

Doenças transmitidas por vetores no Brasil: mudanças climáticas e cenários futuros de aquecimento global

Vector-borne diseases in Brazil: climate change and future warming scenarios

Bruno Moreira de Carvalho^a

Letícia Palazzi Perez^b

Beatriz Fátima Alves de Oliveira^c

Ludmilla da Silva Viana Jacobson^d

Marco Aurélio Horta^e

Andréa Sobral^f

Sandra de Souza Hacon^g

^a Bolsista de Pós-Doutorado no Instituto de Saúde Global de Barcelona, Barcelona, Espanha
End. Eletrônico: brunomc.eco@gmail.com

^b Professora visitante na Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Departamento de Arquitetura e
Urbanismo da UFPB, João Pessoa, PB, Brasil
End. Eletrônico: leticia.palazzi@gmail.com

^c Doutora em Ciências pela Escola Nacional de Saúde Pública Sérgio Arouca (ENSP/Fiocruz), Escritório
Regional da Fundação Oswaldo Cruz no Piauí, Teresina, PI, Brasil
End. Eletrônico: beatrizenf@gmail.com

^d Doutora em Saúde Coletiva pelo Instituto de Medicina Social (IMS/Uerj), Universidade Federal
Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil
End. Eletrônico: ludmillaviana@yahoo.com.br

^e Doutor em Saúde Pública e Meio Ambiente pela Escola Nacional de Saúde Pública da Fundação
Oswaldo Cruz (Fiocruz) e pesquisador em saúde pública do Instituto Oswaldo Cruz,
Rio de Janeiro, RJ, Brasil
End. Eletrônico: marcohorta@yahoo.com

^f Departamento de Endemias Samuel Pessoa da Escola Nacional de Saúde Pública – ENSP
Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil
End. Eletrônico: asasobral@gmail.com

^g Doutora em Geociências pela Universidade Federal Fluminense (UFF), Escola Nacional de Saúde
Pública (ENSP/Fiocruz), Rio de Janeiro, RJ, Brasil
End. Eletrônico: shacon@ensp.fiocruz.br

Received: 08/09/2020
Accepted: 17/11/2020

ARTICLE – DOSSIER

Os dados e os resultados apresentados nesta publicação foram desenvolvidos no âmbito do projeto “Quarta Comunicação Nacional e Relatórios de Atualização Bienal do Brasil à Convenção do Clima”, coordenado pelo Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações, com apoio do Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento, por meio dos recursos do Fundo Global para o Meio Ambiente, aos quais oferecemos nossos agradecimentos.

RESUMO

As mudanças climáticas afetam a saúde humana direta ou indiretamente, e seus impactos são complexos, não lineares e dependentes de diversas variáveis. Entre os diversos impactos das mudanças climáticas na saúde estão a alteração na distribuição espacial de doenças transmitidas por vetores. Nesse sentido, o presente estudo apresenta e discute mudanças na distribuição espacial da adequabilidade climática para leishmaniose visceral, febre amarela e malária no Brasil, em diferentes cenários de aquecimento global. Para a construção dos modelos de adequabilidade climática nos cenários de aquecimento, foi utilizado o algoritmo de máxima entropia (*MaxEnt*). Os modelos foram baseados em variáveis climáticas geradas pelo modelo climático regionalizado Eta-HadGEM2 ES, no período *baseline* (1965-2005) e no cenário RCP 8.5, representando os níveis de aquecimento global de 1,5°C (2011-2040), 2,0°C (2041-2070) e 4,0°C (2071-2099). As três doenças estudadas são amplamente influenciadas pelo clima e apresentaram diferentes padrões de distribuição no País. Em cenários de aquecimento global, a leishmaniose visceral apresentou condições climáticas mais favoráveis à sua ocorrência nas regiões Sudeste e Sul do Brasil, enquanto o clima nas regiões Norte e Centro-Oeste se tornou gradativamente mais adequado para febre amarela. Nos cenários para malária foi observado aumento nas condições climáticas favoráveis à sua alta incidência na Mata Atlântica, onde atualmente ocorrem casos extra-amazônicos. Os cenários aqui apresentados representam diferentes consequências possíveis para o setor de saúde e da adoção ou não de diferentes medidas para mitigar as mudanças climáticas no Brasil, como a redução da emissão de gases de efeito estufa.

Palavras-chave: Aquecimento global. Saúde Pública. Leishmaniose Visceral. Febre Amarela. Malária.

ABSTRACT

*Climate change affects human health either directly or indirectly, and related impacts are complex, non-linear, and depend on several variables. The various climate change impacts on health include a change in the spatial distribution of vector-borne diseases. In this regard, this study presents and discusses changes in the spatial distribution of climate suitability for visceral leishmaniasis, yellow fever and malaria in Brazil, in different global warming scenarios. Maximum entropy (*MaxEnt*) was used to construct climate suitability models in warming scenarios. Models were based in climate variables generated by the Eta-HadGEM2 ES regional model, in the baseline period 1965-2005 and RCP8.5 scenario, representing global warming levels of 1,5°C (2011-2040), 2,0°C (2041-2070) and 4,0°C (2071-2099). The three diseases studied are largely influenced by climate and showed different distribution patterns within the country. In global warming scenarios, visceral leishmaniasis found more favorable climate conditions in the Southeastern and Southern regions of Brazil, while climate in the Northern and Center-West regions gradually became more favorable to yellow fever. In malaria scenarios, an increase in favorable climate conditions to its high incidence was observed in the Atlantic Forest, where currently extra-Amazonian cases occur. The scenarios presented herein represent different possible consequences for the health sector in terms of adopting (or not) different measures to mitigate climate change in Brazil, such as reducing the emission of greenhouse gases.*

Keywords: Global warming. Public health. Visceral leishmaniasis. Yellow fever. Malaria.

1 INTRODUÇÃO

As mudanças climáticas podem produzir impactos na saúde humana direta, indiretamente, ou ainda seus impactos podem ser exacerbados por vulnerabilidade socioambiental (BARCELLOS et al., 2009). Entendem-se por impactos diretos aqueles associados, prioritariamente, à ocorrência de eventos extremos, como ondas de calor, de frio extremo, secas e regimes de chuva mais intensos.

Os impactos indiretos são mediados por desequilíbrios nos ecossistemas, na biodiversidade e ciclos hidrológicos/biogeoquímicos que influenciam os perfis de morbidade e mortalidade (BARCELLOS et al., 2009; IPCC, 2014). Entre os efeitos gerados socialmente em resposta às alterações climáticas estão aqueles relacionados às mudanças econômicas, que podem resultar em impactos ocupacionais, desnutrição, problemas psicossociais e migração forçada (BENNETT et al., 2014), além da capacidade do sistema de saúde e condições socioeconômicas da população (BARCELLOS et al., 2009; HACON et al., 2018). Apesar de didaticamente classificados, os impactos das alterações climáticas na saúde humana são complexos, multifatoriais e não lineares. Portanto, poderão ser potencializados ou minimizados em função das características dos determinantes sociais individuais e coletivos inerentes a uma determinada organização social e de suas inter-relações com o meio físico (HACON et al., 2018).

Entre as doenças impactadas indiretamente, aquelas transmitidas por vetores constituem-se em preocupação no setor de saúde global: a malária é responsável por causar mais de 400 mil mortes anualmente no mundo, das quais dois terços ocorrem em crianças de menos de 5 anos de idade (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2019); casos de dengue vêm aumentando progressivamente nas últimas décadas (CASTRO; WILSON; BLOOM, 2017); a expansão global de mosquitos invasores, facilitada pelo transporte internacional de materiais e produtos, tem sido relacionada ao surgimento de novos focos de transmissão de arbovirose (BENEDICT et al., 2007).

No atual cenário epidemiológico do Brasil, destacam-se a malária, doença de Chagas, leishmanioses, dengue, febre amarela, além do vírus *Oropouche*, *Mayaro*, filarioses (bancroftose e oncocercose), febre do Oeste do Nilo, entre outras. Algumas dessas doenças são amplamente distribuídas no território nacional como a dengue, enquanto outras apresentam características regionais, como o vírus *Oropouche* na Amazônia (BARCELLOS et al., 2009). Somada a esse cenário, a introdução recente da zika e da chikungunya tem agravado ainda mais a situação epidemiológica dessas doenças em todo o território nacional (CAMPOS; BANDEIRA; SARDI, 2015; ZANLUCA et al., 2015), mas com maior expressividade no Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste (VASCONCELOS; PINHO, 2017).

Múltiplos fatores podem influenciar a dinâmica das doenças transmitidas por vetores, como fatores ambientais, sociodemográficos, biológicos (ciclo vital dos vetores) e de saúde (suscetibilidade da população, governança, sistemas de saúde e programas de controle de doenças) (GRACIE et al., 2014). A urbanização desordenada também impacta a dinâmica de transmissão, com ocupações informais e precárias geralmente sem acesso aos serviços básicos de saneamento, como redes de distribuição de água e coleta de esgoto (MARICATO, 2009), além da indisponibilidade de serviços de saneamento ambiental, como galerias de águas pluviais e coleta adequada de resíduos (FOURNET et al., 2018).

Entre os fatores ambientais, as variáveis climáticas são componentes importantes na distribuição temporal e espacial desses vetores de doenças tanto limitando a sua propagação quanto influenciando a dinâmica da transmissão (HORTA et al., 2014). As mudanças climáticas podem causar alterações na distribuição espacial, densidade populacional, sazonalidade, prevalência da infecção, carga parasitária ou até na adaptação de espécies de vetores e hospedeiros a novos ciclos de transmissão (KOVATS et al., 2001; MILLS; GAGE; KHAN, 2010) a change in climate would be expected to cause changes in the geographical range, seasonality (intra-annual variability).

A temperatura constitui-se em um importante fator que pode retardar ou acelerar o desenvolvimento e a sobrevivência dos insetos vetores, assim como o período de incubação extrínseco de alguns patógenos

(ALTO; JULIANO, 2001; BESERRA et al., 2009; HLAVACOVA; VOTYPKA; VOLF, 2013; RIVAS et al., 2014). Os padrões de precipitação exercem efeitos a curto e médio prazos na dinâmica populacional dos vetores, à medida que regulam a disponibilidade de criadouros (ALTO; JULIANO, 2001; VALDEZ; SIBONA; CONDAT, 2018). Portanto, conhecer as condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento dos vetores permite prever ciclos de gerações anuais e épocas de maior ocorrência nas áreas de infestação (KOVATS et al., 2001; MILLS; GAGE; KHAN, 2010; VALDEZ; SIBONA; CONDAT, 2018).

Nas últimas décadas, os estudos e as análises dos impactos do aumento da temperatura global na saúde humana têm se concentrado em estudos de casos retrospectivos, como as ondas de calor que atingiram a Europa em 2003 e a Rússia em 2010, causando aumentos na mortalidade (MATSUEDA, 2011; ROBINE et al., 2008). Há também estudos realizados em diversos países com o intuito de avaliar a relação exposição-resposta, com estabelecimento do risco relativo entre temperatura e mortalidade (GASPARRINI et al., 2015; KINGSLEY et al., 2016).

