Journal of Health Informatics

J Health Inform. 2026;18:e1780
DOI: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1780

ARTIGO COMPLETO
CBIS 2026

Avaliação de estratégias de controle da dengue por modelagem baseada em agentes

Evaluation of dengue control strategies using agent-based modeling

Daniel Garbin Doege[1] ✉, Cecilia Dias Flores[1]

ORCID: 0009-0003-7649-7180 · 0000-0002-5720-3787

[1] Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA), Porto Alegre (RS), Brasil.

FICHA DO ARTIGO

TIPO
Artigo completo · CBIS 2026

IDENTIFICADOR
e1780

DOI
10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1780

RECEBIDO
17/05/2026

APROVADO
20/07/2026

PROCESSO DE AVALIAÇÃO
Double Blind Review

EDITOR RESPONSÁVEL
Juliano de Souza Gaspar

ACESSO
Aberto, CC BY 4.0

AUTOR CORRESPONDENTE
Daniel Garbin Doege
danieldoege00@gmail.com

LICENÇA

Este é um artigo publicado em acesso aberto sob a licença Creative Commons CC BY 4.0, que permite uso, distribuição e reprodução em qualquer meio, desde que o trabalho original seja corretamente citado.

CC BY 4.0

RESUMO

Objetivo: desenvolver e avaliar um modelo baseado em agentes para simular a transmissão da dengue em ambiente urbano, comparando cinco estratégias de controle. **Método:** em modelo implementado no NetLogo, com estrutura epidemiológica de compartimentos para humanos e mosquitos, foram simulados cinco cenários: sem intervenção (C1), eliminação de criadouros (C2), fumacê (C3), vacinação com Qdenga (C4) e estratégia combinada (C5), com 30 execuções por cenário. Métricas analisadas: pico de infectados, tempo ao pico, total acumulado, duração e área sob a curva. **Resultados:** C5 reduziu o pico em 56,7%, o total acumulado e a área sob a curva em 64,5% em relação ao C1. C3 reduziu o pico em 41%, mas prolongou a duração em 77,3%. C4 reduziu o total acumulado em 26,7% com resultados consistentes. **Conclusão:** a estratégia combinada superou as intervenções isoladas; o fumacê isolado redistribui a carga epidêmica sem reduzi-la.

Descritores: Dengue; Simulação por Computador; Controle de Mosquitos.

ABSTRACT

Objective: to develop and evaluate an agent-based model to simulate dengue transmission in an urban environment, comparing five control strategies. **Method:** using a model implemented in NetLogo with a compartmental epidemiological structure for humans and mosquitoes, five scenarios were simulated: no intervention (C1), breeding site elimination (C2), fumigation (C3), Qdenga vaccination (C4), and combined strategy (C5), with 30 runs per scenario. Metrics analyzed: peak infections, time to peak, cumulative total, duration, and area under the curve. **Results:** C5 reduced the peak by 56.7%, and both cumulative total and area under the curve by 64.5% compared to C1. C3 reduced the peak by 41% but extended the duration by 77.3%. C4 reduced the cumulative total by 26.7% with consistent results. **Conclusion:** the combined strategy outperformed isolated interventions; isolated fumigation redistributes the epidemic burden without reducing it.

Keywords: Dengue; Computer Simulation; Mosquito Control.

CBIS 2026 XXI CONGRESSO BRASILEIRO DE INFORMÁTICA EM SAÚDE

Artigo apresentado no XXI Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2026), realizado de 23 a 25 de setembro de 2026, em Brasília (DF), e publicado na seção CBIS 2026 do Journal of Health Informatics.

COMO CITAR ESTE ARTIGO: Doege DG, Flores CD. Avaliação de estratégias de controle da dengue por modelagem baseada em agentes. J Health Inform 2026;18:e1780. doi: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1780

1 INTRODUÇÃO

A dengue é uma arbovirose transmitida pelo mosquito *Aedes aegypti* que representa um dos maiores desafios de saúde pública global. Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), o número de casos registrados cresceu de cerca de 500 mil em 2000 para mais de 5,2 milhões em 2019, com surtos documentados em mais de 129 países [1]. Na Região das Américas, 2024 registrou a maior incidência histórica desde o início da vigilância sistemática, com mais de 13 milhões de casos notificados e mais de 8 mil óbitos. O Brasil concentrou aproximadamente 80% dos casos, com mais de 10 milhões de registros no período [2]. No Rio Grande do Sul, historicamente menos afetado, foram confirmados mais de 200 mil casos e 281 óbitos em 2024, evidenciando a expansão geográfica do vetor impulsionada por fatores climáticos e ambientais [3].

