

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	2
2	Análise exploratória	3
3	Construção do modelo	5
3.1	Modelo Poisson	5
3.1.1	Definição do modelo	5
3.1.2	Modelo considerando todas as covariáveis	5
3.1.3	Modelo com seleção de covariáveis	8
3.1.4	Modelo com <code>_Offset_</code>	12
3.1.5	Interpretação e conclusões	15
3.2	Modelo Binomial Negativo	15
3.2.1	Definição do modelo	15
3.2.2	Modelo considerando todas covariáveis	15
3.2.3	Modelo com seleção de covariáveis	17
3.2.4	Modelo com <code>_Offset_</code>	19
3.2.5	Sobre a remoção de pontos influentes	21
3.2.6	Interpretação e conclusões	30

1 Descrição dos dados

IntCdAtBca - Proporção de internações por condições sensíveis à Atenção Básica;

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;

expcoasteira - índice 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

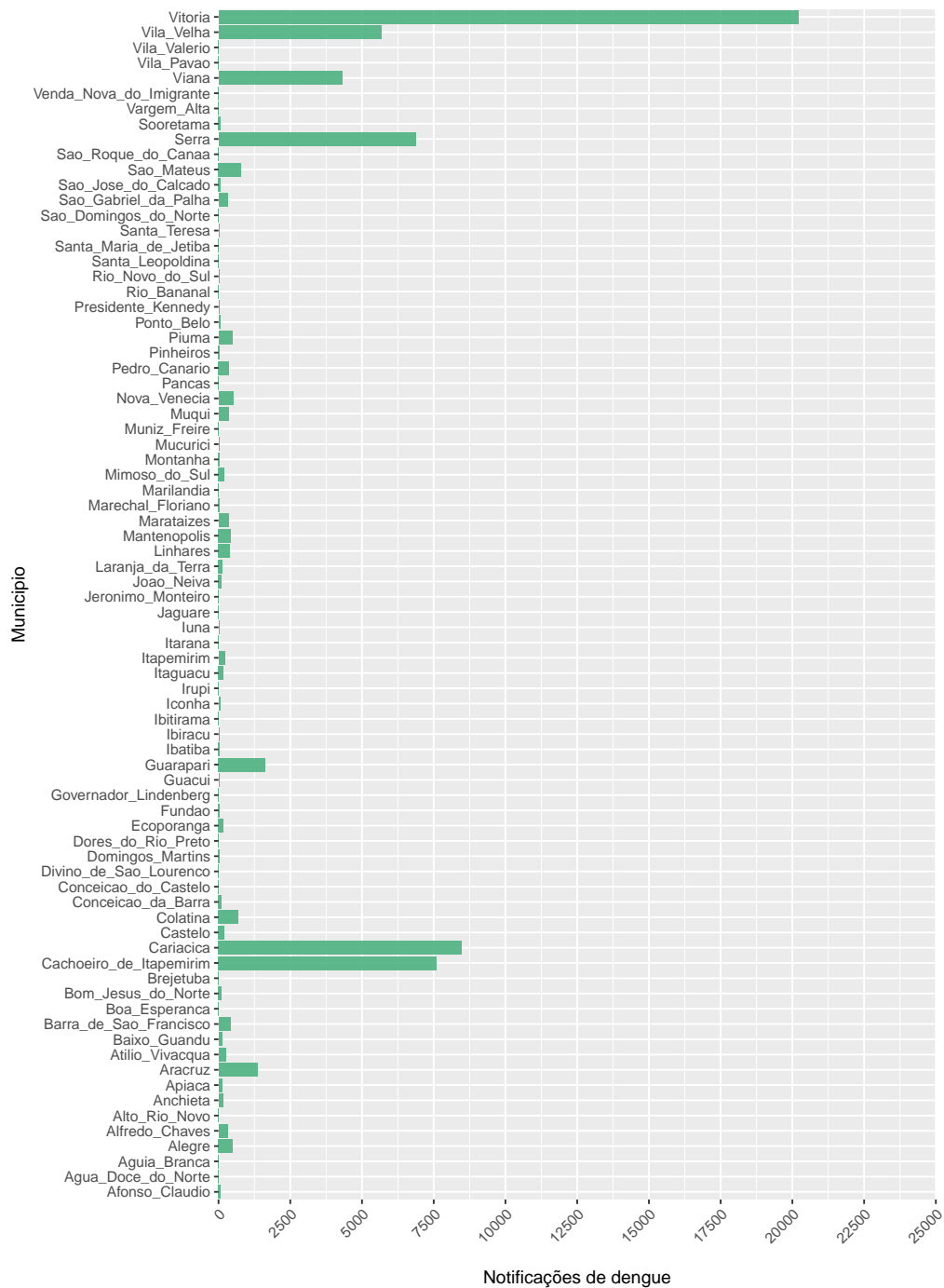


Figura 1: Notificações de dengue por municípios do estado do Espírito Santo.

