

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>	18
3.2.5	Interpretação e conclusões	20

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

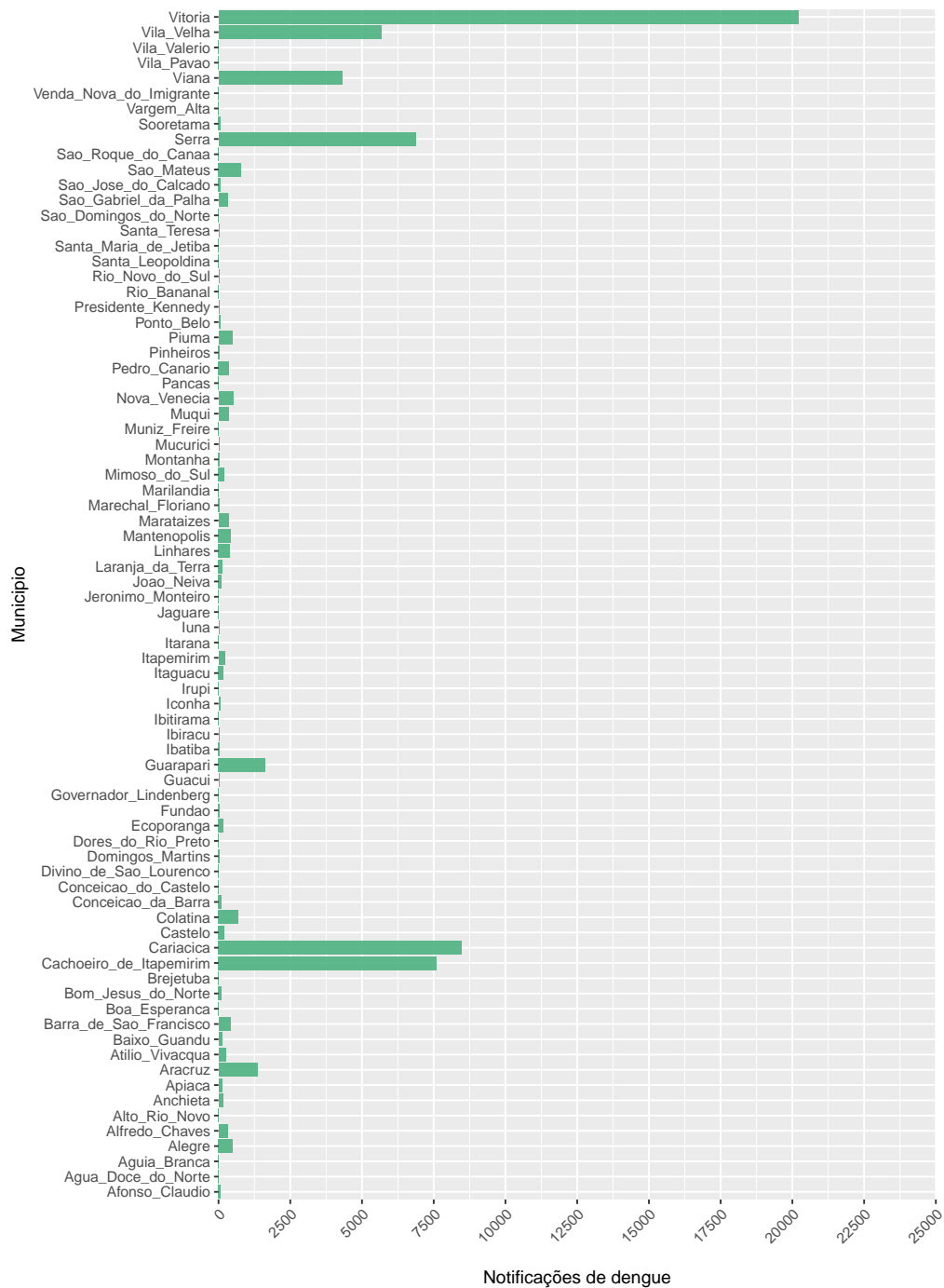


Figura 1: Notificações de dengue por municípios do estado do Espírito Santo.

