

Universidade de Lisboa  
Instituto de Geografia e Ordenamento do Território



**Modelo espacialmente explícito de fatores determinantes à  
transmissão da Dengue e outras doenças arbovirais em Portugal  
continental**

**Valeriya Dorosh**

Mestrado em Sistemas de Informação Geográfica e Modelação Territorial  
Aplicados ao Ordenamento

Dissertação de mestrado orientada pelo Doutor Fernando Jorge Pedro da Silva  
Pinto da Rocha e Doutor César Dinis Santos Capinha

Universidade de Lisboa  
Instituto de Geografia e Ordenamento do Território

**U LISBOA**

UNIVERSIDADE  
DE LISBOA



**Modelo espacialmente explícito de fatores determinantes à transmissão da  
Dengue e outras doenças arbovirais em Portugal continental**

**Valeriya Dorosh**

Mestrado em Sistemas de Informação Geográfica e Modelação Territorial Aplicados ao  
Ordenamento

Dissertação de mestrado orientada pelo Doutor Fernando Jorge Pedro da Silva Pinto da Rocha e  
Doutor César Dinis Santos Capinha

Júri:

Presidente: Doutor Pedro Manuel Pinto dos Santos, Professor Auxiliar do Instituto de Geografia e  
Ordenamento do Território da Universidade de Lisboa

Vogais:

- Doutora Carla Alexandra Sousa, Professora Associada do Instituto de Higiene e Medicina  
Tropical da Universidade Nova de Lisboa;

- Doutora Sandra Isabel Santos de Oliveira, Investigadora Auxiliar do Instituto de Geografia e  
Ordenamento do Território da Universidade de Lisboa;

- Doutor Fernando Jorge Pedro da Silva Pinto da Rocha, Professor Associado do Instituto de  
Geografia e Ordenamento do Território da Universidade de Lisboa (Orientador)

## **Declaração de Autoria**

Eu Valeriya Dorosh, declaro que a presente dissertação de mestrado intitulado *Modelo espacialmente explícito de fatores determinantes à transmissão da Dengue e outras doenças arbovirais em Portugal continental*, é o resultado da minha investigação pessoal e independente. O conteúdo é original e todas as fontes consultadas estão devidamente mencionadas na bibliografia ou outras listagens de fontes documentais, tal como todas as citações diretas ou indiretas têm devida indicação ao longo do trabalho segundo as normas académicas.



Esta dissertação de mestrado está enquadrada no projeto TRIAD (health Risk and social vulnerability to Arboviral Diseases in mainland Portugal) | Vulnerabilidade Social e Risco para a Saúde devido às doenças arbovirais em Portugal continental  
(PTDC/GES-OUT/30210/2017)





## **Agradecimentos**

A concretização desta dissertação representa o culminar de um percurso exigente, que só foi possível graças ao apoio e incentivo de várias pessoas e instituições, às quais expresso o meu mais profundo reconhecimento.

Agradeço, em primeiro lugar, aos meus orientadores, Doutor Fernando Jorge Pedro da Silva Pinto da Rocha e Doutor César Dinis Santos Capinha, pela confiança, paciência, disponibilidade e pelos valiosos ensinamentos que tanto contribuíram para a realização deste trabalho. Um agradecimento especial ao Doutor Fernando Jorge Pedro da Silva Pinto da Rocha, pelo seu constante encorajamento, conselhos e amizade, e por nunca permitir que desistisse.

Aos meus pais, Alona e Volodymyr, expresso a minha mais sincera gratidão pelo apoio incondicional ao longo de todo o meu percurso académico e de vida, pelo incentivo, paciência e confiança que sempre depositaram em mim.

Aos meus amigos e colegas, Iúria, Rita, Bruno, Melissa, Alessandra, Pedro e Andreea, agradeço pelo apoio, pela amizade, pelo encorajamento e por todos os momentos de alegria que tornaram este caminho mais leve e especial.

Agradeço ainda a todos os professores que tive ao longo deste percurso e ao Instituto de Geografia e Ordenamento do Território (IGOT), que me acolheu desde a licenciatura. Um agradecimento particular aos professores do Mestrado em Sistemas de Informação Geográfica e Modelação Territorial Aplicados ao Ordenamento (SIGMTAO), pelos conhecimentos partilhados e pela dedicação ao ensino.

Por fim, expresso a minha gratidão a todas as pessoas e instituições que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização desta dissertação e para o meu crescimento académico e pessoal.

Obrigada a todos!



## Resumo

O vírus da Dengue é uma das doenças arbovirais de maior expansão global, com potencial de emergência também em regiões temperadas. Em Portugal continental, a deteção recente do mosquito *Aedes albopictus* evidencia a necessidade de estudar os fatores que influenciam a sua distribuição e o risco associado. Esta investigação teve como objetivo modelar a adequabilidade ambiental do vetor e avaliar a vulnerabilidade social da população, integrando ambos os fatores na criação de mapas de risco.

Foram testados três algoritmos de modelação: MaxEnt, SVM e ANN. O modelo ANN foi excluído devido ao fraco desempenho (AUC = 0,5). Os algoritmos MaxEnt e SVM revelaram padrões distintos de adequabilidade: MaxEnt identificou áreas mais amplas e generalistas, enquanto o SVM apresentou previsões mais precisas e localizadas, com AUC externa de 0,83. As regiões costeiras do sul e centro do país destacaram-se como as mais propensas à presença do vetor.

No que diz respeito à vulnerabilidade social, o método da média permitiu uma representação mais realista do território, evidenciando fragilidades em zonas rurais e periferias urbanas. Por sua vez, os métodos fuzzy (produto e Gamma) suavizaram excessivamente os dados, dificultando a identificação de áreas críticas.

A sobreposição entre adequabilidade ambiental e vulnerabilidade social permitiu gerar mapas de risco. O método de combinação pela média destacou-se por representar de forma mais detalhada os padrões espaciais de risco, ao contrário dos métodos fuzzy que atenuaram as variações.

Este estudo contribui para uma compreensão mais integrada e espacialmente explícita do risco de transmissão da Dengue em Portugal continental, servindo de suporte à vigilância epidemiológica e ao planeamento de estratégias preventivas. Futuras investigações deverão explorar variáveis adicionais e dados de maior resolução para melhorar a precisão dos modelos.

**Palavras-chave:** Dengue; *Aedes albopictus*; Vulnerabilidade social; Portugal continental



## Abstract

Dengue virus is one of the most rapidly expanding arboviral diseases worldwide, with potential emergence even in temperate regions. In mainland Portugal, the recent detection of *Aedes albopictus* highlights the need to investigate the factors influencing its distribution and associated risk. This study aimed to model the environmental suitability of the vector and assess the social vulnerability of the population, integrating both dimensions to create comprehensive risk maps.

Three modelling algorithms were tested: MaxEnt, SVM, and ANN. The ANN model was excluded due to poor performance (AUC = 0.5). MaxEnt and SVM produced distinct suitability patterns: MaxEnt identified broader and more generalist areas, whereas SVM offered more precise and localized predictions, with an external AUC of 0.83. Coastal regions in the south and central parts of the country were identified as the most suitable for vector presence.

Regarding social vulnerability, the mean-based method provided a more realistic territorial representation, highlighting weaknesses in rural areas and urban peripheries. In contrast, the fuzzy methods (product and Gamma) excessively smoothed the data, limiting the identification of critical areas.

The overlay of environmental suitability and social vulnerability enabled the production of risk maps. The mean combination method proved more effective in capturing spatial patterns of risk in detail, unlike the fuzzy methods which attenuated spatial variability.

This study contributes to a more integrated and spatially explicit understanding of dengue transmission risk in mainland Portugal, offering valuable insights for epidemiological surveillance and public health planning. Future research should incorporate additional variables and higher-resolution data to enhance model accuracy.

**Keywords:** Dengue; *Aedes albopictus*; Social vulnerability; Mainland Portugal



# Índice geral

<b>Agradecimentos</b> .....	i
<b>Resumo</b> .....	iii
<b>Abstract</b> .....	v
<b>Índice geral</b> .....	vii
<b>Índice de figuras</b> .....	ix
1. Introdução .....	1
1.1. Objetivos .....	3
2. Doenças arborivais e vetores transmissores.....	5
2.1. Dengue .....	7
2.1.1. Descrição da doença.....	8
2.1.2. Caraterísticas clínicas .....	9
2.1.3. Transmissão.....	10
2.1.4. Distribuição.....	12
2.1.5. Medidas de contenção .....	16
2.1.6. Vírus.....	18
2.1.7. O hospedeiro .....	20
2.2. <i>Aedes aegypti</i> .....	20
2.3. <i>Aedes albopictus</i> .....	22
2.4. Adequabilidade ambiental .....	23
3. Epidemiologia da Dengue.....	27
3.1. A nível global .....	27
3.2. A nível europeu .....	28
3.3. O vetor e a epidemiologia em Portugal continental .....	28
3.3.1. Caracterização da área de estudo .....	29
3.3.2. Presença de <i>Aedes albopictus</i> .....	30
3.3.3. A Dengue em Portugal continental .....	31
4. Metodologia .....	37
4.1. Normalização de dados.....	40
4.2. Diagnóstico de multicolinearidade.....	42
4.3. Vulnerabilidade social .....	43
4.3.1. Fuzzy Overlay.....	46
4.3.1.1. Fuzzy Product.....	47
4.3.1.2. Fuzzy Gamma.....	47
4.3.2. Análise de componentes principais (ACP).....	48
4.4. Modelação da adequabilidade ambiental.....	50
4.4.1. Artificial Neural Network (ANN) model.....	51

4.4.2. Maximum entropy (MaxEnt) model .....	53
4.4.3. Support Vector Machine (SVM) model .....	54
4.5. Validação dos mapas de adequabilidade .....	55
4.6. Mapas de Risco.....	56
5. Análise e discussão de resultados .....	59
5.1. Vulnerabilidade social .....	60
5.2. Adequabilidade ambiental .....	65
5.3. Análise de risco.....	70
6. Considerações finais.....	75
Referências bibliográficas .....	79
Anexos .....	91

## Índice de figuras

Figura 1 - Países ou áreas em risco de transmissão da Dengue em todo o mundo em 2012 (fonte: WHO, 2014).....	14
Figura 2 - Ocorrência global da Dengue. A distribuição da Dengue estende-se à parte temperada do mundo, com alguns países europeus a reportarem a sua ocorrência (fonte: Leta et al., 2018). .....	15
Figure 3 - A complexidade das interações entre mosquitos vetores, patógenos arboviroses e transmissão através do ambiente (fonte: Shragai et al., 2017). .....	16
Figura 4 - Representação do ARN do vírus da Dengue codificando as proteínas (fonte: Souza et al., 2022). .....	19
Figura 5 - Adequação global prevista do habitat de <i>Aedes aegypti</i> e <i>Aedes albopictus</i> (fonte: Leta et al., 2018).....	24
Figura 6 - Faixa de adequação ao nível do país para <i>Aedes aegypti</i> e/ou <i>Aedes albopictus</i> (fonte: Leta et al., 2018).....	25
Figura 7 – Probabilidade de distribuição global de <i>Ae. aegypti</i> (fonte: Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, et al., 2015 ). .....	25
Figura 8 – Densidade populacional (hab./km <sup>2</sup> ) em Portugal continental por NUTS III (fonte: INE, 2022).30	
Figura 9 – Distribuição do <i>Aedes albopictus</i> na Península Ibérica. Distribuição na Espanha a verde. Nova observação em Portugal a vermelho, destacado por seta (fonte: Marabuto & Rebelo, 2017). .....	31
Figure 10 - Taxas de notificação suavizadas pelo método empírico de Bayes: 2B) Dengue (fonte: Moutinho et al., 2025).....	34
Figure 11 - LISA - Clusters e Outliers das taxas de notificação: 3B) Dengue (fonte: Moutinho et al., 2025). .....	34
Figure 12 – Mann-Kendall – Número total de casos notificados de pacientes (fonte: Moutinho et al., 2025). .....	35
Figura 13 – Esquema metodológico .....	39
Figura 14 - Diagrama de função de associação fuzzy (fonte: Esri, n.d.-a). .....	41
Figura 15 - Variações da função de pertinência linear fuzzy (fonte: Esri, n.d.-b). .....	41
Figura 16 - Estrutura conceitual WADI-Dengue, descreve as relações mediadoras da vulnerabilidade da Dengue. Este quadro aplica uma abordagem de ecossáude que reconhece as ligações inextricáveis entre os seres humanos e o seu ambiente, e as formas como estas influenciam a saúde (fonte: Dickin et al., 2013).....	45
Figura 17 - Relação do fuzzy Gamma com outros tipos de relações fuzzy (fonte: Esri, n.d.-c). .....	48
Figura 18 – Esquema metodológico de modelação da adequabilidade ambiental.....	51
Figura 19 – Scree Plot .....	61
Figura 20 – ACP.....	62
Figura 21 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método de Fuzzy Overlay do Gamma .....	63
Figura 22 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método Fuzzy Overlay do Produto.....	64
Figura 23 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método da média.....	65
Figura 24 – Adequabilidade ambiental para <i>Ae. Albopictus</i> através do método de Maximum Entropy ...	67
Figura 25 – AUC (Area Under the Curve) Interna de MaxEnt (Maximum Entropy).....	67
Figura 26 – AUC (Area Under the Curve) Externa de MaxEnt (Maximum Entropy) .....	68
Figura 27 - Adequabilidade ambiental para <i>Ae. Albopictus</i> através do método de Support Vector Machine .....	68
Figura 28 – AUC (Area Under the Curve) Interna de SVM (Support Vector Machine) .....	69
Figura 29 – AUC (Area Under the Curve) Externa de SVM (Support Vector Machine).....	69
Figura 30 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt com a vulnerabilidade social através do Produto, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através do Produto, resultante da ACP .....	71
Figura 31 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt com a vulnerabilidade social através do Gamma, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através do Gamma, resultante da ACP .....	72
Figura 32 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt	

com a vulnerabilidade social através da Média, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através da Média, resultante da ACP ..... 73

## Índice de tabelas

Tabela 1 - Número total de casos infectados com Malária, Zika, Dengue e Vírus do Nilo Ocidental (2009-2019) (fonte: Moutinho et al., 2025).....	33
---	----



# 1. Introdução

Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), a incidência da Dengue aumentou 30 vezes nas últimas cinco décadas, com até 100 milhões de infecções estimadas a ocorrer globalmente a cada ano, colocando quase metade da população mundial em risco (WHO, 2024). Estimativas anteriores de Brady *et al.* (2012) e Bhatt *et al.* (2013) sugerem números ainda maiores. De acordo com Brady *et al.* (2012), 3,97 mil milhões de pessoas em 128 países estão em risco de contrair Dengue, enquanto Bhatt *et al.* (2013) indicam que ocorrem 390 milhões de infecções por Dengue a cada ano, das quais apenas 24% se manifestam clinicamente (Bhatt *et al.*, 2013; Brady *et al.*, 2012).

Dada a ampla ocorrência de vetores competentes (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015), parece improvável que esses valores sejam superestimados. O fato de muitos países reportarem apenas casos confirmados laboratorialmente, que representam apenas uma pequena proporção da carga, pode explicar a discrepância entre essas estimativas da carga da Dengue e os números notificados à OMS. O estabelecimento de transmissão autóctone por vetores em três países europeus (Croácia, França e Portugal) indica a provável futura disseminação do vírus da Dengue. Com o apoio da maior faixa de adequabilidade de *Ae. albopictus*, bem como dos casos da Dengue associados a viagens, o vírus poderia potencialmente estabelecer pelo menos uma transmissão autóctone limitada por vetores em outras regiões temperadas, sendo que os países do sul da Europa, que fazem fronteira com o Mar Mediterrâneo, parecem ter um risco especialmente elevado (Leta *et al.*, 2018).

Os mosquitos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* são vetores (i.e., organismos vivos que podem transmitir agentes infecciosos de um hospedeiro para outro) de vários arbovírus (i.e., vírus transmitidos por artrópodes) de importância global, incluindo o vírus da dengue (Simmons *et al.*, 2012), o vírus da febre amarela (Jentes *et al.*, 2011) e o vírus da chikungunya (Leparc-Goffart *et al.*, 2014). Estes mosquitos transmitem diversos vírus e parasitas provocadores de doenças entre pessoas e outros animais, incluindo as já referidas infecções virais como o vírus da dengue e o vírus da chikungunya, que provocam febres altas frequentemente acompanhadas de dores articulares ou outros sintomas semelhantes aos da gripe. O impacto na saúde pública da Dengue e da

Chikungunya tem aumentado significativamente. Nos últimos cinquenta anos tornaram-se problemas crescentes de saúde pública. Atualmente, cerca de metade da população mundial está em risco de infecção por Dengue, enquanto os surtos da Chikungunya, anteriormente limitados a África e Ásia, foram depois reportados nas Caraíbas, América do Sul e Europa (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015).

Os arbovírus circulam entre animais selvagens e causam doenças após a transmissão para humanos e/ou animais domésticos, que são hospedeiros incidentais ou finais. Vírus como o da Dengue (DENV) e a Chikungunya (CHIKV), que perderam a necessidade de amplificação enzoótica, agora produzem amplas epidemias. Muitos arbovírus que evoluíram e se diversificaram nos trópicos produziram estirpes virulentas e invasivas que causaram grandes surtos em latitudes temperadas. A capacidade destes vírus de causarem doenças humanas depende de fatores que variam desde a epidemiologia até à genética viral (Weaver & Reisen, 2010).

As epidemias da Dengue têm aumentado tanto em frequência como em intensidade globalmente. Além disso, as doenças emergentes transmitidas pelos mesmos mosquitos vetores do género *Aedes*, como o vírus Zika e a Chikungunya, estão a levantar preocupações a nível internacional quanto à necessidade de desenvolver estratégias eficazes para controlar e prevenir estas enfermidades (Charette *et al.*, 2020).

Deste modo, é crucial determinar onde estas espécies de mosquitos, *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, se encontram atualmente, para identificar as áreas em risco. Também é importante prever onde estas espécies poderiam estabelecer-se caso fossem introduzidas, de modo a identificar as áreas que poderão estar em risco no futuro (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015).

A propagação das doenças arbovirais destaca a necessidade urgente de estudos inovadores, intervenções eficazes e colaboração internacional para enfrentar as ameaças à saúde pública (Messina *et al.*, 2015, Weaver & Reisen, 2010). A vigilância contínua e a resposta rápida são fundamentais para conter surtos de doenças arbovirais e mitigar o seu impacto na saúde das comunidades afetadas (WHO, 2017). A adoção de práticas de controle de vetores é crucial para enfrentar as alterações climáticas, que podem influenciar a distribuição e a prevalência das doenças arbovirais (Messina *et al.*, 2015). A conscientização pública é também uma ferramenta poderosa na prevenção das

doenças arbovirais, instruindo as comunidades sobre as medidas de proteção pessoal e eliminando os criadouros de vetores (Bowman, Donegan & McCall, 2016).

## 1.1. Objetivos

Neste sentido é importante estabelecer relações entre a ocorrência da Dengue e fatores socioeconómicos e ambientais. Silva *et al.* (2018), afirmam que na comunidade científica existe uma diversidade e divergência nos resultados relacionadas ao estabelecimento das relações entre a ocorrência da Dengue e fatores socioeconómicos e ambientais. Desta forma recolheram-se os exemplos dessas divergências, em que uns afirmam que maior vulnerabilidade existe onde (Silva *et al.*, 2018): os serviços de saneamento básico são precários, possuíam baixa renda e baixo nível de escolaridade; há populações com maior nível socioeconómico e escolar; existe alta renda e que lugares com a presença do vetor possuíam ampla cobertura das redes de esgoto e água e onde há deficit na rede de canalização e abastecimento de água e elevada urbanização;

O principal objetivo do projeto é modelar e analisar espacialmente os fatores condicionantes, avaliar quais os locais mais vulneráveis, onde os riscos de problemas de saúde pública são mais elevados. Como objetivos secundários definiram-se os seguintes pontos: criar o mapa de adequabilidade para a presença de *Ae. albopictus* em Portugal continental; utilizar modelos estatísticos para avaliar a vulnerabilidade social da população; obter mapas de risco com base na adequabilidade ambiental do vetor e vulnerabilidade social.



## 2. Doenças arborivais e vetores transmissores

Os vetores são organismos vivos que podem transmitir doenças infecciosas entre humanos ou de animais para humanos. Muitos desses vetores são insetos hematófagos que ingerem micro-organismos produtores de doenças durante uma refeição de sangue de um hospedeiro infetado (humano ou animal) e posteriormente os injetam num novo hospedeiro durante sua próxima refeição de sangue. Os mosquitos são os vetores de doenças mais conhecidos. Outros vetores incluem certas espécies de carraças, moscas, flebótomos, pulgas, percevejos e caramujos de água doce (WHO, 2014).

Os arbovírus são vírus transmitidos por artrópodes, são biologicamente transmitidos entre hospedeiros vertebrados por vetores artrópodes hematófagos (que se alimentam de sangue), como mosquitos, outras moscas que picam e carraças. Por definição, sendo transmitidos biologicamente, os arbovírus precisam replicar-se no vetor artrópode antes de serem transmitidos, ao contrário da transmissão mecânica, que ocorre sem replicação no vetor, através de partes bucais contaminadas (Weaver, 1997).

Os arbovírus incluem uma vasta gama de vírus de RNA (ácido ribonucleico – ARN em português e RNA em inglês), *e.g.*, Alfavírus, Flavivírus (género Flavivirus, na família Flaviviridae), Bunyavírus, Nairovírus, Flebovírus, Orbivírus, Vesiculovírus e Togotovírus. Estes vírus têm diferentes tipos de genomas de RNA e diferentes estratégias de replicação, o que indica que a transmissão por artrópodes se desenvolveu diversas vezes durante a evolução dos vírus de RNA (Weaver & Reisen, 2010).

O único arbovírus de DNA (ácido desoxirribonucleico – ADN em português e DNA em inglês) conhecido é o vírus da peste suína africana (Asfarvirus) (van Regenmortel *et al.*, 2000). Os vírus de RNA apresentam uma maior flexibilidade genética e elevadas taxas de mutação (Holland & Domingo, 1998), o que lhes confere uma maior facilidade em adaptar-se ao ciclo de transmissão (novos hospedeiros). Por outro lado, os vírus de DNA, que são geneticamente mais estáveis, têm menos capacidade para fazer essa adaptação (Weaver & Reisen, 2010).

Os vírus transmitidos por artrópodes (arbovírus) são responsáveis por diversas doenças humanas em quase todo o mundo. Estes vírus circulam entre animais

selvagens, e muitos causam doenças após serem transmitidos para humanos e animais domésticos de importância agrícola, que são hospedeiros incidentais ou finais. Vírus como o da Dengue (DENV) e a Chikungunya (CHIKV), que já não necessitam de amplificação enzoótica, são responsáveis por grandes epidemias em centros urbanos tropicais. Recentemente, muitos arbovírus aumentaram a sua importância como patógenos humanos e veterinários através de uma variedade de mecanismos (Weaver & Reisen, 2010).

*Aedes aegypti* (*Stegomyia aegypti*) e *Aedes albopictus* (*Stegomyia albopicta*) são de particular interesse devido à sua associação com doenças infecciosas emergentes e reemergentes (Weaver *et al.*, 2018). Estes dois vetores de mosquitos têm sido descritos como altamente competentes na transmissão de patógenos arbovirais como DENV, ZIKV e CHIKV. As espécies partilham várias características que lhes conferem vantagens adaptativas em relação a outras, tornando-as invasoras bem-sucedidas. A rápida disseminação e adaptação em zonas tropicais, subtropicais e temperadas, e consequentemente a expansão da cobertura global (Kraemer *et al.*, 2019), podem estar relacionadas com epidemias em grande escala e surtos simultâneos recentes (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015).

O maior risco de emergência arboviral pode estar relacionado com a urbanização tropical extensiva e a colonização deste habitat em expansão pelo mosquito altamente antropofílico (atraído por humanos), *Aedes aegypti*. Estes fatores levaram ao surgimento de ciclos endémicos permanentes da DENV e CHIKV urbanos, bem como à transmissão sazonal inter-humana do vírus da febre amarela. A recente invasão das Américas, Europa e África pelo *Aedes albopictus*, um vetor importante da CHIKV e secundário da DENV, pode aumentar a transmissão urbana destes vírus em regiões tropicais e temperadas. Os requisitos mínimos para a transmissão endémica sustentada de arbovírus, que incluem viremia humana adequada (*i.e.*, presença de uma quantidade suficiente de vírus no sangue humano) e competência vetorial do *Ae. aegypti* e/ou *Ae. albopictus*, também podem ser cumpridos por dois outros vírus com potencial para se tornarem patógenos humanos importantes: o Vírus Da Encefalite Equina Venezuelana (VEEV), já uma causa significativa de doenças neurológicas em humanos e equídeos em toda a América, e o vírus Mayaro (MAYV), um parente próximo da CHIKV que causa uma

artrálgia equiparável na América do Sul. São necessários mais pesquisas para compreender o potencial destes e de outros arbovírus emergirem no futuro, invadirem novas áreas geográficas e se tornarem problemas significativos de saúde pública e veterinária (Weaver & Reisen, 2010).

## 2.1. Dengue

A febre Dengue é uma doença grave, semelhante à gripe. Os sintomas incluem febre alta, dores de cabeça intensas, dores musculares e nas articulações, náuseas, vômitos, glândulas inchadas ou erupções cutâneas. Embora o vírus da dengue em si raramente seja fatal, o vírus da dengue grave é uma complicação potencialmente fatal, com sintomas como temperatura corporal baixa, dores abdominais intensas, respiração rápida, sangramento nas gengivas e sangue no vômito (WHO, 2014).

Existem quatro serotipos conhecidos do vírus da dengue (DEN 1 a 4). A recuperação de uma infecção por um serotipo proporciona imunidade vitalícia contra esse serotipo específico. No entanto, infecções subsequentes por outros serotipos aumentam o risco de desenvolver Dengue grave. Atualmente, não existem medicamentos antivirais eficazes para tratar a infecção por Dengue. Em casos de Dengue grave, é crucial manter o volume de fluidos corporais do paciente (WHO, 2014).

A potencial disseminação global das doenças transmitidas por vetores, associada a mudanças climáticas, ecológicas, padrões de uso do solo e ao movimento rápido e crescente de pessoas e mercadorias, ameaça mais de metade da população mundial. As alterações ambientais estão a provocar um aumento no número e na distribuição de muitos vetores em todo o mundo. Em particular, o vírus da dengue está a emergir como uma séria preocupação de saúde pública. Em 2012, foi classificada como a doença viral transmitida por mosquitos com maior potencial epidémico no mundo. Houve um aumento de 30 vezes no número de casos nos últimos 50 anos, com custos humanos e económicos avassaladores (WHO, 2014).

O principal vetor da Dengue, o mosquito *Aedes aegypti*, encontra-se agora em pelo menos 114 países do mundo (Laporta *et al.*, 2023). Esta mesma espécie de mosquito transmitiu recentemente a Chikungunya para as ilhas das Caraíbas, registando

os primeiros casos desta doença debilitante na Região das Américas. Paralelamente a esta alarmante propagação de vetores, surge a séria preocupação da crescente resistência aos inseticidas. Atualmente, a maioria das espécies de vetores demonstra resistência a várias classes de inseticidas. Se os inseticidas existentes perderem a sua eficácia, isso poderá anular todos os ganhos obtidos contra a Malária e outras doenças transmitidas por vetores, especialmente em partes da África (WHO, 2014).

Além disso, o mundo enfrenta uma extrema escassez de entomologistas e especialistas em controlo de vetores. Muitos poucos países africanos têm programas de entomologia ao nível de licenciatura nas universidades e alguns países têm apenas um punhado de entomologistas especializados. Este cenário sublinha a necessidade urgente de reforçar os esforços na formação e capacitação de especialistas em controlo de vetores, bem como na investigação e desenvolvimento de novos métodos de controlo, para enfrentar os desafios emergentes das doenças transmitidas por vetores (WHO, 2014).

### 2.1.1. Descrição da doença

A Dengue é uma enfermidade viral, originada por um flavivírus que pertence à família Flaviviridae. O seu transmissor é um mosquito do género *Aedes*, que se multiplica em locais próximos a residências, apresentando uma ampla propagação nas áreas tropicais e subtropicais do globo. Embora a maior parte das situações clínicas se manifeste como uma enfermidade caracterizada por febre, também ocorrem manifestações graves, que abrangem desde febres hemorrágicas até quadros de choque, aos quais estão ligadas ocorrências fatais. Uma vez que o vírus da dengue é uma doença viral com tendência a causar hemorragias, encontra-se sob monitorização por parte das autoridades de saúde na Europa (IASaúde, 2020; WHO, 2009).

Esta é a enfermidade viral propagada por mosquitos mais significativa à escala global, uma vez que ocorrem dezenas de milhões de incidências anualmente, as quais culminam em aproximadamente 20.000 a 25.000 óbitos, especialmente entre crianças. O vírus da Dengue tem quatro sorotipos diferentes (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4), todos originários da Ásia e sem a capacidade de conferir imunidade uns aos outros.

Consequentemente, aqueles que residem numa área endêmica da doença podem ser afetados por múltiplas infecções da Dengue ao longo de suas vidas (IASaúde, 2020).

Atualmente, a vacina Qdenga (TAK-003), desenvolvida pela farmacêutica Takeda, encontra-se aprovada pela Agência Europeia de Medicamentos (EMA) desde dezembro de 2022, para utilização em indivíduos a partir dos 4 anos de idade, independentemente de exposição prévia ao vírus (Kling *et al.*, 2023). Esta vacina é tetravalente, oferecendo proteção contra os quatro sorotipos do vírus da dengue (EMA, 2022). Em regiões da Europa continental onde o mosquito invasor *Aedes albopictus* está presente, é possível que ocorram surtos restritos da doença, devido à expansão dessa espécie de mosquito nas últimas duas décadas (IASaúde, 2020).