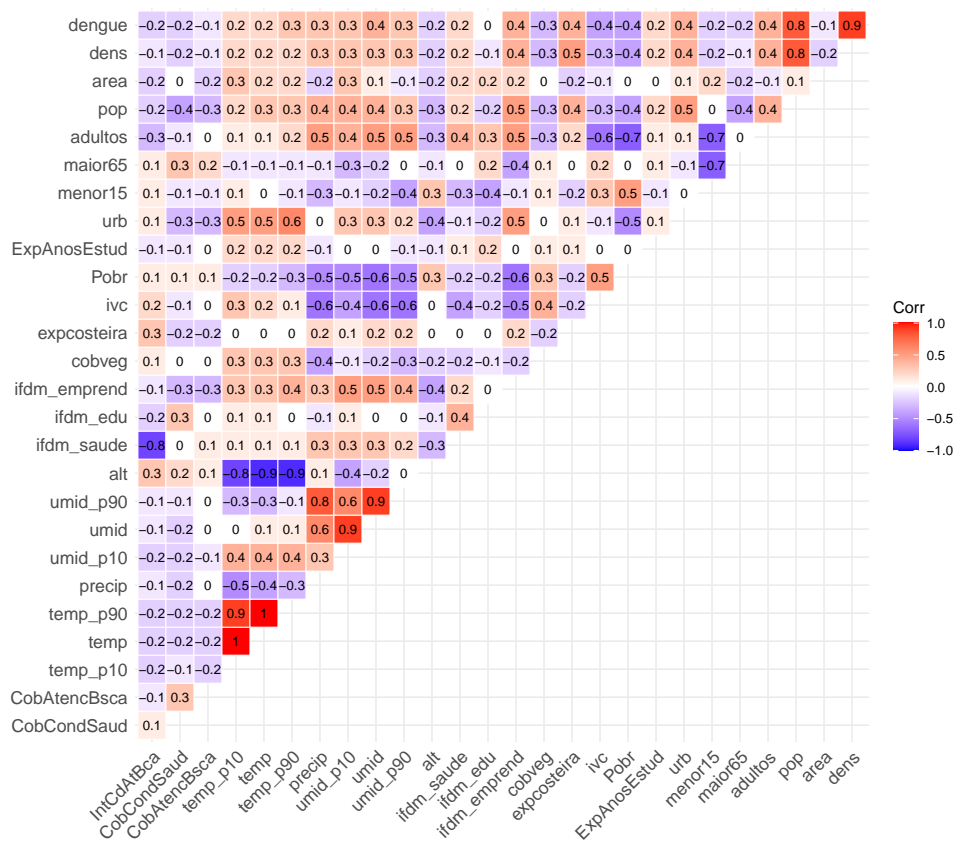


Figura 2: Gráfico de correlação entre as covariáveis.

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 variável 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
expcoasteira	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:

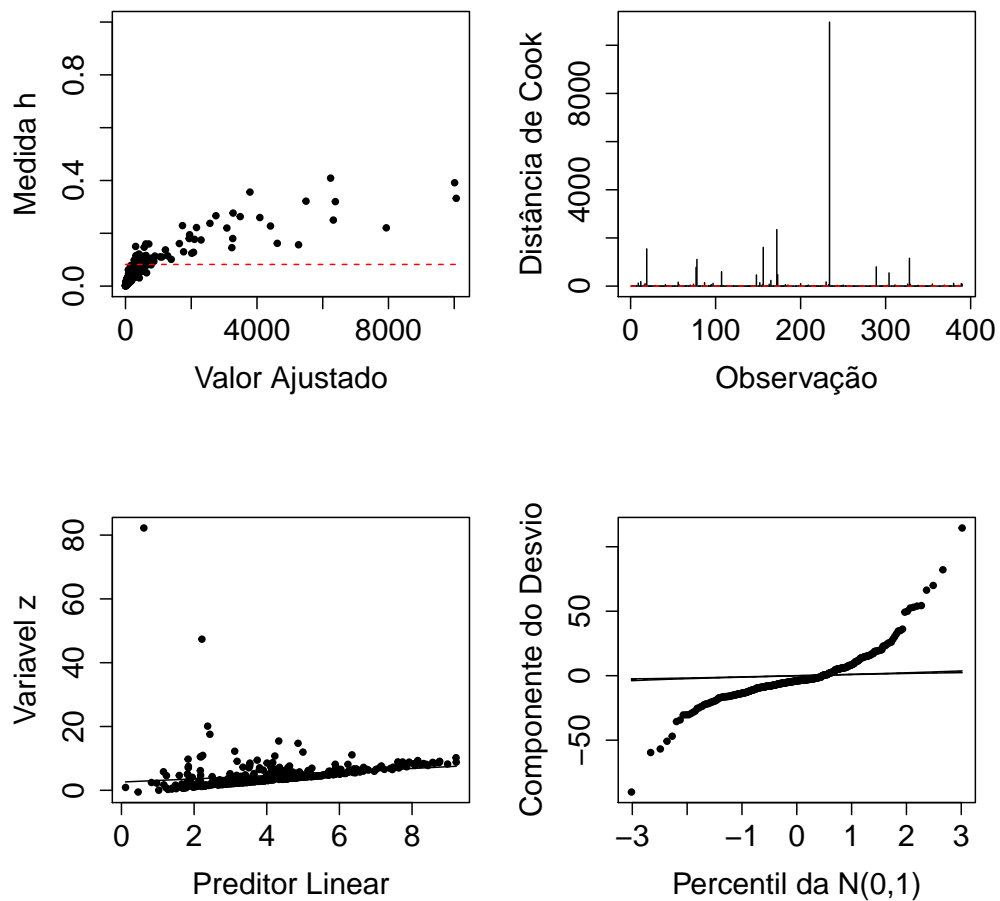


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo sem `_offset_`.