No Brasil, alguns estudos exploraram a relação entre a distribuição espacial de vetores de doenças e as condições climáticas do território nacional (CARDOSO-LEITE et al., 2014; CARVALHO et al., 2015; DA COSTA; CORDEIRO; RANGEL, 2018; GURGEL-GONÇALVES et al., 2012; LAPORTA et al., 2011, 2015). No entanto, poucos estudos fizeram o mesmo para a distribuição dos casos humanos dessas doenças, com o objetivo de gerar cenários dos impactos causados pelas mudanças climáticas (CAMINADE et al., 2014; CARVALHO; RANGEL; VALE, 2017; LAPORTA et al., 2015; MENDES et al., 2016). Para suprir parte dessa lacuna, o presente estudo inclui análises sobre três doenças de transmissão vetorial de atual relevância para o Brasil, que tem conhecida relação com variáveis climáticas: leishmaniose visceral, febre amarela e malária.

A leishmaniose visceral (LV) no Brasil é transmitida pela picada de fêmeas de *Lutzomyia longipalpis* (mosquito-palha) infectadas pelo protozoário *Leishmania infantum* (BRASIL, 2014). Um grande número de espécies de mamíferos silvestres e domésticos, incluindo o cão doméstico, podem ser hospedeiros desse parasita. De acordo com o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (Sinan), do Ministério da Saúde, a doença atualmente causa aproximadamente 3.000 a 3.500 casos por ano no País, o que representa a maior incidência em toda a América (ALVAR et al., 2012; BRASIL, 2020a). A LV atualmente se encontra em franco processo de expansão geográfica e urbanização, com registros de casos em capitais, como Campo Grande, Belo Horizonte e Rio de Janeiro (BRASIL, 2014, 2020a). Esse processo está associado a alterações ambientais, migrações humanas, condições socioeconômicas e adaptação dos vetores às condições peridomésticas (RANGEL et al., 2018; SALOMÓN et al., 2015). A ocorrência e incidência de LV são moduladas pelo clima, por meio de interações com a densidade de vetores e sua sazonalidade (READY, 2008).

Experimentos de laboratório realizados a partir da colonização do vetor *L. longipalpis* demonstraram que temperaturas mais altas causaram aumento na sua atividade locomotora, o que sugere que as populações de vetores estariam mais abundantes em estações do ano mais quentes (RIVAS et al., 2014). Temperaturas mais altas também aceleraram o desenvolvimento de formas promastigotas de *Leishmania* em *L. longipalpis* (HLAVACOVA; VOTYPKA; VOLF, 2013). Modelos de adequabilidade climática para essa mesma espécie de vetor demonstraram a provável expansão de sua distribuição geográfica no País em cenários de mudanças climáticas, especialmente na Amazônia oriental (PETERSON et al., 2017).

A febre amarela (FA) é uma doença infecciosa não contagiosa que se mantém endêmica ou enzoótica nas florestas tropicais da América e África causando periodicamente surtos isolados ou epidemias de maior ou menor impacto em saúde pública, sendo causada por um arbovírus do gênero Flavivírus, tendo como hospedeiros os primatas não humanos e como vetores os mosquitos dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes* (no ciclo silvestre) e *Aedes aegypti* (no ciclo urbano) (VASCONCELOS, 2003). A febre amarela silvestre é considerada endêmica na região Amazônica. De tempos em tempos, o vírus reemerge na região extra-amazônica, com surtos de magnitude e distribuição espacial variáveis com expansão de áreas de circulação viral que podem afetar até a Região Sul. A ocorrência é sazonal, com

maior incidência entre os meses de dezembro a maio, quando as altas temperaturas e precipitação favorecem a alta densidade de vetores (BRASIL, 2020b).

As epizootias (mortalidade de macacos por FA) normalmente precedem a ocorrência da doença em humanos, sendo eventos-sentinelas para a detecção precoce de surtos. A atual reemergência da FA no Brasil, iniciada em 2014, afetou regiões metropolitanas de diversos estados e causou impactos sem precedentes na história recente da doença. Os maiores surtos da história da FA no Brasil, desde que seu ciclo de transmissão foi descrito na década de 1930, ocorreram nos anos de monitoramentos 2016/2017 e 2017/2018, quando foram registrados cerca de 2,1 mil casos e mais de 700 óbitos pela doença (BRASIL, 2020b). Em estudo recente, variáveis climáticas contribuíram em cerca de 60% para a ocorrência de FA no Sul do Brasil (ALMEIDA et al., 2019).

A malária é uma doença infecciosa causada por protozoários do gênero *Plasmodium* e transmitida por mosquitos vetores da subfamília *Anophelinae*, que representa significativa carga de doenças em nível global e regional, e tem ocorrência e transmissão relacionadas às condições climáticas (CAMINADE et al., 2014; PARHAM; MICHAEL, 2010). Alterações de temperatura e no regime de chuvas, aliadas a alterações nos ecossistemas, podem afetar a distribuição espacial e a intensidade da ocorrência de malária, que é complexa e multifatorial, e o entendimento da associação com o clima é essencial para o Brasil.

Evidências recentes sugerem que a incidência da malária está aumentando em regiões mais frias do mundo devido ao aquecimento global (CELLA et al., 2019). Babaie et al. (2018) sugerem que temperatura, precipitação, umidade relativa e intensidade e direção do vento são os fatores climáticos mais importantes para o crescimento e a proliferação de *Anopheles*, o ciclo de vida do *Plasmodium* e a prevalência da malária. Apesar de seu principal vetor no Brasil, *Anopheles darlingi*, apresentar ampla distribuição, a malária é basicamente restrita aos municípios amazônicos (HACON et al., 2018) including the environmental impact assessment (EIA). A malária extra-amazônica ocorre esporadicamente no País, principalmente em regiões de Mata Atlântica onde anofelinos do grupo *Kerteszia* são responsáveis pela transmissão. Estudos prévios de modelagem de adequabilidade climática para malária no Brasil apontaram a provável expansão das áreas adequadas para *Plasmodium falciparum* em cenários de mudanças climáticas (LAPORTA et al., 2015).

Uma vez que essas doenças ocorrem sob determinadas condições climáticas, o objetivo deste estudo foi mapear o espaço climático favorável à sua ocorrência em cenários de aquecimento global. Esse espaço climático foi caracterizado por modelos matemáticos que estimam a adequabilidade climática – quão adequado é o clima da área de estudo para a ocorrência dessas doenças (PETERSON, 2006; PETERSON et al., 2011). Locais de ocorrência de leishmaniose visceral, febre amarela e malária foram associados a variáveis climáticas no período *baseline* 2000–2010 e posteriormente foram geradas projeções da adequabilidade climática para essas doenças em cenários de mudanças climáticas que representam níveis de aquecimento global selecionados pelo Acordo de Paris em dezembro de 2015 (1,5°C, 2,0°C e 4,0°C) (IPCC, 2018).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para relacionar a ocorrência das doenças vetoriais às variáveis climáticas, foi utilizada a modelagem de nicho ecológico, metodologia utilizada em estudos de biodiversidade (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; PETERSON et al., 2011; RANDIN et al., 2020) the development of predictive habitat distribution models has rapidly increased in ecology. Such models are static and probabilistic in nature, since they statistically relate the geographical distribution of species or communities to their present environment. A wide array of models has been developed to cover aspects as diverse as biogeography, conservation biology, climate change research, and habitat or species management. In this paper, we present a review of predictive habitat distribution modeling. The variety of statistical techniques used is growing. Ordinary multiple regression and its generalized form (GLM e recentemente aplicada em estudos de

Epidemiologia, Saúde Pública e distribuição de espécies (ALKISHE et al., 2020; ARTUN, 2019; CARVALHO; RANGEL; VALE, 2017; LIPPI et al., 2019). Esses modelos, também referidos na literatura como modelos de adequabilidade ambiental ou modelos de distribuição de espécies (PETERSON; SOBERÓN, 2012), se baseiam na teoria de nicho ecológico para relacionar os fatores abióticos que delimitam a distribuição geográfica de uma espécie (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; PETERSON et al., 2011).

Existem duas abordagens básicas para aplicar um modelo de nicho ecológico à transmissão de doenças infecciosas (PETERSON, 2006; PETERSON et al., 2011). A primeira consiste em modelar as espécies participantes do ciclo de transmissão individualmente, oferecendo a oportunidade de distinguir diferentes razões para a presença ou ausência de transmissão da doença na área de estudo. A segunda abordagem considera todo o ciclo de transmissão e suas relações ecológicas como uma “caixa preta”, e analisa a distribuição geográfica da ocorrência da doença, como se esta fosse uma espécie (ARBOLEDA; JARAMILLO-O.; PETERSON, 2009; ARTUN, 2019; NIETO; MALONE; BAVIA, 2006; YÉ et al., 2007). Essa abordagem agrupa indiretamente todas as espécies componentes do ciclo de transmissão, assim como suas necessidades ambientais e interações ecológicas.

Neste estudo optamos pela segunda abordagem, pois nosso objetivo foi caracterizar o espaço climático ocupado pela ocorrência das doenças em humanos, e assim poder gerar cenários sobre o impacto das mudanças climáticas em sua distribuição espacial. Dessa forma, o estudo foi baseado na aplicação do algoritmo de aprendizado de máquina MaxEnt (PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006) together with inexpensive and powerful computers, has fueled a rapid increase in predictive modeling of species environmental requirements and geographic distributions. For some species, detailed presence/absence occurrence data are available, allowing the use of a variety of standard statistical techniques. However, absence data are not available for most species. In this paper, we introduce the use of the maximum entropy method (Maxent visando associar pontos de ocorrência das doenças a variáveis climáticas, para então mapear, em toda a área de estudo (Brasil) e em diferentes cenários, as áreas de adequabilidade climática (Figura 1).

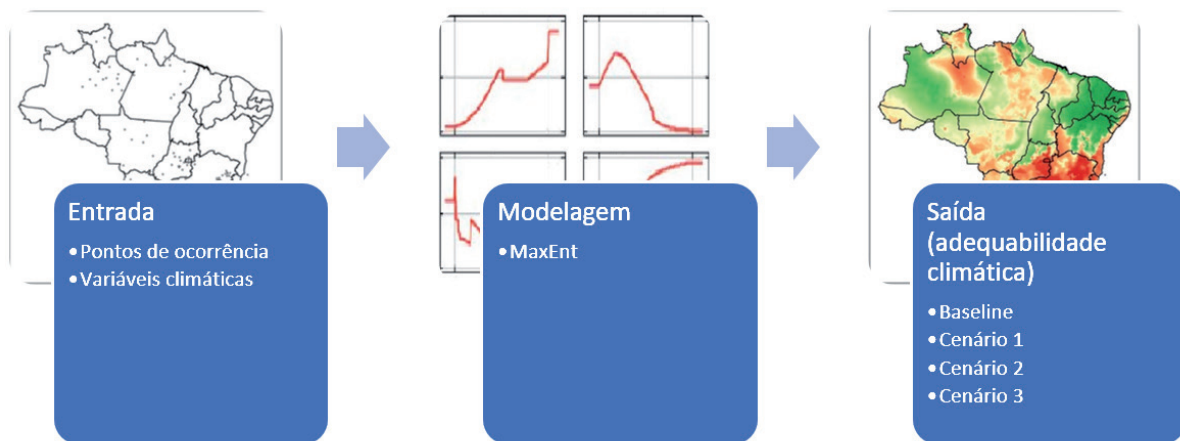


Figura 1 | Síntese da metodologia de modelagem de nicho ecológico aplicada neste estudo: os dados de entrada foram os pontos de ocorrência das doenças vetoriais e variáveis climáticas relacionadas à temperatura e precipitação. O algoritmo utilizado para a modelagem foi o MaxEnt. Os modelos então foram projetados em diferentes cenários de aquecimento global.