### 2.1.2. Características clínicas

Cerca de 40% a 80% de todas as infecções da Dengue ocorrem sem apresentar sintomas. Os sintomas clínicos mais frequentes compreendem o surgimento repentino de uma febre alta, intensas dores de cabeça, dor ao redor dos olhos (dor retro orbital), dores musculares (mialgia), dores nas articulações (artralgia), erupções cutâneas de pequenas manchas (exantema maculopapular) e hemorragias leves (DGS, 2022). A febre e os demais sinais de modo geral seguem um padrão sequencial, apresentando uma breve diminuição após o terceiro dia. A doença raramente se prolonga por mais de 10 dias, no entanto, o período de recuperação pode ser prolongado e causar debilidade (IASaúde, 2020).

Alguns casos (frequentemente menos de 5%) pode ser considerada grave, e uma parte destes pode ter desfechos fatais. A maioria das situações graves e dos óbitos ocorre em indivíduos jovens, como crianças e adolescentes. A forma mais crítica da Dengue, comumente chamada da Dengue Hemorrágica, Febre Hemorrágica da Dengue ou Síndrome de Choque da Dengue, para distingui-la da febre Dengue clássica, é identificada por um aumento na permeabilidade dos vasos sanguíneos, podendo resultar num estado de choque com risco de vida devido à diminuição do volume sanguíneo (hipovolémico) (IASaúde, 2020).

### 2.1.3. Transmissão

A associação entre a transmissão da Dengue e o mosquito *Aedes aegypti* foi reconhecida pela primeira vez em 1906, mas esta teoria só foi comprovada posteriormente (Burke & Monath, 2001). Atualmente, sabe-se que o vírus é transmitido aos seres humanos pelos mosquitos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* (DGS, 2016; Ebi & Nealon, 2016; Lim *et al.*, 2016; Gage *et al.*, 2008). O *Aedes aegypti* é considerado o vetor primário na maioria das epidemias, enquanto *Aedes albopictus* é descrito como um vetor secundário (ECDC, 2023; WHO, 2017; Liu-Helmersson *et al.*, 2016; Bouzid *et al.*, 2014; Burke & Monath, 2001). Outras espécies, como *Aedes polynesiensis* e *Aedes scutellaris*, são mencionadas como vetores em áreas rurais da Ásia e do Pacífico (Bhuvanewari *et al.*, 2023; Burke & Monath, 2001).

A transmissão biológica pode ser vertical, envolvendo a passagem do vírus de uma fêmea vetor infetada para a sua descendência, tanto machos como fêmeas. A transmissão horizontal pode ser venérea, de um macho infetado verticalmente diretamente para uma fêmea vetor, assim como oral, de uma fêmea vetor para um hospedeiro vertebrado através da saliva durante a alimentação sanguínea. Este último modo de transmissão horizontal é o mais comum para a maioria dos arbovírus e envolve a infecção do trato alimentar do vetor após a ingestão de uma refeição de sangue virêmica, a disseminação do vírus no vetor e, eventualmente, a replicação do vírus nas glândulas salivares, seguida pela injeção de saliva infetada durante a alimentação sanguínea (Weaver & Reisen, 2010).

O mosquito *Aedes aegypti* é o principal vetor da Dengue. O vírus é transmitido aos humanos através das picadas de mosquitos fêmeas infetadas. Uma vez que um mosquito infetado tenha incubado o vírus por 4-10 dias, pode transmitir o vírus pelo resto da sua vida. Os humanos infetados são os principais portadores e multiplicadores do vírus, servindo como fonte do vírus para mosquitos não infetados. Os pacientes que já estão infetados com o vírus da Dengue podem transmitir a infecção (por 4-5 dias; no máximo 12) através dos mosquitos *Aedes*, uma vez que os seus primeiros sintomas apareçam (WHO, 2014).

Os viajantes desempenham um papel essencial na disseminação da Dengue, pois podem transportar novas estirpes da Dengue para áreas onde os mosquitos podem

transmitir a infecção. Infecções em viajantes podem fornecer alertas precoces para surtos, especialmente se tiverem acesso a instalações de pesquisa avançadas que possam fornecer informações detalhadas sobre o vírus, como serotipagem e sequenciação (WHO, 2014).

O intervalo de tempo entre a exposição à infecção e o surgimento dos sintomas no ser humano varia de 3 a 21 dias, tendo uma média de 4 a 7 dias. A presença do vírus no sangue atinge o seu pico no dia imediatamente anterior ao início dos sintomas e geralmente mantém-se em níveis suficientemente elevados para transmitir a infecção aos mosquitos durante os quatro dias seguintes. Acredita-se que a imunidade a cada um dos quatro tipos do vírus seja duradoura ao longo da vida, no entanto, essa imunidade não oferece proteção contra os outros três serotipos (IASaúde, 2020; Guzman & Harris, 2015).

Os seres humanos desempenham um papel fundamental na expansão do vírus. Nas zonas urbanas das regiões tropicais e subtropicais, os vírus subsistem num ciclo entre humanos e mosquitos. A única forma de transmissão da doença é através da picada de um mosquito portador do vírus. Os mosquitos infetam-se com o vírus ao alimentarem-se de um hospedeiro com alta concentração viral no sangue (IASaúde, 2020).

Posteriormente, se o mosquito pertence a uma espécie suscetível, o vírus começa a multiplicar-se em diferentes tecidos do mosquito, incluindo as suas glândulas salivares. Mesmo que leve semanas (e várias refeições de sangue) para um mosquito se tornar capaz de transmitir a infecção, uma vez infetado, permanece assim durante toda a sua vida. Novas infecções em humanos ocorrem quando o mosquito injeta saliva que contém o vírus num hospedeiro sem imunidade durante refeições de sangue subsequentes. O intervalo de tempo necessário para o mosquito se tornar capaz de transmitir a infecção, conhecido como período de incubação extrínseco, é de aproximadamente 10 dias a uma temperatura de 27 °C (IASaúde, 2020).

Algumas indicações sugerem que os macacos que habitam florestas participam de um ciclo natural, no qual os mosquitos atuam como vetores nas regiões do sudeste asiático e oeste da África. No entanto, não há evidências que comprovem que esses vírus sejam responsáveis por grandes epidemias (IASaúde, 2020).

#### 2.1.4. Distribuição

Mais de 2,5 mil milhões de pessoas – mais de 40% da população mundial – estão atualmente em risco de contrair Dengue. A Organização Mundial da Saúde (OMS) estima que possam ocorrer mais de 100 milhões de infeções por Dengue em todo o mundo anualmente. Estima-se que 500 000 pessoas com Dengue grave necessitem de hospitalização a cada ano, sendo uma grande proporção destas crianças. Cerca de 2,5% dos afetados acabam por falecer (WHO, 2014).

A Dengue é a doença viral transmitida por mosquitos que mais rapidamente se propaga no mundo. Entre 1960 e 2010, a incidência aumentou 30 vezes, com uma expansão geográfica para novos países e, na última década, das áreas urbanas para as rurais. Antes de 1970, apenas nove países tinham experienciado epidemias graves da Dengue. Atualmente, a doença é endémica em mais de 100 países na África, Américas, Mediterrâneo Oriental, Sudeste Asiático e Pacífico Ocidental. As regiões das Américas, Sudeste Asiático e Pacífico Ocidental são as mais seriamente afetadas, com mais de 2,3 milhões de casos reportados em 2010 (WHO, 2014).

Não só o número de casos está a aumentar à medida que a doença se espalha para novas áreas, como também estão a ocorrer surtos mais graves. A ameaça de um possível surto da Dengue agora existe na Europa, com a transmissão local da doença reportada pela primeira vez na Croácia e França em 2010 e um surto significativo na Ilha da Madeira, em Portugal, em 2012. Também foram reportados casos na Flórida (Estados Unidos da América) e na província de Yunnan, na China, em 2013 (WHO, 2014).

Os vírus da Dengue (DENV) são os patógenos arbovirais humanos mais importantes, com uma estimativa de 50 a 100 milhões de casos anuais da Dengue (DEN) e dezenas de milhares de casos de febre hemorrágica da Dengue/síndrome do choque da Dengue (DHF/DSS), que são mais graves e, por vezes, fatais (Endy *et al.*, 2010). Estas manifestações mais graves da doença foram descritas pela primeira vez após a Segunda Guerra Mundial, coincidindo com o aumento da urbanização, particularmente na Ásia. Atualmente, o vírus da dengue é hiper-endémico em muitas regiões tropicais da Ásia, onde dois ou mais serotipos circulam de forma endémica e epidémica (Weaver & Reisen,

2010).

Embora a DENV provavelmente tenha sido introduzido periodicamente nas Américas por navios desde o século XVII, o surgimento da Dengue hiperendêmica no hemisfério ocidental ocorreu mais tarde, devido a uma campanha parcialmente bem-sucedida para erradicar *Aedes aegypti*, com o objetivo de controlar a febre amarela. Esta campanha teve sucesso na maior parte das Américas entre os anos 1950 e 1970, mas foi posteriormente descontinuada. O *Aedes aegypti* rapidamente recolonizou quase todas as regiões neotropicais e subtropicais, e a invasão da DENV seguiu-se pouco tempo depois. Em 1985, *Aedes albopictus* foi introduzido nos Estados Unidos (Hawley *et al.*, 1987) e no Brasil a partir da Ásia, proporcionando um vetor secundário para a transmissão da DENV nas Américas. Esta espécie foi o vetor primário da DENV durante um surto recente no Havai (Effler *et al.*, 2005).

A febre Dengue foi identificada como uma doença amplamente distribuída com transmissão autóctone por vetores reportada em 111 países/territórios (Figura 1). Na Europa, três países, nomeadamente, França, Espanha e Itália, relataram casos autóctones da Dengue (ECDC, 2024). Todos os países da África Subsaariana foram considerados adequados para os vetores, com a doença disseminada em 36 países/territórios. No Norte da África, a doença foi reportada em Egito, Mali e Sudão. Além disso, a maioria dos países das Américas, incluindo os EUA, também reportaram casos da doença, com transmissão autóctone por vetores confirmada em 46 dos 52 países/territórios considerados adequados para o vetor (Leta *et al.*, 2018).

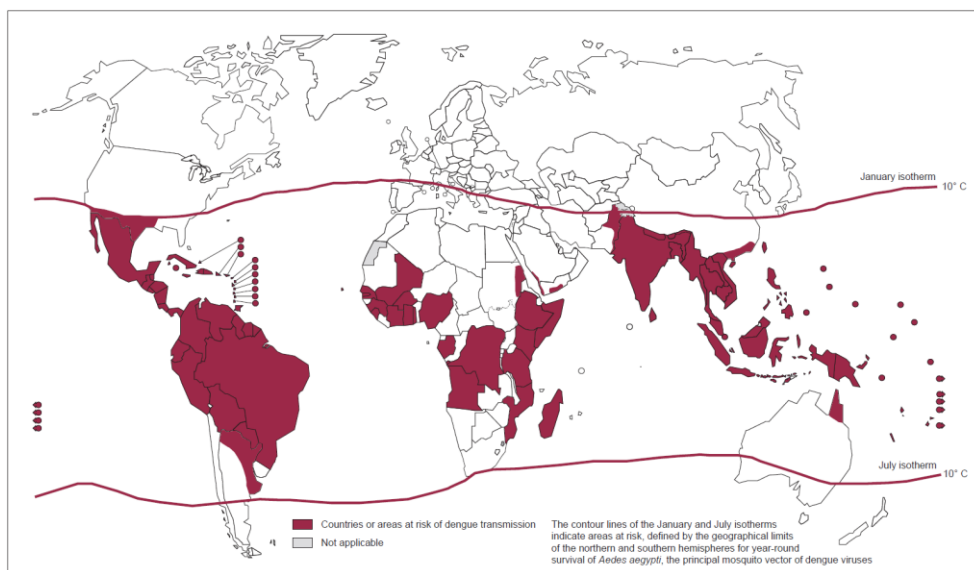


Figura 1 - Países ou áreas em risco de transmissão da Dengue em todo o mundo em 2012 (fonte: WHO, 2014).

A Dengue é uma doença que afeta principalmente áreas rurais e urbanas, porque o principal transmissor, o mosquito *Aedes aegypti*, é comum em ambientes próximos às habitações. Este mosquito é um vetor altamente eficaz, que prefere alimentar-se quase exclusivamente de seres humanos. Reproduz-se em pequenos recipientes de água criados pelo homem, repousa dentro de construções e geralmente é encontrado a menos de 50 metros de áreas habitadas por pessoas. Os seus hábitos de picada ocorrem principalmente durante o dia (IASaúde, 2020).

Nas últimas cinco décadas, a sua ocorrência aumentou trinta vezes, devido à expansão geográfica para novos territórios, e à sua disseminação de áreas urbanas para regiões rurais. Estima-se que, anualmente, ocorram cerca de 50 milhões de casos da Dengue e que aproximadamente 2,5 mil milhões de pessoas habitem em países onde a doença é endêmica (WHO, 2009).

A febre da Dengue é uma doença de grande importância para a saúde pública em países tropicais e subtropicais, onde as condições sociais e ambientais favorecem o desenvolvimento e a proliferação do seu principal vetor (Figura 2), o mosquito *Aedes aegypti* (Ministério da Saúde, 2009). A febre da Dengue é a mais importante doença arboviral humana a nível global (Valle *et al.*, 2015). A preparação dos serviços de saúde para cuidar adequadamente dos pacientes suspeitos de terem febre da Dengue, evitando assim mortes, é tão importante quanto evitar a transmissão do próprio vírus (Torres, 2005).

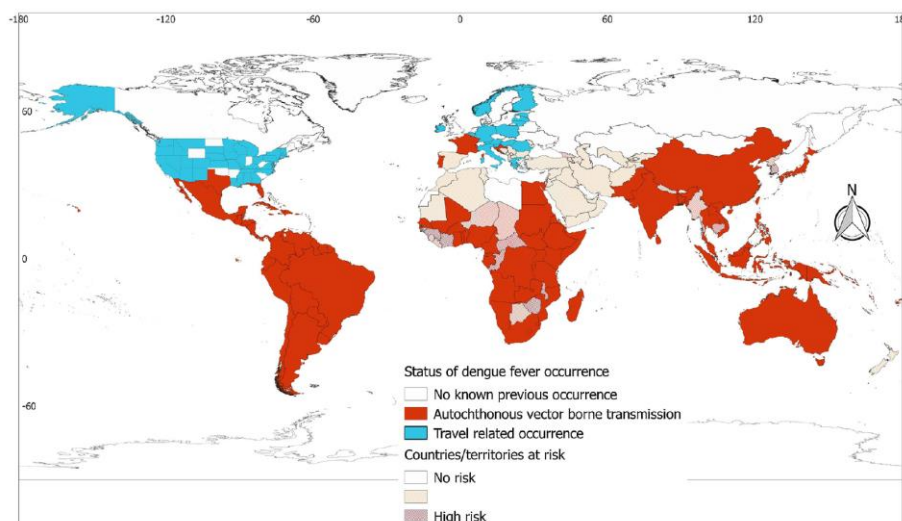


Figura 2 - Ocorrência global da Dengue. A distribuição da Dengue estende-se à parte temperada do mundo, com alguns países europeus a reportarem a sua ocorrência (fonte: Leta et al., 2018).

Embora as condições climáticas afetem a propagação dos mosquitos *Aedes aegypti*, as condições que facilitam a permanência e circulação do vetor estão fortemente associadas à forma como os espaços urbanos estão organizados, ao aumento da geração de resíduos não orgânicos e ao estilo de vida da população (Silva et al., 2017)

Geralmente, a investigação sobre a epidemiologia da doença não considera as desigualdades intraurbanas. Os sistemas de vigilância em saúde pública não utilizam ou subutilizam a análise espacial para determinar a dinâmica dos espaços urbanos desiguais. Para avaliar o efeito da desigualdade intraurbana nas mortes por Dengue, é necessário considerar os determinantes macro e micro da transmissão do vírus da Dengue (Figura 3). Os determinantes macro são fatores sociais e ambientais como latitude, altitude, clima, vegetação, densidade populacional, tipo de habitação e fluxo populacional. Enquanto, os determinantes micro estão associados ao hospedeiro, ao agente e ao vetor da doença, incluindo fatores como imunidade do hospedeiro, idade, sexo e comorbidades (Torres, 2005).

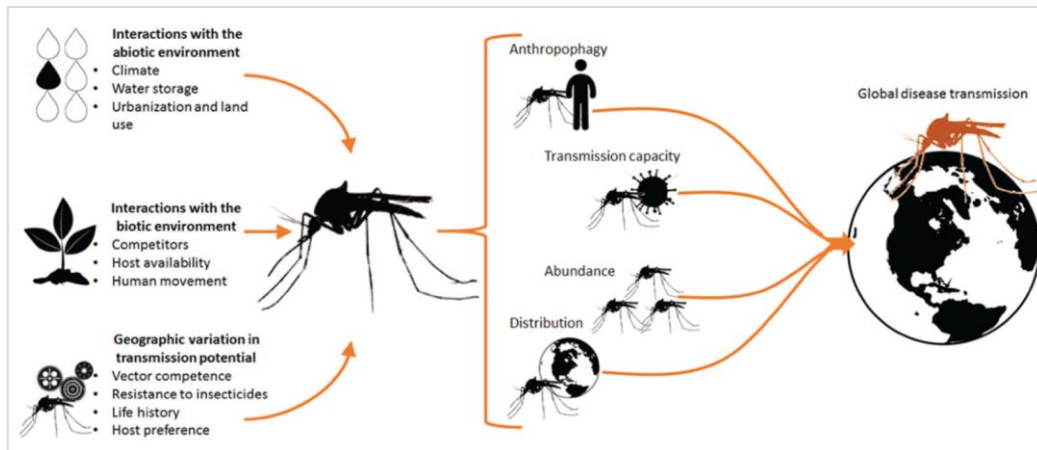


Figure 3 - A complexidade das interações entre mosquitos vetores, patógenos arbovirose e transmissão através do ambiente (fonte: Shragai et al., 2017).

### 2.1.5. Medidas de contenção

Na década de 1940, a descoberta de inseticidas sintéticos representou um avanço significativo no controle das doenças transmitidas por vetores. Programas de pulverização em larga escala, implementados durante as décadas de 1950 e 1960, tiveram êxito em controlar muitas das principais doenças vetoriais. No final dos anos 1960, com exceção da malária em África, muitas dessas doenças deixaram de ser consideradas de grande importância para a saúde pública. Este sucesso inicial, contudo, desencadeou um retrocesso significativo. Os programas de controle foram desativados, os recursos alocados diminuíram e os especialistas em controle de vetores desapareceram das unidades de saúde pública (WHO, 2014).

Nas últimas duas décadas, muitas doenças importantes transmitidas por vetores ressurgiram ou se espalharam para novas partes do mundo. Tradicionalmente vistas como um problema para países em regiões tropicais, as doenças transmitidas por vetores representam uma ameaça crescente para a saúde pública global, tanto em termos do número de pessoas afetadas quanto da sua disseminação geográfica. Este ressurgimento sublinha a necessidade de renovados esforços e investimentos na vigilância e controle dos vetores, bem como na formação de especialistas nesta área crucial para a saúde pública (WHO, 2014).

Se não tomarmos medidas agora, as implicações serão extremamente sérias para

o globo inteiro. Para muitas doenças transmitidas por vetores, não existem vacinas e a resistência aos medicamentos é uma ameaça crescente. O controlo de vetores desempenha um papel vital e é frequentemente a única maneira de prevenir surtos de doenças. Muitas intervenções existentes, como redes mosquiteiras tratadas com inseticidas e pulverização interna, são simples e comprovadas. Estas ferramentas de controlo de vetores podem ser particularmente eficazes quando utilizadas em combinação com intervenções como a administração massiva de medicamentos, envolvendo o tratamento em larga escala das comunidades afetadas (WHO, 2014).

Os programas de gestão de vetores podem também combinar intervenções e recursos para visar mais de uma doença, um componente de uma abordagem chamada gestão integrada de vetores. Por exemplo, após tentativas intensivas de erradicar a malária nas décadas de 1950 e 1960 através da pulverização interna com DDT (dicloro-difenil-tricloroetano), a prevalência da leishmaniose caiu drasticamente em muitos países e a filariose linfática desapareceu nas Ilhas Salomão (WHO, 2014).

Em muitos casos, são necessários fundos adicionais e compromisso político para ampliar o acesso às ferramentas de controlo de vetores existentes, bem como aos medicamentos e ferramentas de diagnóstico. Ao mesmo tempo, é urgentemente necessário mais investimento em investigação para encontrar soluções melhoradas para combater os vetores e as doenças que eles transmitem. Combater estas doenças requer um novo impulso em escala global; por parte das agências globais de saúde pública, entre países e dentro de regiões, através dos setores governamentais, em todos os níveis de governo, e dentro das comunidades e lares. Esta abordagem coordenada e integrada é essencial para enfrentar os desafios das doenças transmitidas por vetores e proteger a saúde pública global (WHO, 2014).

O controlo dos vetores da Dengue tem sido abordado principalmente através da redução da fonte, que envolve a eliminação dos habitats de recipientes que são locais favoráveis à oviposição e que permitem o desenvolvimento das fases aquáticas. Isto pode ser alcançado com o uso de tampas ou coberturas bem ajustadas nos recipientes ou pela eliminação das fases da larva e pupa (i.e., crisálida) utilizando inseticidas (WHO, 2024).

A realização de levantamentos pupais em habitações humanas pode identificar

quais os recipientes mais produtivos; tratar apenas esses recipientes produtivos pode ser tão eficaz quanto tratar todos os recipientes, mas de forma muito mais eficiente. A capacidade do vetor de explorar locais não convencionais para descansar ou depositar ovos não deve ser subestimada: nos últimos anos, por exemplo, foram encontrados criadouros em fossas sépticas e caleiras de telhados (WHO, 2024).

Estas estratégias de controlo requerem um compromisso contínuo com a monitorização e a adaptação das intervenções, assegurando que as metodologias empregadas sejam eficazes e sustentáveis ao longo do tempo (WHO, 2024).

A deliberação WHA55.17 da Assembleia Mundial da Saúde, em 2002, encorajou tanto a Organização Mundial da Saúde (OMS) quanto os seus Estados-Membros a envolverem-se de forma mais significativa no combate à Dengue. Um destaque notável é a resolução WHA58.3, adotada durante a Assembleia Mundial da Saúde em 2005, que aborda a revisão do Regulamento Sanitário Internacional (RSI). Nesta resolução, o vírus da dengue é mencionado como um exemplo de doença capaz de se tornar uma emergência de saúde pública de relevância internacional, devido à sua capacidade de desencadear uma epidemia de rápida propagação e perturbação que ultrapassa as fronteiras nacionais (WHO, 2009).

#### 2.1.6. Vírus

Os vírus da Dengue compreendem quatro serotipos (DEN-1 a DEN-4) relacionados que partilham ciclos de transmissão comuns. Ao contrário de outros flavivírus, os vírus da Dengue (DENV), que causam a maioria das doenças humanas, não são zoonoses, utilizando exclusivamente os humanos como reservatórios e hospedeiros de amplificação (Weaver & Reisen, 2010). Por outras palavras, os vírus da Dengue (DENV) utilizam exclusivamente os humanos como reservatórios e hospedeiros de amplificação, ao contrário de outros flavivírus que podem ter reservatórios animais. Isso significa que, distintamente de muitas outras zoonoses (*i.e.*, doenças que podem ser transmitidas entre animais e humanos), os vírus da Dengue são mantidos principalmente no ciclo de transmissão humano-mosquito-humano.

Além disso, ao contrário da maioria dos arbovírus, os vírus da Dengue dependem

de mosquitos que vivem em estreita associação com seres humanos para a sua transmissão. O *Aedes aegypti* é o principal vetor na maioria das regiões, enquanto *Aedes albopictus* atua como vetor secundário em algumas áreas (Weaver & Reisen, 2010).

O agente patogênico responsável pela Dengue, conhecido como vírus da Dengue (DEN), é um vírus de RNA de cadeia simples e tamanho reduzido. Existem quatro variações distintas deste vírus, denominadas de DEN-1 a DEN-4. Estas variações, conhecidas como serotipos, pertencem à família Flaviviridae e ao género Flavivirus, apresentando uma estreita relação entre si. O vírus da Dengue, quando maduro, assume uma forma esférica com um diâmetro de 50 nanómetros. Esta estrutura contém várias cópias das três proteínas estruturais, uma camada dupla de membrana originada do hospedeiro e uma única cópia do genoma de RNA de sentido positivo de cadeia simples. Durante o processo, tanto enzimas do hospedeiro quanto enzimas virais dividem o genoma em três partes que formam as proteínas estruturais como está representado na Figura 4: capsídeo (C), prM (precursor da proteína de membrana, M) e envelope (E). Além disso, há sete proteínas não estruturais (NS) envolvidas no conjunto (WHO, 2009).

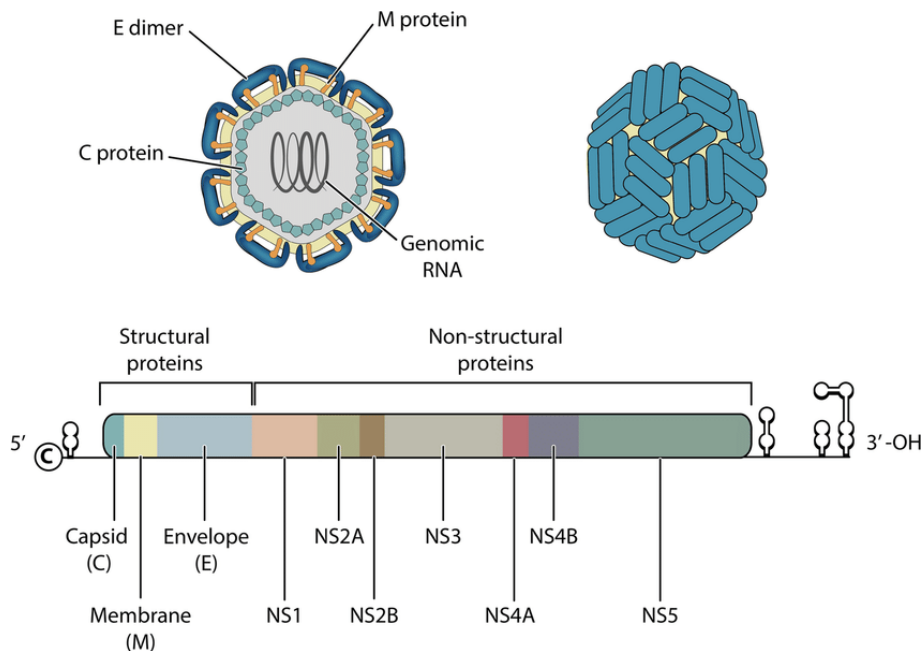


Figura 4 - Representação do ARN do vírus da Dengue codificando as proteínas (fonte: Souza et al., 2022).

Dentro de cada serotipo, são reconhecidas variações genéticas, designadas

genótipos ou linhagens específicas. Estes genótipos consistem em vírus que possuem sequências de nucleotídeos altamente relacionadas, ilustrando a considerável diversidade genética presente entre os diferentes serotipos do vírus da Dengue. A evolução do vírus da Dengue é fortemente influenciada por um processo de seleção purificadora, onde apenas os vírus que se adaptam tanto aos seres humanos quanto aos mosquitos vetores conseguem sobreviver. Entre estes, os genótipos "asiáticos" de DEN-2 e DEN-3 são frequentemente associados a casos graves da doença em infecções secundárias por Dengue. Adicionalmente, foi observada uma variedade viral dentro de um único hospedeiro (quasespécies) em seres humanos (WHO, 2009).

### 2.1.7. O hospedeiro

Após um intervalo de incubação que varia de 4 a 10 dias, a infecção causada por qualquer um dos quatro tipos de vírus pode resultar numa diversidade de condições de saúde, apesar de a maior parte das infecções decorrer sem sintomas ou de forma subclínica. Acredita-se que a infecção primária confere imunidade protetora vitalícia contra o serotipo infeccioso (WHO, 2009).

As pessoas que passam por uma infecção desenvolvem proteção contra a doença causada por um serotipo diferente durante cerca de 2 a 3 meses após a infecção inicial. No entanto, essa proteção não é duradoura em termos de imunidade cruzada a longo prazo (WHO, 2009).

Os fatores de risco individuais determinam a gravidade da doença e incluem infecção secundária, idade, etnia e possivelmente doenças crônicas (*e.g.*, asma brônquica, anemia falciforme e diabetes mellitus). As crianças pequenas, em particular, correm maior risco de choque da Dengue, pois a sua capacidade de compensar o extravasamento (causado por aumento da permeabilidade capilar) pode ser menor do que a dos adultos (WHO, 2009).

## 2.2. *Aedes aegypti*

O *Aedes aegypti* (Linnaeus), comumente conhecido como o mosquito da febre

amarela, é originário de África. A sua dispersão para áreas tropicais e, atualmente, para regiões subtropicais e temperadas do mundo, acredita-se ter ocorrido nos últimos cinco séculos (Gloria-Soria *et al.*, 2016), principalmente através dos seus ovos, que são conhecidos por resistirem à dessecação (Faull & Williams, 2015), ou seja, por terem a capacidade de sobreviver em condições de seca por um período prolongado. Além disso, a disseminação para fora de África foi acompanhada por adaptações únicas e divergência ecogenética, resultando em duas formas ou subespécies: o *Ae. aegypti aegypti* (*Aaa*) doméstico e o *Ae. aegypti formosus* (*Aaf*) silvestre (Abuelmaali *et al.*, 2021). O *Aaa* representa o ecótipo invasivo fora de África, enquanto o *Aaf* ancestral é encontrado na maior parte da África Subsariana (McBride *et al.*, 2014; Rose *et al.*, 2020).

O *Aaa* adaptou-se ao reproduzir-se em recipientes de água fabricados pelo homem e prefere picar humanos, estas características contribuem para o seu papel como vetor eficiente de arbovírus. Em contraste, o *Aaf* reproduz-se tanto em habitats naturais quanto em humanos e alimenta-se de diversos hospedeiros vertebrados. Na África Oriental, ambas as formas coexistem em determinadas ecologias, como foi descrito na costa do Quênia (McBride *et al.*, 2014; Rose *et al.*, 2020; Abuelmaali *et al.*, 2021). Os métodos genéticos são necessários para discriminar entre as duas subespécies (Gloria-Soria *et al.*, 2016), acredita-se que as diferenças comportamentais e ecológicas entre estas duas formas influenciam a sua capacidade de transmissão do vírus da Dengue (Torto & Tchouassi, 2024).