A transmissão da dengue é determinada pela interação entre fatores ambientais, comportamentais e socioeconômicos, tornando insuficientes as abordagens de controle isoladas. A Modelagem Baseada em Agentes (MBA) emerge como alternativa metodológica promissora para representar essa complexidade: cada indivíduo é explicitamente modelado com atributos próprios, e padrões epidêmicos emergem das interações locais entre agentes e ambiente [4,5]. Essa capacidade de incorporar heterogeneidade espacial e comportamental, bem como testar intervenções de forma controlada, posiciona a MBA como ferramenta de Saúde Digital com potencial para apoiar a tomada de decisão em saúde pública.

No contexto da informática em saúde, a MBA tem sido empregada na simulação de doenças transmitidas por mosquitos, com distintos enfoques: impacto da precipitação tropical na dispersão vetorial [6], influência da configuração espacial de residências na incidência da dengue [7], modelagem da densidade vetorial para previsão de surtos [8], análise de fatores climáticos na dinâmica de infecção [9], avaliação de estratégias de exterminadores móveis [10] e estimativa de produtividade pupal do vetor para orientação de políticas públicas [11]. Todos esses estudos utilizam a plataforma NetLogo [12] ou AnyLogic como suporte computacional, mas nenhum incorpora a vacinação como variável de intervenção.

A aprovação da vacina Qdenga (TAK-003) pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária e o início do programa de imunização no Sistema Único de Saúde (SUS) em 2024 abrem nova dimensão para o controle da dengue no Brasil. Estudos de fase 3 demonstram eficácia de 80,2% contra a dengue confirmada laboratorialmente no primeiro ano após a vacinação completa [13]. Contudo, modelos computacionais que avaliem o impacto da vacinação em combinação com outras estratégias ainda são escassos na literatura nacional.

O presente estudo tem como objetivo desenvolver e avaliar um modelo baseado em agentes na plataforma NetLogo para simular a dinâmica de transmissão da dengue em ambiente urbano, comparando cinco estratégias de controle: ausência de intervenção, eliminação de criadouros, fumacê, vacinação com a Qdenga e uma estratégia combinada, com ênfase na inclusão da vacinação como variável de intervenção em conjunto com medidas tradicionais de controle vetorial.

Nesse contexto, modelos computacionais baseados em agentes configuram-se como instrumentos de análise preditiva no âmbito da Saúde Digital, sendo compreendidos como abordagens de inteligência artificial aplicadas à gestão e ao uso de dados e informações em saúde. Ao permitir a simulação prospectiva de cenários epidemiológicos e a estimativa quantitativa do impacto de intervenções antes de sua adoção em escala, esses modelos geram conhecimento acionável para gestores de saúde pública, subsidiando a priorização de recursos, o planejamento de campanhas e a antecipação de efeitos adversos de políticas sanitárias. A integração de estratégias de vacinação, controle vetorial e intervenções emergenciais em um único ambiente simulado representa, portanto, uma oportunidade de ampliar a base de evidências disponível para a tomada de decisão no enfrentamento de arboviroses no SUS.

2 MÉTODOS

2.1 Delineamento e aspectos éticos

Estudo de natureza aplicada, exploratória e quantitativa, baseado em simulação computacional. O modelo foi implementado na plataforma NetLogo (versão 7.0.3, lançada em dezembro de 2025). Por utilizar exclusivamente dados teóricos e secundários provenientes de fontes públicas e científicas, sem envolvimento de seres humanos, animais ou dados sensíveis, o estudo enquadra-se na exceção prevista pelo Conselho Nacional de Saúde e dispensa aprovação por Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), conforme regulamentação vigente para desenvolvimento de software e modelos computacionais sem aplicação a dados reais.