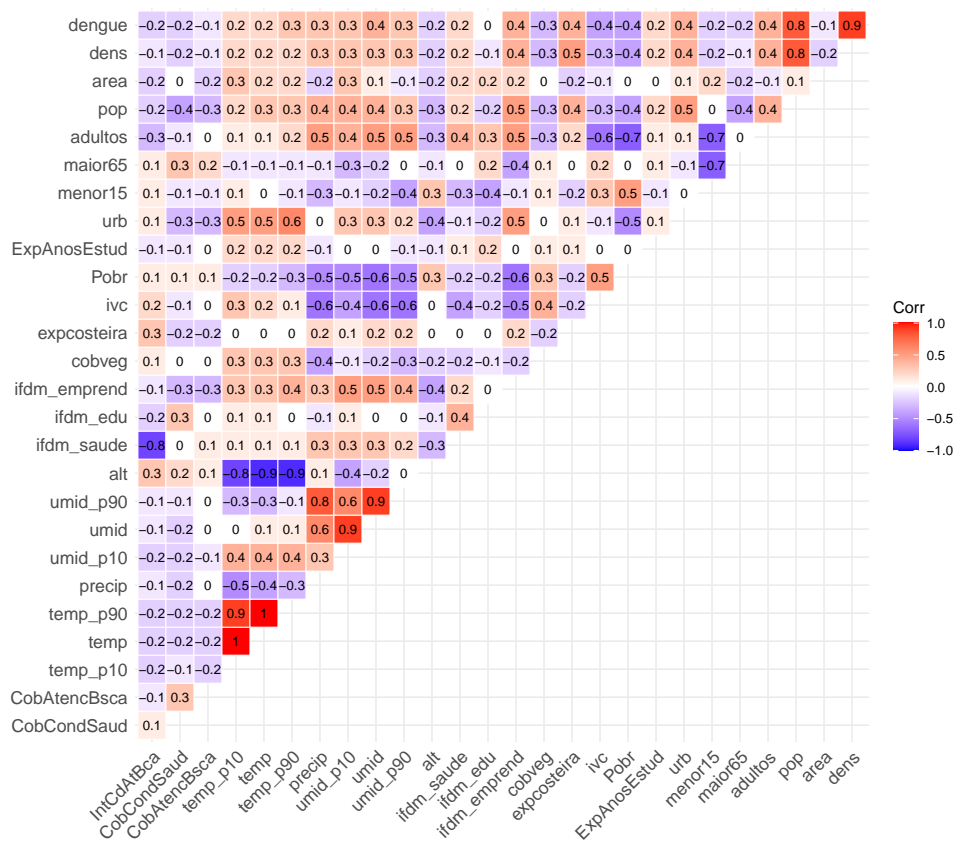


Figura 2: Gráfico de correlação entre as covariáveis.

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:

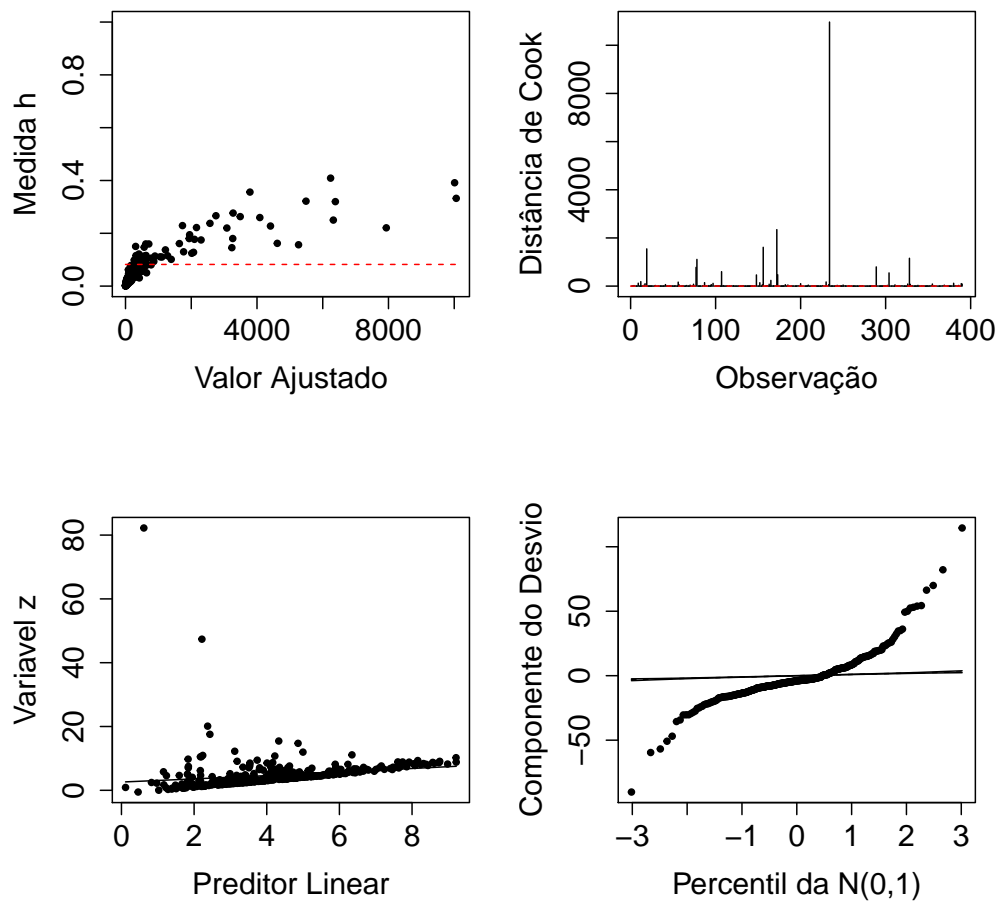


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo sem `_offset_`.

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:

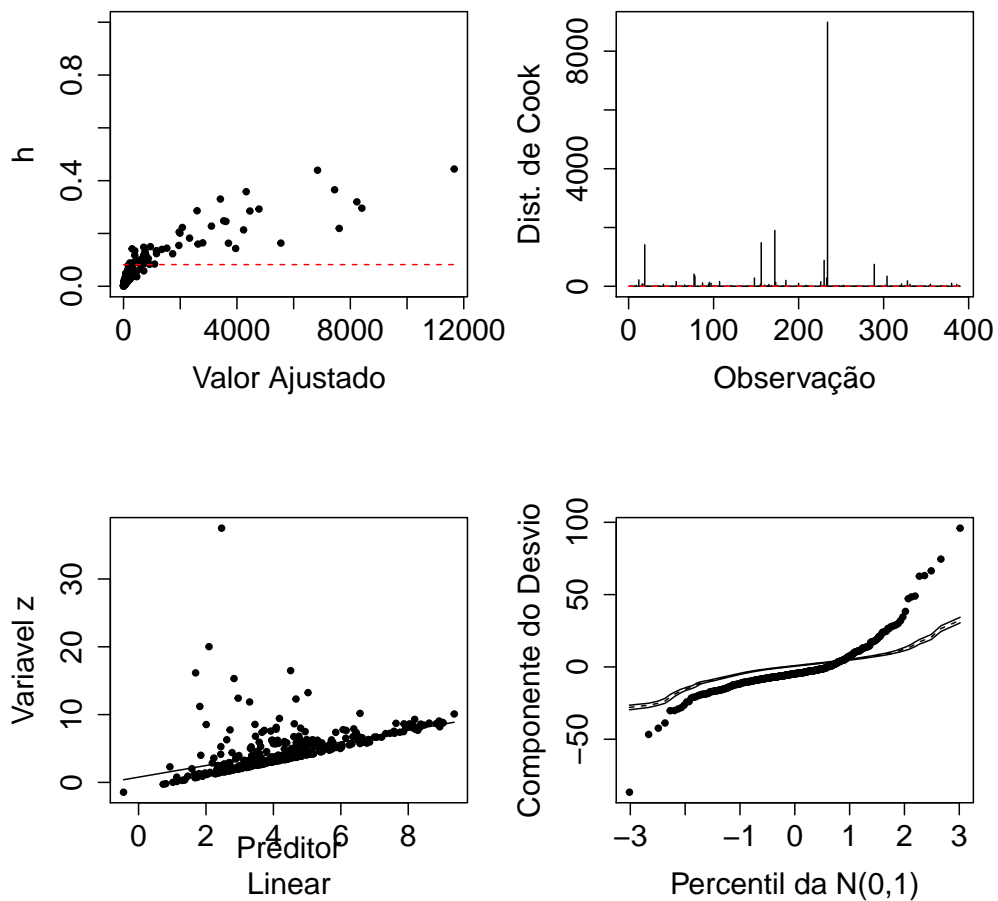


Figura : Gráficos de diagnóstico para o modelo com `_offset_`.

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

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(formula = dengue ~ temp + umid_p10 + expcosteira + ivc +
     pop + dens, data = dados_2013, control = glm.control(maxit = 50))

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-5212.8   -343.9    -69.5    250.5   4273.8

