



**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DO PIAUÍ
CAMPUS FLORIANO
CURSO TECNOLOGIA EM ANÁLISE E DESENVOLVIMENTO DE
SISTEMAS**

GABRIEL CONRADO SOARES ROCHA

**USO DE IA NA MODELAGEM PREDITIVA DE SURTOS DE DOENÇAS
INFECCIOSAS: Uma Revisão Sistemática**

**FLORIANO-PI
2026**

GABRIEL CONRADO SOARES ROCHA

USO DE IA NA MODELAGEM PREDITIVA DE SURTOS DE DOENÇAS
INFECCIOSAS: Uma Revisão Sistemática

Trabalho de Conclusão de Curso (artigo científico) apresentado como exigência parcial para obtenção do diploma do Curso de TADS do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí, Campus Floriano .

Orientador: Prof. Me. Marcony Santana
Maximo

FLORIANO
2026

USO DE IA NA MODELAGEM PREDITIVA DE SURTOS DE DOENÇAS INFECCIOSAS: Uma Revisão Sistemática

Gabriel Conrado Soares Rocha¹
Marcony Santana Maximo²

RESUMO

Este trabalho aborda a aplicação da inteligência artificial na modelagem preditiva de surtos de doenças infecciosas, destacando a necessidade de conciliar precisão técnica, determinantes socioambientais e transparência na saúde pública. O objetivo do estudo é realizar uma revisão sistemática da literatura para analisar como a produção científica caracteriza o uso dessas ferramentas tecnológicas na previsão de epidemias. A metodologia seguiu diretrizes estruturadas de triagem e elegibilidade, mapeando publicações entre o período de 2019 e 2026 nas bases de dados especializadas, resultando na seleção e avaliação qualitativa de dezoito artigos científicos finais. Os resultados indicam a consolidação de três paradigmas principais: aprendizado em conjunto, redes neurais informadas pela física e modelos de fundação baseados em mecanismos de atenção. Ademais, constatou-se que a validação dos sistemas baseia-se em rigorosas métricas de erro e classificação, enquanto a inteligência artificial explicável surge como elemento essencial para mitigar a opacidade algorítmica. As considerações finais apontam que os modelos preditivos transcenderam a experimentação acadêmica, tornando-se ferramentas estratégicas de vigilância. A integração de dados climáticos e de mobilidade humana, aliada a painéis visuais transparentes, confere fundamentação técnica e segurança jurídica para a tomada de decisão governamental antecipada e segura.

Palavras-chave: inteligência artificial; modelagem preditiva; doenças infecciosas; vigilância epidemiológica; revisão sistemática.

ABSTRACT

This study addresses the application of artificial intelligence in the predictive modeling of infectious disease outbreaks, highlighting the need to reconcile technical precision, socio-environmental determinants, and transparency in public health. The objective of the study is to perform a systematic literature review to analyze how scientific production characterizes the use of these technological tools in predicting epidemics. The methodology followed structured screening and eligibility guidelines, mapping publications between 2019 and 2026 in specialized databases, resulting in the selection and qualitative evaluation of eighteen final scientific articles. The results indicate the consolidation of three main paradigms: ensemble learning, physics-informed neural networks, and foundation models based on attention mechanisms. Furthermore, it was found that system validation relies on rigorous error and classification metrics, while explainable artificial intelligence emerges as an essential element to mitigate algorithmic opacity. The final considerations point out

¹ Graduando do curso de Tecnologia em Análise e Desenvolvimento de Sistemas. IFPI - Campus Floriano. caflo.2023114tads0009@aluno.ifpi.edu.br.

² Mestre em Propriedade Intelectual e Transferência de Tecnologia - PROFNIT/UFPI. IFPI - Campus Floriano. marconymaximo@ifpi.edu.br.

that predictive models have transcended academic experimentation, becoming strategic surveillance tools. The integration of climate and human mobility data, combined with transparent visual dashboards, provides the technical foundation and legal security for early and safe governmental decision-making.

Keywords: artificial intelligence; predictive modeling; infectious diseases; epidemiological surveillance; systematic review.

Data de aprovação: 01/07/2026 (data de apresentação do TCC)

1 INTRODUÇÃO

A vigilância epidemiológica tradicional historicamente depende de fluxos passivos de informação e de registros manuais, o que gera um atraso crônico entre o surgimento real de uma doença e a consolidação de seus dados nos sistemas oficiais de saúde (Mendes et al., 2025). Essa lentidão, comumente agravada pela demora na digitação de fichas e na conclusão de exames laboratoriais, faz com que, quando um surto é formalmente detectado pelas autoridades governamentais, a transmissão comunitária já se encontre em estágio avançado, comprometendo severamente a eficácia das barreiras sanitárias tradicionais (Olalere; Uzu-Okoh, 2025). Nesse cenário crítico, a Inteligência Artificial (IA) surge como uma ferramenta essencial de intervenção tecnológica, capaz de corrigir esses vazios informacionais crônicos por meio de algoritmos preditivos e técnicas de *nowcasting*, estimando a real situação epidemiológica em tempo real.

Sob essa nova perspectiva tecnológica, a saúde pública deixa de ser puramente reativa — agindo só após a superlotação hospitalar — e passa a ser preventiva. Para que essas previsões funcionem, os algoritmos processam os dois maiores impulsionadores globais de epidemias: as mudanças climáticas e a mobilidade humana (Adams et al., 2025; Hussain et al., 2025). O clima (temperatura e chuva) estimula a reprodução dos vetores, enquanto as rotas de transporte espalham o vírus pelos territórios (Keshavamurthy et al., 2025). A integração desses dados em modelos de Aprendizado de Máquina (*Machine Learning*) e Aprendizado Profundo (*Deep Learning*) tem gerado previsões altamente precisas para o controle de surtos.

Contudo, o incremento contínuo na precisão estatística dessas arquiteturas frequentemente resulta em opacidade algorítmica, operando como "caixas-pretas" que limitam a interpretabilidade, a confiança clínica e a adoção prática das previsões no mundo real (Shiddik, 2026). Na esfera da governança pública e sanitária, a tomada de decisões drásticas, o direcionamento de verbas ou a decretação de estado de emergência por parte de gestores e prefeitos não podem se respaldar em palpites de algoritmos fechados, sob o risco de invalidar as ações e expor a administração a sanções dos órgãos de controle (Panteli et al., 2025). Diante desse gargalo, o campo da Inteligência Artificial Explicável (XAI), notadamente através de metodologias como os valores SHAP (*Shapley Additive exPlanations*), torna-se indispensável ao decompor os cálculos matemáticos complexos em representações visuais auditáveis e claras, fornecendo a fundamentação técnica e a segurança jurídica necessárias para que as autoridades ajam de forma ágil e transparente.

Diante desse cenário, este estudo tem como objetivo realizar uma revisão sistemática da literatura sobre a aplicação da Inteligência Artificial na modelagem preditiva de surtos infecciosos. Para conciliar esse rigor tecnológico com a realidade da saúde pública, a pesquisa é guiada por uma questão central. Afinal, como a

literatura científica caracteriza o uso de Inteligência Artificial na modelagem de epidemias, considerando o impacto das variáveis socioambientais e a exigência de transparência nas decisões governamentais?

Com o propósito de explorar essa questão, este trabalho encontra-se organizado da seguinte forma. Inicialmente, a Seção 2 apresenta a fundamentação teórica com os conceitos centrais do estudo, abrindo espaço para a Seção 3, que descreve a metodologia utilizada na revisão sistemática. Na sequência, a Seção 4 expõe e discute os resultados encontrados na literatura, conduzindo a leitura até a Seção 5, responsável por trazer as conclusões da pesquisa e apontar direcionamentos para trabalhos futuros.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Nesta seção, são examinados os princípios e teorias essenciais relacionados ao uso de arquiteturas computacionais avançadas para a modelagem preditiva em saúde, ao rigor dos métodos de validação estatística que garantem a segurança dessas previsões e à integração entre os determinantes ambientais e a explicabilidade algorítmica na vigilância epidemiológica. Ao demonstrar como essas tecnologias se tornam ferramentas práticas e transparentes para a gestão pública, a discussão embasa os conceitos centrais da pesquisa, estabelecendo os alicerces necessários para compreender esses elementos dentro do âmbito do presente estudo.

2.1 ARQUITETURAS COMPUTACIONAIS E PARADIGMAS DA INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL NA MODELAGEM PREDITIVA

A Inteligência Artificial (IA) compreende, essencialmente, a capacidade de algoritmos codificados em tecnologia de aprender a partir de dados e executar tarefas automatizadas que são comumente associadas a seres inteligentes (World Health Organization, 2021). Nesse cenário, as Árvores de Decisão (*Decision Trees*) consistem em ferramentas recorrentes no processamento de dados tabulares na epidemiologia, tendo como principal diferencial a sua fácil compreensão no cotidiano da prática clínica. Seu funcionamento baseia-se na quebra contínua das informações, agrupando as variáveis de saúde e os fatores ambientais em critérios lógicos de decisão do tipo "se/então". Essas divisões binárias ocorrem nos nós de decisão, onde são estabelecidos limiares matemáticos específicos — por exemplo, determinar se o volume de chuva acumulado ultrapassou o limite associado ao aumento de vetores. O fluxo segue até as ramificações finais, que revelam a probabilidade ou a quantidade absoluta de casos. Ao fazer isso, o algoritmo agrupa dados com características homogêneas, sendo altamente eficaz para compreender conexões complexas nos fatores de saúde (Ono; Goto, 2022).

No entanto, mesmo sendo de fácil compreensão, uma única árvore de decisão é instável e sujeita ao sobreajuste (*overfitting*). Isso significa que, em vez de capturar o padrão geral da epidemia, o modelo tende a incorporar os erros e as flutuações pontuais presentes nos registros de saúde, o que prejudica a vigilância a longo prazo. Para corrigir esse problema, a literatura recomenda o uso do *Ensemble Learning* (Aprendizado em Conjunto), que combina múltiplos modelos de forma cooperativa (Wiemken; Kelley, 2020).

Essa abordagem baseia-se na premissa de que a combinação de múltiplos modelos preditivos supera o desempenho de qualquer estimador individual isolado,

agregando a força de modelos considerados fracos para construir um sistema robusto de predição. Em saúde pública e epidemiologia, onde as bases de dados frequentemente lidam com alta dimensionalidade, os métodos de *ensemble* tornam-se indispensáveis não apenas para aprimorar a acurácia geral diante de dinâmicas sazonais complexas, mas também para estabilizar as projeções epidemiológicas em longo prazo (Sebastianelli et al., 2024; Wiemken; Kelley, 2020; Ye et al., 2021).

Nesse contexto, os algoritmos *Random Forest* e *XGBoost* colocam em prática o princípio do *ensemble*, mas utilizam formas diferentes de combinar e construir as suas árvores de decisão. O *Random Forest* baseia-se no método *Bagging* (*Bootstrap Aggregating*), no qual centenas de árvores são construídas de forma paralela e totalmente independente. Cada árvore é treinada com uma combinação aleatória de dados e preditores, e o resultado final é gerado pela média das previsões, o que torna o modelo altamente eficaz para reduzir a variância. Em contrapartida, o *XGBoost* adota o princípio de *Boosting*, operando de maneira sequencial: as árvores são criadas em cadeia, de modo que cada nova estrutura é programada especificamente para corrigir os erros (resíduos) cometidos pela árvore anterior. Essa correção em cascata, otimizada por uma função de perda regularizada, confere ao *XGBoost* uma precisão superior para capturar ciclos complexos e picos repentinos em séries temporais de doenças infecciosas. (Meng; Xu; Zhao, 2021 apud Wu et al., 2025).

