



Ministério da Educação
Secretaria de Educação Profissional e Tecnológica
Instituto Federal Catarinense
Campus Rio do Sul

MUNYQUE MITTELMANN

**PREVISÃO DE CASOS DE DENGUE POR MEIO DE REDES NEURAIIS
ARTIFICIAIS**

Rio do Sul

2016

MUNYQUE MITTELMANN

**PREVISÃO DE CASOS DE DENGUE POR MEIO DE REDES NEURAIIS
ARTIFICIAIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de graduação em Ciência da Computação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense – Campus Rio do Sul para a obtenção do título de bacharel em Ciência da Computação.

Orientador: Prof. Daniel Gomes Soares, Msc.

Rio do Sul

2016

MUNYQUE MITTELMANN

**PREVISÃO DE CASOS DE DENGUE POR MEIO DE REDES NEURAIIS
ARTIFICIAIS**

Este Trabalho de Curso foi julgado adequado para a obtenção do título de Bacharel em Ciência da Computação e aprovado em sua forma final pelo curso de Ciência da Computação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense – Campus Rio do Sul.

Rio do Sul (SC), 23 de novembro de 2016

Prof. e Orientador Daniel Gomes Soares, Msc.

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense – Campus Rio do Sul

BANCA EXAMINADORA

Prof. Juliano Tonizetti Brignoli, Dr.

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense – Campus Rio do Sul

Prof. André Alessandro Stein, Msc.

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense – Campus Rio do Sul

AGRADECIMENTOS

À minha família, pelo apoio e compreensão.

Ao meu namorado Tércio, pelo carinho, paciência e companheirismo.

Ao meu orientador, professor Daniel Gomes Soares, pelo empenho dedicado à elaboração deste trabalho.

A todos os professores que me acompanharam durante a graduação, em especial aos professores Juliano Tonizetti Brignoli, Rodrigo Curvêllo, Fábio Alexandrini e André Alessandro Stein.

RESUMO

A dengue é uma doença transmitida pela picada de mosquitos do gênero *Aedes*. Apesar de ser um problema de saúde pública mundial, países tropicais, como o Brasil, são os mais atingidos por esta enfermidade. Devido à falta de medicamentos antivirais específicos e vacinas preventivas, é essencial prover informações adequadas aos órgãos públicos e à comunidade. Neste cenário, um alerta precoce de surtos de dengue possibilitaria a tomada de ações preventivas para um efetivo controle da doença, melhorando a eficiência das campanhas de controle dos vetores e permitindo mobilização de recursos humanos e materiais. Ao possibilitar a tomada de ações preventivas para um controle efetivo da doença, a previsão da incidência da dengue adquire um papel social indispensável. Dentre as técnicas que podem ser utilizadas na elaboração de modelos de previsão, incluem-se as Redes Neurais Artificiais (RNAs). RNAs são modelos computacionais inspirados no sistema nervoso de seres vivos. O propósito deste trabalho é desenvolver um modelo de previsão de casos de dengue para os municípios de Itajaí (Santa Catarina) e Guarulhos (São Paulo) por meio da técnica de RNAs. Neste trabalho, é comparada a utilização de duas arquiteturas distintas de RNAs, as redes Perceptron Multicamadas e as Redes Neurais Auto-Regressivas com Entradas Exógenas. Para que os objetivos do trabalho sejam atingidos, inicialmente foi realizada uma revisão sistemática da literatura de modo a identificar os modelos que têm sido utilizados para previsão de incidência de dengue, as variáveis utilizadas nestes modelos e o horizonte de previsão. Posteriormente, foi realizada a modelagem e treinamento das redes com diversas configurações de variáveis de entrada e parâmetros iniciais. O desempenho das redes modeladas foi analisado por meio de índices estatísticos e gráficos. Os resultados mostram que é possível realizar a previsão de casos de dengue nas áreas de estudo, com erro e antecedência aceitáveis, utilizando-se RNAs e tendo como entrada informações meteorológicas e dados quantitativos da dengue.

Palavras-chave: Previsão de Dengue. Redes Neurais Artificiais. Inteligência Artificial.

ABSTRACT

Dengue is a disease transmitted by *Aedes* mosquitoes. This disease is a worldwide public health problem, however tropical countries, including Brazil, are the most affected. It is essential to provide adequate information to the public and community agencies, since there are no specific antiviral medicines and preventive vaccines. In this scenario, an early warning of dengue outbreaks would allow taking preventive measures for effective control of the disease, improving the efficiency of control campaigns vectors and enabling mobilization of human and material resources. Several time series forecasting techniques can be applied in predicting cases of dengue, including Artificial Neural Networks (ANNs). ANNs are computational models inspired by the nervous system of living beings. This research aims to develop a forecasting model of dengue cases to Itajaí (Santa Catarina) and Guarulhos (São Paulo) using ANNs. In this paper, dengue prediction is compared with the use of two distinct architectures ANNs: Multilayer Perceptron and Nonlinear Autoregressive Exogenous Neural Network. In order to achieve the objectives of the study, a systematic review of the literature was carried out to identify the models that have been used to predict dengue incidence, the variables used in these models and the forecast horizon. Later, modeling and training of the networks with several configurations of input variables and initial parameters was performed. The performance of the modeled networks was analyzed through statistical and graphical indexes. The results show that it is possible to forecast dengue cases in the study areas, with acceptable errors, using RNAs and as input weather information and quantitative dengue data.

Keywords: Forecasting Dengue. Artificial Neural Networks. Artificial Intelligence.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – A evolução clínica da dengue	23
Figura 2 - Ciclo evolutivo do <i>Aedes aegypti</i>	24
Figura 3 - Ciclo de infecção no mosquito <i>Aedes</i> e no ser humano.....	25
Figura 4 - Países/áreas com risco de dengue, 2011.	27
Figura 5 - Distribuição dos casos de dengue no Brasil em 2015.....	29
Figura 6 - Neurônio em um sistema biológico vivo	36
Figura 7 - Representação de um neurônio artificial	37
Figura 8 - Paradigmas de aprendizado de RNAs.....	40
Figura 9 - Rede MLP com duas camadas intermediárias	42
Figura 10 - Fases de treinamento de uma rede MLP.....	43
Figura 11 - Rede NARX.....	46
Figura 12 - Rede NARX com arquiteturas paralela e série-paralela	47
Figura 13 - Estrutura de RNA proposta para previsão de dengue	54
Figura 14 - Distribuição dos casos notificados de dengue nos bairros de Guarulhos em 2003.....	56
Figura 15 - Disposição dos dados para treinamento das RNAs	61
Figura 16 - Método de validação cruzada por amostragem aleatória.....	64
Figura 17 - Função de ativação logística	65
Figura 18 - Função de ativação tangente hiperbólica	66
Figura 19 - Função de ativação linear	66
Figura 20 - Modelo de MLP para previsão de casos de dengue em Itajaí.....	69
Figura 21 - Modelo de MLP para previsão de casos de dengue em Guarulhos	69
Figura 22 - Modelo de NARX para previsão de casos de dengue em Itajaí.....	70
Figura 23 - Modelo de NARX para previsão de casos de dengue em Guarulhos	71

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 - Média anual de casos de dengue reportados a Organização Mundial de Saúde nos anos de 1955-2007.....	28
Gráfico 2 - Comparação entre os modelos K-H e ARIMA para previsão de dengue	53
Gráfico 3 - Quantidade de casos de dengue por ano em Guarulhos (2011-2015).....	57
Gráfico 4 - Quantidade de casos de dengue em Itajaí no primeiro semestre de 2015.....	58
Gráfico 5 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Guarulhos	78
Gráfico 6 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Guarulhos	79
Gráfico 7 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Itajaí.....	80
Gráfico 8 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Itajaí.....	81
Gráfico 9 - Valores reais observados e calculados pela MLP com menor RMSE (Guarulhos)	83
Gráfico 10 – Valores reais observados e calculados pela MLP com menor MAPE (Guarulhos)	84
Gráfico 11 - Valores reais observados e calculados pela MLP com menor RMSE (Itajaí)	86
Gráfico 12 – Valores reais observados e calculados pela MLP com menor MAPE (Itajaí)	86
Gráfico 13 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Guarulhos	88
Gráfico 14 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Guarulhos	89
Gráfico 15 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Itajaí.....	90
Gráfico 16 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Itajaí.....	91
Gráfico 17 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor RMSE (Guarulhos).....	93
Gráfico 18 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor MAPE (Guarulhos).....	94

Gráfico 19 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor RMSE (Itajaí) ..96

Gráfico 20 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor MAPE (Itajaí) ..96

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Casos de dengue observados e estimados no ano de 2009 em Campinas.....	50
Tabela 2 - Resultados do modelo SARIMA para previsão de dengue em Guadalupe.....	51
Tabela 3 - Comparação entre os modelos SARIMA, PLDM e SMR na previsão de dengue ..	52
Tabela 4 - Dados da Estação de Itajaí.....	59
Tabela 5 - Dados da Estação de Guarulhos	60
Tabela 6 - Parâmetros de Treinamento das RNAs	76
Tabela 7 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das MLPs para Guarulhos	78
Tabela 8 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das MLPs para Itajaí	80
Tabela 9 - Redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada.....	82
Tabela 10 - Redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Itajaí para cada conjunto de entrada.....	85
Tabela 11 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das NARXs para Guarulhos	87
Tabela 12 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das NARXs para Itajaí.....	90
Tabela 13 - Redes NARX que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada	92
Tabela 14 - Redes NARX que obtiveram melhores resultados na previsão de Itajaí para cada conjunto de entrada.....	95
Tabela 15 - Previsões para Guarulhos realizadas pelas redes MLP e NARX eleitas.....	98
Tabela 16 - Previsões para Itajaí realizadas pelas redes MLP e NARX eleitas	99
Tabela 17 - Número de artigos encontrados inicialmente	110
Tabela 18 - Número de artigos restantes após análise dos títulos	111
Tabela 19 - Número de artigos restantes após análise do resumo e introdução	111

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 - Principais tarefas que as RNAs podem executar e alguns exemplos	33
Quadro 2 - Comparativo dos trabalhos seleccionados na revisão sistemática da literatura	48
Quadro 3 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Itajaí	71
Quadro 4 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Guarulhos	73
Quadro 5 - Algoritmo em Matlab utilizado na modelagem das redes MLP.....	112
Quadro 6 - Algoritmo em Matlab utilizado na modelagem das redes NARX	114

LISTA DE SIGLAS

AIC - *Akaike Information Criterion*

ARIMA – Autorregressivo Integrado de Médias Móveis

BDMEP – Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa

BME – *Bayesian Maximum Entropy*

CVE – Centro de Vigilância Epidemiológica “Prof. Alexandre Vranjac”

IA – Inteligência Artificial

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia

K-H – *Knorr-Held*

LOGSIG – Função de ativação logística

MAPE – *Mean Absolute Percentage Error*

MLP – *Multilayer Perceptron*

MSE – Erro Quadrático Médio

NARX – Redes Neurais Auto-Regressivas com Entradas Exógenas

PDLM – *Poisson Distributed Lag Model*

PURELIN – Função de ativação linear

RMSE – *Root Mean Square Error*

RNA – Rede Neural Artificial

SARIMA – Sazonal Autorregressivo Integrado de Médias Móveis

SC – Estado de Santa Catarina

SINAN – Sistema de Informação de Agravos de Notificação

SMR – *Standard Multiple Regression*

SP – Estado de São Paulo

TANSIG – Função de ativação tangente hiperbólica

TDR – *Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases*

TrainBR – Algoritmo de Regularização Bayesiana

TrainLM – Algoritmo de Levenberg-Marquardt

WHO – *World Health Organization*

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	16
1.1	PROBLEMATIZAÇÃO	17
1.1.1	Solução proposta	17
1.1.2	Delimitação de escopo	18
1.1.3	Justificativa	18
1.2	OBJETIVOS	19
1.2.1	Objetivo geral	19
1.2.2	Objetivos específicos	19
1.3	METODOLOGIA	20
1.4	ESTRUTURA DO TRABALHO	21
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	22
2.1	DENGUE	22
2.1.1	Vetores e modo de transmissão	23
2.1.2	Associação entre incidência de dengue e fatores climáticos	25
2.1.3	Dengue no mundo	26
2.1.4	Dengue no Brasil	28
2.1.5	Medidas para controle da dengue	30
2.1.6	Modelos de previsão de dengue	31
2.2	REDES NEURAIS ARTIFICIAIS	32
2.2.1	Características das RNAs	34
2.2.2	Neurônio biológico	35
2.2.3	Neurônio artificial	36
2.2.4	Processo de treinamento de uma RNA	38
2.2.5	Arquiteturas de RNAs	40
2.2.6	Redes MLP	41
2.2.6.1	Processo de treinamento de uma MLP	43
2.2.7	Redes NARX	45
2.3	CONSIDERAÇÕES FINAIS	47
3	ESTADO DA ARTE	48
3.1	TRABALHOS SELECIONADOS NA REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA	48
3.1.1	A SARIMA forecasting model to predict the number of cases of dengue in Campinas, State of São Paulo, Brazil	50

3.1.2	Time series analysis of dengue incidence in Guadeloupe, French West Indies: Forecasting models using climate variables as predictors	50
3.1.3	Identification of the prediction model for dengue incidence in Can Tho city, a Mekong Delta area in Vietnam	51
3.1.4	Generating temporal model using climate variables for the prediction of dengue cases in Subang Jaya, Malaysia	52
3.1.5	Comparing Statistical Models to Predict Dengue Fever Notification	53
3.1.6	Dengue confirmed-cases prediction: A neural network model	54
3.1.7	A spatio-temporal climate-based model of early dengue fever warning in southern Taiwan.....	55
4	ÁREAS DE ESTUDO	56
4.1	GUARULHOS.....	56
4.2	ITAJAÍ.....	57
5	DESENVOLVIMENTO	59
5.1	DADOS DISPONÍVEIS	59
5.1.1	Itajaí	59
5.1.2	Guarulhos	60
5.2	TRATAMENTO DOS DADOS	61
5.2.1	Normalização dos dados.....	62
5.3	VALIDAÇÃO CRUZADA	63
5.4	RECURSOS UTILIZADOS	64
5.4.1	Função de ativação	64
5.4.2	Algoritmos de treinamento	67
5.4.2.1	Algoritmo de Levenberg-Marquardt	67
5.4.2.2	Algoritmo de Regularização Bayesiana	68
5.5	MODELOS DE RNAS	68
5.6	ÍNDICES PARA ANÁLISE DA QUALIDADE DA PREVISÃO	74
5.7	DEFINIÇÃO DA MELHOR CONFIGURAÇÃO DE RNA.....	75
6	RESULTADOS	76
6.1	TREINAMENTO E RESULTADOS DA RNA MLP.....	76
6.1.1	Treinamento	76
6.1.1.1	Guarulhos	77
6.1.1.2	Itajaí.....	79
6.1.2	Resultados.....	81
6.1.2.1	Guarulhos	82
6.1.2.2	Itajaí.....	84

6.2	TREINAMENTO E RESULTADOS DA RNA NARX	87
6.2.1	Treinamento	87
6.2.1.1	Guarulhos	87
6.2.1.2	Itajaí.....	89
6.2.2	Resultados.....	91
6.2.2.1	Guarulhos	92
6.2.2.2	Itajaí.....	94
6.3	ESCOLHA DA MELHOR CONFIGURAÇÃO DE RNA.....	97
6.3.1	Guarulhos.....	97
6.3.2	Itajaí.....	98
7	CONCLUSÕES.....	100
	REFERÊNCIAS.....	102
	APÊNDICE A - PROTOCOLO DA REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA.....	108
	APÊNDICE B – ALGORITMO PARA MODELAGEM DAS REDES MLP	112
	APÊNDICE C – ALGORITMO PARA MODELAGEM DAS REDES NARX.	114

1 INTRODUÇÃO

A dengue é uma doença infecciosa transmitida pela fêmea de mosquitos do gênero *Aedes*, sobretudo pelas espécies *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*. Recentemente, houve um aumento significativo no número de casos relatados desta doença em regiões próximas à linha do equador. A Organização Mundial da Saúde (WHO – *World Health Organization*) calcula que ocorram anualmente de 50 a 100 milhões de casos de dengue em todo o mundo (ABURAS; CETINER; SARI, 2010). Uma complicação potencialmente letal desta enfermidade é a dengue hemorrágica, a qual é a causa da hospitalização de cerca de 500.000 pessoas por ano. Estima-se que 2.5% dos casos da dengue hemorrágica sejam fatais (EARNEST *et al.*, 2012).

Apesar de ser um problema de saúde pública mundial, países tropicais, como o Brasil, são os mais atingidos pela dengue em virtude das suas características ambientais, climáticas e sociais. Além disso, a urbanização sem uma estrutura de saneamento adequada é um dos fatores que contribui tanto na dispersão do vetor quanto na disseminação dos sorotipos da infecção (RIBEIRO *et al.*, 2006).

De acordo com Gharbi *et al.* (2011), um alerta precoce de surtos de dengue pode aumentar a eficácia de campanhas de controle do vetor e contribuir no direcionamento de ações preventivas. Deste modo, intervenções precoces tem a capacidade de atrasar a epidemia e assim reduzir seu impacto no sistema de saúde. Phung *et al.* (2015) complementam que modelos de previsão podem ser uma ferramenta válida na preparação e controle de uma epidemia. Neste cenário, as instituições de saúde poderiam organizar a disponibilidade de leitos e a mobilização de recursos humanos e materiais. Estes fatores possibilitariam uma resposta mais adequada dos órgãos de saúde pública e, conseqüentemente, a minimização da taxa de mortalidade da doença (GHARBI *et al.*, 2011).

Ao possibilitar a tomada de ações preventivas para um controle efetivo da doença, a previsão da incidência da dengue adquire um papel social indispensável. Dentre as técnicas que podem ser utilizadas na elaboração de modelos de previsão, incluem-se as Redes Neurais Artificiais (RNAs). RNAs são modelos computacionais inspirados no sistema nervoso de seres vivos e possuem a capacidade de mapear sistemas não-lineares, aprendendo comportamentos a partir das informações obtidas (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Modelos de previsão que utilizam esta técnica têm apresentado resultados com baixo erro em diversos tipos de aplicação, inclusive na previsão de dengue, conforme pode ser observado no estudo de Aburas, Cetiner e Sari (2010).

O propósito principal deste trabalho é desenvolver um modelo de previsão de casos de dengue para os municípios de Guarulhos (São Paulo) e Itajaí (Santa Catarina) por meio da técnica de Redes Neurais Artificiais. Além disso, o trabalho compara a utilização de diferentes arquiteturas de redes neurais, especificamente, redes Perceptron Multicamadas (MLP) e Redes Neurais Auto-Regressivas com Entradas Exógenas (NARX).

1.1 PROBLEMATIZAÇÃO

Uma das metodologias de previsão de séries temporais que mais vem sendo aplicadas atualmente ao problema de previsão de casos de dengue inclui a utilização de modelos univariados (DOM *et al.*, 2013; EARNEST *et al.*, 2012; PROMPROU; JAROENSUTASINEE; JAROENSUTASINEE, 2006). Modelos univariados baseiam-se apenas em uma única variável de série temporal para realizar a predição. Apesar da utilidade desta metodologia em situações nas quais há indisponibilidade de dados, o comportamento de uma série temporal pode depender de múltiplas variáveis. Nesta perspectiva, os estudos de Ribeiro *et al.* (2006) e Lima, Firmino e Gomes Filho (2008) evidenciam a relação de variáveis climáticas com a incidência de dengue. Deste modo, a inclusão de informações climáticas em modelos de previsão de casos de dengue pode aumentar sua eficácia.

A técnica de Redes Neurais Artificiais (RNAs) é uma alternativa aos métodos tradicionais na solução de problemas de previsão de séries temporais. Esta técnica permite múltiplas variáveis nas camadas de entrada e saída. Deste modo, é possível utilizar variáveis climáticas distintas na modelagem da previsão de casos de dengue aumentando, dessa forma, a eficácia do modelo predictor. Além disso, conforme Adnan *et al.* (2014), RNAs possuem a capacidade de mapear relacionamentos incertos entre variáveis. Ou seja, para construir um modelo de previsão com RNAs, não é necessário compreender detalhadamente as complexas relações entre casos de dengue e as demais variáveis do ambiente.

Earnest *et al.* (2012) relatam que há uma dificuldade na previsão da incidência de doenças transmitidas por vetores, como a dengue, em função da sua forte variação ao longo do tempo. Neste aspecto, evidencia-se a característica das RNAs de serem aplicadas a sistemas dinâmicos, nos quais os comportamentos são considerados variantes no tempo ou dependentes dele (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

1.1.1 Solução proposta

A proposta deste trabalho é desenvolver um modelo de previsão de casos de dengue utilizando Redes Neurais Artificiais para as áreas de interesse utilizando dados meteorológicos. Neste problema, serão comparadas diversas topologias de redes MLP e NARX. Além disso, a adequação de uma topologia de RNA a um problema particular de previsão inclui diversos complicadores, dentre os quais:

- a) Definição das variáveis de entrada;
- b) Acoplamento temporal (atraso de tempo) entre as variáveis de entrada e a variável de saída;
- c) Algoritmo de treinamento;
- d) Função de ativação;
- e) Número de camadas intermediárias;
- f) Número de neurônios nas camadas intermediárias da rede.

1.1.2 Delimitação de escopo

Este trabalho apresentará a modelagem de Redes Neurais Artificiais para previsão de casos de dengue com antecedência de um mês. Serão consideradas apenas as arquiteturas das Redes Neurais MLP e NARX. A definição das variáveis de entrada e outros parâmetros da modelagem da RNA dependem das especificidades do local ao qual será feita a previsão. Assim, os modelos propostos são restritos às áreas de estudo selecionadas.

As áreas de estudo selecionadas foram os municípios de Itajaí – Santa Catarina e Guarulhos – São Paulo. Itajaí é uma cidade litorânea no Vale do Itajaí que possui uma das maiores incidências de dengue do estado de Santa Catarina. Esta cidade é um dos 27 municípios catarinenses que apresentaram infestação¹ da doença em 2015 (DIVE, 2015).

Por sua vez, apenas durante o ano de 2015, o município de Guarulhos foi acometido por 25.763 casos de dengue. Resolveu-se desenvolver um modelo de previsão de dengue para esta região devido sua alta incidência de dengue nos últimos anos e em função de haver uma maior disponibilidade de dados do que em outras regiões observadas.

1.1.3 Justificativa

¹ Manutenção e presença disseminada de focos.

A morbidade, mortalidade e implicação econômica da dengue a estabelecem como a mais importante arbovirose mundial (CARDOSO *et al.*, 2011). Esta doença se espalha rapidamente e é endêmica em mais de 100 países tropicais e subtropicais da África, Américas e Ásia (HII *et al.*, 2012).

De acordo com Al-Muhandis e Hunter (2011), agências nacionais e internacionais de saúde consideram programas baseados na comunidade como a principal solução de longo prazo para prevenção e controle da dengue na Ásia e nas Américas. Com a emergência desta doença, a medicina preventiva e o controle do vetor têm sua importância ressaltada, devido à falta de medicamentos antivirais específicos que a tratem ou vacinas preventivas (PHUNG *et al.*, 2015). Neste cenário, ao prover informação aos órgãos públicos e à comunidade, a previsão de dengue tem um papel social indispensável, pois possibilita a tomada de ações preventivas para um efetivo controle da doença. Deste modo, este trabalho possui uma contribuição de cunho social, com a realização de uma previsão efetiva de casos de dengue nas áreas de estudo selecionadas.

Diversas técnicas podem ser modeladas para realizar a previsão de séries temporais e, mais especificamente, para a previsão de casos de dengue. Com o objetivo de identificar quais modelos e métodos têm sido aplicados neste problema, foi realizada uma revisão sistemática da literatura, que investigou as seguintes características da previsão: tempo de antecedência, métricas de erro e variáveis de entrada utilizadas.

Uma contribuição deste trabalho para a computação será a modelagem de RNAs dos tipos MLP e NARX e a identificação de quais redes apresentam melhores desempenhos para o problema da previsão de casos de dengue.

1.2 OBJETIVOS

Esta seção descreve os objetivos geral e específicos do trabalho.

1.2.1 Objetivo geral

Utilizar a técnica de Redes Neurais Artificiais para realizar a previsão de casos confirmados de dengue nas áreas de estudo selecionadas.

1.2.2 Objetivos específicos

Os objetivos específicos deste trabalho são:

- a) Investigar quais modelos têm sido utilizados no problema de previsão de casos de dengue;
- b) Definir as principais variáveis que possam auxiliar na previsão de casos de dengue;
- c) Obter conjuntos de dados para treinamento e testes das RNAs;
- d) Modelar e treinar RNAs para previsão de casos de dengue nas áreas de interesse;
- e) Comparar as previsões feitas pela RNA com os dados reais;
- f) Identificar qual RNA gerou menor erro na previsão.

1.3 METODOLOGIA

Esta seção apresenta a metodologia empregada para o desenvolvimento do trabalho.

- a) Revisão bibliográfica: Esta etapa objetiva o aprofundamento teórico acerca de previsão de casos de dengue e RNAs aplicadas a este problema. A pesquisa bibliográfica será realizada em livros, monografias e artigos de periódicos.
- b) Revisão sistemática da literatura: Esta etapa visa identificar o estado da arte na área de previsão de casos de dengue. Sendo possível delimitar quais modelos e métodos têm sido aplicados para prever a incidência de dengue, além de identificar características das previsões, como horizonte de previsão, métricas de erro e variáveis de entrada utilizadas.
- c) Estudo do problema de dengue nas áreas de estudo selecionadas: Com base na revisão bibliográfica e na revisão sistemática da literatura, foram identificadas as principais variáveis para previsão de dengue e o horizonte de previsão mais adequado. Nesta etapa, é elucidada a problemática da dengue nas áreas de estudo selecionadas, assim como algumas de suas características geográficas e sociais.
- d) Modelagem das Redes Neurais Artificiais: Nesta etapa, são modeladas e treinadas diferentes configurações de RNAs para realizar a previsão de casos de dengue nas áreas de interesse.

- e) Comparação das RNAs: O desempenho das RNAs é avaliado por meio de métricas de erro, assim, as redes que obtiverem o menor erro são selecionadas para comparação. As previsões realizadas por estas redes são comparadas com os dados reais de casos de dengue.

1.4 ESTRUTURA DO TRABALHO

No capítulo 2 deste trabalho é apresentada a fundamentação teórica, que aborda o conceito de Redes Neurais Artificiais e tópicos sobre a dengue. O capítulo 3 especifica o estado da arte da previsão de casos de dengue, estabelecido por meio de uma revisão sistemática da literatura. No capítulo 4, são detalhados as áreas de estudo e os dados disponíveis. No capítulo 5, é relatado o desenvolvimento deste trabalho. São descritos os tratamentos realizados nos dados, os recursos utilizados, os modelos e arquiteturas de RNAs e os índices para análise da qualidade da previsão. Os resultados obtidos são analisados e discutidos no Capítulo 6 e no Capítulo 7 são apresentadas as conclusões da pesquisa realizada.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Neste capítulo, são abordados conceitos relacionados às áreas de Redes Neurais Artificiais (RNAs) e dengue, os quais são fundamentais para a realização e clareza deste trabalho.

No que diz respeito a dengue, são descritas as características da doença, seus estágios, vetores e modo de transmissão. Além disso, elucida-se sua relação com variáveis climáticas, seu impacto no mundo e, especificamente, no Brasil. Finalmente, são descritos métodos de mitigação e modelos de previsão empregados na literatura para o controle da doença.

Este capítulo também aborda conceitos sobre RNAs, incluindo suas características, inspiração biológica e possíveis aplicações. São descritos os principais componentes de neurônios biológicos e artificiais. A seguir, é descrito o processo de treinamento de uma RNA e as principais arquiteturas existentes. Por fim, são detalhadas as redes MLP e NARX.

2.1 DENGUE

A dengue é uma enfermidade causada por um arbovírus² composto por quatro sorotipos³ distintos (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4). Estes quatro sorotipos pertencem ao gênero *Flavivirus*, da família *Flaviviridae* (VARELLA; JARDIM, 2009; WHO; TDR, 2009).

De acordo com White (2004), uma pessoa pode ser contaminada até quatro vezes pela dengue, mas nunca duas vezes pela mesma infecção. A infecção causada por um dos sorotipos da doença provê imunidade à pessoa para aquela variação da doença.

A dengue é caracterizada pela apresentação de febre bifásica, mialgia e artralgia, erupção cutânea, leucopenia e linfadenopatia em pessoas infectadas (HALSTEAD, 2008). Sua forma mais grave é a dengue hemorrágica, definida pela sua tendência a hemorragias, trombocitopenia e derrame plasmático, o que pode progredir para insuficiência circulatória e morte (CARDOSO *et al.*, 2011).

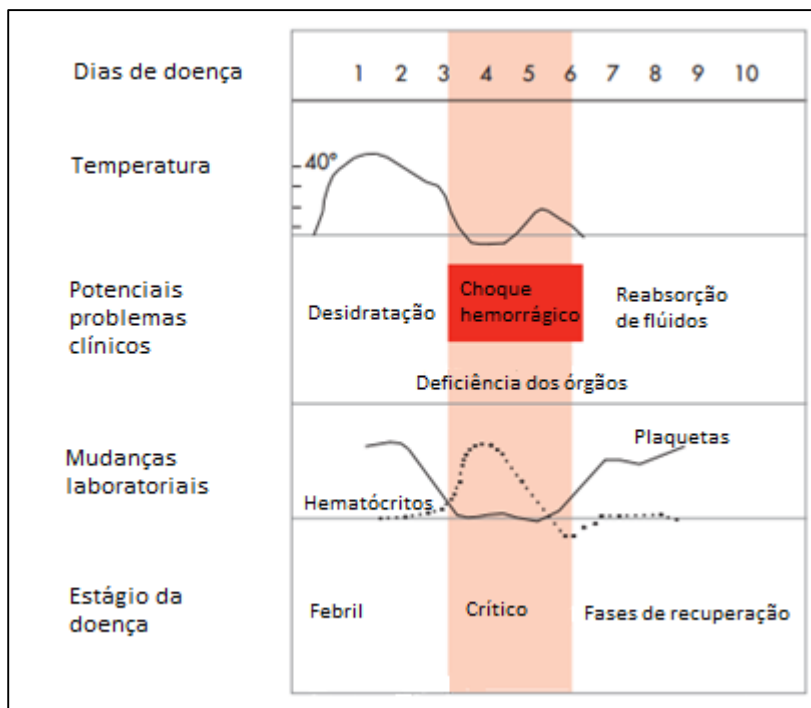
A infecção pelo vírus da dengue é uma doença sistêmica e dinâmica (WHO; TDR, 2009). A partir da infecção pelo vírus da dengue no ser humano pelo seu vetor, um mosquito do gênero *Aedes*, há um período de incubação que varia de 3 a 15 dias (SOUZA, 2008). Após

² Vírus transmitido principalmente por artrópodes (VARELLA; JARDIM, 2009).

