

Assistente de Diagnóstico de Dengue

Sistema Preditivo de Risco para Casos Graves de Dengue

Autores: Izabel Sampaio Goes (21.00098-0); Júlia Galhardi Cerqueira (21.01997-5)

Resumo

A Dengue representa um desafio persistente de saúde pública no Brasil, com a dificuldade de prever a evolução para casos graves sendo um dos principais obstáculos. Este trabalho propõe o desenvolvimento e validação de um modelo de classificação supervisionada, utilizando técnicas de Machine Learning e dados públicos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), para prever o risco de agravamento da doença. A metodologia envolve o tratamento e pré-processamento de um extenso volume de dados, treinamento e comparação de algoritmos de Machine Learning (Regressão Logística, Random Forest, XGBoost, LightGBM e Rede Neural), e a otimização de hiperparâmetros com RandomizedSearchCV e Optuna. Os resultados esperados incluem um modelo preditivo de alta performance, otimizado para alta sensibilidade na identificação de casos graves, a geração de conhecimento clínico por meio da interpretabilidade (XAI com valores SHAP) e o desenvolvimento de um protótipo de aplicação web interativa (Streamlit) para auxiliar profissionais de saúde na avaliação de risco. O impacto do projeto visa melhorar a acurácia da triagem inicial, otimizar a alocação de recursos hospitalares e, fundamentalmente, contribuir para a redução das taxas de mortalidade por dengue.

Sumário

Resumo.....	1
Sumário.....	1
1. Introdução.....	1
2. Referencial Teórico.....	2
2.1. A Dengue como Problema de Saúde Pública.....	2
2.2. Fisiopatologia e Classificação Clínica.....	3
2.3. Aplicações de Machine Learning em Saúde.....	3
3. Metodologia.....	4

3.1. Fonte de Dados.....	4
3.2. Preparação e Pré-processamento dos Dados.....	4
3.3. Modelagem e Treinamento:.....	5
3.3.1. GridSearchCV.....	6
3.3.2. RandomizedSearchCV.....	6
3.3.3. Optuna.....	6
3.4. Avaliação dos Modelos.....	7
3.5. Ferramentas e Tecnologias.....	7
4. Resultados Esperados.....	8
6. Referências.....	9

1. Introdução

A Dengue representa um dos maiores e mais persistentes desafios de saúde pública no Brasil. Sendo uma doença infecciosa febril aguda, transmitida pela picada do mosquito *Aedes aegypti*, suas manifestações podem variar desde quadros assintomáticos até formas graves que podem levar ao óbito. As epidemias ocorrem de forma cíclica e, frequentemente, em larga escala, sobrecarregando os sistemas de saúde com um influxo massivo de pacientes (BRASIL, 2025). O impacto não é apenas epidemiológico, mas também econômico, com custos que ultrapassam R\$1 bilhão para o sistema de saúde em hospitalizações e tratamentos ao longo de uma década (LABOISSIÈRE, 2025).

Um dos principais desafios no manejo clínico da Dengue reside na dificuldade de prever, nos estágios iniciais da infecção, quais pacientes evoluirão para as formas graves da doença. A maioria dos pacientes apresenta um quadro inicial inespecífico com febre, cefaleia e mialgia. Contudo, a fase crítica da doença geralmente se inicia com o declínio da febre, entre o 3º e o 7º dia, quando podem surgir os chamados "sinais de alarme", como dor abdominal intensa e sangramentos, que indicam o extravasamento de plasma e o risco de choque (BRASIL, 2024). A identificação precoce de pacientes com alto risco de agravamento é, portanto, crucial para um manejo clínico adequado, para otimizar a alocação de recursos hospitalares e, fundamentalmente, para reduzir as taxas de mortalidade (SANTA CATARINA, 2024).

Diante deste cenário, a aplicação de técnicas de Aprendizado de Máquina (Machine Learning) surge como uma abordagem promissora, sendo uma área de pesquisa ativa e com resultados viáveis (GOMES; SOUZA, 2021). Modelos computacionais podem ser treinados para identificar

padrões complexos em grandes conjuntos de dados clínicos e demográficos, que muitas vezes não são facilmente perceptíveis à observação humana (PAIÃO, 2022). A capacidade de analisar múltiplos fatores de risco simultaneamente permite a criação de ferramentas de apoio à decisão clínica que podem auxiliar os profissionais de saúde na estratificação de risco dos pacientes de forma mais acurada e objetiva.