Embora os modelos de *ensemble* sejam eficientes, a necessidade de analisar dados ainda mais complexos levou ao uso do Aprendizado Profundo (*Deep Learning*). Inspirada no cérebro humano, essa tecnologia usa redes neurais artificiais com grande capacidade de encontrar padrões ocultos em grandes volumes de dados. No entanto, na epidemiologia, essas redes sofrem com o problema da "caixa-preta": elas entregam resultados altamente precisos, mas não explicam os caminhos matemáticos que usaram, ignorando a biologia real da doença. Para contornar essa falta de lógica médica, a saúde pública tradicionalmente usa modelos matemáticos clássicos, como o SIR (Suscetíveis, Infectados e Recuperados). O modelo SIR dita regras rígidas para garantir, por exemplo, que uma nova infecção só seja calculada se houver contato direto entre uma pessoa saudável e um infectado (Qian et al., 2025).

Ademais, no sentido de integrar a robustez das redes neurais com os fundamentos biológicos do modelo SIR, emergiram as Redes Neurais Informadas pela Física (*Physics-Informed Neural Networks* - PINNs). Essa tecnologia avança ao colocar as equações do modelo SIR direto no "coração" da rede neural, mais especificamente na sua função de avaliação de erros (a chamada função de perda ou *loss function*). Com isso, durante o treinamento, o algoritmo é matematicamente forçado a respeitar a biologia da doença: se a rede sugerir um contágio impossível de acontecer na vida real, ela é severamente penalizada. Dessa forma, as PINNs superam o problema da caixa-preta, pois não apenas se ajustam aos dados, mas realmente aprendem a mecânica do surto, gerando previsões que são, ao mesmo tempo, muito precisas e biologicamente corretas (Qian et al., 2025).

Avançando para o estado da arte do *Deep Learning*, a vigilância epidemiológica passou a incorporar recentemente arquiteturas criadas, de forma original, para o processamento de linguagem natural, como as utilizadas em grandes modelos textuais (a exemplo do ChatGPT). Essas redes neurais, conhecidas como *Transformers*, demonstraram uma capacidade notável de transição para a análise de dados ao longo do tempo. Em vez de ler textos, esses modelos aprenderam a

interpretar séries temporais, tratando os registros de casos de uma doença de forma semelhante a sequências de palavras. O grande diferencial dessa arquitetura é o "mecanismo de atenção", um recurso matemático avançado que permite à inteligência artificial olhar para todo o histórico de infecção de uma vez e identificar dinamicamente quais datas, "lags" ou eventos específicos do passado carregam maior peso para prever o futuro de um surto (Panja et al., 2025).

Nesse mesmo sentido de expansão, o ganho de escala na arquitetura dos *Transformers* deu origem aos chamados Modelos de Fundação (*Foundation Models*). Trata-se de inteligências artificiais com bilhões de parâmetros, treinadas de forma autossupervisionada em volumes massivos de dados globais. Na epidemiologia, o marco revolucionário desses modelos é a capacidade de executar o *Zero-Shot Learning* (Aprendizado Zero-Shot). Na prática, essa técnica permite que a IA faça previsões altamente acuradas sobre a trajetória de uma epidemia em uma localidade nova, mesmo sem nunca ter tido contato com os dados históricos ou o contexto epidemiológico daquela região específica antes. Ao transferir o conhecimento consolidado de dinâmicas virais globais, o modelo supera a barreira da escassez de dados locais, tornando-se uma ferramenta robusta para cenários de alerta precoce onde registros prévios não estão disponíveis (Kalahasti et al., 2026).

Contudo, embora os Modelos de Fundação resolvam a escassez de dados históricos, a propagação de uma epidemia é guiada, na prática, pela mobilidade humana. Para suprir essa necessidade, as Redes Neurais de Grafos (GNNs) oferecem a vantagem de modelar a dinâmica espacial com precisão. Conforme explicam Liu, Wan e Lau (2024), essa arquitetura mapeia a geografia diretamente no modelo: locais como cidades ou países funcionam como "nós", enquanto as rotas de transporte e vetores de transmissão atuam como "arestas". Ao refletir o movimento contínuo e real da população através do território, a transmissão deixa de ser tratada como um evento estático, o que aumenta substancialmente o poder de antecipação dos modelos (Xu et al., 2025).

Em suma, a inteligência artificial aplicada à epidemiologia avançou significativamente com a combinação entre os Modelos de Fundação e as Redes Neurais de Grafos. Na prática, essa integração une a capacidade de prever cenários mesmo em locais sem dados históricos com o rastreamento do movimento real das pessoas pelo território, criando um sistema mais forte para a saúde coletiva. Essa sinergia entre tempo e espaço estabelece o suporte necessário para compreender os dados, as métricas e as estruturas de desempenho que dão suporte prático a essas ferramentas computacionais.

2.2 PROTOCOLOS DE VALIDAÇÃO ESTATÍSTICA E MÉTRICAS DE DESENVOLVIMENTO ALGORÍTMICO

Para garantir a aplicabilidade segura dos modelos preditivos na saúde pública, a literatura exige a auditoria de suas estimativas através de métricas de regressão. O Erro Médio Absoluto (MAE) afere a distância exata entre a previsão algorítmica e o volume real de casos, utilizando valores absolutos para impedir que erros positivos e negativos se anulem. Em complemento, a Raiz do Erro Quadrático Médio (RMSE) penaliza erros de grande magnitude, funcionando como uma salvaguarda vital contra falhas graves que poderiam colapsar o atendimento médico. Nas projeções temporais, utiliza-se ainda o Erro Escalonado Absoluto Médio (MASE) para comparar o desempenho da máquina com um modelo "ingênuo". Se o MASE for inferior a 1, atesta-se estatisticamente que a Inteligência Artificial superou a

dedução óbvia, bloqueando o efeito cascata de erros a longo prazo (Castillo Estrada et al., 2020).

Sob essa perspectiva, a transposição prática desse rigor matemático é demonstrada, por exemplo, na previsão hierárquica de casos de Covid-19 no continente africano. Nesse cenário epidemiológico, a aplicação estrita dessas métricas na avaliação de *ensembles* de aprendizado de máquina comprovou que a tecnologia apreendeu, de fato, a complexidade da doença em vez de apenas emitir projeções aleatórias. Consequentemente, essa validação estatística atua como um selo de confiabilidade, conferindo a segurança necessária para a formulação de políticas e para a alocação governamental de recursos médicos (Shoko; Sigauke; Makatjane, 2026).

Em paralelo, sob essa mesma ótica de validação, além de prever a quantidade de casos, os gestores de saúde dependem de respostas diretas para emitir alertas de "alto" ou "baixo" risco. Conforme explicitado por Richardson et al. (2024), essa tomada de decisão é avaliada por métricas baseadas na matriz de confusão, uma tabela que cruza as previsões algorítmicas com a realidade observada para mapear acertos e erros. A partir dessa estrutura, os autores definem a Sensibilidade como a proporção de verdadeiros positivos identificados pelo sistema (garantindo ações preventivas onde o surto realmente ocorrerá) e a Especificidade como a capacidade de reconhecer os verdadeiros negativos para evitar alarmes falsos.

Dessa forma, para sintetizar todo esse desempenho em uma nota de 0 a 1, utiliza-se a Área Abaixo da Curva ROC (ROC-AUC), um indicador global definido pela relação geométrica entre as taxas de verdadeiros e falsos positivos em diferentes limiares de decisão. Sob a perspectiva de Richardson et al. (2024), o ROC-AUC funciona como uma métrica invariante ao desbalanceamento de classes, o que significa que o conceito e o valor da área não sofrem distorções mesmo quando a população saudável supera massivamente a de doentes. Na prática epidemiológica, a utilidade dessa estrutura conceitual é ilustrada no monitoramento do Vírus do Nilo Ocidental conduzido por Farooq et al. (2022), no qual o ajuste correto entre sensibilidade e especificidade, medido pela estabilidade da curva ROC-AUC, serviu para dar segurança ao modelo e garantir que as autoridades confiassem nos alertas para agir localmente antes que o vírus se espalhasse.

Embora as métricas de classificação validem o alerta local, a vigilância em saúde exige a harmonização dos dados entre diferentes escalas geográficas por meio da reconciliação hierárquica. Conforme delimitado por Zhang et al. (2026), o emprego isolado e independente de modelos preditivos em múltiplos níveis territoriais tende a gerar projeções fragmentadas que violam as restrições de agregação, resultando em dados contraditórios entre si. Frente a essa limitação, a reconciliação hierárquica atua como um sistema de ajuste matemático pós-hoc projetado para assegurar a coerência espacial das séries temporais de saúde pública, garantindo de forma impositiva que a soma das previsões pontuais computadas de maneira isolada para unidades granulares — como bairros ou municípios — coincida perfeitamente com a projeção macroepidemiológica formulada para o nível agregado superior, como o estado ou o país inteiro.

Paralelamente, a validação do modelo exige a comprovação de sua transferibilidade espacial, considerada o teste definitivo de robustez algorítmica. Essa modalidade de validação consiste em submeter o algoritmo, previamente treinado com o histórico epidemiológico de uma localidade específica "A", a uma aplicação direta e cega sobre os dados de uma região "B" inteiramente inédita para

o sistema. Desse modo, a estabilidade do desempenho preditivo nesse novo cenário prova que a Inteligência Artificial compreendeu os fatores biológicos e ecológicos da doença. Esse processo protege o modelo contra o sobreajuste (*overfitting*), demonstrando que a máquina aprendeu padrões gerais em vez de apenas memorizar o histórico de um único território (Zhang et al., 2026).

Sendo assim, a aplicação desses protocolos atua como elo essencial entre o potencial da Inteligência Artificial e seu uso seguro na saúde pública. Isso porque, longe de apenas calcular erros e acertos, a combinação dessas métricas garante que a máquina compreendeu a dinâmica real da doença. Sob esse rigor avaliativo, a tecnologia transcende a fase de experimentação matemática, consolidando-se como um instrumento de vigilância epidemiológica robusto, geograficamente coerente e plenamente capacitado para guiar a tomada de decisão governamental perante cenários reais.

2.3 VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA ESTRUTURAL: DETERMINANTES AMBIENTAIS, EXPLICABILIDADE E GOVERNANÇA NA SAÚDE PÚBLICA

Historicamente, a vigilância epidemiológica tradicional depende de fluxos passivos de informação e registros manuais. Esse modelo gera um atraso crônico entre o surgimento real de uma doença e a sua consolidação nos sistemas oficiais de saúde, cenário que é agravado pela lentidão na digitação de fichas e pela demora em exames laboratoriais (Mendes et al., 2025; Olalere; Uzu-Okoh, 2025). Como consequência disso, quando os órgãos governamentais detectam um surto por meios convencionais, a transmissão na comunidade geralmente já está em estágio avançado, o que reduz a eficácia das barreiras sanitárias. É exatamente nesse gargalo informativo que a Inteligência Artificial (IA) intervém, utilizando algoritmos preditivos e técnicas de *nowcasting* para corrigir esses vazios de dados e estimar a situação epidemiológica em tempo real (Greene et al., 2021).

Essa capacidade de antecipação tecnológica promove uma importante mudança na gestão da saúde pública, permitindo passar de uma postura puramente reativa para uma estratégia preventiva. Sob a ótica tradicional, a administração atua de maneira retrospectiva, mobilizando campanhas e recursos apenas após a saturação visível dos hospitais e o superaquecimento do sistema de atendimento. Em contrapartida, os modelos baseados em aprendizado de máquina quebram essa lógica ao identificar dinâmicas de contágio antes que elas se manifestem no ambiente clínico. Desse modo, o monitoramento inteligente deixa de ser uma mera análise de dados passados e se consolida como um instrumento estratégico que capacita o gestor público a conter a dispersão de doenças de forma precoce (Olalere; Uzu-Okoh, 2025).

