UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS
DEPARTAMENTO DE ESTATÍSTICA

Modelagem dos dados de 2013 referentes às notificações de dengue no estado do Espírito Santo

Segundo trabalho da disciplina de MLG ministrado pelo Prof. Dr. Saulo Morellato.

Alunos:

Orientador: Prof. Dr. Saulo Morellato

Abril
2021

Sumário

1 Descrição dos dados

IntCdAtBca - Proporção de internações por condições sensíveis à Atenção Basica;
CobCondSaud - Cobertura de acompanhamento das condicionalidades de saúde do Programa Bolsa Família;
CobAtBas - Cobertura das equipes atenção básica municipal expresso em percentual da cobertura populacional alcançada pela Atenção Básica;
temp - temperatura média anual;
temp_p10 - percentil 10 das temperaturas durante o ano;
temp_p90 - percentil 90 das temperaturas durante o ano;
precip - precipitação pluviométrica acumulada anual;
umid - média anual da umidade relativa do ar;
umid_p10 - percentil 10 da umidade relativa do ar durante o ano;
umid_p90 - percentil 90 da umidade relativa do ar durante o ano;
alt - altitude da sede municipal;
ifdm_saude - Índice Firjan de Desenvolvimento Municipal-IFDM para saúde;
ifdm_edu - Índice Firjan de Desenvolvimento Municipal-IFDM para educação;
ifdm_emprend - Índice Firjan de Desenvolvimento Municipal-IFDM de emprego e renda;
cobveg - índice de cobertura vegetal;
expcosteira - ídice de exposição costeira;
ivc - índice de vulnerabilidade climática;
pobr - proporção de pobres;
ExpAnosEstud - expectativa de anos de estudo;
urb - proporção da população que reside em zona urbana;
menor15 - proporção da população com menos de 15 anos;
maior65 - proporção da população com mais de 65 anos;
adultos - proporção da população entre 15 e 65 anos;
pop - população do município;
area - área do município;
dens - densidade populacional (poparea);
id - identificação;
ano - ano referente às informações; e
dengue - número de notificações municipais de dengue.