Os diversos tipos do vírus da Dengue são transmitidos para os seres humanos quando estes são picados por mosquitos *Aedes* portadores da infeção, principalmente o mosquito *Aedes aegypti*. Este mosquito é uma espécie comum em regiões tropicais e subtropicais de todo o mundo, especialmente entre as latitudes 35°N e 35°S. Estes intervalos geográficos correspondem aproximadamente a uma temperatura média no inverno de 10°C. Foram inclusive, identificadas populações de *Aedes aegypti* em latitudes de 45°N, contudo, esses avanços ocorreram durante os períodos mais quentes do ano e os mosquitos não conseguiram sobreviver aos invernos subsequentes. Além disso, devido às temperaturas mais frias, é relativamente raro encontrar *Aedes aegypti* a altitudes acima de 1000 metros (WHO, 2009).

As fases imaturas deste mosquito estão localizadas em áreas com água

acumulada, principalmente em recipientes artificiais próximos a residências, frequentemente em espaços fechados. Os estudos indicam que a grande maioria das fêmeas de *Aedes aegypti* tendem a passar a maior parte da vida dentro ou nas proximidades das casas de onde surgem como insetos adultos (WHO, 2009).

O mosquito *Ae. aegypti* vive em habitats urbanos e reproduz-se principalmente em recipientes artificiais. Esta espécie alimenta-se durante o dia, com os períodos de maior atividade de picada no início da manhã e no final da tarde, antes do anoitecer. As fêmeas do *Ae. aegypti* picam múltiplas pessoas durante cada período de alimentação (WHO, 2014).

*Aedes aegypti* é originário de África e é considerado um vetor primário de alguns arbovírus. Possui um elevado potencial para a transmissão de patógenos aos humanos devido aos seus hábitos puramente antropofílicos, reprodução em ambientes domésticos (urbanos) e peridomésticos, uso de recipientes artificiais como locais de reprodução (Kraemer *et al.*, 2019; Shragai *et al.*, 2017), e maior disponibilidade de recipientes naturais para oviposição (Braks *et al.*, 2003).

### 2.3. *Aedes albopictus*

O mosquito tigre asiático, *Aedes albopictus* (Skuse, 1894), tem origem nas florestas do Sudeste Asiático (McBride *et al.*, 2014; Marabuto & Rebelo, 2017), onde se reproduz em buracos de árvores e outros reservatórios de água naturais. Nos últimos anos, esta espécie tornou-se invasiva em certas áreas de África, Europa e Américas. Tal como *Aedes aegypti*, a principal via de invasão é o comércio de pneus (Gratz, 2004). Estudos demonstraram que os ovos desta espécie de mosquito também podem sobreviver a períodos de dormência. Comparado com *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus* exibe um hábito alimentar mais versátil, alimentando-se de humanos e animais domésticos, e tende a habitar áreas rurais e suburbanas com mais vegetação (Paton & Bonsall, 2019). Em contraste, *Aedes aegypti* prefere paisagens urbanas. Adicionalmente, enquanto *Aedes aegypti* prospera em climas tropicais e subtropicais, *Aedes albopictus* adapta-se melhor a climas temperados e tende a substituir *Aedes aegypti* em certas ecologias; contudo, a co-ocorrência é comum, embora em habitats segregados (Rey *et*

*al.*, 2006; Simard *et al.*, 2005).

O *Aedes albopictus*, conhecido como mosquito tigre (asiático), é ecologicamente mais flexível, com uma gama geográfica mais abrangente do que *Aedes aegypti*. Encontra-se em habitats suburbanos, rurais e silváticos, onde apresenta uma ampla gama de hospedeiros incluindo humanos, gado, anfíbios, répteis e aves (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Brady, *et al.*, 2015; Paupy *et al.*, 2009).

O *Aedes albopictus*, um vetor secundário da Dengue na Ásia, espalhou-se para a América do Norte e Europa, principalmente devido ao comércio internacional de pneus usados (um habitat de reprodução), madeira e outros bens como o ‘bambu da sorte’ (uma planta decorativa comercializada mundialmente). Esta espécie de mosquito pode sobreviver em regiões temperadas mais frias da Europa. O *Ae. albopictus* possui uma ampla distribuição geográfica, é particularmente resistente e pode sobreviver tanto em ambientes rurais quanto urbanos. Os ovos deste mosquito são altamente resistentes e podem permanecer viáveis durante a estação seca. Tal como o *Ae. aegypti*, é um alimentador diurno (WHO, 2014).

## 2.4. Adequabilidade ambiental

Os autores Leta *et al.*, 2018 desenvolveram um estudo que consistiu no mapeamento do risco global das principais doenças arbovirais transmitidas por *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, identificando as áreas onde as doenças são relatadas, seja por transmissão ativa ou surtos relacionados a viagens, bem como áreas onde as doenças não são atualmente relatadas, mas que são, no entanto, adequadas para o vetor.

Adequabilidade de *Aedes albopictus* foi considerada mais ampla, apresentando focos de adequação em 197 países/territórios, em comparação com *Aedes aegypti*, que demonstrou focos de adequação em 188 países/territórios. Conforme ilustrado na Figura 5, as áreas altamente adequadas para ambos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* foram identificadas no sul dos Estados Unidos, Caraíbas, América do Sul, África Subsariana, subcontinente indiano, Sudeste Asiático e alguns países do Pacífico. Focos dispersos de áreas adequadas foram encontrados em países do sul da Europa e no norte

de África ao longo da costa mediterrânea (Leta *et al.*, 2018).

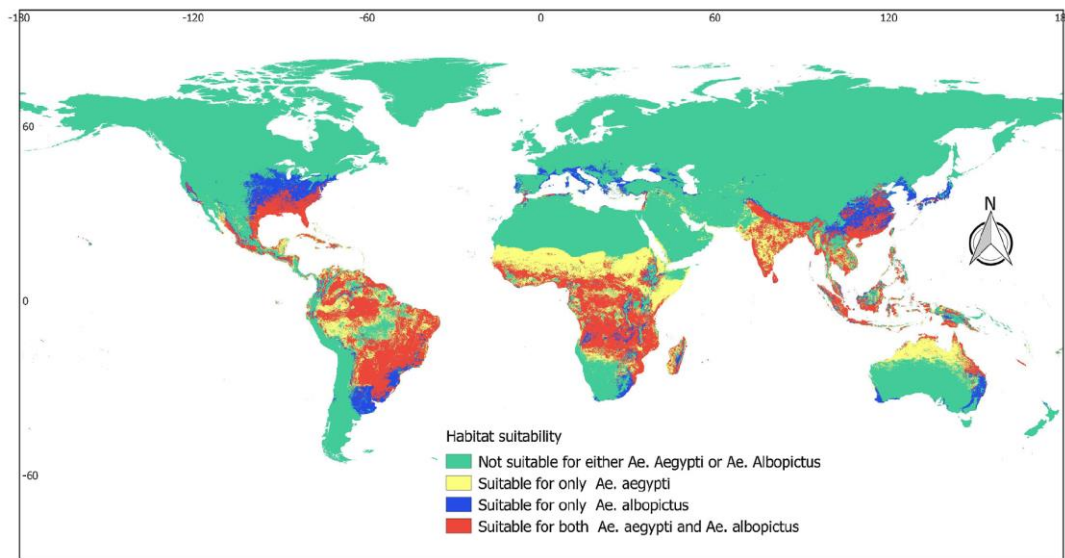


Figura 5 - Adequação global prevista do habitat de *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* (fonte: Leta *et al.*, 2018).

Além disso, focos consideráveis de adequação foram identificados em Israel, na Autoridade Palestina e em áreas ao longo dos rios Eufrates e Tigre. As partes costeiras do norte da Austrália também mostram uma considerável adequação. Enquanto para *Aedes aegypti*, as áreas adequadas foram encontradas concentradas nas partes tropicais e subtropicais do mundo, as áreas para *Aedes albopictus* foram encontradas estendendo-se também para a parte temperada do mundo, especialmente no sul da Europa e no centro dos Estados Unidos (Leta *et al.*, 2018).

As regiões tropicais e subtropicais manifestaram amplas faixas de adequabilidade para *Ae. aegypti* e/ou *Ae. albopictus*, com percentagens que variam consideravelmente entre os países. Os países da África Subsaariana, Caribe e Oceânia apresentaram uma grande faixa de adequabilidade, enquanto a maioria dos países europeus, norte-americanos e do norte da Ásia mostraram uma faixa de adequabilidade limitada ou inexistente. Dentro da Europa, uma ampla faixa de adequabilidade foi encontrada na Itália, Grécia, Croácia e Portugal (Figura 6). Países como Brasil, Colômbia e Venezuela na América do Sul, assim como outros no subcontinente indiano, também apresentaram faixas de adequabilidade consideravelmente mais amplas (Leta *et al.*, 2018).

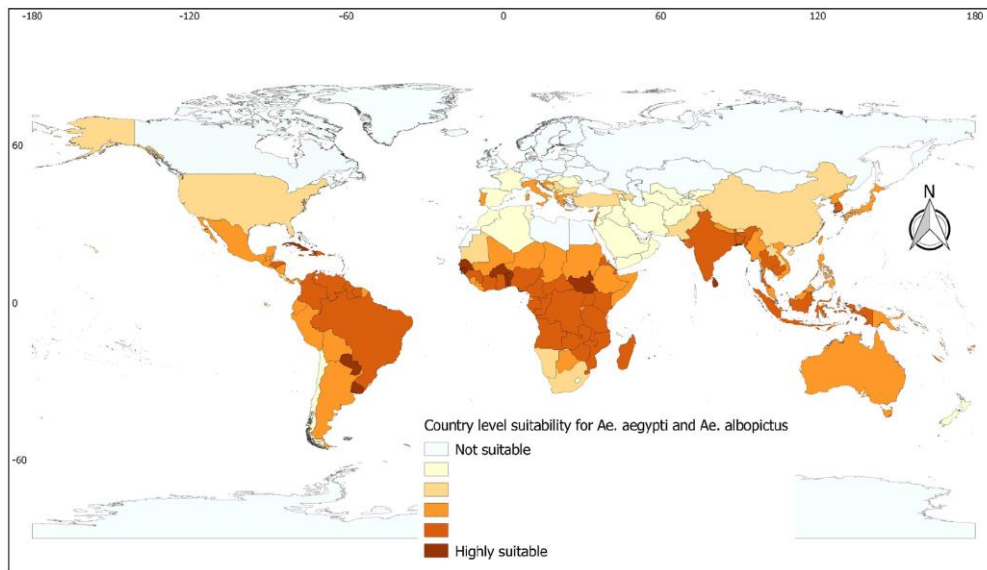


Figura 6 - Faixa de adequação ao nível do país para *Aedes aegypti* e/ou *Aedes albopictus* (fonte: Leta *et al.*, 2018).

Os autores Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Brady, *et al.*, (2015), fornecem também previsões sobre a distribuição destas duas espécies de mosquitos, utilizando dados sobre as localizações conhecidas das espécies, combinando-os com informações sobre as condições ambientais em todo o mundo. Os mapas expõem que estes mosquitos *Aedes* encontram-se em todos os continentes, incluindo a América do Norte e a Europa (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015) (Figura 7).

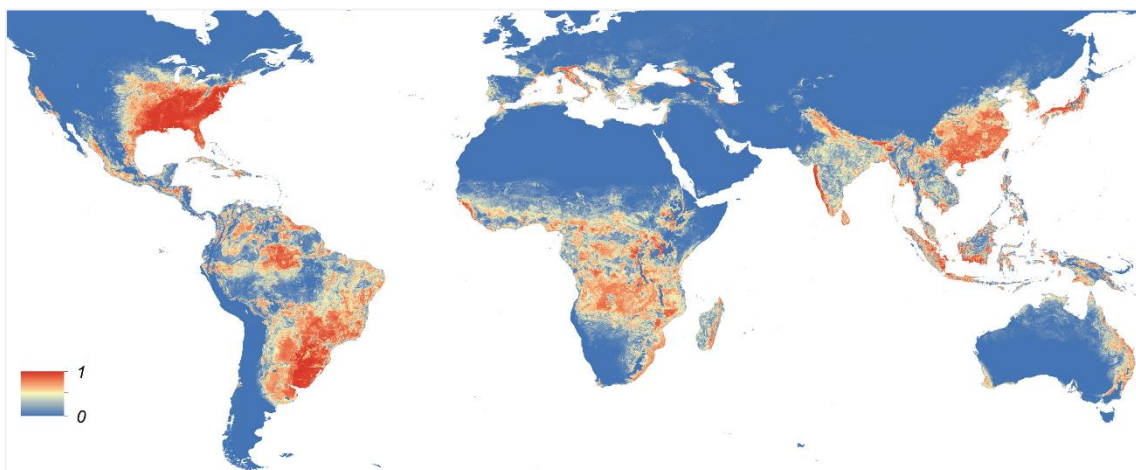


Figura 7 – Probabilidade de distribuição global de *Ae. aegypti* (fonte: Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015 ).

O *Aedes albopictus*, está a expandir-se rapidamente a nível global (Kraemer, Sinka, Duda, Mylne, Shearer, Barker, *et al.*, 2015). Há regiões na Europa, especialmente

no sul da Europa (e.g., Itália, Espanha, Grécia, Portugal), que exibem uma elevada probabilidade de ocorrência do *Aedes aegypti*. Contudo, são ainda necessários mais estudos para compreender quais os fatores que estão a contribuir para a rápida expansão do alcance destes mosquitos e o que pode ser feito para controlar essa disseminação.

## 3. Epidemiologia da Dengue

As epidemias surgem devido à rápida expansão urbana não planejada, deslocamento social, aumento das viagens internacionais e atividades humanas que propiciam a adaptação e proliferação de vetores, além do desenvolvimento de resistência a inseticidas (Da Conceição Araújo *et al.*, 2020).

A Dengue é a doença viral transmitida por mosquitos mais prevalente globalmente, com aproximadamente 390 milhões de infecções em mais de 120 países, resultando em cerca de 2 milhões de casos anuais de febre hemorrágica da Dengue (*Dengue Hemorrhagic Fever - DHF*) (Kirkpatrick *et al.*, 2016).

### 3.1. A nível global

Apesar de os primeiros registos de epidemias significativas de uma doença possivelmente relacionada à Dengue terem sido observados em três continentes diferentes (Ásia, África e América do Norte) nos anos de 1779 e 1780 (Hirsch, 1883) existem evidências de ocorrências de doenças clinicamente semelhantes à Dengue ainda mais antigas. O mais antigo documento conhecido até o presente momento é uma enciclopédia chinesa que descreve sintomas de doenças e seus tratamentos. Essa enciclopédia foi inicialmente publicada durante a Dinastia Chin (265 a 420 d.C.), passou por uma edição formal em 610 d.C. na Dinastia Tang e foi revisada novamente em 992 d.C. na Dinastia Sung do Norte (Nobuchi, 1979). Os chineses deram à doença o nome de "veneno aquático" e acreditavam que de alguma forma estava relacionada a insetos alados encontrados perto da água. Existem também evidências de surtos de doença semelhantes à Dengue nas Índias Ocidentais Francesas em 1635 e no Panamá em 1699 (Howe, 1977). Dessa forma, o vírus da dengue ou uma enfermidade muito parecida teve uma vasta disseminação em diversas regiões geográficas antes do século XVIII, quando surgiu a primeira pandemia documentada de uma doença que se assemelhava à Dengue. Não se sabe se os surtos de 1779 em Batávia (Jacarta), na Indonésia, e no Cairo, no Egito, foram da Dengue, mas é muito provável que o surto de 1780 na Filadélfia tenha sido da Dengue (Carey, 1971).

## 3.2. A nível europeu

Em 2004, o mosquito *Aedes albopictus* chegou à Península Ibérica (Marabuto & Rebelo, 2017) e atualmente é a principal espécie de *Aedes* presente no continente europeu. Este mosquito afeta países como Espanha, França, Suíça, Itália, Mónaco, São Marino, Holanda, Eslovénia, Croácia, Bósnia e Herzegovina, Sérvia, Bulgária, Montenegro, Albânia, Grécia e Rússia (Bouزيد *et al.*, 2014).

Na Europa, a capacidade vetorial para uma epidemia da Dengue não é suficientemente alta durante o inverno, primavera e outono, exceto nas regiões mais a sul durante a primavera e outono. Durante o verão, as condições climáticas possibilitam epidemias sazonais da Dengue na maior parte da Europa Continental e do Sul da Europa para o mosquito *Aedes aegypti*, e particularmente na Europa Central para o mosquito *Aedes albopictus* (Ebi & Nealon, 2016; Liu-Helmersson *et al.*, 2016).

Segundo Bouزيد *et al.*, a maioria da Europa apresenta baixo risco de transmissão da Dengue, apesar de as grandes cidades apresentarem temperaturas e densidade populacional elevadas, com condições favoráveis à transmissão. No entanto, também devem ser considerados outros fatores, pois podem influenciar a propagação. Caso o vírus da dengue se torne endémico na Europa, é mais provável que ocorra na Costa Mediterrânea, Adriática e no Vale de Itália. Outras áreas geográficas podem ser afetadas, mas é menos provável que surtos sejam sustentáveis nessas regiões (Bouزيد *et al.*, 2014).

Prevê-se que até 2050, aproximadamente 2,4 mil milhões de pessoas residirão em áreas favoráveis ao mosquito *Aedes albopictus*. No final do século, espera-se que cidades como Amsterdão, Berlim, Londres e Estocolmo possam enfrentar epidemias da Dengue (Ebi & Nealon, 2016).

## 3.3. O vetor e a epidemiologia em Portugal continental

O mosquito *Aedes aegypti* esteve presente em Portugal continental até 1956, quando deixou de ser detetado. No entanto, a sua presença foi registada novamente em 2004 na cidade do Funchal, com casos de picadas que provocavam pápulas na pele

(Almeida *et al.*, 2007; ECDC, 2023). Em 2005, o Instituto de Higiene e Medicina Tropical identificou a espécie e, em 2006, o mosquito foi encontrado em seis municípios do Funchal (Almeida *et al.*, 2007).

Atualmente, está estabelecido na Madeira, e existe a possibilidade de uma reintrodução generalizada na Europa, uma vez que já recolonizou os Países Baixos, parte do sudoeste da Rússia e Geórgia (Bouزيد *et al.*, 2014; Ebi & Nealon, 2016).

A Madeira, está localizada numa região subtropical com clima ameno no inverno e verão, apresenta chuvas abundantes durante o verão (Paixão & Moreira, 2017). Em 2012, a ilha enfrentou um surto da Dengue, que durou de setembro/outubro até janeiro do ano seguinte, com mais de 2000 casos notificados (Ebi & Nealon, 2016; ECDC, 2023). Todos os casos notificados evoluíram favoravelmente, sem mortes registradas (DGS, 2013). Houve casos importados da Madeira para Portugal continental e mais 10 países, com 78 ocorrências entre turistas europeus (ECDC, 2023). Após o surto ser controlado em 3 de março de 2013, não foram registados novos casos autóctones da Dengue na ilha (DGS, 2013).

### 3.3.1. Caracterização da área de estudo

A área escolhida para este estudo corresponde a Portugal continental, que tem uma superfície de 89 102,14 km<sup>2</sup> (INE, 2023). Segundo INE (2024), a população residente em 2023 era de 101 420 79 habitantes.

De acordo com Costa (1993), existem duas grandes tendências associadas ao processo de urbanização português, nomeadamente a litoralização e a bipolarização do sistema urbano, agravando assim os desequilíbrios espaciais já existentes.

Nas últimas décadas Portugal tem passado por diversas transformações territoriais e espaciais, onde dentre elas, se destaca um crescimento demográfico assimétrico caracterizado pela concentração, cada vez mais acentuada, de pessoas e atividades na faixa litoral (Figura 8) do território e, conseqüentemente, por uma distribuição desigual da população. Segundo Garcia *et al.* (2019), o processo de litoralização acarreta o despovoamento dos municípios do interior do país, levando a índices populacionais e económicos relativamente baixos quando comparados aos do litoral.

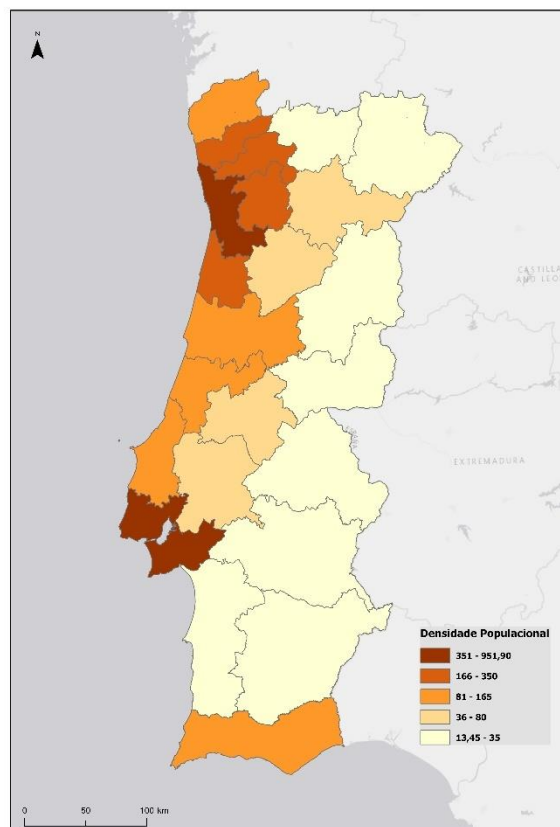


Figura 8 – Densidade populacional (hab./km<sup>2</sup>) em Portugal continental por NUTS III (fonte: INE, 2022).

Paralelamente, e intimamente relacionado com este, está o processo de bipolarização, onde se verifica uma concentração de população nas duas grandes cidades (Lisboa e Porto) e suas proximidades. Esta bipolarização do sistema urbano acentuou uma tendência para o desenvolvimento dessas duas urbes, centradas nos dois maiores portos nacionais e nas melhores condições naturais e de acessibilidade do país (Costa, 1993).

Esta dicotomia litoral/interior faz com que grande parte dos municípios do interior de Portugal sejam caracterizados por um alto índice de envelhecimento e aumento do desemprego, o que acaba impactando a economia, a oferta de serviços e diversos outros setores (Branco, Oliveira, Ferreira, & Póvoa, 2010).

### 3.3.2. Presença de *Aedes albopictus*

A primeira observação desta espécie - *Aedes albopictus* - em Portugal ocorreu no

dia 31 de julho de 2017, ao final da tarde, quando várias fêmeas foram vistas alimentando-se de sangue humano em um condomínio privado próximo ao resort de golfe de Vila Sol, em Vilamoura, Faro, Algarve (coordenadas: 37,090, -08,093) (Marabuto & Rebelo, 2017) (Figura 9).

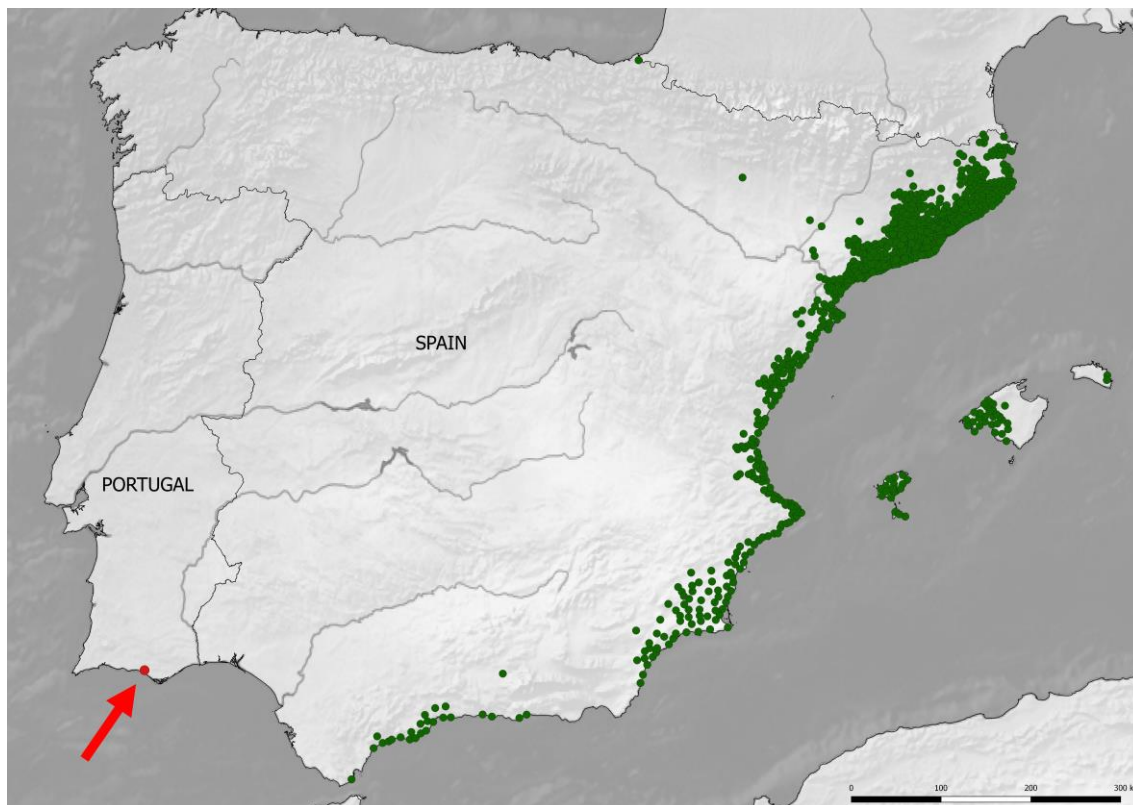


Figura 9 – Distribuição do *Aedes albopictus* na Península Ibérica. Distribuição na Espanha a verde. Nova observação em Portugal a vermelho, destacado por seta (fonte: Marabuto & Rebelo, 2017).

Em setembro de 2017, o Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge confirmou sua presença na Região Norte de Portugal. Embora não seja o principal vetor do vírus da Dengue, tem potencial para transmitir a doença. No entanto, até agora, não há indícios de que este mosquito esteja infestado com agentes patogénicos que possam ameaçar a saúde humana (SNS, 2017).

### 3.3.3. A Dengue em Portugal continental

Moutinho *et al.* (2025) realizaram uma análise espaço-temporal das infeções transmitidas por mosquitos em Portugal continental, aplicando diferentes métodos estatísticos para identificar padrões de distribuição e tendências dessas doenças. Para

determinar se os padrões observados diferem significativamente dos padrões esperados, os autores utilizaram a estatística Local Moran's I de Anselin, que permite identificar pontos críticos (hot spots) e pontos frios (cold spots) estatisticamente significativos, bem como disparidades espaciais. Além disso, a estatística global Moran's I (Moran, 1948) foi aplicada para testar a hipótese de que as taxas de incidência das doenças não são estacionárias em toda a área de estudo. Esse indicador representa geograficamente agrupamentos locais de taxas extremamente altas e baixas, analisando a diferença entre a taxa de um município e a dos municípios adjacentes (Anselin, 1995). Valores estatísticos positivos ou negativos refletem agrupamentos homogêneos de taxas altas ou baixas, respetivamente (Anselin *et al.*, 2006).

Os Indicadores Locais de Associação Espacial (LISA), também utilizados por Moutinho *et al.* (2025), permitem decompor estatísticas globais, como o Moran's I, em componentes locais, facilitando a identificação de observações não estacionárias e outliers. Para este estudo, os autores aplicaram a Análise de Cluster e Outlier (Anselin Local Moran's I) para avaliar as taxas de cada infeção transmitida por mosquitos e as contagens dos vetores responsáveis pela transmissão.

Além disso, os autores recorreram ao Índice Local Bivariado de Moran (BLISA) para detetar áreas com uma elevada incidência de infeções e, simultaneamente, uma alta densidade de mosquitos, identificando regiões com maior risco de surtos causados por transmissão local (Anselin *et al.*, 2002). Essa análise centrou-se no período entre 2014 e 2018, excluindo o ano de 2016, devido à disponibilidade de dados.

Para examinar tendências espaço-temporais, Moutinho *et al.* (2025) aplicaram o teste não paramétrico de Mann-Kendall (Mann, 1945; Kendall & Gibbons, 1990). Os dados foram estruturados num modelo espacial tridimensional, no qual cada bin representava contagens de eventos ao longo de intervalos temporais predefinidos. A Análise de Pontos Quentes Emergentes permitiu visualizar tendências e categorizar municípios em pontos quentes e frios. Definiram-se intervalos de análise anuais para os vetores de mosquitos, semestrais para a Malária e o vírus da dengue, e trimestrais para o Zika, devido ao menor número de casos. As relações espaciais foram determinadas com base em arestas de contiguidade, refletindo a proximidade geográfica dos

municípios. O teste de Mann-Kendall foi aplicado de forma independente a cada município, garantindo a aleatoriedade e independência das variáveis analisadas.

Os resultados obtidos por Moutinho *et al.* (2025) indicam que, entre 2009 e 2019, foram notificados 79 casos de Dengue, com o maior número de registos ocorrendo em 2019 (Tabela 1).

Tabela 1 - Número total de casos infetados com Malária, Zika, Dengue e Vírus do Nilo Ocidental (2009-2019) (fonte: Moutinho *et al.*, 2025).

	Zika	Dengue
2009	0	0
2010	0	0
2011	0	0
2012	0	0
2013	0	0
2014	0	0
2015	0	13
2016	18	13
2017	1	11
2018	1	14
2019	0	28
Total	20	79

A distribuição espacial dos casos evidencia uma maior concentração em municípios costeiros, particularmente nos distritos de Braga, Porto, Aveiro, Lisboa e Faro (Figura 10), sendo que a taxa mais elevada foi registada em São Brás de Alportel (Faro), com 95,4 casos por 1.000.000 habitantes.