O objetivo principal deste trabalho é desenvolver e validar um modelo de classificação supervisionada capaz de prever o risco de um caso notificado de Dengue evoluir para uma forma grave, utilizando dados públicos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN). Especificamente, este projeto buscará:

- Realizar o tratamento e pré-processamento de um extenso volume de dados de notificações de Dengue.
- Treinar e comparar diferentes algoritmos de Machine Learning para a tarefa de classificação de risco.
- Identificar, através de técnicas de explicabilidade (XAI), os principais sinais, sintomas e fatores demográficos associados ao agravamento da doença.
- Desenvolver um protótipo de aplicação web interativa para demonstrar a utilidade prática do modelo preditivo.

2. Referencial Teórico

2.1. A Dengue como Problema de Saúde Pública

A dengue é a arbovirose urbana mais prevalente nas Américas, representando uma ameaça contínua à saúde pública em escala global, especialmente no Brasil, que frequentemente figura entre os países com maior número de casos reportados (OPAS, 2024). A transmissão ocorre pela picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, um vetor altamente adaptado a ambientes urbanos, o que facilita a rápida disseminação do vírus durante surtos epidêmicos.

O Brasil enfrenta uma situação endêmico-epidêmica, com a circulação simultânea dos quatro sorotipos do vírus (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4), aumentando a complexidade do cenário epidemiológico e o risco de infecções secundárias, que estão associadas a uma maior probabilidade de desenvolvimento de formas graves da doença (GUIMARÃES; SOUZA, 2023). O impacto socioeconômico é substancial, englobando custos diretos com o sistema de saúde, como hospitalizações e tratamentos, e custos indiretos relacionados à perda de produtividade por absenteísmo no trabalho e mortalidade prematura (TEIXEIRA; COSTA, 2021).

2.2. Fisiopatologia e Classificação Clínica

A fisiopatologia da dengue grave está ligada principalmente ao aumento da permeabilidade vascular, que leva ao extravasamento de plasma. Esse fenômeno pode resultar em hemoconcentração, acúmulo de líquidos em cavidades serosas (ascite, derrame pleural) e, nos casos mais severos, choque hipovolêmico (BRASIL, 2024a). Para orientar o manejo clínico e a estratificação de risco, o Ministério da Saúde do Brasil, em consonância com a Organização Mundial da Saúde (OMS), classifica a dengue em três categorias:

- **Dengue (Grupo A):** Casos sem sinais de alarme e sem comorbidades, geralmente tratados em nível ambulatorial com hidratação oral intensiva e acompanhamento.
- **Dengue com Sinais de Alarme (Grupo B e C):** Casos que apresentam um ou mais dos seguintes sinais: dor abdominal intensa e contínua, vômitos persistentes, acúmulo de líquidos, sangramento de mucosas, letargia ou irritabilidade, e hipotensão postural. A presença desses sinais indica a necessidade de observação e, frequentemente, hidratação venosa (BRASIL, 2024a).
- **Dengue Grave (Grupo D):** Caracterizada por extravasamento plasmático severo que leva ao choque (choque da dengue), acúmulo de líquidos com desconforto respiratório, sangramento grave ou comprometimento severo de órgãos como fígado, sistema nervoso central ou coração (BRASIL, 2024a; SANTA CATARINA, 2024).

A identificação correta e tempestiva dos sinais de alarme é o pilar para a prevenção da evolução para quadros graves e óbitos.

2.3. Aplicações de Machine Learning em Saúde

O uso de Aprendizado de Máquina (*Machine Learning* - ML) na área da saúde tem se expandido rapidamente, oferecendo novas ferramentas para o diagnóstico, prognóstico e gestão de doenças (DEO, 2015). Modelos de ML são capazes de analisar conjuntos de dados multidimensionais e identificar padrões não lineares que podem passar despercebidos em análises estatísticas tradicionais. No contexto da dengue, diversas pesquisas têm explorado o potencial de algoritmos de ML para prever a gravidade dos casos. Estudos demonstram que modelos como Redes Neurais Artificiais, Máquinas de Vetores de Suporte (SVM), Random Forest e Gradient Boosting podem prever, com acurácia satisfatória, o risco de um paciente desenvolver dengue grave a partir de dados clínicos e laboratoriais coletados nos primeiros dias de sintomas (THAM et al., 2017). A validação desses modelos com dados locais, como os provenientes do SINAN, é fundamental para o desenvolvimento de ferramentas de apoio à decisão clínica que sejam eficazes e adaptadas à realidade do sistema de saúde brasileiro.