2 Análise exploratória

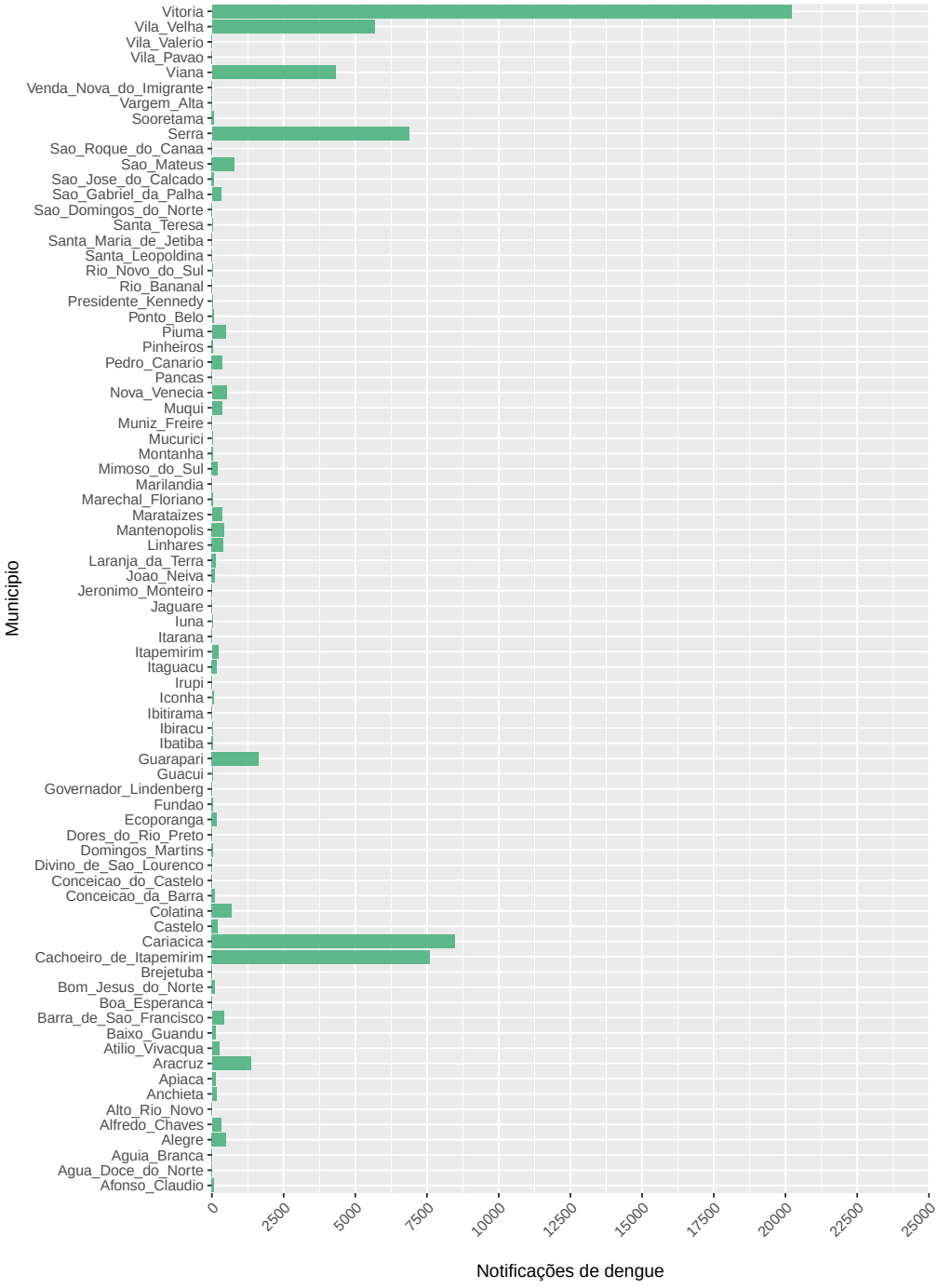


Figura 1: Notificações de dengue por municípios do estado do Espírito Santo.

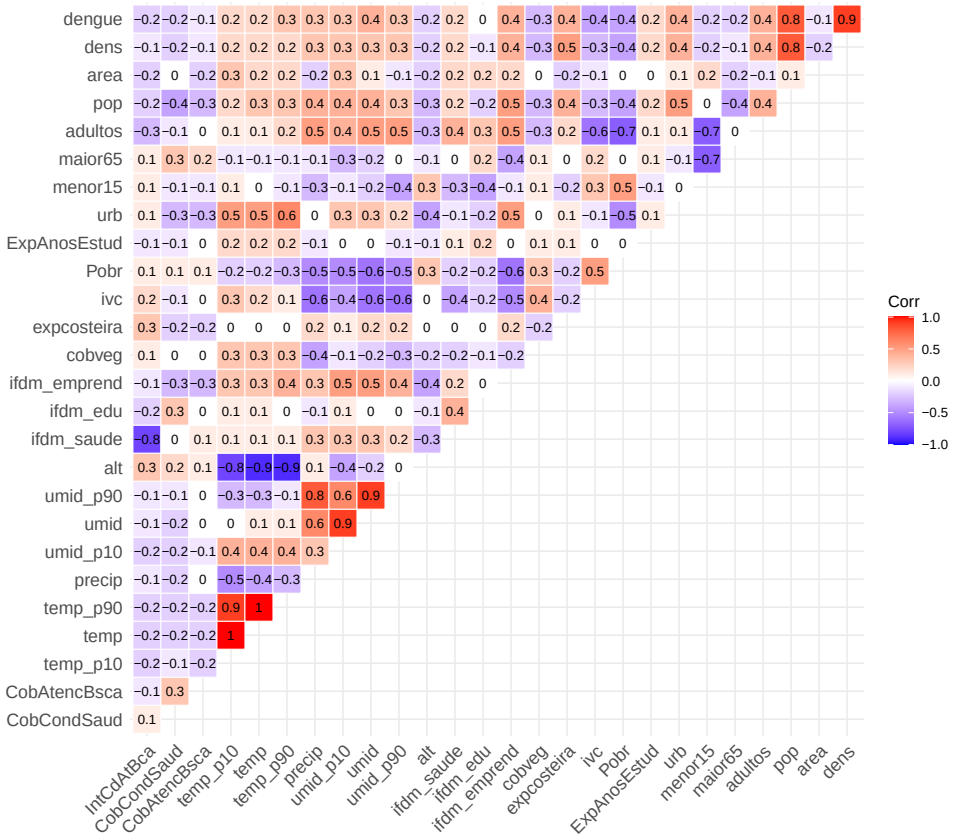


Figura 2: Gráfico de correlação entre as covariáveis.

3 Construção do modelo

A primeira coisa a se fazer para termos um modelo de regressão é verificar se é possível utilizar a regressão linear, sendo que, nesse modelo a nossa variável resposta tem de apresentar uma distribuição aproximadamente normal.

Como temos a nossa variável de interesse como um dado de contagem, sendo esses dados com valores baixos, não é correto que ajustemos um modelo linear simples, sendo então necessário um modelo específico, no caso temos duas distribuições principais que podem ser melhores ajustes:

- Poisson
- Binomial Negativa

3.1 Modelo Poisson

Como vimos, a variável independente do modelo possui um formato que condiz com o de uma distribuição Poisson, temos, também que Y_i são independentes $\forall i \leq n$, onde cada unidade experimental é o município.