Figure 10 - Taxas de notificação suavizadas pelo método empírico de Bayes: 2B) Dengue (fonte: Moutinho et al., 2025).

A aplicação do método de clusterização local (Local Moran's I) aos casos de Dengue (Figura 11) permitiu identificar dois clusters alta-alta: um na Área Metropolitana do Porto e outro abrangendo os municípios de Loulé e Faro, no distrito de Faro. Em contraponto, uma extensa faixa de municípios de baixa-baixa estende-se pelo interior do país, paralela à fronteira com Espanha.



Figure 11 - LISA - Clusters e Outliers das taxas de notificação: 3B) Dengue (fonte: Moutinho et al., 2025).

Por fim, a análise de Mann-Kendall revelou um ponto quente persistente da Dengue (Figura 12). Além disso, Sintra e Cascais, na Área Metropolitana de Lisboa, foram identificados como novos pontos quentes, indicando um aumento estatisticamente significativo no número de casos no final do período analisado. Outros pontos quentes persistentes e esporádicos foram observados em municípios vizinhos e na Área Metropolitana do Porto.



Figure 12 – Mann-Kendall – Número total de casos notificados de pacientes (fonte: Moutinho *et al.*, 2025).

O estudo realizado por Moutinho *et al.* (2025) representa um dos exemplos de investigação sobre o vírus da dengue em Portugal continental, aplicando métodos estatísticos avançados para analisar a distribuição e evolução da doença. Os resultados indicam que, entre 2009 e 2019, foram registados 79 casos de Dengue, com um aumento significativo em 2019. A distribuição geográfica revelou uma maior incidência nos municípios costeiros, destacando-se São Brás de Alportel como o local com a taxa mais elevada.

A análise espacial identificou dois clusters de alta incidência na Área Metropolitana do Porto e no Algarve, enquanto a análise temporal apontou um aumento significativo de casos em Sintra e Cascais nos últimos anos do estudo. Estas conclusões sublinham a importância da vigilância epidemiológica e do estudo da distribuição dos vetores transmissores para a mitigação do risco de surtos de Dengue em Portugal.



## 4. Metodologia

A vigilância epidemiológica da Dengue ou *Ae. albopictus* exige não apenas a disponibilidade de informações variadas, mas também uma avaliação contínua e dinâmica dessas informações. O uso de tecnologias computacionais na epidemiologia levou ao desenvolvimento de novas ferramentas para avaliar o comportamento epidêmico de uma doença específica ao longo do tempo e espaço, conhecidas como sistemas de informação geográfica (SIG) (Tokars *et al.*, 2009; Rezaeian *et al.*, 2007; Cockings *et al.*, 2004). Esses sistemas padrão incluem ferramentas de hardware e software, além de algoritmos que permitem a coleta, processamento, organização, armazenamento, análise, visualização e distribuição de dados espaciais sobre processos, fenômenos e eventos. Assim, o SIG realiza simultaneamente duas principais funções na vigilância epidemiológica no que diz respeito ao suporte analítico e informacional. Em tempo real, o SIG facilita a cooperação entre diferentes departamentos e permite o processamento rápido de uma grande quantidade de dados epidemiológicos relevantes provenientes de diversas fontes. Informações temáticas, conhecidas como "camadas" ou "coberturas", relacionadas às características topográficas, são integradas com outros dados importantes, permitindo uma análise multifatorial dos fenômenos estudados. Atualmente, a OMS recomenda o uso dos SIG como padrão para a vigilância epidemiológica (Krieger, 2003; Nykiforuk & Flaman, 2011; Carroll *et al.*, 2014).

A aplicação dos SIG no estudo de infecções naturais facilita a otimização da monitorização de focos naturais, conforme critérios estabelecidos para cada componente biótico e abiótico dos sistemas parasitários, além de permitir a comparação de processos epizooticos e epidêmicos, a identificação de preditores de complicações epidêmicas e a determinação dos riscos (Hongoh *et al.*, 2012; Schröder, 2006; Yoo, 2013; Young, Tullis & Cothren, 2013; Young & Jensen, 2012).

Neste contexto, a presente investigação utiliza SIG para modelação da adequabilidade ambiental do *Aedes albopictus* e para a geração de mapas de risco, cruzando variáveis de vulnerabilidade social e condições ambientais adequadas à presença do vetor. A base de dados utilizada no estudo integra 81 variáveis distintas

para Portugal continental (Anexo 1), organizadas da seguinte forma:

- 44 variáveis socioeconómicas – Obtidas do Instituto Nacional de Estatística (INE), agregadas por subsecção estatística (Censos 2011);
- 9 variáveis socioeconómicas – Também do INE, mas agregadas por município;
- 1 variável de acessibilidade - Rede de estradas (Here);
- 1 variável dependente (Adequabilidade ambiental) – 48 registos de ocorrência de *Aedes albopictus*;
- 26 variáveis ambientais e bioclimatológicas, incluindo:
  - Carta de Uso e Ocupação do Solo (COS) – Urbano, Floresta, agricultura e Água;
  - Mapas de índices bioclimatológicos (ISA) (22 variáveis).

A resolução espacial adotada para a análise no ArcGIS foi de 10x10 metros (cell size = 100 m<sup>2</sup>). Para garantir a correta compatibilidade dos dados espaciais, foi utilizado o sistema de coordenadas ETRS 1989 Portugal TM06.

A Figura 13 apresenta o esquema metodológico implementado. A primeira fase consistiu na recolha e revisão bibliográfica (Anexo 2), de forma a contextualizar o estudo. Posteriormente, foi realizado o pré-processamento dos dados, assegurando a sua qualidade e adequação para análise. A normalização das variáveis foi efetuada utilizando o método Fuzzy Membership no software ArcGIS, garantindo a uniformização dos dados de entrada.

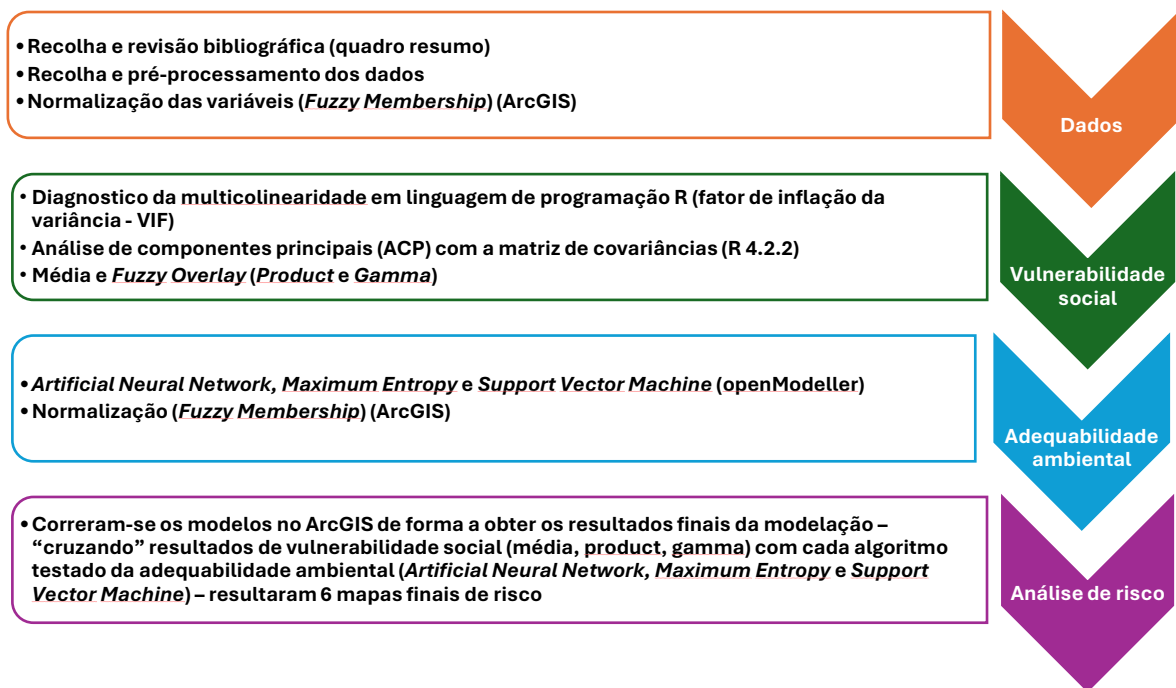


Figura 13 – Esquema metodológico

Para avaliar a vulnerabilidade social, foi realizada uma análise de multicolinearidade das variáveis sociodemográficas, aplicando o cálculo do fator de inflação da variância (*Variance Inflation Factor* – VIF) através da linguagem R (RStudio). O diagnóstico de multicolinearidade foi conduzido utilizando um limiar de  $VIF > 2,5$ .

Adicionalmente, a Análise de Componentes Principais (ACP) foi aplicada para reduzir a dimensionalidade dos dados, com base numa matriz de covariâncias.

Os dados foram posteriormente combinados através da média aritmética e da técnica Fuzzy Overlay, utilizando as operações Product e Gamma, possibilitando uma avaliação integrada da vulnerabilidade social à propagação da Dengue.

Para estimar a adequabilidade ambiental dos vetores transmissores da Dengue, foram aplicados três modelos preditivos: Artificial Neural Network (ANN), Maximum Entropy (MaxEnt) e Support Vector Machine (SVM), estes modelos foram executados com a ferramenta openModeller. Tal como na fase inicial, a normalização dos resultados foi realizada com Fuzzy Membership no ArcGIS.

Na última etapa, os modelos desenvolvidos foram executados no ArcGIS para gerar os mapas de risco finais. O procedimento envolveu a interseção dos resultados da vulnerabilidade social (média, product, gamma) com as previsões de adequabilidade ambiental obtidas pelos modelos de machine learning (ANN, MaxEnt e SVM). Este

processo resultou na geração de seis mapas finais de risco, permitindo uma avaliação espacial do potencial impacto da Dengue em Portugal continental.

#### 4.1. Normalização de dados

A normalização de dados é um processo essencial para a análise de fenómenos que apresentam variabilidade e incerteza, permitindo a padronização das variáveis para uma melhor interpretação e modelação dos dados. No contexto desta pesquisa, foi adotada a normalização através da função de pertinência fuzzy do tipo linear, um método adequado para lidar com fenómenos que não possuem limites bem definidos.

A fuzzificação permite representar a incerteza associada às classes de um determinado fenómeno, convertendo os valores originais em probabilidades de pertença a um conjunto. Esse conjunto pode estar relacionado, por exemplo, com a adequação a determinadas condições, a proximidade de uma distância favorável ou a possibilidade de ocorrência de um mineral específico. A transformação dos valores originais ocorre através de funções de pertinência fuzzy predefinidas ou de outros métodos de reclassificação (Esri, n.d.-a).

Neste processo, os valores mais próximos do centro da definição do conjunto recebem uma pertinência de 1, indicando associação máxima, enquanto aqueles que não pertencem de forma alguma ao conjunto recebem uma pertinência de 0. Os valores intermédios situam-se na zona de transição, também designada como fronteira do conjunto. À medida que os valores se afastam do centro, a sua pertinência diminui gradualmente numa escala contínua de 1 a 0. O ponto de transição ocorre no valor 0,5: quando um valor fuzzy é superior a 0,5, há uma maior probabilidade de que o fenómeno pertença ao conjunto; quando é inferior, a probabilidade diminui, podendo indicar que o fenómeno não faz parte do conjunto (Figura 14) (Esri, n.d.-a).

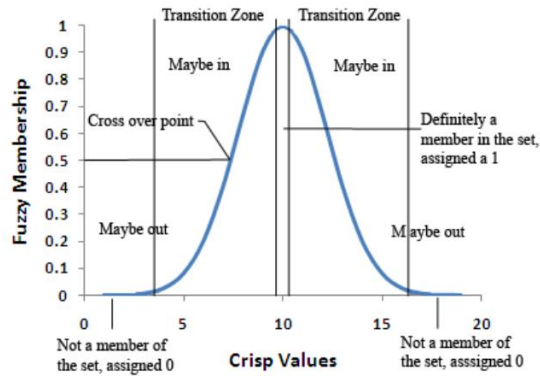


Figura 14 - Diagrama de função de associação fuzzy (fonte: Esri, n.d.-a).

Para a normalização dos dados nesta pesquisa, utilizou-se a função de pertinência fuzzy do tipo linear, que estabelece uma relação proporcional entre os valores de entrada e a sua pertinência fuzzy. Essa transformação linear ocorre entre um valor mínimo e um valor máximo definidos pelo utilizador. O valor mínimo é associado a uma pertinência de 0, enquanto o valor máximo recebe uma pertinência de 1. Esta função é especialmente útil quando se pretende que valores mais baixos aumentem gradualmente a sua pertinência à medida que se aproximam dos valores mais altos, caracterizando uma inclinação positiva. Da mesma forma, pode ser aplicada uma inclinação negativa, onde valores mais elevados apresentam menor pertinência (Figura 15) (Esri, n.d.-b).

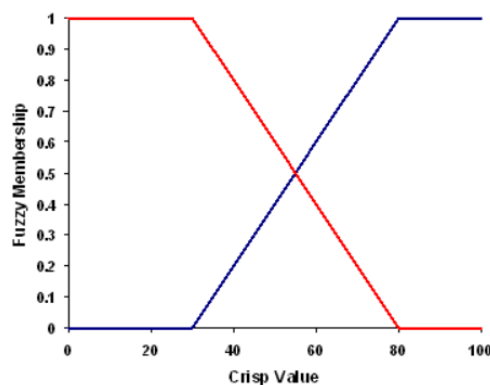


Figura 15 - Variações da função de pertinência linear fuzzy (fonte: Esri, n.d.-b).

É importante destacar que a função linear não suporta números negativos. O comportamento da inclinação depende da relação entre os valores mínimo e máximo:

- Se o valor mínimo for inferior ao valor máximo, a função apresentará uma inclinação positiva.

- Se o valor mínimo for superior ao valor máximo, a função terá uma inclinação negativa.

Assim, este método de normalização permite ajustar os valores de entrada a uma escala fuzzy de forma simples e eficaz, facilitando a análise dos dados no contexto desta pesquisa (Esri, n.d.-b).

## 4.2. Diagnóstico de multicolinearidade

Após a normalização das variáveis através da função de pertinência fuzzy do tipo linear no ArcGIS, procedeu-se ao diagnóstico de multicolinearidade para garantir a qualidade dos modelos estatísticos desenvolvidos. A multicolinearidade ocorre quando duas ou mais variáveis independentes apresentam uma correlação elevada, dificultando a interpretação dos coeficientes de regressão e tornando as estimativas menos fiáveis. Pequenas alterações nos dados podem levar a variações significativas e erráticas nos coeficientes estimados, comprometendo a robustez do modelo (Velleman & Welsch, 1981).

Para mitigar esse problema, foi utilizada uma abordagem em duas etapas:

1. Análise da correlação de Pearson – Inicialmente, foi calculado o coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) entre todas as variáveis. Seguindo recomendações da literatura, foram eliminadas variáveis com um coeficiente absoluto  $|R| > 0.7$ , dado que este é um limiar acima do qual a colinearidade pode distorcer significativamente as estimativas do modelo (Dormann *et al.*, 2013). No caso de duas variáveis estarem correlacionadas acima deste limiar, foi removida aquela que apresentava a maior média de correlação absoluta com todas as outras variáveis. Este processo foi realizado iterativamente através da função 'findCorrelation' do pacote MuMIn no RStudio (Barton, 2020).
2. Cálculo do Fator de Inflação da Variância (VIF) – Embora o  $R^2$  seja um indicador da precisão do modelo, ele não é adequado para avaliar a colinearidade (Velleman & Welsch, 1981). Assim, utilizou-se o VIF (Variance Inflation Factor),

que quantifica o grau em que a variância de um coeficiente de regressão é inflacionada devido à multicolinearidade (Marquardt, 1970). O VIF é definido pela seguinte equação:

$$VIF = \frac{1}{1 - R^2} \quad (1)$$

Este fator pode variar de 1 (sem correlação entre coeficientes) até infinito (correlação perfeita). Embora não exista um consenso absoluto sobre um limiar crítico, diferentes estudos indicam que valores acima de 10 são altamente problemáticos (Vittinghoff *et al.*, 2012), enquanto valores superiores a 5 já representam um risco considerável (James *et al.*, 2013). Para esta análise, adotou-se um critério mais rigoroso, excluindo variáveis com VIF superior a 2.5, um valor frequentemente utilizado para indicar colinearidade significativa (Johnston *et al.*, 2018).

Para a identificação e remoção de variáveis colineares, foi utilizada a seguinte linha de código no RStudio:

```
vif2 <- vifstep(teste, th=2.5) # Identificar variáveis colineares a excluir
View(vif2)
vif2@excluded
```

Este procedimento garantiu que apenas variáveis estatisticamente independentes fossem mantidas no modelo, reduzindo o impacto da colinearidade e melhorando a robustez das estimativas.

### 4.3. Vulnerabilidade social

A vulnerabilidade é descrita como a condição de um sistema ou a propensão a ser adversamente afetado (Füssel, 2007). Inclui a exposição a estresses ambientais ou sociais prejudiciais, suscetibilidade a esses estresses e a capacidade de enfrentar ou adaptar-se (Adger, 2006; Eidsvig *et al.*, 2014), frequentemente no contexto de um perigo específico (Cutter, Boruff & Shirley, 2003; Brooks *et al.*, 2005; Chen *et al.*, 2013). Nesta conceptualização, a suscetibilidade refere-se às condições sociais, culturais e

económicas que tornam uma população sensível aos impactos de uma doença associada à água, enquanto a exposição refere-se às condições que favorecem a presença e transmissão de um patogénico aquático no ambiente (Dickin *et al.*, 2013).

A avaliação da vulnerabilidade é uma abordagem utilizada para descrever o potencial de danos provenientes de uma variedade de perigos em escalas local, regional, nacional ou global (Birkmann, 2007). Diversos fatores biofísicos, sociais, económicos ou culturais podem ser usados como indicadores de vulnerabilidade. Desastres naturais e perigos decorrentes das mudanças climáticas têm sido um foco particular da avaliação de vulnerabilidade, examinando uma gama de impactes ambientais, como inundações, incêndios e perda de serviços de ecossistemas (Metzger *et al.*, 2006). A pobreza, os meios de subsistência e as doenças relacionadas com o calor também têm sido objeto de pesquisa sobre a vulnerabilidade (Hardoy & Pandiella, 2009).

Enquanto as ferramentas para avaliar a vulnerabilidade estão a ser desenvolvidas, os impactes na saúde são geralmente avaliados através de uma estrutura de risco. No caso da Dengue, foram desenvolvidos vários modelos de risco, incluindo simulações de transmissão em populações humanas, modelos focados em fatores climáticos como temperatura e humidade, e modelação de nicho ecológico das populações de mosquitos vetores (Focks *et al.*, 1995; Peterson *et al.*, 2005; Wu *et al.*, 2007; Chen & Hsieh, 2012). Os modelos de risco são vantajosos porque permitem informar sistemas de alerta precoce que tentam prever surtos, embora geralmente se concentrem num número limitado de variáveis (Racloz *et al.*, 2012).

No entanto, uma revisão dos modelos de risco e sistemas de alerta precoce para o vírus da dengue revelou que existem poucas pesquisas capazes de recolher dados epidemiológicos, espaciais e temporais suficientes para examinar a correlação entre esses fatores (Racloz *et al.*, 2012), enfatizando a necessidade de ferramentas pragmáticas que não sejam limitadas geograficamente pela disponibilidade de dados (Dickin *et al.*, 2013).

A avaliação da vulnerabilidade oferece uma nova maneira de conceptualizar a complexa rede de fatores e interações que mediam o impacto das doenças associadas à água. Em vez de se concentrar na probabilidade de ocorrência do perigo, esta abordagem analisa uma ampla gama de fatores que afetam a exposição, suscetibilidade

e capacidade de enfrentar e recuperar-se de uma doença. Embora não seja uma abordagem preditiva, a análise da vulnerabilidade pode sintetizar informações sociais e biofísicas, como limiares de modelos climáticos e determinantes sociais da doença, para descrever os diferentes fatores que influenciam a vulnerabilidade, como condições que podem ou não levar a um aumento da carga de doenças em áreas expostas (Dickin *et al.*, 2013) (Figura 16).

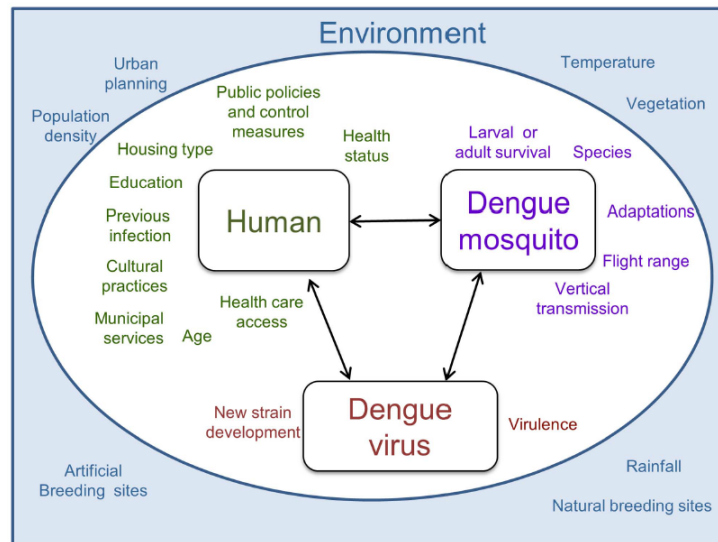


Figura 16 - Estrutura conceitual WADI-Dengue, descreve as relações mediadoras da vulnerabilidade da Dengue. Este quadro aplica uma abordagem de ecossáude que reconhece as ligações inextricáveis entre os seres humanos e o seu ambiente, e as formas como estas influenciam a saúde (fonte: Dickin *et al.*, 2013).

Foram identificados diversos fatores que contribuem para essa situação, tais como o aumento na área de atuação e na quantidade de mosquitos vetores, melhoria na capacidade de digestão do sangue e, conseqüentemente, na taxa de picada do mosquito *Aedes aegypti*, bem como a diminuição do tempo necessário para o vírus amadurecer no vetor, também designado de período de incubação extrínseca (Charette *et al.*, 2020).

A associação entre a incidência da Dengue e a pobreza depende também da conexão entre o indicador de pobreza utilizado e o ambiente de reprodução do vetor. Ambientes com água parada (limpa ou não) em recipientes artificiais são criadouros ideais para o vetor da Dengue (Charette *et al.*, 2020).

Para avaliar o impacto da desigualdade intraurbana nas mortes por Dengue, é

necessário considerar determinantes macro e micro da transmissão do vírus. Os determinantes macro incluem fatores sociais e ambientais, como latitude, altitude, clima, vegetação, densidade populacional, tipo de moradia e fluxo populacional. Já os determinantes micro estão associados ao hospedeiro, agente e vetor da doença, englobando fatores como imunidade do hospedeiro, idade, sexo e comorbidades (Silva *et al.*, 2017).

As variáveis que refletem a vulnerabilidade social estão associadas aos seus principais fatores—tais como a idade, a situação económica, a presença de deficiência, o nível de escolaridade, o género, o emprego, as condições de habitação, a mobilidade e a etnia—sendo estas algumas das mais frequentemente abordadas na literatura (Rufat *et al.*, 2015; Cutter, 2017; Silva *et al.*, 2017).

#### 4.3.1. Fuzzy Overlay

A análise Fuzzy Overlay baseia-se na teoria dos conjuntos. A teoria dos conjuntos é a disciplina matemática que quantifica a relação de pertença de fenómenos a conjuntos específicos. Na sobreposição Fuzzy, um conjunto corresponde geralmente a uma classe (Esri, n.d.-c).

A sobreposição Fuzzy segue de forma geral os passos da análise de sobreposição discutidos acima, mas difere no significado dos valores recategorizados e nos resultados da combinação de múltiplos critérios. Os três primeiros passos são os mesmos—definir o problema, dividir em submodelos e determinar camadas significativas. Tal como na Sobreposição Ponderada e na Soma Ponderada, a análise Fuzzy Overlay recategoriza ou transforma os valores dos dados para uma escala comum, mas os valores transformados definem a possibilidade de pertencer a um conjunto específico, como por exemplo os valores de inclinação, que são transformados na possibilidade de pertencer ao conjunto de adequação favorável (de 0 a 1, sendo 1 definitivamente um membro do conjunto). Na Sobreposição Ponderada e na Soma Ponderada, os valores estão numa escala de razão de preferência, onde os valores mais altos são mais favoráveis, ao contrário das possibilidades de pertença como acontece na Fuzzy Overlay (Esri, n.d.-c).

Uma vez que os valores transformados representam possibilidades de pertença a conjuntos, na análise Fuzzy Overlay, os rasters de entrada não são ponderados. Na etapa de adição e combinação da sobreposição geral, a Fuzzy Overlay difere da Sobreposição Ponderada e da Soma Ponderada. A etapa de combinação na análise Fuzzy Overlay quantifica a possibilidade de cada local pertencer a conjuntos específicos a partir de vários rasters de entrada (Esri, n.d.-c).

A ferramenta Fuzzy Overlay permite analisar a possibilidade de um fenómeno pertencer a múltiplos conjuntos numa análise de sobreposição multicritério. Não só o Fuzzy Overlay determina a que conjuntos o fenómeno possivelmente pertence, como também analisa as relações entre a pertença aos múltiplos conjuntos (Esri, n.d.-c).

#### 4.3.1.1. Fuzzy Product

A ferramenta Fuzzy Overlay permite analisar a possibilidade de um fenómeno pertencer a múltiplos conjuntos numa análise de sobreposição multicritério. Não só o Fuzzy Overlay determina a que conjuntos o fenómeno possivelmente pertence, como também analisa as relações entre a pertença aos múltiplos conjuntos (Esri, n.d.-c).

O Fuzzy Product utiliza a seguinte função na avaliação:

fuzzyProductValue = product(arg1, ..., argn)

#### 4.3.1.2. Fuzzy Gamma

O tipo fuzzy Gamma é um produto algébrico do Fuzzy Product e do Fuzzy Sum, ambos elevados à potência gama (Esri, n.d.-c; Sema, Guru & Veerappan, 2017). A função geral é a seguinte:

$\mu(x) = (\text{FuzzySum})^\gamma * (\text{FuzzyProduct})^{1-\gamma}$

Esta é a função específica utilizada pelo fuzzy Gamma:

fuzzyGammaValue = pow(1 - ((1 - arg1) \* (1 - arg2) \* ...), Gamma) \*  
pow(arg1 \* arg2 \* ..., 1 - Gamma)

Se o gamma especificado for 1, o resultado é o mesmo que o fuzzy Sum; se o gamma for 0, o resultado é o mesmo que o fuzzy Product. Valores entre 0 e 1 permitem combinar evidências entre esses dois extremos, podendo ser diferentes do fuzzy Or (OU fuzzy) ou fuzzy And (E fuzzy). O fuzzy Gamma representa um compromisso entre o efeito crescente do fuzzy Sum e o efeito decrescente do fuzzy Product (Esri, n.d.-c; Sema, Guru & Veerappan, 2017). A Figura 17 a seguir define a relação do gamma com os termos fuzzy Sum e fuzzy Product:

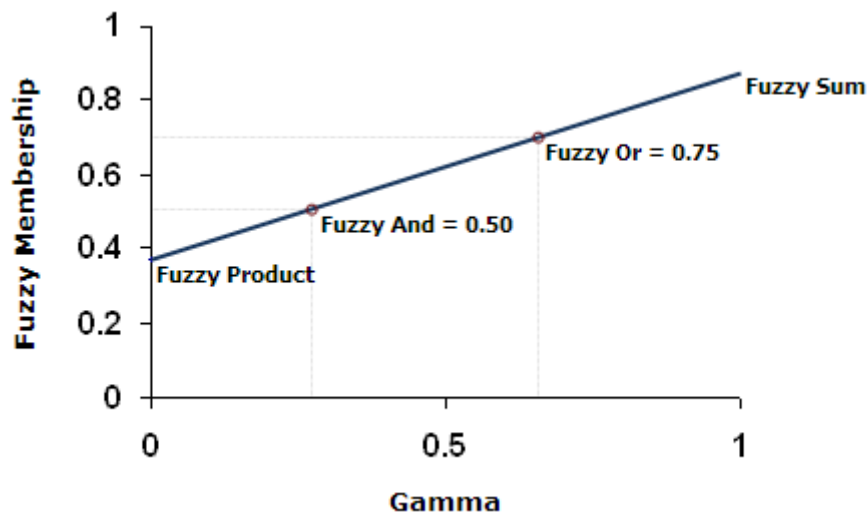


Figura 17 - Relação do fuzzy Gamma com outros tipos de relações fuzzy (fonte: Esri, n.d.-c).

O fuzzy Gamma estabelece as relações entre os vários critérios de entrada e não simplesmente devolve o valor de um único conjunto de pertinência, como fazem o fuzzy Or (OU Fuzzy) e o fuzzy And (E Fuzzy). Pode-se utilizar o fuzzy Gamma quando se desejam valores superiores aos do fuzzy Product, mas inferiores aos do fuzzy Sum (Esri, n.d.-c; Sema, Guru & Veerappan, 2017).

#### 4.3.2. Análise de componentes principais (ACP)

A análise de componentes principais é o método mais comum utilizado para avaliar a vulnerabilidade social (Contreras *et al.*, 2020). Nas comparações temporais da vulnerabilidade social, uma ACP é geralmente desenvolvida para cada período (dados censitários) (Cutter & Finch, 2008; Frigerio *et al.*, 2018).

A ACP constitui uma técnica estatística multivariada amplamente utilizada para

a redução da dimensionalidade de conjuntos de dados, preservando a maior variabilidade possível dos mesmos. Este processo de redução dimensional é efetuado mediante a transformação do conjunto original de variáveis em um novo conjunto de variáveis não correlacionadas, designadas por componentes principais. Estes componentes são organizados de forma que o primeiro componente principal retém a maior porção da variabilidade presente nos dados, seguido do segundo componente principal, que captura a segunda maior fração da variabilidade, e assim sucessivamente (Jolliffe, 2002).