Para dar efetividade a essa nova gestão preventiva, os modelos computacionais precisam mapear as forças externas que impulsionam o contágio. Nesse contexto, o avanço e a expansão territorial de patógenos estão intrinsecamente ligados a fatores ambientais, sendo a mudança climática e a mobilidade humana os principais catalisadores do risco de epidemias em escala global (Khurana et al., 2026). Do ponto de vista biológico, variáveis eco-climáticas — como temperatura, precipitação e umidade — funcionam como gatilhos ecológicos diretos. Elas alteram o ciclo de vida dos vetores, acelerando a reprodução de mosquitos e encurtando o tempo de incubação dos vírus. Por isso, para que a Inteligência Artificial consiga prever um surto com precisão, ela necessita ler e processar essa dinâmica climática. Um exemplo prático dessa aplicação no Brasil é

o uso de algoritmos de aprendizado de máquina na previsão de surtos de Leishmaniose Visceral, onde o sistema absorve dados meteorológicos contínuos para identificar os períodos e as zonas geográficas de maior risco para a proliferação da doença (Adams et al., 2025).

Contudo, embora os mosquitos e outros vetores dependam do clima para proliferar, o patógeno se desloca ativamente através das pessoas. A dinâmica espacial e o fluxo humano em redes de transporte determinam a velocidade e a rota geométrica do contágio. Na Amazônia Legal brasileira, por exemplo, a modelagem espacial revela que a dispersão da malária é ditada pela movimentação populacional em áreas de garimpo e rotas fluviais, evidenciando que o território define as regras do espalhamento (Monteiro et al., 2025). Por essa razão, os sistemas preditivos mais avançados unem essas duas frentes. Modelos de redes neurais profundas, como as arquiteturas LSTM (*Long Short-Term Memory*), alcançam níveis de precisão inéditos ao integrarem simultaneamente dados de mobilidade humana interurbana e fatores climáticos para prever surtos de Dengue no Brasil. Essa fusão corrige a principal falha dos modelos epidemiológicos tradicionais, que ignoravam o papel crucial do fluxo de pessoas na propagação viral (Chen; Moraga, 2026).

Diante disso, o incremento na precisão das arquiteturas preditivas frequentemente resulta em opacidade algorítmica. Como aponta Shiddik (2026), muitos modelos de aprendizado profundo operam como "caixas-pretas", o que limita a interpretabilidade, a confiança do profissional e a sua adoção prática no mundo real. Para mitigar essa limitação, a Inteligência Artificial Explicável (XAI) surge como um campo metodológico essencial. De acordo com Loh et al. (2022), a XAI engloba o conjunto de recursos que elucidam como o modelo construiu sua previsão, auxiliando o usuário a compreender plenamente o seu funcionamento interno. Nesse cenário, a metodologia SHAP (*Shapley Additive exPlanations*) destaca-se ao combater a opacidade matemática: ela decompõe a resposta do algoritmo e atribui um peso específico a cada variável de entrada. Essa abordagem traduz cálculos complexos em representações visuais que revelam de forma clara e prática como o sistema chegou àquele resultado, permitindo identificar com precisão o impacto das variáveis ecoclimáticas e dos fluxos de mobilidade no prognóstico epidemiológico (Loh et al., 2022; Shiddik, 2026).

Frente a essa clareza visual, a explicabilidade deixa de ser um mero refinamento computacional e assume o papel de um pilar de sustentação para a governança em saúde. Conforme discutem Panteli et al. (2025), a incorporação da inteligência artificial na gestão sanitária exige transparência, rastreabilidade e a definição clara de responsabilidades (*accountability*), sendo que as tecnologias de XAI são fundamentais para tornar as decisões dos sistemas compreensíveis. Na prática, um prefeito ou gestor de saúde não pode gastar recursos públicos ou decretar emergência com base apenas no "palpite" de um algoritmo fechado. Tomar atitudes drásticas sem uma explicação clara tira a validade da ação e expõe o gestor a riscos diante dos órgãos de controle. É nesse ponto que os gráficos do SHAP funcionam como a prova técnica necessária: ao mostrarem detalhadamente o peso de cada variável na previsão, eles fornecem a fundamentação para que as autoridades tomem decisões rápidas, preventivas e totalmente transparentes.

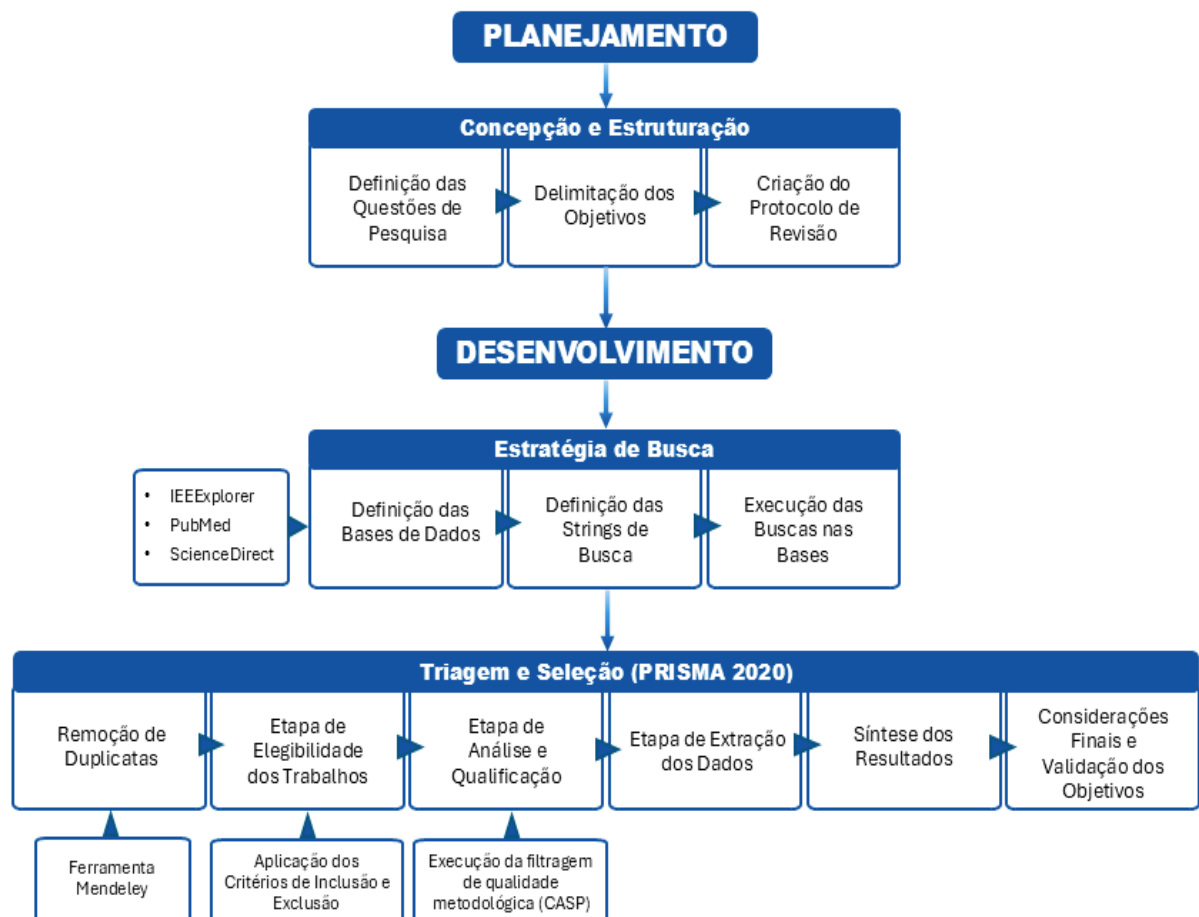
Em síntese, a vigilância epidemiológica preditiva vai além do avanço tecnológico: ela representa uma nova forma de gerir a saúde pública. Ao unir dados de clima e mobilidade a algoritmos precisos e transparentes (XAI), o sistema inova sem perder a clareza. Assim, recursos visuais como o SHAP conectam a

matemática à responsabilidade do gestor, transformando modelos complexos em ferramentas seguras e legais para proteger a sociedade de forma antecipada.

3. METODOLOGIA

Para a realização deste trabalho, adotou-se como procedimento metodológico a Revisão Sistemática da Literatura (RSL), estruturada conforme as diretrizes do protocolo PRISMA 2020 (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*). A escolha por esta norma justificou-se pela necessidade de garantir o rigor, a transparência e a replicabilidade no mapeamento das tecnologias de IA, estabelecendo um padrão internacional para o fluxo de tratamento e filtragem dos dados (Page et al., 2021), como representado na Figura 1.

Figura 1- Visão Geral da Metodologia



Fonte: Elaborado pelo autor (2026), baseado em Page et al. (2021).

Conforme ilustrado na Figura 1, o percurso metodológico iniciou-se com a definição das questões de pesquisa e a estruturação do protocolo de busca, que orienta a aplicação das strings nas bases de dados selecionadas. Após a coleta, os registros foram integrados à ferramenta Mendeley (Elsevier, 2026), utilizada como recurso central para a gestão e organização do referencial. Além da identificação e remoção sistemática de duplicatas, o software possibilitou o gerenciamento das referências e a verificação de metadados essenciais, garantindo assim, a integridade dos dados que avançaram para as fases de análise.

Na sequência, o processo de seleção seguiu para a triagem de títulos e resumos, onde foram aplicados os critérios de inclusão e exclusão para filtrar a relevância dos trabalhos. Os estudos selecionados passaram pela leitura integral para confirmar se atendem aos critérios de elegibilidade e se contribuem diretamente para os objetivos da pesquisa. Por fim, os artigos validados foram selecionados para a inclusão definitiva, consolidando o material necessário para responder às perguntas formuladas.

3.1 QUESTÕES DE PESQUISA

As questões de pesquisa que orientam este estudo foram desenvolvidas para explorar o uso da inteligência artificial na predição de surtos de doenças infecciosas. A investigação é conduzida por quatro perguntas fundamentais, uma pergunta principal e três questões específicas, que buscam aprofundar os aspectos técnicos e os critérios de validação dos modelos analisados.

3.1.1 Questão principal

De que modo os modelos preditivos baseados em Inteligência Artificial para surtos de doenças infecciosas se estruturam na literatura científica para apoiar de forma confiável a tomada de decisão em saúde pública?

3.1.2 Questões específicas

- 1) Como se caracterizam os modelos e arquiteturas de Inteligência Artificial predominantes na literatura para a construção de modelos preditivos em saúde pública?
- 2) Como são definidas as métricas e parâmetros utilizados para validar a eficácia e a confiabilidade das predições geradas por esses sistemas?
- 3) Como se integram os fatores eco-climáticos e a interpretabilidade dos modelos no suporte real à tomada de decisão epidemiológica?

3.2 ESTRATÉGIA DE BUSCA

A estratégia de busca para esta revisão sistemática fundamentou-se na seleção de palavras-chave relevantes alinhadas ao tema central da pesquisa. Estas, por sua vez, foram segmentadas em quatro eixos temáticos com a finalidade de conciliar os conceitos de IA e epidemiologia (Quadro 1). As strings de pesquisa foram formuladas mediante a operadores booleanos (Quadro 2 e Quadro 3), a fim de refinar os resultados obtidos. Para garantir a qualidade e a relevância dos estudos, aplicou-se um filtro de tempo limitando a busca aos artigos publicados nos últimos sete anos (2019-2026).

3.2.1 Palavras-chave

A seleção das palavras-chave alinhou-se ao tema principal do trabalho, tendo sido fundamental para garantir uma busca bibliográfica eficiente. A escolha de termos em inglês foi estratégica, visto que este é o idioma predominante na

produção científica e tecnológica mundial. Isso permitiu o acesso a um volume maior de estudos e inovações internacionais (Marques, 2023) .

Para a delimitação do escopo da pesquisa e integração dos conceitos de inteligência artificial e epidemiologia, as palavras-chave foram distribuídas em quatro eixos temáticos (Quadro 1).

