto (antigo colegial ou 2º grau) 6-Ensino médio completo (antigo colegial ou 2º grau) 7-Educação superior incompleta 8-Educação superior completa 9-Ignorado 10- Não se aplica				
	15 Número do Cartão SUS		16 Nome da mãe		
Dados de Residência	17 UF	18 Município de Residência	Código (IBGE)	19 Distrito	
	20 Bairro		21 Logradouro (rua, avenida,...)		
	22 Número	23 Complemento (apto., casa, ...)		24 Geo campo 1	
	25 Geo campo 2		26 Ponto de Referência	27 CEP	
	28 (DDD) Telefone		29 Zona 1 - Urbana 2 - Rural 3 - Periurbana 9 - Ignorado	30 País (se residente fora do Brasil)	
	Conclusão				
Conclusão	31 Data da Investigação		32 Classificação Final 1 - Confirmado 2 - Descartado		
			33 Critério de Confirmação/Descarte 1 - Laboratorial 2 - Clínico-Epidemiológico		
	Local Provável da Fonte de Infecção				
	34 O caso é autóctone do município de residência? 1-Sim 2-Não 3-Indeterminado		35 UF	36 País	
	37 Município		Código (IBGE)	38 Distrito	39 Bairro
	40 Doença Relacionada ao Trabalho 1 - Sim 2 - Não 9 - Ignorado		41 Evolução do Caso 1 - Cura 2 - Óbito pelo agravo notificado 3 - Óbito por outras causas 9 - Ignorado		
42 Data do Óbito		43 Data do Encerramento			
Informações complementares e observações					
Observações adicionais					
Investigador	Município/Unidade de Saúde		Cód. da Unid. de Saúde		
	Nome		Função	Assinatura	
	Notificação/conclusão		Sinan NET	SVS 27/09/2005	

Figura I.1: Sistema de informação de agravos de notificação (SINAN) - Ficha de notificação/conclusão. Fonte: (BRASIL, 2014)

DISSEMINAÇÃO NÃO LOCAL DA DENGUE NOS MUNICÍPIOS BAIANOS

Marcio Luis Valença Araújo

Salvador, Abril de 2018.