3.1.1 Definição do modelo

Utilizando uma função de ligação logarítmica temos um modelo inicial utilizando todas as variáveis na forma sistemática abaixo

$$log(\lambda_i) = \alpha + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \cdots + \beta_{26} x_{26i}$$

3.1.2 Modelo considerando todas as covariáveis

Ajustando um modelo com todas as 26 covariáveis e realizando a seleção de variáveis pelo método __AIC__ temos suas informações abaixo:

```
Call:
glm(formula = dengue ~ IntCdAtBca + CobCondSaud + CobAtencBsca +
    temp_p10 + temp + temp_p90 + precip + umid_p10 + umid + umid_p90 +
    alt + ifdm_saude + ifdm_edu + ifdm_emprend + cobveg + expcosteira +
    ivc + Pobr + ExpAnosEstud + urb + menor15 + maior65 + pop +
    area + dens, family = poisson, data = data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-76.799   -8.593   -3.737    2.188   80.479
```

```
Coefficients:
               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   5.625e+00  5.033e-01  11.177  < 2e-16 ***
IntCdAtBca   -1.841e-02  7.551e-04 -24.376  < 2e-16 ***
CobCondSaud  -1.122e-02  2.981e-04 -37.640  < 2e-16 ***
CobAtencBsca -8.239e-04  2.413e-04  -3.415 0.000637 ***
temp_p10      1.541e+00  2.921e-02  52.764  < 2e-16 ***
temp         -1.732e+00  4.962e-02 -34.911  < 2e-16 ***
temp_p90      4.375e-01  2.323e-02  18.835  < 2e-16 ***
precip        1.020e-03  2.390e-05  42.688  < 2e-16 ***
umid_p10     -3.788e-02  7.191e-03  -5.267 1.39e-07 ***
umid         -2.660e-01  1.490e-02 -17.858  < 2e-16 ***
umid_p90      3.570e-01  9.558e-03  37.357  < 2e-16 ***
alt          -1.478e-03  6.399e-05 -23.103  < 2e-16 ***
ifdm_saude   -4.640e-02  1.012e-03 -45.845  < 2e-16 ***
ifdm_edu      1.186e-02  1.532e-03   7.738 1.01e-14 ***
ifdm_emprend -1.883e-02  4.796e-04 -39.255  < 2e-16 ***
cobveg       -4.985e-03  2.213e-04 -22.522  < 2e-16 ***
expcosteira  -1.826e-02  2.070e-04 -88.190  < 2e-16 ***
ivc          -2.312e-02  3.151e-04 -73.368  < 2e-16 ***
Pobr          1.084e-01  2.277e-03  47.591  < 2e-16 ***
ExpAnosEstud  1.625e-01  1.060e-02  15.325  < 2e-16 ***
urb           4.995e-02  5.676e-04  87.989  < 2e-16 ***
menor15      -3.528e-01  5.361e-03 -65.821  < 2e-16 ***
maior65      -3.859e-01  6.691e-03 -57.672  < 2e-16 ***
pop           4.913e-06  5.292e-08  92.841  < 2e-16 ***
area          2.482e-04  7.988e-06  31.069  < 2e-16 ***
dens          2.018e-04  7.718e-06  26.147  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 630804  on 389  degrees of freedom
Residual deviance:  76437  on 364  degrees of freedom
AIC: 78440

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Vemos que o desvio do resíduo é muito maior que seus graus de liberdade, o que indica um ajuste ruim. Para melhorar nosso modelo vamos reduzir sua dimensão, onde, pela análise descritiva, observamos que algumas covariáveis possuem baixa correlação com a variável resposta _dengue_,

por esse motivo, as retiramos do modelo, são essas variáveis _ifdm_edu_ e _area_.

Para impedir multicolinearidade observamos altas correlações entre pares de covariáveis, sendo as mais altas descritas a seguir:

Tabela 1: Pares de covariáveis com as correlações mais altas identificadas:

Variável 1	Variável 2	Correlação
IntCdAtBca	**ifdm_saude**	-0.77960350
temp_p10	**alt**	-0.821314067
temp_p10	**temp**	0.993364738
temp_p10	**temp_p90**	0.946850236
temp	**temp_p90**	0.976276719
temp	**alt**	-0.852298080
temp_p90	alt	-0.884910605
precip	umid_p90	0.79257030
umid_p10	**umid**	0.86471582
umid	umid_p90	0.890202356
umid_p90	**ivc**	-0.63608509
ifdm_emprend	Pobr	-0.62697421
Pobr	**adultos**	-0.708001527
menor15	**maior65**	-0.690958203
menor15	**adultos**	-0.715345068
pop	**dens**	0.78260681

Para nosso modelo escolhemos, então, seguir com a variávei mais correlata com a variável resposta entre os pares da tabela acima, o que nos deixou com um modelo com as 15 variáveis abaixo:

- CobCondSaud
- CobAtencBsca
- temp_p90
- precip
- umid
- ifdm_saude
- ifdm_emprend
- cobveg

- expcosteira
- ivc
- ExpAnosEstud
- urb
- maior65
- adultos
- dens

3.1.3 Modelo com seleção de covariáveis

Com o modelo descrito acima obtivemos, também com a seleção de variáveis pelo _AIC_, os seguintes resultados:

```
Call:
glm(formula = dengue ~ CobCondSaud + CobAtencBsca + temp_p90 +
    precip + umid + ifdm_saude + ifdm_emprend + cobveg + expcosteira +
    ivc + ExpAnosEstud + urb + maior65 + adultos + dens, family = poisson,
    data = data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-79.650   -9.002   -3.851    2.948   89.358