Quadro 1 – Palavras-chave

Eixo temático	Palavras-Chave	Finalidade na Busca
I. Tecnologia (IA)	<i>Artificial Intelligence, Machine Learning, Deep Learning</i>	Identificar as técnicas e algoritmos de inteligência computacional
II. Domínio (Saúde)	<i>Infectious Diseases, Epidemiological Data</i>	Delimitar o cenário da saúde pública e o uso de dados epidemiológicos
III. Aplicação (Modelagem)	<i>Predictive Modeling, Evaluation Metrics, Forecasting</i>	Filtrar estudos que foquem em predição e apresentem métricas de avaliação de desempenho
IV. Validação (Métricas)	<i>Accuracy, Performance, Evaluation</i>	Garantir que os estudos selecionados apresentem resultados quantitativos e validação de desempenho

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

3.2.2 Strings de busca

A formulação da *string* de busca utilizou a combinação das palavras-chave definidas nos eixos temáticos por meio de operadores booleanos (AND, OR e NOT). Essa estratégia permitiu refinar a busca e integrar os diferentes temas da pesquisa em uma única consulta, garantindo que os resultados fossem relevantes e específicos. O Quadro 2 apresenta a *string* principal utilizada para a pesquisa dos estudos.

Quadro 2- String de busca

String de busca
<i>("Artificial Intelligence" OR "Machine Learning" OR "Deep Learning") AND ("Infectious Diseases" OR "Epidemiological Data") AND ("Predictive Modeling" OR "Time Series" OR "Forecasting") AND ("Accuracy" OR "Performance" OR "Evaluation") NOT ("Systematic Review" OR "Literature Review" OR "Survey")</i>

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

Dadas as limitações da plataforma ScienceDirect, utilizou-se uma versão adaptada da string de busca (Quadro 3). A busca foi restrita aos campos de título, resumo e palavras-chave, com filtros aplicados para Artigos de Pesquisa e Acesso Aberto. Essa estratégia visou garantir a recuperação de estudos originais com texto integral disponível para análise.

Quadro 3- String de busca: ScienceDirect

String de busca
<i>("Artificial Intelligence" OR "Machine Learning" OR "Deep Learning") AND ("Infectious Diseases" OR "Epidemiology") AND ("Predictive Model" OR "Forecasting") AND ("Accuracy" OR "Performance")</i>

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

3.2.3 Fontes de dados

A coleta de dados foi realizada nas bases acadêmicas IEEE Xplore, PubMed e ScienceDirect, escolhidas por sua relevância nas áreas de tecnologia e saúde pública. A busca foi guiada pelas estratégias detalhadas no Quadro 2, que uniram os eixos temáticos para garantir que os artigos selecionados relacionassem Inteligência Artificial e dados epidemiológicos. Devido às limitações do ScienceDirect, utilizou-se a versão adaptada no Quadro 3. Para assegurar a atualidade dos estudos encontrados, aplicou-se um filtro temporal que limitou a busca aos artigos publicados nos últimos sete anos (2019-2026). No Quadro 4, foram apresentadas as bases utilizadas e seus respectivos links de acesso (URL).

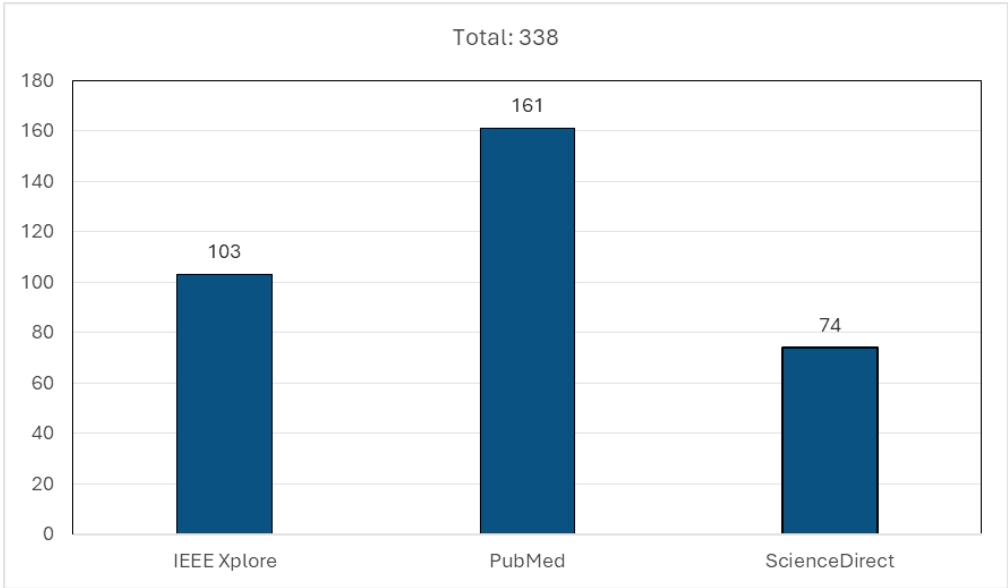
Quadro 4 – Fontes de dados

Bases de dados	URLs
IEEE Xplore	https://ieeexplore.ieee.org/
PubMed	https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/
ScienceDirect	https://www.sciencedirect.com/

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

A aplicação das *strings* de busca resultou em 338 registros brutos, sendo 103 provenientes da IEEE Xplore, 161 da PubMed e 74 da ScienceDirect. A Figura 2 apresenta a distribuição quantitativa desses estudos, previamente à aplicação dos critérios de inclusão e exclusão (Quadro 4) e à remoção de duplicatas.

Figura 2- Resultados brutos da busca inicial



Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

3.3 CRITÉRIOS DE SELEÇÃO DOS ARTIGOS

Os critérios de inclusão e exclusão são fundamentais para garantir que os artigos selecionados sejam diretamente pertinentes aos objetivos da pesquisa e que estejam em conformidade com os requisitos metodológicos estabelecidos. O Quadro 5 apresenta de maneira detalhada os critérios, especificando os aspectos a serem considerados para a inclusão ou exclusão dos estudos no âmbito desta revisão sistemática.

Quadro 5 – Critérios de Inclusão e Exclusão dos artigos

Critérios de Inclusão	Critérios de Exclusão
Artigos que abordam a aplicação de IA na previsão de surtos de doenças infecciosas, com foco em modelos preditivos.	Publicações realizadas fora do recorte temporal estabelecido (anteriores a 2019).
Estudos que detalham arquiteturas de IA e apresentam métricas de desempenho.	Artigos que não descrevem a metodologia técnica ou os algoritmos utilizados.
Pesquisas que utilizam bases de dados epidemiológicas ou de saúde pública para validação dos modelos.	Estudos publicados em idiomas que não sejam inglês ou português.
Artigos disponíveis em texto completo para análise integral.	Registros duplicados, revisões de literatura, editoriais ou resumos expandidos.

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

3.4 SELEÇÃO DOS ESTUDOS

A etapa de seleção de estudos foi fundamental nesta revisão sistemática de literatura, pois garantiu a relevância e a qualidade dos artigos analisados. Após a coleta nas bases de dados, o volume inicial de registros foi exportado para a ferramenta Mendeley, que atuou na organização e na exclusão sistemática das duplicatas. A partir disso, o processo de seleção foi dividido em duas fases principais. A seleção preliminar (1º filtro) consistiu na avaliação de títulos, palavras-chave e resumos, tendo sido aplicados os critérios de inclusão e exclusão definidos no Quadro 5, seguida por um refinamento técnico por especificidade do tema para garantir a aderência direta à pesquisa. A segunda fase foi a seleção final (2º filtro), que exigiu a leitura completa dos artigos aprovados no primeiro filtro. Esta etapa permitiu uma análise mais detalhada e a avaliação do rigor metodológico dos estudos por meio do protocolo CASP adaptado, determinando, assim, a amostra final de obras incluídas na apresentação dos resultados da revisão (CASP, 2024).

3.5 AVALIAÇÃO DA QUALIDADE METODOLÓGICA

A avaliação da qualidade e do rigor científico dos estudos selecionados foi conduzida mediante a adaptação dos instrumentos do *Critical Appraisal Skills Programme* (CASP). Este procedimento visou garantir que as evidências sintetizadas nesta revisão sistemática possuísem robustez metodológica, minimizando vieses e assegurando a validade dos achados referentes à aplicação da modelagem preditiva no cenário epidemiológico contemporâneo (CASP, 2024).

Para a qualificação dos artigos, foram estabelecidos quatro eixos fundamentais de análise:

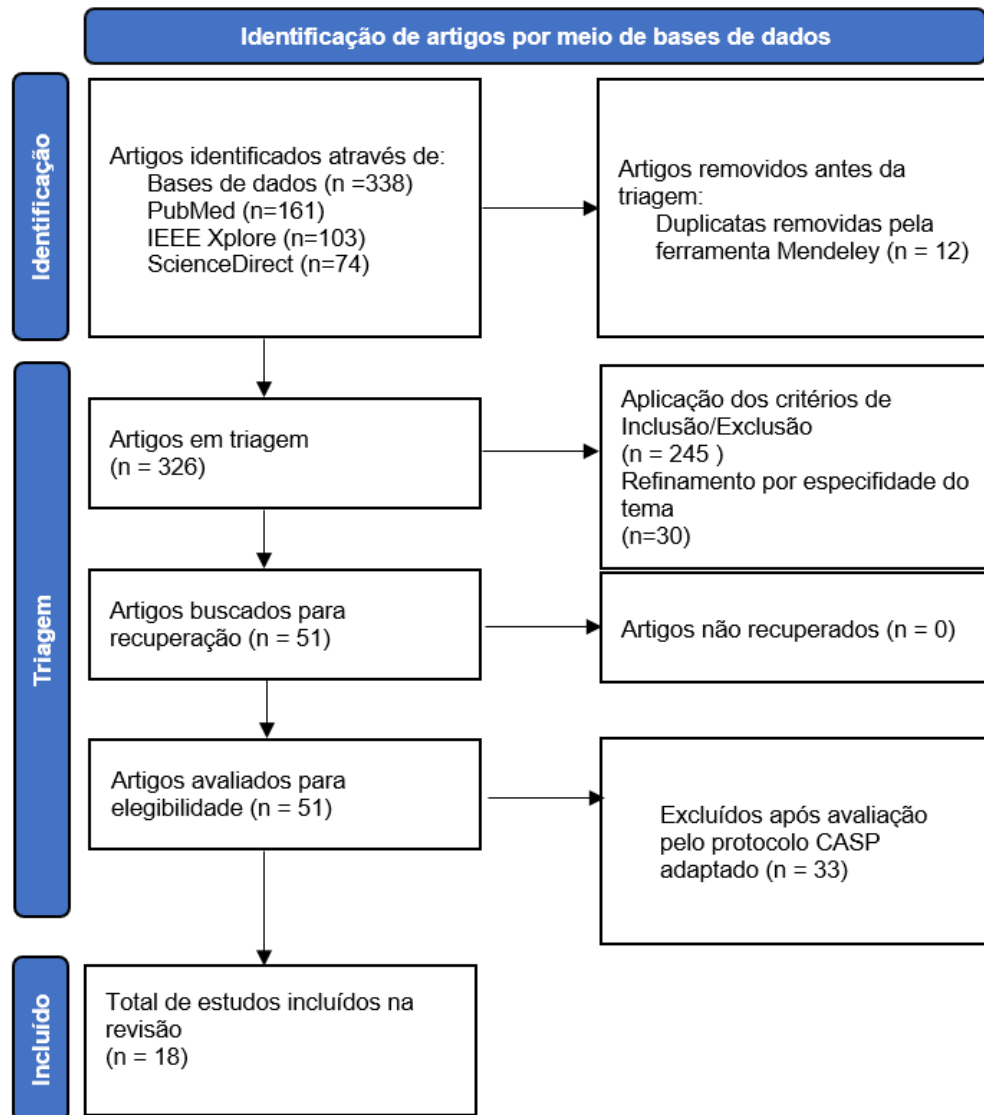
- 1) Clareza do Escopo e Objetivos: Verifica-se se o estudo apresenta uma questão de pesquisa bem delimitada, com objetivos que guardem relação direta com a predição de surtos infecciosos, permitindo a replicabilidade intelectual do propósito da investigação.
- 2) Rigor Tecnológico e Metodológico: Avalia-se o detalhamento da arquitetura computacional proposta. Este critério abrange a descrição dos algoritmos (ex: *Machine Learning*, *Deep Learning*), as estratégias de treinamento, validação e as métricas de desempenho utilizadas (como acurácia, sensibilidade e especificidade), fundamentais para a fidedignidade do modelo preditivo.
- 3) Consistência e Relevância dos Dados: Analisa-se a procedência e a atualidade das bases de dados (epidemiológicas, clínicas ou públicas). Este eixo foca na aplicabilidade prática dos dados ao cenário da saúde pública, observando se a estrutura dos *datasets* é condizente com as necessidades de uma previsão temporal de surtos.
- 4) Discussão Crítica e Limitações: Examina-se a capacidade dos autores em contextualizar os resultados obtidos, confrontando-os com o estado da arte e declarando explicitamente as limitações técnicas e teóricas do modelo proposto.