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:

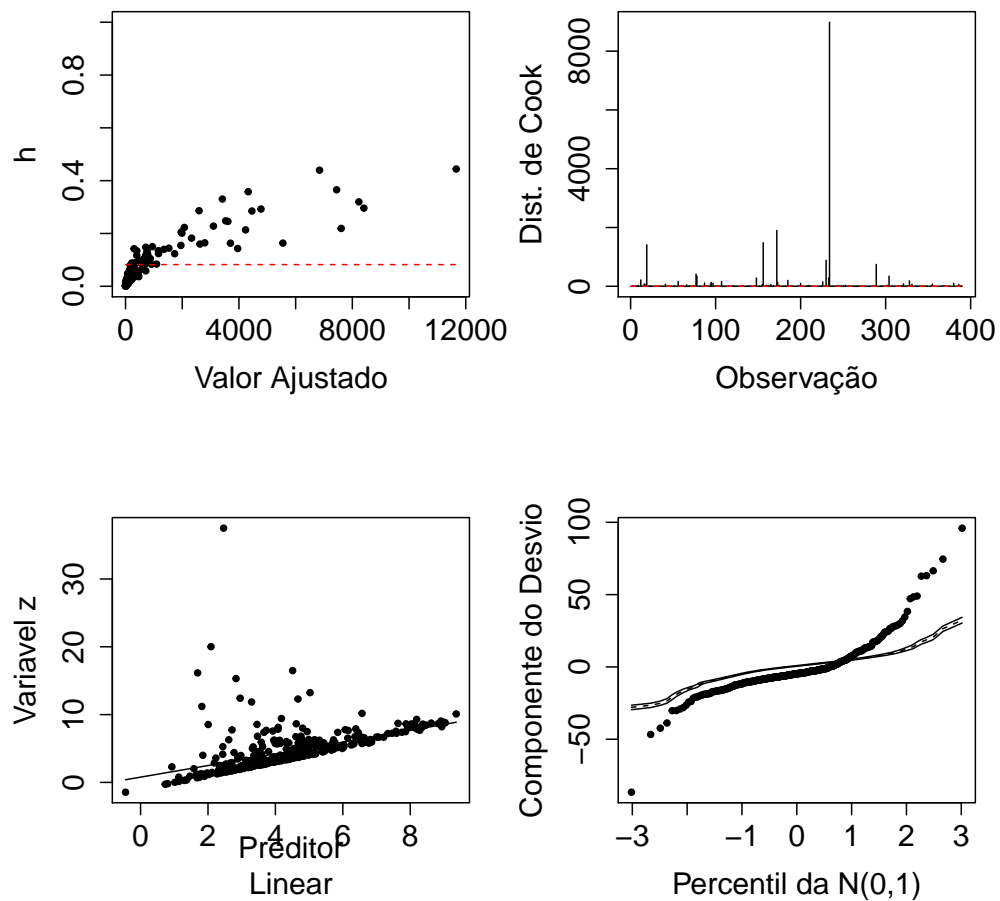


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo com `_offset_`.

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

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

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

3.2.2 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 ~ CobAtencBsca + temp_p10 + temp + temp_p90 +  
      umid_p10 + umid + alt + ifdm_edu + ifdm_emprend + ivc + urb +  
      menor15 + maior65 + pop + area, data = dados, control = glm.control(maxit =  
      init.theta = 0.6787461656, link = log)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4329	-1.1783	-0.5526	0.1411	2.7976

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	5.133e+00	6.101e+00	0.841	0.400165


```

CobAtencBsca -1.062e-02  3.778e-03  -2.811  0.004932 **
temp_p10      2.490e+00  3.730e-01   6.677  2.44e-11 ***
temp         -2.995e+00  6.341e-01  -4.723  2.33e-06 ***
temp_p90      5.525e-01  3.284e-01   1.682  0.092510 .
umid_p10     -5.062e-01  7.104e-02  -7.126  1.03e-12 ***
umid          5.038e-01  9.732e-02   5.176  2.26e-07 ***
alt          -2.248e-03  5.793e-04  -3.881  0.000104 ***
ifdm_edu      4.220e-02  1.823e-02   2.315  0.020639 *
ifdm_emprend -1.557e-02  7.711e-03  -2.019  0.043449 *
ivc          -7.831e-03  4.752e-03  -1.648  0.099358 .
urb           4.974e-02  4.531e-03  10.978  < 2e-16 ***
menor15      -1.197e-01  6.162e-02  -1.943  0.052063 .
maior65      -1.768e-01  8.322e-02  -2.125  0.033580 *
pop           6.195e-06  1.003e-06   6.179  6.47e-10 ***
area          5.633e-04  1.368e-04   4.118  3.82e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.6787) family taken to be 1)

Null deviance: 1482.16  on 389  degrees of freedom
Residual deviance:  457.31  on 374  degrees of freedom
AIC: 3971.4

Number of Fisher Scoring iterations: 1

          Theta:  0.6787
        Std. Err.:  0.0460

2 x log-likelihood:  -3937.3930

```

Como aconteceu com o Modelo Poisson, é possível perceber, com base no desvio residual que o ajuste é ruim. Para corrigir 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_c , 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