Fonte: Elaboração própria.

2.1 DADOS CLIMÁTICOS

O estudo foi baseado nas projeções do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC) com os cenários futuros do clima na Terra de acordo com os níveis de emissão de gases que causam

o efeito estufa (GEE) por meio das Trajetórias de Concentração Representativa (*Representative Concentration Pathways – RCP*).

As variáveis temperatura mínima, temperatura máxima, amplitude térmica e precipitação foram extraídas do modelo regional Eta-HadGEM2 ES (CHOU et al., 2014) Regional Climate Models (RCMs, no período 1965-2005 e em três recortes temporais do cenário RCP 8.5: 2011-2040, 2041-2070 e 2071-2099. Estes representam, respectivamente, os níveis de aquecimento global de 1,5°C, 2,0°C e 4,0°C do Acordo de Paris (IPCC, 2018).

A fim de gerar mais variáveis biologicamente significativas, os valores mensais de temperatura e precipitação foram utilizados para calcular 19 variáveis bioclimáticas (FICK; HIJMANS, 2017). Estas são frequentemente usadas em estudos ecológicos, na modelagem de distribuição de espécies e de nicho ecológico (FICK; HIJMANS, 2017). As variáveis bioclimáticas representam tendências anuais (por exemplo, temperatura média anual e precipitação anual), sazonalidade (por exemplo, variação anual de temperatura e precipitação) e fatores ambientais extremos ou limitantes (por exemplo, temperatura do mês mais frio e mais quente e precipitação do trimestre mais seco).

Todas as variáveis climáticas foram obtidas e padronizadas espacialmente para a extensão do Brasil na resolução espacial nativa do modelo Eta-HADGEM2 ES (aprox. 20 km). Para reduzir a colinearidade entre as variáveis, foram excluídas da seleção aquelas que apresentaram correlação de Pearson acima de 0.9. Portanto, o conjunto final de variáveis climáticas utilizado nos modelos foi composto por: amplitude térmica, temperatura mínima, temperatura máxima, precipitação, sazonalidade da temperatura e sazonalidade da precipitação.

2.2 DADOS EPIDEMIOLÓGICOS

Números de casos humanos de leishmaniose visceral, febre amarela e malária registrados no Brasil no período 2001-2016 foram obtidos no Sinan, Ministério da Saúde (BRASIL, 2020a), e no Sistema de Informação de Vigilância Epidemiológica – Sivep-Malária (BRASIL, 2020c), por ano e município de infecção/residência.

Para a aplicação dos modelos de adequabilidade climática, é necessário que os dados de entrada estejam no formato de pontos de ocorrência, com coordenadas geográficas associadas a cada registro (PETERSON, 2006; PETERSON et al., 2011). Para tal, utilizamos as coordenadas geográficas dos centroides dos municípios que apresentaram pelo menos um caso humano de cada doença no período de estudo. Portanto, é importante esclarecer que, nesse tipo de análise, a incidência das doenças (número de casos por habitantes) não é quantificada, e sim a presença ou ausência de transmissão.

No entanto, entre as três doenças estudadas, a malária apresenta um forte viés espacial em sua distribuição no País, uma vez que atualmente ocorre quase exclusivamente na região amazônica (OLIVEIRA-FERREIRA et al., 2010). Por esse motivo, foram selecionados para análise apenas os municípios com alta incidência de malária (Figura 2). A incidência municipal foi calculada pelo estimador bayesiano empírico, que considera a autocorrelação espacial inerente aos dados (CARVALHO; SOUZA-SANTOS, 2005). Em seguida foram selecionados apenas os municípios com incidência acima do 90° percentil dos dados e, entre estes, um subconjunto dos centroides situados a uma distância mínima de 100 km (NAIMI et al., 2014) (Figura 2).

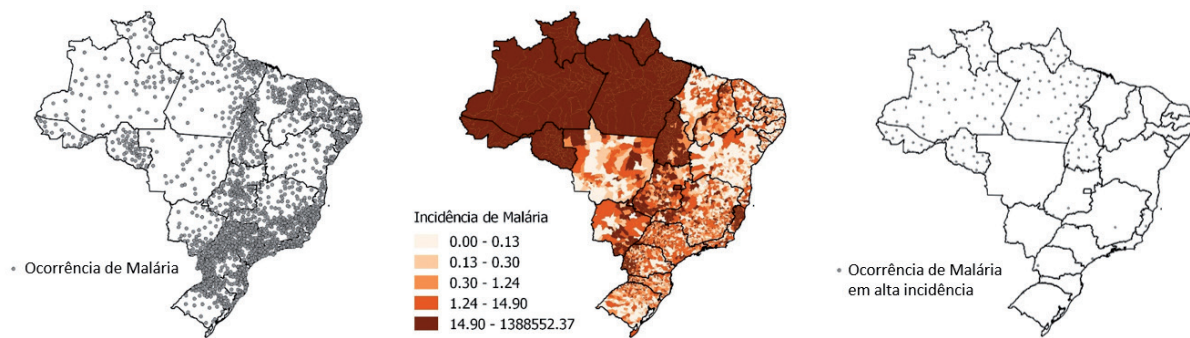


Figura 2 | Municípios com ocorrência de malária no período *baseline* (esquerda), incidência de malária por município (centro) e municípios selecionados para os modelos após aplicação do ponto de corte (direita).

Fonte: Elaboração própria.

2.3 MODELOS DE ADEQUABILIDADE CLIMÁTICA

Para a construção dos modelos preditivos em cenários de aquecimento global, foi utilizado o algoritmo de aprendizado de máquina *MaxEnt*, que se baseia no Modelo de Máxima Entropia (PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006). O modelo originalmente foi proposto para prever distribuições de espécies com base em covariáveis ambientais para cada grid em uma malha (PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006). Neste estudo, para cada ponto de presença das doenças (leishmaniose visceral e febre amarela) ou de alta incidência (malária), as variáveis climáticas foram extraídas e comparadas com a distribuição das mesmas variáveis extraídas em 10.000 pontos de *background* distribuídos aleatoriamente pela extensão da área de estudo. Estes representam as condições ambientais disponíveis para a ocorrência das doenças e são definições essenciais para o processo de modelagem de Máxima Entropia (ELITH et al., 2011; PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006).

Os modelos foram rodados utilizando a biblioteca *dismo* (HIJMANS; PHILLIPS; ELITH, 2017) do *software* R (R CORE TEAM, 2017). Todos os modelos foram calibrados a partir de 75% dos pontos de ocorrência notificados no período de estudo. Os 25% restantes foram utilizados para avaliar erros de omissão dos modelos (porcentagem de presenças não previstas). As contribuições relativas de cada variável para os modelos foram determinadas pelo teste de Jackknife (ELITH et al., 2011). A avaliação dos modelos foi por meio do índice AUC, área abaixo da curva ROC (ALLOUCHE; TSOAR; KADMON, 2006), cujos valores mais próximos de 1 indicam bons modelos; 0,5 indica modelos com projeções aleatórias; e abaixo disso, piores que um modelo aleatório (ALLOUCHE; TSOAR; KADMON, 2006). Após calibrados e validados, os modelos foram então reprojados nos cenários de aquecimento 1,5°C, 2°C e 4°C.

3 RESULTADOS

Os mapas resultantes representam as áreas de adequabilidade climática para ocorrência das doenças. Foram utilizadas cores para indicar a probabilidade prevista de que as condições climáticas sejam adequadas para a ocorrência das doenças, com o vermelho indicando alta probabilidade de condições adequadas para a ocorrência de casos, amarelo indicando condições típicas daquelas onde os casos são encontrados, e tons mais esverdeados indicando baixa probabilidade prevista de condições adequadas. Foram ainda produzidos os mapas de diferença dos cenários, a partir da sobreposição espacial entre o cenário futuro e o período *baseline*. Nestes, as cores mais frias representam áreas que perdem adequabilidade climática no futuro e as cores mais quentes representam áreas que ganham adequabilidade climática no futuro.

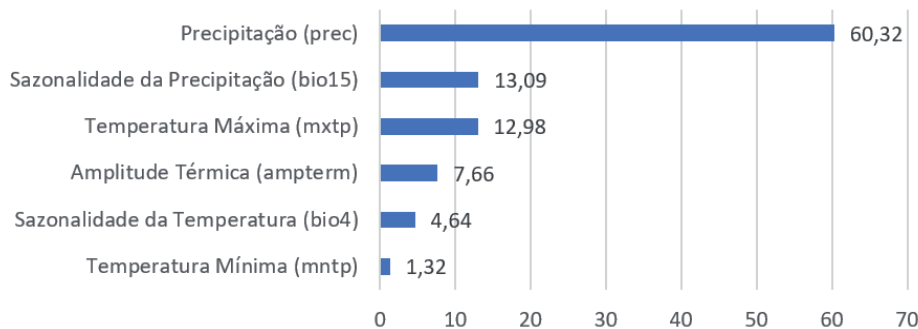


Figura 3 | Contribuição relativa das variáveis climáticas do modelo Eta-HadGEM2 para o ganho do modelo de adequabilidade climática para leishmaniose visceral.

Fonte: *Elaboração própria*

As áreas de alta adequabilidade climática para leishmaniose visceral, de acordo com o modelo, representam bem a distribuição conhecida da doença, que ocorre principalmente nas regiões Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste (Figura 4). Essa área adequada será reduzida de acordo com os cenários de aquecimento, em diferentes intensidades dependendo do cenário, com perda de adequabilidade nas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste e algumas áreas de aumento de adequabilidade nas regiões Sudeste e Sul e uma faixa no litoral norte dos estados do Pará, Amapá e Maranhão (Figuras 5-7).

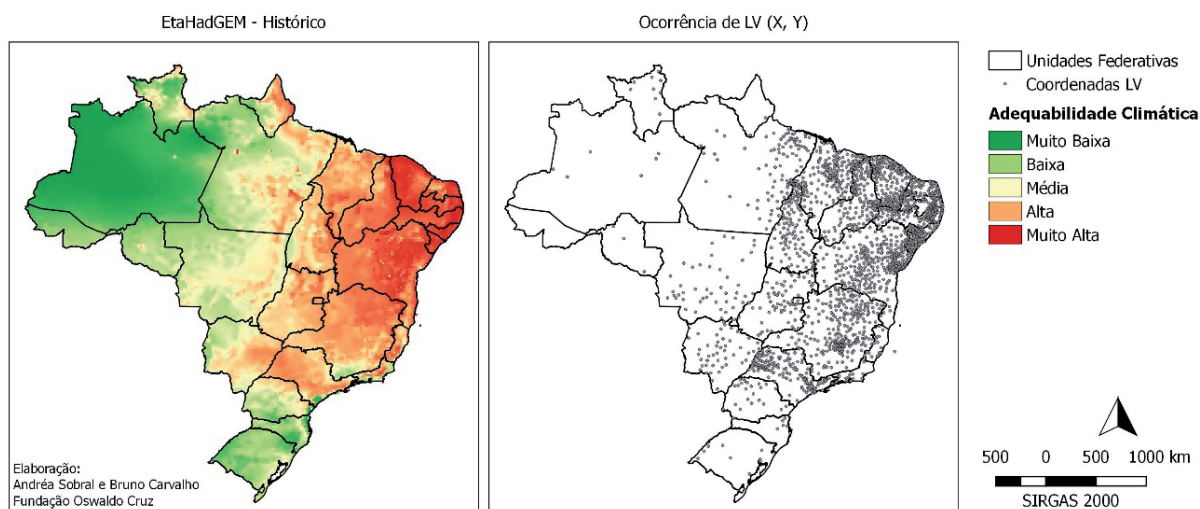


Figura 4 | Adequabilidade climática para leishmaniose visceral no Brasil. Esquerda: cenário histórico. Direita: Municípios com ocorrência da doença.