Após a aplicação desses critérios, os estudos foram triados com base no seu nível de aderência às exigências metodológicas. Como resultado, a matriz final de extração foi composta exclusivamente pelos trabalhos que satisfizeram de forma integral os quatro eixos qualitativos.

4. RESULTADOS

Nesta seção, são apresentados os resultados obtidos por meio da Revisão Sistemática da Literatura (RSL). O processo de triagem e seleção dos estudos é detalhado na Figura 3, que ilustra o fluxo percorrido desde a identificação inicial nas bases de dados até a definição da amostra final, em conformidade com as diretrizes do protocolo PRISMA 2020.

Figura 3- Fluxograma do processo de seleção dos estudos



Fonte: Elaborado pelo autor (2026), adaptado de Page et al. (2021) e Abreu et al. (Trad.).

A seleção dos estudos fundamentou-se no rigor metodológico do protocolo PRISMA 2020, partindo de um levantamento inicial que recuperou 338 publicações nas bases PubMed (161), IEEE Xplore (103) e ScienceDirect (74). Após a

exportação para o gerenciador Mendeley e a exclusão de 12 duplicatas, os 326 registros remanescentes foram submetidos a uma triagem exaustiva de títulos e resumos; nesta etapa, 245 estudos foram descartados por não atenderem aos critérios de inclusão e outros 30 foram removidos por meio de um refinamento técnico posterior voltado à especificidade temática, reduzindo o escopo para 51 publicações com alto potencial de relevância para o estudo.

Na fase de elegibilidade, estes 51 artigos remanescentes foram lidos em sua totalidade e submetidos a uma avaliação crítica de qualidade mediante a aplicação do protocolo CASP (*Critical Appraisal Skills Programme*) adaptado. Este estágio foi fundamental para garantir a fidedignidade dos resultados, levando à exclusão de 33 trabalhos que apresentavam fragilidades metodológicas ou insuficiência na descrição dos processos analíticos. Dessa forma, o fluxo de seleção foi encerrado com a inclusão de 18 estudos que satisfizeram integralmente os critérios de rigor e excelência científica, formando o corpo de evidências definitivo utilizado para a síntese final e extração de dados. O Quadro 6 apresenta os artigos escolhidos ao final do processo, destacando o foco preditivo epidemiológico e a arquitetura de Inteligência Artificial utilizada em cada obra.

Quadro 6 – Síntese dos artigos incluídos na revisão sistemática

ID	Título	Autor, Ano	Foco Preditivo	Arquitetura de IA
A01	A deep learning approach for enhancing pandemic prediction: A retrospective evaluation of transformer neural networks and multi-source data fusion for infectious disease forecasting	<i>Wu et al. (2025)</i>	Previsão de casos e óbitos por Covid-19 (nível municipal).	Redes Neurais Transformers
A02	A framework using large time series model for early warning of infectious diseases	<i>Liu et al. (2026)</i>	Alerta precoce e detecção de tendências anormais de surtos.	Modelos de Séries Temporais (Foundation models)
A03	A reproducible ensemble machine learning approach to forecast dengue outbreaks	<i>Sebastianelli et al. (2024)</i>	Previsão da taxa de incidência de Dengue (1 mês de antecedência).	Ensemble de Machine Learning
A04	Artificial intelligence to predict West Nile virus outbreaks with eco-climatic drivers	<i>Farooq et al. (2022)</i>	Previsão de surtos do Vírus do Nilo Ocidental e identificação de regiões em risco com base em fatores eco-climáticos.	XGBoost e IA Explicável (XAI)
A05	ChatGPT-Assisted Deep Learning Models for	<i>Huang et al. (2025)</i>	Previsão da taxa de positividade para	Deep Learning auxiliado por Large Language Models

	Influenza-Like Illness Prediction in Mainland China: Time Series Analysis		doenças tipo influenza (ILI).	
A06	Dynamic feature selection improves influenza forecasting accuracy and generalization across countries	<i>Liang et al. (2026)</i>	Previsão da atividade e tendências da gripe (1 a 4 semanas de antecedência) com generalização regional.	Modelo adaptativo (SpaceTime, Crossformer e MLP)
A07	Enhancing Infectious Disease Forecasting via Epidemiology-informed Adaptive Spatio-temporal Graph Neural Networks	<i>Xu et al. (2025)</i>	Previsão da transmissão de doenças infecciosas (ex. Covid-19 e gripe) sem necessidade de dados explícitos de mobilidade.	Redes Neurais de Grafos Espaço-Temporais
A08	Evaluating the contribution of weather variables to machine learning forecasts of visceral leishmaniasis in Brazil	<i>Adams et al. (2025)</i>	Previsão mensal de casos e classificação de risco de surtos de Leishmaniose Visceral no Brasil.	Machine Learning com variáveis climáticas
A09	Forecasting tuberculosis in Ethiopia using deep learning: progress toward sustainable development goal evidence from global burden of disease 1990-2021	<i>Tadese et al. (2025)</i>	Previsão da incidência a longo prazo da Tuberculose (com projeções até 2030).	Deep Learning (LSTM e ARIMA-LSTM)
A10	Hierarchical forecasting of COVID-19 cases in Africa using machine learning models	<i>Shoko, Sigauke e Makatjane (2026)</i>	Previsão hierárquica e coerente de casos de Covid-19 em múltiplos níveis (continental, regional e nacional) em África.	Ensemble de Machine Learning (XGBoost e RF)
A11	Hybrid ARIMA-LSTM for COVID-19 forecasting: a comparative AI modeling study	<i>Mahmud et al. (2025)</i>	Previsão de tendências pandêmicas da Covid-19.	Modelo híbrido estatístico-neuronal (ARIMA-LSTM)
A12	Hybrid models combining trend and seasonality components with machine learning algorithms provide	<i>Hussain et al. (2025)</i>	Previsão da incidência de malária impulsionada por fatores e extremos climáticos.	Modelos híbridos temporais com explicabilidade (SHAP)

	accurate forecasting of malaria incidence			
A13	Improving the precision of modeling the incidence of hemorrhagic fever with renal syndrome in mainland China with an ensemble machine learning approach	<i>Ye et al. (2021)</i>	Previsão da incidência mensal da febre hemorrágica com síndrome renal (HFRS) na China continental.	Ensemble de Machine Learning (Model Stacking)
A14	Integrating AI for infectious disease prediction: A hybrid ANN-XGBoost model for leishmaniasis in Pakistan	<i>Niu et al. (2025)</i>	Previsão da incidência de Leishmaniose em distritos de alta densidade endêmica no Paquistão.	Modelo híbrido (ANN-XGBoost)
A15	Integrating machine learning and spatial clustering for malaria case prediction in Brazil's Legal Amazon	<i>Monteiro et al. (2025)</i>	Previsão semanal de casos de malária na Amazônia Legal do Brasil recorrendo a agrupamento espacial (<i>spatial clustering</i>).	Machine e Deep Learning (Random Forest, LSTM, GRU)
A16	Meeting Global Health Needs via Infectious Disease Forecasting: Development of a Reliable Data-Driven Framework	<i>Keshavamurthy et al. (2025)</i>	Previsão de 6 doenças zoonóticas (ex: MERS, brucelose, tularémia) em múltiplas regiões para apoio à decisão operacional.	Modelos em árvore (XGBoost, RF) e Prophet
A17	Physics-informed deep learning for infectious disease forecasting	<i>Qian et al. (2025)</i>	Previsão do número de casos, óbitos e hospitalizações por doenças contagiosas (validado com Covid-19).	Redes Neurais Informadas pela Física (PINNs)
A18	Predictive healthcare modeling for early pandemic assessment leveraging deep auto regressor neural prophet	<i>Dash et al. (2024)</i>	Previsão multivariada de pandemias a curto e longo prazo para facilitar a avaliação precoce (validada com Covid-19).	Neural Prophet e Rede Neural Auto-Regressiva

Fonte: Elaborado pelo autor (2026).

A seguir, as subseções 4.1, 4.2 e 4.3 apresentam a análise dos trabalhos consolidados no Quadro 6, respondendo, respectivamente, às três questões específicas de pesquisa propostas nesta revisão.

4.1 DE QUE MODO AS ARQUITETURAS E MODELOS DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL SE CARACTERIZAM NA MODELAGEM PREDITIVA NA SAÚDE PÚBLICA?

A modelagem de Inteligência Artificial (IA) na saúde pública vai muito além da escolha automatizada de algoritmos; ela exige o desenho de estratégias moldadas para enfrentar a instabilidade dos dados de vigilância. Por isso, os estudos recentes deixam de lado soluções genéricas e apostam em arquiteturas desenhadas sob medida para superar problemas crônicos da área, como a escassez de registros, os atrasos nas notificações oficiais e a dificuldade de fazer com que o modelo funcione com precisão em diferentes territórios (Monteiro et al., 2025; Qian et al., 2025).

Sob essa ótica, a análise das pesquisas mais sólidas revela que a modelagem se divide em três grandes frentes. O primeiro grupo prioriza o aprendizado em conjunto (*Ensemble Learning*) para manter a precisão matemática mesmo quando faltam dados; o segundo baseia-se em redes moldadas por leis biológicas, ancorando as previsões na dinâmica real do contágio; já o terceiro engloba os novos modelos de fundação, que aplicam mecanismos de atenção para rastrear alertas rapidamente (Liu et al., 2026; Qian et al., 2025; Sebastianelli et al., 2024; Wu et al., 2025).

A fim de compreender a fundo o impacto prático de cada paradigma, as próximas seções detalham o uso de algoritmos combinados (4.1.1), a aplicação de leis da física nas redes neurais (4.1.2) e o potencial das novas arquiteturas multimodais (4.1.3).

4.1.1 Paradigma computacional baseado em árvores de aprendizado em conjunto (*ensemble*)

A primeira grande vertente metodológica caracteriza-se pelo emprego de algoritmos baseados em árvores de decisão e técnicas de *Ensemble Learning* (Aprendizagem em Conjunto). Conforme evidenciado por Monteiro et al. (2025), essa abordagem é amplamente utilizada na saúde pública para lidar com dados históricos e variáveis demográficas, especialmente quando os registros clínicos sofrem com ruídos e atrasos nas notificações. A arquitetura computacional baseia-se no princípio de que a combinação preditiva de múltiplos estimadores fracos (*weak learners*) resulta em um modelo final homogêneo de alta robustez. É justamente essa agregação matemática que mitiga o risco de sobreajuste (*overfitting*) e controla a variância inerente às dinâmicas locais e imprevisíveis de transmissão de patógenos (Monteiro et al., 2025; Sebastianelli et al., 2024).