De acordo com Jolliffe (2002), a ACP é uma das técnicas mais usadas para a análise exploratória de dados, sendo eficaz na visualização de estruturas em dados complexos e na sua simplificação para posterior interpretação. O procedimento da ACP pode ser descrito em quatro etapas:

- (1) normalização dos dados, quando as variáveis apresentam unidades distintas, é comum proceder à normalização para que possuam uma variância comparável, evitando que variáveis com maior escala dominem a análise;
- (2) cálculo da matriz de covariância, que reflete o grau de inter-relação entre as diferentes variáveis do conjunto de dados, permitindo a avaliação da dependência entre elas (Jolliffe, 2002);
- (3) extração dos autovalores e autovetores, a partir da matriz de covariância, obtêm-se os autovalores, que indicam a importância relativa de cada componente principal, e os autovetores, que definem a direção dos componentes principais no espaço dos dados originais;
- (4) transformação dos dados, em que os dados originais são transformados para um novo espaço, definido pelos componentes principais, sendo possível representar as variáveis de forma reduzida, mas mantendo a essência da variabilidade dos dados.

No contexto da ecologia e biogeografia de vetores de doenças, como os mosquitos, a ACP pode ser aplicada com o objetivo de identificar e caracterizar os

fatores ambientais e ecológicos que influenciam a adequabilidade dos habitats para a proliferação desses vetores. Em Portugal, tal aplicação pode revelar-se de grande utilidade na investigação sobre a distribuição espacial de espécies de mosquitos vetores de doenças, como o vírus da dengue, Zika ou Malária.

Segundo a revisão de Dormann *et al.* (2013), a ACP tem sido usada para identificar variáveis ambientais que influenciam a distribuição de espécies em análises de modelagem de nicho ecológico. A análise permite discernir quais as variáveis ambientais (tais como temperatura, humidade, precipitação, uso do solo, entre outras) que mais contribuem para a presença de mosquitos em determinadas regiões do país, fornecendo assim uma base científica sólida para a elaboração de estratégias de controlo e mitigação da disseminação dessas doenças (Dormann *et al.*, 2013).

Desse modo, a ACP revela-se uma ferramenta fundamental para a modelação de adequabilidade de habitat, permitindo a compreensão e a previsão da distribuição de vetores de doenças, contribuindo significativamente para o planeamento de intervenções de saúde pública.

#### 4.4. Modelação da adequabilidade ambiental

Para modelar a adequabilidade ambiental foram usados três algoritmos de aprendizagem de máquina no software openModeller, nomeadamente, Artificial Neural Network (ANN), Maximum entropy (MaxEnt) e Support Vector Machine (SVM), conforme se pode verificar no seguinte esquema metodológico (Figura 18).

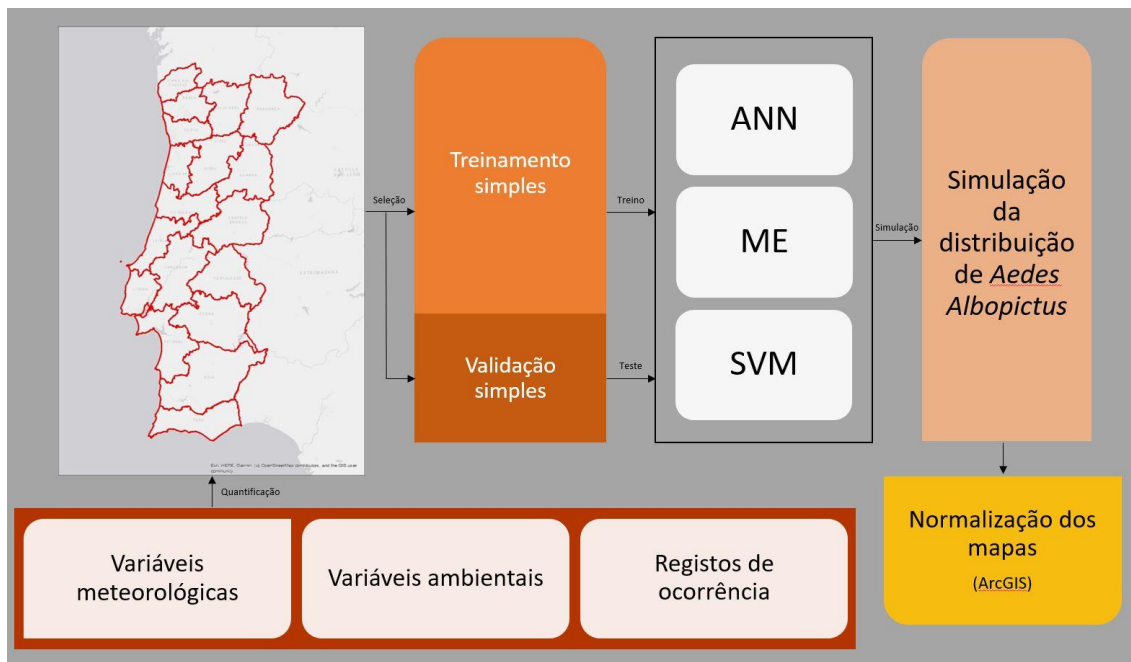


Figura 18 – Esquema metodológico de modelação da adequabilidade ambiental

Como já mencionado no capítulo 4, foram usadas 27 variáveis, nomeadamente casos de ocorrência de *Aedes albopictus* em Portugal continental, uso do solo (urbano, floresta, agricultura e água) e vinte e dois mapas bioclimatológicos (Silva, n.d.).

Após a simulação da distribuição de *Aedes albopictus*, recorreu-se a normalização linear das predições da adequabilidade ambiental (ANN, MaxEnt, SVM), no software de ArcGIS.

#### 4.4.1. Artificial Neural Network (ANN) model

As Redes Neurais Artificiais (ANNs) são modeladas à imagem da estrutura neuronal do córtex de mamíferos (Cherkassky *et al.*, 2006). Elas são compostas por nós organizados em três camadas: entrada, escondida e saída. Os nós altamente interconectados contêm funções de ativação. A camada de entrada apresenta o padrão de interesse a um ou mais nós escondidos. Os nós escondidos aprendem, reconhecem ou processam o padrão através de conexões ponderadas. Os nós de saída estão localizados no lado oposto da rede e verificam como a rede está respondendo às informações que aprendeu (Saha *et al.*, 2002; Yesilnacar & Topal, 2005; Prasad *et al.*, 2012).

Existem diferentes tipos de regras de aprendizagem, sendo uma das mais populares a regra de erro de retropropagação (back-prop ou BPNN), também conhecida como regra Delta. A regra Delta é um ciclo recíproco (época) de processamento do padrão de entrada por nós escondidos através de fluxos de ativação para a frente da saída e retropropagação de erro dos ajustes de peso (Arora & Mathur, 2001). Portanto, é considerada como um feedback para corrigir os movimentos do modelo. Os valores iniciais dos pesos são mais uma suposição aleatória. Em seguida, o modelo questiona o padrão cada vez mais até alcançar a figura real. Os pesos podem ser positivos (se uma unidade excita, influencia e desencadeia outra) ou negativos (se uma unidade suprime ou inibe outra).

Nos neurónios escondidos, a função de ativação sigmoidal polariza e estabiliza a rede. Mais especificamente, uma relação sigmoidal é aplicada às variáveis de entrada e à taxa de ativação dos nós escondidos, e de forma semelhante entre os nós escondidos e a taxa de ativação dos nós de saída. Esses processos de aprendizagem para frente e para trás ajudam a rede a minimizar o erro. Matematicamente falando, o modelo procura um erro mínimo global no espaço de solução. Após os processos de treino e aprendizagem, o modelo será testado apenas pela execução da propagação para frente. Uma vez calculado o neurónio da primeira camada de saída, o neurónio da camada escondida será tratado como a entrada (Krasnopolsky, 2007).

As ANNs, como aproximadores universais, são úteis para um sistema com alta tolerância ao erro. As ANNs funcionam muito bem com dados não lineares, mas o treino pode levar algum tempo quando a arquitetura da rede inclui milhares de nós e conexões. Um dos inconvenientes das ANNs é que elas não são projetadas para fins de previsão, mas para ajustar e memorizar todas as regras que se aplicam aos eventos históricos. No entanto, sob a suposição de que "o passado é a chave para o futuro" (Cama *et al.*, 2016), essa desvantagem pode não estar fora de contexto. Por outro lado, as ANNs, assim como outros métodos de mineração de dados, extraem as respostas da inclinação dos dados com base em como deslizamentos de terra ocorreriam, o que pode melhorar e fortalecer as regras. As Redes Neurais Artificiais (ANNs) podem ser aprimoradas por meio da otimização de diversos coeficientes, o que lhes confere eficiência e as distingue de simples sistemas de memorização. Para uma explicação mais aprofundada, é possível

encontrar nos estudos de Arora & Mathur (2001), Saha *et al.* (2002), Yesilnacar & Topal (2005) e Prasad *et al.* (2012).

#### 4.4.2. Maximum entropy (MaxEnt) model

Shannon foi o primeiro a cunhar o termo “entropia” em 1948 para ilustrar a quantidade de informação oculta nos nossos dados, na qual confiamos para aprender e retratar um padrão desconhecido. De facto, a ligação entre os dados e a informação forma uma propriedade conhecida como entropia. Quanto maior a entropia nos nossos dados, mais resultados inesperados surgem e, subsequentemente, mais informação está pronta para ser explorada e extraída. Portanto, figurativamente, o objetivo deve ser maximizar a entropia. Posteriormente, Jaynes (1957a, 1957b) expôs a máxima entropia como a melhor função de distribuição de probabilidade (fdp) para escolher para a fdp desconhecida. Então, Phillips *et al.* (2004) desenvolveram um software prático (MaxEnt), disponível para realizar o processo matemático. Os tipos de características dependem do formato de dados, seja categórico ou contínuo. As características impõem um conjunto de regras nos dados nas localidades de presença da amostra. Por exemplo, a média dos valores de altitude (como uma camada contínua) nas localidades de presença impõe uma restrição média ao resto do espaço de dados (pixeis), formando uma característica linear como resultado. A melhor fdp é aquela que satisfaz todas as restrições, a que não tem nenhuma regra não encontrada (Kornejady *et al.*, 2017).

O MaxEnt parece ser (quase) um método de presença única, lidando apenas com locais de presença de deslizamentos de terra. Esta propriedade, além das suas vantagens, especialmente ao evitar julgamentos adicionais sobre as localizações não inspecionadas, pode expor o modelo a entradas mais enviesadas, onde o reconhecimento pode ocorrer apenas nas proximidades de vias ou outras rotas acessíveis. Por outro lado, alguns locais de fundo (10.000 pixeis por padrão) são escolhidos para ajudar o modelo a melhorar e a ajustar-se cada vez mais aos locais de treino; no entanto, o modelo não tem escolha a não ser considerar alguns pixeis como locais de ausência ao calcular o AUC. Portanto, dependendo dos diferentes estágios e

objetivos, o modelo pode desempenhar diferentes papéis, como presença única, presença-fundo ou presença-ausência (Guillera-Arroita *et al.*, 2014).

Em relação ao algoritmo de aprendizagem de padrões, a característica de presença única força o MaxEnt a seguir uma solução generativa na qual resolve indiretamente um problema discriminativo através da regra de Bayes (Rahmati *et al.*, 2016). Portanto, o MaxEnt depara-se com um problema denominado incapacidade de calcular a prevalência geral ( $P(y = 1)$ ), devido a não ter acesso aos locais de ausência. Desta forma, a pdf resultante do MaxEnt seria apenas uma estimativa da verdadeira pdf alvo, mas suficientemente próxima. De acordo com Dudík *et al.* (2004), o MaxEnt é exatamente igual à distribuição de Gibbs maximizada. Como não esperamos que o MaxEnt seja exatamente igual e se ajuste ao conjunto de treino, a perda de log deve ser omitida da equação para que a verossimilhança seja penalizada e, conseqüentemente, o problema de overfitting seja contornado. Este processo melhoraria simultaneamente a qualidade do ajuste e o poder de generalização da pdf final estimada. Para uma explicação mais detalhada, consulte Phillips *et al.* (2006) e Phillips & Dudík (2008).

#### 4.4.3. Support Vector Machine (SVM) model

A Support Vector Machine (SVM), uma técnica de aprendizagem supervisionada com um design inteligente, foi introduzida pela primeira vez por Boser, Guyon e Vapnik em 1992 (Jakkula, 2006). A SVM, recorre a um algoritmo de aprendizagem baseado na teoria da aprendizagem estatística e na teoria da otimização, permite ao computador aprender a implementar tarefas de classificação e regressão, aumentar a precisão das previsões e também evitar as desvantagens de sobreajuste (Cristianini & Scholkopf, 2002; Guo *et al.*, 2005). A SVM é popular pelo seu melhor desempenho empírico em comparação com funções de redes neurais sofisticadas, pelo fácil processo de treino, por evitar mínimos locais, pela matemática relativamente adequada para dados de alta dimensionalidade e por encontrar o melhor equilíbrio entre complexidade (sobregeneralização) e erro (sobreajuste) (Joachims, 1998; Brown *et al.*, 2000; Cristianini & Scholkopf, 2002; Huang *et al.*, 2002).

A principal ideia por trás de um modelo de classificação é atribuir amostras a duas ou mais classes. Por outro lado, tarefas de regressão podem ser aplicadas para prever valores de variáveis de resposta contínuas. Além disso, outras tarefas incluem encontrar o menor subconjunto de variáveis adequado para previsão, identificar outliers e desvios no espaço de amostra e agrupamento baseado em similaridade (Statnikov *et al.*, 2011). Simplificando, os classificadores trabalham com uma representação geométrica (baseada em vetores) dos dados, na qual os dados são representados usando as suas características ou variáveis que representam seu comportamento em relação às classificações. Por exemplo, é bastante fácil definir uma linha reta como um classificador entre dois conjuntos de pontos em um espaço 2D (espaço de entrada,  $R^2$ ). No entanto, conjuntos de pontos desorganizados são difíceis de separar com uma linha reta. Quanto mais desorganizado for o conjunto de pontos, mais difícil será classificar e reconhecer seus padrões.

Portanto, o que a SVM faz é definir uma linha (superfície de decisão linear) entre conjuntos de dados com a maior margem (máxima) de ambos os lados, usando uma técnica de otimização que pode ser resolvida com uma programação quadrática (Statnikov *et al.*, 2011; Statnikov *et al.*, 2013). Ao enfrentar um padrão altamente desorganizado, a SVM não encontraria uma superfície de decisão linear no espaço 2D, então ela transforma os dados para um espaço de maior dimensão (espaço de características;  $R^3$ ,  $R^4$ , ...,  $R_n$ ) usando um truque de kernel e, em seguida, categoriza os dados por um hiperplano (Kecman, 2005; Statnikov *et al.*, 2013).

Quando os dados não são linearmente separáveis, a SVM utiliza o método do kernel. Um kernel é um produto escalar em um espaço de características. No presente estudo, utilizamos uma das funções de kernel mais populares chamada kernel Gaussiano (também conhecida como função de base radial (RBF)). Explicações detalhadas são fornecidas em Yao *et al.* (2008) e Marjanović *et al.* (2011).

#### 4.5. Validação dos mapas de adequabilidade

Primeiramente, o teste qui-quadrado e a percentagem de classes altamente

suscetíveis foram calculados para examinar a concordância espacial e o comportamento dos modelos utilizados. Existem vários métodos para analisar diferentes aspectos do desempenho do modelo, focando-se principalmente em duas características importantes, a saber, ajuste e precisão de previsão.

Para esta análise, os modelos Artificial Neural Network (ANN), Maximum Entropy (ME) e Support Vector Machine (SVM) foram treinados e testados no openModeller. Foi utilizada a abordagem de partição de dados, com 70% dos dados reservados para treino e 30% para teste.

A curva de taxa de sucesso (SRC) e a correspondente área sob a curva (AUSRC) examinam a qualidade do ajuste do modelo no conjunto de treino, onde a percentagem cumulativa das classes de suscetibilidade é representada no eixo X contra a percentagem cumulativa do conjunto de treino dentro dessas classes no eixo Y (Blahut *et al.*, 2010). A curva de taxa de previsão (PRC) e a correspondente AURRC validam o modelo usando o conjunto de teste da mesma forma que a SRC (Carrara *et al.*, 2008).

Por outro lado, a curva característica de operação do recetor (ROC) aborda ambas as propriedades de maneira mais nova e articulada, representando o “1-especificidade” como falso positivo (localidades não deslizantes mal classificadas) no eixo X contra a “sensibilidade” como verdadeiro positivo (reconhecimento bem-sucedido de localidades de deslizamento) no eixo Y. Utilizando os conjuntos de treino e teste na curva ROC, avalia-se a qualidade do ajuste (capacidade de aprendizagem) e o poder de previsão (generalização) do modelo, respetivamente (Pontius Jr & Schneider, 2001). Quanto maior a área sob a curva ROC (AUC), melhor o desempenho do modelo. A linha diagonal (AUC = 0,5), como linha de desempenho ao acaso, reflete um modelo neutro. Assim, apenas os modelos que apresentaram a área sob a curva ROC (AUC) superior a 0,5 foram considerados para análise, garantindo que apenas aqueles com capacidade preditiva relevante fossem incluídos no estudo.

#### 4.6. Mapas de Risco

No contexto do mosquito *Aedes albopictus*, a criação de mapas de vulnerabilidade social e adequabilidade ambiental visa identificar áreas com maior risco

de proliferação desse vetor de doenças como Dengue e Zika.

- Vulnerabilidade social refere-se a fatores que aumentam a suscetibilidade da população, como falta de saneamento, pobreza, e infraestrutura inadequada. As populações vulneráveis apresentam menor capacidade de prevenir e responder a surtos de doenças.
- Adequabilidade ambiental está relacionada às condições naturais que favorecem a proliferação do mosquito, como temperatura, humidade, presença de água estagnada, e vegetação.

Quando combinadas, estas camadas de dados resultam em mapas de risco, que destacam áreas de maior probabilidade de propagação do mosquito e onde os impactos para a saúde pública podem ser mais severos. Esses mapas são fundamentais para a implementação de estratégias de controle do mosquito e proteção das populações vulneráveis.

Ao utilizar o *Raster Calculator* no software ArcMap, realiza-se a multiplicação dessas camadas de dados raster, atribuindo diferentes valores para representar a vulnerabilidade e a adequabilidade. O resultado é um mapa que destaca áreas onde a combinação de condições ambientais e vulnerabilidade social cria um maior risco para a população.



## 5. Análise e discussão de resultados

Neste capítulo, são apresentados e discutidos os resultados obtidos ao longo das diferentes etapas do estudo, permitindo uma compreensão aprofundada dos fatores que influenciam a propagação da Dengue em Portugal continental. A análise foi estruturada em três componentes principais: vulnerabilidade social, adequabilidade ambiental e análise de risco, cada uma desempenhando um papel crucial na avaliação integrada do fenómeno.

A primeira etapa centrou-se na identificação dos padrões de vulnerabilidade social, considerando variáveis sociodemográficas e sua inter-relação. Para tal, foram aplicadas técnicas estatísticas para minimizar redundâncias nos dados e obter uma representação mais robusta dos fatores que podem influenciar a suscetibilidade da população à doença.

Na segunda etapa, avaliou-se a adequabilidade ambiental para a presença do vetor transmissor da Dengue, nomeadamente, *Aedes albopictus*, através da aplicação de modelos preditivos de machine learning. Os resultados desta análise permitiram identificar as áreas com maior potencial para a presença do vetor, fornecendo uma base para a compreensão dos fatores ambientais que contribuem para o risco de transmissão.

Por fim, na terceira etapa, foi realizada a sobreposição das análises de vulnerabilidade social e adequabilidade ambiental, permitindo a geração de mapas de risco espacializados. Esta abordagem combinada possibilitou a identificação de regiões prioritárias para ações de mitigação e vigilância epidemiológica.

Nos subcapítulos seguintes, cada um desses componentes será detalhado, analisando-se os padrões identificados e as implicações dos resultados obtidos para a gestão e prevenção da Dengue em Portugal continental.

## 5.1. Vulnerabilidade social

Para a avaliação da vulnerabilidade social, foram utilizadas 53 variáveis de carácter socioeconómico e sociodemográfico, conforme mencionado no Capítulo 4. Após a análise da multicolinearidade no software RStudio ( $VIF > 2,5$ ), 18 variáveis foram excluídas, resultando em 35 variáveis que foram submetidas à Análise de Componentes Principais (ACP), nomeadamente:

[1] "P\_ir\_desmp" "I\_dep\_t\_M" "I\_dep\_tot" "I\_dep\_t\_H" "P\_resf\_cEs"

[6] "P\_ir\_sativ" "P\_resf\_cRe" "P\_resf\_cAg" "I\_dep\_jov" "P\_e\_e\_bet"

[11] "P\_resf\_cBn" "PoderC\_Pcp" "P\_ir\_e\_s3" "Perc\_h\_res" "P\_ir\_penRf"

[16] "I\_dep\_id" "VIMed\_Pur" "P\_e\_c\_isol"

Na primeira componente foram excluídas variáveis como: “Percentagem de indivíduos residentes desempregados”, “Índice de dependência total de mulheres”, “Índice de dependência total”, “Índice de dependência total de homens” e “Percentagem de alojamentos familiares de residência habitual com esgotos”.

Na sexta componente, as variáveis excluídas foram: “Percentagem de indivíduos residentes sem atividade económica”, “Percentagem de alojamentos familiares de residência habitual com retrete”, “Percentagem de alojamentos familiares de residência habitual com água”, “Índice de dependência de jovens” e “Percentagem de edifícios com estrutura de betão armado”.

Já na décima primeira componente, foram excluídas as seguintes variáveis: “Percentagem de alojamentos familiares de residência habitual com banho”, “Poder de compra per capita”, “Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor terciário”, “Percentagem de homens residentes” e “Percentagem de indivíduos residentes pensionistas ou reformados”.

Por fim, na décima sexta componente, foram excluídas as variáveis: “Índice de dependência de idosos”, “Valor médio dos prédios transacionados urbanos” e “Percentagem de edifícios clássicos isolados”.

O Scree Plot (Figura 19) foi utilizado para determinar o número ideal de componentes principais a reter na análise. O eixo Y representa a percentagem de variância explicada por cada componente, enquanto o eixo X representa os componentes principais. O primeiro componente (Dim1) explica aproximadamente 11,1% da variância, enquanto o segundo (Dim2) explica 7,3%. Após o segundo componente, a variância explicada diminui drasticamente, sendo identificada uma “quebra” no gráfico. Assim, faz sentido considerar apenas os primeiros três componentes, que explicam a maior parte da variabilidade nos dados.

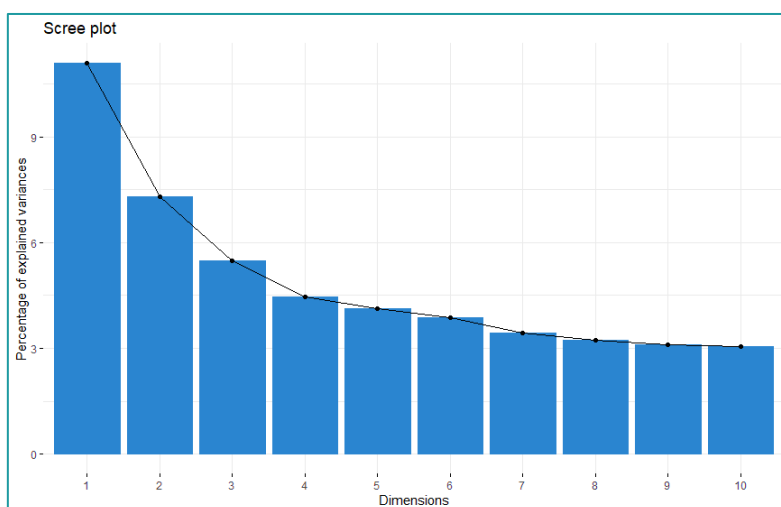


Figura 19 – Scree Plot

O gráfico de ACP (Figura 20) apresenta as 35 variáveis como vetores num círculo de correlação. O comprimento e a direção dos vetores indicam a contribuição das variáveis para os componentes principais (Dim1 e Dim2). No gráfico, destacam-se variáveis como “Habitantes por centro de saúde e extensão” (Hab\_CSaudeE) e “Habitantes por farmácia e por posto de farmacêutico móvel” (Hab\_Far\_PF), que apresentam contribuições significativas com scores negativos. Já variáveis como “Ganho médio mensal” (Ganho\_MedM) e “Hospitais” (Hospitai) têm scores positivos.

A análise dos vetores indica ainda que:

- Pequenos ângulos entre variáveis representam uma correlação positiva forte.
- Ângulos próximos de 90° indicam pouca ou nenhuma correlação.
- Vetores opostos (180°) sugerem correlação negativa.

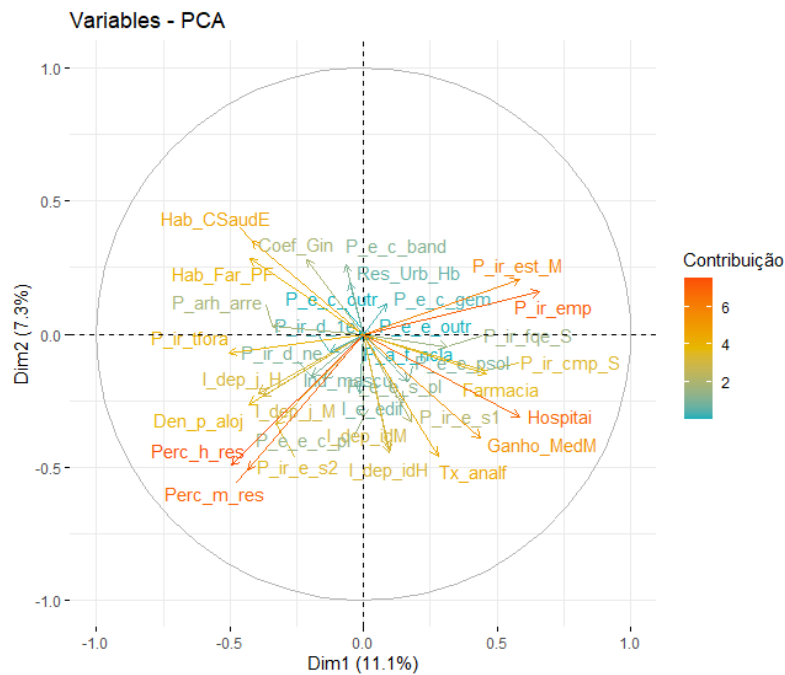
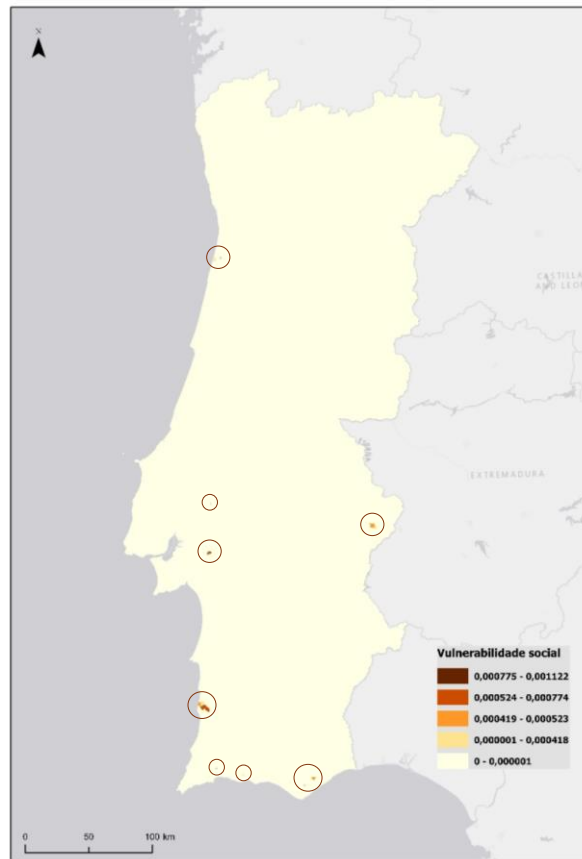


Figura 20 – ACP

Para representar espacialmente a vulnerabilidade social, foram utilizados três métodos de interpolação espacial (ArcGIS), mencionados no Capítulo 4.: média, Produto e Gamma. Os valores mais baixos indicam melhores condições socioeconômicas, enquanto valores elevados refletem fragilidade social e privação de bem-estar.

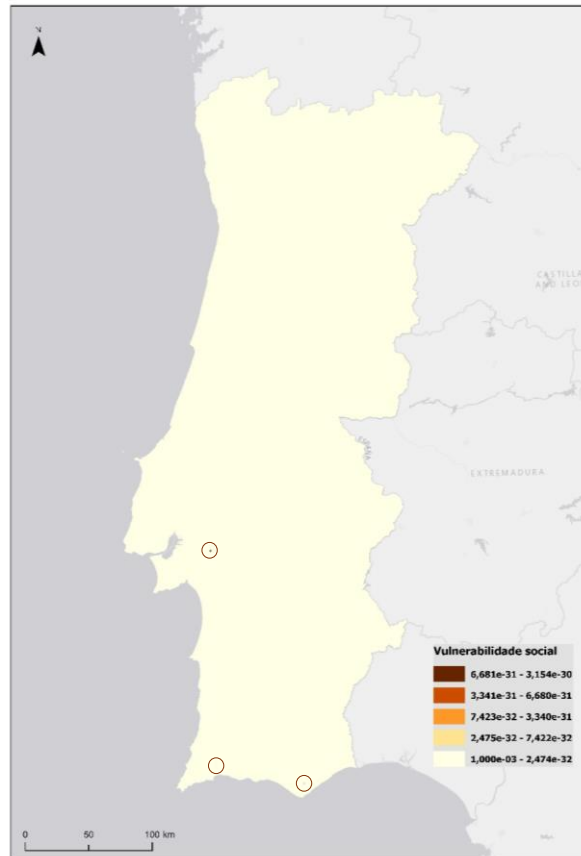
A classificação das classes dos mapas de vulnerabilidade social apresentados nas Figuras 21, 22 e 23 foi realizada através do método Natural Breaks (Jenks), utilizando o software ArcMap. Esta técnica permite identificar agrupamentos naturais nos dados, maximizando as diferenças entre classes e proporcionando uma representação mais fiel das variações espaciais da vulnerabilidade.