Fonte: *Elaboração própria*.

No cenário de aquecimento de 1,5°C, o semiárido nordestino apresenta diminuição da adequabilidade climática para leishmaniose visceral, ao passo que as regiões Sudeste e Sul aumentam sua adequabilidade climática para a doença (Figura 5).

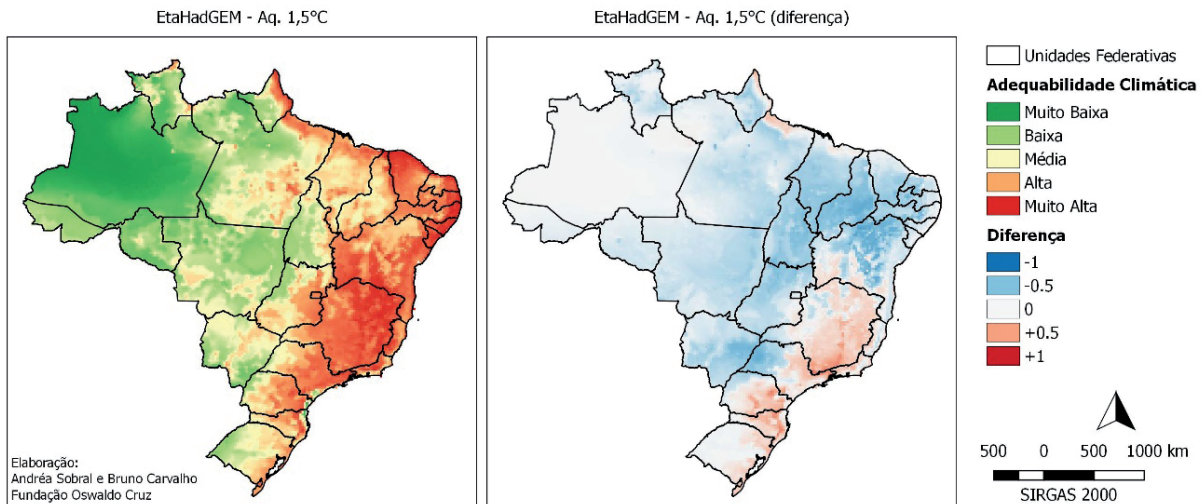


Figura 5 | Adequabilidade climática para leishmaniose visceral no Brasil. Esquerda: cenário de 1,5°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: *Elaboração própria.*

Para os cenários de aquecimento de 2°C e 4°C, há uma tendência de diminuição da adequabilidade climática para a doença, principalmente no cenário de nível de aquecimento de 4°C, no qual verificou-se uma redução das condições climáticas favoráveis para a ocorrência da doença nas regiões Nordeste e Centro-Oeste e expansão das áreas com condições climáticas favoráveis nas regiões Sudeste e Sul e uma faixa no litoral norte dos estados do Pará, Amapá e Maranhão (Figuras 6 e 7).

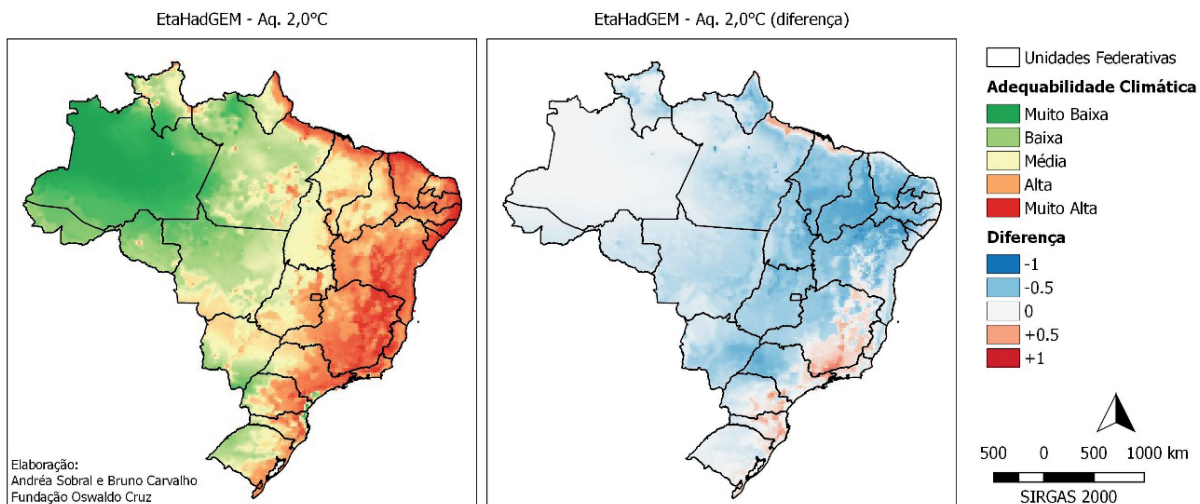


Figura 6 | Adequabilidade climática para leishmaniose visceral no Brasil. Esquerda: cenário de 2°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: *Elaborado pelos autores.*

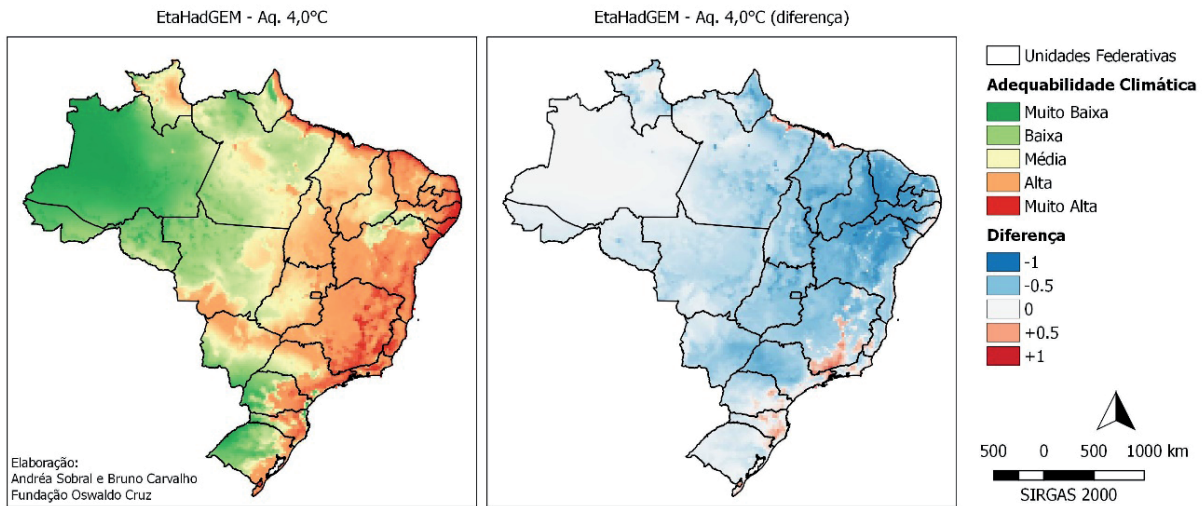


Figura 7 | Adequabilidade climática para leishmaniose visceral no Brasil. Esquerda: cenário de 4°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: Elaboração própria.

3.2 FEBRE AMARELA

O modelo de adequabilidade climática para febre amarela também apresentou um bom ajuste aos dados (AUC = 0,865) e baixa taxa de omissão (19%). As variáveis que mais contribuíram para o ganho do modelo foram temperatura mínima (51,7%) e precipitação (19,7%) (Figura 8).

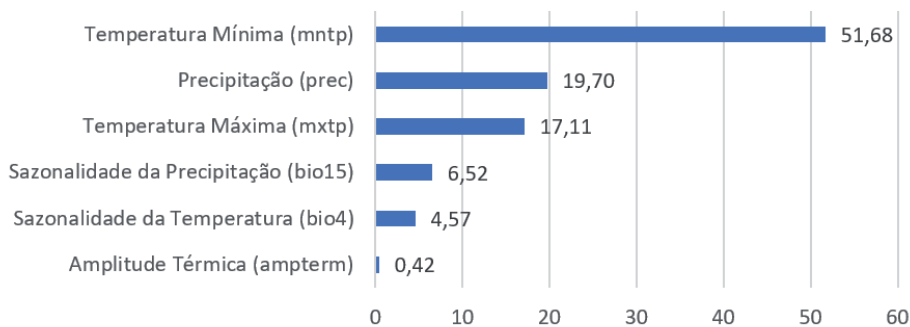


Figura 8 | Contribuição relativa das variáveis climáticas do modelo Eta-HadGEM2 para o ganho do modelo de adequabilidade climática para febre amarela.

Fonte: Elaboração própria.

As áreas de alta adequabilidade climática para febre amarela, de acordo com o modelo, se distribuem principalmente nas regiões Sudeste, Sul, Centro-Oeste e Norte (Figura 9). Essa área adequada aumentará expressivamente nos cenários de aquecimento, especialmente nas regiões Centro-Oeste e Norte (Figuras 10-12).

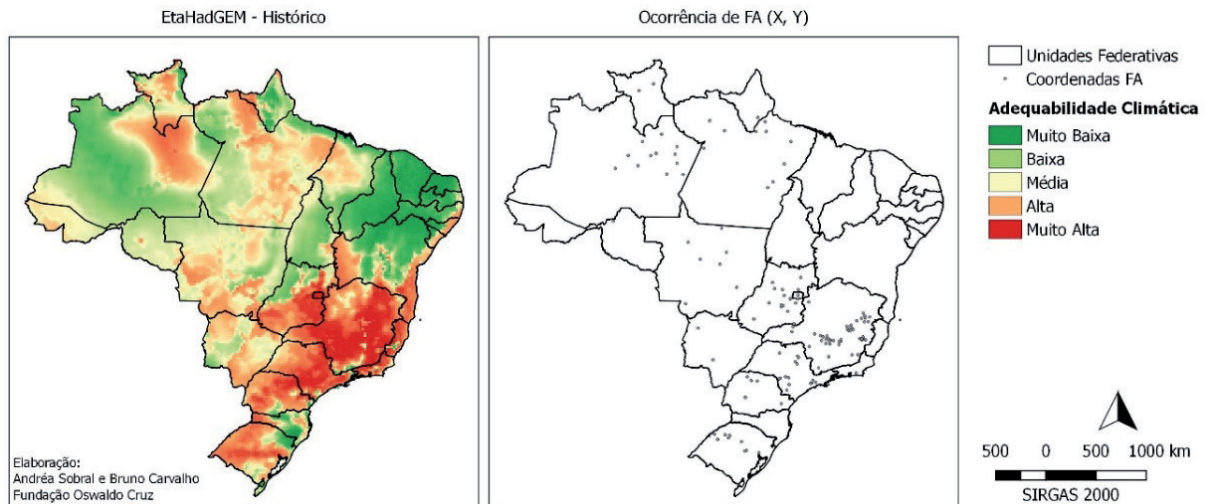


Figura 9 | Adequabilidade climática para febre amarela no Brasil. Esquerda: cenário histórico. Direita: municípios com ocorrência da doença.