O ápice metodológico deste padrão aplicado a arboviroses é evidenciado por Sebastianelli et al. (2024), cujo estudo obteve papel de destaque nesta revisão sistemática ao modelar a taxa de incidência de dengue (DIR) direcionada à população menor de 19 anos no Brasil. Os autores caracterizam a modelagem preditiva através de um *Ensemble* espaço-temporal reproduzível, demonstrando que a agregação estruturada de múltiplos algoritmos de árvores supera as abordagens estatísticas lineares clássicas ao projetar cenários com um mês de antecedência no nível das 27 Unidades Federativas. O grande diferencial arquitetural dessa abordagem está na capacidade de mapear padrões não lineares complexos e de validar sua transferibilidade geográfica, provando sua eficácia prática ao conservar

uma alta capacidade preditiva mesmo quando levada para o cenário epidemiológico distinto do Peru.

Essa preferência por arquiteturas baseadas em árvores frente a modelos de computação profunda (*Deep Learning*) em determinados contextos de saúde pública é justificada pela estabilidade em dados tabulares de alta volatilidade. No cenário epidemiológico brasileiro, Monteiro *et al.* (2025) corroboram essa premissa ao associarem técnicas de agrupamento espacial (*spatial clustering*) ao algoritmo *Random Forest* para a previsão semanal de malária na Amazônia Legal. A metodologia evidencia que o particionamento territorial inteligente otimiza o comportamento dos estimadores de árvore em áreas endêmicas de alta complexidade ambiental.

A partir dessa abordagem metodológica, a arquitetura demonstrou que, ao segmentar o território epidemiologicamente antes de fornecer os dados ao algoritmo, o modelo baseado em árvores superou redes neurais complexas, como as baseadas em *Long Short-Term Memory* (LSTM) e *Gated Recurrent Unit* (GRU). Os resultados empíricos deste mapeamento territorial comprovaram a superioridade do modelo *Random Forest* em sub-regiões críticas. No *cluster* 02 do Acre, por exemplo, essa arquitetura de árvores alcançou seu menor índice de erro residual, entregando marcas de 0,00203 para o RMSE e 0,00133 para o MAE. Os autores apontam que modelos de *Deep Learning* tendem a memorizar o ruído das séries temporais locais, enquanto o arranjo adaptativo do *Random Forest* mantém uma generalização superior, crucial para o planejamento de contingência nas secretarias de saúde (Monteiro *et al.*, 2025).

Expandindo a aplicação desse paradigma para além dos modelos tradicionais isolados, a literatura documenta o uso de variantes de impulsionamento de gradiente (*Gradient Boosting*) para lidar com a assincronia das notificações governamentais e identificar a contribuição de fatores ecoclimáticos, como demonstrado pelo uso do algoritmo XGBoost acoplado a técnicas de inteligência artificial explicável (XAI) na predição de surtos biológicos (Farooq *et al.*, 2022).

Avançando nesse eixo, o estudo de Ye *et al.* (2021) inova ao propor um arranjo de empilhamento (*Stacking Ensemble*) aplicado ao monitoramento de séries temporais da Febre Hemorrágica com Síndrome Renal (HFRS) na China continental. Nesse modelo composto, as previsões geradas por múltiplos algoritmos de árvores heterogêneos são combinadas por um meta-classificador, provando que o ajuste fino destas arquiteturas confere uma resiliência matemática superior contra dados faltantes (*missing data*), tornando-as ideais para cenários de infraestrutura tecnológica limitada em municípios periféricos.

4.1.2 Paradigma de redes neurais informadas pela física (PINNs) e consistência epidemiológica

A segunda vertente arquitetural representa um marco na Inteligência Artificial aplicada à saúde ao superar a dependência puramente estatística das redes neurais clássicas por meio da integração de princípios biológicos reais em sua estrutura. Historicamente, um dos maiores entraves na aceitação de modelos de Aprendizagem Profunda (*Deep Learning*) por autoridades sanitárias era o comportamento de "caixa-preta", capaz de gerar previsões matematicamente válidas no plano numérico, mas biologicamente impossíveis no plano epidemiológico. Essa fragilidade manifestava-se em picos repentinos semnexo causal ou taxas negativas

de infecção, o que minava a confiabilidade institucional dos sistemas preditivos (Qian et al., 2025).

Para solucionar essa limitação, a literatura recente introduz o conceito de Redes Neurais Informadas pela Física (*Physics-Informed Neural Networks* - PINNs), adaptadas para o contexto das ciências biológicas. O trabalho referencial de Qian et al. (2025) caracteriza esse paradigma de modelagem científica ao integrar equações diferenciais de sistemas dinâmicos — especificamente os modelos compartimentais clássicos da epidemiologia, como o SIR (Suscetível, Infectado, Recuperado) — diretamente na função de perda (*loss function*) da rede neural profunda. Diferente de uma rede convencional que aprende exclusivamente por força bruta a partir de correlações nos dados de treino, a arquitetura PINN assimila simultaneamente a teoria epidemiológica e os dados empíricos observados.

Diante desse cenário, o algoritmo penaliza severamente a rede caso ela tente propor uma trajetória de contágio que viole as leis de transmissão biológica e imunidade de grupo. Do ponto de vista metodológico, os estudos demonstram que essa arquitetura resolve o problema crônico de treinar modelos de IA em cenários de extrema escassez de dados ou surtos provocados por novos agentes patógenos, atuando como um regularizador matemático que impede o sobreajuste e garante previsões biologicamente consistentes e seguras para a tomada de decisão (Qian et al., 2025).

4.1.3 Paradigma de modelos de fundação e arquiteturas generativas multimodais

A terceira tendência contemporânea documentada na literatura afasta-se da obrigatoriedade de treinar modelos customizados do zero para cada cenário ou patologia de forma isolada, consolidando-se mediante a ascensão dos Modelos de Fundação (*Foundation Models*) e de arquiteturas multimodais estruturadas em mecanismos de autoatenção (*Transformers*). Esse paradigma herda os avanços recentes do processamento de linguagem natural e da inteligência artificial generativa, adaptando-os para a detecção precoce de anomalias em séries temporais complexas (Liu et al., 2026; Wu et al., 2025).

Como reflexo dessa transição metodológica, Liu et al. (2026) propõem um arcabouço de alerta precoce de doenças infecciosas fundamentado em grandes modelos preditivos pré-treinados, viabilizado especificamente por meio da arquitetura do *TimeGPT*. A arquitetura rompe com a dependência histórica de vastas séries temporais locais ao explorar o aprendizado por transferência (*zero-shot learning*). Uma vez que o modelo de fundação foi previamente exposto a bilhões de pontos de dados de séries temporais de naturezas diversas, ele adquire uma capacidade intrínseca de identificar tendências anormais de crescimento, como surtos de Influenza e COVID-19, a partir de janelas curtíssimas de dados epidemiológicos em tempo real de apenas 7 dias. Esta característica confere à arquitetura uma velocidade de resposta crítica no gerenciamento de crises sanitárias nascentes.

Paralelamente à consolidação dos modelos de larga escala, a literatura ressalta que essas arquiteturas avançadas se caracterizam diretamente por sua capacidade de operar a fusão de dados multimodais heterogêneos. Wu et al. (2025) materializam essa propriedade ao desenvolverem uma arquitetura baseada em *Transformers* integrada ao modelo de linguagem BERT. Na prática, o grande diferencial metodológico dessa integração reside na competência do modelo em

processar e cruzar, sob o mesmo mecanismo de atenção contextual, duas matrizes de dados de naturezas opostas: as métricas clínicas estruturadas de saúde pública e os rastros não estruturados de sentimentos presentes nas redes sociais. Como resultado, a arquitetura demonstra que as dinâmicas de infecção estão diretamente conectadas ao comportamento humano digital. Os mecanismos do modelo conseguem interpretar essas relações complexas de forma muito eficaz, garantindo uma taxa de erro preditivo bem menor do que a dos modelos convencionais mais simples (Wu et al., 2025).

Expandindo o uso de inteligência artificial generativa e processamento de linguagem natural dentro deste paradigma, a literatura demonstra a viabilidade de integrar grandes modelos de linguagem diretamente no suporte à previsão epidemiológica. Nesse cenário, Huang et al. (2025) introduzem uma abordagem inovadora ao utilizarem modelos de *Deep Learning* auxiliados pela arquitetura do ChatGPT para a previsão de séries temporais da taxa de positividade de doenças tipo influenza (ILI) na China continental. Esse arranjo comprova que a imensa capacidade de abstração e processamento de dados das redes de fundação atua como um poderoso extrator de recursos contextuais, otimizando de forma significativa a acurácia dos modelos profundos tradicionais frente a dados sazonais voláteis.

Para concluir este eixo de análise agregando a dimensão espacial e a conectividade geográfica urbana, Xu et al. (2025) propõem as Redes Neurais de Grafos Espaço-Temporais Adaptativas (EAST-GNN). Nessa abordagem, a propagação da epidemia é calculada seguindo a rotina de transporte da população. O modelo funciona como uma teia de cidades interligadas pelo fluxo constante de moradores que se deslocam todos os dias. Em conjunto, essas arquiteturas provam que a evolução de um surto contemporâneo reflete diretamente as conexões da sociedade moderna, um cenário onde o aprendizado profundo se destaca ao transformar essas interações em matrizes matemáticas inteligentes para prever a rota do contágio.

4.2 COMO SE VALIDAM A EFICÁCIA E A CONFIABILIDADE DOS RESULTADOS PREDITIVOS?

A validação dos sistemas de Inteligência Artificial na saúde contemporânea deixou de ser uma mera contagem de acertos para se estruturar como um estrito processo de auditoria estatística. No campo da modelagem de séries temporais — cujo objetivo principal é prever a quantidade total de novos casos ou internações —, Mahmud et al. (2025) e Liang et al. (2026) apontam essa tendência ao mostrar que a avaliação de modelos complexos usados para monitorar doenças transmissíveis baseia-se em métricas de erro já consolidadas. Desse modo, o refinamento algorítmico passa a ser avaliado pela redução sistemática do Erro Quadrático Médio (*Root Mean Squared Error* - RMSE) e do Erro Absoluto Médio (*Mean Absolute Error* - MAE), indicadores fundamentais para mapear a magnitude dos erros residuais nas projeções de crises sanitárias.

Sob essa perspectiva de auditoria métrica, o estudo de Mahmud et al. (2025) avaliou o comportamento preditivo da COVID-19 ao propor um arranjo híbrido que integra a estabilidade da modelagem linear clássica do ARIMA com a capacidade da rede neural *Long Short-Term Memory* (LSTM) de capturar dependências não lineares de longo prazo. O protocolo de validação apoiou-se em um design comparativo direto, demonstrando que essa hibridização obteve uma redução

drástica nas taxas de erro (RMSE e MAE) quando confrontada com preditores puramente isolados. Essa arquitetura consolidou-se como um mecanismo de alta precisão operacional, capaz de absorver tanto as tendências históricas de estabilidade quanto as explosões abruptas de contaminação.

Alinhado a essa estratégia de hibridização estatístico-neuronal para assegurar a consistência em horizontes temporais alargados, o estudo de (Niu et al., 2025; Ye et al., 2021) também validou a associação entre a modelagem linear clássica do ARIMA e a rede profunda LSTM para prever a incidência de Tuberculose na Etiópia. Ao estender as projeções epidemiológicas de forma robusta até o ano de 2030, a investigação demonstra que a união entre o componente autorregressivo estatístico e a capacidade de memorização de longo prazo da rede neural mitiga a degradação e o efeito cascata dos erros em previsões de múltiplos passos, fornecendo subsídios estáveis para o planejamento de metas globais de saúde pública.