³ Grupo de microrganismos inter-relacionados.

este período, a doença começa abruptamente e ocorre em três fases: febril, crítica e de recuperação (WHO; TDR, 2009). O período e as principais características dos três estágios da doença são resumidos pela Figura 1.

Figura 1 – A evolução clínica da dengue



Fonte: Adaptado de WHO e TDR (2009, p. 25).

A fase febril aguda geralmente inicia repentinamente e dura de 2 a 7 dias, ocasionando desidratação. A fase crítica se inicia quando a febre abaixa, normalmente entre o 3º e 7º dia da doença, podendo causar choque circulatório pela perda do plasma sanguíneo, hemorragia e insuficiência de órgãos. O período seguinte é de recuperação, no qual ocorre uma absorção gradual de fluidos extravasculares durante as 48 a 72 horas seguintes (WHO; TDR, 2009).

2.1.1 Vetores e modo de transmissão

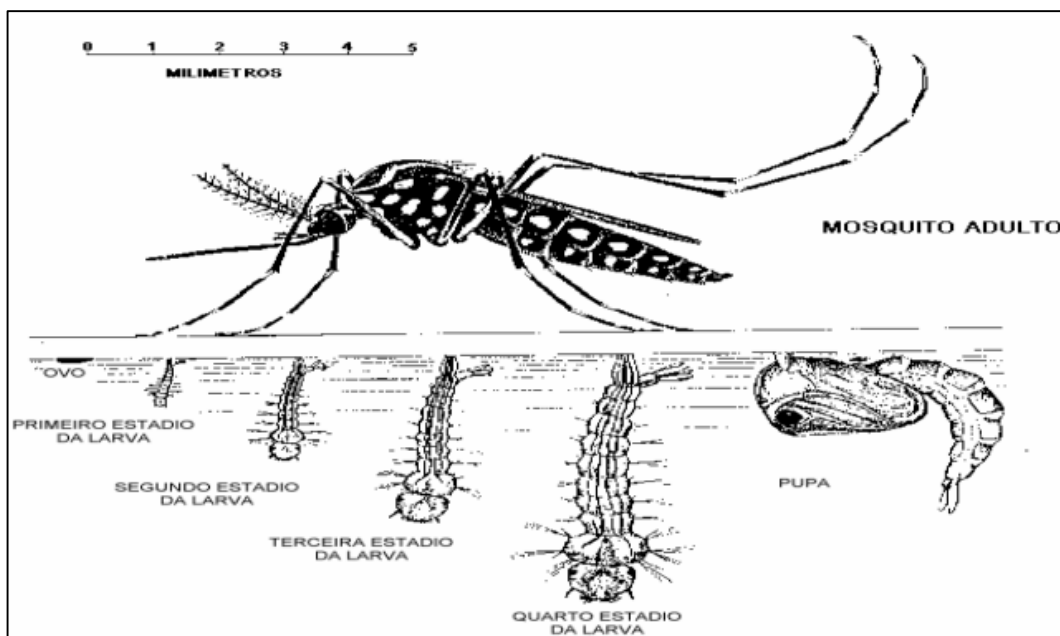
Os vários sorotipos da dengue são transmitidos ao ser humano através da picada de mosquitos do gênero *Aedes* e subgênero *Stegomyia* (HALSTEAD, 2008; WHO; TDR, 2009). *Aedes aegypti* é o vetor mais importante em quase todos os países endêmicos, incluindo o Brasil. Outras espécies, com o *Aedes albopictus* e *Aedes polynesiensis*, são vetores em áreas geográficas limitadas (HALSTEAD, 2008).

O *Aedes albopictus*, está presente nas Américas e dispersado nas regiões Sudeste e Sul do Brasil, é o vetor de manutenção da dengue na Ásia, entretanto ainda não foi associado à transmissão da dengue nas Américas (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009). Nas américas, o *Aedes aegypti* é o único vetor reconhecidamente transmissor do vírus da dengue, com importância epidemiológica (BARBOSA; LOURENÇO, 2010). Por esta razão, serão elucidadas algumas de suas características.

Atualmente, o *Aedes aegypti* é responsável pela transmissão em território brasileiro não apenas da dengue, mas também dos vírus responsáveis pelas doenças Chikungunya e Zika (WERMELINGER *et al.*, 2015).

O *Aedes aegypti* é um mosquito doméstico, com atividade hematofágica diurna e que utiliza preferencialmente de depósitos artificiais de água limpa para colocar os seus ovos. Estes têm uma alta capacidade de resistir à dessecação, mantendo-se viáveis na ausência de água por até 450 dias (TAUIL, 2002). Seu ciclo de vida, conforme a Figura 2, é composto por quatro fases: ovo, larva (quatro estágios larvais), pupa e adulto. A duração do ciclo de vida a partir da fase do embrião até a fase adulta leva, em média, 10 dias (SILVA; MARIANO; SCOPEL, 2008).

Figura 2 - Ciclo evolutivo do *Aedes aegypti*

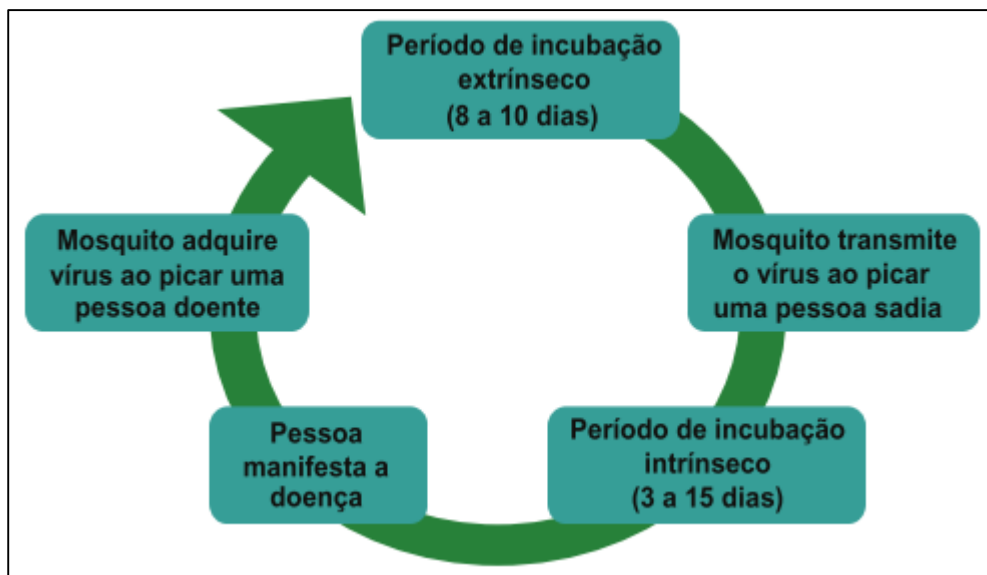


Fonte: Nunes (2011, p. 13).

A transmissão da dengue ocorre pela picada da fêmea do mosquito *Aedes*, que necessita de sangue humano para possibilitar a maturação dos ovos. Não há transmissão pelo

contato direto de uma pessoa doente com uma pessoa sadia. Também não há transmissão pela água, por alimentos ou por quaisquer objetos (MAFRA; LEMOS, 2009). A Figura 3 ilustra o ciclo de infecção entre o mosquito e o ser humano.

Figura 3 - Ciclo de infecção no mosquito *Aedes* e no ser humano



Fonte: Mafra e Lemos (2009, p. 18).

De acordo com Mafra e Lemos (2009), a fêmea do *Aedes aegypti* tem maior atividade durante o dia e adquire o vírus ao picar uma pessoa doente. Deste modo, é iniciado o período de incubação extrínseco, que dura de 8 a 10 dias. O mosquito infectado transmite o vírus ao picar uma pessoa sadia, quando se inicia o período de incubação intrínseco, que dura de 3 a 15 dias. A transmissão de uma pessoa infectada para outros mosquitos inicia um dia antes desta apresentar os primeiros sintomas e perdura até o desaparecimento da febre. Os seres humanos são o principal hospedeiro de amplificação do vírus (MAFRA; LEMOS, 2009). O vírus da dengue presente no sangue de humanos infectados é ingerido pelos mosquitos fêmeas durante sua alimentação (WHO; TDR, 2009).

2.1.2 Associação entre incidência de dengue e fatores climáticos

De acordo com Câmara *et al.* (2009), a persistência e a progressão da dengue estão condicionadas à sobrevivência e reprodução do seu vetor, predominantemente, a fêmea do mosquito *Aedes aegypti*, no ambiente.

A incidência sazonal da dengue nos meses quentes é associada a sensibilidade do ciclo reprodutivo de seu vetor a variações de temperatura. Câmara *et al.* (2007) observaram que a incidência da dengue no Brasil nos meses em que a temperatura diminui significativamente. Entretanto, neste período não se chega a interromper a transmissão da doença.

Em um estudo sobre a dengue no Brasil, Siqueira *et al.* (2005) notaram que de 1986 a 1993, um total de 76,6% dos casos de dengue registrados ocorreu na estação chuvosa. Em contrapartida, durante o período de 1994 a 2002, grandes surtos da doença foram observados em estações de chuvas, mas os períodos não chuvosos demonstraram maior atividade do vírus da dengue.

Ribeiro *et al.* (2006) observaram a associação entre o número de casos de dengue, a pluviosidade e a temperatura, considerando o tempo entre o fato biológico, a transmissão, e o registro dos casos no sistema de informação. Segundo os autores, a chuva e a temperatura de um determinado mês contribuíram para explicar o número de casos de dengue de dois até quatro meses depois.

Souza, Silva e Silva (2010) constataram uma associação positiva entre índices de infestação predial, a pluviosidade média e a incidência de casos de dengue. Os autores acrescentam que a pluviosidade não é fator determinante ao desaparecimento do mosquito, porque não depende exclusivamente dos criadouros que surgem com o período chuvoso. Em períodos secos, o mosquito sobrevive em densidade baixa, mas o suficiente para manter a transmissão contínua de dengue, embora em declínio.

Além disso, a urbanização sem a devida estrutura de saneamento também pode influenciar na densidade de mosquitos e na incidência de dengue, contribuindo para a dispersão do mosquito e disseminação dos vários sorotipos da doença (RIBEIRO *et al.*, 2006).

2.1.3 Dengue no mundo

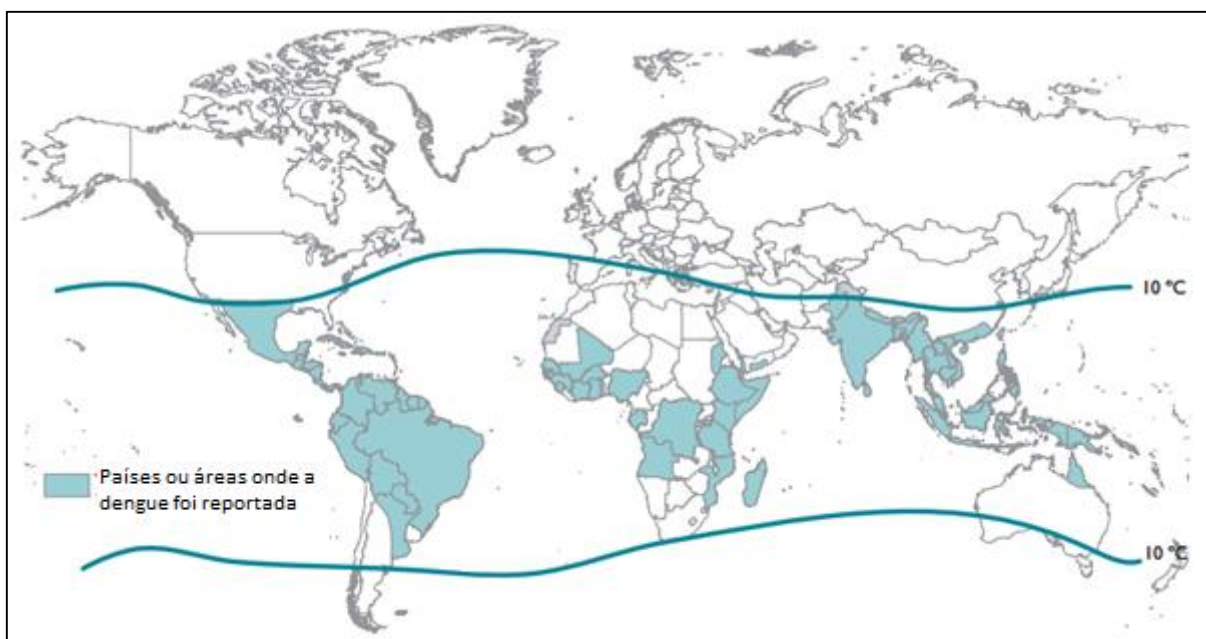
Segundo Souza (2008), o *Aedes aegypti*, de origem africana, se adaptou fortemente ao homem em regiões áridas utilizando seus reservatórios de água junto às moradias para postura de ovos e passou a utilizar o homem como sua fonte de repasto sanguíneo. Além disso, o mosquito também passou a acompanhar as migrações humanas. A partir do século XVI, o *Aedes aegypti* teria emigrado repetidas vezes da África para a América, nos porões de navios (VARELLA; JARDIM, 2009).

Na região asiática, em virtude dos acontecimentos da Segunda Guerra Mundial, de 1939 a 1945, houveram deslocamentos de grandes contingentes de refugiados, destruição de

idades, mudança de ecossistemas e criação de criadouros artificiais (como pneus e materiais de guerra abandonados). Estes fatores possibilitaram a infestação por mosquitos *Aedes* e a dengue passou a ser uma infecção de natureza endêmica (SOUZA, 2008).

De acordo com Varella e Jardim (2009), as epidemias de dengue se repetem em ciclos no sudeste da Àsia, na Àfrica, em países tropicais do Pacífico Sul, em ilhas do Caribe e na Àmerica Latina. Atualmente, a dengue é considerada como a doença viral transmitida por mosquitos que se espalha mais rapidamente no mundo. Nos últimos 50 anos, sua incidência aumentou 30 vezes com o aumento da expansão geográfica a novos países e das áreas urbanas para áreas rurais (WHO; TDR, 2009). A Figura 4 apresenta os países e áreas com risco de transmissão desta enfermidade.

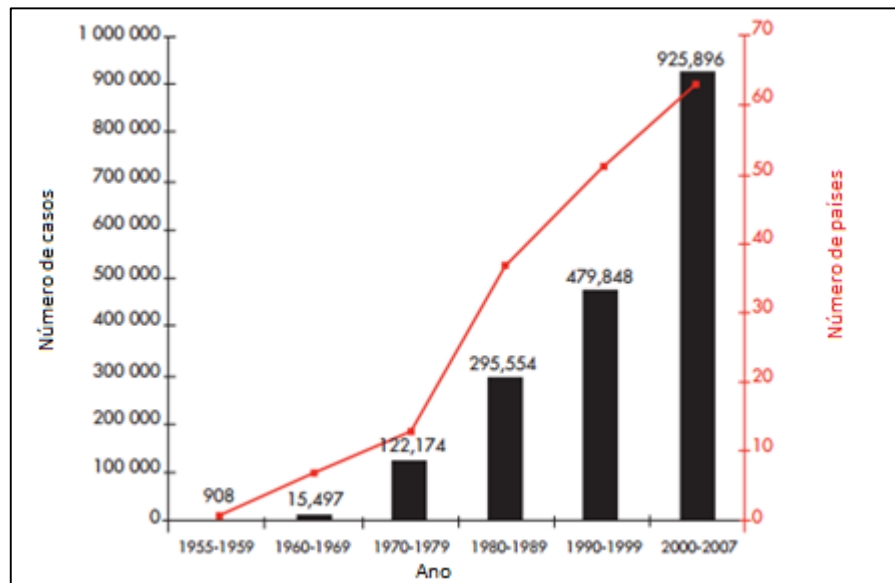
Figura 4 - Países/áreas com risco de dengue, 2011.



Fonte: Adaptado de WHO (2012, p. 63).

Estima-se que ocorram 50 a 100 milhões de infecções por dengue anualmente, das quais aproximadamente 500.000 são potencialmente fatais. Além disso, cerca de 2,5 bilhões de pessoas vivem em países endêmicos de dengue (WHITEHORN; FARRAR, 2010; WHO; TDR, 2009). O Gráfico 1 indica a média anual de casos de dengue e o número de países com a doença.

Gráfico 1 - Média anual de casos de dengue reportados a Organização Mundial de Saúde nos anos de 1955-2007



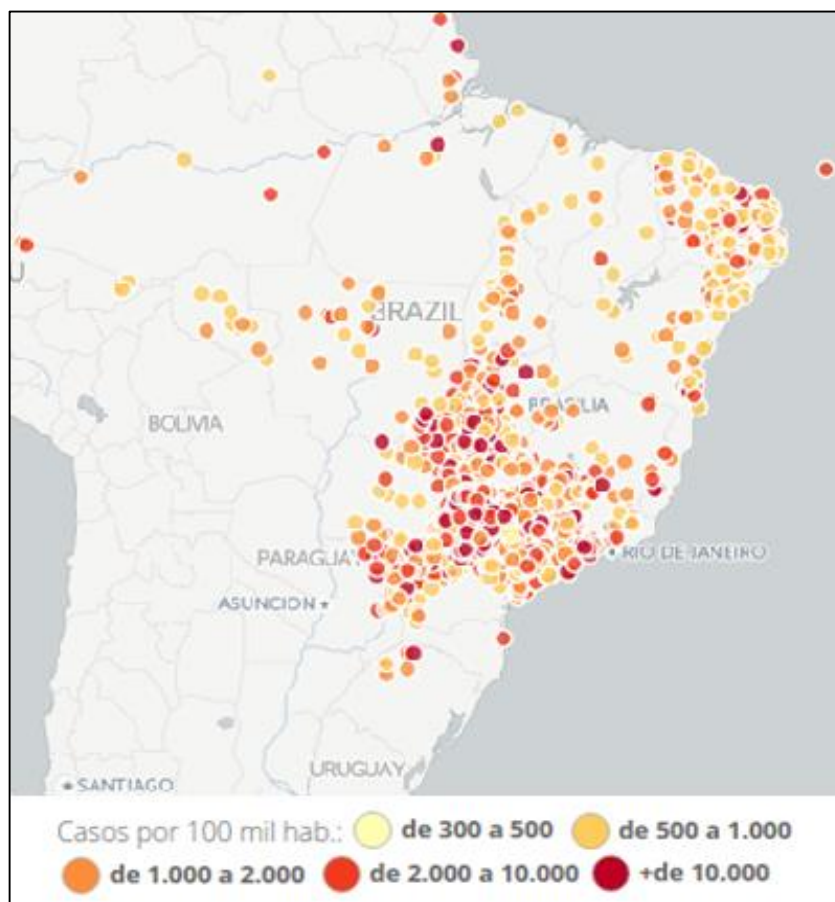
Fonte: Adaptado de WHO e TDR (2009, p. 3).

2.1.4 Dengue no Brasil

Nas décadas de 1950 e 1960, o Brasil e outros 17 países americanos conseguiram eliminar o vetor da dengue de seus territórios (TAUIL, 2002). Deste modo, através de um programa de erradicação bem-sucedido, o Brasil permaneceu livre do mosquito *Aedes aegypti* até 1976 (SIQUEIRA *et al.*, 2005). Entretanto, o Brasil voltou a ser infestado pelo mosquito, a partir de uns poucos países que não obtiveram o mesmo êxito. Em 1976, foi detectada uma infestação que se disseminou para vários estados (TAUIL, 2002).

No período de 2001 a 2007, 64,6% de todos os casos de dengue nas Américas foram notificados na sub-região composta por Argentina, Brasil, Chile, Paraguai e Uruguai. Destes, 98,5% foram notificados pelo Brasil, que teve a maior taxa de letalidade desta sub-região (WHO; TDR, 2009). A Figura 5 ilustra a distribuição de casos de dengue no Brasil em 2015.

Figura 5 - Distribuição dos casos de dengue no Brasil em 2015



Fonte: Adaptado de Globo⁴.

Câmara *et al.* (2007), através de análises de séries históricas do período de 1986 a 2003, observaram que as regiões nordeste e sudeste concentram 48,3% e 37,2% das notificações de dengue no Brasil. A região sul tem o menor número de notificações de casos de dengue, correspondendo a apenas 1,2% da quantidade total brasileira.

De acordo com Varella e Jardim (2009), o crescimento desordenado das cidades brasileiras criou aglomerados urbanos e provocou danos ambientais que favoreceram a proliferação do vetor da dengue.

A dengue no Brasil ocorre de forma continuada, intercalando-se as epidemias e a introdução de novos sorotipos em áreas íleas, com comportamento nitidamente sazonal, tendo maiores incidências nos meses de março e abril (TALIBERTI; ZUCCHI, 2010).

⁴ GLOBO. Epidemia de dengue. Disponível em: <<http://especiais.g1.globo.com/ciencia-e-saude/epidemia-de-dengue/2015>>. Acesso: 4 de junho de 2016.

2.1.5 Medidas para controle da dengue

O controle da dengue consiste em enorme desafio não apenas no Brasil, mas também em vários outros países (TAUIL, 2006). Atualmente, não existe nenhuma vacina ou tratamentos antivirais disponíveis para a dengue (CÂMARA *et al.*, 2007, 2009; SIQUEIRA *et al.*, 2005; WHO, 2012). Além disso, o isolamento dos portadores do vírus não é uma medida efetiva, pois a grande maioria dos casos é assintomática ou oligossintomática⁵, não permitindo sua identificação oportuna (TAUIL, 2002, 2006).

O único elo vulnerável da cadeia de transmissão da dengue, com os recursos científicos e tecnológicos atualmente disponíveis, é seu vetor de transmissão (TAUIL, 2006). Deste modo, o controle e prevenção da doença têm-se centrado principalmente no controle dos vetores e vigilância através da participação da comunidade (SIQUEIRA *et al.*, 2005).

O combate ao vetor do dengue consiste em medidas contra as larvas e mosquitos adultos (SIQUEIRA *et al.*, 2005). De acordo com (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009), os métodos de controle vetorial podem ser divididos em mecânico, biológico, legal e químico.

O controle mecânico consiste na adoção de práticas capazes de impedir a procriação do *Aedes*, incluindo como atividades a proteção, a destruição ou a destinação adequada de criadouros (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009).

O controle biológico é projetado para eliminar larvas de mosquito utilizando agentes biológicos, como o *Bacillus thuringiensis* (ARAÚJO *et al.*, 2002; MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009).

O controle legal consiste na aplicação de normas de conduta regulamentadas por instrumentos legais de apoio às ações de controle da dengue, podendo ser instituídas no âmbito dos municípios, pelos códigos de postura (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009).

Por fim, o controle químico baseia-se no uso de substâncias químicas (inseticidas) para o controle do vetor em suas fases larvária e adulta (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2009).

Para assegurar que as medidas de controle da dengue sejam eficazes é necessário manter programas de educação e de controle como prioridades do governo (ARAÚJO *et al.*, 2002). O controle vetorial requer a cooperação da comunidade inteira, não sendo apenas uma responsabilidade do governo. As comunidades devem ser educadas sobre eliminar a possibilidade de criação dos mosquitos e outras estratégias de prevenção, o que requer uma compreensão de seu funcionamento e de práticas sobre a dengue (ALVES *et al.*, 2016).

⁵ Que apresenta poucos sintomas.

Além disso, outras atividades de controle da doença, como a redução de sua letalidade por meio de assistência médica oportuna e adequada e a redução das dimensões das epidemias, por meio de uma vigilância ambiental e epidemiológica efetivas, podem e devem ser buscadas (TAUIL, 2006). Um alerta precoce de surtos de dengue, realizado através de um modelo de previsão, pode aumentar a eficácia de campanhas de controle vetorial e prevenção da doença (GHARBI *et al.*, 2011; PHUNG *et al.*, 2015).

2.1.6 Modelos de previsão de dengue

Esta seção descreve algumas técnicas de previsão de séries temporais que podem ser aplicadas na previsão de casos de dengue. Uma das quais é o modelo de previsão Autorregressivo Integrado de Médias Móveis (*Autoregressive Integrated Moving Average - ARIMA*), que é amplamente empregado nesta problemática (DOM *et al.*, 2013; EARNEST *et al.*, 2012; PROMPROU; JAROENSUTASINEE; JAROENSUTASINEE, 2006).

Segundo Jorge (2013) os modelos ARIMA são baseados em conceitos e princípios estatísticos, sendo capazes de modelarem um amplo espectro do comportamento de séries temporais. O objetivo deste método é encontrar uma fórmula apropriada para que os erros ou resíduos sejam menores o possível e não apresentem padrões. O processo de construção do modelo envolve quatro passos, que devem ser repetidos até chegar a uma fórmula específica que replique os padrões da série o mais próximo possível e produza previsões com precisão aceitável. Os modelos ARIMA são univariados, ou seja, baseados numa única variável de série temporal.

Modelos ARIMA podem ser utilizados quando a série temporal não apresenta um componente sazonal, mas apresenta um componente com tendência, ou estes componentes são não-estacionários homogêneos. Quando a série temporal apresenta um componente periódico em um período máximo de 12 meses (sazonalidade), é necessário acrescentar um componente sazonal ao modelo. Para estes casos, existe o modelo sazonal ARIMA, conhecido também pelo termo SARIMA (BATISTA, 2009). O modelo SARIMA também é uma técnica comum na previsão de casos de dengue (MEKPARYUP; KORNPETPANEE; SAITHANU, 2015; MEKPARYUP; SAITHANU, 2015; YU *et al.*, 2014).

Além destes modelos estatísticos, a previsão de casos de dengue pode ser feita por meio de Redes Neurais Artificiais (RNAs) (ABURAS; CETINER; SARI, 2010), técnica que será discutida nas próximas seções.

2.2 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

A Inteligência Artificial (IA) é uma área da ciência da computação que almeja construir máquinas autônomas, de modo que estas consigam conduzir tarefas complexas sem que seja necessária a intervenção humana (BROOKSHEAR, 2013). Russel e Norvig (2004) complementam que a IA sistematiza e automatiza tarefas intelectuais, não se limitando a apenas compreender, mas também desenvolver entidades inteligentes. Esta área abrange uma grande variedade de subcampos, como aprendizado, percepção, demonstração de teoremas matemáticos, dentre outros.

De acordo com Brookshear (2013), mesmo com a evolução da área de IA, diversos problemas ainda desafiam as capacidades dos computadores que utilizam as abordagens algorítmicas tradicionais. Estas abordagens, que são baseadas em sequências de instrução, não possuem a capacidade de perceber e raciocinar como a mente humana. Isso ocorre porque, como destaca Haykin (2001), o cérebro humano processa informações de modo completamente distinto do computador digital convencional. Além disso:

O cérebro é um *computador* (sistema de processamento de informação) altamente *complexo, não-linear e paralelo*. Ele tem a capacidade de organizar seus constituintes estruturais, conhecidos por *neurônios*, de forma a realizar certos processamentos (p.ex., reconhecimento de padrões, percepção e controle motor) muito mais rapidamente que o mais rápido computador digital hoje existente. (HAYKIN, 2001, p. 27)

Conforme aponta Brookshear (2013), estes fatores motivaram muitos pesquisadores ao estudo de abordagens influenciadas por fenômenos naturais e, especificamente, pelo sistema nervoso dos seres vivos. Neste caso, as redes de neurônios de sistemas biológicos inspiraram o conceito de Rede Neural Artificial (RNA).

Uma RNA pode ser definida como um processador paralelamente distribuído constituído de unidades de processamento simples, os neurônios artificiais, os quais possuem a capacidade de armazenar conhecimento experimental e disponibilizá-lo para uso (HAYKIN, 2001). Segundo Loesch e Sari (1996), os neurônios artificiais, que são emulações simplificadas de neurônios biológicos, recebem informações de sensores ou de outros neurônios artificiais, em seguida produzem operações simples sobre estes dados e então passam o resultado para outros neurônios artificiais.

De acordo com Haykin (2001) uma RNA se assemelha com um cérebro nos seguintes aspectos:

- a) O conhecimento é adquirido pela rede a partir de seu ambiente por meio de um processo de aprendizagem.
- b) São utilizadas forças de conexão entre neurônios, denominadas pesos sinápticos, para armazenar o conhecimento adquirido.

A forma com a qual os problemas são representados internamente pela rede e o paralelismo natural inerente à sua arquitetura valorizam a solução de problemas por meio de RNAs, pois estas possibilitam um desempenho superior ao dos modelos convencionais. (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

Uma rede neural, conforme relatam Tafner, Xerez e Rodrigues Filho (1995), possui a capacidade de reconhecer dados que até então não lhe foram apresentados, ou, de outra forma, reconhecer dados que não constituíram seu conjunto de treinamento. Por isso, RNAs destacam-se no processamento de sinais, considerando um sinal como o que possibilita conhecer, reconhecer ou prever alguma coisa.

De acordo com Braga, Carvalho e Ludermir (2011), RNAs são aplicáveis, basicamente a problemas em que existem dados, sejam estes experimentais ou gerados através de modelos, por meio dos quais a rede adaptará os seus pesos objetivando à execução de uma determinada tarefa. Assim, o Quadro 1 resume algumas classes e exemplos de problemas que podem ser resolvidos por meio de RNAs.