Coefficients:
               Estimate Std. Error  z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.780e+01  3.944e-01  -45.134   <2e-16 ***
CobCondSaud  -2.518e-02  2.579e-04  -97.636   <2e-16 ***
CobAtencBsca -1.032e-02  1.740e-04  -59.317   <2e-16 ***
temp_p90      4.684e-01  5.163e-03   90.728   <2e-16 ***
precip        1.003e-03  1.466e-05   68.392   <2e-16 ***
umid          2.474e-02  2.743e-03    9.022   <2e-16 ***
ifdm_saude   -2.334e-02  7.268e-04  -32.113   <2e-16 ***
ifdm_emprend -1.566e-02  4.009e-04  -39.069   <2e-16 ***
cobveg       -4.818e-03  1.943e-04  -24.799   <2e-16 ***
expcosteira  -2.103e-02  1.750e-04 -120.217   <2e-16 ***
ivc          -2.860e-02  2.502e-04 -114.313   <2e-16 ***
ExpAnosEstud  2.863e-01  8.079e-03   35.436   <2e-16 ***
urb           3.204e-02  4.126e-04   77.669   <2e-16 ***
maior65      -1.330e-01  3.252e-03  -40.898   <2e-16 ***
```

```
adultos       1.517e-01  3.737e-03   40.599   <2e-16 ***
dens          5.926e-04  6.096e-06   97.212   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 630804  on 389  degrees of freedom
Residual deviance: 101739  on 374  degrees of freedom
AIC: 103722

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Note que em comparação com o modelo completo, em teoria, pioramos a qualidade do ajuste, porém, tiramos as multicolinearidades, que podem ser observadas na tabela com os VIFs de cada variável por modelo abaixo:

Tabela 2: Modelo com variáveis correlatas

	VIF
IntCdAtBca	3.340568
CobCondSaud	4.516761
CobAtencBsca	4.193826
temp_p10	113.647345
temp	301.402079
temp_p90	59.161914
precip	17.075523
umid_p10	90.809074
umid	227.462163
umid_p90	52.120415
alt	3.903644
ifdm_saude	6.531280
ifdm_edu	9.642008
ifdm_emprend	4.907702
cobveg	7.685869
expcosteira	9.610107
ivc	8.212447
Pobr	15.043009
ExpAnosEstud	3.831969
urb	7.619431
menor15	27.804045
maior65	17.626240
pop	11.892503
area	4.290132
dens	17.308483

Tabela 3: Modelo sem variáveis correlatas

	VIF
CobCondSaud	3.380583
CobAtencBsca	2.412786
temp_p90	2.934455
precip	6.425093
umid	7.753469
ifdm_saude	3.234629
ifdm_emprend	3.295120
cobveg	6.045962
expcosteira	7.002723
ivc	4.899843
ExpAnosEstud	2.546300
urb	3.872085
maior65	4.019939
adultos	5.614155
dens	10.987268

Seguimos, agora, para a análise do nosso modelo sem as variáveis correlatas, que nos dá os gráficos abaixo:

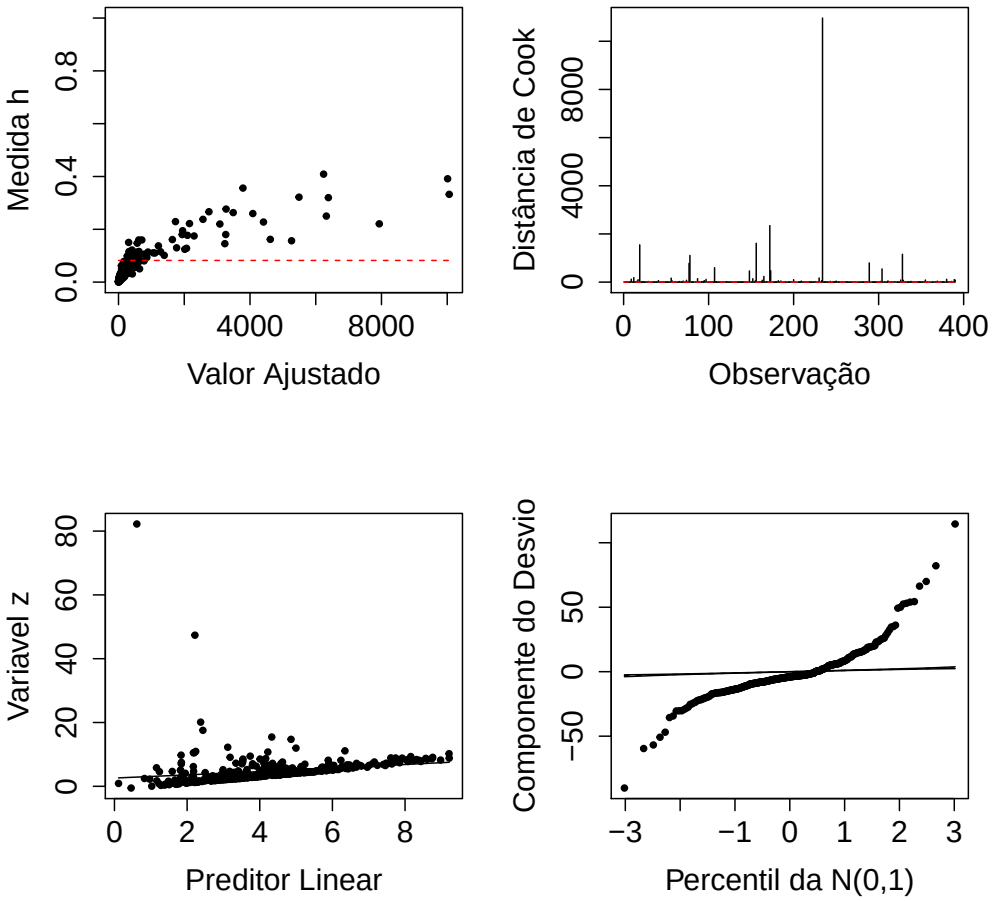


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo sem _offset_.

Como é possível observar pelos gráficos da *Figura*, principalmente pelo gráfico de envelope dos resíduos, temos um modelo superdisperso, o que tentaremos resolver acrescentando um _offset_.

3.1.4 Modelo com _Offset_

Para adicionarmos um dado _offset_ no modelo vemos que ele pode ser a variável _pop_, que indica uma alta variabilidade do tamanho das populações nos municípios. Segue o modelo:

```
Call:
glm(formula = dengue ~ CobCondSaud + CobAtencBsca + temp_p90 +
    precip + umid + ifdm_saude + ifdm_emprend + cobveg + expcosteira +
    ivc + ExpAnosEstud + urb + maior65 + adultos + dens + offset(log(pop)),
    family = poisson, data = data)
```

```
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-76.558   -8.836   -4.680    0.753   71.536

Coefficients:
               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -3.457e+01  3.948e-01 -87.546   <2e-16 ***
CobCondSaud  -9.838e-03  2.650e-04 -37.124   <2e-16 ***
CobAtencBsca  5.798e-03  1.979e-04  29.294   <2e-16 ***
temp_p90      4.254e-01  5.316e-03  80.033   <2e-16 ***
precip        9.829e-04  1.445e-05  68.036   <2e-16 ***
umid          1.046e-01  2.729e-03  38.321   <2e-16 ***
ifdm_saude   -3.633e-02  7.469e-04 -48.638   <2e-16 ***
ifdm_emprend -4.018e-02  4.172e-04 -96.307   <2e-16 ***
cobveg       -3.371e-03  2.019e-04 -16.694   <2e-16 ***
expcosteira  -1.374e-02  1.734e-04 -79.256   <2e-16 ***
ivc          -1.743e-02  2.494e-04 -69.905   <2e-16 ***
ExpAnosEstud  1.261e-01  8.573e-03  14.714   <2e-16 ***
urb           1.829e-02  4.362e-04  41.940   <2e-16 ***
maior65       2.850e-02  3.273e-03   8.708   <2e-16 ***
adultos       1.820e-01  4.011e-03  45.363   <2e-16 ***
dens          6.176e-05  6.065e-06  10.183   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 180512  on 389  degrees of freedom
Residual deviance:  81585  on 374  degrees of freedom
AIC: 83568

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Vemos que, ainda que tenhamos adicionado o dado _offset_, continuamos com um desvio do resíduo super alto, o que significa que o ajuste segue impróprio para o modelo, o que vamos confirmar com a análise dos gráficos do modelo:

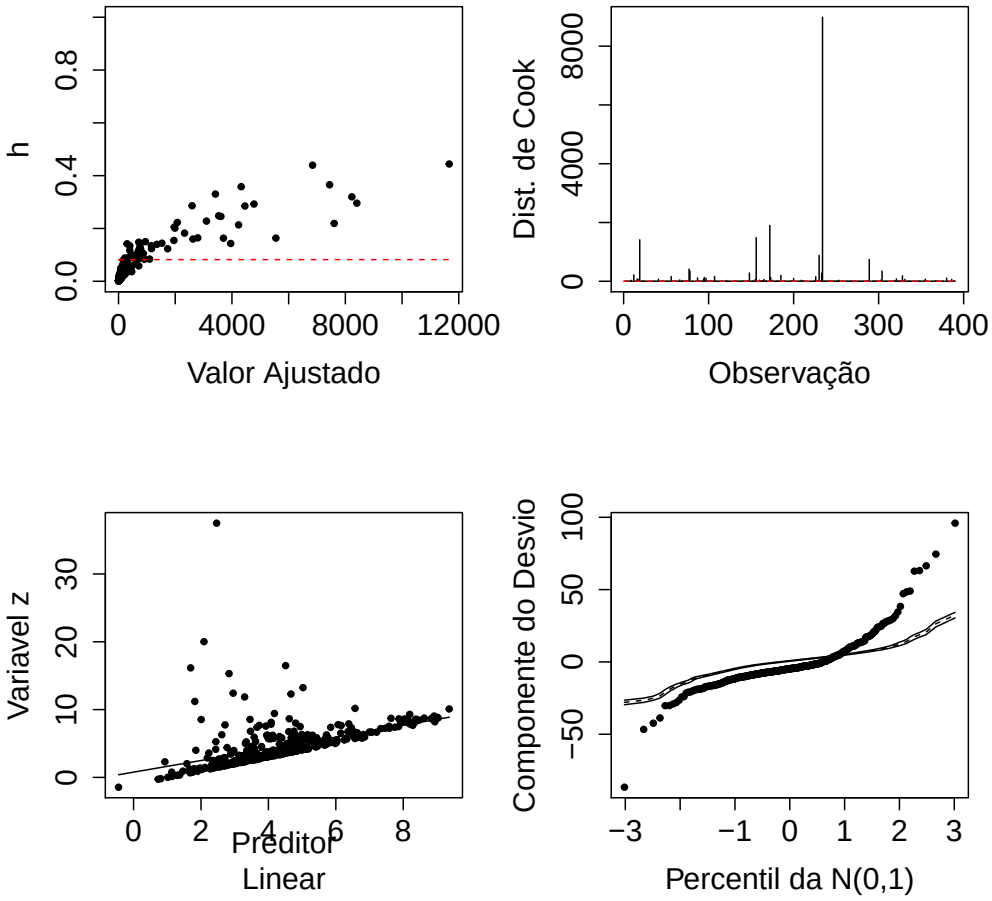


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo com _offset_.

3.1.5 Interpretação e conclusões

Pudemos observar que, mesmo manipulando nosso modelo, continuamos com um ajuste ruim, visto que temos um desvio residual muito maior que os graus de liberdade. Outro indício disso é a sobredispersão observada no gráfico de envelope, o que podemos imaginar que ocorreria, uma vez que temos a média da nossa variável resposta dengue consideravelmente diferente da sua variância, o que não deveria ocorrer, uma vez que a distribuição de Poisson teórica possui média e variância iguais.

Tais constatações nos levam a descartar o modelo Poisson e tentar o ajuste por um modelo Binomial Negativo.

3.2 Modelo Binomial Negativo

O modelo Binomial Negativo por definição não é MLG, entretanto, possui características muito semelhantes e possui uma boa capacidade de capturar um efeito $E(Y_i) < Var(Y_i)$. Que é exatamente o problema encontrado acima.

3.2.1 Definição do modelo

3.2.2 Modelo considerando todas covariáveis

Ajustando um modelo com todas as 26 covariáveis e realizando a seleção de variáveis pelo método AIC temos suas informações abaixo:

```
Call:
glm.nb(formula = dengue ~ IntCdAtBca + CobCondSaud + CobAtencBsca +
    temp_p10 + temp + temp_p90 + precip + umid_p10 + umid + umid_p90 +
    alt + ifdm_saude + ifdm_edu + ifdm_emprend + cobveg + expcosteira +
    ivc + Pobr + ExpAnosEstud + urb + menor15 + maior65 + pop +
    area + dens, data = dados, control = glm.control(maxit = 10),
    init.theta = 0.6843938889, link = log)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.4854  -1.1443  -0.5506   0.1598   2.7259

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   5.245e+00  7.071e+00   0.742 0.458251
IntCdAtBca   -1.163e-03  1.045e-02  -0.111 0.911431
CobCondSaud  -3.125e-03  5.948e-03  -0.525 0.599375
CobAtencBsca -1.088e-02  3.909e-03  -2.784 0.005368 **
```

```
temp_p10      2.693e+00  4.576e-01   5.884 4.00e-09 ***
temp         -3.413e+00  8.168e-01  -4.179 2.93e-05 ***
temp_p90      7.658e-01  3.907e-01   1.960 0.049989 *
precip       -3.402e-04  4.300e-04  -0.791 0.428864
umid_p10     -5.855e-01  1.165e-01  -5.026 5.02e-07 ***
umid          7.208e-01  2.638e-01   2.732 0.006294 **
umid_p90     -1.241e-01  1.773e-01  -0.700 0.483826
alt          -2.327e-03  6.240e-04  -3.729 0.000192 ***
ifdm_saude    2.915e-03  1.280e-02   0.228 0.819838
ifdm_edu      3.921e-02  2.018e-02   1.943 0.052027 .
ifdm_emprend -1.227e-02  8.068e-03  -1.521 0.128183
cobveg       -3.692e-03  2.577e-03  -1.433 0.151928
expcosteira   3.554e-03  3.715e-03   0.957 0.338787
ivc          -7.069e-03  5.197e-03  -1.360 0.173718
Pobr          1.136e-02  2.039e-02   0.557 0.577601
ExpAnosEstud -2.875e-02  1.407e-01  -0.204 0.838054
urb           5.166e-02  5.418e-03   9.535  < 2e-16 ***
menor15      -1.248e-01  7.176e-02  -1.739 0.082053 .
maior65      -1.603e-01  9.188e-02  -1.745 0.081000 .
pop           5.650e-06  1.607e-06   3.515 0.000439 ***
area          5.979e-04  1.547e-04   3.866 0.000111 ***
dens         -4.762e-05  2.582e-04  -0.184 0.853673
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.6844) family taken to be 1)