Fonte: Elaboração própria.

No cenário de aquecimento 1,5°C, observa-se diminuição das condições climáticas ideais para a Febre Amarela no Sudeste, e o aumento dessas condições para o Centro-Oeste e Norte, especialmente nas regiões centrais do Amazonas e Pará (Figura 10).

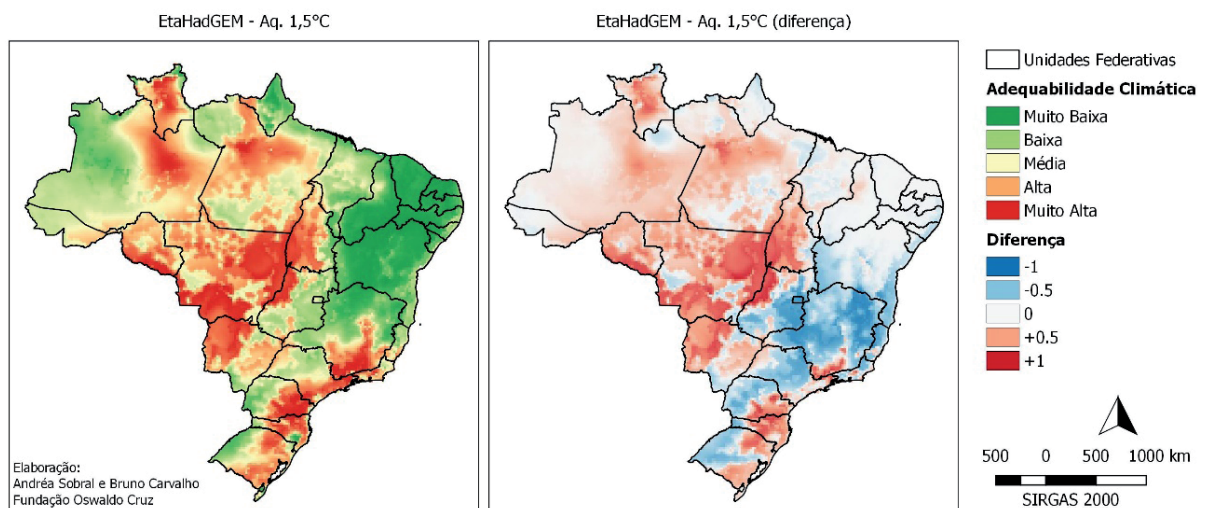


Figura 10 | Adequabilidade climática para febre amarela no Brasil. Esquerda: cenário de 1,5°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: Elaboração própria.

Nos cenários de 2°C e 4°C, observa-se uma mudança no padrão de distribuição geral da adequabilidade do clima para a febre amarela, que se enfraquece nas regiões Sudeste e Sul e passa a ocupar a Amazônia, incluindo os municípios da região do arco da soja, no Centro-Oeste (Figuras 11 e 12).

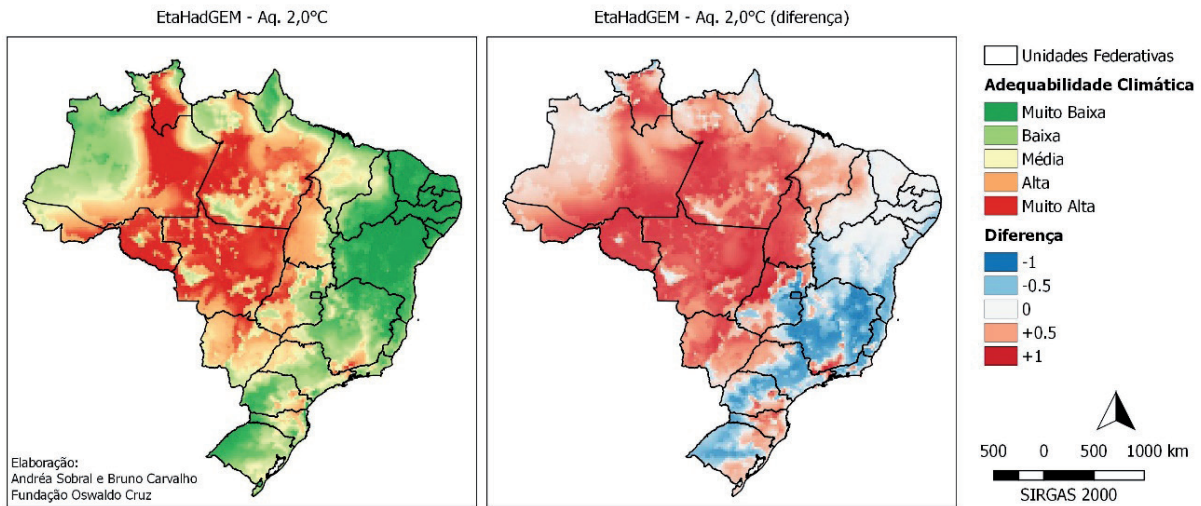


Figura 11 | Adequabilidade climática para febre amarela no Brasil. Esquerda: cenário de 2°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: Elaboração própria.

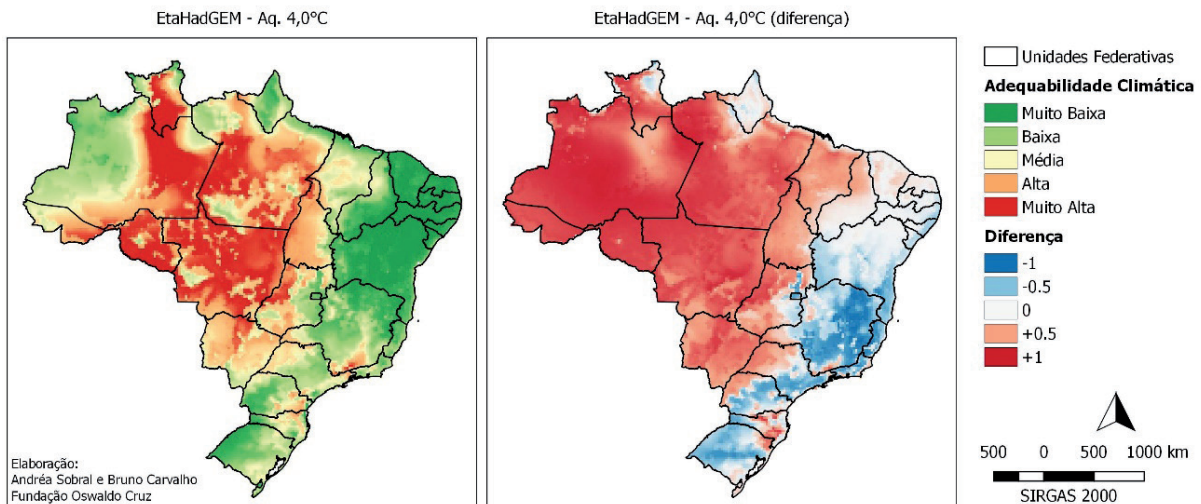


Figura 12 | Adequabilidade climática para febre amarela no Brasil. Esquerda: cenário de 4°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: Elaboração própria.

3.3 MALÁRIA

O modelo de adequabilidade climática para malária apresentou um ajuste bom ($AUC = 0,704$), porém, menor que os modelos de leishmaniose visceral e febre amarela, com taxa de omissão muito baixa (7,89%). A variável temperatura mínima contribuiu em mais de 50% para a resposta do modelo (Figura 13).

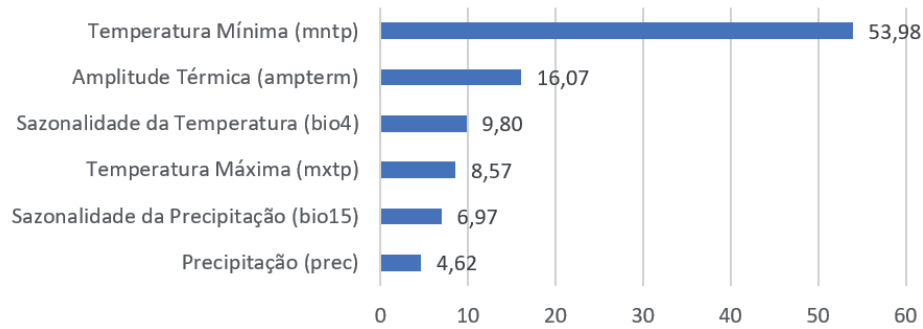


Figura 13 | Contribuição relativa das variáveis climáticas do modelo Eta-HadGEM2 para o ganho do modelo de adequabilidade climática para malária.

Fonte: *Elaboração própria.*

O modelo resultou em áreas com alta adequabilidade climática para malária, principalmente na Região Norte, em concordância com a distribuição de incidências apresentada anteriormente (Figura 14).

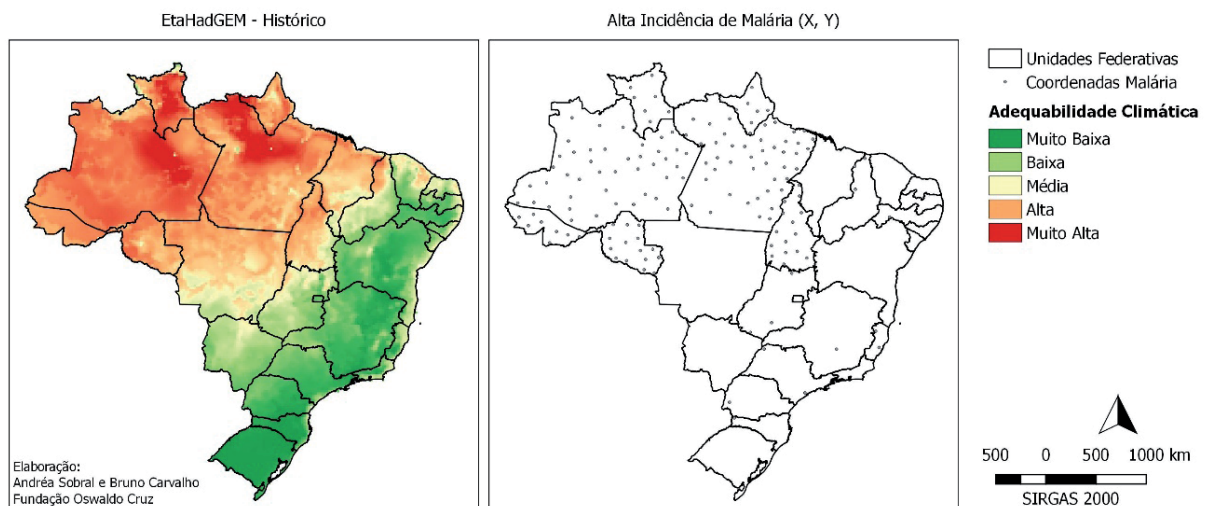


Figura 14 | Adequabilidade climática para malária no Brasil. Esquerda: cenário histórico. Direita: municípios com alta incidência da doença.