Quadro 1 - Principais tarefas que as RNAs podem executar e alguns exemplos

Tarefas	Exemplos de aplicações
Classificação	Reconhecimento de caracteres Reconhecimento de imagens Diagnóstico Análise de risco de crédito Detecção de fraudes Detecção de falhas em sistemas industriais
Categorização	Agrupamento de sequências de DNA Mineração de dados Análise de expressão gênica Agrupamento de clientes
Previsão	Previsão do tempo Previsão financeira Modelagem de sistemas dinâmicos Previsão de sequências de DNA

Fonte: Adaptado de Braga, Carvalho e Ludermir (2011, p. 19).

Além disso, as RNAs podem ser consideradas ferramentas poderosas para aplicação em diversos tipos de problemas, pois, conforme apontam Silva, Spatti e Flauzino (2010), as

características mais atrativas destes modelos consistem de suas elevadas habilidades em mapear sistemas não-lineares, aprendendo comportamentos envolvidos a partir de informações obtidas. Estas e outras particularidades das RNAs são esclarecidas na próxima subseção.

2.2.1 Características das RNAs

Dentre as principais propriedades e capacidades das RNAs, podem-se citar:

- a) Não-linearidade: neurônios artificiais podem ser lineares ou não-lineares. Uma RNA constituída por conexões de neurônios não lineares é, do mesmo modo, não-linear. A não-linearidade é uma propriedade importante, particularmente quando o mecanismo físico responsável pela geração do sinal de entrada for inerentemente não-linear (HAYKIN, 2001);
- b) Adaptação por experiência: os parâmetros internos da rede, seus pesos sinápticos, são ajustados por intermédio da apresentação sucessiva de exemplos relacionados ao comportamento do processo, o que possibilita a aquisição do conhecimento por experimentação (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Neste contexto, Haykin (2001) complementa que uma rede treinada para operar em um ambiente específico pode ser facilmente *retreinada* para lidar com pequenas modificações nas condições operativas do ambiente;
- c) Capacidade de aprendizado: através da aplicação de um método de treinamento, a rede consegue extrair o relacionamento existente entre as diferentes variáveis que compõem a aplicação (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010);
- d) Informação contextual: em uma RNA, o conhecimento é representado pela sua estrutura e seu estado de ativação. Cada neurônio é potencialmente afetado pela atividade de todos os outros neurônios na rede. Assim, a informação contextual é tratada naturalmente pela rede neural (HAYKIN, 2001).;
- e) Habilidade de generalização: uma RNA, após seu processo de treinamento, é capaz de generalizar o conhecimento adquirido, de modo que seja possível estimar soluções que até então eram desconhecidas (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010);
- f) Organização de dados: a rede, com base nas características de um determinado conjunto de informações de um processo, é capaz de elaborar sua organização interna de modo a permitir o agrupamento de padrões que apresentam particularidades em comum (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010);

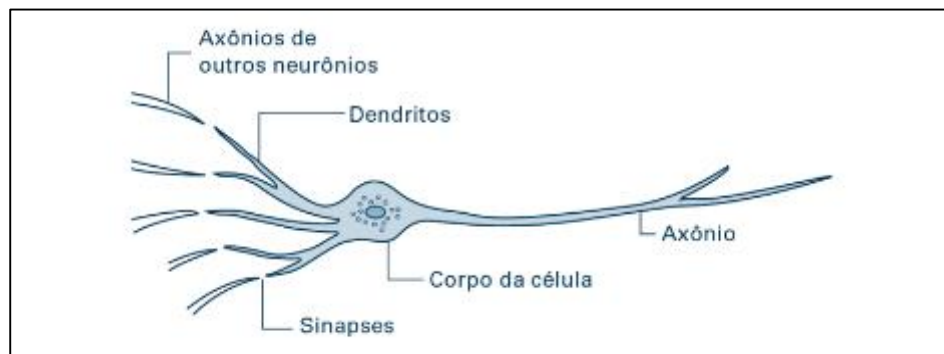
- g) Resposta a evidências: com a utilização de RNAs para classificação de padrões, a RNA pode fornecer informação não somente sobre qual padrão específico selecionar, mas também sobre a confiança na decisão tomada. Assim, conforme ressaltado por Haykin (2001), é possível rejeitar padrões ambíguos e, conseqüentemente, melhorar o desempenho de classificação da rede;
- h) Tolerância a falhas: quando parte da estrutura interna da RNA é sensivelmente corrompida, esta torna-se um sistema tolerante a falhas, devido ao elevado nível de interconexões entre seus neurônios (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010);
- i) Armazenamento distribuído: de acordo com Silva, Spatti e Flauzino, (2010), o conhecimento a respeito do comportamento de um processo dentro de uma arquitetura neural é distribuído entre as várias sinapses de seus neurônios artificiais, deste modo é possível fortalecer a robustez da arquitetura caso eventuais neurônios se tornem inoperantes;
- j) Facilidade de prototipagem: dependendo das peculiaridades da aplicação, uma arquitetura neural pode ser facilmente prototipada em hardware ou em software, dado que, após o treinamento da rede, seus resultados são comumente obtidos através de operações matemáticas elementares (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

2.2.2 Neurônio biológico

A célula elementar do sistema nervoso cerebral é o neurônio e sua função consiste em conduzir impulsos (estímulos elétricos advindos de reações físico-químicas) perante determinadas condições de operação (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). O cérebro humano é constituído por mais de dez bilhões de neurônios, cada qual conectado a milhares de outros neurônios, em média. Além disso, o cérebro humano possui cerca de 60 trilhões de conexões entre neurônios, as quais são conhecidas pelo termo sinapse (COPPIN, 2012).

De forma simplificada, segundo Braga, Carvalho e Ludermir (2011), os neurônios biológicos são divididos em três partes: o corpo celular (também conhecido como soma), os dendritos e o axônio (Figura 6). Cada uma destas partes possui funções específicas e complementares.

Figura 6 - Neurônio em um sistema biológico vivo



Fonte: Brookshear (2013, p. 445).

Os dendritos são constituídos por vários finos prolongamentos, cuja principal função é captar, continuamente, os estímulos oriundos de outros neurônios (conectores) ou do meio externo no qual os mesmos podem estar em contato (neurônios sensitivos) (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Os dendritos conduzem estes sinais para o corpo da célula, no qual ocorre um processo de integração (soma) dos estímulos de entrada e como resultado pode ser gerado um impulso elétrico que será propagado ao longo do axônio (LOESCH; SARI, 1996). Por sua vez, o axônio é constituído por um único prolongamento, cujo objetivo, segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010) é conduzir os impulsos elétricos para outros neurônios conectores ou para aqueles que se conectam diretamente com o tecido muscular (neurônios efetadores).

A sinapse é localizada entre a terminação axônica de um neurônio e o dendrito de outro. Através da sinapse os neurônios se unem funcionalmente, formando as redes neurais biológicas. Além disso, são capazes de controlar a transmissão de impulsos (fluxo da informação) entre os neurônios na rede (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

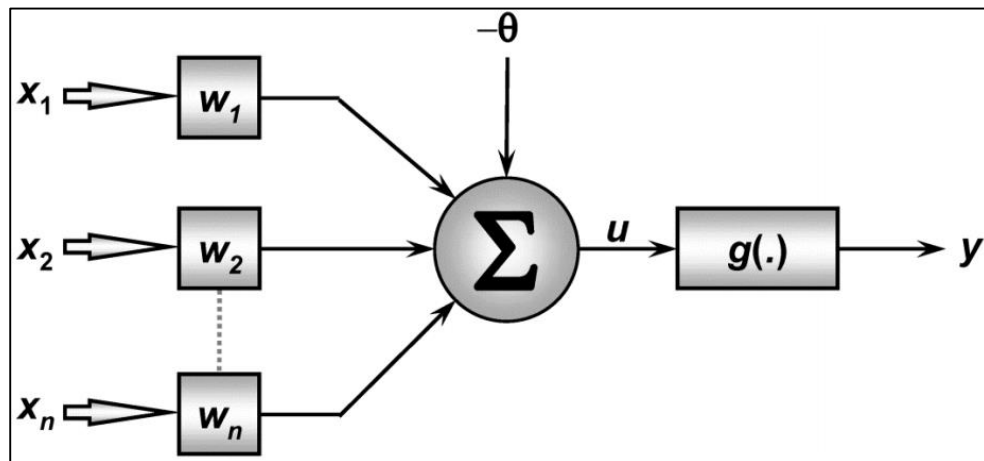
2.2.3 Neurônio artificial

RNAs são modeladas a partir da observação do cérebro humano e são compostas por vários neurônios artificiais. Neurônios artificiais normalmente possuem menos conexões do que neurônios biológicos e as RNAs são, atualmente, significativamente menores do que as redes neurais do cérebro humano, em relação ao número de neurônios (COPPIN, 2012).

A partir do estudo de neurônios biológicos, McCulloch e Pitts (1943) propuseram um modelo de neurônio artificial. Este modelo, segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010), engloba as principais características de uma rede neural biológica, tais como o paralelismo e a alta conectividade, sendo o mais utilizado nas diferentes arquiteturas de RNAs.

O neurônio artificial pode ser implementado conforme mostra a Figura 7. Basicamente, o neurônio artificial conta com n terminais de entrada (dendritos) que recebem os valores x_1, x_2, \dots, x_n (representam as ativações dos neurônios anteriores ou sinais externos) e apenas um terminal de saída y , que representa o axônio de um neurônio biológico (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

Figura 7 - Representação de um neurônio artificial



Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.34).

Segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010, p. 34-35), o neurônio artificial é constituído por sete elementos básicos, os quais são descritos a seguir:

- a) Sinais de entrada $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$: são os sinais oriundos do meio externo e que representam os valores assumidos pelas variáveis de uma aplicação específica. Normalmente, são normalizados para incrementar a eficiência computacional dos algoritmos de aprendizagem;
- b) Pesos sinápticos $\{w_1, w_2, \dots, w_n\}$: são valores que serão utilizados para ponderar cada uma das variáveis de entrada da rede, de modo a quantificar as suas relevâncias em relação à funcionalidade do neurônio;
- c) Combinador linear $\{\Sigma\}$: possui a função de agregar todos os sinais de entrada que foram ponderados pelos seus respectivos pesos sinápticos, permitindo-se produzir um valor de potencial de ativação;
- d) Limiar de ativação $\{\theta\}$: é uma variável que indica qual será o patamar apropriado para que o resultado produzido pelo combinador linear possa gerar um valor de disparo para a saída do neurônio;

- e) Potencial de ativação $\{u\}$: é o resultado da diferença do valor produzido pelo combinador linear e o limiar de ativação;
- f) Função de ativação $\{g\}$: tem o propósito de limitar a saída do neurônio dentro de um intervalo de valores razoáveis a serem assumidos pela sua própria imagem funcional;
- g) Sinal de saída $\{y\}$: é o valor final produzido pelo neurônio em relação ao conjunto de sinais de entrada, podendo ser utilizado pelos neurônios que estejam interligados.

Assim, conforme Silva, Spatti e Flauzino (2010) o resultado do neurônio artificial pode ser definido por:

$$y = g(u) \quad (1)$$

Sendo:

$$u = \sum_{i=1}^n w_i \cdot x_i - \theta \quad (2)$$

Para que uma RNA aprenda, os pesos de cada sinal de entrada (que pode advir do meio externo ou da saída de outro neurônio) podem ser alterados em resposta a conjuntos específicos de entradas e de eventos (COPPIN, 2012). O processo de ajuste dos pesos sinápticos e dos limiares de ativação dos neurônios de uma RNA é denominado seu treinamento ou aprendizado.

2.2.4 Processo de treinamento de uma RNA

O procedimento usual na solução de problemas por meio de RNAs passa inicialmente por uma fase de aprendizagem ou treinamento, na qual um conjunto de exemplos é apresentado para a rede, que extrai as características necessárias para representar a informação fornecida. Posteriormente, essas características são utilizadas para gerar respostas para o problema. (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011). Na visão de Tafner, Xerez e Rodrigues Filho (1995), se uma rede aprende, ela retém o conhecimento. A rede não separa memória de dados armazenados, pois o conhecimento armazenado está distribuído por toda a

rede. Assim como não é possível dissecar um cérebro para extrair conhecimento, projetistas de RNAs não podem simplesmente localizar a informação através da observação de seus neurônios.

Segundo Braga, Carvalho e Ludermir (2011), a etapa de aprendizado de uma RNA consiste em um processo iterativo de ajuste de parâmetros da rede, os pesos sinápticos, que guardam, ao final do processo, o conhecimento que a rede adquiriu do ambiente externo. O objetivo final do processo de treinamento é a generalização de soluções a serem produzidas pelas saídas, cujas respostas representam o sistema físico em que estão mapeando (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O conjunto total das amostras, segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010), é regularmente dividido em dois subconjuntos, que são denominados subconjunto de treinamento e subconjunto de teste. O subconjunto de treinamento é usado no processo de aprendizado da rede, sendo composto com cerca de 60 a 90% do conjunto total. O subconjunto de testes é utilizado para verificar se a generalização da rede já está em um patamar aceitável e é composto por 10 a 40% do conjunto total. Cada apresentação completa de amostras pertencentes ao subconjunto de treinamento, durante sua aprendizagem, é denominada época de treinamento.

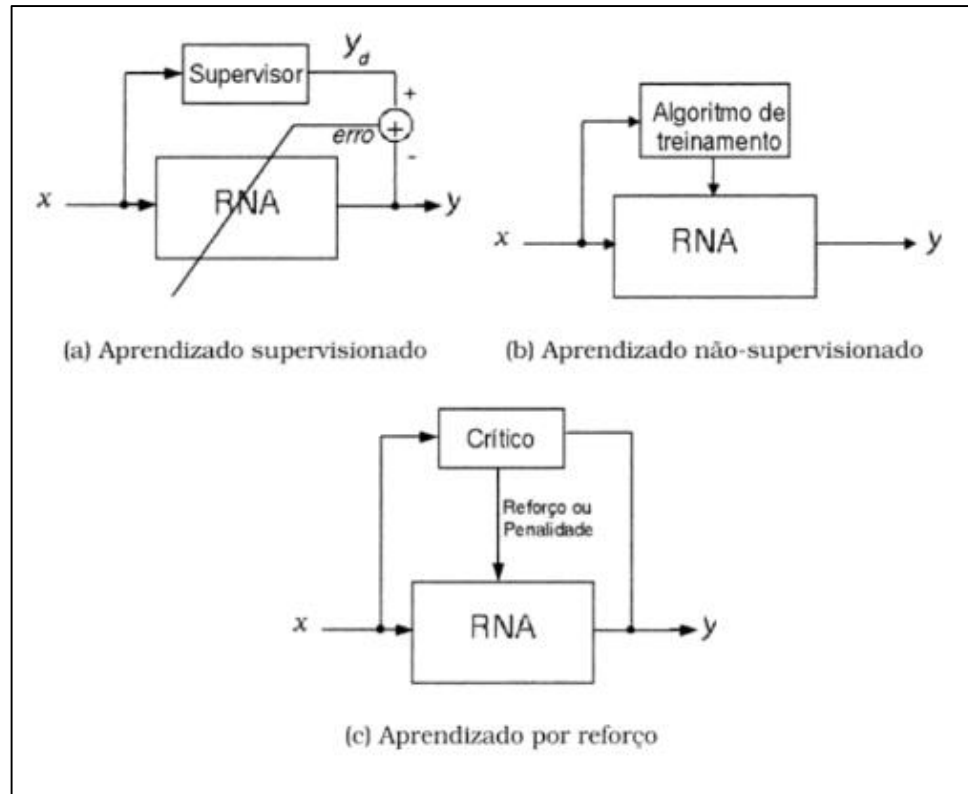
De acordo com Braga, Carvalho e Ludermir (2011), os algoritmos de treinamento diferem, essencialmente, na forma como os pesos sinápticos são calculados. Há vários algoritmos distintos para o treinamento de RNAs, os quais podem ser agrupados, principalmente, nos paradigmas representados na Figura 8.

Na estratégia de treinamento supervisionado (Figura 8(a)), cada amostra é composta pelos sinais de entrada e suas correspondentes saídas. Os pesos sinápticos e limiares são continuamente ajustados mediante a aplicação de ações comparativas, que supervisionam a defasagem entre as respostas produzidas pela rede em relação às desejadas, sendo esta diferença usada no procedimento de ajuste. A rede será considerada treinada quando tal defasagem estiver dentro de valores aceitáveis. Em outras palavras, os parâmetros livres da RNA são ajustados em função de se conhecer anteriormente quais são as saídas desejadas ao sistema analisado (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O treinamento não-supervisionado (Figura 8(b)) é caracterizado pela não existência de saídas desejadas para as entradas, assim, o conjunto de treinamento é formado apenas pelos dados de entrada. Deste modo, não há supervisor externo e o ajuste dos pesos sinápticos é obtido apenas com base nos valores de entrada (REZENDE, 2003). Durante o processo de aprendizagem, as entradas são apresentadas continuamente à rede e a existência de regularidades nestes dados faz com que o aprendizado seja possível. Regularidade e

redundância nos dados de entrada são características essenciais para a aplicação desta estratégia (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

Figura 8 - Paradigmas de aprendizado de RNAs



Fonte: Adaptado de Rezende (2003, p. 151).

O treinamento com reforço (Figura 8(c)) pode ser considerado um paradigma intermediário entre os treinamentos supervisionado e não-supervisionados. O conjunto de treinamento é formado apenas pelos dados de entrada, mas há existência de um crítico externo. Como não há valores de saída desejados para a saída, o crítico, em vez de retornar o erro de saída da rede, retorna um sinal de reforço ou penalidade associado a última ação da rede. Caso a ação tenha acarretado em uma diminuição do desempenho, ela será penalizada, de modo que ocorrerá com menor frequência. Caso a ação tenha resultado uma melhora de desempenho, ela será reforçada, ocorrendo com maior probabilidade em situações futuras (REZENDE, 2003).

2.2.5 Arquiteturas de RNAs

A arquitetura de uma RNA define a maneira como os seus neurônios estão dispostos, uns em relação aos outros. Já a topologia de uma RNA, considerando determinada

arquitetura, pode ser definida como sendo as diferentes formas de composições estruturais que esta poderá assumir (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

As principais arquiteturas de RNAs, segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010, p. 46-50) podem ser divididas em:

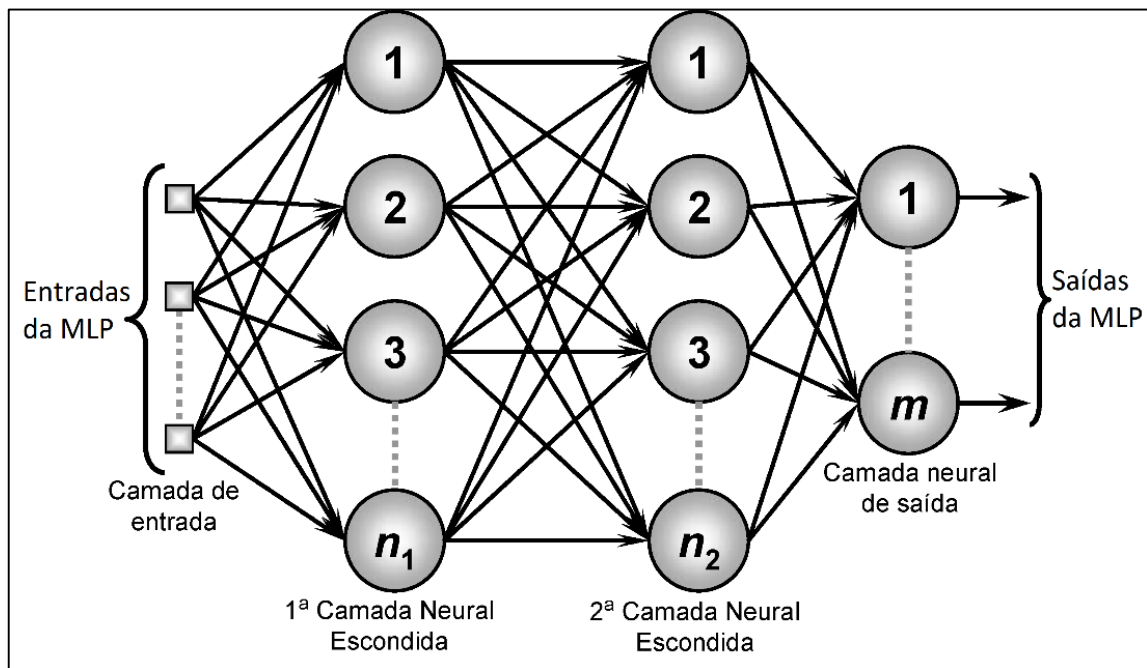
- a) Arquitetura *feedforward* de camada simples: possuem apenas uma camada de entrada de sinais e uma única camada de neurônios, que é também a camada de saída. Os principais exemplos desta arquitetura são as redes *Perceptron* e *Adaline*;
- b) Arquitetura *feedforward* de camadas múltiplas: são constituídas pela presença de uma ou mais camadas escondidas (ocultas) de neurônios. Os principais exemplos desta arquitetura são as redes *Multilayer Perceptron* (MLP) e as redes de base radial;
- c) Arquitetura recorrente ou realimentada: nestas redes, as saídas dos neurônios são realimentadas como sinais de entrada para outros neurônios. Esta arquitetura inclui as redes de Hopfield e redes auto-regressivas com entradas exógenas (NARX).
- d) Arquitetura em estrutura reticulada: nesta arquitetura, a localização espacial dos neurônios está diretamente relacionada com o processo de ajuste de pesos e limiares. O principal exemplo desta arquitetura é a rede de Kohonen.

2.2.6 Redes MLP

Redes *Multilayer Perceptron* (MLP) pertencem à arquitetura *feedforward* de camadas múltiplas, sendo caracterizadas pela presença de pelo menos uma camada intermediária (escondida) de neurônios, situada entre a camada de entrada e a camada neural de saída. Deste modo, redes MLP possuem no mínimo duas camadas de neurônios, os quais estarão distribuídos entre as camadas intermediárias e a camada de saída (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Uma rede MLP com apenas uma camada intermediária pode aproximar qualquer função contínua, enquanto a utilização de duas camadas intermediárias (Figura 9) permite a aproximação de qualquer função (CYBENKO, 1989; DUDA; HART; STORK, 2001). Assim sendo, a maioria dos problemas práticos raramente necessita de mais de uma camada intermediária, sendo necessária apenas quando há descontinuidades na função a ser aproximada (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

Figura 9 - Rede MLP com duas camadas intermediárias



Fonte: Adaptado de Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.92).

Os sinais são apresentados à rede em sua camada de entrada. As camadas intermediárias extraem a maioria das informações referentes ao seu comportamento e as codificam através dos pesos sinápticos e limiares de seus neurônios (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). O processamento realizado por cada neurônio de uma determinada entrada é definido pela combinação dos processamentos realizados pelos neurônios da camada anterior que estão conectados a ele (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011). Os neurônios da camada de saída da rede recebem os estímulos vindos dos neurônios da última camada intermediária, produzindo um padrão de resposta que será a saída disponibilizada pela rede. Desta forma, o conhecimento relacionado ao comportamento entrada/saída do sistema será distribuído por todos os neurônios constituintes a MLP (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

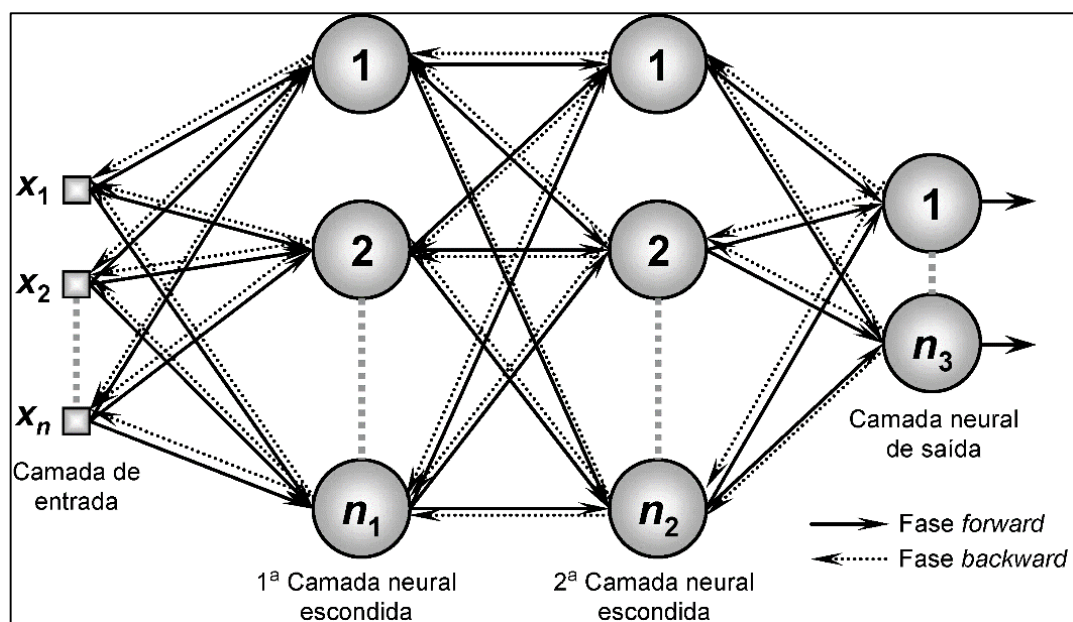
A definição da quantidade de neurônios em cada uma das camadas da rede é importante para seu desempenho e capacidade de generalização. Quanto maior o número de neurônios, maior a complexidade da rede e maior sua abrangência em termos de soluções possíveis. A determinação do número de neurônios é um problema para o qual não existe uma regra geral na literatura, motivando várias pesquisas na área (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

De acordo com Haykin (2001), redes MLP têm sido aplicadas com sucesso na resolução de diversos problemas, através de seu treinamento de forma supervisionada com o algoritmo de retropropagação de erro, também conhecido pelo termo *backpropagation*.

2.2.6.1 Processo de treinamento de uma MLP

O processo de treinamento de redes MLP normalmente é realizado com o algoritmo *backpropagation*, que utiliza pares de entrada e saída para, por meio de um mecanismo de correção de erros, ajustar os pesos e limiares da rede (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011). O treinamento ocorre por meio de aplicações sucessivas de duas fases. Estas fases são denominadas “propagação adiante” (ou *forward*) e “propagação reversiva” (ou *backward*) e ilustradas pela Figura 10 (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Figura 10 - Fases de treinamento de uma rede MLP



Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.94).

Na fase de *forward*, os sinais de uma amostra do conjunto de treinamento são inseridos nas entradas da rede e são propagados camada a camada até a produção das respectivas saídas. Ou seja, a aplicação desta fase objetiva obter as respostas da rede, levando-se em consideração os valores atuais dos pesos sinápticos e limiares dos neurônios. A seguir, são calculados os erros entre as respostas produzidas pela rede e as respostas desejadas (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Em função dos valores destes erros, o algoritmo aplica a fase *backward*, que executa alterações nos pesos sinápticos e limiares de todos os neurônios da rede. Assim, a aplicação sucessiva de ambas as fases faz com que os pesos sinápticos e limiares de neurônios se ajustem em cada iteração, de modo que haja uma gradativa diminuição da soma dos erros produzidos pelas respostas da rede em comparação às desejadas (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Assumindo um conjunto de treinamento composto por “p” amostras, de acordo com Silva, Spatti e Flauzino (2010, p. 99), a medição da evolução do desempenho global do algoritmo *backpropagation* pode ser efetuada por meio da avaliação do Erro Quadrático Médio (MSE - *Mean Squared Error*), definido por:

$$E_M = \frac{1}{p} \sum_{k=1}^p E(k) \quad (3)$$

Onde $E(k)$ é o erro quadrático definido por:

$$E(k) = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n (d_j(k) - Y_j(k))^2 \quad (4)$$

Sendo $Y_j(k)$ o valor produzido pelo j-ésimo neurônio de saída da rede considerando a k-ésima amostra de treinamento e $d_j(k)$ seu valor desejado

O ajuste dos pesos feito pelo algoritmo *backpropagation* é baseado na regra delta, proposta para o treinamento das redes Adaline. A generalização deste algoritmo para redes de múltiplas camadas é conhecida como regra delta generalizada (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011).

O ajuste a ser aplicado em um peso arbitrário w_{ik} que conecta a entrada k ao neurônio i da camada escondida, pode ser definido por:

$$\Delta w_{ik}(n) = -\eta \cdot \frac{\partial E(n)}{\partial w_{ji}(n)} \quad (5)$$

No qual n é o número da iteração, η é uma constante de proporcionalidade correspondente à taxa de aprendizado e $\frac{\partial E(n)}{\partial w_{ji}(n)}$ a derivação da função de erro global em relação

ao peso sináptico w_{ik} na iteração n , que determina a direção de busca no espaço de pesos (BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2011; HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O uso do sinal negativo na equação (5) indica a descida do gradiente no espaço de pesos, ou seja, a busca de uma direção para a mudança de peso que reduza o valor de E_M (HAYKIN, 2001).