A Figura 21 (Fuzzy Overlay – Gamma) apresenta uma coloração predominantemente amarelo-claro, sugerindo baixa vulnerabilidade social em quase todo o território. No entanto, a ausência de variação significativa entre regiões sugere que o método Gamma pode estar a suavizar excessivamente as diferenças. Esse efeito de suavização é esperado, pois o método tende a minimizar variações ao calcular valores ponderados, resultando numa distribuição mais homogênea.



*Figura 21 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método de Fuzzy Overlay do Gamma*

A Figura 22 (Fuzzy Overlay – Produto) revela um padrão semelhante ao método Gamma, também com predomínio da cor amarelo-claro. Esse resultado pode dever-se ao próprio método do produto, que amplifica pequenas discrepâncias e reduz a visibilidade de áreas com alta vulnerabilidade, levando a uma representação menos diferenciada do território.



*Figura 22 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método Fuzzy Overlay do Produto*

Já a Figura 23 (método da média) apresenta um espectro mais variado de vulnerabilidade social, destacando zonas com maior fragilidade social (vermelho-escuro), sobretudo em áreas rurais e periferias urbanas. Diferentemente dos métodos Fuzzy, este mapa oferece uma maior granularidade espacial, permitindo identificar padrões regionais com mais precisão.

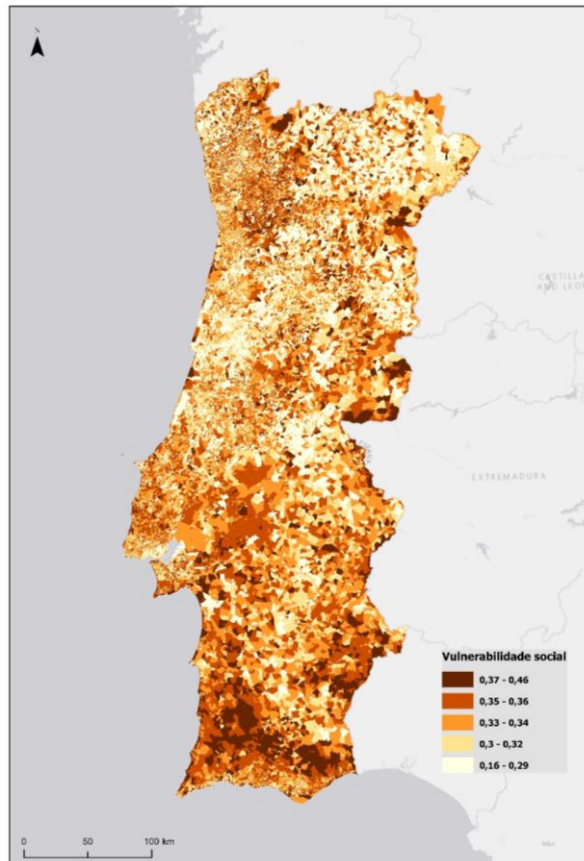


Figura 23 - Vulnerabilidade social das variáveis resultantes da ACP através do método da média

Enquanto os métodos Gamma e Produto são úteis para análises gerais, podem atenuar diferenças locais importantes. O método da média, por sua vez, destaca melhor as desigualdades regionais e seria mais adequado para a definição de políticas públicas e planeamento social, uma vez que permite identificar áreas prioritárias para intervenção.

## 5.2. Adequabilidade ambiental

Foram usados três algoritmos distintos – Artificial Neural Network (ANN), Maximum Entropy (ME) e Support Vector Machine (SVM) – para representar a adequabilidade ambiental do *Aedes albopictus* em Portugal continental. No entanto, após a avaliação dos modelos, verificou-se que o algoritmo ANN apresentou um desempenho insatisfatório, com valores de AUC interna e externa de 0,5, o que indica que a sua capacidade preditiva não foi superior ao acaso. Devido a este fraco desempenho, o modelo ANN foi excluído da análise, e os resultados apresentados

baseiam-se apenas nos algoritmos MaxEnt e SVM.

A metodologia de Maximum Entropy (MaxEnt) é amplamente utilizada na modelação de nichos ecológicos, sendo especialmente eficaz quando há um grande número de variáveis explicativas e dados de ocorrência escassos ou esparsos (Capinha, 2009). O MaxEnt é reconhecido pela sua capacidade de modelar espécies invasoras ou com distribuição limitada, como é o caso do *Aedes albopictus*. Este algoritmo maximiza a entropia sujeita às restrições impostas pelos dados de ocorrência da espécie, resultando numa distribuição preditiva bem fundamentada.

A divisão dos dados em 70% para treino e 30% para teste foi utilizada para avaliar a capacidade preditiva dos modelos e validar a robustez das previsões, esta divisão foi aplicada a todos os modelos. A lista de variáveis independentes incluiu fatores climáticos, uso do solo e índices bióticos, permitindo capturar a complexidade ecológica necessária para prever a presença do mosquito. Mapas climáticos e de precipitação, como Tmax, Tmin e índices ombrotérmicos, foram fundamentais para a modelação, dado que *Aedes albopictus* é altamente sensível à temperatura e à humidade.

Na Figura 24, observa-se a adequabilidade ambiental para *Aedes albopictus* segundo o algoritmo MaxEnt, variando de baixa (vermelho) a elevada (verde). O mapa sugere que a adequabilidade é maior nas regiões costeiras e no centro-sul de Portugal, especialmente no litoral, devido a temperaturas mais amenas e maior disponibilidade de água. Já as áreas montanhosas e do interior apresentam menor adequabilidade (tonalidades vermelhas), refletindo a influência das variáveis climáticas.

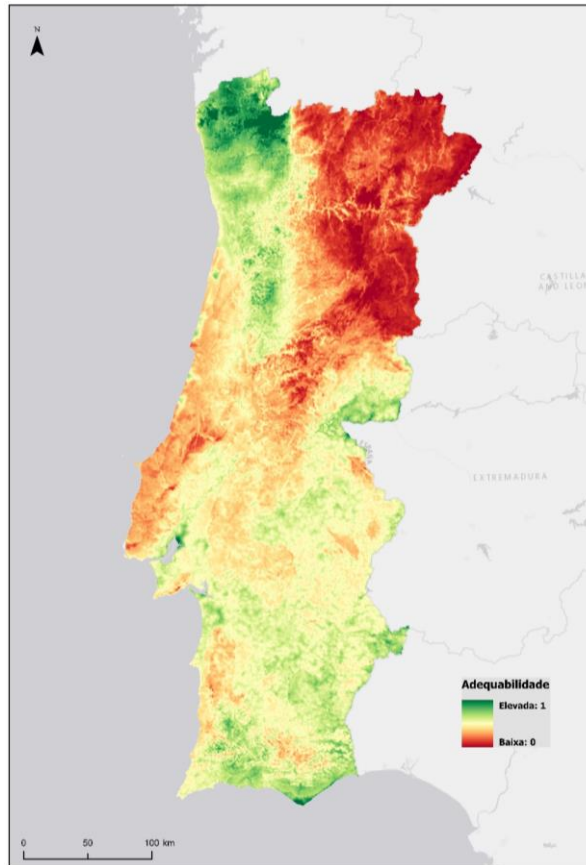


Figura 24 – Adequabilidade ambiental para *Ae. Albopictus* através do método de Maximum Entropy

O teste interno (AUC = 0,72) (Figura 25) sugere um desempenho razoável dentro dos dados de treino, enquanto a AUC externa (0,79) (Figura 26) indica uma boa generalização. Embora MaxEnt tenha um bom desempenho, a sua sensibilidade a correlações entre variáveis pode impactar a precisão em algumas regiões.

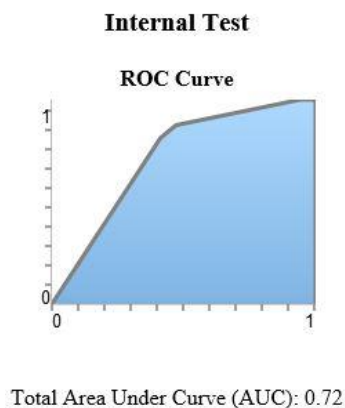
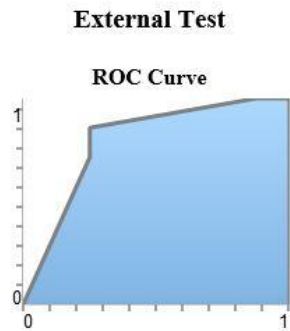


Figura 25 – AUC (Area Under the Curve) Interna de MaxEnt (Maximum Entropy)



Total Area Under Curve (AUC): 0.79

Figura 26 – AUC (Area Under the Curve) Externa de MaxEnt (Maximum Entropy)

Já o algoritmo Support Vector Machine (SVM) mostrou uma distribuição mais conservadora, identificando hotspots em áreas urbanas e regiões específicas favoráveis ao vetor. Na Figura 27, o mapa gerado pelo SVM destaca áreas de alta adequabilidade ambiental no sul do país (Algarve e Alentejo), com adequabilidade moderada a elevada nas regiões centrais e do norte. Essa distribuição sugere que fatores climáticos e disponibilidade de água desempenham um papel crucial na presença do *Aedes albopictus*.

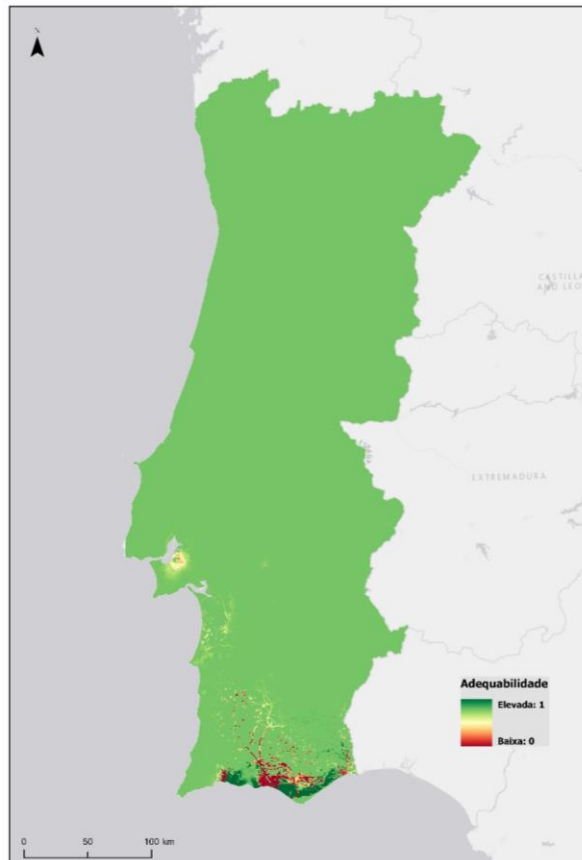
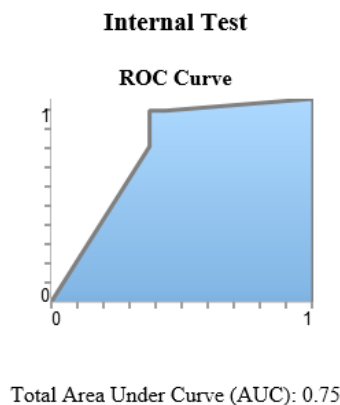


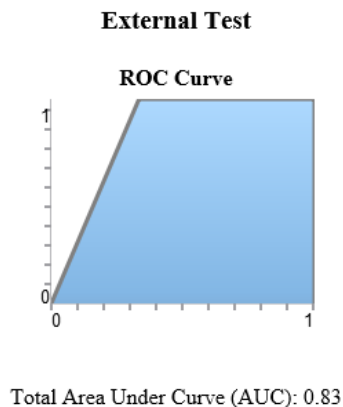
Figura 27 - Adequabilidade ambiental para *Ae. Albopictus* através do método de Support Vector Machine

No entanto, alguns resultados do SVM não correspondem inteiramente às expectativas ecológicas. Por exemplo, a baixa adequabilidade (a vermelho) no Algarve e Baixo Alentejo contrasta com o clima quente e húmido dessas regiões, que favorecem a proliferação do mosquito. Além disso, a previsão de alta adequabilidade em quase todo o território pode não refletir a realidade, uma vez que regiões montanhosas do norte de Portugal, com invernos rigorosos, são menos propensas à presença do vetor.

Os valores de AUC para o SVM foram 0,75 (interno, Figura 28) e 0,83 (externo, Figura 29). Esses resultados indicam uma boa capacidade preditiva, com o modelo a generalizar bem para novos dados. A AUC externa superior à interna sugere que o modelo tem uma boa robustez para prever adequabilidade em contextos desconhecidos, um aspeto essencial para análises preditivas.



*Figura 28 – AUC (Area Under the Curve) Interna de SVM (Support Vector Machine)*



*Figura 29 – AUC (Area Under the Curve) Externa de SVM (Support Vector Machine)*

Embora os valores não sejam excepcionalmente elevados, ambos os modelos (MaxEnt e SVM) apresentaram desempenho satisfatório e foram mantidos na análise final. Já o Artificial Neural Network (ANN) foi descartado, pois os seus valores de AUC de 0,5 (interno e externo) indicaram que o modelo não conseguiu capturar padrões significativos na distribuição do vetor.

### 5.3. Análise de risco

De acordo com a Figura 30-A, a análise do risco de ocorrência da Dengue resultante da combinação entre a adequabilidade ambiental (modelada pelo algoritmo MaxEnt) e a vulnerabilidade social (produto) apresenta valores predominantemente baixos ou nulos (amarelo-claro), com apenas pequenas áreas de risco elevado (roxo-escuro). Este padrão pode indicar uma fraca correlação entre as variáveis ou uma suavização excessiva dos valores devido ao método do produto utilizado.

A Figura 30-B, que combina o método SVM com a vulnerabilidade social (produto), exibe uma distribuição de risco semelhante à de MaxEnt, ou seja, com poucas áreas de risco elevado e uma predominância de zonas de baixo risco. Tal pode ser reflexo de limitações no próprio método ou de parâmetros pouco ajustados para este tipo de análise.

Nos dois casos, a baixa variação dos valores de risco sugere que as abordagens utilizadas não estão a captar adequadamente a interação entre a vulnerabilidade social e a adequabilidade ambiental para *Aedes albopictus*. Isto pode estar relacionado com a metodologia de combinação das variáveis (produto), que pode estar a suavizar em excesso os resultados e, assim, reduzir a sensibilidade dos modelos à identificação de áreas de maior risco.

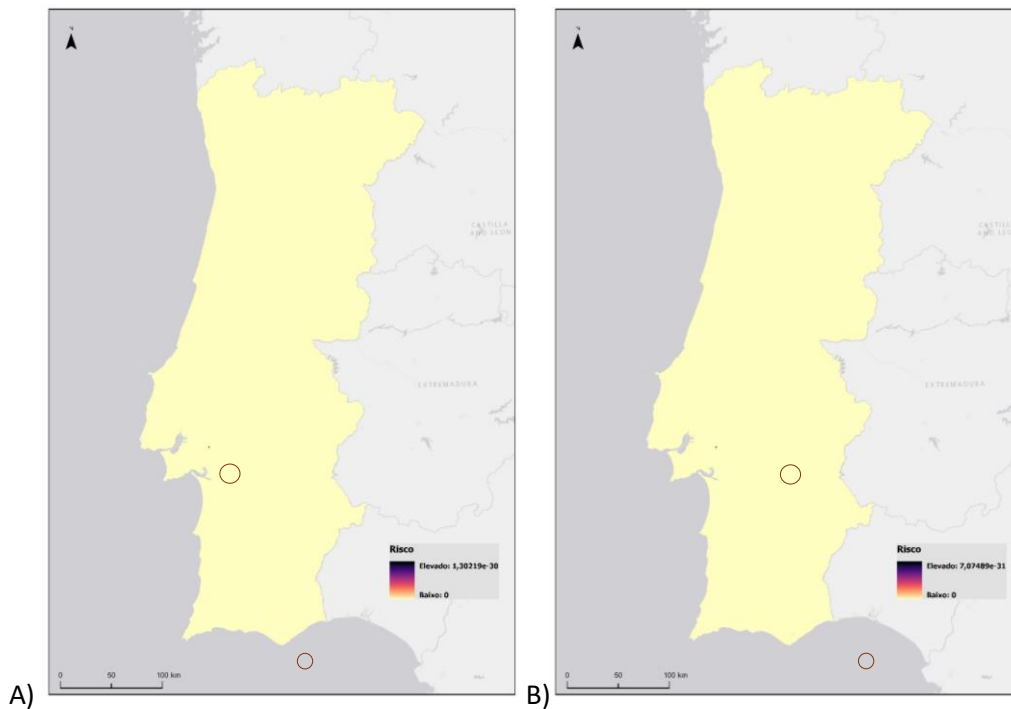
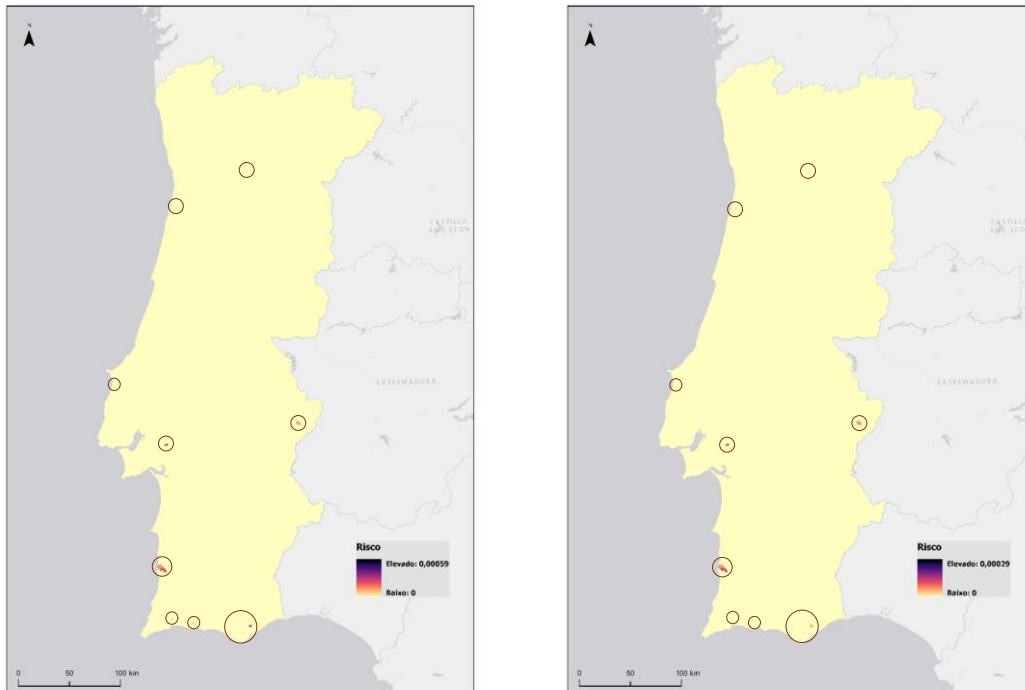


Figura 30 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt com a vulnerabilidade social através do Produto, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através do Produto, resultante da ACP

Na Figura 31-A, que representa a combinação do método Gamma com MaxEnt, verifica-se um comportamento semelhante: a distribuição do risco mantém-se predominantemente amarelo-claro (baixo risco), com áreas de risco elevado (roxo-escuro) muito limitadas. Embora o método Gamma suavize menos os valores do que o produto, parece não ser suficientemente sensível para destacar variações significativas no território.

A Figura 31-B, que combina SVM com o método Gamma, segue um padrão quase idêntico ao de MaxEnt, com a maior parte da área em baixo risco e poucas zonas de risco elevado. O comportamento homogêneo dos mapas reforça a hipótese de que os métodos de combinação (produto e Gamma) podem estar a atenuar excessivamente as variações espaciais reais do risco.

Por conseguinte, as abordagens adotadas parecem não ser as mais eficazes para representar a complexidade da relação entre vulnerabilidade social e adequabilidade ambiental para a presença do *Aedes albopictus*. Ajustes nos parâmetros do modelo ou a exploração de métodos de combinação alternativos podem ser necessários para melhor capturar a variação espacial do risco.



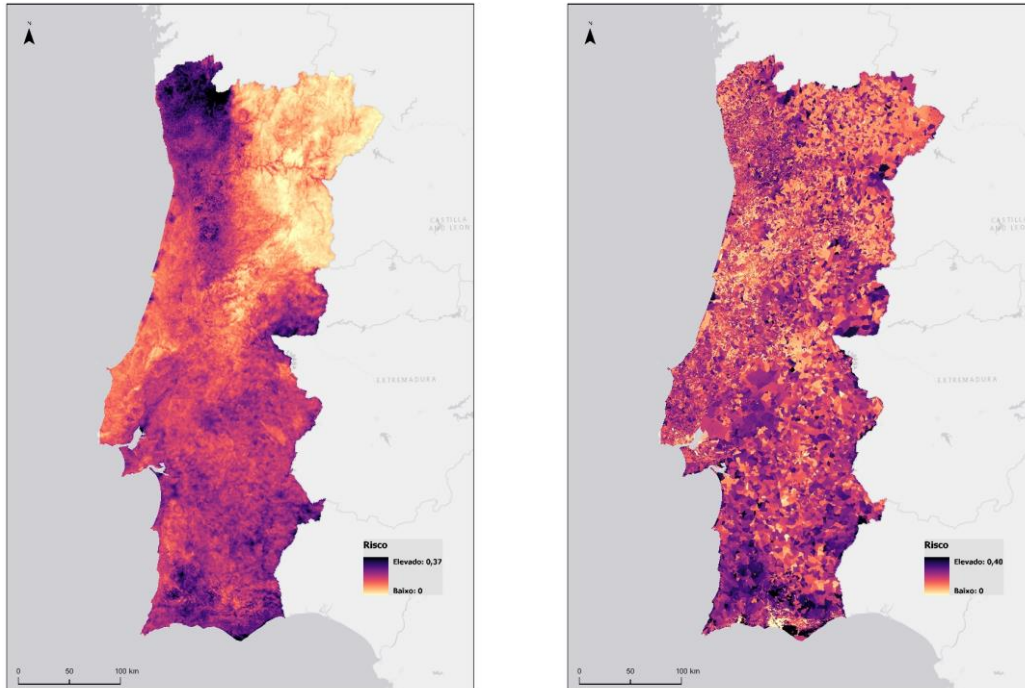
A)

B)

*Figura 31 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt com a vulnerabilidade social através do Gamma, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através do Gamma, resultante da ACP*

A Figura 32, que resulta da combinação das variáveis pelo método da média com MaxEnt e SVM, apresenta uma distribuição de risco mais detalhada e heterogénea. Em particular, a Figura 32-A evidencia um maior risco de ocorrência de Dengue em algumas regiões do norte e sul do país, especialmente em áreas costeiras e montanhosas. Estes padrões sugerem que a combinação de alta adequabilidade ambiental e vulnerabilidade social pode ter um impacto significativo na distribuição espacial do risco.

Já a Figura 32-B, que combina SVM e vulnerabilidade social com o método da média, apresenta um padrão mais granular, com pequenas áreas dispersas de alto risco, especialmente na zona centro-sul. Comparativamente, o método MaxEnt delinea áreas de risco mais amplas, enquanto o SVM destaca variações mais subtis.



A)

B)

*Figura 32 – A) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de MaxEnt com a vulnerabilidade social através da Média, resultante da ACP; B) Risco de ocorrência da Dengue pela combinação entre a adequabilidade através de SVM com a vulnerabilidade social através da Média, resultante da ACP*

Em suma, os resultados indicam que os métodos Fuzzy (produto e Gamma) atenuam as variações espaciais do risco, dificultando a identificação de áreas com maior vulnerabilidade. O método da média demonstrou melhor sensibilidade espacial, destacando variações geográficas mais precisas. Para futuras análises, seria recomendável ajustar os pesos das variáveis e testar diferentes abordagens de combinação, de forma a melhorar a representação espacial do risco de ocorrência da Dengue.



## 6. Considerações finais

O presente estudo teve como objetivo principal modelar a adequabilidade ambiental para a presença do *Aedes albopictus* em Portugal continental e estabelecer relações entre a ocorrência da Dengue e fatores socioeconómicos e ambientais. Para tal, foram explorados modelos estatísticos para a criação de mapas de adequabilidade ambiental da espécie, tendo-se também analisado a relação entre a vulnerabilidade social e a presença do vetor. Esta abordagem foi motivada pelas divergências existentes na literatura científica sobre a relação entre a ocorrência da dengue e fatores socioeconómicos e ambientais, como o saneamento básico, o nível de escolaridade e a urbanização (Silva *et al.*, 2018).

Os resultados indicam que o mapa de vulnerabilidade social gerado a partir da média das variáveis analisadas fornece uma representação mais clara e realista das regiões críticas do território, em comparação com os métodos Fuzzy Overlay (Gamma e produto), que suavizam demasiado os dados, podendo comprometer a identificação de áreas de maior risco. Assim, a escolha do método de visualização deve considerar o objetivo específico da análise e a necessidade de um maior ou menor nível de detalhe.

No que diz respeito à modelação da adequabilidade ambiental do *Aedes albopictus*, os resultados mostraram que as variáveis climáticas, como a temperatura máxima e mínima, o índice ombrotérmico e o uso do solo, são altamente adequadas para prever a distribuição do mosquito. Verificou-se que áreas mais secas e com temperaturas extremas no verão apresentam menor adequabilidade ambiental (representadas a vermelho nos mapas resultantes), especialmente em regiões do Norte e Centro de Portugal, particularmente em áreas mais montanhosas e no interior do Alentejo.

Foram testados três algoritmos para a modelação da adequabilidade ambiental: Maximum Entropy (MaxEnt), Support Vector Machine (SVM) e Artificial Neural Network (ANN). Contudo, o modelo ANN apresentou um desempenho fraco (AUC de 0,5), sem capacidade preditiva significativa, pelo que foi excluído da análise.

Os mapas gerados com os algoritmos MaxEnt e SVM revelaram padrões de

adequabilidade ambiental distintos:

- O mapa produzido pelo MaxEnt destacou uma adequabilidade ambiental mais abrangente, com áreas a vermelho e laranja principalmente nas regiões do Norte e Centro de Portugal, particularmente em áreas mais montanhosas e secas.
- O modelo SVM, por sua vez, apresentou uma adequabilidade ambiental mais restrita, com menor área de adequabilidade e uma delimitação mais precisa das regiões de maior risco, situadas principalmente no centro-sul e sul de Portugal, em zonas mais urbanizadas e com temperaturas mais elevadas.
- Comparação entre SVM e MaxEnt: O modelo SVM apresentou melhor capacidade de generalização, conforme indicado pelo AUC externo (0,83) em comparação com o MaxEnt (0,79). No entanto, o MaxEnt pode ser mais robusto para pequenas amostras e menos sensível a possíveis sobreposições de variáveis ambientais. Esta discrepância sugere que a combinação de múltiplos modelos pode fornecer uma visão mais equilibrada da adequabilidade do *Aedes albopictus*.

Os resultados desta investigação evidenciam a utilidade da modelação espacial como ferramenta para identificar áreas de risco e fornecer suporte à tomada de decisão em saúde pública. O estudo demonstrou que os métodos MaxEnt e SVM oferecem abordagens complementares na modelação da adequabilidade ambiental do *Aedes albopictus*. O SVM mostrou-se mais preciso e com maior capacidade de generalização, enquanto o MaxEnt apresentou um mapa mais abrangente da adequabilidade ambiental.

Além disso, o estudo destacou que as regiões do litoral sul e centro de Portugal são as de maior adequabilidade ambiental para a presença do *Aedes albopictus*, especialmente em zonas com maior urbanização e temperaturas mais elevadas. Em contrapartida, as áreas montanhosas e regiões do interior, sujeitas a temperaturas extremas e menor humidade, apresentaram menor adequabilidade. Estas observações são consistentes com a biologia da espécie, uma vez que a sua distribuição depende fortemente da disponibilidade de água estagnada e de temperaturas amenas.

Os resultados do mapa de vulnerabilidade social permitiram identificar as zonas

onde a população poderá estar mais exposta ao risco, nomeadamente aquelas caracterizadas por um baixo nível socioeconómico, condições precárias de saneamento básico e elevada densidade populacional e urbanização. A sobreposição da vulnerabilidade social com os mapas de adequabilidade ambiental permitiu identificar as áreas prioritárias para monitorização e implementação de medidas preventivas.

Apesar das contribuições do estudo, algumas limitações foram identificadas:

- Qualidade e disponibilidade dos dados: A análise foi condicionada pela escala e pela resolução dos dados ambientais e sociais disponíveis. O uso de dados de maior resolução espacial poderia contribuir para uma modelação mais precisa.
- Influência de variáveis correlacionadas: O desempenho do modelo MaxEnt pode ter sido afetado por redundâncias entre as variáveis ambientais, influenciando a sua capacidade preditiva.
- Fraco desempenho do ANN: O modelo de redes neuronais não apresentou um desempenho satisfatório, com AUC de 0,5, levando à sua exclusão da análise. Futuros estudos poderiam explorar outras arquiteturas de redes neuronais para verificar se melhorias no treino do modelo podem resultar em maior capacidade preditiva.

Para investigações futuras, sugere-se explorar técnicas avançadas, como redes neuronais profundas e métodos de aprendizagem conjunta que combinem diferentes abordagens, incluindo dados espaciais, climáticos e socioeconómicos. Além disso, a implementação de um sistema de monitorização contínua e validação com dados de campo pode aprimorar a precisão dos modelos e contribuir para uma melhor gestão do risco associado ao *Aedes albopictus*.

Desta forma, o presente estudo contribui para um melhor entendimento da distribuição espacial do *Aedes albopictus* e das suas condições de adequabilidade ambiental e social em Portugal, fornecendo evidências científicas para apoiar a gestão e mitigação dos riscos associados à sua presença.