3. Metodologia

3.1. Fonte de Dados

O conjunto de dados para este estudo será extraído do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), a base de dados oficial para o registro de doenças de notificação compulsória no Brasil.

O acesso aos microdados será realizado de forma programática utilizando a biblioteca de código aberto `pysus`, uma ferramenta desenvolvida para facilitar a aquisição e o pré-processamento de dados dos sistemas de informação do Sistema Único de Saúde (SUS) (NOGUEIRA, 2024). Serão coletados os dados de notificações de dengue referentes ao período de 2015 a 2024, abrangendo diferentes perfis epidemiológicos sazonais e surtos, a fim de garantir um volume de dados robusto e representativo para o treinamento dos modelos.

3.2. Preparação e Pré-processamento dos Dados

O pré-processamento dos dados brutos é uma etapa crítica para garantir a qualidade das entradas do modelo. O fluxo de trabalho consistirá nas seguintes etapas:

- **Filtragem e Seleção:** Inicialmente, o dataset será filtrado para incluir apenas registros onde o campo `ID_AGRAVO` corresponda a "Dengue". Em seguida, serão selecionados exclusivamente os casos com diagnóstico confirmado, utilizando-se os códigos pertinentes da variável `CLASSI_FIN`, como "Dengue", "Dengue com Sinais de Alarme" e "Dengue Grave", descartando-se os casos inconclusivos ou não confirmados.
- **Definição da Variável Alvo:** A variável alvo do modelo, denominada `RISCO_GRAVIDADE`, será criada a partir da coluna `CLASSI_FIN`. Ela será binária, onde o valor 1 (classe positiva) representará os casos graves (agrupando "Dengue com Sinais de Alarme" e "Dengue Grave") e o valor 0 (classe negativa) representará os casos de "Dengue" clássica, sem sinais de alarme.
- **Engenharia de Features:** As variáveis preditoras (features) incluirão os sinais e sintomas registrados na notificação que são os mais relevantes no diagnóstico de dengue e na identificação dos casos mais graves (e.g., `FEBRE`, `MIALGIA`, `VOMITO`, `PETEQUIA`), além de dados demográficos como `CS_SEXO`. A variável `IDADE` será calculada a partir da diferença entre a data dos primeiros sintomas (`DT_SIN_PRI`) e a data de nascimento (`DT_NASC`). Variáveis categóricas serão transformadas em formato numérico através da técnica de *One-Hot Encoding*.
- **Tratamento de Dados:** Devido à natureza dos dados de saúde, espera-se a presença de valores ausentes, especialmente nos sintomas, os quais não são de preenchimento obrigatório na Ficha Individual de Notificação (FIN) do SINAN (BRITO et al., 2007). Em consulta a uma profissional da área, os campos de sintomas vazios indicam a ausência

do sintoma em questão e deixa de ser preenchido com “não” por praticidade. Dada a provável desproporção entre casos graves e não graves, o desbalanceamento de classes será mitigado no conjunto de treinamento utilizando a técnica SMOTE (Synthetic Minority Over-sampling Technique), que cria amostras sintéticas da classe minoritária para equilibrar a distribuição dos dados (CHAWLA et al., 2002).