2.2.7 Redes NARX

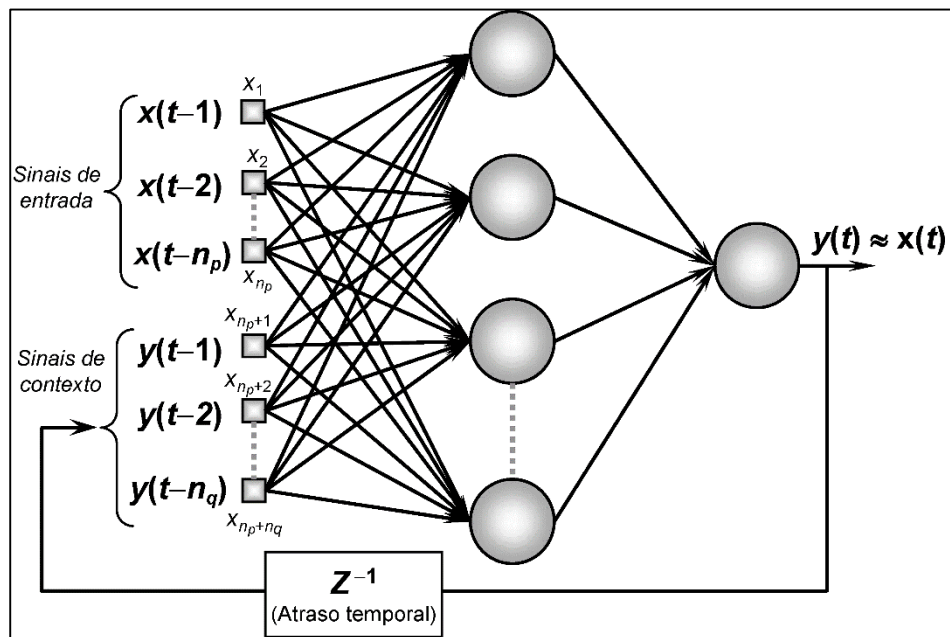
Redes auto-regressivas não-lineares com entradas exógenas (*Nonlinear Auto-regressive with eXogenous inputs* - NARX) pertencem a arquitetura recorrente ou realimentada. Estas redes permitem a recuperação de respostas passadas a partir da realimentação de sinais produzidos em instantes anteriores (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Em um modelo auto-regressivo com entradas exógenas, a predição de valores futuros associados ao comportamento do processo, a partir do instante t , será também baseada em função dos valores anteriores que foram produzidos por suas saídas, ou seja:

$$x(t) = f\left(x(t-1), x(t-2), \dots, x(t-n_p), y(t-1), y(t-2), \dots, y(t-n_q)\right) \quad (6)$$

Onde n_p é a ordem do preditor e indica o número de medidas (amostras) anteriores que serão necessárias para a estimação de $x(t)$. O valor n_q expressa a ordem de contexto, ou seja, a quantidade de saídas passadas que serão também utilizadas na estimação de $x(t)$. Deste modo, após o treinamento da rede, a mesma deve representar de forma indireta a função $f(\cdot)$, a qual estará incumbida de identificar o relacionamento entre as entradas e saídas do sistema (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Nota-se que quando a ordem do preditor é igualada a zero, ou seja, $n_p = 0$, a rede NARX é reduzida a uma rede MLP padrão (MENEZES; BARRETO, 2013). A Figura 11 ilustra uma rede NARX que implementa o processo dinâmico da expressão (6).

Figura 11 - Rede NARX



Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.144).

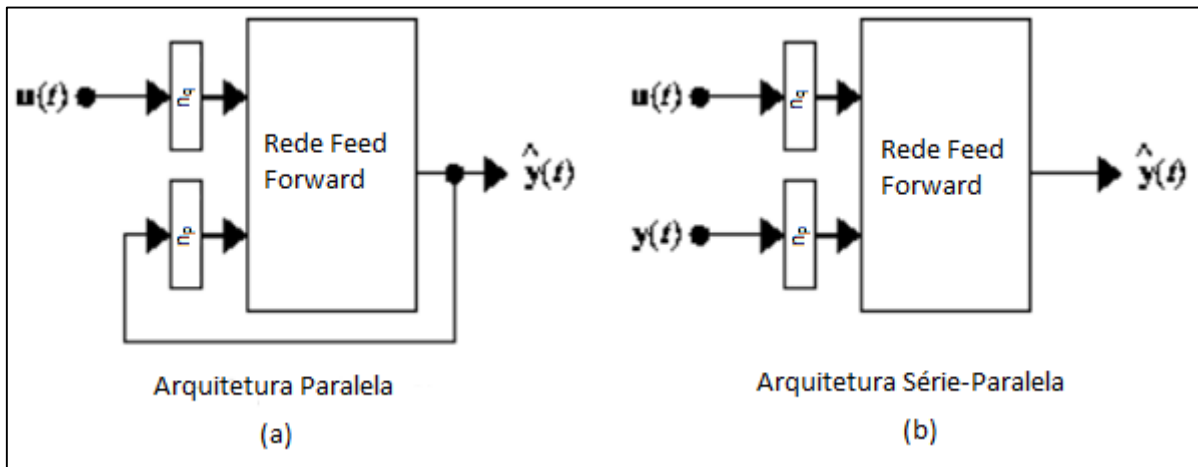
Uma rede NARX executa, implicitamente, o mapeamento entre entradas e saídas de processos que sejam tanto não-lineares como também variantes no tempo. O treinamento de uma rede NARX é efetuado de maneira similar ao de uma MLP, ou seja, promovendo o ajuste dos pesos para minimizar o erro entre o valor esperado e a resposta estimada pela rede (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

De acordo com Menezes e Barreto (2013), o treinamento da rede NARX pode ser realizado com dois modos, de forma que seja levada em consideração a informação dinâmica fornecida pelo laço de realimentação. Estes modos ou arquiteturas, podem ser definidas como:

- Arquitetura paralela, também conhecida como *closed loop*. Neste caso, as saídas estimadas são realimentadas e incluídas no regressor de saída (MENEZES; BARRETO, 2008);
- Arquitetura série-paralela, também conhecida como *open loop*. Neste caso, o regressor de saída é formado apenas pelos valores atuais da saída do sistema (MENEZES; BARRETO, 2008).

A arquitetura padrão de uma rede NARX é a paralela (Figura 12 (a)), na qual a saída calculada é realimentada como entrada em uma rede *feedforward*. Entretanto, como a verdadeira saída está disponível durante o treinamento da rede, é possível criar uma arquitetura série-paralela (Figura 12 (b)), na qual a verdadeira saída é usada ao invés da saída calculada (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2014).

Figura 12 - Rede NARX com arquiteturas paralela e série-paralela



Fonte: Adaptado de Beale, Hagan e Demuth (2014, p. 110).

Uma vantagem de utilizar a arquitetura série-paralela durante o treinamento é que a entrada da rede é mais precisa. Outra vantagem é que a rede resultante é puramente uma rede com arquitetura *feedforward*, assim, os algoritmos baseados em *backpropagation* podem ser utilizados para o treinamento. Após o treinamento, validação e testes serem realizados na arquitetura série-paralela, pode-se transformar a rede na arquitetura paralela para realizar a predição com múltiplos passos à frente (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2014).

2.3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A dengue é considerada a doença viral transmitida por mosquitos que se espalha mais rapidamente no mundo. Nas últimas décadas, sua incidência aumentou 30 vezes com o aumento da expansão geográfica a novos países e das áreas urbanas. Sua incidência está associada a sensibilidade do ciclo reprodutivo dos mosquitos *Aedes* a fatores climáticos como variações de temperatura. Inclusive, sabe-se que a chuva e a temperatura de um determinado mês podem contribuir para explicar o número de casos de dengue de dois meses anteriores.

Para mapear as complexas relações entre os casos de dengue e as variáveis do ambiente que influenciam na sua incidência, podem ser utilizadas Redes Neurais Artificiais, que possuem a capacidade de aprendizado sem a necessidade da compreensão detalhada dos relacionamentos entre as variáveis do modelo. O conhecimento de uma rede neural é adquirido por meio de um processo de aprendizagem, conhecido como treinamento, que determina os pesos das conexões entre seus neurônios.

3 ESTADO DA ARTE

Uma revisão sistemática da literatura foi realizada com o intuito de identificar os modelos e métodos utilizados atualmente para a previsão de casos de dengue. Além disso, a revisão sistemática também buscou as características utilizadas na previsão, incluindo o tempo de antecedência, índices para análise da qualidade da previsão e as variáveis utilizadas pelos modelos.

Após a execução do protocolo de busca da revisão sistemática, apresentado no Apêndice A, foram selecionados sete trabalhos. Nas próximas seções, são elucidados os trabalhos selecionados e comparadas suas principais características que respondem as perguntas de pesquisa da revisão sistemática.

3.1 TRABALHOS SELECIONADOS NA REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA

No Quadro 2 são listados comparativamente os sete artigos de previsão de dengue, selecionados após a execução do protocolo de busca da revisão sistemática. Nesta tabela são descritas a técnica utilizada para a previsão, as variáveis aplicadas aos modelos, o horizonte de previsão (tempo de antecedência) e a métrica utilizada para análise da qualidade da previsão.

Quadro 2 - Comparativo dos trabalhos selecionados na revisão sistemática da literatura

(continua)

Referência	Técnica Utilizada	Variáveis	Tempo de antecedência	Métrica de Erro
Aburas, Cetiner e Sari (2010)	RNAs	Média de temperatura, média de umidade relativa, pluviosidade total, número de casos de dengue confirmados.	1 semana	<i>Rooted Mean Square Error (RMSE)</i>
Dom <i>et al.</i> (2013)	ARIMA	Número mensal de casos de dengue, precipitação, umidade relativa, temperatura mensal (mínima, máxima e média), dias chuvosos.	52, 13 e 4 semanas	RMSE, <i>Mean Absolute Percent Error (MAPE)</i> e <i>Akaike Information Criterion (AIC)</i>
Earnest <i>et al.</i> (2012)	ARIMA e <i>Knorr-Held (K-H)</i>	Número de casos semanais de pacientes infectados com dengue.	1 semana	MAPE

Quadro 2 - Comparativo dos trabalhos selecionados na revisão sistemática da literatura

(conclusão)

Referência	Técnica Utilizada	Variáveis	Tempo de antecedência	Métrica de Erro
Gharbi <i>et al.</i> (2011)	SARIMA	Precipitação acumulada, umidade relativa, temperatura mínima, máxima e média e casos clínicos suspeitos de dengue.	1 ano, 3 meses e 1 mês	AIC, RMSE
Martinez, Silva e Fabbro (2011)	SARIMA	Número mensal de casos de dengue.	1 ano	AIC
Phung <i>et al.</i> (2015)	<i>Standard Multiple Regression (SMR)</i> , SARIMA e <i>Poisson Distributed Lag Model (PDLM)</i>	Número mensal de casos de dengue notificados. Temperatura e umidade mensais máximas, mínimas e médias, precipitação acumulada mensal.	3, 6, 9 e 12 meses	AIC, MAPE
Yu <i>et al.</i> (2011)	<i>Bayesian Maximum Entropy (BME)</i> , modelo de regressão de Poisson	Incidência de dengue semanal observada, temperatura média, máxima e mínima semanal, logaritmo de precipitação, <i>Southern Oscillation Index</i> sobre a área de estudo, média semanal do índice de Breteau representando a abundância de larvas do <i>Aedes aegypti</i> .	1 semana	Apenas comparação gráfica.

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Dentre os trabalhos selecionados na revisão sistemática, 42,85% aplica o modelo SARIMA para a previsão da incidência de dengue (GHARBI *et al.*, 2011; MARTINEZ; SILVA; FABBRO, 2011; PHUNG *et al.*, 2015) e 28,57% utiliza ARIMA (DOM *et al.*, 2013; EARNEST *et al.*, 2012). Os demais trabalhos utilizam técnicas distintas, como RNAs.

Em 85,71% dos artigos supracitados, realiza-se a análise estatística da previsão através de métricas de erro, sendo que 57,14% destes utiliza *Akaike Information Criterion* (AIC) como índice de análise da qualidade da previsão, 42,85% emprega *Root Mean Square Error* (RMSE) e 42,85% utiliza *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE).

As próximas subseções detalham características e abordagens dos trabalhos selecionados pela revisão sistemática.

3.1.1 A SARIMA forecasting model to predict the number of cases of dengue in Campinas, State of São Paulo, Brazil

Martinez, Silva e Fabbro (2011) desenvolvem um modelo SARIMA para descrever e prever a incidência de dengue na cidade de Campinas, São Paulo. O modelo foi ajustado com dados de notificação da doença de 1998 a 2008, que foram utilizados para fazer a estimativa mensal de 2009. Os autores empregaram o AIC para verificar a qualidade de ajuste de diferentes modelos ARIMA. Segundo os autores, o menor valor AIC indica o modelo com melhor ajuste. Os valores observados e estimados pelo modelo SARIMA com o melhor ajuste ($AIC = 269,08$) para o ano de 2009, são comparados na Tabela 1.

Tabela 1 - Casos de dengue observados e estimados no ano de 2009 em Campinas

Mês	Jan.	Fev.	Março	Abril	Maio	Jun.	Jul.	Ago.	Set.	Out.	Nov.	Dez.	Total
Observados	17	29	53	40	25	16	2	3	2	3	3	7	200
Estimados	36,1	47,1	77,6	74,3	33,1	12,1	7,0	6,5	5,8	6,4	5,2	9,8	320,9

Fonte: Adaptado de Martinez, Silva e Fabbro (2011).

Na visão Martinez, Silva e Fabbro (2011), estes resultados indicam que o número de casos de dengue em um dado mês pode ser estimado pelo número de casos ocorridos há um, dois e doze meses. Apesar dos resultados positivos, os autores destacam que previsões mais precisas poderiam ser realizadas caso incluíssem variáveis meteorológicas, considerando o impacto das mudanças climáticas sobre a transmissão da dengue.

3.1.2 Time series analysis of dengue incidence in Guadeloupe, French West Indies: Forecasting models using climate variables as predictors

No estudo de Gharbi *et al* (2011), o método estatístico SARIMA é modelado com dados de suspeita de dengue de 2000 a 2006 em Guadalupe, para calcular a incidência da doença no ano de 2007. Foram aplicadas abordagens univariadas com horizonte de previsão de um ano, três meses e um mês. Destas abordagens, os melhores resultados apareceram com a antecedência de três meses, a qual teve o RMSE de 0,85.

Além disso, os autores também incorporam variáveis meteorológicas (precipitação, temperatura e umidade relativa) como regressores externos para prever o ano de 2007. A Tabela 2 apresenta os erros AIC e RMSE obtidos ao aplicar o modelo SARIMA univariado e com diferentes variáveis climáticas para previsões com três meses de antecedência.

Tabela 2 - Resultados do modelo SARIMA para previsão de dengue em Guadalupe

Modelo SARIMA	AIC	RMSE
Modelo univariado	951	0,85
Umidade relativa	951	0,76
Temperatura mínima	950	0,72
Temperatura média	948	0,74

Fonte: Adaptado de Gharbi *et al* (2011).

Os resultados mostraram que a temperatura e umidade relativa foram fatores determinantes na previsão, mas a utilização de dados de precipitação não gerou resultados significativos.

3.1.3 Identification of the prediction model for dengue incidence in Can Tho city, a Mekong Delta area in Vietnam

Phung *et al.* (2015) utilizam e comparam os modelos *Standard Multiple Regression* (SMR), SARIMA e *Poisson Distributed Lag Model* (PDLM) para examinar a associação entre fatores climáticos e da incidência de dengue no período 2003-2010, em Can Tho (Vietnã). Estes modelos de previsão de casos de dengue foram validados com dados do período de janeiro a dezembro de 2011 utilizando a métrica de erro MAPE.

De acordo com os autores, os casos de dengue passados, a temperatura mínima, umidade mínima, precipitação acumulada, sazonalidade e tendência explicaram 84% da variação da distribuição mensal da dengue. Em todos os modelos utilizados, os resultados indicaram que a temperatura e a umidade relativa do ar estão significativamente associadas com a incidência da dengue, mas não houve associação perceptível com a precipitação acumulada. A Tabela 3 compara os resultados obtidos com os modelos SARIMA, PLDM e SMR para a previsão da dengue com antecedência de 3, 6, 9 e 12 meses.

Tabela 3 - Comparação entre os modelos SARIMA, PLDM e SMR na previsão de dengue

Modelo	Período de predição (meses)	MAPE
SMR	0-3	0,15
	0-6	0,29
	0-9	0,50
	0-12	0,67
SARIMA	0-3	0,02
	0-6	0,33
	0-9	0,34
	0-12	0,27
PDLM	0-3	0,20
	0-6	0,15
	0-9	0,12
	0-12	0,09

Fonte: Adaptado de Phung *et al.* (2015).

O modelo PDLM gerou a melhor previsão de casos de dengue com antecedência de 6, 9 e 12 meses, além de prever um surto da doença. Por sua vez, o modelo SARIMA teve a melhor previsão com antecedência de 3 meses. Em contrapartida, o SMR realizou uma previsão altamente imprecisa (PHUNG *et al.*, 2015).

3.1.4 Generating temporal model using climate variables for the prediction of dengue cases in Subang Jaya, Malaysia

Dom *et al.* (2013) descrevem a aplicação do modelo ARIMA para a previsão de casos de dengue em Subang Jaya, na Malásia. Os dados utilizados na modelagem incluíram o período de 2005 a 2009, para prever o ano de 2010. Foram utilizadas três abordagens com diferentes horizontes de previsão: 52, 13 e 4 semanas de antecedência. O estudo realiza uma correlação cruzada entre a incidência de dengue e variáveis climáticas, a fim de identificar variáveis significativas para serem incluídas como regressores externos.

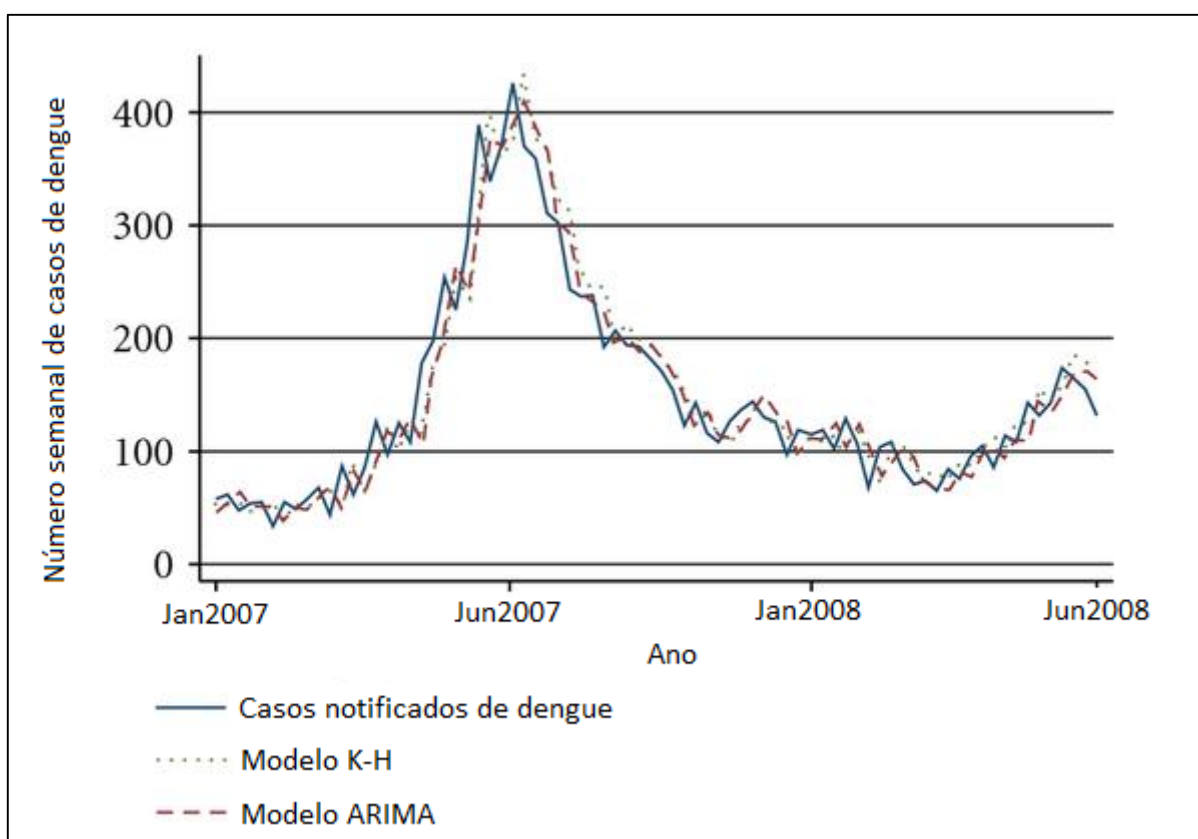
O modelo com melhor ajuste com os dados de 2005 a 2009 teve o MAPE igual a 16,858 e seu valor AIC igual a 360,093. Neste modelo, a abordagem com 4 semanas de antecedência apresentou a melhor diferença entre os valores observados e previstos, tendo RMSE igual a 0,61.

3.1.5 Comparing Statistical Models to Predict Dengue Fever Notification

Earnest *et al.* (2012) comparam os modelos estatísticos ARIMA e *Knorr-Held* (K-H) para prever a dengue em Singapura. Os dados de janeiro de 2001 a dezembro de 2006 foram utilizados no desenvolvimento dos modelos e dados de janeiro de 2007 a junho de 2008 foram usados para validá-los.

A previsão de ambos os modelos foi realizada com uma semana de antecedência, usando apenas dados anteriores de casos de dengue. Em geral, o modelo K-H teve uma precisão ligeiramente melhor do que o modelo ARIMA, com MAPE de 17,21 e 15,54, respectivamente. Uma comparação gráfica entre as previsões é demonstrada pelo Gráfico 2.

Gráfico 2 - Comparação entre os modelos K-H e ARIMA para previsão de dengue



Fonte: Adaptado de Earnest *et al.* (2012).

Segundo Earnest *et al.* (2012), ambos os modelos previram bem a incidência de dengue, tendo o modelo K-H um desempenho levemente superior. Além disso modelos ARIMA são relativamente mais rápidos de implementar e executar, enquanto o modelo K-H é sensível a escolhas antecedentes, o que precisa ser feito com cuidado antes da realização do estudo.

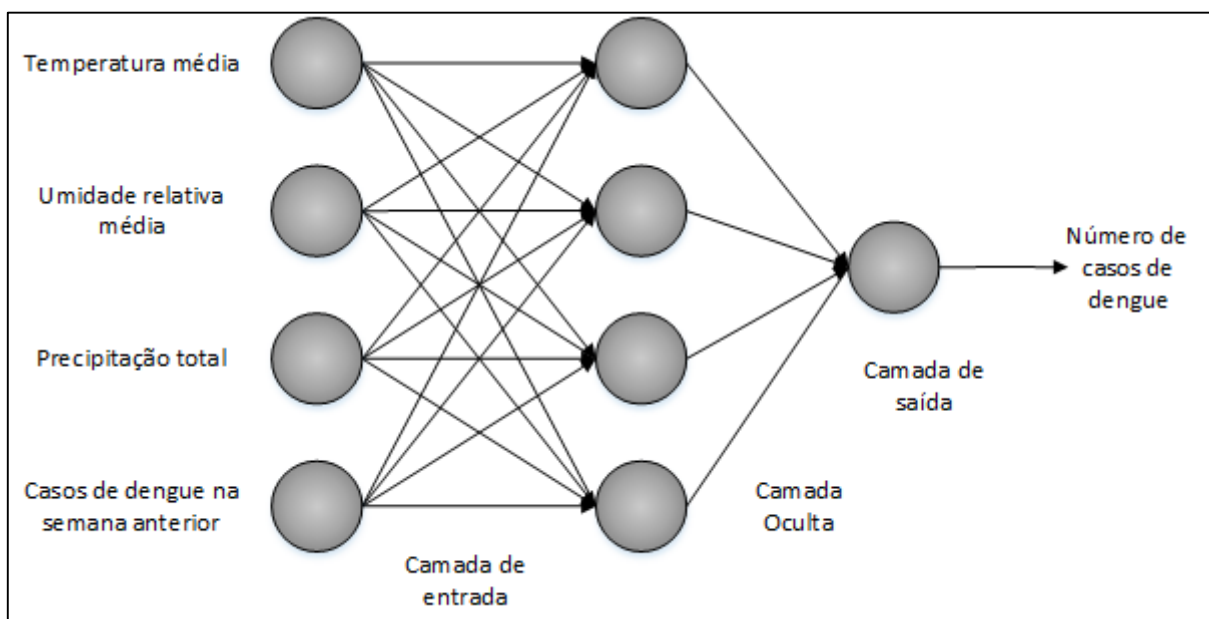
3.1.6 Dengue confirmed-cases prediction: A neural network model

Aburas, Cetiner e Sari (2010) propõem a previsão de casos confirmados de dengue com RNAs com dados de temperatura média, umidade relativa média, precipitação total e casos reportados de dengue. Os autores argumentam que uma vantagem das RNAs é que não há necessidade que uma base de conhecimento e regras sejam definidas de forma explícita, pois uma RNA aprende com os exemplos dados.

Os dados utilizados neste estudo abrangeram um período de seis anos, da primeira semana de 2001 até a décima sétima semana de 2007. O conjunto de treinamento da rede consistiu em 104 semanas de dados, enquanto que dados de 226 semanas foram usados para validar o modelo e testar a performance da RNA.

Todos os modelos de RNA empregados por Aburas, Cetiner e Sari (2010) tinham três camadas: camada de entrada, escondida e de saída. A rede inicial possuía apenas três parâmetros de entrada, sendo eles a temperatura média, umidade relativa média e precipitação total, entretanto estes três parâmetros não produziram bons resultados e a rede falhou em prever um surto de dengue em 2005. Assim, o número de casos reportados da doença na semana anterior foi adicionado como quarto parâmetro de entrada. Os autores optaram por utilizar quatro neurônios na camada escondida. A Figura 13 mostra a estrutura da RNA adotada no estudo.

Figura 13 - Estrutura de RNA proposta para previsão de dengue



Fonte: Adaptado de Aburas, Cetiner e Sari (2010).

O modelo foi bastante efetivo para prever o número de casos confirmados de dengue, com exceção em cinco semanas consecutivas quando houve um surto da doença, em 2005.

3.1.7 A spatio-temporal climate-based model of early dengue fever warning in southern Taiwan

O estudo de Yu *et al.* (2011) propõe uma abordagem espaço-temporal para previsão da dengue hemorrágica, baseada na análise estocástica *Bayesian Maximum Entropy* (BME). Além disso, os autores utilizam um modelo de regressão de Poisson para compor um domínio de espaço-tempo. A análise BME foi utilizada com dados semanais de 2002 a 2006 referentes a incidência de dengue e variáveis climáticas selecionadas.

Os resultados do estudo mostraram que os surtos de dengue hemorrágica são fortemente influenciados por fatores climáticos. Além disso, a abordagem utilizada pode prover avisos com uma semana de antecedência baseada na distribuição espaço-temporal da doença.

4 ÁREAS DE ESTUDO

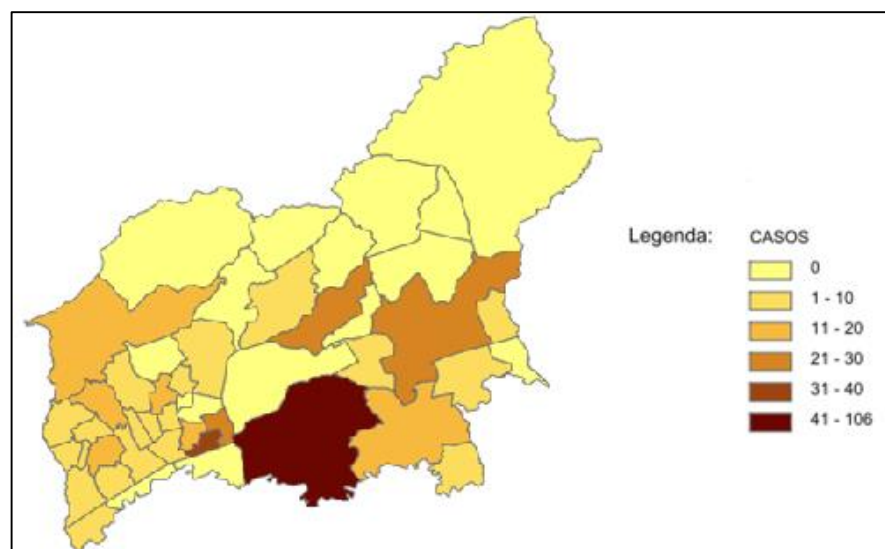
As áreas de estudo escolhidas foram os municípios de Guarulhos – São Paulo e Itajaí – Santa Catarina. As próximas subseções descrevem as características destes municípios e justificam sua escolha para este estudo.

4.1 GUARULHOS

A cidade de Guarulhos pertence à Grande São Paulo, região economicamente mais importante do Brasil. O Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) estima que a população total de Guarulhos no ano de 2015 foi de 1.324.781 habitantes. Por esta razão, Guarulhos está posicionada como a segunda cidade mais populosa do Estado de São Paulo e a 12ª mais populosa do Brasil (GUARULHOS, 2016; IBGE, 2016a). A densidade demográfica do município, no ano de 2010, foi de 3.832,51 habitantes/km². É uma cidade completamente urbanizada, tendo grau de urbanização calculado em 100% (IBGE, 2016a).

O município Guarulhos é acometido pela dengue desde a década de 90, período no qual, provavelmente, houve a instalação definitiva do *Aedes aegypti* no Estado de São Paulo. Um estudo da dengue neste município entre os anos de 2002 a 2005 observou que, nos meses de fevereiro a maio, o número de casos da doença supera a média anual, enquanto que entre junho a janeiro a quantidade de casos permanece abaixo da média (MANSO, 2006). A Figura 14 ilustra a distribuição dos casos notificados de dengue no município em 2003.

Figura 14 - Distribuição dos casos notificados de dengue nos bairros de Guarulhos em 2003



Fonte: Adaptado de Mansho (2006).

Nos últimos anos, a quantidade anual de casos de dengue em Guarulhos tem aumentado, conforme é possível visualizar no Gráfico 3. No ano de 2015, foram reportados e confirmados 25.763 casos da doença no município, o que significa um crescimento alarmante de 376% no número de casos em relação ao ano anterior.

Gráfico 3 - Quantidade de casos de dengue por ano em Guarulhos (2011-2015)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A alta urbanização de Guarulhos é um dos fatores que intensifica a ocorrência de dengue no município, uma vez que a urbanização sem uma adequada estrutura de saneamento contribui tanto na dispersão do vetor quanto na disseminação dos sorotipos da infecção (RIBEIRO *et al.*, 2006). O panorama da dengue em Guarulhos ressalta a importância de medidas para seu controle e mitigação.