2.2 Estrutura do modelo

O modelo representa uma população urbana de 500 humanos e 250 mosquitos distribuídos em um ambiente de grade (71×71 *patches*), com 10% dos *patches* designados como criadouros. Os agentes humanos seguem a estrutura SEIR (Suscetível–Exposto–Infectado–Recuperado) e os mosquitos a estrutura SEI (Suscetível–Exposto–Infectado). A interação entre populações ocorre por picada: mosquitos infectados podem transmitir o vírus a humanos suscetíveis no raio de contato de 2,5 *patches*, e humanos infectados podem infectar mosquitos suscetíveis. Vacinados com eficácia

transitam para o estado R (imunes); aqueles com falha vacinal permanecem no estado S.

Os parâmetros epidemiológicos e de intervenção foram definidos com base em revisão da literatura sobre MBA para doenças transmitidas por mosquitos [6-11] e em dados de instituições de referência em saúde [14,15], sendo, quando necessário, ajustados por calibração para garantir plausibilidade biológica e consistência da dinâmica simulada.

O modelo possui interface interativa que permite a modificação dos parâmetros pelo usuário; contudo, os valores adotados neste estudo foram fixados conforme descrito na Tabela 1. Alguns parâmetros do modelo, como a probabilidade de picada (0,60), a taxa de transmissão humano→mosquito (0,40) e a taxa de reprodução (0,15), foram ajustados por calibração dentro de faixas reportadas na literatura, visando reproduzir padrões epidemiológicos plausíveis de transmissão, sem corresponder diretamente a um estudo específico.

2.3 Cenários simulados

Foram implementados cinco cenários com parâmetros epidemiológicos fixos e idênticos, diferindo exclusivamente nas intervenções aplicadas: (C1) referência sem qualquer intervenção, utilizado como linha de base; (C2) eliminação progressiva de criadouros à taxa de 5% a cada 5 *ticks*, simulando campanha de limpeza urbana gradual; (C3) fumacê com 40 exterminadores móveis atuando por 70 *ticks* com eficácia de 70% no raio de ação, representando intervenção emergencial; (C4) vacinação com cobertura de 30% e eficácia de 80%, baseada nos dados da vacina TAK-003 (Qdenga) [13]; e (C5) estratégia combinada integrando simultaneamente C2, C3 e C4.

2.4 Coleta e análise dos dados

Cada cenário foi executado em 30 simulações estocásticas independentes, número adotado por critério exploratório, cujas implicações para a variabilidade dos resultados são discutidas nas limitações do estudo. As simulações foram conduzidas utilizando a ferramenta BehaviorSpace do NetLogo. As métricas de saída analisadas foram: (i) pico de infectados, máximo simultâneo de humanos no estado I; (ii) tempo até o pico, *ticks* até atingir o pico; (iii) total acumulado de infectados, número de humanos que transitaram pelo estado I ao longo de toda a simulação; (iv) duração da epidemia, *ticks* até que nenhum agente humano ou mosquito permanecesse nos estados Exposto (E) ou Infectado (I), caracterizando a extinção da transmissão; e (v) área sob a curva de infectados (AUC), calculada conforme a equação (a) para cada *tick*. Os resultados são expressos como média ± desvio padrão das 30 execuções, abordagem adotada em estudos de MBA comparáveis [7,11]. Não foram realizados testes estatísticos formais, uma vez que o objetivo do estudo é exploratório e comparativo entre cenários, e não inferencial. A redução percentual em relação ao C1 foi calculada utilizando a equação (b).

$$\Sigma I(t),\ t = 0,\ \ldots,\ T \qquad \text{(a)}$$

$$(valor_C1 - valor_Cn)/valor_C1 \times 100 \qquad \text{(b)}$$

3 RESULTADOS

A Tabela 2 apresenta as médias e desvios padrão das cinco métricas de saída para os cinco cenários (n=30 execuções). A Tabela 3 sumariza as reduções percentuais em relação ao C1. A Figura 1 ilustra o gráfico da dinâmica temporal de infectados por cenário, com banda de ± desvio padrão.