    Null deviance: 1493.98  on 389  degrees of freedom
Residual deviance:  456.93  on 364  degrees of freedom
AIC: 3987.6

Number of Fisher Scoring iterations: 1


              Theta:  0.6844
          Std. Err.:  0.0465
Warning while fitting theta: alternation limit reached

 2 x log-likelihood:  -3933.6290
```

Como aconteceu com o Modelo Poisson, é possivel perceber, com base no desvio residual que o ajuste é ruim. Para corrir isso, faremos o mesmo que foi feito com o Modelo Poisson, ou seja, usaremos as 15 variáveis mais

correlatadas com a variável resposta, sendo elas:

- CobCondSaud
- CobAtencBsca
- temp_p90
- precip
- umid
- ifdm_saude
- ifdm_emprend
- cobveg
- expcosteira
- ivc
- ExpAnosEstud
- urb
- maior65
- adultos
- dens

3.2.3 Modelo com seleção de covariáveis

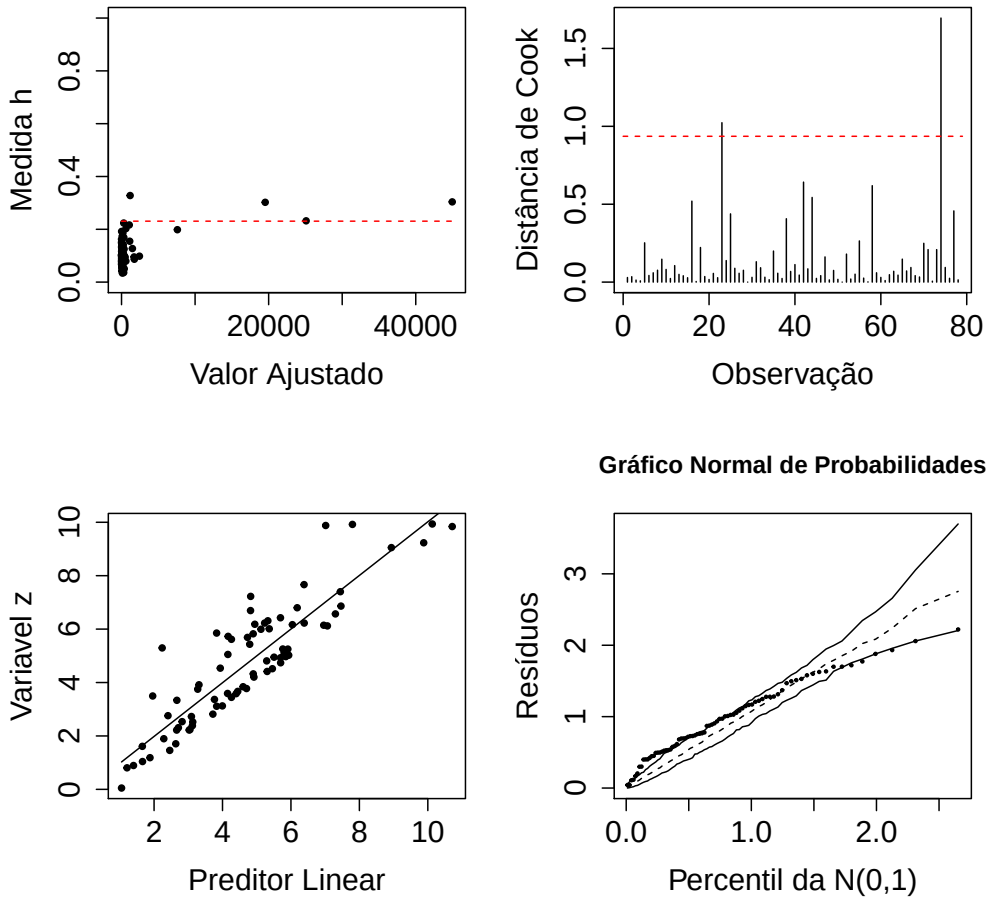
Com o modelo descrito acima obtivemos, também com a seleção de variáveis pelo _AIC_, os seguintes resultados:

```
Call:
glm.nb(formula = dengue ~ CobAtencBsca + temp_p90 + ifdm_saude +
    ifdm_emprend + cobveg + urb + maior65 + pop, data = dados_2013,
    control = glm.control(maxit = 50), init.theta = 0.9549042419,
    link = log)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.2211  -1.1597  -0.5190   0.5277   1.7196
```

```
Coefficients:
               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -9.909e+00  2.488e+00  -3.983  6.8e-05 ***
CobAtencBsca -1.731e-02  6.116e-03  -2.830  0.00466 **
temp_p90      2.597e-01  1.003e-01   2.590  0.00960 **
ifdm_saude    3.859e-02  1.628e-02   2.371  0.01773 *
ifdm_emprend  1.990e-02  1.385e-02   1.436  0.15091
cobveg       -1.410e-02  4.493e-03  -3.139  0.00170 **
urb           5.752e-02  8.886e-03   6.473  9.6e-11 ***
maior65       2.543e-01  8.215e-02   3.095  0.00197 **
pop           4.355e-06  1.837e-06   2.371  0.01776 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.9549) family taken to be 1)