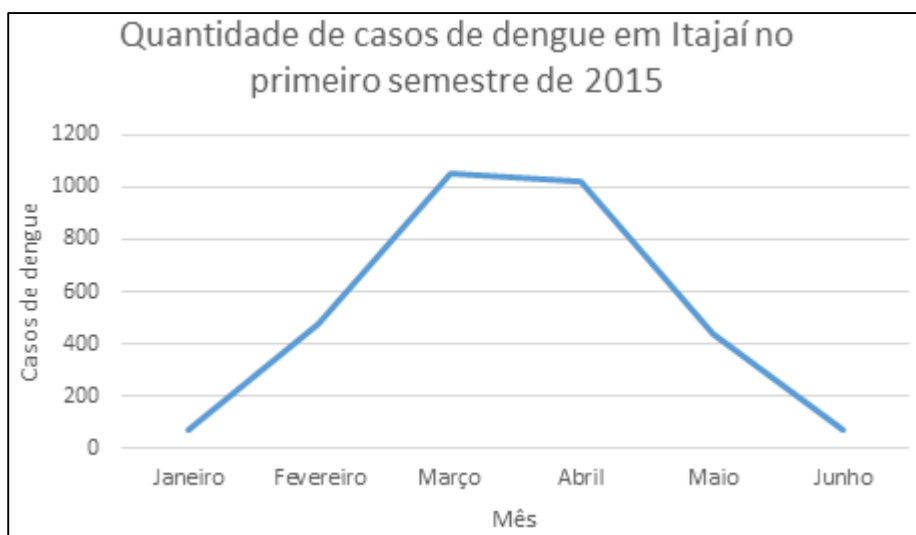
4.2 ITAJAÍ

A cidade de Itajaí é uma cidade litorânea, situada no Vale do Itajaí, norte de Santa Catarina. Sua população estimada para o ano de 2015 foi de 205.271 habitantes. A densidade demográfica do município, no ano de 2010, foi de 636,11 habitantes/km², sendo que cerca de 94,6% da população vive na área urbana (IBGE, 2016b).

Itajaí é um dos 27 municípios catarinenses que apresentou manutenção e presença disseminada do vetor da dengue, ou seja, com infestação da doença. Em 2015, o município de Itajaí registrou a primeira epidemia de dengue no estado, com registro de mais de 3.244 casos

autóctones da doença (DIVE, 2015). O Gráfico 4 apresenta a distribuição da quantidade de casos de dengue em Itajaí por mês no primeiro semestre de 2015.

Gráfico 4 - Quantidade de casos de dengue em Itajaí no primeiro semestre de 2015



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A Vigilância Epidemiológica de Itajaí estabelece medidas de prevenção e controle de doenças e agravos. Sua função é coletar informações epidemiológicas regularmente através dos pacientes com doenças infectocontagiosas e planejar ações globais direcionadas (ITAJAÍ, 2016).

Dentro das divisões da Vigilância Epidemiológica, há o Programa de Controle da Dengue. Por meio deste programa, agentes de endemias percorrem a cidade periodicamente para monitorar uma rede de 600 armadilhas de detecção de larvas positivas para a dengue. Além disso, o programa orienta moradores sobre a necessidade de evitar a formação de acúmulo de água parada (ITAJAÍ, 2016).

5 DESENVOLVIMENTO

Neste capítulo são detalhados os dados disponíveis, sua forma de obtenção e os tratamentos realizados antes de realizar os testes e treinamentos das redes neurais. A seguir, é elucidada a técnica de validação cruzada empregada.

Este capítulo também descreve os recursos utilizados, incluindo o *software* utilizado nas simulações, as funções de ativação e os algoritmos de treinamento. São apresentados os modelos de RNAs utilizados e os parâmetros alterados durante os treinamentos. Por fim, são apresentados os índices para análise da qualidade da previsão.

5.1 DADOS DISPONÍVEIS

Nas próximas subseções, são descritos os dados meteorológicos e de casos confirmados de dengue dos municípios de Itajaí e Guarulhos disponíveis para a modelagem, treinamento e teste das RNAs.

5.1.1 Itajaí

As amostras de dados para a aplicação das RNAs para Itajaí - Santa Catarina (SC) são constituídas de cinco atributos de entrada e um de saída. Os dados meteorológicos disponíveis na região foram obtidos através de contato, por e-mail, com o Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). Os dados disponibilizados são da estação de medição automática de Itajaí, cujas informações são exibidas na Tabela 4.

Tabela 4 - Dados da Estação de Itajaí

Estação de Itajaí - SC	
Altitude	10m
Latitude	-26,95°
Longitude	-48,76°

Fonte: INMET⁶

⁶ INMET. Estações Automáticas. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=estacoes/estacoesAutomaticas>. Acesso: 18 de junho de 2016.

A base de dados meteorológicos consiste em dados mensais de julho de 2010 a junho de 2015 referentes a precipitação total (mm), temperatura máxima (°C), temperatura mínima (°C), temperatura média do ar (°C) e umidade relativa média do ar (%).

A quantidade mensal de casos confirmados de dengue em Itajaí foi obtida através dos sistemas TABNET⁷ (dados de julho de 2010 a dezembro de 2012) e SINAN - Sistema de Informação de Agravos de Notificação⁸ (dados de janeiro de 2013 a junho de 2015). Os dados obtidos não possuíam divisão em relação a origem da doença. Deste modo, os casos confirmados de dengue no município de Itajaí incluem tanto casos autóctones⁹ quanto casos importados.

5.1.2 Guarulhos

As amostras de dados para a aplicação das RNAs para Guarulhos – São Paulo (SP) são constituídas de cinco atributos de entrada e um de saída. Os dados meteorológicos disponíveis na região foram obtidos através do Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa (BDMEP), do INMET. Os dados disponibilizados são da estação de medição automática de Guarulhos, cujas informações são exibidas na Tabela 5.

Tabela 5 - Dados da Estação de Guarulhos

Estação de Guarulhos - SP	
Altitude	735m
Latitude	-23,43°
Longitude	-46,46°

Fonte: INMET¹⁰

A base de dados meteorológicos consiste em dados mensais de janeiro de 2009 a novembro de 2014 referentes a precipitação total (mm), temperatura máxima média (°C), temperatura compensada média (°C), temperatura mínima média (°C) e umidade relativa média (%).

⁷ DATASUS. Informações de Saúde. Disponível em: <<http://www2.datasus.gov.br>>. Acesso: junho de 2016.

⁸ SINAN. Disponível em: <<http://sinan.saude.gov.br/sinan>>. Acesso: 20 de junho de 2016.

⁹ Um caso de dengue autóctone é originário da região onde se manifesta.

¹⁰ INMET. Dados Históricos. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>>. Acesso: 18 de junho de 2016.

A quantidade mensal de casos confirmados de dengue em Guarulhos foi obtida através do portal do Centro de Vigilância Epidemiológica “Prof. Alexandre Vranjac” (CVE)¹¹ e corresponde ao período de janeiro de 2009 a novembro de 2014. Para este estudo, foram selecionados apenas os dados quantitativos referentes aos casos autóctones de dengue na cidade, com o objetivo de alcançar maior correlação com as variáveis climáticas da região.

5.2 TRATAMENTO DOS DADOS

Os dados obtidos foram dispostos em uma planilha e organizados em seis colunas, sendo cada linha uma amostra de treinamento. A Figura 15 exibe os dados utilizados inicialmente como entrada e saída das RNAs para previsão de Itajaí (a) e Guarulhos (b). Como não houve disponibilidade dos mesmos dados para ambas as regiões, as variáveis empregadas como entrada de dados diferem.

Figura 15 - Disposição dos dados para treinamento das RNAs

(a) Itajaí Entradas					Saída
Precipitação total	Temperatura Máxima	Temperatura Mínima	Temperatura do Ar Média	Umidade Relativa Média	Casos confirmados de dengue
(b) Guarulhos Entradas					Saída
Precipitação total	Temperatura Máxima Média	Temperatura Compensada Média	Temperatura Mínima Média	Umidade Relativa Média	Casos confirmados de dengue

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Para encontrar o melhor ajuste de variáveis de entrada, foram modeladas RNAs com diferentes conjuntos de entrada, por exemplo, removendo dados que pudessem não influenciar no número de casos da doença. Além disso, considerando que, conforme pautado na seção 2.1.2, fatores climáticos de um determinado mês contribuem para explicar a incidência de dengue em meses posteriores, foram elaborados conjuntos de entrada com dados de meses anteriores.

¹¹ CVE. Disponível em: <<http://www.cve.saude.sp.gov.br>>. Acesso: 20 de junho de 2016.

5.2.1 Normalização dos dados

Após a disposição dos dados em uma planilha, foi realizada a normalização dos dados. Este processo objetiva escalonar as amostras de dados para a faixa de valores dinâmica das funções de ativação das camadas escondidas, de modo a evitar a saturação dos neurônios (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). De acordo com Baghirli (2015), a etapa de normalização dos dados ocorre porque se os valores de entrada originais alimentarem o neurônio, o processo de integração dos valores pode gerar resultados muito elevados, fazendo com que a função de ativação apresente baixo desempenho frente a situações em que ocorrem pequenas alterações nos dados de entrada, perdendo, assim, sua sensibilidade. As funções de ativação das camadas intermediárias empregadas neste estudo são descritas na seção 5.4.1 e seus valores de saída pertencem aos intervalos de 0 a 1 e de -1 a 1, por esta razão, os dados foram normalizados para ambos os intervalos.

Para converter os valores para um domínio proporcional entre 0 e 1, foi adotado um método de normalização geralmente utilizado no treinamento e testes de uma RNA, o qual pode ser descrito pela seguinte expressão:

$$y = \frac{x - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \quad (7)$$

Onde, y é o valor normalizado, x é o valor original, x_{\max} e x_{\min} são os valores máximo e mínimo na amostra de dados (ZHANG; YOU, 2015).

Para dimensionar os dados no intervalo -1 a 1, é possível utilizar a seguinte equação:

$$y = \frac{2 \cdot (x - x_{\min})}{x_{\max} - x_{\min}} - 1 \quad (8)$$

Sendo, novamente, y o valor normalizado, x o valor original, x_{\max} e x_{\min} os valores máximo e mínimo na amostra de dados (DEMUTH; BEALE, 2002).

Todos os atributos de entrada e saída empregados nas RNAs foram normalizados individualmente para ambos intervalos, levando em consideração seus respectivos valores máximos e mínimos dentro do conjunto de dados disponíveis.

Depois dos conjuntos de dados normalizados serem processados pela RNA, a saída da rede deve passar pelo procedimento de desnormalização (BAGHIRLI, 2015). Os dados normalizados no intervalo de 0 a 1 podem ser desnormalizados por meio da seguinte equação:

$$x = y \cdot (x_{\max} - x_{\min}) + x_{\min} \quad (9)$$

Onde y é o dado normalizado, x é o dado desnormalizado e x_{\max} e x_{\min} são os valores máximo e mínimo do conjunto de dados antes da normalização (BAGHIRLI, 2015).

Para realizar o processo de desnormalização com dados normalizados no intervalo de -1 a 1, pode-se utilizar a seguinte equação:

$$x = \frac{(y + 1) \cdot (x_{\max} - x_{\min}) + x_{\min}}{2} \quad (10)$$

Sendo, y o dado normalizado, x o dado desnormalizado e x_{\max} e x_{\min} os valores máximo e mínimo do conjunto de dados antes da normalização (DEMUTH; BEALE, 2002).

5.3 VALIDAÇÃO CRUZADA

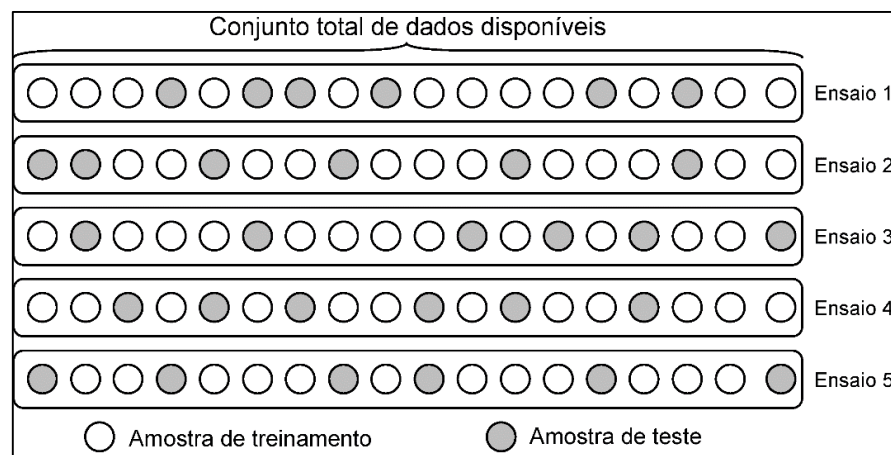
O propósito da validação cruzada (*cross-validation*) é avaliar a aptidão de cada topologia de rede neural quando aplicada a um conjunto de dados que seja diferente daquele usado no ajuste de seus parâmetros internos (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). A validação cruzada permite a estimativa do erro de predição de um modelo, através da utilização de parte dos dados para validação (teste) do modelo (TOMITA *et al.*, 2004). Neste estudo, adotou-se o método de validação cruzada por amostragem aleatória (*random subsampling cross-validation*).

No método de validação cruzada por amostragem aleatória, o conjunto total de dados disponíveis é aleatoriamente dividido em duas partes, as quais são denominadas subconjunto de treinamento e subconjunto de teste (validação). O subconjunto de treinamento será utilizado para treinar todas as topologias de RNAs candidatas, enquanto que o subconjunto de teste é aplicado somente para selecionar a topologia com melhores resultados de generalização (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Deste modo, 70% do conjunto total de dados disponíveis foi aleatoriamente escolhido para o subconjunto de treinamento. Por sua vez, os dados restantes (30%) integraram o

subconjunto de teste e validação. O particionamento entre os dois conjuntos foi repetido 50 vezes para cada topologia de rede neural. Esta estratégia permite, em cada ensaio, a possibilidade de contemplação de amostras diferentes tanto no subconjunto de treinamento como no de teste (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). A Figura 16 exemplifica a estratégia de seleção de amostras de treinamento e testes, conforme o método de validação cruzada por amostragem aleatória.

Figura 16 - Método de validação cruzada por amostragem aleatória



Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.148).

5.4 RECURSOS UTILIZADOS

As RNAs foram construídas, treinadas e testadas por meio do *toolbox* de Redes Neurais do *software* Matlab. Por esta razão, empregou-se a nomenclatura do *software* para se referir às funções de ativação e aos algoritmos de treinamento.

5.4.1 Função de ativação

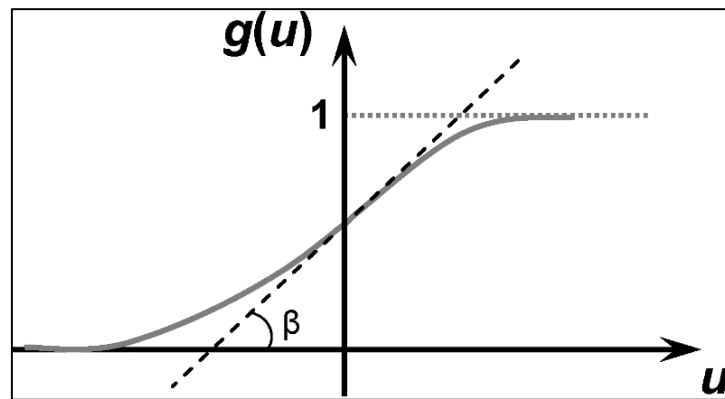
As funções de ativação empregadas neste trabalho são totalmente diferenciáveis, ou seja, suas derivadas de primeira ordem existem e são conhecidas em todos os pontos de seu domínio de definição (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Nas camadas escondidas, tanto para as redes NARX como para as redes MLP, foram empregadas a função tangente hiperbólica e função logística. Estas funções de ativação são as mais comumente utilizadas em trabalhos recentes (KOVÁCS, 2006).

A função logística (LOGSIG), cujo resultado de saída produzido assumirá sempre valores reais entre zero e um, pode ser definida por:

$$g(u) = \frac{1}{1 + e^{-\beta \cdot u}} \quad (11)$$

Sendo β uma constante real associada ao nível de inclinação da função frente ao seu ponto de inflexão (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). A função logística é representada graficamente na Figura 17.

Figura 17 - Função de ativação logística



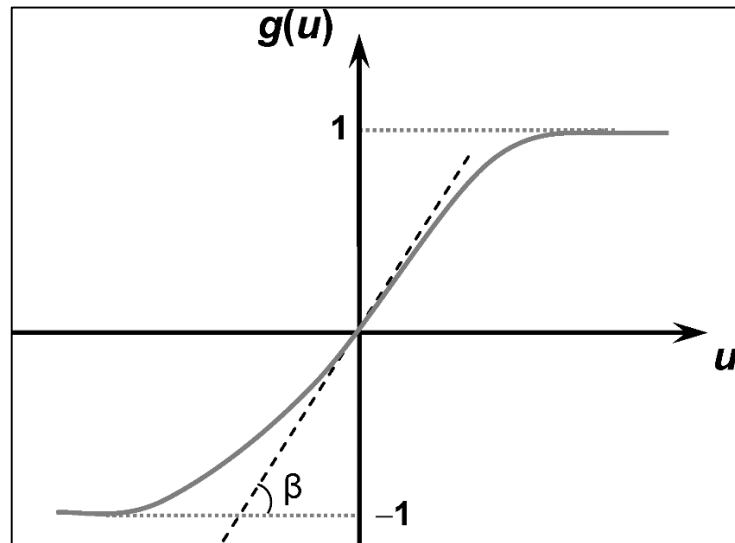
Fonte: Adaptado de Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.39).

Por sua vez, a função tangente hiperbólica (TANSIG), cujo resultado de saída assume valores reais entre -1 e 1, é definida por:

$$g(u) = \frac{1 - e^{-\beta \cdot u}}{1 + e^{-\beta \cdot u}} \quad (12)$$

Sendo β , assim como na função logística, associado ao nível de inclinação da função em relação ao seu ponto de inflexão (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). A função tangente hiperbólica é representada graficamente pela Figura 18.

Figura 18 - Função de ativação tangente hiperbólica



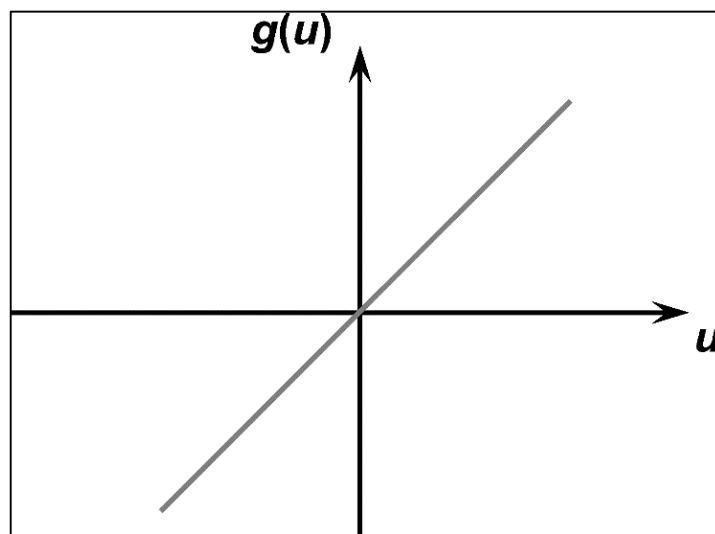
Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.40).

Nas camadas de saída das RNAs, foi utilizada a função de ativação linear (PURELIN). Segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010), esta função produz resultados de saída idênticos aos valores de potencial de ativação e pode ser definida por:

$$g(u) = u \quad (13)$$

A representação gráfica da função linear é ilustrada pela Figura 19.

Figura 19 - Função de ativação linear



Fonte: Silva, Spatti e Flauzino (2010, p.42).

5.4.2 Algoritmos de treinamento

De acordo com Silva, Spatti e Flauzino (2010), diversas variações do algoritmo de treinamento *backpropagation* têm sido propostas com o objetivo de tornar o processo de convergência dos pesos da RNA mais eficiente. Dentre estas variações, tem-se o algoritmo de Levenberg-Marquardt e algoritmo de Regularização Bayesiana, os quais foram adotados neste estudo.

5.4.2.1 Algoritmo de Levenberg-Marquardt

O algoritmo de Levenberg-Marquardt (TrainLM) surgiu com o objetivo de reduzir o tempo de convergência e diminuir o esforço computacional requerido pelo algoritmo *backpropagation* (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). De acordo com Beale, Hagan e Demuth (2014), o TrainLM é geralmente o método de treinamento mais rápido para redes *feedforward* disponível no Matlab.

O algoritmo de Levenberg-Marquardt é um método gradiente de segunda ordem, baseado no método dos mínimos quadrados para modelos não lineares e pode ser incorporado ao algoritmo *backpropagation* a fim de potencializar a eficiência do processo de treinamento (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Este algoritmo é uma modificação ao método de Gauss-Newton e sua regra de atualização de um peso Δw é:

$$\Delta w = (J^T J + \mu I)^{-1} J^T e \quad (14)$$

Onde J é a matriz Jacobiana das derivadas de cada erro para cada peso, μ é um escalar, e é o vetor dos erros e I é a matriz identidade. Quando o valor de μ for muito grande, o algoritmo aproxima-se do gradiente descendente, enquanto que quando seu valor for muito pequeno, o algoritmo torna-se o método de Gauss-Newton (ANDRADE *et al.*, 2001; HAGAN; MENHAJ, 1994).

Durante o treinamento, o valor de μ é decrescido após cada passo bem-sucedido, no qual houve redução do erro e incrementado apenas quando uma tentativa de passo poderia aumentar o erro. Deste modo, o erro é reduzido em cada iteração do algoritmo (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2016).

Em muitos casos, TrainLM é capaz de obter menores erros quadráticos médios do que qualquer um dos outros algoritmos. No entanto, como o número de pesos na rede aumenta,

sua vantagem diminui. Este método tende a ser menos eficiente em redes volumosas (com milhares de pesos), pois nestes casos o algoritmo requer mais memória e tempo computacional (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2014).

5.4.2.2 Algoritmo de Regularização Bayesiana

Uma das dificuldades na elaboração de um modelo de RNA é determinar o número de neurônios na camada oculta. Neurônios em excesso podem levar a uma situação conhecida como *overfitting* (memorização excessiva) e, inversamente, uma rede com um número insuficiente de neurônios na camada oculta terá dificuldade em aprender. Para resolver esta situação, o algoritmo de Regularização Bayesiana (TrainBR) foi desenvolvido (TIEN BUI *et al.*, 2012).

O método TrainBR atualiza os valores dos pesos sinápticos e limiares de acordo com a otimização de Levenberg-Marquardt e, em seguida, determina a combinação correta que produza uma rede com uma boa capacidade de generalização, através da aplicação do teorema de Bayes para estimar os parâmetros de distribuição (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2016; HIRSCHEN; SCHÄFER, 2006).

A Regularização Bayesiana automaticamente seleciona os parâmetros de regularização e integra as propriedades de alta velocidade de convergência do algoritmo de *backpropagation* tradicional com informações estatísticas bayesianas. Para aumentar a capacidade da RNA, a Regularização Bayesiana inclui a seguinte equação:

$$F = \beta E_D + \alpha \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N w_i^2 \quad (15)$$

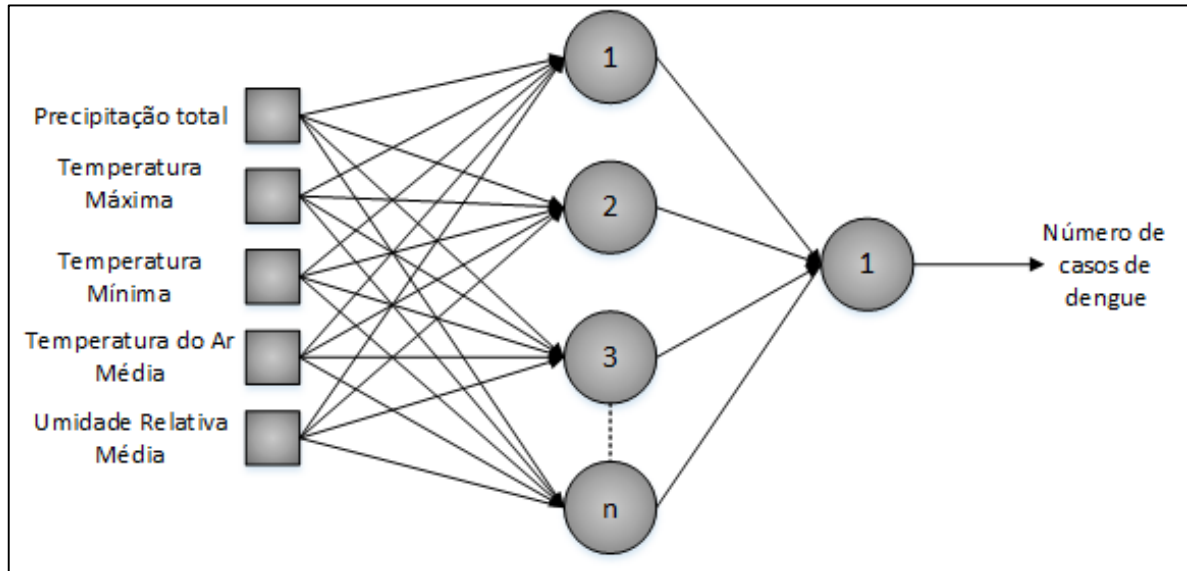
Sendo α e β os parâmetros da função objetivo (parâmetros de regularização), E_D a soma do quadrado dos erros da rede e w os pesos da rede (SUN *et al.*, 2016).

5.5 MODELOS DE RNAS

As RNAs construídas neste trabalho possuem cinco entradas, uma camada intermediária com n neurônios e um neurônio na camada de saída. Conforme justificado na seção 2.2.6, a utilização de apenas uma camada intermediária é suficiente para aproximar qualquer função contínua. Por esta razão e para evitar um aumento desnecessário no tempo de

processamento do treinamento das RNAs, optou-se pela utilização de apenas uma camada intermediária nas redes modeladas. A Figura 20 ilustra o modelo de rede MLP empregado para a previsão de casos de dengue em Itajaí.

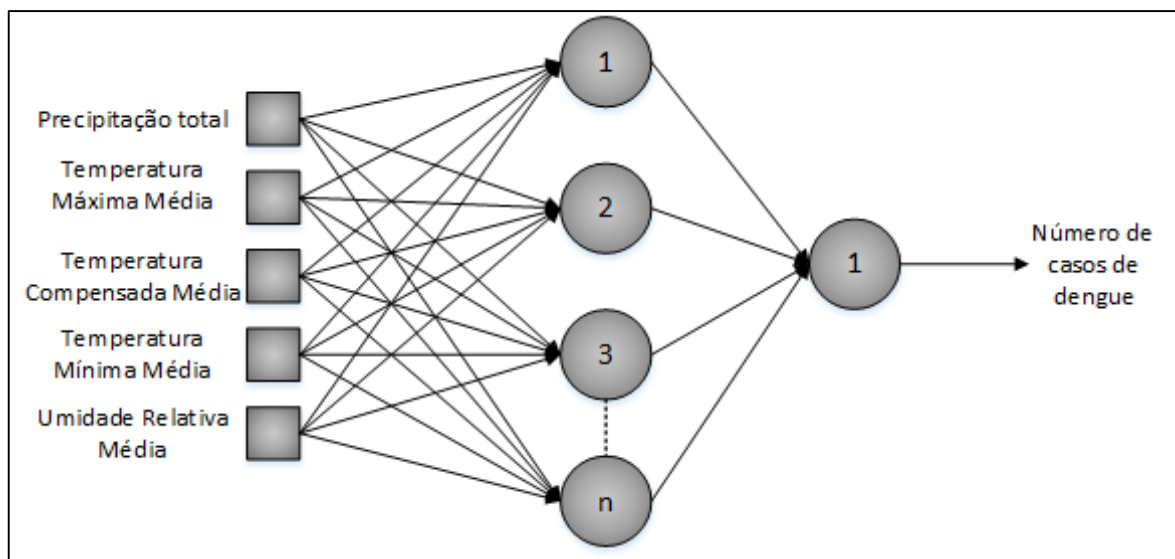
Figura 20 - Modelo de MLP para previsão de casos de dengue em Itajaí



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A Figura 21 apresenta o modelo de rede MLP construído para a previsão de casos de dengue em Guarulhos. Ambos os modelos de RNAs são bastante similares, mas diferem em alguns dos atributos de entrada das redes.