Tabela 1. Parâmetros do modelo e respectivas referências

Parâmetro	Valor	Referência	Descrição
Probabilidade de picada	0,60	Calibração do modelo	Taxa de contato vetor-hospedeiro
Transmissão mosquito→humano	0,60	Dommar et al. [6]	Prob. por picada infectante
Transmissão humano→mosquito	0,40	Calibração do modelo	Prob. de infecção do vetor
Incubação humana	5 ticks	Ministério da Saúde [14]	Período intrínseco
Incubação do mosquito	10 ticks	Ministério da Saúde [14]	Período extrínseco
Duração da infecção	7 ticks	OMS [15]	Período infeccioso (humano)
Taxa de reprodução	0,15	Calibração do modelo	Crescimento populacional
Cobertura vacinal (C4/C5)	30%	Calibração do modelo	Proporção vacinada
Eficácia vacinal (C4/C5)	80%	Biswal et al. [13]	Eficácia TAK-003
Exterminadores (C3/C5)	40 unid.	Calibração do modelo	Unidades móveis de fumacê, com eficácia de 70% no raio de ação
Duração do fumacê (C3/C5)	70 ticks	Calibração do modelo	Ticks de atuação
Elim. de criadouros (C2/C5)	5%/5 ticks	Calibração do modelo	Remoção gradual de focos

Fonte: Elaborado pelos autores (2026), a partir dos estudos referenciados.

Tabela 2. Resultados das simulações por cenário (média ± DP, n=30 execuções)

Cenário	Pico (infectados)	Tempo ao Pico (ticks)	Total Acumulado	Duração (ticks)	AUC
C1 – Referência	64,9 ± 8,0	31,9 ± 7,6	487,2 ± 5,6	155,6 ± 23,5	2.923,0 ± 33,8
C2 – Criadouros	63,5 ± 11,2	31,5 ± 7,4	430,0 ± 26,5	151,9 ± 22,5	2.580,0 ± 159,0
C3 – Fumacê	38,3 ± 5,7	39,2 ± 36,9	453,3 ± 30,5	275,9 ± 45,6	2.719,8 ± 183,2
C4 – Vacinação	48,5 ± 7,8	31,6 ± 7,6	357,0 ± 12,3	173,4 ± 37,4	2.142,2 ± 74,1
C5 – Combinado	28,1 ± 4,6	23,1 ± 13,5	173,1 ± 32,5	152,9 ± 23,1	1.038,6 ± 195,3

Dados gerados no BehaviorSpace (NetLogo 7.0.3).

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

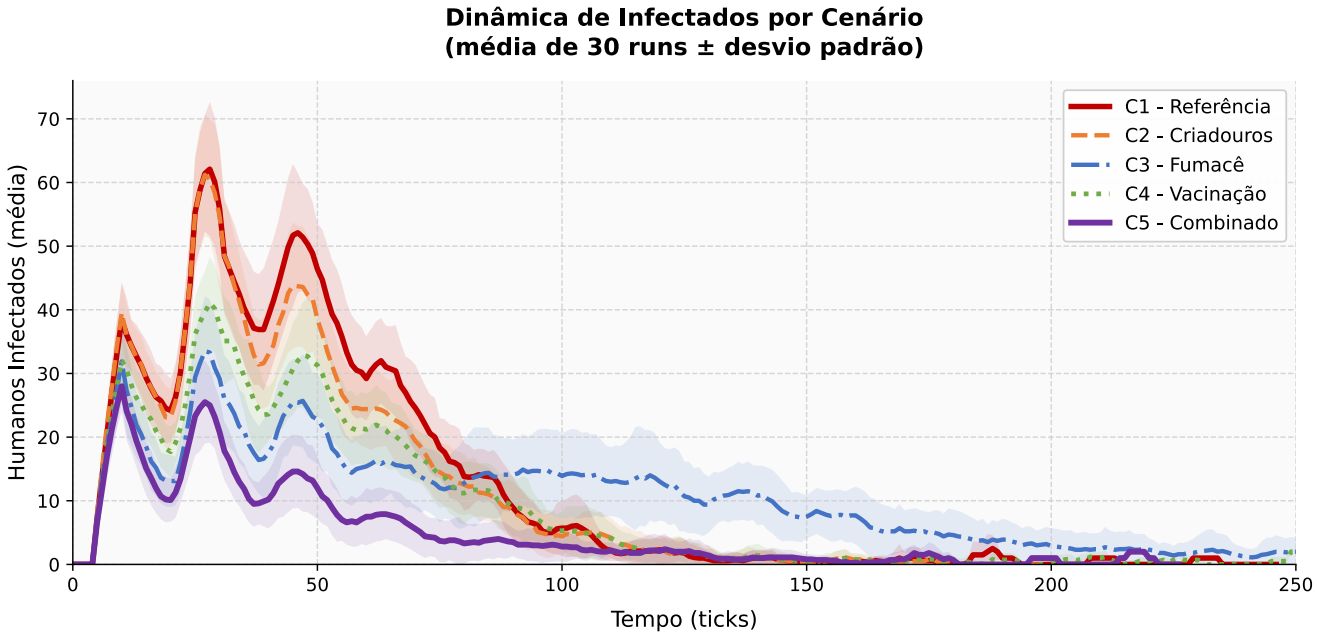
Tabela 3. Redução percentual em relação ao C1 (valores positivos = redução)