3.3. Modelagem e Treinamento:

Para a tarefa de classificação, serão avaliados e comparados múltiplos algoritmos de *Machine Learning*, selecionados com base em sua eficácia em problemas de predição clínica:

- **Regressão Logística:** Utilizada como um modelo de base (baseline) por sua simplicidade e interpretabilidade.
- **Random Forest:** Um algoritmo de *ensemble* baseado em árvores de decisão, conhecido por sua robustez e capacidade de lidar com interações complexas entre variáveis.
- **XGBoost (Extreme Gradient Boosting):** Um algoritmo de *Gradient Boosting* altamente otimizado e eficiente, que frequentemente apresenta performance de ponta em competições e aplicações com dados tabulares (CHEN; GUESTRIN, 2016).
- **LightGBM (Light Gradient Boosting Machine):** Uma implementação de GBDT (*Gradient Boosting Decision Tree*) reconhecida por sua alta eficiência e velocidade em grandes conjuntos de dados (KE et al., 2017).
- **Rede Neural (MLP - Multi-Layer Perceptron):** Um modelo de rede neural artificial capaz de aprender padrões não-lineares complexos. Sua aplicação é fundamentada pelo Teorema da Aproximação Universal, que postula que um MLP pode, em teoria, aproximar qualquer função contínua (GOODFELLOW; BENGIO; COURVILLE, 2016; HAYKIN, 2009).

O conjunto de dados será processado e dividido em conjuntos de treinamento (80%) e teste (20%). O ajuste de hiperparâmetros dos modelos será realizado utilizando a técnica de validação cruzada (*cross-validation*) no conjunto de treinamento para evitar superajuste (*overfitting*) e garantir a generalização do modelo (HASTIE; TIBSHIRANI; FRIEDMAN, 2009). Esta validação cruzada será estratificada para assegurar que a proporção das classes, especialmente a classe minoritária positiva, seja preservada em cada *fold* de treinamento e validação, o que é crítico em cenários de dados desbalanceados.

A seleção de hiperparâmetros ótimos é uma das tarefas mais críticas para garantir a performance robusta de modelos de aprendizado de máquina. Este estudo considerou três abordagens principais para a Otimização de Hiperparâmetros (HPO).

3.3.1. GridSearchCV

Inicialmente, a técnica de `GridSearchCV` (Busca em Grade) foi considerada. Esta abordagem opera por busca exaustiva, testando metodicamente todas as combinações de hiperparâmetros fornecidas em uma grade pré-definida. Embora garanta encontrar o melhor conjunto de parâmetros dentro da grade especificada, seu custo computacional cresce exponencialmente com o número de hiperparâmetros e os valores testados.

Esse fenômeno, conhecido como "explosão combinatória", torna o `GridSearchCV` computacionalmente intratável para modelos complexos ou grandes volumes de dados. Por exemplo, otimizar 5 hiperparâmetros, cada um com 5 valores possíveis, usando uma validação cruzada de 5 *folds*, exigiria o treinamento de $5^5 \times 5 = 15.625$ modelos. Além do custo, esta abordagem é ineficiente, pois não utiliza informações de *trials* anteriores para guiar a busca e desperdiça recursos explorando dimensões irrelevantes do espaço de busca. Dada a escala dos dados deste estudo, o `GridSearchCV` foi descartado por ser inviável.

3.3.2. RandomizedSearchCV

Como alternativa ao `GridSearchCV`, a técnica `RandomizedSearchCV` (Busca Aleatória) foi adotada como *baseline* de otimização. Estudos mostram que esta abordagem aleatória frequentemente encontra resultados tão bons quanto (ou muito próximos) aos da busca exaustiva, mas em uma fração do tempo (BERGSTRA; BENGIO, 2012).

A fundamentação teórica para sua eficiência (BERGSTRA; BENGIO, 2012) reside no fato de que, para a maioria dos problemas de aprendizado de máquina, apenas um pequeno subconjunto dos hiperparâmetros impacta significativamente a performance final. O `GridSearchCV` desperdiça tempo avaliando exaustivamente parâmetros de baixo impacto. Em contraste, o `RandomizedSearchCV`, ao amostrar aleatoriamente o espaço de busca, possui uma probabilidade muito maior de encontrar combinações "boas" para os parâmetros importantes dentro de um custo computacional fixo.

3.3.3. Optuna

Embora o `RandomizedSearchCV` seja eficiente, seus *trials* (tentativas) são independentes e "cegos"; a busca não aprende com resultados anteriores. Para superar essa limitação e conduzir uma otimização mais inteligente, este estudo também empregará o `Optuna` (AKIBA et al., 2019).