Figura 21 - Modelo de MLP para previsão de casos de dengue em Guarulhos

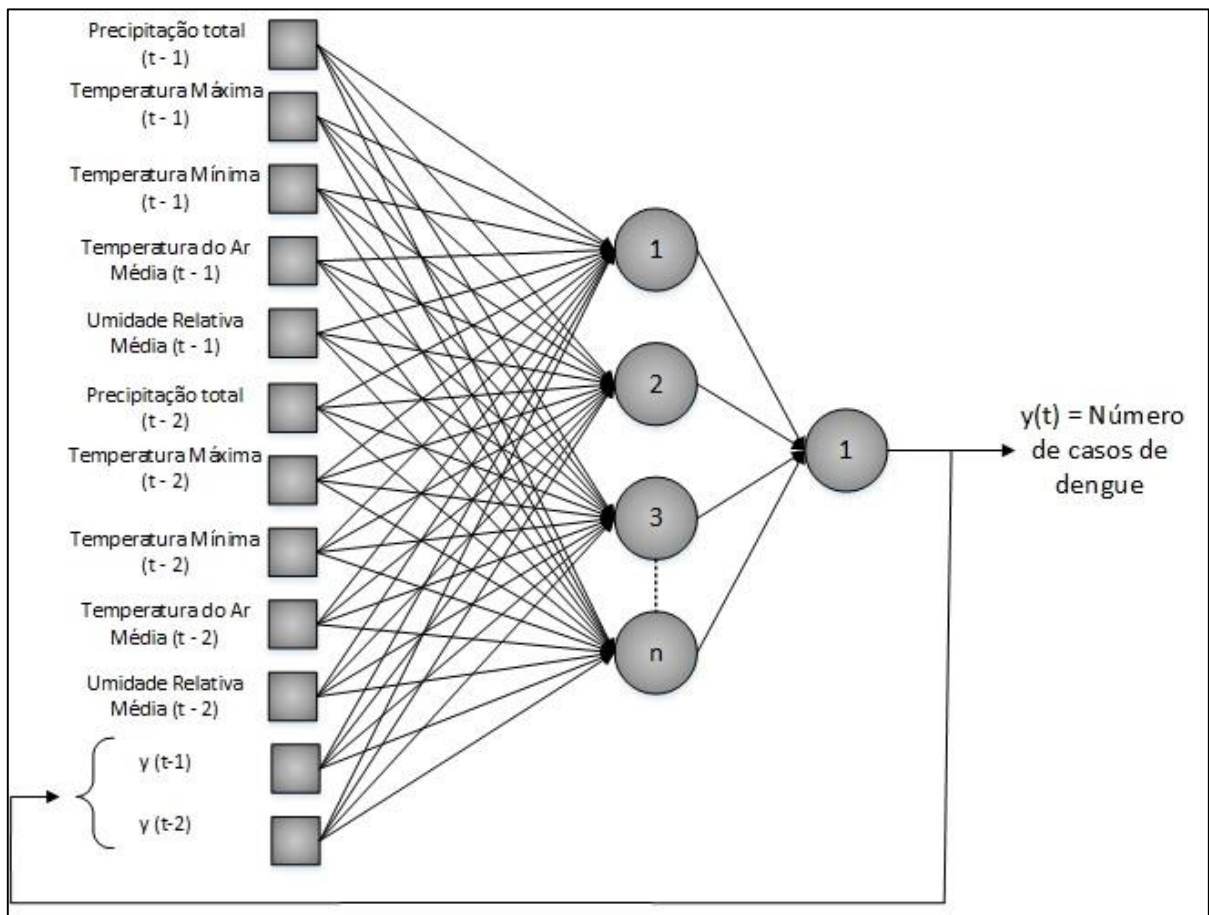


Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Nas redes NARX modeladas, optou-se pela utilização de dois atrasos nos valores de entrada e dois atrasos de realimentação, após a realização de alguns testes preliminares com atrasos maiores houve a constatação de que nestes não havia melhoria significativas nos resultados das redes.

A Figura 22 apresenta o modelo de rede NARX adotado para previsão de casos de dengue em Itajaí, com dois atrasos de entrada e dois atrasos de realimentação, nos quais a saída estimada da rede nos momentos anteriores também é utilizada como parâmetro de entrada da rede no momento atual.

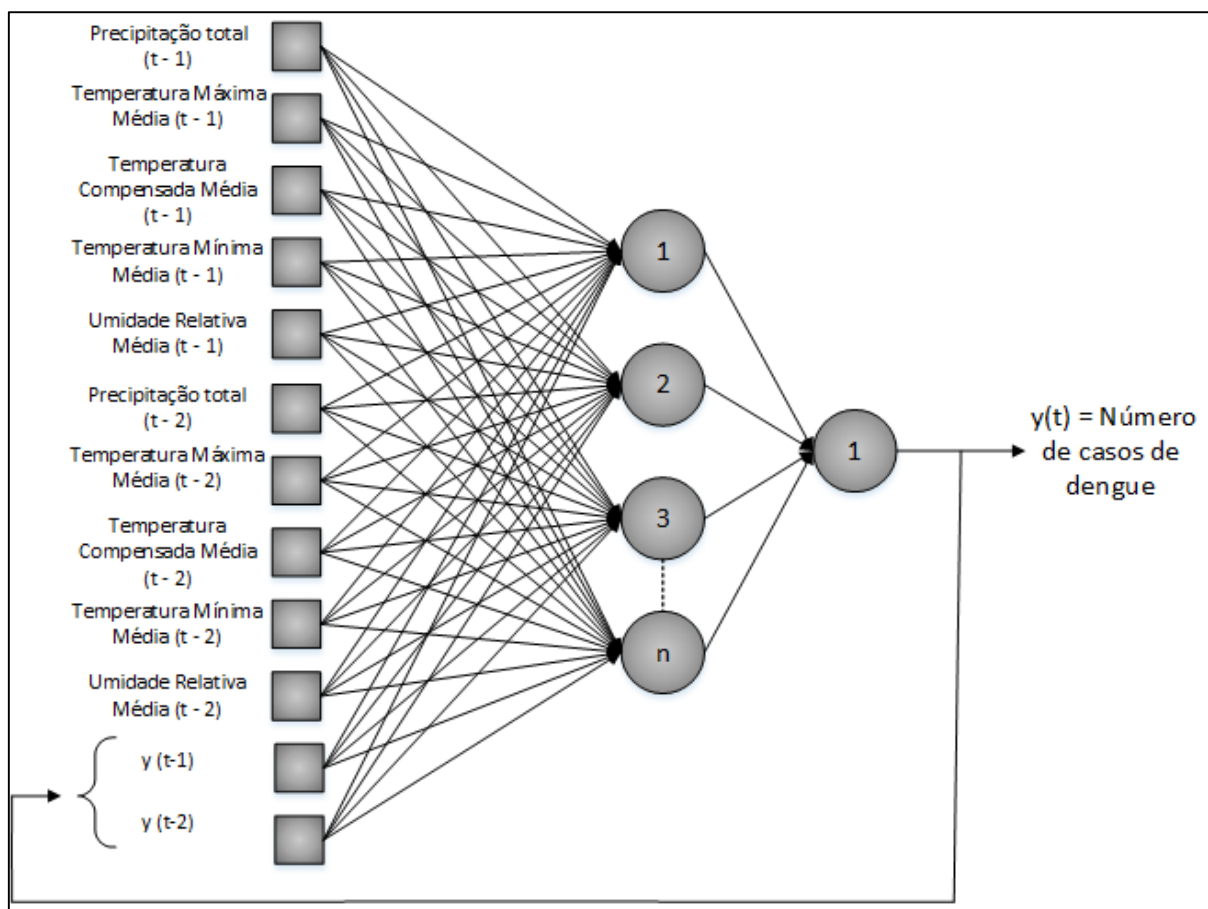
Figura 22 - Modelo de NARX para previsão de casos de dengue em Itajaí



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A Figura 23 apresenta o modelo de rede NARX adotado para previsão de casos de dengue em Guarulhos, com dois atrasos de entrada e dois atrasos de realimentação. Este modelo é bastante similar ao modelo NARX para previsão em Itajaí, entretanto, a diferença ocorre em alguns atributos de entrada da rede.

Figura 23 - Modelo de NARX para previsão de casos de dengue em Guarulhos



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Além das redes descritas, foram modeladas RNAs com diferentes conjuntos de entrada. Para a previsão de casos de dengue em Itajaí, foi elaborado um total de 15 variações do conjunto de entrada de dados. Os dados de entrada destas variações são especificados pelo Quadro 3. Todas as variações no conjunto de entrada de dados descritas foram utilizadas na modelagem tanto em redes MLP quanto nas redes NARX.

Quadro 3 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Itajaí

(continua)

<i>Nº</i>	<i>Descrição do conjunto de entrada</i>
01	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média.
02	Precipitação total, temperatura máxima e umidade relativa média.
03	Casos de dengue dos dois meses anteriores

Quadro 3 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Itajaí

(conclusão)

<i>Nº</i>	<i>Descrição do conjunto de entrada</i>
04	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média, umidade relativa média e casos de dengue de dois meses anteriores
05	Precipitação total do mês anterior, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média.
06	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima e temperatura do ar média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
07	Precipitação total, temperatura máxima do mês anterior, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média.
08	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média do mês anterior.
09	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média, umidade relativa média e casos de dengue do mês anterior
10	Temperatura máxima e umidade relativa média
11	Temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média.
12	Temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
13	Precipitação total, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média.
14	Precipitação total, temperatura mínima, temperatura do ar média e umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
15	Precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima e temperatura do ar média.

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Para a previsão de casos de dengue em Guarulhos, foi elaborado um total de 16 variações do conjunto de entrada de dados. Os dados de entrada destas variações são especificados pelo Quadro 4. Todas as variações no conjunto de entrada de dados descritas foram utilizadas na modelagem tanto em redes MLP quanto nas redes NARX.

Quadro 4 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Guarulhos

(continua)

<i>Nº</i>	<i>Descrição do conjunto de entrada</i>
01	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média.
02	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
03	Temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média.
04	Temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
05	Precipitação total, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média.
06	Precipitação total, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
07	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura mínima média, umidade relativa média.
08	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura mínima média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
09	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, umidade relativa média.
10	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
11	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média.
12	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.
13	Casos de dengue dos dois meses anteriores.

Quadro 4 - Conjuntos de entrada utilizados nas RNAs para previsão em Guarulhos

(conclusão)

<i>Nº</i>	<i>Descrição do conjunto de entrada</i>
14	Precipitação total, temperatura máxima média, temperatura compensada média, temperatura mínima média, umidade relativa média, casos de dengue dos dois meses anteriores.
15	Temperatura máxima média, umidade relativa média
16	Temperatura máxima média, umidade relativa média. Todas as entradas com um mês de atraso em relação a saída.

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Para a previsão de casos de dengue em Itajaí, foram treinadas e testadas um total de 660 redes MLP e 660 redes NARX. Enquanto que para a previsão de casos de dengue em Guarulhos, foram treinadas e testadas 704 redes MLP e 704 redes NARX. Além do conjunto de entrada das RNAs, nestes treinamentos e testes foram alterados os seguintes parâmetros das redes: a função de ativação da camada oculta (TANSIG e LOGSIG), o algoritmo de treinamento (TrainLM e TrainBR) e a quantidade de neurônios na camada intermediária (5 a 15 neurônios). Alguns testes foram realizados com menos de cinco e mais de quinze neurônios na camada oculta, entretanto, a rede não produziu melhoras significativas nos resultados.

Além disso, cada uma destas configurações de RNA, tanto MLP como NARX, foram treinadas 50 vezes, com o objetivo de minimizar os efeitos causados pela aleatoriedade das condições iniciais.

5.6 ÍNDICES PARA ANÁLISE DA QUALIDADE DA PREVISÃO

Os índices para avaliação da qualidade da previsão adotados neste trabalho foram o RMSE (Raiz do Erro Quadrático Médio) e o MAPE (Erro Médio Percentual Absoluto). Após a análise dos trabalhos selecionados pela revisão sistemática da literatura (apresentada na seção 3), percebeu-se a utilização destes índices como métricas de erro em diferentes estudos de previsão de incidência de dengue. A seguir, são exibidas as equações para o cálculo destes índices.

O RMSE pode ser calculado por:

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^n (t_k - o_k)^2}{n}} \quad (16)$$

Por sua vez, o MAPE é definido pela seguinte equação:

$$MAPE = \frac{1}{n} \cdot \sum_{k=1}^n \frac{|t_k - o_k|}{(t_k + o_k)/2} \cdot 100\% \quad (17)$$

Nos quais t_k representa a saída esperada na amostra k (valor alvo ou observado), o_k é a saída da rede (valor previsto) para a amostra k e n é o número total de amostras (PREMA; RAO, 2015; ZAFARI; KIANMEHR; ABDOLAHZADEH, 2013).

O RMSE tem sua unidade igual aos valores de saída da rede, enquanto o MAPE é representado por uma porcentagem. Em ambas as métricas de erro, o valor mais próximo de zero indica um melhor desempenho da rede.

5.7 DEFINIÇÃO DA MELHOR CONFIGURAÇÃO DE RNA

A escolha da melhor configuração de RNA foi efetuada em duas fases. Na primeira fase, uma mesma configuração de RNA, por exemplo, uma MLP com 5 neurônios na camada intermediária, função de ativação LOGSIG e algoritmo de treinamento TrainLM, foi treinada 50 vezes e destas foi escolhida a rede com menor RMSE. Este processo foi repetido para todos os conjuntos de entrada listados na seção 5.5.

Na segunda fase, RNAs com configurações distintas (algoritmos de treinamento, quantidade de neurônios na camada intermediária e funções de ativação diferentes) foram comparadas entre si com o objetivo de identificar as redes com menor RMSE e menor MAPE. Inicialmente, são comparadas entre si as configurações de MLP de modo a definir a melhor candidata. O mesmo processo é efetuado para as redes NARX. Por fim, a melhor rede MLP é comparada com a melhor rede NARX, sendo, assim, possível identificar o tipo, configuração e dados de entrada mais aderentes às áreas de estudo selecionadas.

6 RESULTADOS

O capítulo de Resultados inicialmente descreve o treinamento das redes MLP e os resultados obtidos por estas redes para a previsão de dengue em Guarulhos e Itajaí. A seguir, são descritos os aspectos do treinamento das redes NARX e os resultados apresentados. Por fim, são analisadas e comparadas as configurações de MLP e NARX que obtiveram melhores desempenhos, visando escolher a melhor rede para previsão em cada um dos municípios.

6.1 TREINAMENTO E RESULTADOS DA RNA MLP

As próximas subseções descrevem o processo de treinamento e os resultados obtidos com a utilização das redes *Multilayer* Perceptron. O algoritmo elaborado para o treinamento e teste das redes MLP é descrito no Apêndice B.

6.1.1 Treinamento

No treinamento de uma rede MLP, existem diversos parâmetros iniciais que podem ser alterados em sua configuração. Como algoritmos de treinamento foram utilizados alternadamente os métodos TrainLM e TrainBR. Os parâmetros de treinamento que não foram modificados, ou seja, permaneceram nos valores padrão do Matlab, são listados, para cada algoritmo, na Tabela 6.

Tabela 6 - Parâmetros de Treinamento das RNAs

Atributo	TrainBR	TrainLM
Máximo de Épocas de Treinamento	1.000	1.000
Tempo Máximo de Treinamento	Infinito	Infinito
Meta de Desempenho	0	0
Gradiente Mínimo	1^{-07}	1^{-07}
Máximo de Verificações de Validação	0	6
μ inicial ¹²	0,005	0,001
Decréscimo do μ	0,1	0,1
Incremento do μ	10	10
μ Máximo	10.000.000.000	10.000.000.000

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

¹² Nota-se que μ representa o escalar utilizado na regra de modificação dos algoritmos TrainBR e TrainLM. Ver equação 14, página 67.

Em ambos os algoritmos, não houve limitação em relação ao tempo máximo de treinamento. Assim, o treinamento da rede termina nos seguintes casos:

- a) O máximo de épocas de treinamento chegar 1.000 iterações;
- b) O desempenho (performance) da rede atingir a meta;
- c) O desempenho do gradiente ser atingido;
- d) μ exceder seu valor máximo;
- e) O desempenho de validação aumentou mais vezes que o máximo de verificações de validação desde a última vez que havia diminuído (quando utilizada a validação).

No método TrainBR, a validação é desabilitada por padrão, deste modo, o treinamento continua até que seja encontrada uma melhor combinação de erros e pesos. Em contrapartida, o algoritmo TrainLM, utiliza os vetores de validação para terminar o treinamento da rede mais cedo se seu desempenho nos vetores de validação não melhora ou permanece durante algumas épocas consecutivas (BEALE; HAGAN; DEMUTH, 2016).

A avaliação do desempenho das redes neurais durante a fase de treinamento foi realizada por meio do cálculo do MSE¹³, que é utilizado como função de desempenho neural padrão do Matlab. É importante ressaltar que quanto mais próximo de zero for o MSE, melhor será o desempenho da rede. As próximas subseções discutem as configurações de RNA que obtiveram o melhor desempenho no treinamento das RNAs MLP para previsão de casos de dengue em Guarulhos e Itajaí.

6.1.1.1 Guarulhos

Das 704 redes MLP construídas para previsão de casos de dengue em Guarulhos, metade das RNAs foram treinadas com cada algoritmo de treinamento (TrainLM e TrainBR). A Tabela 7 apresenta as configurações que tiveram o melhor desempenho em cada um destes algoritmos.

¹³ Ver equação 3, página 44.

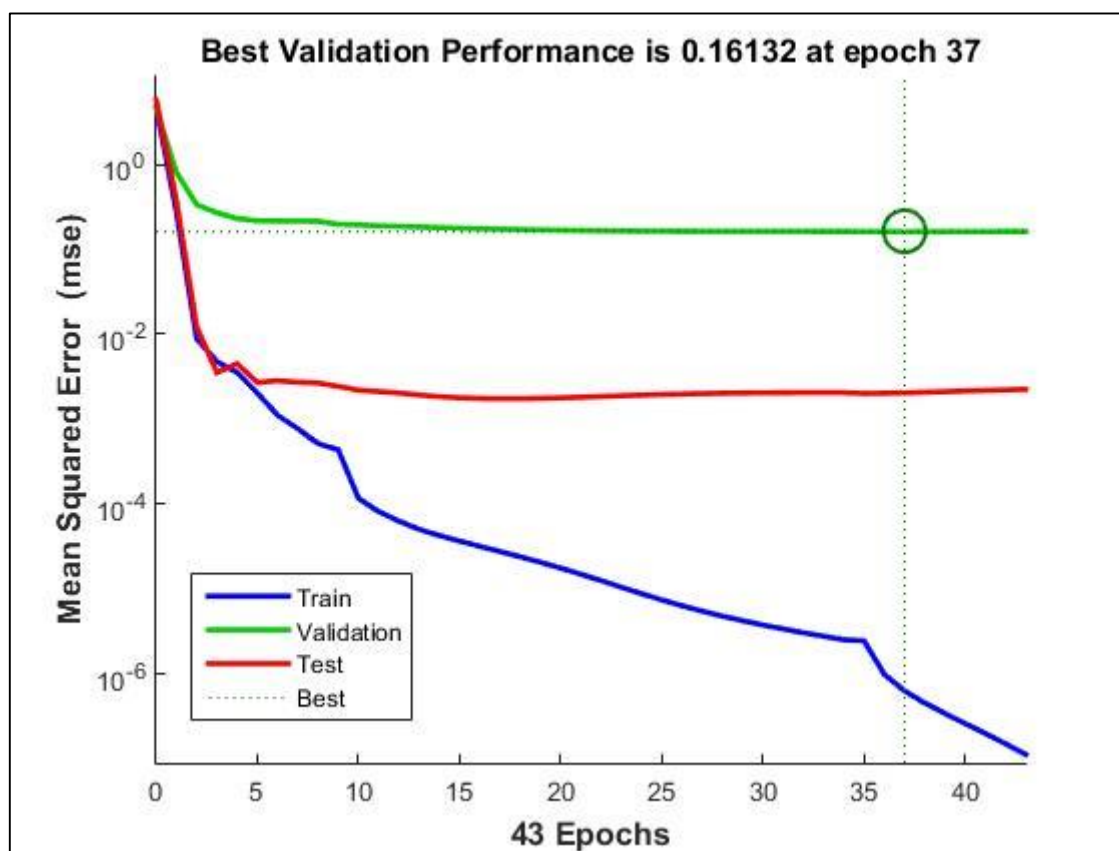
Tabela 7 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das MLPs para Guarulhos

Algoritmo	Nº do conjunto de entrada ¹⁴	Função de ativação	Quantidade de Épocas de Treinamento	MSE
TrainLM	14	TANSIG	43	$6.3374 \cdot 10^{-07}$
TrainBR	14	TANSIG	416	$1,2027 \cdot 10^{-16}$

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O melhor desempenho durante o treinamento com o algoritmo TrainLM chegou ao resultado em apenas 43 épocas de treinamento, tendo utilizado 14 neurônios na camada oculta com a função de ativação TANSIG. No Gráfico 5, é mostrada a evolução do erro durante o treinamento desta rede. Pode-se perceber a rápida convergência do algoritmo para um erro aceitável.

Gráfico 5 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Guarulhos

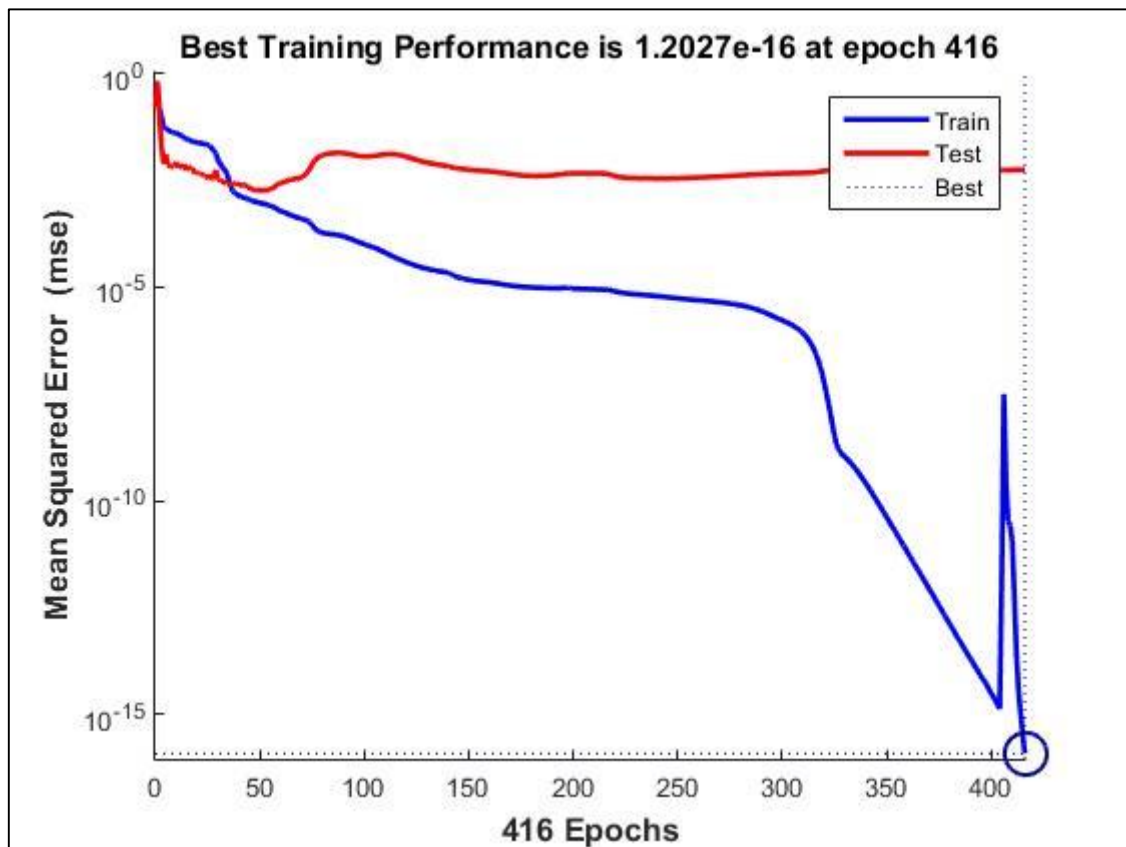


Fonte: Elaboração da autora, 2016.

¹⁴ A lista dos conjuntos de entrada com os dados de Guarulhos é apresentada no Quadro 4, páginas 73 e 74.

O algoritmo TrainBR, com o MSE de $3,4276 \cdot 10^{-12}$, obteve um desempenho melhor que o algoritmo TrainLM no treinamento das redes MLPs para previsão em Guarulhos. O algoritmo TrainBR chegou a este resultado com 8 neurônios na camada oculta, função de ativação tangente hiperbólica e 416 épocas de treinamento. No Gráfico 6, é ilustrada a evolução do erro durante o treinamento desta rede.

Gráfico 6 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Guarulhos



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O algoritmo TrainBR demandou mais processamento, em relação a quantidade de épocas de treinamento, que o algoritmo TrainLM. Entretanto, seus resultados foram mais satisfatórios, com MSE significativamente menor.

6.1.1.2 Itajaí

Para previsão de casos de dengue me Itajaí, foram construídas 660 redes MLP, das quais metade foi treinada com o algoritmo TrainLM e a outra metade com o algoritmo TrainBR. A Tabela 8 mostra as configurações que obtiveram melhor desempenho com cada algoritmo.

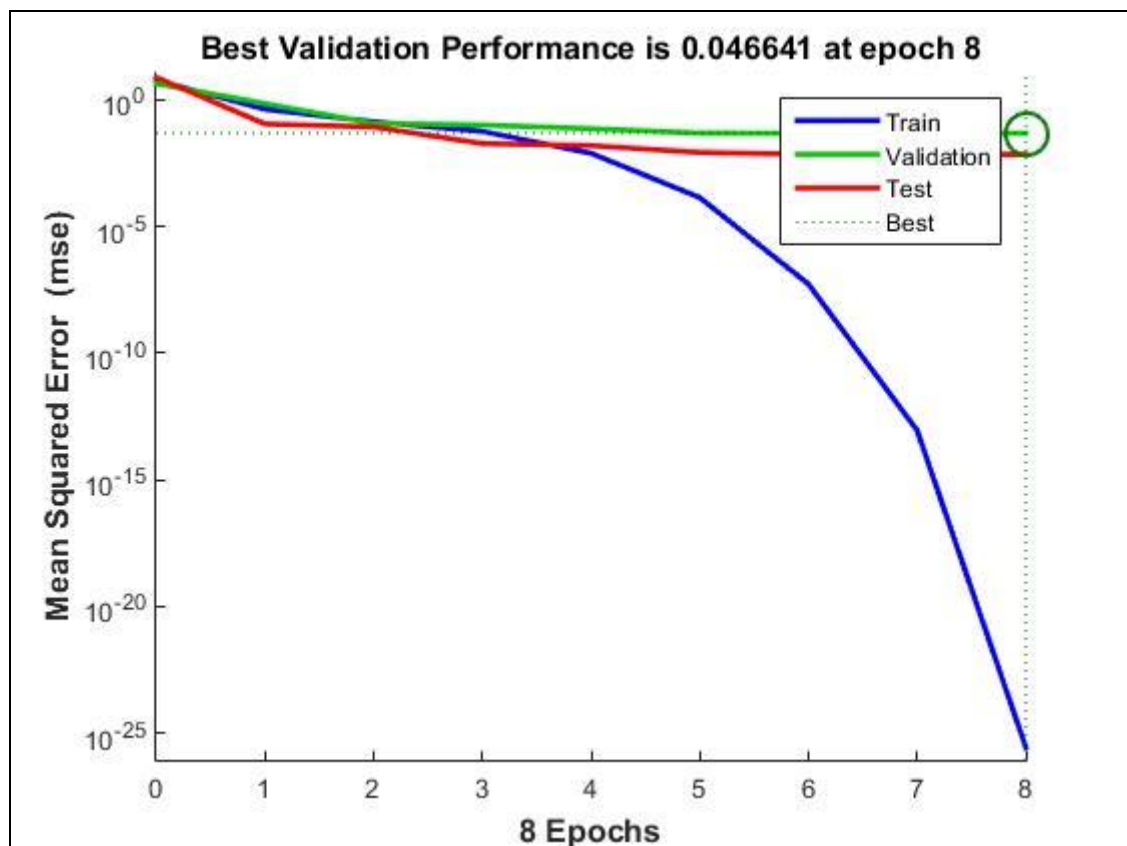
Tabela 8 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das MLPs para Itajaí

Algoritmo	Nº do conjunto de entrada ¹⁵	Função de ativação	Quantidade de Épocas de Treinamento	MSE
TrainLM	8	TANSIG	8	$2,8260 \cdot 10^{-26}$
TrainBR	8	TANSIG	1000	$4,6425 \cdot 10^{-16}$

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Conforme pode ser observado na Tabela 5, o algoritmo TrainLM obteve o melhor desempenho durante o treinamento, chegando a este resultado com 14 neurônios na camada intermediária, função de ativação TANSIG e apenas 8 épocas de treinamento. No Gráfico 7, é mostrada a evolução do erro durante o treinamento desta rede. Nota-se que o MSE convergiu para um valor extremamente baixo ($2,8260 \cdot 10^{-26}$) com bastante rapidez, não sendo necessário muito processamento, em termos de quantidade de iterações.

Gráfico 7 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Itajaí

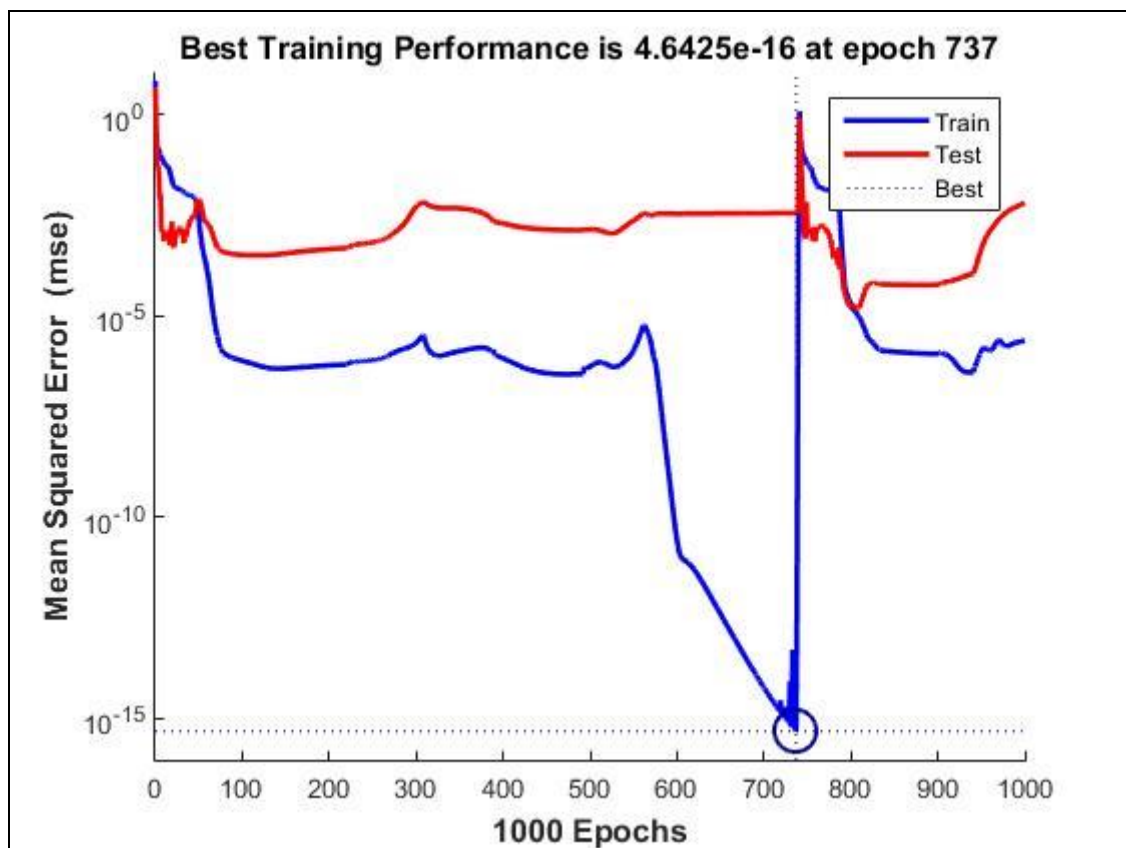


Fonte: Elaboração da autora, 2016.