## Referências bibliográficas

- Abuelmaali, S. A., Jamaluddin, J. A. F., Noaman, K., Allam, M., Abushama, H. M., Elnaiem, D. E., Ishak, I. H., Wajidi, M. F. F., Jaal, Z., & Abu Kassim, N. F. (2021). Distribution and Genetic Diversity of *Aedes aegypti* Subspecies across the Sahelian Belt in Sudan. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, *10*(1), 78. <https://doi.org/10.3390/pathogens10010078>
- Adger, W. N. (2006). Vulnerability. *Global Environmental Change*, *16*(3), 268–281. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2006.02.006>
- Almeida, A. P. G., Gonçalves, Y. M., Novo, M. T., Sousa, C. A., Melim, M., & Grácio, A. J. S. (2007). Vector monitoring of *Aedes aegypti* in the Autonomous Region of Madeira, Portugal. *Euro Surveillance: Bulletin Europeen Sur Les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin*, *12*(11), E071115.6. <https://doi.org/10.2807/esw.12.46.03311-en>
- Arora, M. K., & Mathur, S. (2001). Multi-source classification using artificial neural network in a rugged terrain. *Geocarto International*, *16*(3), 37-44.
- Barton, K. (2020). *MuMIn: Multi-Model Inference*. R package version 1.43.17. <https://CRAN.R-project.org/package=MuMIn>
- Batterman, S., Eisenberg, J., Hardin, R., Kruk, M. E., Lemos, M. C., Michalak, A. M., Mukherjee, B., Renne, E., Stein, H., Watkins, C., & Wilson, M. L. (2009). Sustainable control of water-related infectious diseases: a review and proposal for interdisciplinary health-based systems research. *Environmental Health Perspectives*, *117*(7), 1023–1032. <https://doi.org/10.1289/ehp.0800423>
- Bhatt, S., Gething, P. W., Brady, O. J., Messina, J. P., Farlow, A. W., Moyes, C. L., Drake, J. M., Brownstein, J. S., Hoen, A. G., Sankoh, O., Myers, M. F., George, D. B., Jaenisch, T., Wint, G. R. W., Simmons, C. P., Scott, T. W., Farrar, J. J., & Hay, S. I. (2013). The global distribution and burden of Dengue. *Nature*, *496*(7446), 504–507. <https://doi.org/10.1038/nature12060>
- Bhuvaneswari, A., Shriram, A. N., Raju, K. H. K., & Kumar, A. (2023). Mosquitoes, lymphatic filariasis, and public health: A systematic review of *Anopheles* and *Aedes surveillance strategies*. *Pathogens*, *12*(12), 1406. <https://doi.org/10.3390/pathogens12121406>
- Birkmann, J. (2007). Risk and vulnerability indicators at different scales: Applicability, usefulness and policy implications. *Environmental Hazards*, *7*(1), 20–31. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.envhaz.2007.04.002>
- Blahut, J., Van Westen, C. J., & Sterlacchini, S. (2010). Analysis of landslide inventories for accurate prediction of debris-flow source areas. *Geomorphology*, *119*(1-2), 36-51.
- Bouzid, M., Colón-González, F. J., Lung, T., Lake, I. R., & Hunter, P. R. (2014). Climate change and the emergence of vector-borne diseases in Europe: case study of Dengue fever. *BMC Public Health*, *14*(1), 781. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-14-781>
- Bowman, L. R., Donegan, S., & McCall, P. J. (2016). "Is Dengue Vector Control Deficient in Effectiveness or Evidence? Systematic Review and Meta-analysis." *PLoS Neglected Tropical Diseases*, *10*(3), e0004551.
- Brady, O. J., Gething, P. W., Bhatt, S., Messina, J. P., Brownstein, J. S., Hoen, A. G., Moyes,

- C. L., Farlow, A. W., Scott, T. W., & Hay, S. I. (2012). Refining the Global Spatial Limits of Dengue Virus Transmission by Evidence-Based Consensus. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 6(8), e1760. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001760>
- Braks, M. A. H., Honório, N. A., Lourenço-De-Oliveira, R., Juliano, S. A., & Lounibos, L. P. (2003). Convergent habitat segregation of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in southeastern Brazil and Florida. *Journal of Medical Entomology*, 40(6), 785–794. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.6.785>
- Branco, J., Oliveira, M., Ferreira, R., & Póvoa, O. (2010). Desertificação em Portugal: causas, consequências e possíveis soluções. *II Seminário de I&DT-Consolidar o conhecimento, perspectivar o futuro*. <http://hdl.handle.net/10400.26/2049>
- Brooks, N., Neil Adger, W., & Mick Kelly, P. (2005). The determinants of vulnerability and adaptive capacity at the national level and the implications for adaptation. *Global Environmental Change*, 15(2), 151–163. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2004.12.006>
- Brown, M. P., Grundy, W. N., Lin, D., Cristianini, N., Sugnet, C. W., Furey, T. S., ... & Haussler, D. (2000). Knowledge-based analysis of microarray gene expression data by using support vector machines. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(1), 262-267.
- Burke, D.S. & Monath, T.P. (2001) Flavivirus. In: Knipe, D.M. and Howley, P.M., (eds), *Field Virology*, 4th Edition, Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, 852-921.
- Cama, M., Conoscenti, C., Lombardo, L., & Rotigliano, E. (2016). Exploring relationships between grid cell size and accuracy for debris-flow susceptibility models: a test in the Giampilieri catchment (Sicily, Italy). *Environmental Earth Sciences*, 75, 1-21.
- Carey, D. E. (1971). Chikungunya and Dengue: a case of mistaken identity? *Journal of the History of Medicine and Allied Sciences*, 26(3), 243–262. <https://doi.org/10.1093/jhmas/xxvi.3.243>
- Carrara, A., Crosta, G., & Frattini, P. (2008). Comparing models of debris-flow susceptibility in the alpine environment. *Geomorphology*, 94(3-4), 353-378.
- Carroll, L. N., Au, A. P., Detwiler, L. T., Fu, T. C., Painter, I. S., & Abernethy, N. F. (2014). Visualization and analytics tools for infectious disease epidemiology: a systematic review. *Journal of biomedical informatics*, 51, 287–298. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2014.04.006>
- Charette, M., Berrang-Ford, L., Coomes, O., Llanos-Cuentas, E. A., Cárcamo, C., Kulkarni, M., & Harper, S. L. (2020). Dengue Incidence and Sociodemographic Conditions in Pucallpa, Peruvian Amazon: What Role for Modification of the Dengue–Temperature Relationship? *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 102(1), 180–190. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.19-0033>
- Chen, S. C., & Hsieh, M. H. (2012). Modeling the transmission dynamics of Dengue fever: Implications of temperature effects. *Science of The Total Environment*, 431, 385–391. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2012.05.012>
- Chen, W., Cutter, S. L., Emrich, C. T., & Shi, P. (2013). Measuring social vulnerability to natural hazards in the Yangtze River Delta region, China. *International Journal of Disaster Risk Science*, 4, 169-181.
- Cherkassky, V., Krasnopolsky, V., Solomatine, D. P., & Valdes, J. (2006). Computational intelligence in earth sciences and environmental applications: Issues and challenges. *Neural Networks*, 19(2), 113-121.
- Cockings, S., Dunn, C. E., Bhopal, R. S., & Walker, D. R. (2004). Users' perspectives on

- epidemiological, GIS and point pattern approaches to analysing environment and health data. *Health & place*, 10(2), 169–182. <https://doi.org/10.1016/j.healthplace.2003.09.001>
- Contreras, D., Chamorro, A. & Wilkinson, S. (2020). The spatial dimension in the assessment of urban socio-economic vulnerability related to geohazards. *Natural Hazards and Earth System Sciences* 20(6): 1663–1687.
- Costa, P. (1993). *Cidades e urbanização em Portugal : uma sociologia, geografia ou economia urbanas?* Instituto Superior de Economia e Gestão – SOCIUS Working papers No. 04/1993
- Cristianini, N., & Scholkopf, B. (2002). Support vector machines and kernel methods: the new generation of learning machines. *Ai Magazine*, 23(3), 31-31.
- Cutter, S.L. (2017). The forgotten casualties redux: Women, children, and disaster risk. *Global Environmental Change* 42: 117–121.
- Cutter, S.L., Boruff, B.J. & Shirley, W.L. (2003). Social vulnerability to environmental hazards. *Social Science Quarterly* 84(2): 242–261.
- Cutter, S. L., & Finch, C. (2008). Temporal and spatial changes in social vulnerability to natural hazards. *Proceedings of the national academy of sciences*, 105(7), 2301-2306.
- Da Conceição Araújo, D., Dos Santos, A. D., Lima, S. V. M. A., Vaez, A. C., Cunha, J. O., & Conceição Gomes Machado de Araújo, K. (2020). Determining the association between Dengue and social inequality factors in north-eastern Brazil: A spatial modelling. *Geospatial Health*, 15(1). <https://doi.org/10.4081/gh.2020.854>
- Dickin, S. K., Schuster-wallace, C. J., & Elliott, S. J. (2013). *Developing a Vulnerability Mapping Methodology: Applying the Water-Associated Disease Index to Dengue in Malaysia*. 8(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0063584>
- Direção-Geral da Saúde (DGS). (2013). *Dengue na Ilha da Madeira - situação em 01 de setembro de 2013*.
- Direção-Geral da Saúde (DGS). (2016). *Estratégia: Plano Nacional de Prevenção e Controlo de Doenças Transmitidas por Vetores*.
- Direção-Geral da Saúde (DGS). (2022). *Dengue*. <https://www.sns24.gov.pt/tema/doencas-infecciosas/Dengue/#sec-0>
- Dormann, C. F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., ... & Lautenbach, S. (2013). Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography*, 36(1), 27-46.
- Dudik, M., Phillips, S. J., & Schapire, R. E. (2004). Performance guarantees for regularized maximum entropy density estimation. In *International Conference on Computational Learning Theory* (pp. 472-486). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Ebi, K. L., & Nealon, J. (2016). Dengue in a changing climate. *Environmental Research*, 151, 115–123. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2016.07.026>
- Effler, P. V., Pang, L., Kitsutani, P., Vorndam, V., Nakata, M., Ayers, T., Elm, J., Tom, T., Reiter, P., Rigau-Perez, J. G., Hayes, J. M., Mills, K., Napier, M., Clark, G. G., & Gubler, D. J. (2005). Dengue fever, Hawaii, 2001-2002. *Emerging Infectious Diseases*, 11(5), 742–749. <https://doi.org/10.3201/eid1105.041063>
- Eidsvig, U. M., McLean, A., Vangelsten, B. V., Kalsnes, B., Ciurean, R. L., Argyroudis, S., ... & Kaiser, G. (2014). Assessment of socioeconomic vulnerability to landslides using an indicator-based approach: methodology and case studies. *Bulletin of*

- engineering geology and the environment*, 73, 307-324.
- Endy, T., Weaver, S., & Hanley, K. (2010). Dengue Virus: Past, Present and Future. In K. A. Hanley & S. C. Weaver (Eds.), *Frontiers in Dengue Virus Research* (pp. 3–9). Horizon Press.
- Esri. (n.d.-a). *Applying fuzzy logic to overlay rasters - ArcGIS Pro 3.3 | Documentation*. Obtido em 18 de julho, de <https://pro.arcgis.com/en/pro-app/3.3/tool-reference/spatial-analyst/applying-fuzzy-logic-to-overlay-rasters.htm>
- Esri. (n.d.-b). *FuzzyLinear - ArcGIS Pro 3.3 | Documentation*. Obtido em 18 de julho de 2024, de <https://pro.arcgis.com/en/pro-app/3.3/arcpy/spatial-analyst/fuzzylinear-class.htm>
- Esri. (n.d.-c). How Fuzzy Overlay works—ArcGIS Pro | Documentation. Obtido em 22 de julho de 2024, de <https://pro.arcgis.com/en/pro-app/latest/tool-reference/spatial-analyst/how-fuzzy-overlay-works.htm>
- European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). (2023). *Aedes aegypti - Factsheet for experts*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/mosquito-factsheets/Aedes-aegypti>
- European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). (2024). Local Transmission of Dengue Virus in Mainland EU/EEA, 2010–Present. <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/dengue/surveillance-and-disease-data/autochthonous-transmission-dengue-virus-eueea>
- Faull, K. J., & Williams, C. R. (2015). Intraspecific variation in desiccation survival time of *Aedes aegypti* (L.) mosquito eggs of Australian origin. *Journal of Vector Ecology : Journal of the Society for Vector Ecology*, 40(2), 292–300. <https://doi.org/10.1111/jvec.12167>
- Focks, D. A., Daniels, E., Haile, D. G., & Keesling, J. E. (1995). A simulation model of the epidemiology of urban Dengue fever: literature analysis, model development, preliminary validation, and samples of simulation results. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 53(5), 489–506. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1995.53.489>
- Frigerio, I., F. Carnelli, M. Cabinio, M. & De Amicis, M. (2018). Spatiotemporal pattern of social vulnerability in Italy. *International Journal of Disaster Risk Science* 9(2): 249–262.
- Füssel, H. M. (2007). Vulnerability: A generally applicable conceptual framework for climate change research. *Global Environmental Change*, 17, 155–167. <https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2006.05.002>
- Gage, K. L., Burkot, T. R., Eisen, R. J., & Hayes, E. B. (2008). Climate and vectorborne diseases. *American journal of preventive medicine*, 35(5), 436-450.
- Garcia, B., Silva, S., Andrade, A. C., & Ramos, G. (2019). Evolução da população e o despovoamento no interior de Portugal: o caso do Concelho de Bragança. Encontro intermediário dos Grupos de Trabalho da ABEP 2019: anais. Belo Horizonte: Associação Brasileira de Estudos Populacionais – ABEP. [https://www.researchgate.net/publication/370762016\\_EVOLUCAO\\_DA\\_POPULACAO\\_E\\_O\\_DESPOVOAMENTO\\_NO\\_INTERIOR\\_DE\\_PORTUGAL\\_O\\_CASO\\_DO\\_CONCELHO\\_DE\\_BRAGANCA\\_1](https://www.researchgate.net/publication/370762016_EVOLUCAO_DA_POPULACAO_E_O_DESPOVOAMENTO_NO_INTERIOR_DE_PORTUGAL_O_CASO_DO_CONCELHO_DE_BRAGANCA_1)
- Gelman A., & Hill J. (2006). *Data analysis using regression and multilevel/hierarchical models, analytical methods for social research*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.

- Gloria-Soria, A., Ayala, D., Bheecarry, A., Calderon-Arguedas, O., Chadee, D. D., Chiappero, M., Coetzee, M., Elahee, K. Bin, Fernandez-Salas, I., Kamal, H. A., Kamgang, B., Khater, E. I. M., Kramer, L. D., Kramer, V., Lopez-Solis, A., Lutomiah, J., Martins, A. J., Micieli, M. V., Paupy, C., ... Powell, J. R. (2016). Global genetic diversity of *Aedes aegypti*. *Molecular Ecology*, 25(21), 5377–5395. <https://doi.org/10.1111/mec.13866>
- Gratz, N. G. (2004). Critical review of the vector status of *Aedes albopictus*. *Medical and Veterinary Entomology*, 18(3), 215–227. <https://doi.org/10.1111/j.0269-283X.2004.00513.x>
- Guillera-Aroita, G., Lahoz-Monfort, J. J., & Elith, J. (2014). Maxent is not a presence–absence method: a comment on Thibaud et al. *Methods in Ecology and Evolution*, 5(11), 1192–1197.
- Guo, Q., Kelly, M., & Graham, C. H. (2005). Support vector machines for predicting distribution of Sudden Oak Death in California. *Ecological Modelling*, 182(1), 75–90.
- Guzman, M. G., & Harris, E. (2015). "Dengue." *The Lancet*, 385(9966), 453–465.
- Hardoy, J., & Pandiella, G. (2009). Urban poverty and vulnerability to climate change in Latin America. *Environment and Urbanization - ENVIRON URBAN*, 21, 203–224. <https://doi.org/10.1177/0956247809103019>
- Hawley, W. A., Reiter, P., Copeland, R. S., Pumpuni, C. B., & Craig, G. B. (1987). *Aedes albopictus* in North America: Probable Introduction in Used Tires from Northern Asia. *Science*, 236(4805), 1114–1116. <https://doi.org/10.1126/science.3576225>
- Hirsch, A. (1883). Dengue, a comparatively new disease: its symptoms. In *Handbook of geographical and historical pathology, vol. 1* (pp. 55– 81). New Sydenham Society.
- Holland, J., & Domingo, E. (1998). Origin and Evolution of Viruses. *Virus Genes*, 16(1), 13–21. <https://doi.org/10.1023/A:1007989407305>
- Hongoh, V., Berrang-Ford, L., Scott, M. E., & Lindsay, L. R. (2012). Expanding geographical distribution of the mosquito, *Culex pipiens*, in Canada under climate change. *Applied Geography*, 33, 53–62. <https://doi.org/10.1016/j.apgeog.2011.05.015>
- Howe, G. M. (1977). *A world geography of human diseases*. Academic Press. <https://doi.org/LK> - <https://worldcat.org/title/3826257>
- Huang, C., Davis, L. S., & Townshend, J. R. G. (2002). An assessment of support vector machines for land cover classification. *International Journal of Remote Sensing*, 23(4), 725–749.
- INE. (2022). *Densidade populacional (N.º/km²) por Local de residência à data dos Censos [2021] (NUTS - 2013) e Sexo*. Lisboa, Portugal: INE, Instituto Nacional de Estatística.
- INE. (2023). *Superfície (km²) das unidades territoriais por Localização geográfica (NUTS - 2013); Anual*. Lisboa, Portugal: INE, Instituto Nacional de Estatística.
- INE. (2024). *População residente (Série longa, início 1991 - N.º) por Local de residência (NUTS - 2024), Sexo e Idade; Anual*. Lisboa, Portugal: INE, Instituto Nacional de Estatística.
- Instituto de Administração da Saúde (IASaúde). (2020). *Dengue*. Acedido a 18 de agosto de 2022, em <https://www.iasaude.pt/Mosquito/index.php/doencas/Dengue>
- Jakkula, V. (2006). Tutorial on support vector machine (svm). *School of EECS, Washington State University*, 37(2.5), 3.
- James, G., Witten, D., Hastie, T., & Tibshirani, R. (2013). *An introduction to statistical learning* (Vol. 112, p. 18). New York: springer.

- Jaynes, E. T. (1957a). Information theory and statistical mechanics. *Physical review*, 106(4), 620.
- Jaynes, E. T. (1957b). Information theory and statistical mechanics. II. *Physical review*, 108(2), 171.
- Jentes, E. S., Pomeroy, G., Gershman, M. D., Hill, D. R., Lemarchand, J., Lewis, R. F., Staples, J. E., Tomori, O., Wilder-Smith, A., & Monath, T. P. (2011). The revised global yellow fever risk map and recommendations for vaccination, 2010: consensus of the Informal WHO Working Group on Geographic Risk for Yellow Fever. *The Lancet Infectious Diseases*, 11(8), 622–632. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(11\)70147-5](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1473-3099(11)70147-5)
- Joachims, T. (1998). Text categorization with support vector machines: Learning with many relevant features. *European conference on machine learning* (pp. 137-142). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Johnston, R., Jones, K., & Manley, D. (2018). Confounding and collinearity in regression analysis: a cautionary tale and an alternative procedure, illustrated by studies of British voting behaviour. *Quality & quantity*, 52, 1957-1976.
- Jolliffe, I. (2002). *Principal component analysis* (2nd ed.). Springer. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/b98835>
- Kecman, V. (2005). Support vector machines—an introduction. In *Support vector machines: theory and applications* (pp. 1-47). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Kirkpatrick, B. D., Whitehead, S. S., Pierce, K. K., Tibery, C. M., Grier, P. L., Hynes, N. A., Larsson, C. J., Sabundayo, B. P., Talaat, K. R., Janiak, A., Carmolli, M. P., Luke, C. J., Diehl, S. A., & Durbin, A. P. (2016). The live attenuated Dengue vaccine TV003 elicits complete protection against Dengue in a human challenge model. *Science Translational Medicine*, 8(330), 330ra36. <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.aaf1517>
- Kling, K., Külper-Schiek, W., Schmidt-Chanasit, J., Stratil, J., Bogdan, C., Ramharter, M., ... & Burchard, G. (2023). STIKO-Empfehlung und wissenschaftliche Begründung der STIKO zur Impfung gegen Dengue mit dem Impfstoff Qdenga. <https://doi.org/10.25646/11784>
- Kornejady, A., Ownegh, M., & Bahremand, A. (2017). Landslide susceptibility assessment using maximum entropy model with two different data sampling methods. *Catena*, 152, 144-162.
- Kraemer, M. U. G., Reiner, R. C., Brady, O. J., Messina, J. P., Gilbert, M., Pigott, D. M., Yi, D., Johnson, K., Earl, L., Marczak, L. B., Shirude, S., Davis Weaver, N., Bisanzio, D., Perkins, T. A., Lai, S., Lu, X., Jones, P., Coelho, G. E., Carvalho, R. G., ... Golding, N. (2019). Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Nature Microbiology*, 4(5), 854–863. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0376-y>
- Kraemer, M. U. G., Sinka, M. E., Duda, K. A., Mylne, A., Shearer, F. M., Barker, C. M., Moore, C. G., Carvalho, R. G., Coelho, G. E., Van Bortel, W., Hendrickx, G., Schaffner, F., Elyazar, I. R., Teng, H. J., Brady, O. J., Messina, J. P., Pigott, D. M., Scott, T. W., Smith, D. L., ... & Hay, S. I. (2015). The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *ELife*, 4(JUNE2015), 1–18. <https://doi.org/10.7554/eLife.08347>
- Kraemer, M. U. G., Sinka, M. E., Duda, K. A., Mylne, A., Shearer, F. M., Brady, O. J.,

- Messina, J. P., Barker, C. M., Moore, C. G., Carvalho, R. G., Coelho, G. E., Van Bortel, W., Hendrickx, G., Schaffner, F., Wint, G. R. W., Elyazar, I. R. F., Teng, H. J., & Hay, S. I. (2015). The global compendium of *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus* occurrence. *Scientific Data*, 2, 150035. <https://doi.org/10.1038/sdata.2015.35>
- Krasnopolsky, V. M. (2007). Neural network emulations for complex multidimensional geophysical mappings: Applications of neural network techniques to atmospheric and oceanic satellite retrievals and numerical modeling. *Reviews of Geophysics*, 45(3).
- Krieger, N. (2003). Place, space, and health: GIS and epidemiology. *Epidemiology*, 14(4), 384–385. <https://doi.org/10.1097/01.ede.0000071473.69307.8a>
- Laporta, G. Z., Potter, A. M., Oliveira, J. F., Bourke, B. P., Pecor, D. B., & Linton, Y. M. (2023). Global distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in a climate change scenario of regional rivalry. *Insects*, 14(1), 49.
- Lee, M. L. T. (2004). Transformation and normalization BT. In: Lee M.-L.T. (Ed.), *Analysis of microarray gene expression data*. Springer US, Boston, MA, USA, pp. 67-84.
- Leparc-Goffart, I., Nougairede, A., Cassadou, S., Prat, C., & de Lamballerie, X. (2014). Chikungunya in the Americas. *The Lancet*, 383(9916), 514. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(14\)60185-9](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736(14)60185-9)
- Leta, S., Beyene, T. J., De Clercq, E. M., Amenu, K., Kraemer, M. U., & Revie, C. W. (2018). Global risk mapping for major diseases transmitted by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *International Journal of Infectious Diseases*, 67, 25–35. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2017.11.026>
- Lim, S. K., Lee, Y. S., Namkung, S., Lim, J. K., & Yoon, I. K. (2016). Prospects for Dengue vaccines for travelers. *Clinical and experimental vaccine research*, 5(2), 89-100.
- Liu-Helmersson, J., Quam, M., Wilder-Smith, A., Stenlund, H., Ebi, K., Massad, E., & Rocklöv, J. (2016). Climate Change and *Aedes* Vectors: 21st Century Projections for Dengue Transmission in Europe. *EBioMedicine*, 7, 267–277. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2016.03.046>
- Marabuto, E., & Rebelo, M. T. (2017). The Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus* (Skuse, 1894), a vector of Dengue, Chikungunya and Zika, reaches Portugal. *BioRxiv*, 192575. <https://doi.org/10.1101/192575>
- Marjanović, M., Kovačević, M., Bajat, B., & Voženilek, V. (2011). Landslide susceptibility assessment using SVM machine learning algorithm. *Engineering Geology*, 123(3), 225-234.
- Marquardt, D. W. (1970). Generalized inverses, ridge regression, biased linear estimation, and nonlinear estimation. *Technometrics*, 12(3), 591-612.
- McBride, C. S., Baier, F., Omondi, A. B., Spitzer, S. A., Lutomiah, J., Sang, R., Ignell, R., & Vosshall, L. B. (2014). Evolution of mosquito preference for humans linked to an odorant receptor. *Nature*, 515(7526), 222–227. <https://doi.org/10.1038/nature13964>
- Messina, J. P., Brady, O. J., Pigott, D. M., Golding, N., Kraemer, M. U., Scott, T. W., ... & Hay, S. I. (2015). The many projected futures of Dengue. *Nature Reviews Microbiology*, 13(4), 230-239.
- Metzger, M. J., Rounsevell, M. D., Acosta-Michlik, L., Leemans, R., & Schröter, D. (2006). The vulnerability of ecosystem services to land use change. *Agriculture, ecosystems & environment*, 114(1), 69-85. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2005.11.025>
- Ministério da Saúde. (2009). *Diretrizes nacionais para prevenção e controle de epidemias*

*da Dengue.*

- Monteiro-Henriques, T., Martins, M. J., Cerdeira, J. O., Silva, P. C., Arsénio, P., Silva, Á., Bellu, A., & Costa, J. C. (2016). Bioclimatological mapping tackling uncertainty propagation: application to mainland Portugal. *International Journal of Climatology* 36(1): 400-411. doi:10.1002/joc.4357.
- Mourão, P. (2006). Tendências de concentração regional no interior português—o caso de Trás-os-Montes e Alto Douro. *Regional and Sectoral Economic Studies*, 6(1), 107-128.
- Moutinho, S., Rocha, J., Gomes, A., Gomes, B., & Ribeiro, A. I. (2025). Spatiotemporal analysis of mosquito-borne infections and mosquito vectors in mainland Portugal. *BMC Infectious Diseases*, 25(1), 45. doi: 10.1186/s12879-024-10433-w
- Nobuchi, H. (1979). *The symptoms of a Dengue-like illness recorded in a Chinese medical encyclopedia*. 26, 422–425.
- Nykiforuk, C. I., & Flaman, L. M. (2011). Geographic information systems (GIS) for health promotion and public health: a review. *Health promotion practice*, 12(1), 63-73. <https://doi.org/10.1177/1524839909334624>
- Paixão, S., & Moreira, F. (2017). Surveillance and prevention culicidae vectors - the portuguese case. *Millenium - Journal of Education, Technologies, and Health*, 2(2 SE-Life and Healthcare Sciences), 53–57. <https://doi.org/10.29352/mill0202.05.00127>
- Paton, R. S., & Bonsall, M. B. (2019). The ecological and epidemiological consequences of reproductive interference between the vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Journal of the Royal Society, Interface*, 16(156), 20190270. <https://doi.org/10.1098/rsif.2019.0270>
- Paupy, C., Delatte, H., Bagny, L., Corbel, V., & Fontenille, D. (2009). *Aedes albopictus*, an arbovirus vector: from the darkness to the light. *Microbes and Infection*, 11(14–15), 1177–1185. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2009.05.005>
- Peterson, A. T., Martínez-Campos, C., Nakazawa, Y., & Martínez-Meyer, E. (2005). Time-specific ecological niche modeling predicts spatial dynamics of vector insects and human Dengue cases. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 99(9), 647–655. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2005.02.004>
- Phillips, S. J., Anderson, R. P., & Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological modelling*, 190(3-4), 231-259.
- Phillips, S. J., & Dudík, M. (2008). Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*, 31(2), 161-175.
- Phillips, S. J., Dudík, M., & Schapire, R. E. (2004). A maximum entropy approach to species distribution modeling. In *Proceedings of the twenty-first international conference on Machine learning*, 83.
- Pontius Jr, R. G., & Schneider, L. C. (2001). Land-cover change model validation by an ROC method for the Ipswich watershed, Massachusetts, USA. *Agriculture, ecosystems & environment*, 85(1-3), 239-248.
- Prasad, R., Pandey, A., Singh, K. P., Singh, V. P., Mishra, R. K., & Singh, D. (2012). Retrieval of spinach crop parameters by microwave remote sensing with back propagation artificial neural networks: A comparison of different transfer functions. *Advances in space research*, 50(3), 363-370.
- Racloz, V., Ramsey, R., Tong, S., & Hu, W. (2012). Surveillance of Dengue fever virus: a review of epidemiological models and early warning systems. *PLoS Neglected*