`Optuna` é um framework de HPO de próxima geração que implementa estratégias de otimização bayesiana para guiar a busca. A superioridade do `Optuna` baseia-se em três pilares principais:

1. **Amostragem Inteligente (TPE):** Diferente da busca aleatória, `Optuna` utiliza algoritmos de amostragem muito mais modernos, o *Tree-structured Parzen Estimator* (TPE). O TPE é um modelo bayesiano que constrói distribuições de probabilidade para os hiperparâmetros, modelando quais valores levaram a bons resultados e quais levaram a resultados ruins em *trials* passados. Ele, então, amostra novos candidatos das regiões com maior probabilidade de melhoria, focando a busca em zonas promissoras do espaço de hiperparâmetros de forma muito mais eficiente que a busca aleatória.
2. **Poda (*Pruning*) Eficiente:** `Optuna` implementa mecanismos agressivos e eficientes de poda. O *framework* monitora a performance do modelo em etapas intermediárias do treinamento (ex: a cada *epoch* ou a cada árvore adicionada). Se um *trial* demonstra, cedo em seu processo, uma performance inferior à de *trials* promissores anteriores, ele é terminado antecipadamente. Esta poda de *trials* não promissores libera recursos computacionais, permitindo que a busca bayesiana (TPE) explore um número maior de *trials* promissores no mesmo período.
3. **API Dinâmica "*Define-by-Run*":** Diferente das grades estáticas do `GridSearchCV` e `RandomizedSearchCV`, `Optuna` utiliza uma API "*define-by-run*". Isso permite a construção de espaços de busca dinâmicos usando lógica Python, como laços e condicionais. Esta flexibilidade é crucial para otimizar hiperparâmetros condicionais, permitindo a otimização de pipelines complexos e arquiteturas de rede que seriam impossíveis de definir em uma grade estática.

3.4. Avaliação dos Modelos

A performance dos modelos será avaliada no conjunto de teste, que permanece intocado durante o treinamento. As métricas de avaliação selecionadas incluem Acurácia, Precisão, Recall, F1-Score e a Área sob a Curva ROC (AUC), Taxa de Falsos Positivos e Taxa de Falsos Negativos com especial atenção ao *Recall* da classe positiva, pois em um contexto clínico, é mais crítico identificar corretamente os casos verdadeiramente graves, mesmo que isso resulte em mais falsos positivos (FAWCETT, 2006). O *Recall* da classe positiva será utilizado como parâmetro de *scoring* no processo de HPO. Outro critério de avaliação será através da Matriz de Confusão para visualização, em formato de quadrantes, dos diferentes tipos de erros e acertos: Falso Positivo (FP), Falso Negativo (FN), Verdadeiro Positivo (TP) e Verdadeiro Negativo (TN).

3.5. Ferramentas e Tecnologias

O projeto será inteiramente desenvolvido utilizando a linguagem de programação Python. Para manipulação, limpeza e transformação de dados, será utilizada a biblioteca Pandas. O pré-processamento de dados e a execução dos modelos finais, serão feitos no Google Colab. Os experimentos mais intensivos de otimização de hiperparâmetros serão realizados no Visual

Studio Code (VS Code) por conta da maior flexibilidade no desenvolvimento de um sistema de otimização de hiperparâmetros com rastreamento de experimentos.

A implementação e comparação dos modelos irão se basear principalmente no `scikit-learn`, que fornece uma API consistente para algoritmos de aprendizado supervisionado, validação cruzada, *pipelines* e ferramentas de avaliação de desempenho (PEDREGOSA et al., 2011). Complementarmente, empregou-se o XGBoost (Extreme Gradient Boosting) como modelo de referência para dados tabulares, em virtude de sua eficiência, controle fino de regularização e desempenho competitivo reportado na literatura e em aplicações práticas (CHEN; GUESTRIN, 2016). As métricas de avaliação — incluindo acurácia, precisão, recall, F1-score e AUC-ROC — foram calculadas via `scikit-learn`, aproveitando os scorers prontos e a integração nativa com rotinas de validação como Grid/RandomizedSearchCV (PEDREGOSA et al., 2011).

O rastreamento de experimentos, registro de hiperparâmetros, métricas e artefatos, será feito através da plataforma Weights & Biases (W&B), a qual viabiliza governança de experimentos, reprodutibilidade e comparabilidade sistemática dos resultados, aspectos fundamentais em estudos empíricos de aprendizado de máquina (BIEWALD, 2020). As visualizações de dados, as quais também são registradas no W&B, como gráficos, Matrizes de Confusão e Curvas ROC, serão geradas com as bibliotecas `Matplotlib`, `Seaborn` e `Plotly`.