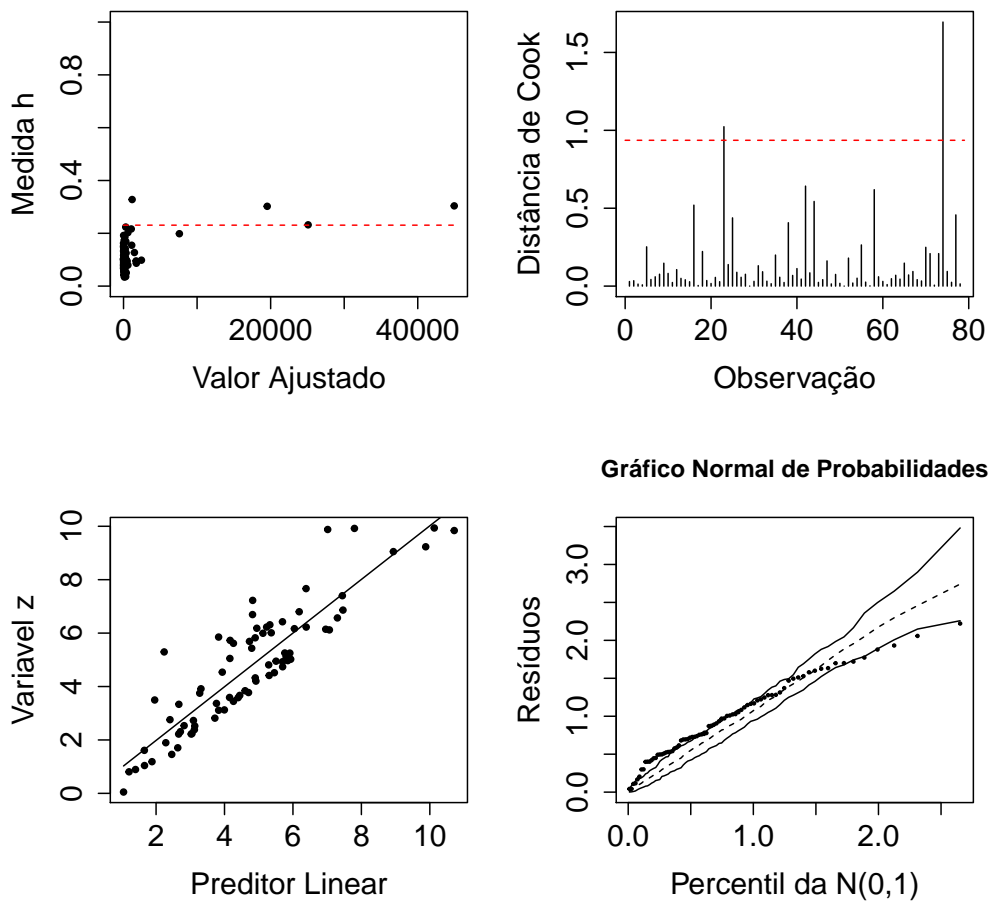
          Theta:  0.955
        Std. Err.:  0.142

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 = 100,
  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

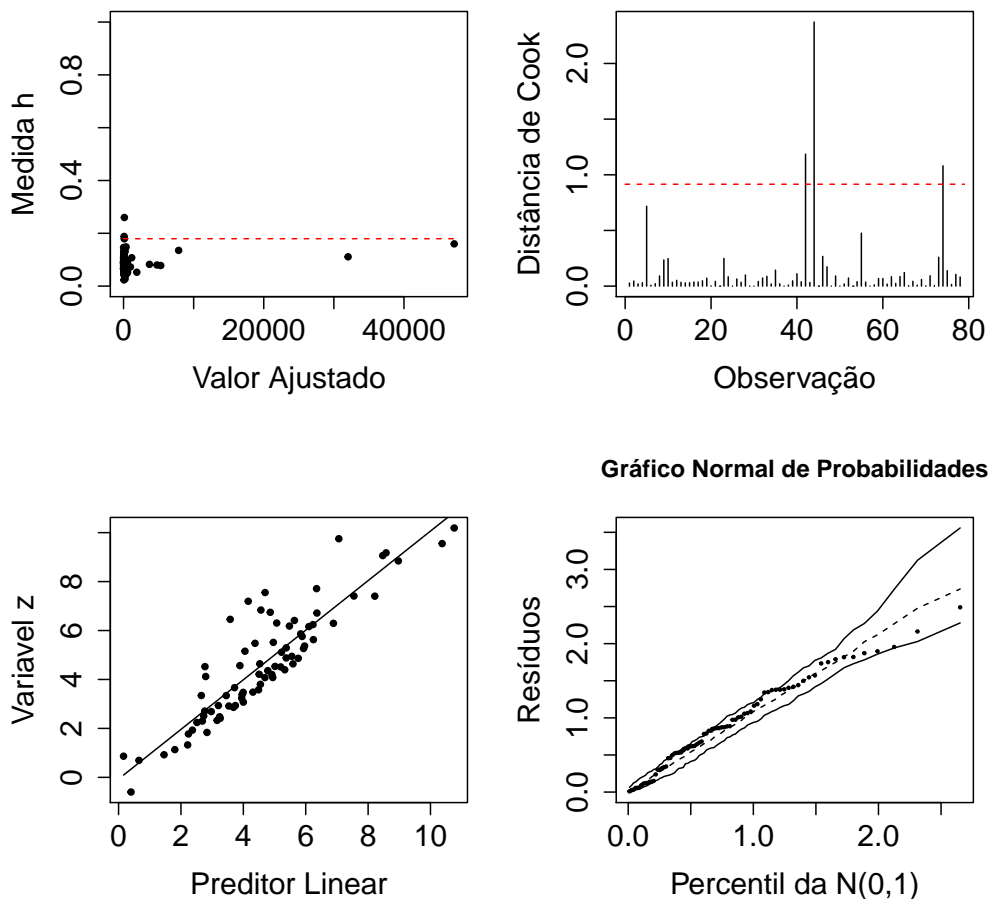
            Theta:  1.109
         Std. Err.:  0.168