Fonte: *Elaboração própria.*

Apesar de pouca diferença na distribuição regional de malária no cenário 1,5°C, percebe-se um aumento da adequabilidade climática na região centro-leste da Amazônia (Figura 15).

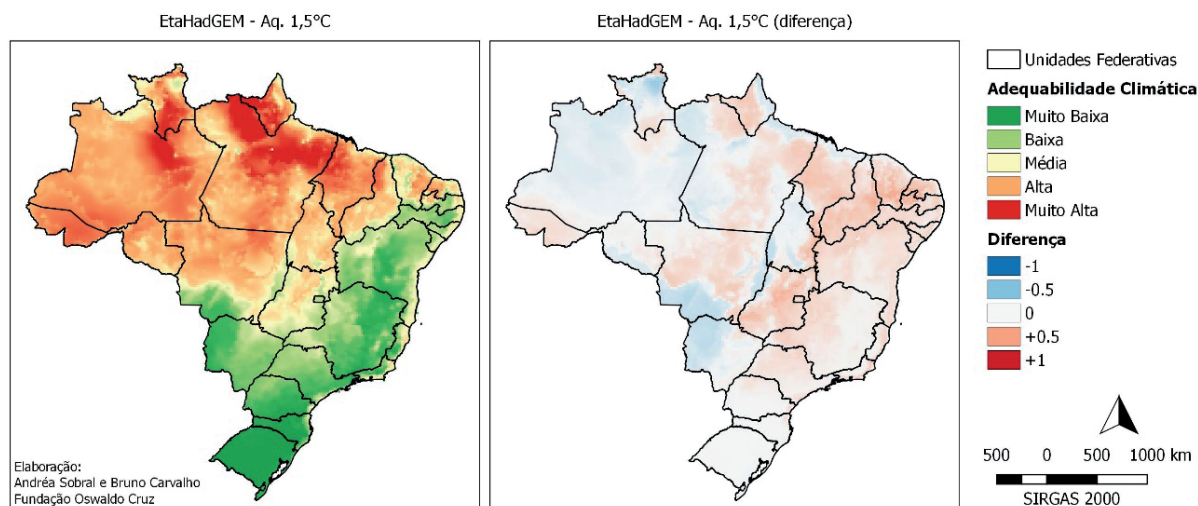


Figura 15 | Adequabilidade climática para malária no Brasil. Esquerda: cenário de 1,5°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: *Elaboração própria.*

O nível de aquecimento de 2°C reforça aumento das condições climáticas favoráveis em localidades do norte do estado do Pará (Figura 16), enquanto o cenário de aumento em 4°C aponta uma concentração de maior adequabilidade climática na Amazônia ocidental, no litoral dos estados do Pará e Maranhão e parte da Região Nordeste (Figura 17).

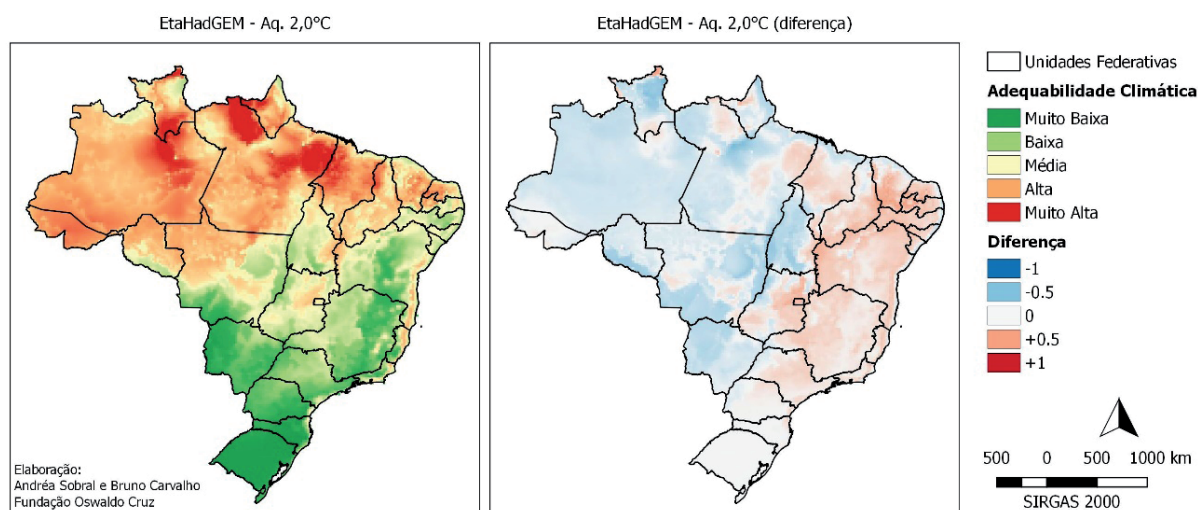


Figura 16 | Adequabilidade climática para malária no Brasil. Esquerda: cenário de 2,0°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: *Elaboração própria.*

Para os cenários de 2°C (Figura 16) e 4°C (Figura 17), tem-se gradativamente a expansão das condições climáticas favoráveis à ocorrência de malária para a Região Nordeste, incluindo toda a costa da Bahia e, em 4°C, atingindo inclusive o norte de Minas Gerais (Figura 17).

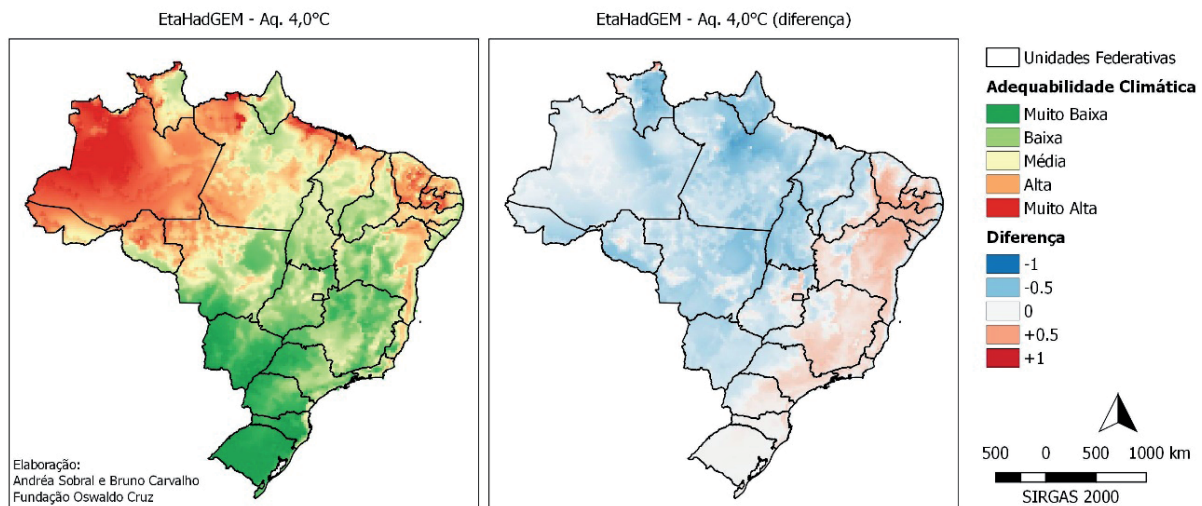


Figura 17 | Adequabilidade climática para malária no Brasil. Esquerda: cenário de 4,0°C. Direita: diferença entre o cenário histórico.

Fonte: *Elaboração própria.*

Também é importante ressaltar o ligeiro aumento da adequabilidade climática para malária nas regiões Nordeste, Sudeste e parte da Região Centro-Oeste (Goiás e Mato Grosso) nos diferentes cenários, com redução de adequabilidade climática no estado do Tocantins (Figuras 15 a 17).

4 DISCUSSÃO

O Brasil é um país de grande complexidade social, cultural, ecológica e climática. Estabelecer limiares climáticos para o Brasil e suas várias regiões, a partir dos quais poderá ocorrer alterações drásticas e/ou irreversíveis na ocorrência de algumas doenças, principalmente as vetoriais, é um desafio para a ciência brasileira (BARCELLOS et al., 2009). Esses limiares de temperatura, para algumas espécies de vetores que ocorrem no Brasil, foram determinados em estudos de laboratório (LAMBRECHTS et al., 2011; RIVAS et al., 2014). Do ponto de vista espacial, poucos estudos avaliaram a distribuição geográfica dessas espécies em relação a variáveis climáticas, como, por exemplo, para espécies de mosquitos vetores de malária (LAPORTA et al., 2011, 2015), triatomíneos vetores de doença de Chagas (GURGEL-GONÇALVES et al., 2012) e flebotomíneos vetores de leishmanioses (CARVALHO et al., 2015; COSTA; CORDEIRO; RANGEL, 2018).

No entanto, a maioria dos estudos previamente publicados não inclui a utilização de cenários produzidos por modelos climáticos para prever áreas de provável distribuição de doenças vetoriais no Brasil, como apresentados aqui. Entre os poucos, podem ser citados os cenários em extensão global da distribuição de malária (CAMINADE et al., 2014) e dengue (MESSINA et al., 2019), além das leishmanioses nas Américas (MOO-LLANES, 2016).

Neste estudo foram produzidos mapas de adequabilidade climática para três importantes doenças de transmissão vetorial do Brasil, em diferentes cenários de aumento da temperatura global. As três doenças estudadas aqui são altamente sensíveis ao clima, e esses cenários descrevem possíveis trajetórias das condições climáticas para sua ocorrência no futuro. Portanto, os resultados aqui apresentados identificam áreas do País em estado de maior ou menor vulnerabilidade à ocorrência dessas doenças do ponto de vista climático. Localidades onde o clima se tornará mais favorável à ocorrência dessas doenças devem ser alvo de atividades da Vigilância em Saúde, uma vez que a densidade de vetores já existentes pode aumentar, novas populações de vetores podem se dispersar para essas áreas, e os patógenos podem encontrar um ambiente mais favorável à sua sobrevivência, ocorrendo a consequente transmissão.

Contudo, os impactos na saúde resultantes das alterações climáticas dependerão do estado geral de saúde das populações expostas que, por sua vez, dependem de futuras condições dos determinantes sociais da saúde (IPCC, 2014), e outros fatores importantes, como a cobertura de saúde universal, a governança socioambiental, políticas públicas e os rumos do modelo de desenvolvimento do País (HACON et al., 2018) including the environmental impact assessment (EIA).

Para todas as doenças analisadas, existem vulnerabilidades socioambientais estruturais associadas, que aumentam consideravelmente o risco de ocorrência das doenças zoonóticas, e fatores modificadores da exposição (BARCELLOS et al., 2009), como desmatamento, queimadas, agronegócio, mineração, extração de madeira ou atividade da mineração artesanal de ouro na Amazônia brasileira, que contribuem diretamente para os impactos no bioma amazônico e seus serviços ecossistêmicos (LAPOLA et al., 2014, 2018; LOVEJOY; NOBRE, 2018). Tais fatores resultam também em impactos à saúde humana e à qualidade de vida das populações atingidas, que se caracterizam como as mais vulneráveis e as mais pobres no País (BARROS; GONÇALVES; HACON, 2014; MENDES et al., 2016; RUFINO et al., 2016).