Cenário	Pico (%)	Tempo ao Pico (%)	Total Acumulado (%)	Duração (%)	AUC (%)
C2 – Criadouros	+2,2	+1,3	+11,7	+2,4	+11,7
C3 – Fumacê	+41,0	−23,0	+7,0	−77,3	+7,0
C4 – Vacinação	+25,2	+0,8	+26,7	−11,4	+26,7
C5 – Combinado	+56,7	+27,5	+64,5	+1,7	+64,5

Sinal negativo (−) indica piora em relação à linha de base.

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Figura 1. Gráfico da dinâmica de infectados por cenário



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

O cenário C1 demonstrou epidemia consistente e altamente reprodutível, com pico de 64,9 infectados simultâneos, atingido ao redor do *tick* 32 e quase totalidade da população suscetível afetada (487,2 de 500 humanos). O baixo desvio padrão do total acumulado (±5,6) e da AUC (±33,8) confirma a previsibilidade da propagação na ausência de intervenções.

O C2 apresentou impacto limitado sobre o pico (63,5; redução de 2,2%), sem alteração relevante no tempo ao pico ou na duração da epidemia. A contribuição mais expressiva foi a redução de 11,7% no total acumulado e na AUC, indicando atuação principalmente na fase descendente da curva epidêmica.

O C3 produziu a segunda maior redução de pico entre os cenários com intervenção (38,3 infectados; +41,0%). Contudo, registrou o maior prolongamento da duração da epidemia: 275,9 *ticks*, representando aumento de 77,3% em relação ao C1. O desvio padrão elevado do tempo ao pico (±36,9) evidencia comportamento irregular, com múltiplas ondas epidêmicas resultantes

da recomposição da população vetorial após o término do fumacê. A AUC reduziu apenas 7,0%.

O C4 apresentou reduções equilibradas e consistentes: pico de 48,5 infectados (+25,2%), total acumulado de 357,0 (+26,7%) e AUC de 2.142,2 (+26,7%). Entre os cenários com intervenção, o C4 apresentou o menor coeficiente de variação da AUC (3,5%) conforme a equação (c), indicando que os resultados variaram menos entre as 30 simulações em comparação ao C2, C3 e C5.

$$CV = DP/média \times 100 \quad \text{(c)}$$

O C5 apresentou o melhor desempenho em todas as métricas principais: pico de 28,1 infectados (+56,7%), total acumulado de 173,1 (+64,5%) e AUC de 1.038,6 (+64,5%). O tempo ao pico de 23,1 *ticks* (±13,5) foi o menor entre todos os cenários, incluindo o C1 (31,9 *ticks*), indicando que a combinação simultânea das intervenções acelerou a contenção da epidemia. Adicionalmente, a duração da epidemia no C5 (152,9 *ticks*) foi praticamente idêntica à do C1 (155,6 *ticks*), indicando que a combinação de intervenções neutralizou o efeito de prolongamento observado no C3 isolado.

4 DISCUSSÃO

Os resultados confirmam que nenhuma intervenção isolada foi capaz de controlar de forma abrangente a epidemia simulada, reforçando a necessidade de combinar simultaneamente medidas de controle vetorial e vacinação para o enfrentamento da dengue no contexto do SUS. Do ponto de vista da Saúde Digital e do apoio à tomada de decisão, o modelo demonstra capacidade de comparar quantitativamente o impacto de políticas distintas antes de sua implementação, gerando evidências para priorização de recursos em contextos de restrição orçamentária, como os frequentemente enfrentados pelos gestores municipais de saúde no Brasil.