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 Sobre a remoção de pontos influentes

Usando a função `identify`, identificamos pontos influentes, entretanto, preferimos por não remove-los no modelo final, já que em nosso subset temos apenas 78 linhas. Abaixo, alguns resultados que obtivemos na remoção de alguns pontos influentes:

Call:

```
glm.nb(formula = dengue ~ CobAtencBsca + temp_p90 + cobveg +
  urb + maior65 + adultos + offset(log(pop)), data = dados_2013_1,
  control = glm.control(maxit = 50), init.theta = 1.198029355,
  link = log)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.5633	-1.1437	-0.4232	0.3603	2.2826

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-34.285911	4.970307	-6.898	5.27e-12	***
CobAtencBsca	-0.008437	0.005242	-1.609	0.10753	
temp_p90	0.366814	0.087693	4.183	2.88e-05	***
cobveg	-0.008306	0.003977	-2.089	0.03674	*
urb	0.035152	0.006475	5.429	5.66e-08	***
maior65	0.298576	0.068929	4.332	1.48e-05	***
adultos	0.228635	0.070673	3.235	0.00122	**

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.198) family taken to be 1)

Null deviance: 196.137 on 76 degrees of freedom
Residual deviance: 85.601 on 70 degrees of freedom
AIC: 872.8

Number of Fisher Scoring iterations: 1

Theta: 1.198
Std. Err.: 0.184

2 x log-likelihood: -856.795
Negative binomial model (using MASS package)

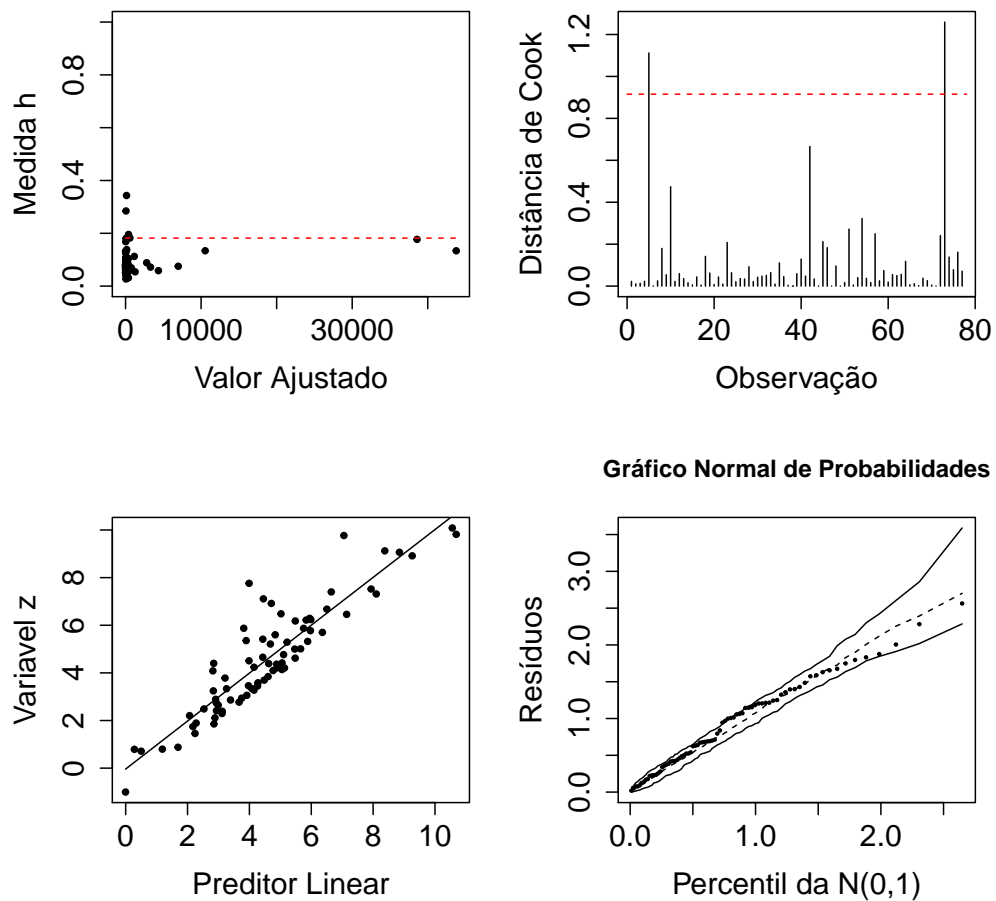


Figura : Gráficos de diagnóstico para uma remoção.

Call:

```
glm.nb(formula = dengue ~ CobAtencBsca + temp_p90 + cobveg +
  urb + maior65 + adultos + offset(log(pop)), data = dados_2013_1,
  control = glm.control(maxit = 50), init.theta = 1.253312012,
  link = log)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.5909	-1.1703	-0.4457	0.3656	2.4699

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-31.113766	4.886489	-6.367	1.92e-10 ***
CobAtencBsca	-0.009940	0.005143	-1.933	0.05326 .


```

temp_p90      0.366527    0.085911    4.266 1.99e-05 ***
cobveg       -0.007076    0.003907   -1.811  0.07013  .
urb           0.032614    0.006369    5.121 3.05e-07 ***
maior65       0.340456    0.068831    4.946 7.56e-07 ***
adultos       0.179964    0.069549    2.588  0.00967  **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.2533) family taken to be 1)

Null deviance: 191.231  on 75  degrees of freedom
Residual deviance:  84.312  on 69  degrees of freedom
AIC: 849.46

Number of Fisher Scoring iterations: 1

      Theta:  1.253
Std. Err.:  0.196

2 x log-likelihood:  -833.462
Negative binomial model (using MASS package)

```

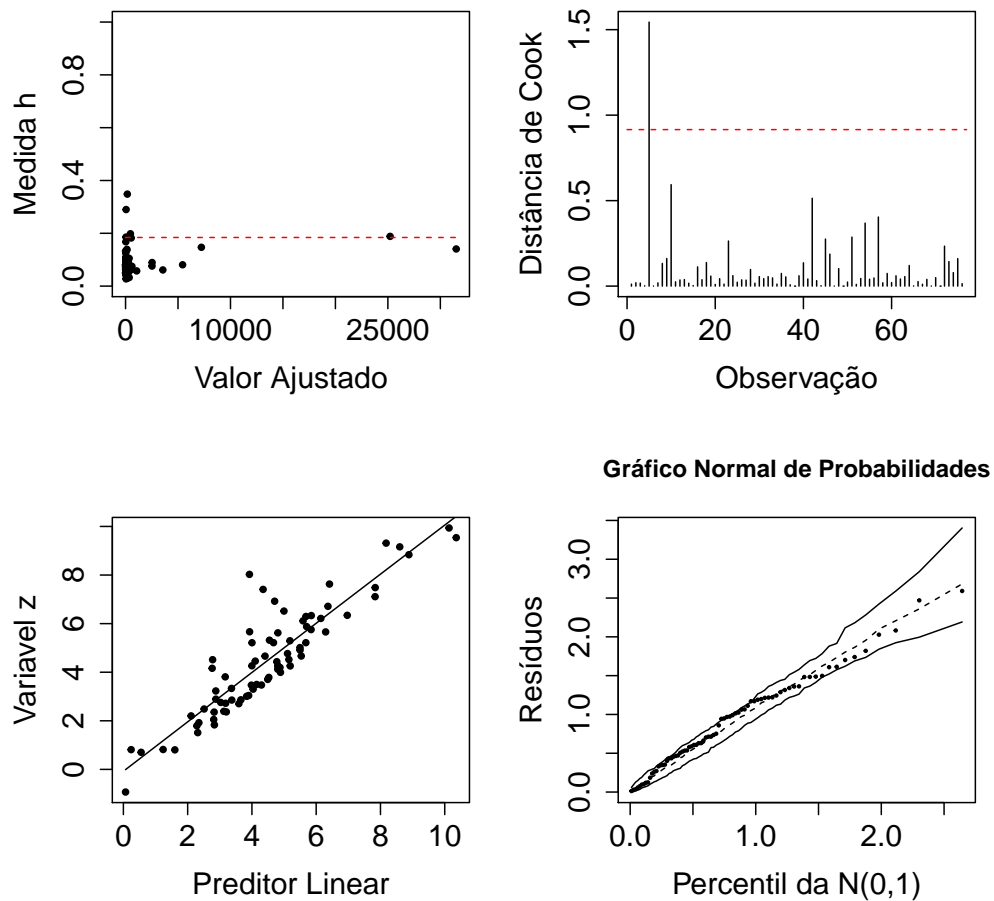


Figura : Gráficos de diagnóstico para duas remoção.

Call:

```
glm.nb(formula = dengue ~ temp_p90 + ifdm_emprend + urb + maior65 +
  offset(log(pop)), data = dados_2013_1, control = glm.control(maxit = 50),
  init.theta = 1.325796543, link = log)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4953	-1.0957	-0.4375	0.4739	2.1774

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-20.622947	2.066536	-9.979	< 2e-16 ***
temp_p90	0.306737	0.078022	3.931	8.44e-05 ***
ifdm_emprend	0.029342	0.010969	2.675	0.00748 **

```

urb          0.034786    0.006468    5.378 7.53e-08 ***
maior65      0.360962    0.070642    5.110 3.23e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.3258) family taken to be 1)

    Null deviance: 198.864  on 74  degrees of freedom
Residual deviance:  82.865  on 70  degrees of freedom
AIC: 826.49