¹⁵ A lista dos conjuntos de entrada com os dados de Itajaí é apresentada no Quadro 3, páginas 71 e 72.

Por sua vez, o algoritmo TrainBR teve seu treinamento interrompido ao chegar em 1.000 iterações, ou seja, a RNA precisou de mais épocas e ainda assim obteve um resultado menos satisfatório que a rede treinada com o método TrainLM. No Gráfico 8, é mostrada a evolução do erro durante o treinamento desta rede, que contou com 12 neurônios na camada intermediária e função de ativação TANSIG.

Gráfico 8 - Evolução do erro da MLP com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Itajaí



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Na modelagem das redes MLP para Itajaí, observou-se que o treinamento com o algoritmo TrainLM teve uma convergência mais rápida e o erro MSE mais satisfatório do que o algoritmo TrainBR.

6.1.2 Resultados

Os valores do MSE na fase de treinamento apresentam quais redes obtiveram um melhor ajuste nesta fase. Entretanto, há um interesse maior pelos resultados produzidos durante a fase de testes, pois nesta etapa foram apresentadas às redes amostras que não foram consideradas

durante o treinamento. As próximas subseções apresentam os resultados produzidos pelas redes MLP para previsão de casos de dengue em Guarulhos e Itajaí quando apresentadas ao conjunto de testes. No final de cada subseção, é eleita a melhor rede MLP para a área de estudo. A eleição da melhor rede visa a comparação posterior das redes MLP e NARX.

6.1.2.1 Guarulhos

Conforme especificado na seção 5.5, foram modeladas RNAs para diferentes combinações do conjunto de entrada. Para cada conjunto de entrada, foram modeladas 44 RNAs, nas quais eram alteradas a função de ativação da camada oculta, o algoritmo de treinamento e a quantidade de neurônios na camada intermediária. A Tabela 9 apresenta as redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada, levando-se em consideração o MAPE da rede e o RMSE obtido pela aplicação do conjunto de testes às redes após concluído seu treinamento.

Tabela 9 - Redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada

(continua)

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
01	8	TrainLM	LOGSIG	$3,94 \cdot 10^{-02}$	25,67655 %
01	8	TrainLM	TANSIG	$1,26 \cdot 10^{-01}$	17,35842 %
02	6	TrainLM	LOGSIG	$3,41 \cdot 10^{-02}$	25,21426 %
02	10	TrainLM	TANSIG	$1,20 \cdot 10^{-01}$	20,23812 %
03	13	TrainLM	LOGSIG	$3,82 \cdot 10^{-02}$	23,57195 %
03	12	TrainLM	TANSIG	$8,48 \cdot 10^{-02}$	20,02083 %
04	9	TrainLM	LOGSIG	$3,73 \cdot 10^{-02}$	27,39052 %
04	15	TrainLM	TANSIG	$1,28 \cdot 10^{-01}$	23,20427 %
05	5	TrainLM	LOGSIG	$4,09 \cdot 10^{-02}$	25,49205 %
05	11	TrainLM	TANSIG	$1,49 \cdot 10^{-01}$	19,20969 %
06	5	TrainLM	LOGSIG	$2,75 \cdot 10^{-02}$	27,20122 %
06	13	TrainLM	TANSIG	$1,28 \cdot 10^{-01}$	15,54586 %
07	5	TrainLM	LOGSIG	$3,79 \cdot 10^{-02}$	24,48987 %
07	12	TrainLM	TANSIG	$8,47 \cdot 10^{-02}$	22,36572 %
08	7	TrainLM	LOGSIG	$2,46 \cdot 10^{-02}$	26,46681 %
08	10	TrainLM	TANSIG	$1,23 \cdot 10^{-01}$	19,48128 %
09	8	TrainLM	LOGSIG	$4,17 \cdot 10^{-02}$	25,56051 %
09	12	TrainLM	TANSIG	$1,61 \cdot 10^{-01}$	17,34291 %
10	15	TrainLM	LOGSIG	$3,59 \cdot 10^{-02}$	18,66625 %

Tabela 9 - Redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada

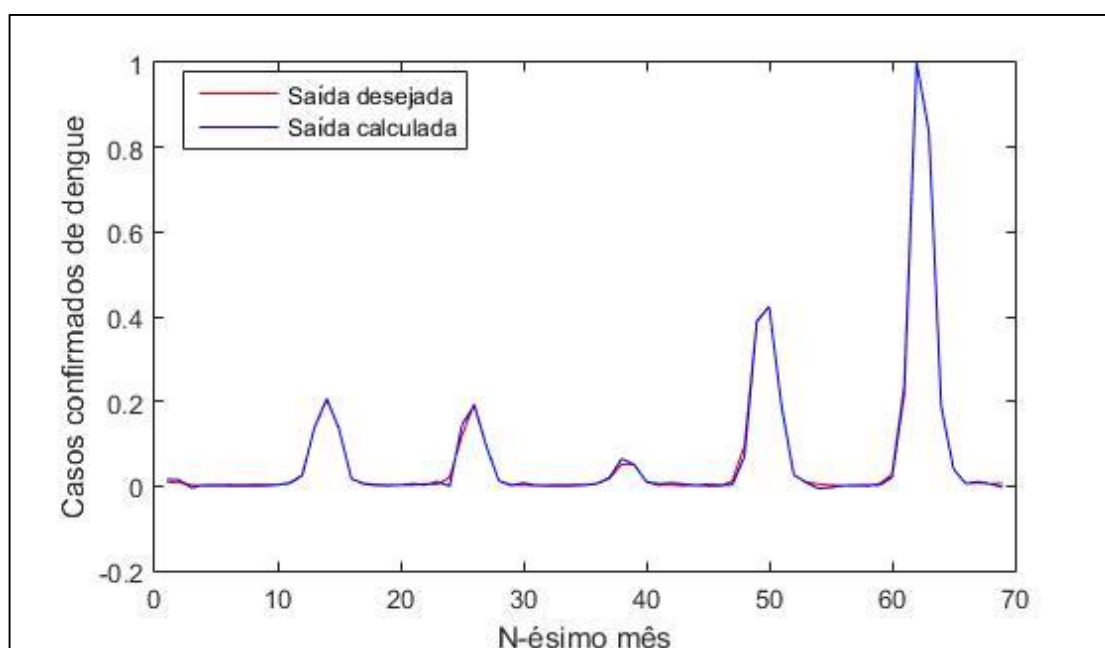
(conclusão)

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
11	6	TrainLM	LOGSIG	$3,00 \cdot 10^{-02}$	25,84841 %
11	9	TrainLM	LOGSIG	$5,19 \cdot 10^{-02}$	21,69367 %
12	7	TrainLM	LOGSIG	$3,49 \cdot 10^{-02}$	24,77519 %
12	13	TrainLM	TANSIG	$7,86 \cdot 10^{-02}$	18,0895 %
13	10	TrainBR	LOGSIG	$4,11 \cdot 10^{-03}$	0,861313944 %
13	15	TrainBR	TANSIG	$2,08 \cdot 10^{-02}$	0,792385618 %
14	10	TrainLM	LOGSIG	$1,27 \cdot 10^{-02}$	5,15618 %
14	9	TrainBR	TANSIG	$6,86 \cdot 10^{-02}$	0,753257 %
15	5	TrainLM	LOGSIG	$2,99 \cdot 10^{-02}$	22,70348 %
16	10	TrainLM	LOGSIG	$3,10 \cdot 10^{-02}$	24,71174 %
16	6	TrainLM	TANSIG	$6,13 \cdot 10^{-02}$	23,62165 %

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O menor RMSE no conjunto de testes ($4,11 \cdot 10^{-03}$) foi obtido pela configuração de RNA treinada com 10 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e o algoritmo de treinamento TrainBR. Os sinais de entrada desta rede foram compostos apenas pela quantidade de casos de dengue dos dois meses anteriores. O Gráfico 9 apresenta a saída calculada por esta RNA em relação a saída desejada (observada).

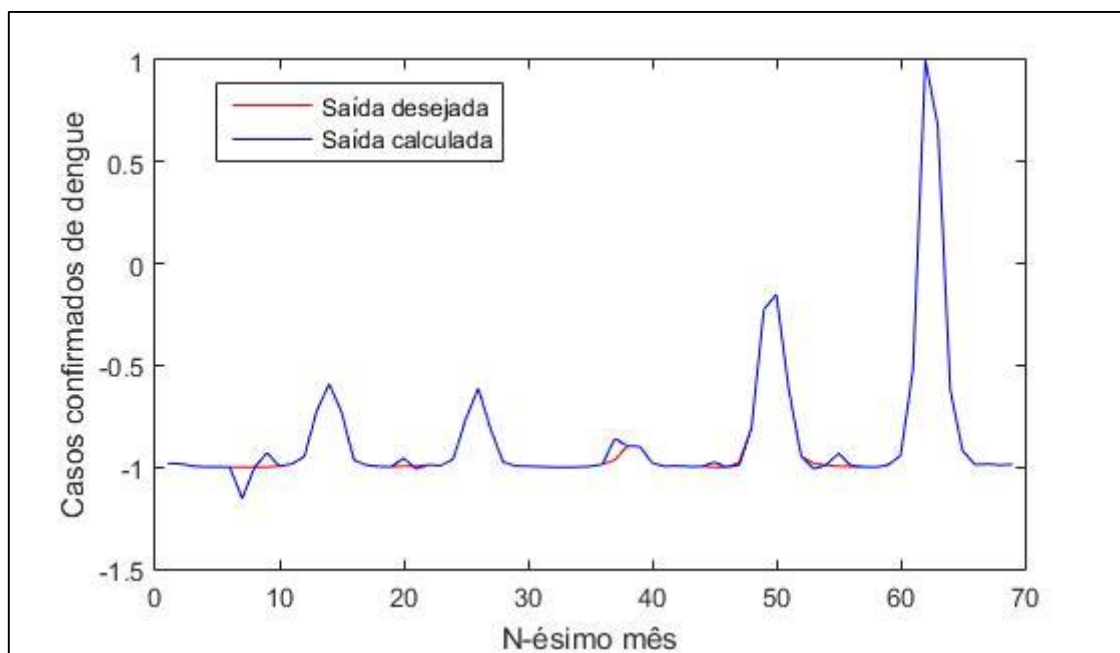
Gráfico 9 - Valores reais observados e calculados pela MLP com menor RMSE (Guarulhos)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O melhor MAPE das redes MLP para a previsão de casos de dengue em Guarulhos (0,753257 %) foi obtido utilizando-se 9 neurônios na camada intermediária, função de ativação TANSIG e o algoritmo de treinamento TrainBR. O conjunto de entrada desta rede incluiu os valores da precipitação, temperatura máxima, temperatura compensada, temperatura mínima, umidade e a quantidade de casos de dengue dos dois meses anteriores. O Gráfico 10 apresenta a comparação entre a saída calculada pela RNA pelo número de casos de dengue observados.

Gráfico 10 – Valores reais observados e calculados pela MLP com menor MAPE (Guarulhos)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Ambas as MLPs apresentadas obtiveram erros próximos a zero. Pela comparação gráfica, percebe-se que a primeira rede apresentada apresentou erros menos significativos. Por esta razão, esta rede foi eleita como a melhor rede MLP para previsão em Guarulhos.

6.1.2.2 Itajaí

As redes modeladas para previsão de dengue em Itajaí também foram modeladas com diferentes conjuntos de entrada. Além disso, para cada conjunto, foram modeladas 44 RNAs, nas quais eram alteradas a função de ativação da camada oculta, o algoritmo de treinamento e a quantidade de neurônios na camada intermediária. A Tabela 10 resume as características das redes MLP que obtiveram melhores resultados para cada conjunto de entrada utilizado.

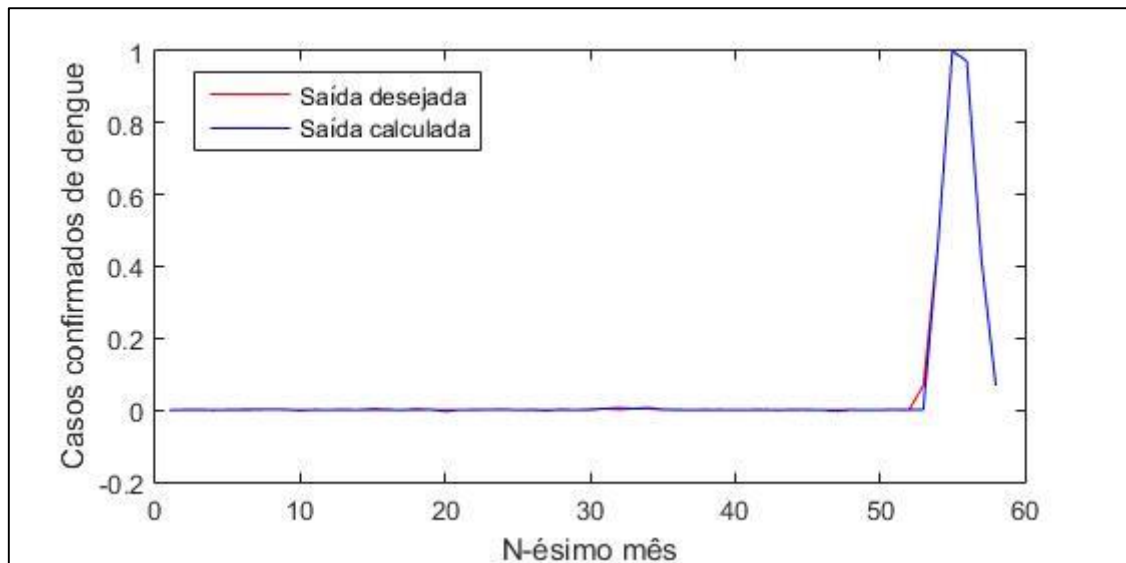
Tabela 10 - Redes MLP que obtiveram melhores resultados na previsão de Itajaí para cada conjunto de entrada

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
01	5	TrainBR	LOGSIG	$9,49 \cdot 10^{-04}$	0,064546 %
01	9	TrainBR	LOGSIG	$2,00 \cdot 10^{-03}$	0,052958 %
02	7	TrainBR	LOGSIG	$9,29 \cdot 10^{-04}$	0,134022 %
02	15	TrainBR	TANSIG	$3,63 \cdot 10^{-03}$	0,051834 %
03	6	TrainLM	LOGSIG	$6,65 \cdot 10^{-04}$	0,440203 %
03	7	TrainBR	LOGSIG	$1,76 \cdot 10^{-03}$	0,062803 %
04	6	TrainBR	LOGSIG	$9,20 \cdot 10^{-04}$	0,044072 %
05	5	TrainBR	LOGSIG	$8,71 \cdot 10^{-04}$	0,055206 %
05	9	TrainBR	LOGSIG	$1,62 \cdot 10^{-03}$	0,053006 %
06	8	TrainLM	LOGSIG	$1,54 \cdot 10^{-02}$	36,98716 %
06	9	TrainLM	TANSIG	$9,85 \cdot 10^{-02}$	18,95449 %
07	5	TrainBR	TANSIG	$1,69 \cdot 10^{-03}$	0,423071 %
07	5	TrainBR	LOGSIG	$2,15 \cdot 10^{-03}$	0,056057 %
08	7	TrainLM	TANSIG	$3,78 \cdot 10^{-03}$	1,136097 %
08	7	TrainBR	TANSIG	$1,51 \cdot 10^{-02}$	0,197753 %
09	6	TrainLM	LOGSIG	$1,10 \cdot 10^{-03}$	0,43452 %
09	8	TrainBR	TANSIG	$2,68 \cdot 10^{-03}$	0,036995 %
10	5	TrainBR	LOGSIG	$7,88 \cdot 10^{-04}$	0,505757 %
10	5	TrainLM	TANSIG	$3,18 \cdot 10^{-03}$	0,44016 %
11	5	TrainBR	LOGSIG	$7,87 \cdot 10^{-04}$	0,132054 %
11	14	TrainBR	LOGSIG	$2,23 \cdot 10^{-03}$	0,05095 %
12	6	TrainBR	TANSIG	$2,48 \cdot 10^{-03}$	0,06359 %
12	10	TrainBR	LOGSIG	$2,55 \cdot 10^{-03}$	0,046705 %
13	5	TrainBR	LOGSIG	$7,20 \cdot 10^{-04}$	0,062398 %
14	5	TrainBR	LOGSIG	$5,70 \cdot 10^{-03}$	17,38416 %
14	14	TrainLM	LOGSIG	$1,71 \cdot 10^{-02}$	14,64355 %
15	14	TrainLM	LOGSIG	$1,58 \cdot 10^{-02}$	34,44313 %
15	14	TrainLM	TANSIG	$9,12 \cdot 10^{-02}$	27,67134 %

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A rede que obteve o melhor RMSE no conjunto de testes ($6,65 \cdot 10^{-04}$) foi treinada com o algoritmo TrainLM e com a função de ativação LOGSIG. Esta rede precisou de 6 neurônios na camada oculta e utilizou como variáveis de entrada apenas a quantidade de casos de dengue dos dois meses anteriores. O Gráfico 11 apresenta a comparação entre a saída calculada pela RNA e o número de casos mensais observados. Pela comparação gráfica, é possível perceber um pequeno erro da previsão antes de ocorrer um surto (grande número de casos) da doença.

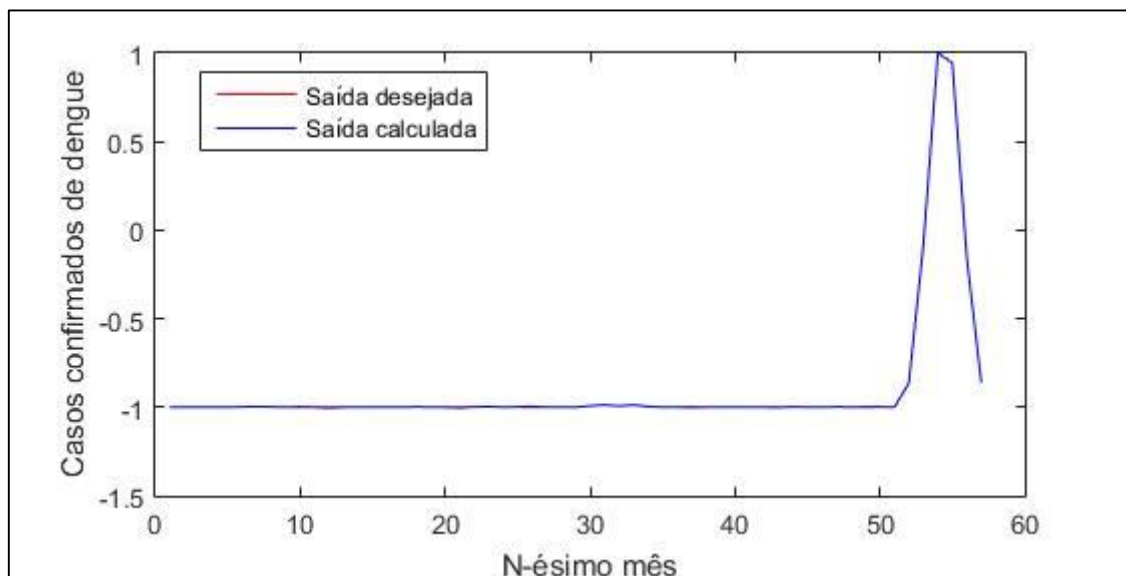
Gráfico 11 - Valores reais observados e calculados pela MLP com menor RMSE (Itajaí)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A rede que obteve o melhor MAPE (0,036995 %) foi treinada com o algoritmo TrainBR e com a função de ativação TANSIG. Esta rede precisou de mais neurônios na camada oculta e utilizou como variáveis de entrada a precipitação total, a temperatura máxima, mínima, e média do ar, a umidade relativa média e a quantidade de casos de dengue do mês anterior. O Gráfico 12 apresenta a comparação entre a saída calculada pela RNA e o número de casos mensais observados. O erro entre a saída calculada e a saída desejada praticamente não é perceptível pela comparação gráfica.

Gráfico 12 – Valores reais observados e calculados pela MLP com menor MAPE (Itajaí)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Ambas as MLPs apresentadas obtiveram baixos erros e foram modeladas incluindo as informações de casos de dengue de um ou dois meses anteriores. Pela comparação gráfica, percebe-se que ocorreram menos erros significantes na previsão da rede treinada com o algoritmo TrainBR, por isto, esta rede foi eleita a melhor MLP para previsão em Itajaí.

6.2 TREINAMENTO E RESULTADOS DA RNA NARX

As próximas subseções descrevem o processo de treinamento e os resultados obtidos com a utilização das redes NARX para previsão de casos confirmados de dengue em Guarulhos e Itajaí. O algoritmo elaborado para o treinamento e testes das redes NARX é apresentado no Apêndice C.

6.2.1 Treinamento

O treinamento de uma rede NARX é efetuado de maneira similar ao treinamento de uma rede MLP. Deste modo, foram empregados os parâmetros iniciais e critérios de parada descritos na seção 6.1.1. As próximas subseções apresentam as configurações de RNAs que obtiveram melhor desempenho durante a etapa de treinamento.

6.2.1.1 Guarulhos

Do total de 704 redes NARX modeladas para previsão de casos de dengue, 352 redes foram treinadas com o algoritmo TrainLM e as demais com o algoritmo TrainBR. A Tabela 11 apresenta as configurações de RNA que obtiveram o melhor desempenho durante o treinamento utilizando cada um dos algoritmos.

Tabela 11 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das NARXs para Guarulhos

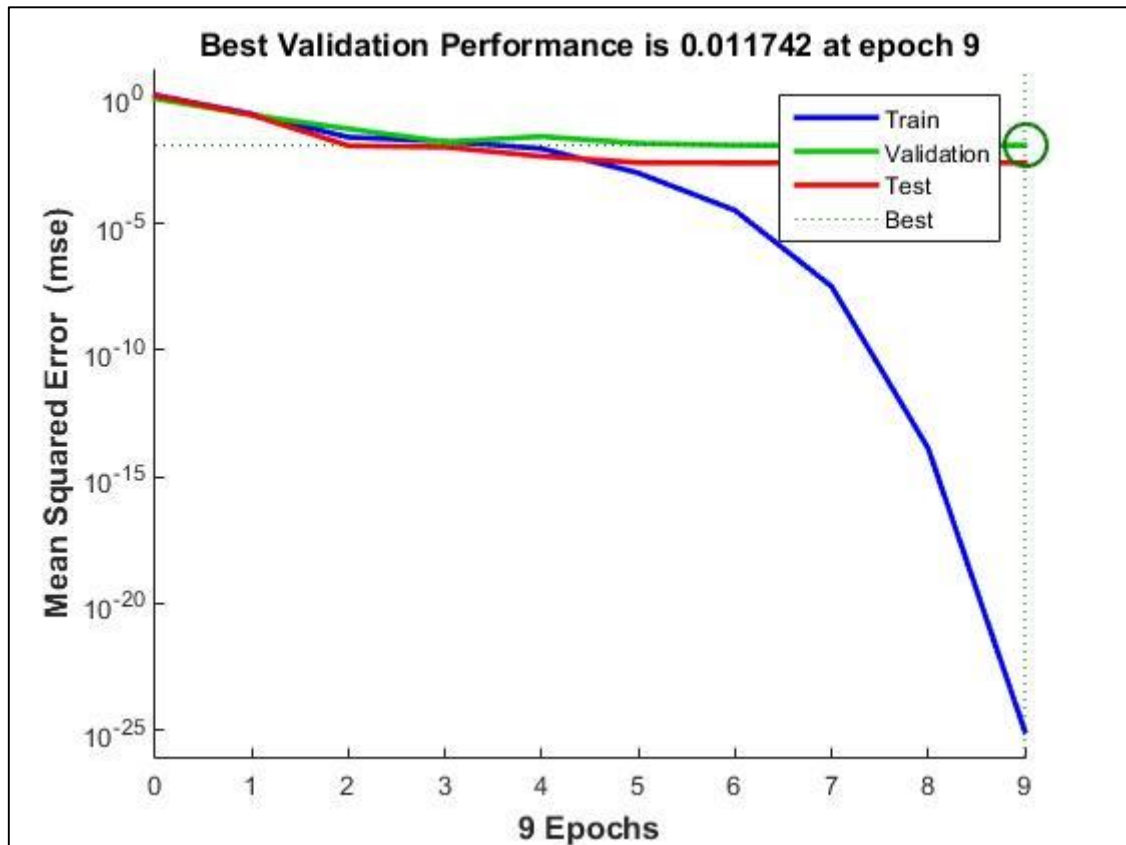
Algoritmo	Nº do conjunto de entrada ¹⁶	Função de ativação	Quantidade de Épocas de Treinamento	MSE
TrainLM	9	TANSIG	9	$9,3212 \cdot 10^{-26}$
TrainBR	14	TANSIG	559	$3,2034 \cdot 10^{-16}$

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

¹⁶ A lista dos conjuntos de entrada com os dados de Guarulhos é apresentada no Quadro 4, páginas 73 e 74.

O melhor desempenho com o algoritmo TrainLM foi obtido utilizando-se 13 neurônios na camada oculta e a função de ativação TANSIG. No Gráfico 13, é apresentada a evolução do erro durante o treinamento da rede. O treinamento precisou de apenas 9 épocas para atingir um critério de parada e obteve MSE de $9,3212 \cdot 10^{-26}$.

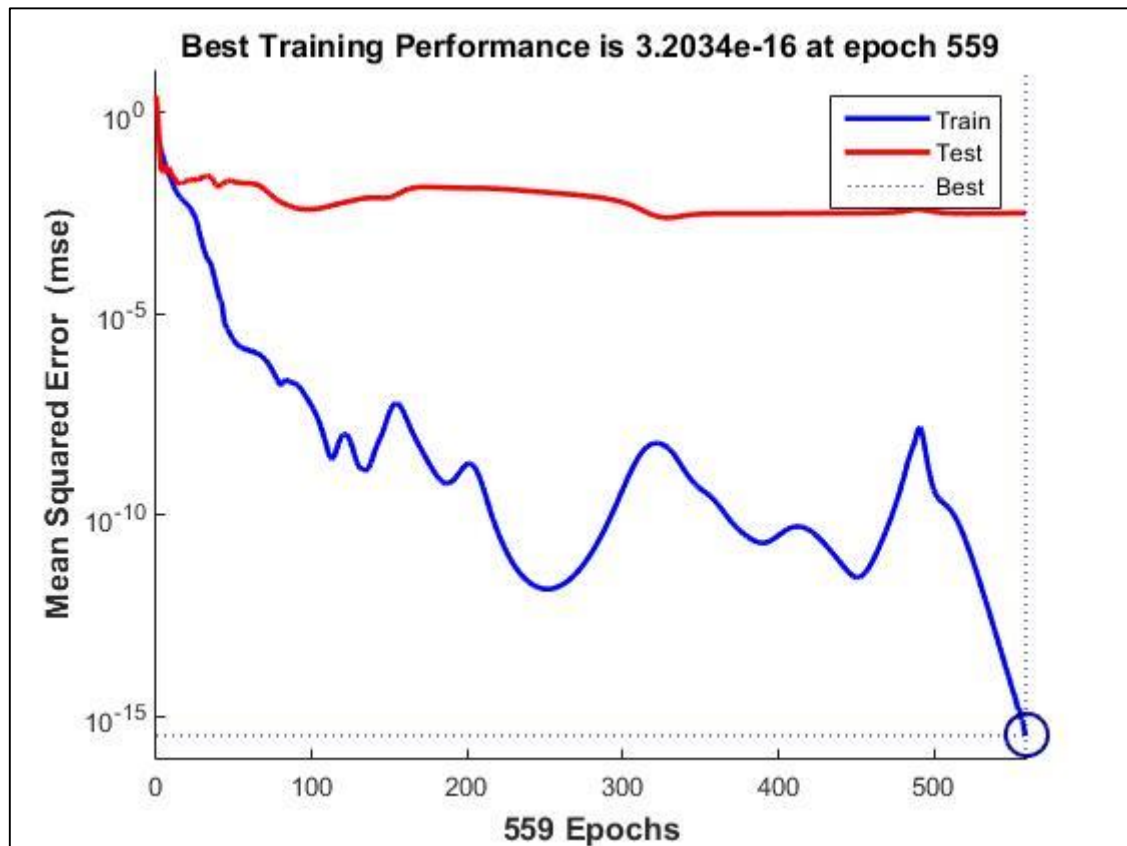
Gráfico 13 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Guarulhos



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O algoritmo TrainBR obteve seu melhor desempenho utilizando 10 neurônios na camada oculta e função de ativação TANSIG. Foram necessárias 559 épocas para atingir o MSE de $3,2034 \cdot 10^{-16}$. O Gráfico 14 ilustra a evolução do erro durante o treinamento desta rede. Apesar de usar a mesma função de ativação, esta rede obteve desempenho inferior à rede treinada com o algoritmo TrainLM e, levando-se em consideração a quantidade de épocas de treinamento necessárias, um custo computacional mais elevado.