Analisando os cenários individualmente, o baixo impacto do C2 sobre o pico de infectados é biologicamente coerente: a eliminação de criadouros foi modelada de forma gradual (5% a cada 5 *ticks*), o que reflete a realidade de campanhas de limpeza urbana, mas implica que no início da epidemia, quando o pico ocorre, a densidade de criadouros ainda é suficiente para sustentar a reprodução vetorial. Esse achado sugere que campanhas de eliminação de criadouros têm maior potencial de impacto quando implementadas preventivamente, antes do início do surto, do que como resposta emergencial.

O resultado mais inesperado foi o do fumacê (C3), considerando seu uso como estratégia emergencial. A redução de 41,0% no pico de infectados é epidemiologicamente relevante para aliviar a pressão sobre serviços de saúde no curto prazo, objetivo frequentemente perseguido por gestores do SUS durante surtos. Entretanto, o prolongamento de 77,3% na duração da epidemia indica que o fumacê isolado redistribui temporalmente a carga da doença sem reduzi-la estruturalmente. Durante os 70 *ticks* de atuação, os exterminadores eliminam mosquitos adultos de forma efetiva; no entanto, como os criadouros permanecem intactos, a população vetorial se recompõe após o término da intervenção, resultando em ondas epidêmicas sucessivas, evidenciadas pelo elevado desvio padrão do tempo ao pico (±36,9). Para a Saúde Digital e o apoio à decisão, esse achado é especialmente relevante: ferramentas de simulação podem antecipar esse efeito adverso antes da implementação operacional, orientando gestores a não utilizar o fumacê como estratégia única.

A vacinação com a Qdenga (C4), com cobertura conservadora de 30% e eficácia de 80% compatível com os dados do ensaio clínico de fase 3 [13], demonstrou o perfil mais equilibrado entre eficácia e previsibilidade. Entre os cenários com intervenção, o C4 apresentou o menor coeficiente de variação da AUC (3,5%), o que indica que, independentemente das condições aleatórias de cada simulação, a vacinação produziu resultados mais consistentes que as demais estratégias isoladas ou combinadas. Esse atributo tem relevância para o planejamento em saúde pública: uma intervenção com efeito previsível permite estimativas mais confiáveis de impacto, favorecendo a alocação orçamentária e o monitoramento de metas no SUS. A cobertura vacinal de 30% foi definida por calibração do modelo, representando um cenário intermediário de intervenção e permitindo a comparação entre estratégias sob condições controladas, sem a intenção de reproduzir diretamente um contexto epidemiológico específico. Estudos futuros com maiores níveis de cobertura poderão avaliar o ponto de inflexão necessário para o controle sustentado da epidemia. Observou-se que o cenário apresentou um leve prolongamento da duração da epidemia, o que pode ser explicado pela fragmentação das cadeias de transmissão decorrente da imunização parcial da população. Esse efeito reduz a intensidade do surto, mas favorece uma propagação mais lenta e heterogênea ao longo do tempo.

O cenário combinado (C5) apresentou desempenho superior aos cenários de intervenção isolados e reduziu expressivamente a carga epidêmica (AUC e total acumulado em 64,5%) em relação à linha de base, resultado superior a qualquer cenário isolado. O pico antecipado do C5 (23,1 *ticks*) em relação à linha de base reforça que a combinação simultânea de intervenções não apenas reduz a magnitude da epidemia, mas também acelera sua contenção, com implicação direta para o dimensionamento da resposta dos serviços de saúde. O modelo demonstra, portanto, que a integração simultânea de intervenções potencializa seus efeitos

individuais, ao mesmo tempo em que a presença do controle de criadouros e da vacinação neutraliza o prolongamento epidêmico característico do fumacê isolado. Esse resultado alinha-se às medidas de prevenção e controle da dengue e à necessidade de estratégias multissetoriais, citadas pela Organização Pan-Americana da Saúde [16] e reforça o valor de modelos baseados em agentes como ferramentas de Saúde Digital para apoio à formulação de políticas públicas.