- Tropical Diseases*, 6(5), e1648. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001648>
- Rahmati, O., Pourghasemi, H. R., & Melesse, A. M. (2016). Application of GIS-based data driven random forest and maximum entropy models for groundwater potential mapping: a case study at Mehran Region, Iran. *Catena*, 137, 360-372.
- Rey, J. R., Nishimura, N., Wagner, B., Braks, M. A. H., O'Connell, S. M., & Lounibos, L. P. (2006). Habitat segregation of mosquito arbovirus vectors in south Florida. *Journal of Medical Entomology*, 43(6), 1134–1141. [https://doi.org/10.1603/0022-2585\(2006\)43\[1134:hsomav\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1603/0022-2585(2006)43[1134:hsomav]2.0.co;2)
- Rezaeian, M., Dunn, G., St Leger, S., & Appleby, L. (2007). Geographical epidemiology, spatial analysis and geographical information systems: a multidisciplinary glossary. *Journal of epidemiology and community health*, 61(2), 98–102. <https://doi.org/10.1136/jech.2005.043117>
- Rose, N. H., Sylla, M., Badolo, A., Lutomiah, J., Ayala, D., Aribodor, O. B., Ibe, N., Akorli, J., Otoo, S., Mutebi, J.-P., Kriete, A. L., Ewing, E. G., Sang, R., Gloria-Soria, A., Powell, J. R., Baker, R. E., White, B. J., Crawford, J. E., & McBride, C. S. (2020). Climate and Urbanization Drive Mosquito Preference for Humans. *Current Biology*, 30(18), 3570-3579.e6. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.06.092>
- Rufat, S., Tate, E., Burton, C.G., & Maroof, A.S. (2015). Social vulnerability to floods: Review of case studies and implications for measurement. *International Journal of Disaster Risk Reduction* 14: 470–486.
- Saha, A. K., Gupta, R. P., & Arora, M. K. (2002). GIS-based landslide hazard zonation in the Bhagirathi (Ganga) valley, Himalayas. *International journal of remote sensing*, 23(2), 357-369.
- Santos, P. P., Zêzere, J. L., Pereira, S., Rocha, J., & Tavares, A. O. (2022). A novel approach to measuring spatiotemporal changes in social vulnerability at the local level in Portugal. *International Journal of Disaster Risk Science*, 13(6), 842-861.
- Schröder W. (2006). GIS, geostatistics, metadata banking, and tree-based models for data analysis and mapping in environmental monitoring and epidemiology. *International journal of medical microbiology: IJMM*, 296 Suppl 40, 23–36. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2006.02.015>
- Sema, H. V., Guru, B., & Veerappan, R. (2017). Fuzzy gamma operator model for preparing landslide susceptibility zonation mapping in parts of Kohima Town, Nagaland, India. *Modeling Earth Systems and Environment*, 3, 499-514.
- Serviço Nacional de Saúde (SNS). (2017). *Instituto Ricardo Jorge identifica pela primeira vez em Portugal espécie de mosquito Aedes albopictus*. <https://www.insa.min-saude.pt/instituto-ricardo-jorge-identifica-pela-primeira-vez-em-portugal-especie-de-mosquito-Aedes-albopictus/>
- Shragai, T., Tesla, B., Murdock, C., & Harrington, L. C. (2017). Zika and chikungunya: mosquito-borne viruses in a changing world. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1399(1), 61–77. <https://doi.org/10.1111/nyas.13306>
- Silva, F. S., Libório, M. P., e Haddad, P. B. (2018). Relação geográfica entre índice de vulnerabilidade social e a transmissão da Dengue: estudo de caso de Praia Grande, São Paulo. *Revista Espinhaço*.
- Silva, M. do S. da, Branco, M. dos R. F. C., Junior, J. A., Queiroz, R. C. de S., Bani, E., Moreira, E. P. B., Medeiros, M. N. L., & Rodrigues, Z. M. R. (2017). *Spatial-temporal analysis of Dengue deaths: identifying social vulnerabilities*. 50(1), 104–109. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0272-2016>

- Silva, T. M. (n.d.). Informação bioclimatológica. Acedido a 25 de agosto de 2022, em [http://home.isa.utl.pt/~tmh/aboutme/Informacao\\_bioclimatologica.html](http://home.isa.utl.pt/~tmh/aboutme/Informacao_bioclimatologica.html).  
Acedido em:
- Simard, F., Nchoutpouen, E., Toto, J. C., & Fontenille, D. (2005). Geographic distribution and breeding site preference of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* (Diptera: culicidae) in Cameroon, Central Africa. *Journal of Medical Entomology*, 42(5), 726–731. <https://doi.org/10.1093/jmedent/42.5.726>
- Simmons, C. P., Farrar, J. J., Nguyen, van V. C., & Wills, B. (2012). Dengue. *The New England Journal of Medicine*, 366(15), 1423–1432. <https://doi.org/10.1056/NEJMra1110265>
- Souza, L. R., Colonna, J. G., Comodoro, J. M., & Naveca, F. G. (2022). Using amino acids co-occurrence matrices and explainability model to investigate patterns in Dengue virus proteins. *BMC Bioinformatics*, 23(1), 1–20. <https://doi.org/10.1186/s12859-022-04597-y>
- Statnikov, A., Aliferis, C. F., Hardin, D. P., & Guyon, I. (2011). *A Gentle Introduction to Support Vector Machines in Biomedicine: Volume 1: Theory and Methods*. World Scientific Publishing Company.
- Statnikov, A., Aliferis, C. F., Hardin, D. P., & Guyon, I. (2013). *Gentle introduction to support vector machines in biomedicine, A-volume 2: case studies and benchmarks*. World Scientific Publishing Company.
- Tokars, J. I., Burkom, H., Xing, J., English, R., Bloom, S., Cox, K., & Pavlin, J. A. (2009). Enhancing time-series detection algorithms for automated biosurveillance. *Emerging infectious diseases*, 15(4), 533–539. <https://doi.org/10.3201/eid1504.080616>
- Torres, E. (2005). *Dengue*./Eric Martínez Torres; tradução do espanhol por Rogério Dias. *Rio de Janeiro: Editora Fiocruz*.
- Torto, B., & Tchouassi, D. P. (2024). Chemical Ecology and Management of Dengue Vectors. *Annual Review of Entomology*, 69, 159–182. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-020123-015755>
- Valle, D., Pimenta, D. N., & Cunha, R. V. da. (2015). *Dengue: teorias e práticas* (FIOCRUZ (ed.)).
- van Regenmortel, M. H. V, Fauquet, C. M., D.H.L., B., Carstens, E. B., Estes, M. K., Lemon, S. M., Maniloff, J., Mayo, M. A., McGeoch, D. J., Pringle, C. R., & Wickner, R. B. C. N. Q. R. (2000). *Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses; Seventh report of the international committee on taxonomy of viruses*. Academic Press PP - London.
- Velleman, P. F., & Welsch, R. E. (1981). Efficient computing of regression diagnostics. *The American Statistician*, 35(4), 234–242.
- Vittinghoff, E., Glidden, D.V., Shiboski, S.C., & McCulloch, C.E. (2012). Logistic Regression. *Regression Methods in Biostatistics. Statistics for Biology and Health*. Springer, Boston, MA. [https://doi.org/10.1007/978-1-4614-1353-0\\_5](https://doi.org/10.1007/978-1-4614-1353-0_5)
- Weaver, S. C. (1997). Vector biology in viral pathogenesis. In N. Nathanson (Ed.), *Viral Pathogenesis* (329–352). Lippincott-Raven.
- Weaver, S. C., Charlier, C., Vasilakis, N., & Lecuit, M. (2018). Zika, Chikungunya, and Other Emerging Vector-Borne Viral Diseases. *Annual Review of Medicine*, 69, 395–408. <https://doi.org/10.1146/annurev-med-050715-105122>
- Weaver, S. C., & Reisen, W. K. (2010). Present and future arboviral threats. *Antiviral*

- Research*, 85(2), 328–345. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2009.10.008>
- World Health Organization (WHO). (2009). *Dengue guidelines for diagnosis, treatment, prevention and control* (W. D. of control of neglected tropical diseases and TDR (ed.)).
- World Health Organization (WHO). (2014). *A global brief on vector-borne diseases*. <https://iris.who.int/handle/10665/111008>
- World Health Organization (WHO). (2017). "Global Vector Control Response 2017-2030."
- World Health Organization (WHO). (2024). *Promoting Dengue vector surveillance and control*. <https://www.who.int/activities/promoting-Dengue-vector-surveillance-and-control>
- Wu, P. C., Guo, H. R., Lung, S. C., Lin, C. Y., & Su, H. J. (2007). Weather as an effective predictor for occurrence of Dengue fever in Taiwan. *Acta Tropica*, 103(1), 50–57. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2007.05.014>
- Yao, X., Tham, L. G., & Dai, F. C. (2008). Landslide susceptibility mapping based on support vector machine: a case study on natural slopes of Hong Kong, China. *Geomorphology*, 101(4), 572-582.
- Yesilnacar, E., & Topal, T. A. M. E. R. (2005). Landslide susceptibility mapping: a comparison of logistic regression and neural networks methods in a medium scale study, Hendek region (Turkey). *Engineering Geology*, 79(3-4), 251-266.
- Yoo, E. H. (2013). Exploring space-time models for West Nile virus mosquito abundance data. *Applied Geography*, 45, 203-210. <https://doi.org/10.1016/j.apgeog.2013.09.007>
- Young, S. G., & Jensen, R. R. (2012). Statistical and visual analysis of human West Nile virus infection in the United States, 1999–2008. *Applied Geography*, 34, 425-431. <https://doi.org/10.1016/j.apgeog.2012.01.008>
- Young, S. G., Tullis, J. A., & Cothren, J. (2013). A remote sensing and GIS-assisted landscape epidemiology approach to West Nile virus. *Applied Geography*, 45, 241-249. <https://doi.org/10.1016/j.apgeog.2013.09.022>



# Anexos

## Anexo 1. Quadro de todas as variáveis utilizadas

Dados	Fonte	Escala	Resolução	Ano	
1. <i>Aedes albopictus</i>	INSA	Portugal Continental	Pontos	2017 - 2020	ETRS_1989_Portugal_TM06
2. Índice de dependência total 3. Índice de dependência total de homens 4. Índice de dependência total de mulheres 5. Índice de dependência de jovens 6. Índice de dependência de jovens de homens 7. Índice de dependência de jovens de mulheres 8. Índice de dependência de idosos 9. Índice de dependência de idosos de homens 10. Índice de dependência de idosos de mulheres 11. Percentagem de homens residentes 12. Percentagem de mulheres residentes 13. Índice de masculinidade 14. Dimensão média da família 15. Percentagem de indivíduos residentes a estudarem no município de residência 16. Percentagem de indivíduos residentes a frequentar um curso superior 17. Percentagem de indivíduos residentes com um curso superior completo 18. Taxa de analfabetismo 19. Percentagem de indivíduos residentes empregados 20. Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor primário 21. Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor secundário 22. Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor terciário 23. Percentagem de indivíduos residentes desempregados 24. Percentagem de indivíduos residentes desempregados à procura do 1º emprego 25. Percentagem de indivíduos residentes desempregados à procura de novo emprego 26. Percentagem de indivíduos residentes pensionistas ou reformados 27. Percentagem de indivíduos residentes sem atividade económica 28. Percentagem de indivíduos residentes a trabalharem fora do município de residência 29. Percentagem de alojamentos familiares clássicos de residência habitual arrendados 30. Densidade de pessoas por alojamento 31. Percentagem de alojamentos familiares não clássicos 32. Índice de envelhecimento (Nº) dos edifícios 33. Percentagem de Edifícios clássicos isolados 34. Percentagem de Edifícios clássicos geminados 35. Percentagem de Edifícios clássicos em banda 36. Percentagem de Outro tipo de edifício clássico 37. Percentagem Edifícios com estrutura de betão armado 38. Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de alvenaria com placa 39. Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de alvenaria sem placa 40. Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de adobe ou alvenaria de pedra solta 41. Percentagem de Edifícios com outro tipo de estrutura 42. Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com água 43. Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com retrete 44. Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com esgotos	INE	Subsecção	10x10	2011	ETRS_1989_Portugal_TM06

45. Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com banho					
46. Ganho médio mensal – total 47. Poder de compra per capita 48. Valor médio dos prédios transacionados urbanos 49. Resíduos urbanos recolhidos por habitante	PORDATA	Município	10x10	2019	ETRS_1989_Portugal_TM06
50. Coeficiente de Gini do rendimento bruto declarado deduzido do IRS liquidado por sujeito passivo	INE	Município	10x10	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
51. Habitantes por centro de saúde e extensão - por município 52. Habitantes por farmácia e por posto de farmacêutico móvel	PORDATA	Município	10x10	2019	ETRS_1989_Portugal_TM06
53. Hospitais	WebScraping	Freguesia	Pontos		ETRS_1989_Portugal_TM06
54. Farmácias	WebScraping	Freguesia	Pontos		ETRS_1989_Portugal_TM06
55. Rede de estradas	Here (Road)	Portugal Continental	Linhas	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
56. COS (Urbano)	DGT	Portugal Continental	10x10	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
57. COS (Floresta)	DGT	Portugal Continental	10x10	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
58. COS (Agricultura)	DGT	Portugal Continental	10x10	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
59. COS (Água)	DGT	Portugal Continental	10x10	2018	ETRS_1989_Portugal_TM06
60. Temperatura média do mês mais quente do ano ( <b>Tmax</b> ) 61. Temperatura média do mês mais frio do ano ( <b>Tmin</b> ) 62. Temperatura positiva anual ( <b>Tp</b> ) 63. Precipitação positiva ( <b>Pp</b> ) 64. Temperatura média das máximas do mês mais frio ( <b>M</b> ) 65. Temperatura média das mínimas do mês mais frio ( <b>m</b> ) 66. Índice de continentalidade simples ( <b>Ic</b> ) 67. Índice de termicidade ( <b>It</b> ) 68. Índice de termicidade compensado ( <b>Itc</b> ) 69. Índice ombrotérmico anual ( <b>Io</b> ) 70. Índice ombrotérmico do bimestre mais quente do trimestre estival ( <b>Ios2</b> ) 71. Índice ombrotérmico do trimestre estival ( <b>Ios3</b> ) 72. Índice ombrotérmico do trimestre estival e do mês imediatamente anterior ( <b>Ios4</b> ) 73. Ombrótipos equivalentes em ano seco 74. Ombrótipos equivalentes em ano húmido 75. Precipitação positiva anual em ano seco – corresponde ao mapa da precipitação em ano seco de Nicolau (2002) (PP_sec) 76. Precipitação positiva anual em ano húmido – corresponde ao mapa da precipitação em ano húmido de Nicolau (2002) (PP_hum) 77. Ombrótipos 78. Índice ombrotérmico equivalente em ano seco (Io_sec) 79. Índice ombrotérmico equivalente em ano húmido (Io_hum) 80. Anomalia do índice ombrotérmico em ano seco (anom_sec) 81. Anomalia do índice ombrotérmico em ano húmido (anom_hum)	ISA	Portugal Continental	10x10	1961 - 1990	ETRS_1989_Transverse_Mercator

## Anexo 2. Quadro resumo da revisão bibliográfica, que serviu de base para a escolha das variáveis finais

Fator	Indicador referido no artigo	Referência	Importância da variável no artigo	Variável a ser utilizada
Sociodemográfico	-População; -Densidade populacional	-Silva <i>et al.</i> , 2018; -Joyce <i>et al.</i> , 2021; -Dickin <i>et al.</i> , 2013; -Moreno-Banda <i>et al.</i> , 2017; -Rees <i>et al.</i> , 2018; -Lippi <i>et al.</i> , 2018; -Zafar <i>et al.</i> , 2021	-Medir grau de vulnerabilidade da população numa determinada área; -Preditor da dengue e variável de controle em todos os modelos (pop/área do município); -Relação de transmissão da dengue com áreas densamente povoadas; -Influência a incidência dos casos da dengue;	-Total de indivíduos residentes; OU Densidade populacional (calcular através do uso do solo);

			-Deteção; -Para selecionar os participantes da pesquisa;	
Sociodemográfico	-Idade abaixo de 15 anos; -Idade; -Idade média do chefe da família (anos); -Idade média do agregado familiar (anos); -Proporção de agregados familiares com menos de 15 anos; -Proporção de agregados familiares com menos de 5 anos de idade; -Percentagem de dependentes vulneráveis e idosos;	- <b>Dickin et al., 2013;</b> - <b>Constant et al., 2020;</b> - <b>Lippi et al., 2018</b> - <b>Charette et al., 2020;</b> - <b>Zafar et al., 2021;</b> - <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b>	-Fator de suscetibilidade para a dengue; -Fator de influência na incidência; -Correlação negativa com vários fatores demográficos; -Fator preditor de comportamento e que afetam a exposição à infeção; -Fator de risco/suscetibilidade individual - crianças até 15 anos têm maior suscetibilidade à dengue do que a população adulta;	-Índice de dependência total (e homens e mulheres); -Índice de dependência de idosos (e homens e mulheres); -Índice de dependência de jovens (e homens e mulheres);
Sociodemográfico	-Sexo; -A chefe da casa é uma mulher	- <b>Constant et al., 2020;</b> - <b>Lippi et al., 2018;</b> - <b>Charette et al., 2020;</b> - <b>Zafar et al., 2021</b>	-Fator de influência, supostamente as mulheres têm mais cuidados de saúde; -Correlação negativa com vários fatores demográficos; -Preditor de comportamento e que afetam a exposição à infeção; -Fator de risco/suscetibilidade individual – sensibilidade física de um indivíduo;	-Percentagem de homens residentes; -Percentagem de mulheres residentes; -Índice de masculinidade;
Sociodemográfico	-As pessoas emigram para trabalhar;	- <b>Lippi et al., 2018;</b>	-Fator de influência na incidência;	-População estrangeira com estatuto legal de residente: total e por algumas nacionalidades
Sociodemográfico	-Número de membros da família; -Densidade de ocupação domiciliar; -Percentagem de pessoas que moram sozinhas; -Percentagem da população em domicílios com densidade >2; -Mais de quatro pessoas por quarto; -Pessoas por família;	- <b>Constant et al., 2020;</b> - <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b> - <b>Lippi et al., 2018;</b>	-Fator de influência na incidência;	-Famílias clássicas com 1 ou 2 pessoas; -Famílias clássicas com 3 ou 4 pessoas; -Dimensão média da família
Sociodemográfico	-Expectativa de vida no nascimento; -Índice de longevidade;	- <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b>	-Fator de influência na incidência;	-Índice de longevidade
Sociodemográfico	-Frequência escolar; -Nível de educação/instrução feminino; -Nível de educação; -Percentagem de pessoas em domicílios onde ninguém completou o ensino fundamental/básico; -Percentagem de indivíduos de 15 a 24 anos que não estudam, não trabalham e são vulneráveis; - Chefe da família tem ensino fundamental/básico ou menos; -Chefe de família tem ensino médio; -Chefe de família tem ensino superior;	- <b>Joyce et al., 2021;</b> - <b>Dickin et al., 2013;</b> - <b>Constant et al., 2020;</b> - <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b> - <b>Lippi et al., 2018;</b>	-Fator de risco e predição; -Fator de suscetibilidade para a dengue; -Fator de influência na incidência;	-Percentagem de indivíduos residentes a estudarem fora do município de residência;
Sociodemográfico	-Taxa de analfabetismo; -Analfabetismo -Percentagem de analfabetas/analfabetismo acima dos 15 anos; -Taxa de alfabetização feminina;	- <b>Joyce et al., 2021;</b> - <b>Moreno-Banda et al., 2017;</b> - <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b> - <b>Zafar et al., 2021</b>	-Fator de risco e predição, quando sobe o risco da dengue desce a variável e vice-versa; -Influencia a incidência dos casos da dengue; -Famílias com maior escolaridade e alfabetização feminina possuem maiores capacidades adaptativas;	-Taxa de analfabetismo;
Sociodemográfico	-Atividade profissional; -Percentagem de desemprego por 10 anos ou mais; -O chefe da família está desempregado;	- <b>Constant et al., 2020;</b> - <b>da Conceição Araújo et al., 2020;</b> - <b>Lippi et al., 2018;</b>	-Fator de influência na incidência;	-Percentagem de indivíduos residentes empregados; -Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor primário; -Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor secundário; -Percentagem de indivíduos residentes empregados no setor terciário; -Percentagem de indivíduos residentes desempregados; -Percentagem de indivíduos residentes desempregados à procura do 1º emprego; -Percentagem de indivíduos residentes desempregados à procura de novo emprego; -Percentagem de indivíduos residentes pensionistas ou reformados; -Percentagem de indivíduos residentes sem atividade económica;

				-Porcentagem de indivíduos residentes a trabalhar fora do município de residência; -Coeficiente de Gini do rendimento bruto declarado deduzido do IRS liquidado por sujeito passivo; -Poder de compra per capita;
Socioeconómico	-Taxa de pobreza -Percentual de pessoas em domicílios vulneráveis à pobreza e onde ninguém tem ensino fundamental/básico completo; -Percentagem de extremamente pobres e pobres; -Percentagem de indivíduos vulneráveis à pobreza; -Percentagem da renda per capita dos extremamente pobres e pobres; -Índice de Gini; -Incidência de pobreza;	-Joyce <i>et al.</i> , 2021; -da Conceição Araújo <i>et al.</i> , 2020; -Zafar <i>et al.</i> , 2021	-Fator de risco e preditor da dengue; -Influência na incidência e na transmissão/infeção; -Índices que mede a desigualdade econômica; -As famílias com baixa renda familiar têm baixa capacidade de investir em saúde;	
Socioeconómico	-Rendimento médio por domicílio; -Rendimento doméstico líquido; -Renda per capita -Percentagem de domicílios particulares permanentes em que o chefe do domicílio recebe mais de 10 salários mínimos; -Percentagem de renda apropriada pelos 20% mais ricos; -Percentagem de renda apropriada pelos 20% mais pobres; -Percentagem de renda apropriada pelos 80% mais pobres; -Percentagem de domicílios particulares permanentes em que o chefe do domicílio recebe até 2 salários mínimos; -Índice de Theil; -Receber remessas;	-Silva <i>et al.</i> , 2018; -Constant <i>et al.</i> , 2020; -da Conceição Araújo <i>et al.</i> , 2020; -Lippi <i>et al.</i> , 2018;	-Influência a incidência dos casos da dengue; -Índices que mede a desigualdade econômica; -Correlação negativa – um aumenta ou diminui e vice-versa;	-Ganho médio mensal;
Sociodemográfico	-Acesso aos cuidados de saúde; -Distância média até o hospital; -Necessidades básicas que não são satisfeitas - (qualidade de habitação, acesso a cuidados de saúde);	-Dickin <i>et al.</i> , 2013; -Charette <i>et al.</i> , 2020; -Rees <i>et al.</i> , 2018;	-Fator de suscetibilidade para a dengue; -Influência no atendimento médico e qualidade de cuidados e diagnóstico;	-Habitantes por centro de saúde e extensão – por município; -Habitantes por farmácia e por posto de farmacêutico móvel por município;
Sociodemográfico/ Socioeconómico	-Casas alugadas;	-Lippi <i>et al.</i> , 2018;	-Fator de influência da incidência;	-Percentagem de alojamentos familiares clássicos de residência habitual arrendados;
Sociodemográfico	-Domicílios particulares permanentes; -Ocupação da habitação/ Sobrelocação da habitação; -Mais de um domicílio por estrutura; -Domicílios desocupados;	-Silva <i>et al.</i> , 2018; -Moreno-Banda <i>et al.</i> , 2017; -Lippi <i>et al.</i> , 2018;	-Afirma-se que a transmissão ocorre nos domicílios; -Fator que influencia a incidência dos casos da dengue;	-Densidade de pessoas por alojamento;
Sociodemográfico	-Qualidade da habitação; -Percentagem de domicílios improvisados; -Percentagem de casas com paredes inadequadas; -Condições de vida ou qualidade da moradia; -Necessidades básicas que não são satisfeitas - (qualidade de habitação, acesso a cuidados de saúde); -Percentagem das casas com fundação de cimento; -Percentagem das casas com piso de tijolos de cimento; -Percentagem das casas com cerâmica; -Percentagem com piso de terra; -Casas com piso de terra batida/“chão de terra”;	-Dickin <i>et al.</i> , 2013; -da Conceição Araújo <i>et al.</i> , 2020; -Zafar <i>et al.</i> , 2021; -Rees <i>et al.</i> , 2018; -Joyce <i>et al.</i> , 2021; -Moreno-Banda <i>et al.</i> , 2017;	-Fator de suscetibilidade para a dengue, contribui para a expansão; -Fator de influência na incidência; -Fator preditor e de risco;	-Percentagem de alojamentos familiares não clássicos; -Índice de envelhecimento (Nº) dos edifícios; -Percentagem de Edifícios clássicos isolados; -Percentagem de Edifícios clássicos geminados; -Percentagem de Edifícios clássicos em banda; -Percentagem de Outro tipo de edifício clássico; -Percentagem Edifícios com estrutura de betão armado; -Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de alvenaria com placa; -Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de alvenaria sem placa; -Percentagem de Edifícios com estrutura de paredes de adobe ou alvenaria de pedra solta; -Percentagem de Edifícios com outro tipo de estrutura;
Sociodemográfico	-Percentagem das casas com água potável; -Água e saneamento; -Percentagem da população em domicílios com água encanada; -Percentagem da população em domicílios com banheiros e água encanada; -Água encanada dentro de casa; -Pessoas em casa bebem água da torneira;	-Joyce <i>et al.</i> , 2021; -Dickin <i>et al.</i> , 2013; -da Conceição Araújo <i>et al.</i> , 2020; -Lippi <i>et al.</i> , 2018;	-Fator preditor e de risco; -Fator de influência na incidência;	-Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com água;
Sociodemográfico	-Percentagem de casas com serviço de saneamento; -Água e saneamento; -Percentagem da população em domicílios com banheiros e água encanada;	-Joyce <i>et al.</i> , 2021; -Dickin <i>et al.</i> , 2013; -da Conceição Araújo <i>et al.</i> , 2020; -Zafar <i>et al.</i> , 2021;	-Fator preditor e de risco; -Fator determinante da suscetibilidade para a dengue; -Fator de influência da incidência;	-Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com retrete; -Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com esgotos; -Percentagem de Alojamentos familiares de residência habitual com banho;

	-Tipo de banheiro; -Esgoto Municipal;	<b>-Lippi et al., 2018;</b>		
Sociodemográfico	-Porcentagem das casas com serviço municipal de lixo; -Porcentagem da população em domicílios com acesso a serviços de coleta de lixo; -Coleta de lixo municipal;	<b>-Joyce et al., 2021;</b> <b>-da Conceição Araújo et al., 2020;</b> <b>-Lippi et al., 2018;</b>	-Fator preditor e de risco; -Fator de influência na incidência;	-Resíduos urbanos recolhidos por habitante;
Acessibilidade	-Conectividade Rodoviária Intermunicipal; -Densidade de estradas; -Acesso a estradas pavimentadas;	<b>-Rees et al., 2018;</b> <b>-Lippi et al., 2018;</b>	-Movimento local de pessoas para espalhar o ZIKV;	Rede de estradas
Ambiental	-Área não florestal; -Uso do solo/coberto vegetal (Urbano, agrícola/plantação, vegetal mista/agrícola, florestal); -Uso do solo; -Uso e ocupação/cobertura do solo (floresta, plantações, terras de cultivo, ou usos da terra construída);	<b>-Joyce et al., 2021;</b> <b>-Dickin et al., 2013;</b> <b>-Lippi et al., 2018;</b> <b>-Zafar et al., 2021;</b>	-Fator preditor e de risco; -Os ambientes humanos são favorecidos pelo <i>Aedes aegypti</i> e ambientes naturais como as plantações pelo <i>Aedes albopictus</i> ;	COS (Urbano, Floresta, Agricultura e Água)
Bioclimatológico	-Temperatura média anual (acumulada); -Temperatura máxima; -Temperatura máxima e mínima; -Temperatura média (período de estudo, diária, diurna, noturna); -Temperatura (máxima, mínima e média); -Temperatura média;	<b>-Joyce et al., 2021;</b> <b>-Dickin et al., 2013;</b> <b>-Moreno-Banda et al., 2017;</b> <b>-Rees et al., 2018;</b> <b>-Charette et al., 2020;</b> <b>-Zafar et al., 2021;</b>	-Fator preditor e de risco; -Associado a reprodução dos mosquitos; -Fator que influencia a incidência dos casos da dengue; -Influência nas taxas reprodução e dos vetores e transmissão do ZIKV; -Fator preditor e forte relação com dengue e fatores como idade, sexo e distrito; -Favorece a reprodução vetorial, como postura de ovos, eclosão de ovos e desenvolvimento de larvas e pupas;	-Temperatura média do mês mais quente do ano ( <b>Tmax</b> ) -Temperatura média do mês mais frio do ano ( <b>Tmin</b> ) -Temperatura positiva anual ( <b>Tp</b> ) -Temperatura média das máximas do mês mais frio (M) -Temperatura média das mínimas do mês mais frio (m) -Índice de termicidade (It) -Índice de termicidade compensado (Itc) -Índice ombrotérmico anual (Io) -Índice ombrotérmico do bimestre mais quente do trimestre estival (Ios2) -Índice ombrotérmico do trimestre estival (Ios3) -Índice ombrotérmico do trimestre estival e do mês imediatamente anterior (Ios4)
Bioclimatológico	-Precipitação acumulada; -Precipitação semanal acumulada; -Precipitação total (período de estudo, semanal);	<b>-Joyce et al., 2021;</b> <b>-Dickin et al., 2013;</b> <b>-Moreno-Banda et al., 2017;</b> <b>-Rees et al., 2018;</b> <b>-Charette et al., 2020;</b> <b>-Zafar et al., 2021;</b>	-Fator preditor e de risco (correlação negativa -quando um aumenta, outro diminui); -Associado a reprodução dos mosquitos; -Fator preditor e forte relação com dengue; -Geração de habitats aquáticos para oviposição;	-Precipitação positiva (Pp) -Precipitação positiva anual em ano seco – corresponde ao mapa da precipitação em ano seco de Nicolau (2002) (PP_sec) -Precipitação positiva anual em ano húmido – corresponde ao mapa da precipitação em ano húmido de Nicolau (2002) (PP_hum) -Índice ombrotérmico anual (Io) -Índice ombrotérmico do bimestre mais quente do trimestre estival (Ios2) -Índice ombrotérmico do trimestre estival (Ios3) -Índice ombrotérmico do trimestre estival e do mês imediatamente anterior (Ios4)
Bioclimatológico	-Fluxos de humidade;	<b>-Lippi et al., 2018;</b>	-Fator de variabilidade dessas doenças;	-Ombrótipos -Ombrótipos equivalentes em ano seco -Ombrótipos equivalentes em ano húmido -Índice ombrotérmico equivalente em ano seco (Io_sec) -Índice ombrotérmico equivalente em ano húmido (Io_hum) -Anomalia do índice ombrotérmico em ano seco (anom_sec) -Anomalia do índice ombrotérmico em ano húmido (anom_hum)
Bioclimatológico	-Temperatura da superfície do mar;	<b>-Moreno-Banda et al., 2017;</b> <b>-Lippi et al., 2018;</b>	-Fator que influencia a incidência dos casos da dengue; -Fator de variabilidade dessas doenças;	-Índice de continentalidade simples (Ic)