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  4.793e+03  4.326e+03   1.108  0.27159
temp         1.250e+02  8.575e+01   1.458  0.14922
umid_p10     -9.708e+01  6.981e+01  -1.391  0.16865
expcosteira  -1.422e+01  6.315e+00  -2.252  0.02740 *
ivc          -2.006e+01  7.258e+00  -2.763  0.00728 **
pop           4.486e-03  2.203e-03   2.037  0.04540 *
dens         4.633e+00  4.274e-01  10.840 < 2e-16 ***
---
```



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

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 1084203)

    Null deviance: 589345740  on 77  degrees of freedom
Residual deviance: 76978437  on 71  degrees of freedom
AIC: 1313.9

Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

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, 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

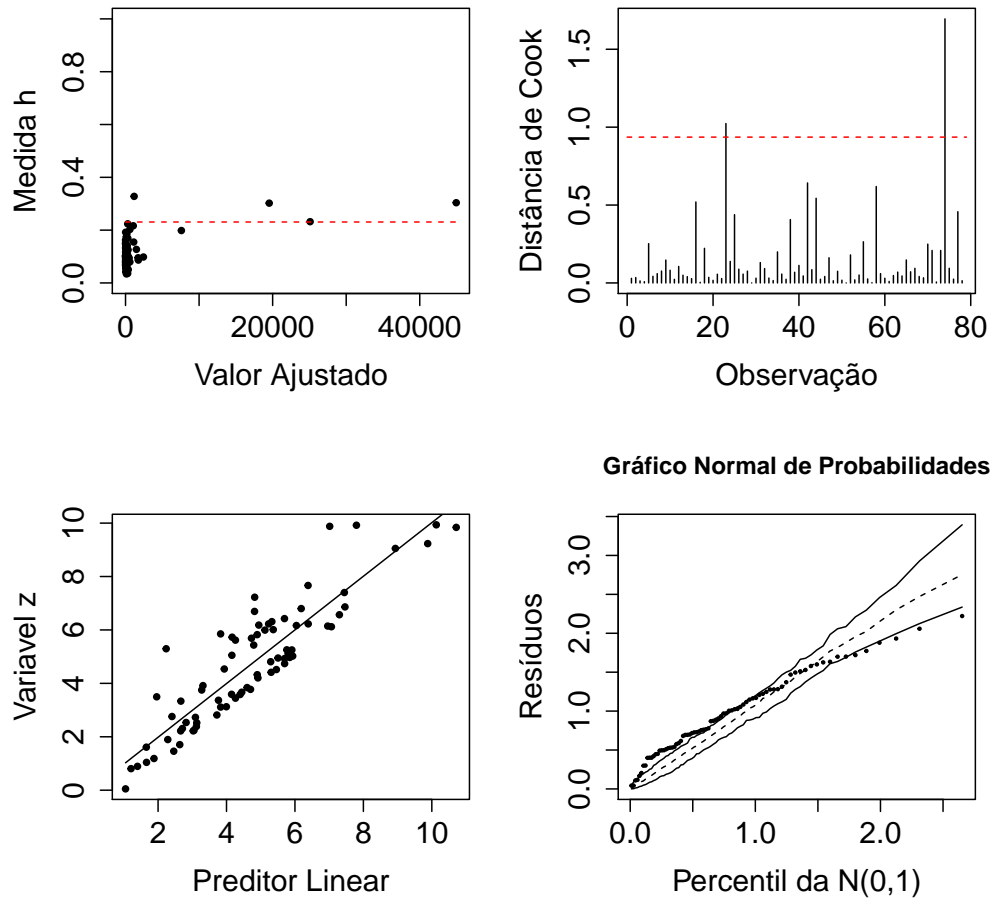
Number of Fisher Scoring iterations: 1

              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

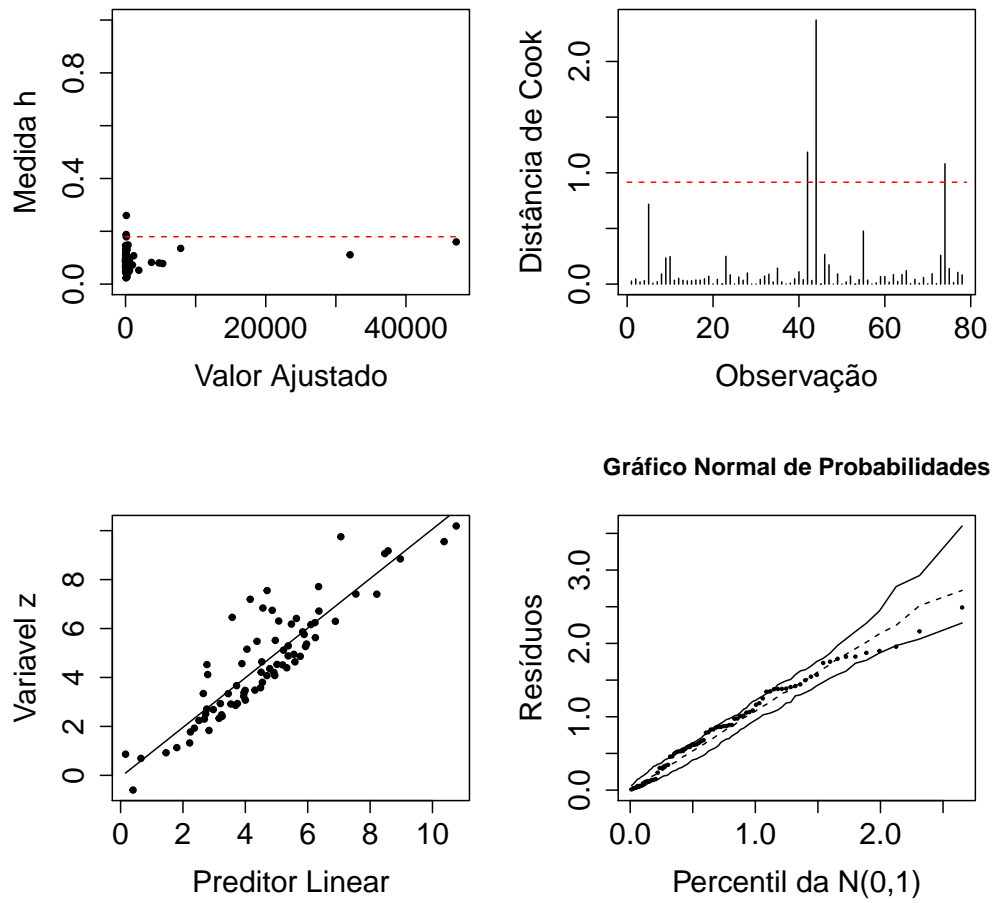
Number of Fisher Scoring iterations: 1

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 Interpretação e conclusões