Number of Fisher Scoring iterations: 1

            Theta:  1.326
         Std. Err.:  0.210

2 x log-likelihood:  -814.486
Negative binomial model (using MASS package)

```

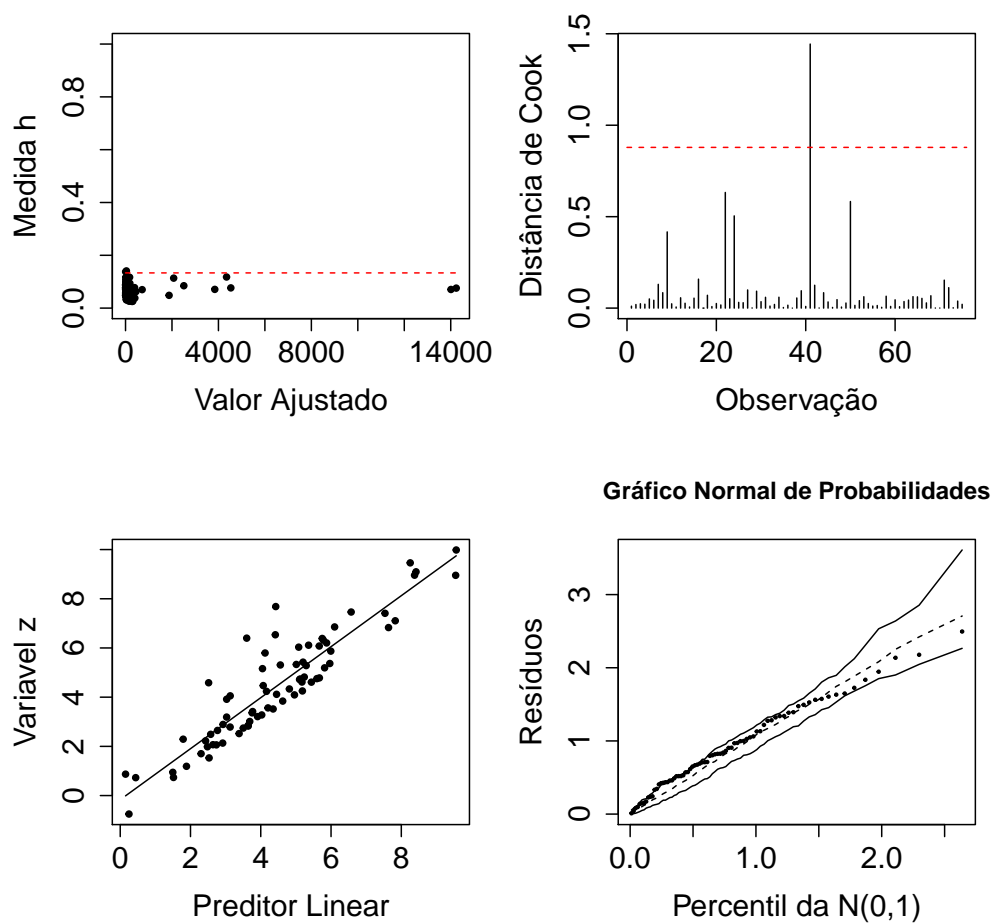


Figura : Gráficos de diagnóstico para tres remoções.

```
Call:
glm.nb(formula = dengue ~ temp_p90 + ifdm_emprend + urb + maior65 +
  offset(log(pop)), data = dados_2013_1, control = glm.control(maxit = 50),
  init.theta = 1.392919725, link = log)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4316	-1.1139	-0.2938	0.4929	2.4241

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-19.31992	2.03987	-9.471	< 2e-16 ***
temp_p90	0.26653	0.07660	3.479	0.000503 ***
ifdm_emprend	0.02567	0.01081	2.374	0.017616 *

```

urb          0.04005    0.00651    6.152 7.65e-10 ***
maior65      0.31144    0.07106    4.383 1.17e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.3929) family taken to be 1)

    Null deviance: 207.600  on 73  degrees of freedom
Residual deviance:  81.419  on 69  degrees of freedom
AIC: 809.81

Number of Fisher Scoring iterations: 1

            Theta:  1.393
         Std. Err.:  0.224

2 x log-likelihood:  -797.807
Negative binomial model (using MASS package)