A busca por estabilização preditiva em janelas temporais alargadas e o controle do efeito cascata em previsões de múltiplos passos (*multi-step forecasting*) norteiam a validação de modelos autorregressivos profundos. Para neutralizar a acumulação de desvios perante dados ruidosos, Dash et al. (2024) avaliaram o modelo *Deep-AR-Net* através do Erro Escalonado Absoluto Médio (MASE). Os resultados empíricos evidenciaram uma redução global do MASE de 60,36% face ao algoritmo tradicional, o que se traduziu numa diminuição média do erro de previsão de 49,21% a curto prazo e de 46,07% a longo prazo. A capacidade de manter o erro sob limiares estritamente controlados comprovou a superioridade estatística da rede multivariada sobre os modelos de base, consolidando sua utilidade prática e confiabilidade no planejamento de respostas a grandes epidemias.

Por outro lado, quando o foco da vigilância se desloca da previsão volumétrica e vai para o mapeamento de riscos e alertas precoces, a validação deixa a regressão de lado e passa a focar em categorias de classificação. O estudo de Farooq et al. (2022) ilustra perfeitamente esse paradigma ao focar na predição de surtos do Vírus do Nilo Ocidental com base em dados de anomalias eco-climáticas utilizando o algoritmo XGBoost. A eficácia classificatória do modelo foi rigorosamente validada através do cálculo da Área Sob a Curva Característica de Operação do Receptor (*Area Under the Receiver Operating Characteristic Curve* - ROC-AUC), alcançando escores de corte excepcionalmente robustos situados entre 0,93 e 0,97. Estatisticamente, essa métrica comprovou a alta capacidade da Inteligência Artificial em detectar os casos reais de transmissão nas áreas mapeadas, reduzindo falsos alarmes que poderiam esgotar os recursos financeiros da saúde local.

Adicionalmente, a literatura aponta que a validação de modelos aplicados a territórios de grande escala precisa enfrentar o desafio da consistência administrativa, impedindo que previsões locais isoladas entrem em colapso aritmético com os dados macroscópicos. Para resolver essa vulnerabilidade estrutural, Shoko, Sigauke e Makatjane (2026) introduziram o conceito de previsão hierárquica aplicada ao monitoramento da COVID-19 no continente africano, utilizando um modelo de *Ensemble* composto por *Random Forest* e XGBoost. A validação desse arranjo foi conduzida sob uma restrição de coerência matemática síncrona, avaliando simultaneamente o comportamento das métricas de erro (MAE, RMSE e MAPE) em três níveis territoriais distintos: continental, regional e nacional. Ao assegurar matematicamente que a soma das previsões em menor escala convergia exatamente com os totais federais, os autores asseguraram uma

coordenação logística integrada e sem distorções operacionais entre os níveis de governo.

Nesse sentido, a validação de um modelo preditivo exige superar o risco de sobreajuste (*overfitting*) e comprovar que ele funciona com dados diferentes daqueles usados em seu treinamento original. Ilustrando o rigor dessa exigência metodológica, a eficácia de um *Ensemble Machine Learning* para prever a incidência de dengue foi atestada por Sebastianelli et al. (2024) por meio de testes exaustivos de transferibilidade espacial. Ao expor o algoritmo a bases de dados geográficas e janelas temporais independentes, os autores demonstraram que o modelo mantinha sua capacidade preditiva com um mês de antecedência de forma uniforme nas 27 unidades federativas do Brasil e retinha sua precisão ao ser transferido para o cenário endêmico do Peru.

Alinhado a essa meta de reprodutibilidade internacional, o modelo *AdaFluDR*, desenvolvido por Liang et al. (2026) para o monitoramento de síndromes respiratórias (*influenza*), consolidou a viabilidade dessa generalização transfronteiriça. Submetido a testes rigorosos em países de realidades climáticas e estruturais distintas, o algoritmo alcançou coeficientes de determinação extremamente elevados em horizontes preditivos de uma semana, exibindo um R^2 de 0,9722 no Canadá, 0,9786 nos Estados Unidos e 0,9428 em Portugal, o que valida em escala global a resiliência de abordagens baseadas em seleção dinâmica de recursos contra vieses locais de superajuste.

Ainda que a robustez estatística e a transferibilidade sejam atestadas, a literatura evidencia que a validação definitiva de um modelo exige a superação de sua opacidade algorítmica. É nesse contexto que a Inteligência Artificial Explicável (*Explainable AI* - XAI) atua como o mecanismo de auditoria final, e garante que as previsões sejam interpretáveis para os gestores de saúde. Sob essa ótica, Farooq et al. (2022) acoplaram a tecnologia dos valores SHAP (*Shapley Additive exPlanations*) ao modelo XGBoost para mapear os gatilhos ambientais do Vírus do Nilo Ocidental. A extração desses valores validou a lógica do algoritmo ao decompor a contribuição exata de cada indicador eco-climático na composição do risco final de surto. Ao unir a precisão dos cálculos estatísticos à transparência biológica, essas arquiteturas deixam de ser meras caixas de processamento e assumem o papel de instrumentos auditáveis e seguros para a tomada de decisão na saúde pública.

4.3 COMO FATORES ECO-CLIMÁTICOS E A INTERPRETABILIDADE DOS MODELOS GUIAM A DECISÃO EPIDEMIOLÓGICA?

A união de variáveis do clima com os algoritmos de IA tornou-se fundamental na previsão de doenças transmitidas por vetores, rompendo a necessidade de usar apenas dados hospitalares. Documentando essa transição metodológica, Adams et al. (2025) avaliaram a contribuição direta de variáveis climáticas em modelos de aprendizado de máquina destinados à previsão e à classificação de risco da Leishmaniose Visceral no Brasil. Ao invés de tratar o clima como um dado secundário, os autores demonstraram que a inserção de métricas de temperatura e precipitação confere aos algoritmos a capacidade de mapear matematicamente o ciclo ecológico de reprodução do vetor transmissor.

Fortalecendo essa premissa, Hussain et al. (2025) comprovaram que a alimentação de redes neurais híbridas com dados sobre extremos climáticos e tendências de sazonalidade permite antecipar as complexas flutuações da malária. Essa abordagem evidencia que as variáveis meteorológicas funcionam como

gatilhos biológicos antecipados, garantindo às predições uma janela de oportunidade vital para a mobilização governamental prévia de recursos sanitários.

No entanto, para que essa modelagem ambiental funcione na prática, os sistemas precisam ser adaptados à geografia e à realidade das doenças em cada região. Explorando essa necessidade de calibração regional, Niu et al. (2025) propuseram um modelo híbrido ANN-XGBoost voltado para a previsão da leishmaniose em distritos de alta densidade no Paquistão, demonstrando empiricamente nos territórios endêmicos de Bannu, Karak, Lakki Marwat e Dera Ismail Khan que a hibridização das redes supera amplamente os preditores genéricos ao processar padrões sazonais hiperlocalizados.

De forma análoga, no mapeamento da febre hemorrágica com síndrome renal na China continental, Ye et al. (2021) aplicaram uma abordagem de Ensemble Machine Learning para capturar a dinâmica espaço-temporal específica da região. A convergência destas investigações atesta que o cruzamento do histórico de doenças com as características climáticas locais impede que análises muito amplas gerem previsões erradas, fornecendo, assim, às autoridades uma base preditiva blindada contra anomalias ambientais regionais (Niu et al., 2025; Ye et al., 2021)

Apesar da elevação contínua nos índices de precisão estatística, a complexidade matemática advinda dessas múltiplas camadas de dados ambientais gerou um novo gargalo na governança em saúde: a hesitação dos gestores em basear ações de saúde em modelos computacionais pouco transparentes. Para solucionar essa lacuna de confiança empírica, a Inteligência Artificial Explicável (*Explainable AI* - XAI) deixa de ser um mero recurso acessório e assume o papel central de guiar a decisão epidemiológica. O estudo de Keshavamurthy et al. (2025) aborda cirurgicamente esse paradigma ao desenvolver um framework para a previsão de múltiplas zoonoses que acopla algoritmos baseados em árvores (como XGBoost e Random Forest) aos valores preditivos SHAP (*Shapley Additive exPlanations*). A aplicação rigorosa dessa técnica visa reverter o estigma de "caixa-preta" das redes de aprendizado profundo, permitindo que as métricas de saída sejam auditadas e validadas cientificamente por comitês humanos antes da implementação de qualquer intervenção governamental.

O passo mais importante para aplicar essa interpretabilidade na prática materializa-se na transformação dos cálculos complexos do SHAP em painéis visuais dinâmicos (*dashboards*). A partir da estrutura desenvolvida por Keshavamurthy et al. (2025), constata-se que essa tecnologia supera a mera extração de dados estáticos ao criar painéis interativos, que decodificam em tempo real a influência exata de cada variável climática na previsão de um surto iminente. Ao traduzir coeficientes matemáticos complexos em gráficos de correlação de fácil assimilação clínica, esses painéis empoderam médicos e epidemiologistas a justificarem administrativamente e legalmente a decretação de emergências sanitárias. Dessa forma, a explicabilidade atua como a ponte definitiva entre o rigor da computação algorítmica de ponta e as estritas exigências burocráticas e éticas da administração pública contemporânea.

Por fim, o desenho de uma estratégia de controle realmente eficaz exige que a clareza sobre o impacto dos fatores climáticos venha acompanhada pelo entendimento geográfico de como a doença se espalha pelo espaço urbano. Enfrentando o desafio crônico da escassez de dados precisos de mobilidade populacional, Xu et al. (2025) introduziram as Redes Neurais de Grafos Espaço-Temporais Adaptativas, uma vanguarda arquitetural capaz de inferir as rotas

invisíveis de transmissão baseando-se unicamente nas conexões indiretas apreendidas pela rede.

Ao unir esse mapeamento espacial inteligente à precisão climática e à transparência dos painéis visuais, a literatura atual demonstra que os modelos preditivos foram muito além da mera estimativa de casos futuros. Com isso, as ferramentas modernas consolidam-se como sistemas de análise completos, capazes de guiar decisões em saúde que conseguem se antecipar aos efeitos do clima, agir de forma cirúrgica no território e ser totalmente justificáveis perante a sociedade.

5. CONCLUSÃO

Esta revisão sistemática evidenciou que a aplicação de modelos preditivos baseados em Inteligência Artificial para o monitoramento de surtos infecciosos transcendeu a fase de experimentação acadêmica, consolidando-se como um pilar estratégico da vigilância epidemiológica contemporânea. A análise dos estudos selecionados demonstra que o avanço na capacidade de predição decorre da integração sinérgica entre diferentes arquiteturas: desde a robustez estatística dos modelos de *Machine Learning* clássicos e *ensembles*, até a alta capacidade de processamento espacial e temporal dos Modelos de Fundação e Redes Neurais de Grafos (GNNs). Ficou claro que, para além da precisão técnica, a eficácia do sistema está intrinsecamente ligada à integração de determinantes ambientais e à análise do fluxo humano em redes de transporte.

No que tange à validação desses sistemas, a pesquisa reforçou que o rigor metodológico é o elo indispensável entre a tecnologia e a confiança pública. A combinação de métricas de desempenho voltadas à regressão com indicadores de classificação global, como a área sob a curva ROC (ROC-AUC), permite que os gestores identifiquem com clareza a acurácia dos alertas de risco. Observou-se que a estabilidade desses indicadores é o que garante a redução de alarmes falsos, permitindo que a administração pública atue de forma preventiva e cirúrgica.

A incorporação dessas tecnologias na esfera pública exige, contudo, um novo paradigma de governança, no qual a competência técnica da equipe de TI dialogue constantemente com a experiência de campo do profissional de saúde. A transição de sistemas passivos de notificação para modelos de predição em tempo real implica que a tecnologia não substitui o julgamento humano, mas o potencializa. Desta forma, a eficiência da gestão sanitária passa a ser medida não apenas pela rapidez com que se reage a uma epidemia já instalada, mas pela capacidade institucional de processar dados, antecipar cenários e mitigar riscos antes que o sistema de atendimento atinja o seu ponto de saturação.