Este estudo apresenta limitações inerentes à sua natureza de simulação. A mobilidade humana foi modelada de forma aleatória, sem considerar padrões reais de deslocamento urbano. O modelo não incorpora sazonalidade climática, variação de temperatura ou precipitação como forçantes da dinâmica vetorial, fatores documentados como determinantes por Dommar *et al.* [6]. A população foi mantida fechada, sem dinâmica vital, e apenas um sorotipo viral foi simulado. Essas simplificações contribuíram para uma elevada taxa de ataque no cenário sem intervenção, característica comum em modelos desse tipo. Tais características são adequadas ao objetivo exploratório do estudo, limitando, contudo, a extrapolação direta para cenários epidemiológicos reais. Pesquisas futuras poderão integrar dados climáticos reais, mobilidade urbana georreferenciada e múltiplos sorotipos para aumentar a validade ecológica do modelo. Além disso, o número de simulações por cenário (n=30) pode não capturar completamente a variabilidade estocástica do modelo, especialmente em cenários com maior dispersão dos resultados.

5 CONCLUSÃO

O modelo baseado em agentes desenvolvido demonstrou capacidade de simular a dinâmica epidêmica da dengue em ambiente urbano e de diferenciar quantitativamente os efeitos de estratégias de controle distintas, atendendo aos objetivos propostos. Os resultados indicam que a estratégia combinada de eliminação de criadouros, fumacê e vacinação (C5) foi a mais efetiva, reduzindo em 56,7% o pico de infectados, em 64,5% o total acumulado e em 64,5% a AUC em relação à linha de base. O fumacê isolado (C3), embora eficaz como medida emergencial de curto prazo, evidenciou efeito adverso de prolongamento da epidemia em 77,3%, com implicação direta para o planejamento de políticas públicas: o fumacê sem ações complementares redistribui a carga epidêmica ao longo do tempo sem reduzi-la. A vacinação (C4) destacou-se pela consistência e previsibilidade dos resultados, qualidades relevantes para a gestão e o financiamento de programas de saúde no SUS.

Como ferramenta de Saúde Digital, o modelo apresenta potencial para apoiar a tomada de decisão por gestores municipais e estaduais de saúde pública, permitindo simular cenários de intervenção antes de sua implementação operacional. Estudos futuros podem estender o modelo para incorporar sazonalidade climática, múltiplos sorotipos virais, mobilidade urbana realista e diferentes coberturas vacinais, ampliando sua aplicabilidade no contexto do SUS.

Contribuição dos autores. Daniel Garbin Doege: concepção e delineamento do estudo, desenvolvimento do modelo no NetLogo, execução das simulações, coleta, análise e interpretação dos dados e redação do manuscrito. Cecilia Dias Flores: orientação e supervisão do trabalho.

Financiamento. Os autores declaram que o estudo não recebeu financiamento.

Disponibilidade de dados e materiais. Os dados agregados estão nas Tabelas 2 e 3; o modelo NetLogo e os dados das simulações estão disponíveis mediante solicitação ao autor correspondente.

Conflitos de interesse. Os autores declaram não haver conflitos de interesse.

Declaração de uso de IA. Os autores declaram que a ferramenta de Inteligência Artificial Claude (Anthropic, versão Claude Sonnet 4.6, 2026) foi utilizada nas etapas de apoio à redação e revisão linguística do manuscrito, organização e estruturação textual, e apoio à análise exploratória de dados na geração de gráficos e tabelas de resultados. Todo o conteúdo científico (incluindo o desenvolvimento do modelo, a coleta e interpretação dos dados, as conclusões e a validação dos resultados) foi produzido exclusivamente pelos autores, que permanecem integralmente responsáveis pelo conteúdo do manuscrito, pela precisão das informações e pela integridade científica do trabalho.

REFERÊNCIAS

1. World Health Organization. Dengue: global situation [Internet]. Geneva: WHO; 2023 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON498
2. Pan American Health Organization. Dengue: analysis by country [Internet]. Washington (DC): PAHO; 2024 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.paho.org/en/arbo-portal/dengue-data-and-analysis/dengue-analysis-country
3. Rio Grande do Sul. Secretaria da Saúde. Temporada de verão acende alerta para a dengue no Estado [Internet]. Porto Alegre: SES/RS; 2025 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://saude.rs.gov.br/temporada-de-verao-acende-alerta-para-a-dengue-no-estado
4. Silva CR, Mesquita O, Araújo E, Mata AS. Uso da modelagem baseada em agentes no estudo de sistemas complexos. Rev Bras Ensino Fis. 2025;47:e20240464. doi: https://doi.org/10.1590/1806-9126-RBEF-2024-0464