```

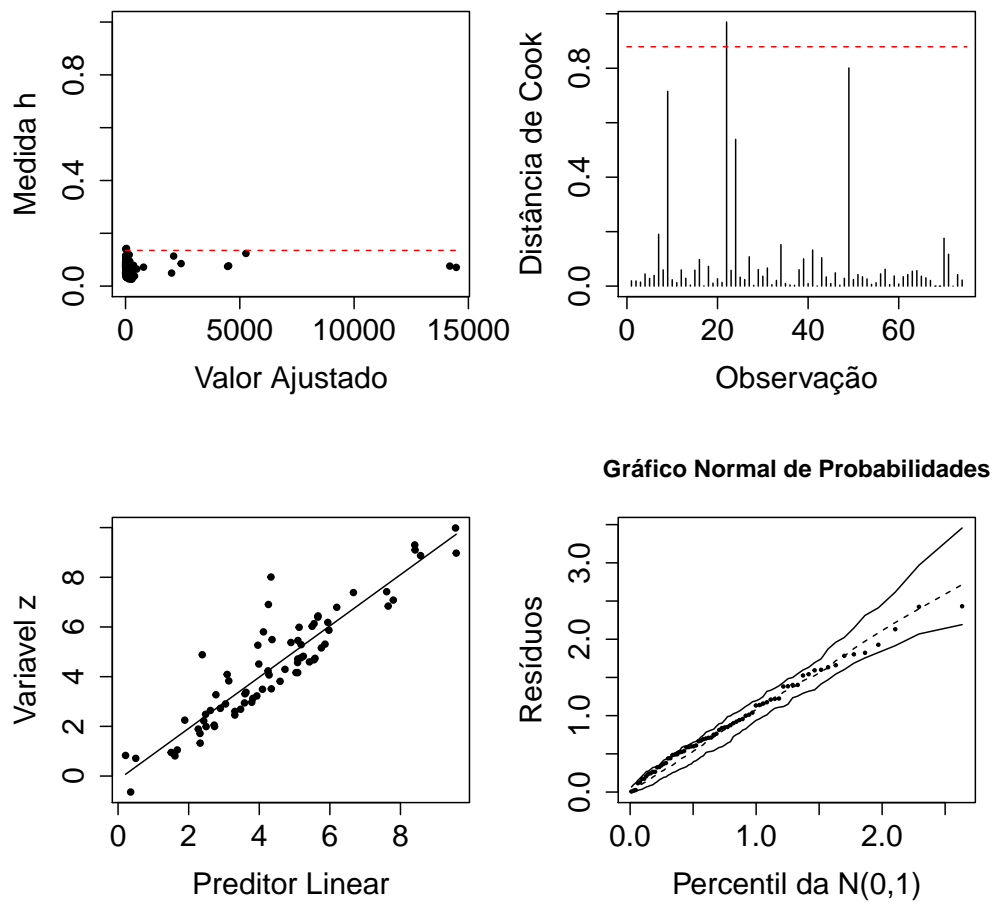
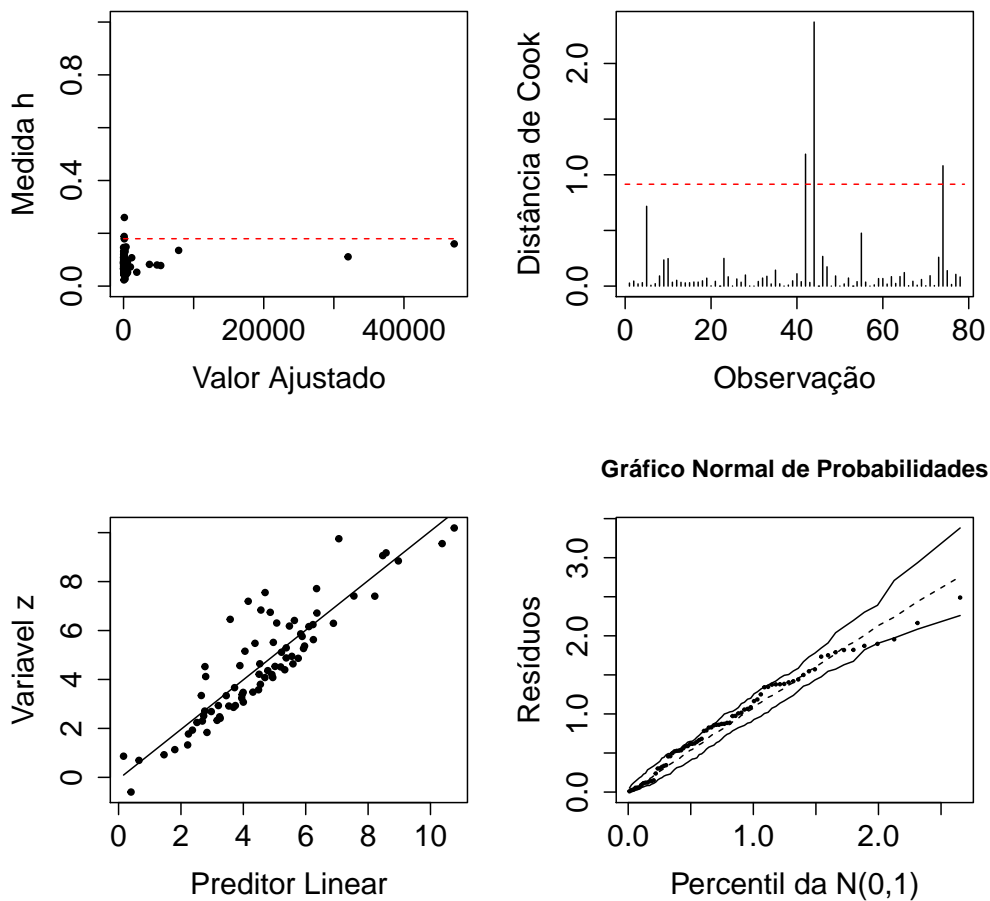


Figura : Gráficos de diagnóstico para quatro remoções.

Como optamos por manter os pontos influentes os gráficos de análise ficaram da seguinte forma:

Negative binomial model (using MASS package)



Podemos perceber pelos gráficos que o ajuste foi bem feito, muito diferente de quando utilizamos a Poisson.

3.2.6 Interpretação e conclusões

Pelo ajuste do modelo final, podemos verificar que de fato, o Modelo Binomial Negativo, se adequou aos dados, já que os dados tinham alta variabilidade em relação média, motivo, que levou o descarte do modelo Poisson.