Adicionalmente, a presente revisão destaca que a implementação de IA na saúde coletiva enfrenta o desafio da resistência cultural e da necessidade de capacitação técnica. A literatura aponta que a adoção sustentável destas ferramentas depende da criação de infraestruturas de dados interoperáveis e de fluxos de trabalho que integrem a predição algorítmica ao cotidiano das unidades de vigilância. Ao consolidar as evidências sobre a viabilidade destas arquiteturas, este trabalho reafirma que a tecnologia deve servir como uma extensão do planejamento estratégico estatal, garantindo que a inovação seja, antes de tudo, um instrumento acessível e compreensível para quem opera na ponta do sistema.

Por fim, a inovação fundamental identificada nesta revisão reside na convergência entre a predição e a Inteligência Artificial Explicável (XAI). A utilização de ferramentas como os valores SHAP, que decompõem os resultados da

"caixa-preta" em evidências visuais, confere a segurança jurídica necessária para que gestores tomem decisões drásticas amparados por uma prova técnica transparente. Ao desmistificar o funcionamento interno dos modelos, a XAI mitiga a opacidade algorítmica e promove uma gestão sanitária mais segura, ágil e centrada na proteção antecipada da sociedade, deixando como caminho para estudos futuros a transposição destes modelos para plataformas de tempo real que mantenham a transparência como requisito inegociável da gestão pública.

REFERÊNCIAS

- ADAMS, Q. H. et al. Evaluating the contribution of weather variables to machine learning forecasts of visceral leishmaniasis in Brazil. **Environmental Research: Health**, IOP Publishing, v. 3, p. 045012, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1088/2752-5309/ae1ce2>. Acesso em: 05 mai. 2026.
- CASTILLO ESTRADA, M. R. et al. Evaluation of Several Error Measures Applied to the Sales Forecast System of Chemicals Supply Enterprises. **International Journal of Business Administration**, Sciedu Press, v. 11, n. 4, p. 39-51, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.5430/ijba.v11n4p39>. Acesso em: 09 jun. 2026.
- CHEN, X.; MORAGA, P. Dengue forecasting and outbreak detection in Brazil using LSTM: integrating human mobility and climate factors. **Infectious Disease Modelling**, v. 11, p. 338-354, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.idm.2025.11.002>. Acesso em: 10 jun. 2026.
- CRITICAL APPRAISAL SKILLS PROGRAMME. **CASP Checklist: for clinical prediction rule**. Oxford: CASP, 2024. Disponível em: <https://casp-uk.net/casp-tools-checklists/clinical-prediction-rule-checklist/>. Acesso em: 22 abr. 2026.
- DASH, S. *et al.* Predictive healthcare modeling for early pandemic assessment leveraging deep auto regressor neural prophet. **Scientific Reports**, [S. l.], v. 14, n. 5287, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-55973-y>. Acesso em: 06 mai. 2026.
- ELSEVIER. **Mendeley**: reference management software. Versão 2.119.0. Amsterdã: Elsevier, 2026. Disponível em: <https://www.mendeley.com>. Acesso em: 20 abr. 2026.
- FAROOQ, Z. et al. Artificial intelligence to predict West Nile virus outbreaks with eco-climatic drivers. **Lancet Regional Health - Europe**, v. 17, p. 100370, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2022.100370>. Acesso em: 05 mai. 2026.
- GREENE, S. K. et al. Nowcasting for Real-Time COVID-19 Tracking in New York City: An Evaluation Using Reportable Disease Data From Early in the Pandemic. **JMIR Public Health and Surveillance**, v. 7, n. 1, p. e25538, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.2196/25538>. Acesso em: 10 jun. 2026.
- HUANG, W. et al. ChatGPT-Assisted Deep Learning Models for Influenza-Like Illness Prediction in Mainland China: Time Series Analysis. **Journal of Medical Internet Research**, v. 27, p. e74423, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.2196/74423>. Acesso em: 05 mai. 2026.
- HUSSAIN, S. S. A. et al. Hybrid models combining trend and seasonality components with machine learning algorithms provide accurate forecasting of malaria incidence. **PLOS Global Public Health**, PLOS, v. 5, n. 10, p. e0004500, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pgph.0004500>. Acesso em: 06 mai. 2026.

KALAHASTI, S. et al. Foundation models for time series forecasting and policy evaluation in infectious disease epidemics. **Epidemics**, Elsevier, v. 55, p. 100916, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2026.100916>. Acesso em: 08 jun. 2026.

KESHAVAMURTHY, R. et al. Meeting Global Health Needs via Infectious Disease Forecasting: Development of a Reliable Data-Driven Framework. **JMIR Public Health and Surveillance**, JMIR, v. 11, p. e59971, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.2196/59971>. Acesso em: 06 mai. 2026.

KHURANA, M. P. et al. Global approaches to infectious disease surveillance and modeling. **Nature Medicine**, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41591-026-04351-4>. Acesso em: 10 jun. 2026.

LIANG, J. et al. Dynamic feature selection improves influenza forecasting accuracy and generalization across countries. **Journal of Advanced Research**, [S. l.], 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jare.2026.04.009>. Acesso em: 05 mai. 2026.

LIU, Y. et al. A framework using large time series model for early warning of infectious diseases. **Infectious Disease Modelling**, v. 11, p. 107-120, 2026. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468042725000879>. Acesso em: 05 mai. 2026.

LIU, Z.; WAN, G.; LAU, M. S. Y. A Review of Graph Neural Networks in Epidemic Modeling. **ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining**, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1145/3637528.3671455>. Acesso em: 08 jun. 2026.

LOH, H. W. et al. Application of Explainable Artificial Intelligence for Healthcare: A Systematic Review of the Last Decade (2011-2022). **Computer Methods and Programs in Biomedicine**, v. 226, p. 107161, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2022.107161>. Acesso em: 11 jun. 2026.

MAHMUD, A. et al. Hybrid ARIMA-LSTM for COVID-19 forecasting: a comparative AI modeling study. **PeerJ Computer Science**, v. 11, p. e3195, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.3195>. Acesso em: 06 mai. 2026.

MARQUES, F. A barreira do idioma na comunicação científica. **Revista Pesquisa FAPESP**, ed. 333, nov. 2023. Disponível em: <https://revistapesquisa.fapesp.br/a-barreira-do-idioma-na-comunicacao-cientifica/>. Acesso em: 20 abr. 2026.

MENDES, V. I. S. et al. Harnessing artificial intelligence for enhanced public health surveillance: a narrative review. **Frontiers in Public Health**, v. 13, p. 1601151, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1601151>. Acesso em: 10 jun. 2026.

MENG, D.; XU, J.; ZHAO, J. Analysis and prediction of hand, foot and mouth disease incidence in China using Random Forest and XGBoost. **PLOS ONE**, PLOS, v. 16, n. 12, p. e0261629, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0261629>. Acesso em: 08 jun. 2026.

MONTEIRO, K. H. C. et al. Integrating machine learning and spatial clustering for malaria case prediction in Brazil's Legal Amazon. **BMC Infectious Diseases**, v. 25, p. 802, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12879-025-11193-x>. Acesso em: 06 mai. 2026.

NIU, B. *et al.* Integrating AI for infectious disease prediction: A hybrid ANN-XGBoost model for leishmaniasis in Pakistan. **Acta Tropica**, Elsevier, v. 266, p. 107628, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2025.107628>. Acesso em: 06 mai. 2026.

OLALERE, S. O.; UZU-OKOH, J. E. Artificial Intelligence-Driven Epidemiological Surveillance for Early Detection of Emerging Infectious Diseases and National Health Security. **International Journal of Medical and All Body Health Research**, v. 6, n. 2, p. 155-164, 2025. Disponível em: <https://www.allmedicaljournal.com/article/428/artificial-intelligence-driven-epidemiological-surveillance-for-early-detection-of-emerging>. Acesso em: 10 jun. 2026.

ONO, S.; GOTO, T. Introduction to supervised machine learning in clinical epidemiology. **Annals of Clinical Epidemiology**, v. 4, n. 3, p. 63-71, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.37737/ace.22009>. Acesso em: 02 jun. 2026.

PAGE, M. J. et al. PRISMA 2020 explanation and elaboration: updated guidance and exemplars for reporting systematic reviews. **BMJ**, v. 372, n. 160, p. 1-36, mar. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1136/bmj.n160>. Acesso em: 11 abr. 2026.

PANJA, M. et al. Zero-shot forecasting of epidemics. **OpenReview**, 2025. Disponível em: <https://openreview.net/forum?id=h5EIB4guAd>. Acesso em: 08 jun. 2026.

PANTELI, D. et al. Artificial intelligence in public health: promises, challenges, and an agenda for policy makers and public health institutions. **Lancet Public Health**, v. 10, n. 5, p. e428-e432, 2025. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(25\)00036-2](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(25)00036-2). Acesso em: 11 jun. 2026.

QIAN, Y. et al. Physics-informed deep learning for infectious disease forecasting. **arXiv preprint**, arXiv, 2025. Disponível em: <https://arxiv.org/abs/2501.09298>. Acesso em: 06 mai. 2026.

RICHARDSON, E. et al. The receiver operating characteristic curve accurately assesses imbalanced datasets. **Patterns**, v. 5, n. 6, art. 100994, p. 1-12, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.patter.2024.100994>. Acesso em: 09 jun. 2026.

SEBASTIANELLI, A. et al. A reproducible ensemble machine learning approach to forecast dengue outbreaks. **Scientific Reports**, Nature, v. 14, p. 3452, 2024.

Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-52796-9>. Acesso em: 07 mai. 2026.

SHIDDIK, M. A. B. Explainable Artificial Intelligence in Healthcare: Current Landscape, Challenges, and Future Directions. **Health Science Reports**, Wiley, v. 9, n. 3, e72172, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/hsr.72172>. Acesso em: 11 jun. 2026.

SHOKO, C.; SIGAUKE, C.; MAKATJANE, K. Hierarchical forecasting of COVID-19 cases in Africa using machine learning models. **Frontiers in Epidemiology**, Frontiers, v. 6, p. 1696282, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fepid.2026.1696282>. Acesso em: 06 mai. 2026.

TADESE, Z. B. et al. Forecasting tuberculosis in Ethiopia using deep learning: progress toward sustainable development goal evidence from global burden of disease 1990-2021. **BMC Infectious Diseases**, v. 25, p. 870, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12879-025-11228-3>. Acesso em: 06 mai. 2026.

WIEMKEN, T. L.; KELLEY, R. R. Machine Learning in Epidemiology and Health Outcomes Research. **Annual Review of Public Health**, v. 41, p. 21-36, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev-publhealth-040119-094437>. Acesso em: 02 jun. 2026.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Ethics and governance of artificial intelligence for health**: WHO guidance. Geneva: World Health Organization, 2021. 150 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240029200>. Acesso em: 09 jun. 2026.

WU, J. et al. A deep learning approach for enhancing pandemic prediction: A retrospective evaluation of transformer neural networks and multi-source data fusion for infectious disease forecasting. **Epidemics**, Elsevier, v. 53, p. 100865, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2025.100865>. Acesso em: 05 mai. 2026.

XU, M. et al. Enhancing Infectious Disease Forecasting via Epidemiology-informed Adaptive Spatio-temporal Graph Neural Networks. In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIOINFORMATICS AND BIOMEDICINE (BIBM), 2025. **Anais...** IEEE, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1109/BIBM66473.2025.11356232>. Acesso em: 05 mai. 2026.

YE, G.-H. et al. Improving the precision of modeling the incidence of hemorrhagic fever with renal syndrome in mainland China with an ensemble machine learning approach. **PLOS ONE**, PLOS, v. 16, n. 3, p. e0248597, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248597>. Acesso em: 06 mai. 2026.

ZHANG, Z. et al. HierarNet: Independent Interactive Hierarchical Disease Outbreak Forecasting. **Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence**, v. 39, n. 22, p. 41315, 2026. Disponível em: <https://ojs.aaai.org/index.php/AAAI/article/view/41315>. Acesso em: 10 jun. 2026.