A leishmaniose visceral tem dois padrões de transmissão (BRASIL, 2014). O primeiro é relacionado a áreas rurais, periferias de grandes cidades e áreas de alta concentração de populações socioeconomicamente vulneráveis. O segundo, mais recente, reflete o processo de urbanização da doença, ocorrendo em cidades médias e grandes, principalmente no Sudeste e Centro-Oeste do País (RANGEL et al., 2018; SALOMÓN et al., 2015). Os resultados aqui apresentados apontam uma tendência de aumento da adequabilidade climática para leishmaniose visceral nas regiões Sudeste e Sul, onde se encontram as maiores densidades populacionais do País. Essas regiões atualmente são ocupadas pelo vetor *Lutzomyia longipalpis*, e em estudo sobre sua distribuição nas Américas, em cenários de mudanças climáticas, foram apontadas áreas de provável expansão desse vetor principalmente nos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro (PETERSON et al., 2017).

A combinação, nessas regiões, de clima favorável à transmissão, conforme demonstram os presentes resultados, populações locais do vetor altamente adaptadas ao ambiente peridoméstico (RANGEL et al., 2018) e condições precárias de habitação em periferias de cidades e zonas rurais (SALOMÓN et al., 2015) pode resultar em risco aumentado de transmissão de leishmaniose visceral, caso medidas de mitigação climática não sejam adotadas no País e caminhemos para o cenário de maior aquecimento global.

Em relação à febre amarela, é importante destacar sua recente reemergência, com dispersão do vírus para áreas sem registro de circulação da doença há décadas (BRASIL, 2020b; POSSAS et al., 2018). O expressivo aumento das epizootias em 2017/2018 precedeu surtos locais de transmissão do vírus e levou a reforços em campanhas locais de vacinação fora da área tradicionalmente considerada endêmica (FERNANDES et al., 2017; POSSAS et al., 2018).

Os resultados aqui apresentados, no cenário de aquecimento de 1,5°C, que é o mais próximo de nossa atual realidade, corroboram a ocorrência desses surtos recentes na regiões Sudeste e Sul. Nos demais cenários, cujo aquecimento global chega a temperaturas mais altas, o aumento de adequabilidade climática na Amazônia preocupa por esta ser conhecida uma região endêmica de transmissão de febre amarela silvestre, com números de casos decaindo nas últimas décadas após extensa vacinação, mas que voltaram a subir em 2017 (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2019). Ali estão em risco povos e comunidades tradicionais que, além das vulnerabilidades socioeconômicas, estão em maior contato com as populações silvestres de vetores, que podem se beneficiar de condições climáticas mais favoráveis e assim exacerbar a transmissão da doença na região.

Para a malária, a interpretação dos resultados é um pouco diferente das anteriores, pois representa as condições climáticas favoráveis à alta incidência da doença. Isso quer dizer que, apesar de a malária no Brasil ocorrer quase exclusivamente na região amazônica (OLIVEIRA-FERREIRA et al., 2010), nas zonas do País onde atualmente já ocorrem casos esporádicos de malária extra-amazônica (principalmente

na Mata Atlântica) sua incidência pode ser aumentada, devido a melhores condições climáticas para a transmissão. Esses resultados corroboram recentes estudos que demonstraram que mosquitos do grupo *Kerteszia* na Mata Atlântica têm maior taxa de sobrevivência em cenários de temperaturas aumentadas, além de reduzir o período de incubação extrínseca de *Plasmodium falciparum* e *P. vivax*, aumentando as chances de transmissão local (AZEVEDO et al., 2020).

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste estudo foi possível a produção de informações relevantes para mostrar tendências da distribuição espacial de doenças transmitidas por vetores em condições climáticas dentro do cenário RCP 8.5, ou seja, mantendo-se o ritmo atual de emissões de GEE (VAN VUUREN et al., 2011). É importante destacar que as projeções dos cenários e das situações climáticas as quais o planeta poderá alcançar são resultantes das opções de desenvolvimento do mundo atual. Assim, nos próximos anos ou décadas, o mundo poderá seguir diferentes rumos em termos de opções de desenvolvimento e, conseqüentemente, de cenários de emissões de GEE. Diante de uma gama de futuros possíveis para o setor de saúde, esses cenários têm sido usados não para prever o futuro, mas sim para entender melhor as incertezas associadas às mudanças climáticas que virão (MOSS et al., 2010). Sendo a ocorrência de doenças infecciosas um processo complexo e multifatorial, os resultados aqui apresentados indicam apenas uma das possíveis conseqüências no território brasileiro da não adoção de medidas mitigadoras das mudanças climáticas.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem o suporte do CNPq/Finep sub-rede de Clima e Saúde (CNPq: Nº 550022/2014-7; Finep: Nº 01.13.0353.00; e aos processos CNPq 312932/2017-20, CNPq 381160/2018-1 e 381446/2019-0) e do Programa de Saúde Pública e Meio Ambiente da Escola Nacional de Saúde Pública Sergio Arouca /Fiocruz. Este artigo foi produzido no contexto da bolsa de Pós-Doutorado de Bruno Moreira de Carvalho no Laboratório Interdisciplinar de Vigilância Entomológica em Diptera e Hemiptera/Fiocruz.

REFERÊNCIAS

- ALKISHE, A. et al. Recognizing sources of uncertainty in disease vector ecological niche models: an example with the tick *Rhipicephalus sanguineus* sensu lato. **Perspectives in Ecology and Conservation**, v. 18, n. 2, p. 91–102, 1 abr. 2020.
- ALLOUCHE, O.; TSOAR, A.; KADMON, R. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). **Journal of Applied Ecology**, v. 43, n. 6, p. 1223–1232, 2006.
- ALMEIDA, M. A. B. DE. et al. Predicting Yellow Fever Through Species Distribution Modeling of Virus, Vector, and Monkeys. **EcoHealth**, v. 16, n. 1, p. 95–108, 1 mar. 2019.
- ALTO, B. W.; JULIANO, S. A. Precipitation and Temperature Effects on Populations of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae): implications for range expansion. **Journal of Medical Entomology**, v. 38, n. 5, p. 646–656, 1 set. 2001.
- ALVAR, J. et al. Leishmaniasis Worldwide and Global Estimates of Its Incidence. **PLOS ONE**, v. 7, n. 5, p. e35671, 31 maio 2012.
- ARBOLEDA, S.; JARAMILLO-O., N.; PETERSON, A. T. Mapping Environmental Dimensions of Dengue Fever Transmission Risk in the Aburrá Valley, Colombia. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 6, n. 12, p. 3040–3055, dez. 2009.
- ARTUN, O. Ecological niche modeling for the prediction of cutaneous leishmaniasis epidemiology in current and projected future in Adana, Turkey. **Journal of Vector Borne Diseases**, v. 56, n. 2, p. 127, 4 jan. 2019.

AZEVEDO, T. S. DE. et al. Kerteszia cruzii and extra-Amazonian malaria in Brazil: Challenges due to climate change in the Atlantic Forest. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 85, p. 104456, 1 nov. 2020.

BABAIE, J. et al. A systematic evidence review of the effect of climate change on malaria in Iran. **Journal of Parasitic Diseases**, v. 42, n. 3, p. 331–340, 1 set. 2018.

BARCELLOS, C. et al. Mudanças climáticas e ambientais e as doenças infecciosas: cenários e incertezas para o Brasil. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 18, n. 3, p. 285–304, set. 2009.

BARROS, M. M. A.; GONÇALVES, K. DOS S.; HACON, S. DE S. Reinternações hospitalares por doenças respiratórias em menores de 12 anos e as queimadas em Porto Velho – RO, na Amazônia Ocidental. **InterfacEHS – Revista de Saúde, Meio Ambiente e Sustentabilidade**, v. 8, n. 3, 2014.

BENEDICT, M. Q. et al. Spread of the Tiger: global risk of invasion by the mosquito *Aedes albopictus*. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 7, n. 1, p. 76–85, 1 mar. 2007.

BENNETT, H. et al. Health and equity impacts of climate change in Aotearoa – New Zealand, and health gains from climate action. **New Zealand Medical Journal**, v. 127, n. 1406, p. 16, 2014.

BESERRA, E. B. et al. Efeitos da temperatura no ciclo de vida, exigências térmicas e estimativas do número de gerações anuais de *Aedes aegypti* (Diptera, Culicidae). **Iheringia. Série Zoologia**, v. 99, n. 2, p. 142–148, jun. 2009.

BRASIL. **Manual de Vigilância e Controle da Leishmaniose Visceral**. Brasília, DF: Editora MS, 2014.

BRASIL. **Sistema de Informação de Agravos de Notificação – Sinan. Epidemiológicas e Morbidade – Datasus**. Disponível em: <<http://datasus1.saude.gov.br/informacoes-de-saude/tabnet/epidemiologicas-e-morbidade>>. Acesso em: 10 jan. 2020.

BRASIL. **Boletim epidemiológico da Febre Amarela no Brasil 2019/2020**. Rede Internacional de Educação de Técnicos em Saúde – Rets. Disponível em: <<http://www.rets.epsjv.fiocruz.br/biblioteca/boletim-epidemiologico-da-febre-amarela-no-brasil-20192020>>. Acesso em: 6 set. 2020.

BRASIL. **Malária, Sistema de Informação de Vigilância Epidemiológica – Sivep**. Disponível em: <http://portalweb04.saude.gov.br/sivep_malaria/>. Acesso em: 10 jan. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. Vigilância em saúde no Brasil 2003|2019: da criação da Secretaria de Vigilância em Saúde aos dias atuais. **Boletim Epidemiológico**. Disponível em: <<http://www.saude.gov.br/boletins-epidemiologicos>>. Acesso em: 10 nov. 2020.

CAMINADE, C. et al. Impact of climate change on global malaria distribution. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 111, n. 9, p. 3286–3291, 4 mar. 2014.

CAMPOS, G. S.; BANDEIRA, A. C.; SARDI, S. I. Zika Virus Outbreak, Bahia, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**, v. 21, n. 10, p. 1885–1886, out. 2015.

CARDOSO-LEITE, R. et al. Recent and future environmental suitability to dengue fever in Brazil using species distribution model. **Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 108, n. 2, p. 99–104, 1 fev. 2014.

CARVALHO, B. M. et al. Ecological Niche Modelling Predicts Southward Expansion of *Lutzomyia* (*Nyssomyia*) *flaviscutellata* (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae), Vector of *Leishmania* (*Leishmania*) *amazonensis* in South America, under Climate Change. **PLOS ONE**, v. 10, n. 11, p. e0143282, 30 nov. 2015.

CARVALHO, B. M.; RANGEL, E. F.; VALE, M. M. Evaluation of the impacts of climate change on disease vectors through ecological niche modelling. **Bulletin of Entomological Research**, v. 107, n. 4, p. 419–430, ago. 2017.

CARVALHO, M. S.; SOUZA-SANTOS, R. Análise de dados espaciais em saúde pública: métodos, problemas e perspectivas. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 21, p. 361–378, abr. 2005.

CASTRO, M. C.; WILSON, M. E.; BLOOM, D. E. Disease and economic burdens of dengue. **The Lancet Infectious**

Diseases, v. 17, n. 3, p. e70–e78, 1 mar. 2017.