Por fim, um protótipo de aplicação web interativo para demonstrar os resultados do modelo será construído utilizando o *framework* Streamlit, o qual permite construir interfaces web de dados de forma simples e rápida diretamente de scripts Python. O controle de versão do código e a colaboração da equipe serão gerenciados através do Git e da plataforma GitHub.

4. Resultados Esperados

Ao final deste projeto, espera-se alcançar três resultados principais que, em conjunto, demonstram a viabilidade e o valor da aplicação de inteligência artificial no manejo clínico da dengue:

1. **Modelo Preditivo de Alta Performance:** O principal entregável técnico será um modelo de classificação robusto, validado e com performance quantificável, otimizado para uma alta sensibilidade (*Recall*) na identificação de casos com risco de agravamento. Espera-se que o modelo sirva como uma prova de conceito para um Sistema de Apoio à Decisão Clínica (SADC), cujo valor reside na capacidade de melhorar a acurácia da triagem inicial e auxiliar na tomada de decisões mais informadas, contribuindo para a redução de desfechos desfavoráveis (SUTTON et al., 2020).
2. **Geração de Conhecimento Clínico por meio da Interpretabilidade:** Além da capacidade preditiva, um resultado crucial será a interpretabilidade do modelo. Utilizando técnicas de XAI (*eXplainable Artificial Intelligence*), como a análise dos valores SHAP (*SHapley Additive exPlanations*), será possível quantificar o impacto de

cada sintoma e característica demográfica na predição do risco. Este processo não apenas aumenta a confiança e a transparência do modelo — um fator essencial para sua aceitação pela comunidade médica —, mas também pode gerar insights valiosos sobre a fisiopatologia da doença, reforçando ou até mesmo revelando novos padrões clínicos associados à gravidade da dengue (LUNDBERG; LEE, 2017).

3. **Protótipo de Ferramenta Interativa:** Espera-se materializar os resultados do modelo em um protótipo funcional de aplicação *web*. Este *dashboard* interativo permitirá que um usuário (simulando um profissional de saúde) insira os dados de um paciente e receba em tempo real o *score* de risco de gravidade, juntamente com uma visualização clara dos fatores que mais contribuíram para aquela predição. Este resultado tangível demonstrará o potencial de traduzir um modelo complexo de *Machine Learning* em uma ferramenta prática, acessível e de fácil utilização no ambiente clínico.

6. Referências

AKIBA, T. et al. **Optuna: A Next-generation Hyperparameter Optimization Framework**. In: ACM SIGKDD INTERNATIONAL CONFERENCE ON KNOWLEDGE DISCOVERY AND DATA MINING, 25., 2019, Anchorage. Proceedings... New York: ACM, 2019. p. 2623–2633.

BERGSTRA, J.; BENGIO, Y. **Random Search for Hyper-Parameter Optimization**. Journal of Machine Learning Research, v. 13, p. 281-305, 2012.

BIEWALD, L. **Experiment Tracking with Weights and Biases**. 2020. Disponível em: <https://www.wandb.com>. Acesso em: 2 nov. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Brasil registra queda de quase 70% nos casos de dengue nos 2 primeiros meses de 2025**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2025/marco/brasil-registra-queda-de-quase-70-nos-casos-de-dengue-nos-2-primeiros-meses-de-2025>. Acesso em: 11 set. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Dengue**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2024b. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue>. Acesso em: 11 set. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Dengue: diagnóstico e manejo clínico – adulto e criança**. 6. ed. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2024a.

BRITO, M. et al. **Completeness of notifications of accidents by animals peçonhentos in the System of Information of Epidemiology and Health Services**, v. 32, n. 1, 2007.

CHAWLA, N. V. et al. **SMOTE: Synthetic Minority Over-sampling Technique**. Journal of Artificial Intelligence Research, v. 16, p. 321–357, 2002.

CHEN, T.; GUESTRIN, C. **XGBoost: A Scalable Tree Boosting System**. In: ACM SIGKDD INTERNATIONAL CONFERENCE ON KNOWLEDGE DISCOVERY AND DATA MINING, 22., 2016, San Francisco. Proceedings... New York: ACM, 2016. p. 785–794.