    Null deviance: 387.550  on 77  degrees of freedom
Residual deviance:  89.209  on 69  degrees of freedom
AIC: 912.9

Number of Fisher Scoring iterations: 1


              Theta:  0.955
          Std. Err.:  0.142

 2 x log-likelihood:  -892.899
```

Perceba que, com a escolha de variáveis acima, melhoramos bastante o ajuste do modelo. Gerando os gráficos para o modelo acima, obtemos:

```
Negative binomial model (using MASS package)
```



3.2.4 Modelo com _Offset_

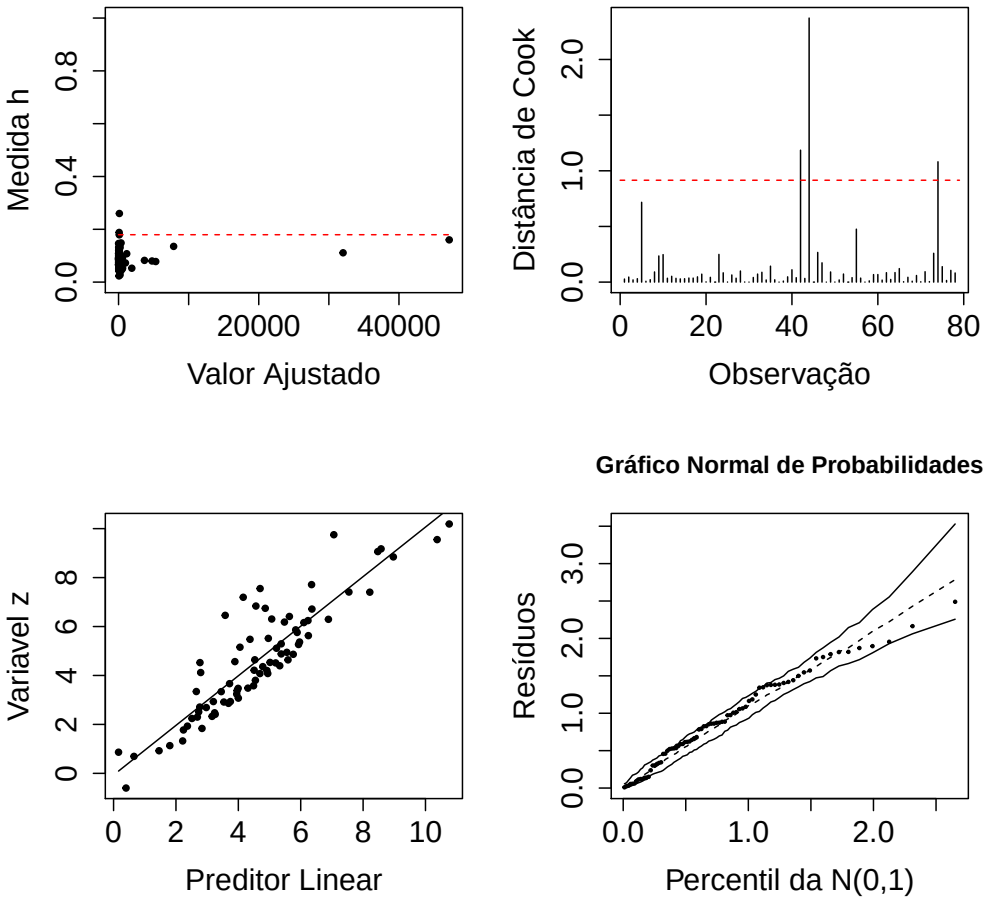
Agora, colocando a variável _pop_ como _Offset_

```
Call:
glm.nb(formula = dengue ~ temp_p90 + umid + cobveg + urb + maior65 +
    adultos + offset(log(pop)), data = dados_2013, control = glm.control(maxit =
    init.theta = 1.108820464, link = log)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.4896  -1.0525  -0.4003   0.4286   1.8971

Coefficients:
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -22.743600   6.472959  -3.514 0.000442 ***
```

```
temp_p90      0.340296   0.091139   3.734 0.000189 ***
umid         -0.131944   0.085253  -1.548 0.121702
cobveg       -0.012231   0.004026  -3.038 0.002381 **
urb           0.041645   0.006909   6.028 1.66e-09 ***
maior65       0.303516   0.071226   4.261 2.03e-05 ***
adultos       0.205808   0.080866   2.545 0.010926 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.1088) family taken to be 1)

    Null deviance: 185.528  on 77  degrees of freedom
Residual deviance:  87.661  on 71  degrees of freedom
AIC: 895.02

Number of Fisher Scoring iterations: 1


              Theta:  1.109
          Std. Err.:  0.168

 2 x log-likelihood:  -879.015
```

A escolha de deixar a variável _pop_ como _Offset_ melhorou o ajuste do modelo, visto que o desvio residual se aproximou um pouco mais dos graus de liberdade, abaixo, temos os gráficos do modelo com _Offset_:

```
Negative binomial model (using MASS package)
```



3.2.5 Interpretação e conclusões