5. Sulis E, Mariani S, Montagna S. A survey on agents applications in healthcare: Opportunities, challenges and trends. Comput Methods Programs Biomed. 2023;236:107525. doi: https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2023.107525
6. Dommar CJ, Lowe R, Robinson M, Rodó X. An agent-based model driven by tropical rainfall to understand the spatio-temporal heterogeneity of a chikungunya outbreak. Acta Trop. 2014;129:61-73. doi: https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2013.08.004
7. Kang JY, Aldstadt J. The Influence of Spatial Configuration of Residential Area and Vector Populations on Dengue Incidence Patterns in an Individual-Level Transmission Model. Int J Environ Res Public Health. 2017;14(7):792. doi: https://doi.org/10.3390/ijerph14070792
8. Mahmood I, Jahan M, Groen D, Javed A, Shafait F. An agent-based simulation of the spread of dengue fever. In: Computational Science, ICCS 2020. Lecture Notes in Computer Science, vol. 12139. Cham: Springer; 2020. p. 103-17. doi: https://doi.org/10.1007/978-3-030-50420-5_8
9. Encinas DO, Matto J, Stella J, Maccallini L, Romero F. Dengue dynamics: modelling spread and environmental interactions. J Comput Sci Technol. 2024;24(2):e14. doi: https://doi.org/10.24215/16666038.24.e14
10. Borges KCAD, Reis WMP, Oliveira AP. Multiagent systems simulation of dengue in Minas Gerais (Brazil). In: Anais do VII Workshop-Escola de Sistemas de Agentes, seus Ambientes e Aplicações (WESAAC); 2013; São Paulo. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação; 2013. p. 157-9. doi: https://doi.org/10.5753/wesaac.2013.33190
11. Borges F, Gutierrez-Milla A, Suppi R, Luque E, Arduino MB. An agent-based model for assessment of Aedes aegypti pupal productivity. In: 2015 Winter Simulation Conference (WSC); 2015 dez 6-9; Huntington Beach (CA). [s.l.]: IEEE; 2015. p. 159-70. doi: https://doi.org/10.1109/WSC.2015.7408161
12. Wilensky U. NetLogo [software] [Internet]. Evanston (IL): Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University; 1999 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.netlogo.org/
13. Biswal S, Reynales H, Saez-Llorens X, Lopez P, Borja-Tabora C, Kosalaraksa P, et al. Efficacy of a Tetravalent Dengue Vaccine in Healthy Children and Adolescents. N Engl J Med. 2019;381(21):2009-19. doi: https://doi.org/10.1056/NEJMoa1903869
14. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Guia de vigilância em saúde [Internet]. 5. ed. rev. e atual. Brasília: Ministério da Saúde; 2022 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/svsa/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude-5a-edicao-revisada-e-atualizada-2022/view
15. World Health Organization. Dengue and severe dengue [Internet]. Geneva: WHO; 2025 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue
16. Organização Pan-Americana da Saúde. Atualização epidemiológica: aumento de casos de dengue na Região das Américas [Internet]. Washington (DC): OPAS/OMS; 2024 [citado 2026 out 13]. Disponível em: https://www.paho.org/sites/default/files/2024-06/2024-junho-19-phe-atualizacao-dengue-port2.pdf

NOTAS EDITORIAIS

O Journal of Health Informatics é uma publicação científica mantida pela Sociedade Brasileira de Informática em Saúde, associação científica sem fins lucrativos dedicada ao desenvolvimento da Informática em Saúde e da Saúde Digital no Brasil. O processo editorial é conduzido com independência científica, sem interferência institucional, comercial ou de patrocinadores, e segue as boas práticas internacionais de ética em publicação científica.

Este artigo foi avaliado por pares, em sistema duplo-cego, por especialistas da área. A equipe editorial usou ferramentas de inteligência artificial, com supervisão humana, na triagem inicial, na conferência do texto, das referências e dos números e, quando necessário, no redesenho de figuras, quadros e tabelas, aprovado pelos autores na prova. As ferramentas e as salvaguardas estão na Política de uso de inteligência artificial da revista. As decisões editoriais foram tomadas por pessoas.

SBIS Sociedade Brasileira de Informática em Saúde