DEO, R. C. **Machine Learning in Medicine**. Circulation, v. 132, n. 20, p. 1920-1930, 2015.

FAWCETT, T. **An introduction to ROC analysis**. Pattern Recognition Letters, v. 27, n. 8, p. 861–874, 2006.

GOMES, J. C. M.; SOUZA, L. A. **Previsão de casos de dengue através de Machine Learning e Deep Learning: uma revisão sistemática**. Research, Society and Development, v. 10, n. 10, p. e504101019347, 2021.

GOODFELLOW, Ian; BENGIO, Yoshua; COURVILLE, Aaron. **Deep Learning**. Cambridge, MA: MIT Press, 2016.

GUIMARÃES, T. M.; SOUZA, C. F. **Dengue**. Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical, v. 56 (supl. 1), 2023.

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. **The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction**. 2. ed. New York: Springer, 2009.

HAYKIN, Simon. **Neural Networks and Learning Machines**. 3. ed. Upper Saddle River, NJ: Pearson Education, 2009.

KE, G. et al. **LightGBM: A Highly Efficient Gradient Boosting Decision Tree**. In: ADVANCES IN NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEMS, 30., 2017, Long Beach. Proceedings... Red Hook: Curran Associates, 2017.

LABOISSIÈRE, Paula. **Casos de dengue e chikungunya custaram R\$ 1,2 bi ao sistema de saúde**. Agência Brasil, 1 set. 2025. Disponível em: <https://agenciabrasil.ebc.com.br/saude/noticia/2025-09/dengue-e-chikungunya-custaram-mais-de-r-12-bi-ao-sistema-de-saude>. Acesso em: 11 set. 2025.

LUNDBERG, S. M.; LEE, S.-I. **A Unified Approach to Interpreting Model Predictions**. In: ADVANCES IN NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEMS, 30., 2017, Long Beach. Proceedings... Red Hook: Curran Associates, 2017.

MCKINNEY, W. **Data Structures for Statistical Computing in Python**. In: CONFERENCE ON SCIENTIFIC COMPUTING WITH PYTHON (SCIPY), 9., 2010, Austin. Proceedings... Austin, TX: SciPy, 2010. p. 56–61.

NOGUEIRA, L. F. **PySUS: Health Data from Brazil's Public Healthcare System**. Zenodo, 2024. Disponível em:

<https://www.google.com/search?q=https://doi.org/10.5281/zenodo.10543438>. Acesso em: 16 set. 2025.

OPAS. Organização Pan-Americana da Saúde. **Atualização Epidemiológica - Dengue**. Washington, D.C.: OPAS/OMS, 2024.

PAIÃO, Cristiane. **Modelo de aprendizado de máquina pode ser utilizado para prever surtos de dengue**. Agência FAPESP, 27 jul. 2022. Disponível em: <https://agencia.fapesp.br/modelo-de-aprendizado-de-maquina-pode-ser-utilizado-para-prever-surtos-de-dengue/39217>. Acesso em: 11 set. 2025.

PEDREGOSA, F. et al. **Scikit-learn: Machine Learning in Python**. Journal of Machine Learning Research, v. 12, p. 2825–2830, 2011.

SANTA CATARINA (Estado). Secretaria de Estado da Saúde. **Fluxograma de Classificação de risco e manejo do paciente com suspeita de dengue - 2024**. Florianópolis: SES, 2024. Disponível em: https://protocolodengue.saude.sc.gov.br/app_dengue/Fluxograma-manejo-dengue-2024.pdf. Acesso em: 11 set. 2025.

SUTTON, R. T. et al. **An overview of clinical decision support systems: benefits, risks, and strategies for success**. npj Digital Medicine, v. 3, n. 17, 2020.

SUS; DATASUS; MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Dicionário de dados – e-SUS Notifica**. p. 1–29, 24 mar. 2022.

TEIXEIRA, M. G.; COSTA, M. C. N. **The socioeconomic impact of dengue**.

THAM, H. Y. et al. **Predicting Dengue Outbreaks Using Machine Learning: A Systematic Review**. PLoS ONE, v. 12, n. 1, p. e0169213, 2017.