CELLA, W. et al. Do climate changes alter the distribution and transmission of malaria? Evidence assessment and recommendations for future studies. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 52, p. e20190308, 2019.

CHOU, S. C. et al. Evaluation of the Eta Simulations Nested in Three Global Climate Models. **American Journal of Climate Change**, v. 03, n. 05, p. 438, 25 dez. 2014.

COSTA, S. M. DA; CORDEIRO, J. L. P.; RANGEL, E. F. Environmental suitability for *Lutzomyia* (*Nyssomyia*) *whitmani* (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae) and the occurrence of American cutaneous leishmaniasis in Brazil. **Parasites & Vectors**, v. 11, n. 1, p. 155, 7 mar. 2018.

ELITH, J. et al. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. **Diversity and Distributions**, v. 17, n. 1, p. 43–57, 2011.

FERNANDES, N. C. C. DE A. et al. Outbreak of Yellow Fever among Nonhuman Primates, Espírito Santo, Brazil, 2017. **Emerging Infectious Diseases**, v. 23, n. 12, p. 2038–2041, dez. 2017.

FICK, S. E.; HIJMANS, R. J. WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. **International Journal of Climatology**, v. 37, n. 12, p. 4302–4315, 2017.

FOURNET, F. et al. Effective surveillance systems for vector-borne diseases in urban settings and translation of the data into action: a scoping review. **Infectious Diseases of Poverty**, v. 7, n. 1, p. 99, 3 set. 2018.

GASPARRINI, A. et al. Mortality risk attributable to high and low ambient temperature: a multicountry observational study. **The Lancet**, v. 386, n. 9.991, p. 369–375, 25 jul. 2015.

GRACIE, R. et al. Geographical Scale Effects on the Analysis of Leptospirosis Determinants. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 11, n. 10, p. 10366–10383, out. 2014.

GUISAN, A.; ZIMMERMANN, N. E. Predictive habitat distribution models in ecology. **Ecological Modelling**, v. 135, n. 2, p. 147–186, 5 dez. 2000.

GURGEL-GONÇALVES, R. et al. **Geographic Distribution of Chagas Disease Vectors in Brazil Based on Ecological Niche Modeling**. Research Article. Disponível em: <<https://www.hindawi.com/journals/jtm/2012/705326/>>. Acesso em: 11 nov. 2020.

HACON, S. DE S. et al. Challenges and Prospects for Integrating the Assessment of Health Impacts in the Licensing Process of Large Capital Project in Brazil. **International Journal of Health Policy and Management**, v. 7, n. 10, p. 885–888, 30 jun. 2018.

HIJMANS, R. J. et al. **Dismo Species Distribution Modeling**. [s.l.: s.n.]. 2015.

HLAVACOVA, J.; VOTYPKA, J.; VOLF, P. The Effect of Temperature on *Leishmania* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) Development in Sand Flies. **Journal of Medical Entomology**, v. 50, n. 5, p. 955–958, 1 set. 2013.

HORTA, M. A. et al. Temporal relationship between environmental factors and the occurrence of dengue fever. **International Journal of Environmental Health Research**, v. 24, n. 5, p. 471–481, 3 set. 2014.

IPCC (ED.). **Climate change 2014: mitigation of climate change**. Working Group III contribution to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. New York, NY: Cambridge University Press, 2014.

IPCC. **Summary for Policymakers: Global Warming of 1.5°C**. Geneva: IPCC, 2018.

KINGSLEY, S. L. et al. Current and Projected Heat-Related Morbidity and Mortality in Rhode Island. **Environmental Health Perspectives**, v. 124, n. 4, p. 460–467, 1 abr. 2016.

KOVATS, R. S. et al. Early effects of climate change: do they include changes in vector-borne disease? **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, v. 356, n. 1.411, p. 1057–1068, 29 jul. 2001.

- LAMBRECHTS, L. et al. Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by *Aedes aegypti*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 18, p. 7460–7465, 3 maio 2011.
- LAPOLA, D. M. et al. Pervasive transition of the Brazilian land-use system. **Nature Climate Change**, v. 4, n. 1, p. 27–35, jan. 2014.
- LAPOLA, D. M. et al. Limiting the high impacts of Amazon forest dieback with no-regrets science and policy action. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 115, n. 46, p. 11671–11679, 13 nov. 2018.
- LAPORTA, G. Z. et al. Habitat suitability of *Anopheles* vector species and association with human malaria in the Atlantic Forest in south-eastern Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 106, p. 239–245, ago. 2011.
- LAPORTA, G. Z. et al. Malaria vectors in South America: current and future scenarios. **Parasites & Vectors**, v. 8, n. 1, p. 426, 19 ago. 2015.
- LIPPI, C. A. et al. Geographic shifts in *Aedes aegypti* habitat suitability in Ecuador using larval surveillance data and ecological niche modeling: implications of climate change for public health vector control. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, v. 13, n. 4, p. e0007322, 17 abr. 2019.
- LOVEJOY, T. E.; NOBRE, C. Amazon Tipping Point. **Science Advances**, v. 4, n. 2, p. eaat2340, 1 fev. 2018.
- MARICATO, E. Informalidade Urbana no Brasil: a lógica da cidade fraturada. In: WANDERLEY, L. E.; RAICHELIS, R. (Ed.). **A cidade de São Paulo, relações internacionais e gestão pública**. São Paulo: Educ, 2009. p. 296.
- MATSUEDA, M. Predictability of Euro-Russian blocking in summer of 2010. **Geophysical Research Letters**, v. 38, n. 6, 2011.
- MENDES, C. S. et al. Impacto das mudanças climáticas sobre a leishmaniose no Brasil. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 21, n. 1, p. 263–272, jan. 2016.
- MESSINA, J. P. et al. The current and future global distribution and population at risk of dengue. **Nature Microbiology**, v. 4, n. 9, p. 1508–1515, set. 2019.
- MILLS, J. N.; GAGE, K. L.; KHAN, A. S. Potential Influence of Climate Change on Vector-Borne and Zoonotic Diseases: a review and proposed research plan. **Environmental Health Perspectives**, v. 118, n. 11, p. 1507–1514, 1 nov. 2010.
- MOO-LLANES, D. A. Nicho ecológico actual y futuro de la Leishmaniasis (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) en la región Neotropical. **Revista de Biología Tropical**, v. 64, n. 3, 1 jul. 2016.
- MOSS, R. H. et al. The next generation of scenarios for climate change research and assessment. **Nature**, v. 463, n. 7282, p. 747–756, fev. 2010.
- NAIMI, B. et al. Where is positional uncertainty a problem for species distribution modelling? **Ecography**, v. 37, n. 2, p. 191–203, 2014.
- NIETO, P.; MALONE, J. B.; BAVIA, M. E. Ecological niche modeling for visceral leishmaniasis in the state of Bahia, Brazil, using genetic algorithm for rule-set prediction and growing degree day-water budget analysis. **Geospatial health**, v. 1, n. 1, p. 115–126, nov. 2006.
- OLIVEIRA-FERREIRA, J. et al. Malaria in Brazil: an overview. **Malaria Journal**, v. 9, n. 1, p. 115, 30 abr. 2010.
- PARHAM, P. E.; MICHAEL, E. Modeling the Effects of Weather and Climate Change on Malaria Transmission. **Environmental Health Perspectives**, v. 118, n. 5, p. 620–626, 1 maio 2010.
- PETERSON, A. Ecologic Niche Modeling and Spatial Patterns of Disease Transmission. **Emerging Infectious Diseases**, v. 12, n. 12, p. 1822–1826, 2006.
- PETERSON, A. T. et al. **Ecological Niches and Geographic Distributions**. Princeton, N.J.: [s.n.].
- PETERSON, A. T. et al. Influences of climate change on the potential distribution of *Lutzomyia longipalpis* sensu

- lato (Psychodidae: Phlebotominae). **International Journal for Parasitology**, v. 47, n. 10, p. 667–674, 1 set. 2017.
- PETERSON, A. T.; SOBERÓN, J. Species Distribution Modeling and Ecological Niche Modeling: getting the concepts right. **Natureza & Conservação**, v. 10, n. 2, p. 102–107, 2012.
- PHILLIPS, S. J.; ANDERSON, R. P.; SCHAPIRE, R. E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**, v. 190, n. 3, p. 231–259, 25 jan. 2006.
- POSSAS, C. et al. Yellow fever outbreak in Brazil: the puzzle of rapid viral spread and challenges for immunisation. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 113, n. 10, 3 set. 2018.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 7 jun. 2008.
- RANDIN, C. F. et al. Monitoring biodiversity in the Anthropocene using remote sensing in species distribution models. **Remote Sensing of Environment**, v. 239, p. 111626, mar. 2020.
- RANGEL, E. F. et al. Eco-Epidemiology of American Visceral Leishmaniasis with Particular Reference to Brazil. In: RANGEL, E. F.; SHAW, J. J. (Ed.). **Brazilian Sand Flies**. Cham: Springer International Publishing, 2018. p. 381–416.
- READY, P. D. Leishmaniasis emergence and climate change. **Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)**, v. 27, n. 2, p. 399–412, 1 ago. 2008.
- RIVAS, G. B. et al. Effects of temperature and photoperiod on daily activity rhythms of *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae). **Parasites & Vectors**, v. 7, n. 1, p. 278, 19 jun. 2014.
- ROBINE, J.-M. et al. Death toll exceeded 70,000 in Europe during the summer of 2003. **Comptes Rendus Biologies**. Dossier: nouveautés en cancérogenèse / New developments in carcinogenesis. v. 331, n. 2, p. 171–178, 1 fev. 2008.
- RUFINO, R. et al. Surtos de diarreia na Região Nordeste do Brasil em 2013, segundo a mídia e sistemas de informação de saúde – Vigilância de situações climáticas de risco e emergências em saúde. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 21, p. 777–788, mar. 2016.
- SALOMÓN, O. D. et al. *Lutzomyia longipalpis* urbanisation and control. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, n. 7, p. 831–846, nov. 2015.
- VALDEZ, L. D.; SIBONA, G. J.; CONDAT, C. A. Impact of rainfall on *Aedes aegypti* populations. **Ecological Modelling**, v. 385, p. 96–105, 10 out. 2018.
- VAN VUUREN, D. P. et al. The representative concentration pathways: an overview. **Climatic Change**, v. 109, n. 1, p. 5, 5 ago. 2011.
- VASCONCELOS, P. F. DA C. Yellow fever. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36, n. 2, p. 275–293, abr. 2003.
- VASCONCELOS, V. V.; PINHO, C. M. DE D. Multivariate Geovisualization of Dengue, Zika and Chikungunya cases in Brazil: a didactic experience. **Hygeia – Revista Brasileira de Geografia Médica e da Saúde**, v. 13, n. 25, p. 91–106, 28 set. 2017.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION. **World Malaria Report 2019**. [S.l.]: World Health Organization, 2019.
- YÉ, Y. et al. Effect of meteorological factors on clinical malaria risk among children: an assessment using village-based meteorological stations and community-based parasitological survey. **BMC Public Health**, v. 7, n. 1, p. 101, 8 jun. 2007.
- ZANLUCA, C. et al. First report of autochthonous transmission of Zika virus in Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, n. 4, p. 569–572, jun. 2015.