Gráfico 14 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Guarulhos



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Além de obter a melhor performance, medida pelo MSE, o algoritmo TrainLM teve uma convergência, durante o treinamento, mais rápida que as alternativas modeladas para previsão de casos de dengue em Guarulhos.

6.2.1.2 Itajaí

Para previsão de casos de dengue em Itajaí, foram construídas 660 redes NARX. Novamente, cada algoritmo de treinamento (TrainLM e TrainBR) foi utilizado na modelagem de metade das redes descritas. A Tabela 12 compara as configurações de RNA que obtiveram melhor desempenho com cada algoritmo.

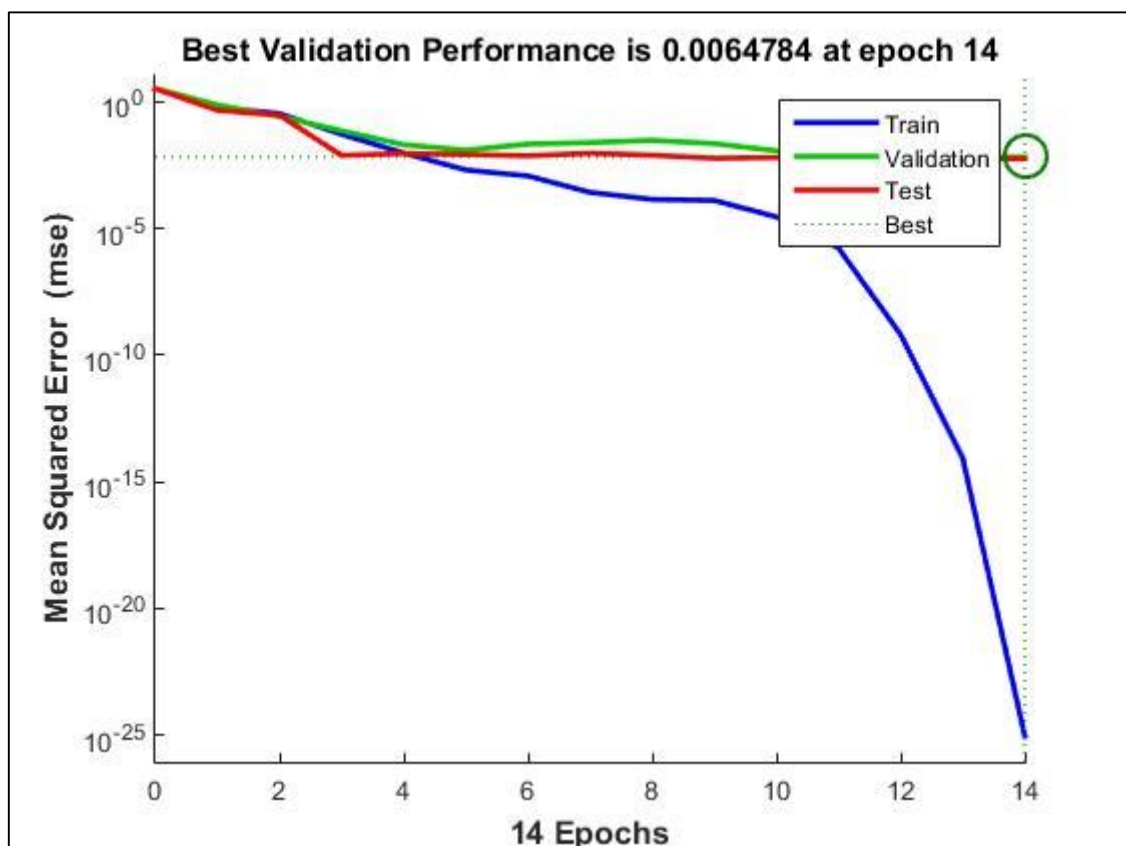
Tabela 12 - Melhores desempenhos dos algoritmos durante o treinamento das NARXs para Itajaí

Algoritmo	Nº do conjunto de entrada ¹⁷	Função de ativação	Quantidade de Épocas de Treinamento	MSE
TrainLM	15	TANSIG	14	$9,3348 \cdot 10^{-26}$
TrainBR	4	TANSIG	326	$2,3892 \cdot 10^{-16}$

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O algoritmo TrainLM teve o melhor desempenho durante o treinamento, chegando a este resultado com 13 neurônios na camada oculta, função de ativação TANSIG e apenas 14 épocas de treinamento. No Gráfico 15, é representada a evolução do erro durante o treinamento. O MSE de $9,3348 \cdot 10^{-26}$ foi atingido com poucas épocas de treinamento.

Gráfico 15 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainLM para Itajaí

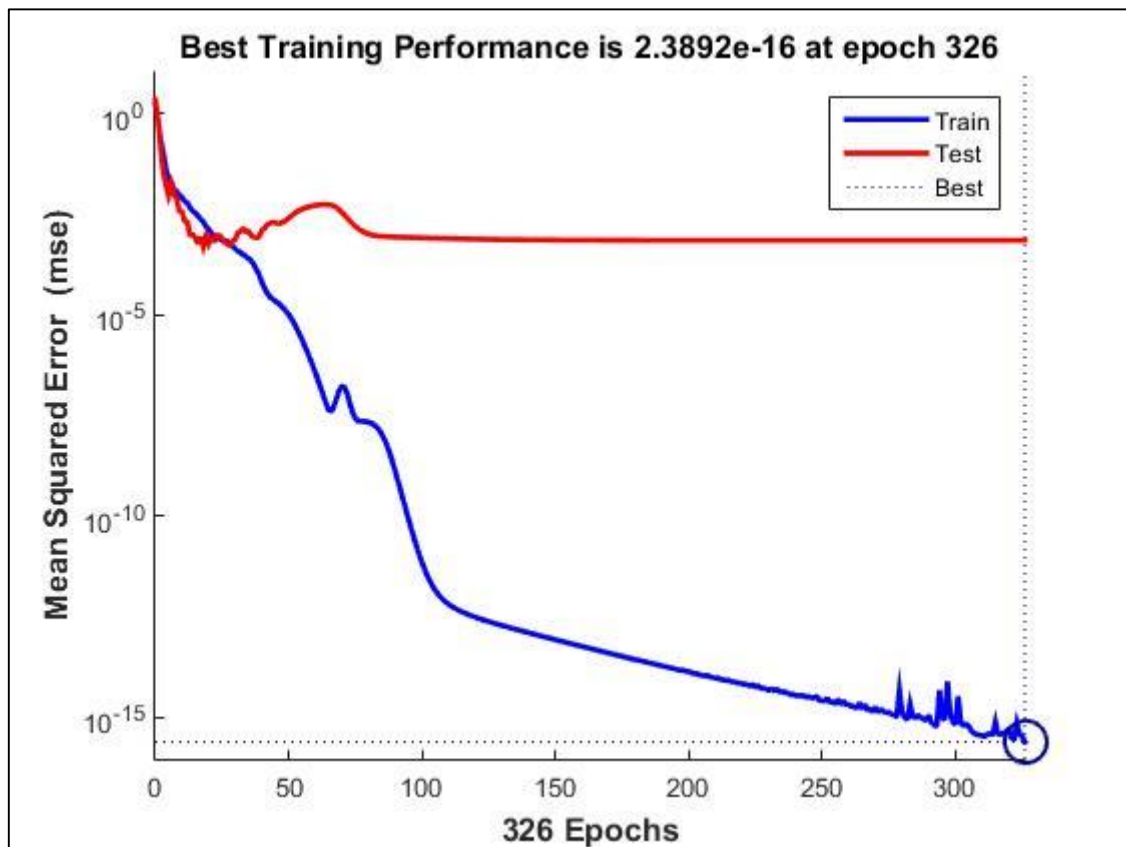


Fonte: Elaboração da autora, 2016.

¹⁷ A lista dos conjuntos de entrada com os dados de Itajaí é apresentada no Quadro 3, páginas 71 e 72.

Por sua vez, o algoritmo TrainBR precisou de 326 épocas para atingir seu melhor desempenho. Esta rede também utilizou a função de ativação TANSIG, contudo a quantidade de neurônios na camada oculta foi de apenas 8. A evolução do erro durante o treinamento é exibida no Gráfico 16. É perceptível a convergência do algoritmo para um erro cada vez menor, até atingir o MSE de $2,3892 \cdot 10^{-16}$.

Gráfico 16 - Evolução do erro da NARX com melhor desempenho utilizando o TrainBR para Itajaí



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Durante o treinamento das redes NARX para Itajaí, ambos os algoritmos tiveram uma convergência a um MSE baixo. O algoritmo TrainLM atingiu o menor erro e exigiu menos épocas de treinamento para tal.

6.2.2 Resultados

Na seção anterior, debateu-se sobre as redes que obtiveram um melhor ajuste durante a fase de treinamento. Por sua vez, esta seção aborda os resultados produzidos durante a fase de testes, na qual são apresentadas amostras que não foram consideradas durante o

treinamento. As próximas subseções discorrem sobre os melhores resultados obtidos nesta fase pelas redes NARX para previsão de casos de dengue em Guarulhos e Itajaí. Além disso, é eleita a melhor rede NARX para cada área de estudo.

6.2.2.1 Guarulhos

Para previsão de casos de dengue em Guarulhos, foram utilizados 16 conjuntos diferentes de entrada. Para cada conjunto, foram modeladas 44 redes NARX, nas quais eram alteradas a função de ativação, o algoritmo de treinamento e a quantidade de neurônios escondidos. A Tabela 13 resume as redes que obtiveram melhores MAPE e RMSE.

Tabela 13 - Redes NARX que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada

(continua)

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
01	5	TrainLM	LOGSIG	$5,13 \cdot 10^{-03}$	7,704938 %
01	6	TrainBR	TANSIG	$2,46 \cdot 10^{-02}$	0,309117 %
02	8	TrainLM	LOGSIG	$4,74 \cdot 10^{-03}$	1,19258 %
02	9	TrainBR	LOGSIG	$1,61 \cdot 10^{-02}$	0,328702 %
03	5	TrainBR	LOGSIG	$6,81 \cdot 10^{-03}$	0,225567 %
04	6	TrainLM	LOGSIG	$8,68 \cdot 10^{-03}$	6,943267 %
04	8	TrainBR	LOGSIG	$1,80 \cdot 10^{-02}$	0,36411 %
05	8	TrainLM	LOGSIG	$1,21 \cdot 10^{-02}$	7,247331 %
05	6	TrainBR	LOGSIG	$1,22 \cdot 10^{-02}$	0,287473 %
06	12	TrainLM	TANSIG	$7,86 \cdot 10^{-03}$	2,446952 %
06	6	TrainBR	TANSIG	$1,06 \cdot 10^{-02}$	0,181117 %
07	5	TrainBR	LOGSIG	$1,26 \cdot 10^{-02}$	0,385053 %
07	6	TrainBR	LOGSIG	$1,27 \cdot 10^{-02}$	0,284182 %
08	9	TrainLM	LOGSIG	$8,98 \cdot 10^{-03}$	1,467569 %
08	7	TrainBR	LOGSIG	$9,20 \cdot 10^{-03}$	0,238813 %
09	10	TrainLM	LOGSIG	$4,77 \cdot 10^{-03}$	4,41269 %
09	5	TrainBR	TANSIG	$1,66 \cdot 10^{-02}$	0,210124 %
10	7	TrainLM	LOGSIG	$6,97 \cdot 10^{-03}$	7,419422 %
10	5	TrainBR	TANSIG	$1,28 \cdot 10^{-02}$	0,208715 %
11	12	TrainLM	LOGSIG	$1,09 \cdot 10^{-02}$	2,690759 %
11	6	TrainBR	TANSIG	$2,69 \cdot 10^{-02}$	0,241667 %
12	7	TrainLM	LOGSIG	$6,42 \cdot 10^{-03}$	1,985385 %
12	15	TrainBR	LOGSIG	$1,21 \cdot 10^{-02}$	0,250899 %
13	12	TrainBR	LOGSIG	$6,86 \cdot 10^{-03}$	0,45323 %

Tabela 13 - Redes NARX que obtiveram melhores resultados na previsão de Guarulhos para cada conjunto de entrada

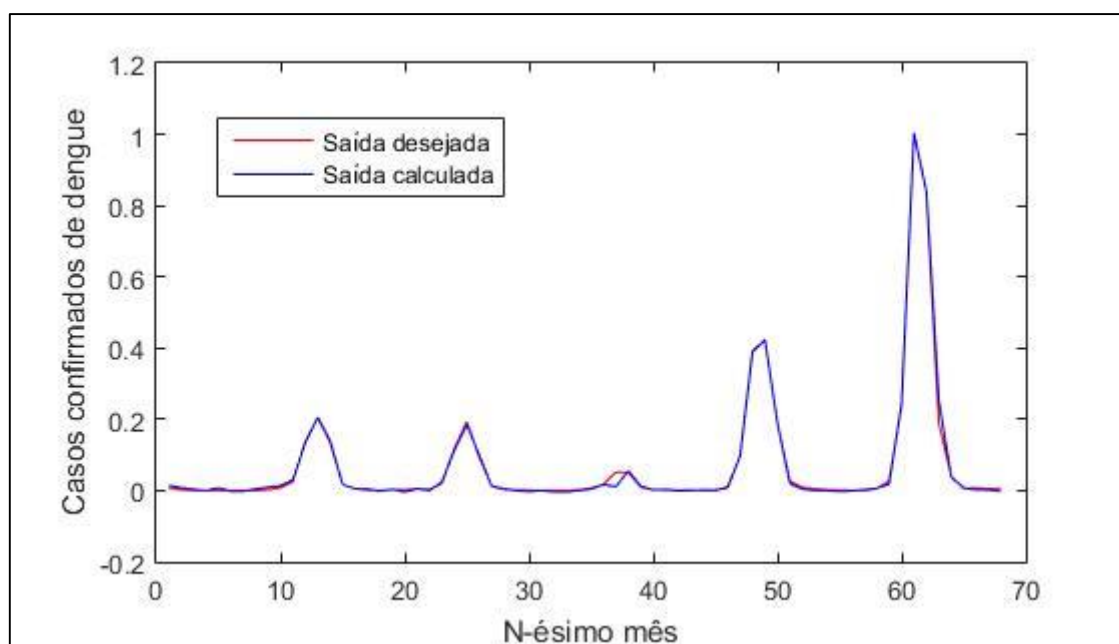
(conclusão)

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
14	5	TrainLM	LOGSIG	$1,04 \cdot 10^{-02}$	7,761318 %
14	6	TrainBR	TANSIG	$1,64 \cdot 10^{-02}$	0,339586 %
15	6	TrainLM	LOGSIG	$1,19 \cdot 10^{-02}$	6,890196 %
15	9	TrainBR	LOGSIG	$2,15 \cdot 10^{-02}$	0,336921 %
16	6	TrainLM	LOGSIG	$9,96 \cdot 10^{-03}$	10,02262 %
16	6	TrainBR	TANSIG	$2,03 \cdot 10^{-02}$	0,371006 %

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Dentre as redes citadas na Tabela 13, o melhor RMSE no conjunto de testes foi de $4,74 \cdot 10^{-03}$. A rede que obteve este RMSE foi treinada com 8 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e com o algoritmo TrainLM. O conjunto de entrada desta rede incluiu os dados de precipitação, temperatura máxima, temperatura compensada, temperatura mínima e umidade. As entradas da rede possuíam um mês de atraso em relação a saída (número de casos de dengue de um mês a frente). O Gráfico 17 apresenta a saída calculada por esta RNA em relação a saída desejada. Pela observação gráfica, é possível perceber uma maior taxa de erros apenas quando o número de casos de dengue era baixo.

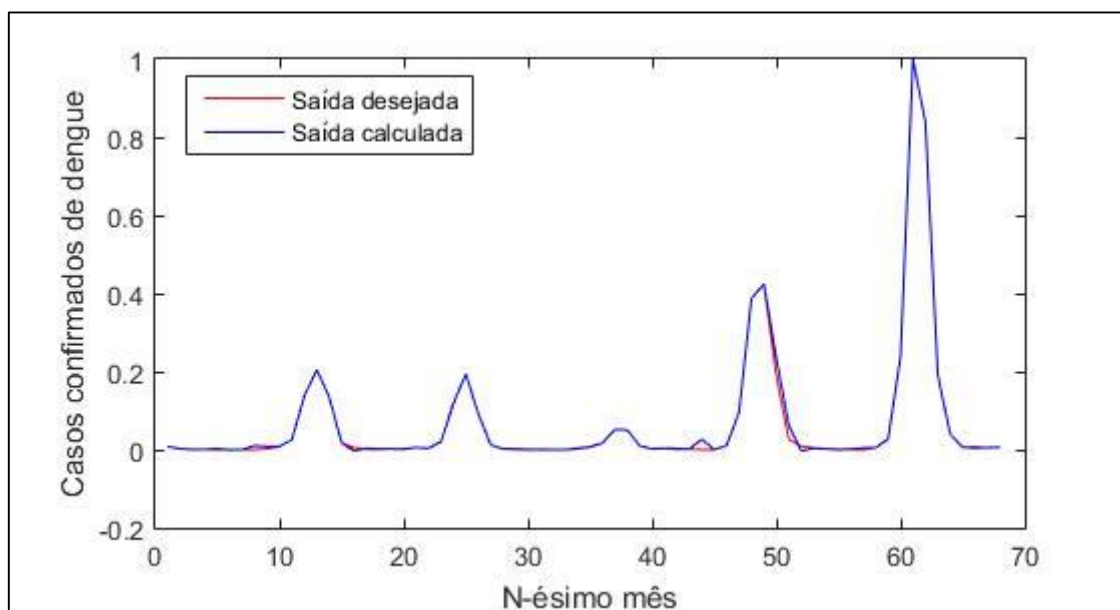
Gráfico 17 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor RMSE (Guarulhos)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O melhor MAPE obtido pelas redes NARX foi de 0,181117 %. A rede que atingiu este erro foi treinada com 6 neurônios na camada oculta, função de ativação TANSIG e com o algoritmo TrainBR. O conjunto de entrada desta rede incluiu os dados de precipitação, temperatura compensada, temperatura mínima e umidade relativa. As entradas da rede possuíam um mês de atraso em relação a saída. O Gráfico 18 apresenta a comparação entre a saída calculada pela RNA e a saída desejada. Pela observação gráfica, é possível perceber que a RNA errou ao estimar que ocorreria um pequeno surto por volta do 45º mês.

Gráfico 18 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor MAPE (Guarulhos)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Ambas as redes NARX apresentadas apresentam erros próximos a zero, entretanto, pela observação gráfica, nota-se que a rede que obteve o melhor RMSE teve menos erros perceptíveis. Por esta razão, a primeira rede descrita foi selecionada como a melhor NARX para previsão em Guarulhos.

6.2.2.2 Itajaí

Para previsão de casos de dengue em Itajaí, foram utilizados 15 conjuntos de entrada. Para cada conjunto, foram modeladas 44 redes NARX, nas quais eram alteradas a função de ativação, algoritmo de treinamento e a quantidade de neurônios na camada oculta. A Tabela 14 apresenta as redes NARX que obtiveram os melhores resultados para cada conjunto de entrada.

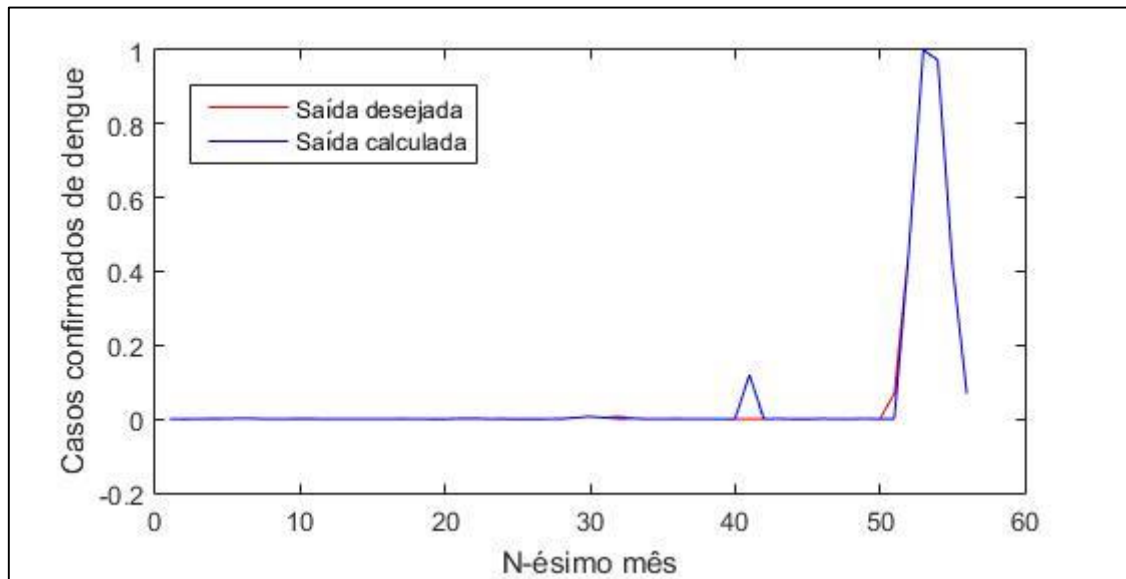
Tabela 14 - Redes NARX que obtiveram melhores resultados na previsão de Itajaí para cada conjunto de entrada

Nº Conjunto de Entrada	Neurônios na Camada Oculta	Algoritmo de Treinamento	Função de Ativação	RMSE Teste	MAPE
01	7	TrainLM	LOGSIG	$8,29 \cdot 10^{-04}$	1,920865 %
01	15	TrainBR	TANSIG	$2,04 \cdot 10^{-02}$	0,235363 %
02	6	TrainLM	TANSIG	$1,93 \cdot 10^{-03}$	0,79312 %
02	15	TrainBR	LOGSIG	$1,00 \cdot 10^{-02}$	0,215154 %
03	10	TrainLM	LOGSIG	$1,34 \cdot 10^{-03}$	11,32342 %
03	12	TrainLM	LOGSIG	$1,36 \cdot 10^{-03}$	0,418895 %
04	6	TrainLM	LOGSIG	$1,48 \cdot 10^{-03}$	0,39777 %
04	6	TrainBR	TANSIG	$1,80 \cdot 10^{-02}$	0,223801 %
05	9	TrainLM	LOGSIG	$2,91 \cdot 10^{-03}$	0,868463 %
05	15	TrainBR	LOGSIG	$1,07 \cdot 10^{-02}$	0,222653 %
06	5	TrainLM	LOGSIG	$1,31 \cdot 10^{-03}$	0,53877 %
06	5	TrainBR	TANSIG	$2,10 \cdot 10^{-02}$	0,195665 %
07	6	TrainLM	LOGSIG	$2,79 \cdot 10^{-03}$	1,146218 %
07	5	TrainBR	LOGSIG	$1,17 \cdot 10^{-02}$	0,226372 %
08	5	TrainLM	TANSIG	$1,02 \cdot 10^{-03}$	0,053705 %
09	6	TrainLM	LOGSIG	$1,44 \cdot 10^{-03}$	0,445961 %
09	11	TrainBR	TANSIG	$2,73 \cdot 10^{-02}$	0,303349 %
10	6	TrainLM	LOGSIG	$1,42 \cdot 10^{-03}$	0,450368 %
11	8	TrainLM	TANSIG	$2,41 \cdot 10^{-03}$	0,79803 %
11	5	TrainBR	TANSIG	$2,47 \cdot 10^{-02}$	0,308649 %
12	11	TrainLM	LOGSIG	$3,80 \cdot 10^{-03}$	1,256865 %
12	14	TrainBR	TANSIG	$7,93 \cdot 10^{-03}$	0,088318 %
13	5	TrainLM	LOGSIG	$1,84 \cdot 10^{-03}$	0,403648 %
14	6	TrainLM	LOGSIG	$6,48 \cdot 10^{-03}$	1,010956 %
14	14	TrainBR	TANSIG	$1,11 \cdot 10^{-02}$	0,129375 %
15	7	TrainLM	LOGSIG	$7,17 \cdot 10^{-04}$	0,787786 %
15	5	TrainBR	LOGSIG	$2,50 \cdot 10^{-03}$	0,057694 %

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O melhor RMSE no conjunto de testes obtido foi de $7,17 \cdot 10^{-04}$. A rede que obteve este resultado foi treinada com o algoritmo TrainLM, função de ativação LOGSIG e utilizou 7 neurônios na camada oculta. Os dados utilizados como entrada da rede neural foram: precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima e temperatura do ar. O Gráfico 19 apresenta a comparação entre a saída calculada e o número de casos mensais observados. Nota-se que a rede estimou erroneamente que ocorreria um surto de casos por volta do 40º mês.

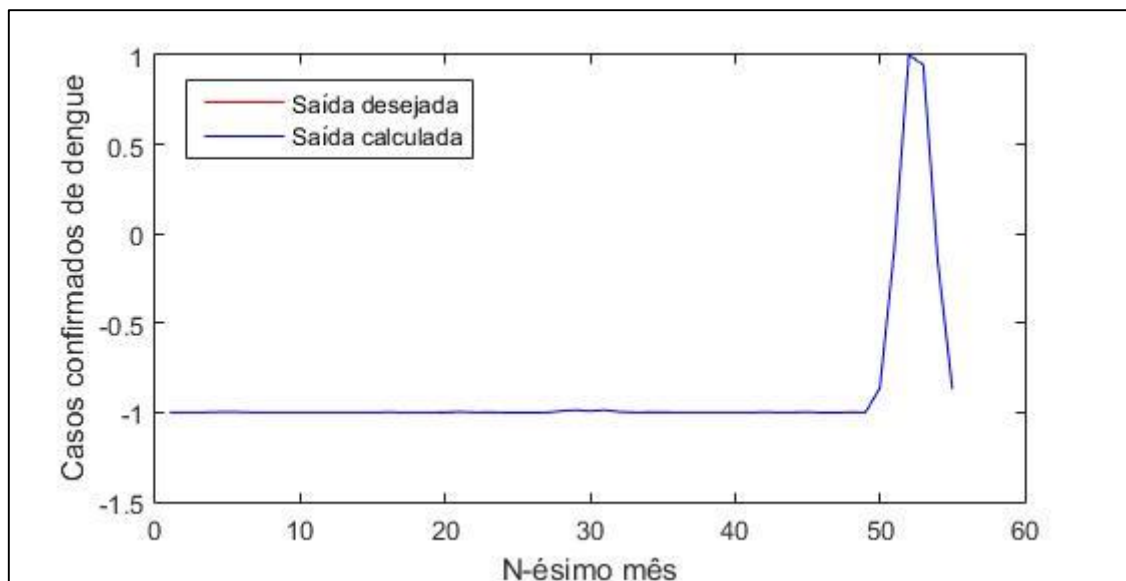
Gráfico 19 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor RMSE (Itajaí)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

O melhor MAPE obtido foi de apenas 0,053705 %. A rede que atingiu este resultado foi treinada com o algoritmo TrainLM, função de ativação TANSIG e apenas 5 neurônios na camada oculta. O conjunto de entrada incluiu os dados de precipitação total, temperatura máxima, temperatura mínima, temperatura do ar e a umidade relativa do mês anterior. O Gráfico 20 compara a saída calculada pela rede NARX e o número de casos observados. O erro entre a saída calculada e a desejada praticamente não é perceptível pela comparação gráfica.

Gráfico 20 - Valores reais observados e calculados pela NARX com menor MAPE (Itajaí)



Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Ambas as redes apresentadas obtiveram erros baixos. Entretanto, pela comparação gráfica, a segunda rede aparentou uma melhor previsão do número de casos de dengue. Além disso, esta rede precisou de menos neurônios na camada oculta. Deste modo, a rede com menor MAPE foi eleita a melhor NARX para previsão de Itajaí.

6.3 ESCOLHA DA MELHOR CONFIGURAÇÃO DE RNA

Cada rede neural treinada foi analisada e comparada com outras redes do mesmo tipo para a escolha da melhor configuração daquela arquitetura, com base nas métricas de erro e nos gráficos comparativos. Este processo foi descrito nas seções 6.1.2 e 6.2.2 para comparação das redes MLP e NARX, respectivamente. As próximas subseções comparam entre si ambas as redes escolhidas com o objetivo de eleger a rede com melhor desempenho para previsão de dengue em Guarulhos e Itajaí.

6.3.1 Guarulhos

Para previsão de dengue em Guarulhos, a rede MLP com melhor desempenho foi a alternativa com 13 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e algoritmo de treinamento TrainBR. Seus erros MAPE e RMSE no conjunto de testes foram, respectivamente, 0,8613% e $4,11 \cdot 10^{-3}$. Por sua vez, a rede NARX que produziu melhores resultados foi treinada com 8 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e com o algoritmo TrainLM. Esta rede obteve MAPE de 1,19% e RMSE de $4,74 \cdot 10^{-3}$.

Na comparação entre as duas redes selecionadas, a rede MLP obteve um desempenho levemente superior à rede NARX tanto na métrica de erro MAPE quanto no RMSE. A Tabela 15 apresenta a comparação entre a quantidade de casos de dengue calculada pelas redes com alguns valores observados. Para esta comparação, foram priorizadas as situações nas quais o número de casos de dengue no mês era elevado, com o intuito de observar o comportamento das redes durante um surto da doença. Cabe notar que, como as redes neurais trabalham com valores normalizados, suas saídas precisaram ser desnormalizadas conforme o processo descrito na seção 5.2.1.

Tabela 15 - Previsões para Guarulhos realizadas pelas redes MLP e NARX eleitas

Mês observado	Casos de dengue	Previsão (casos)		Módulo do Erro (casos)	
		MLP	NARX	MLP	NARX
Abril/2010	463	467,1069	463,0002	4,106943	0,000223
Maio/2011	211	210,8763	211,0003	0,123667	0,000287
Fevereiro/2012	15	12,1084	3,8603	2,891598	11,13969
Março/2013	878	882,0929	877,9997	4,092942	0,000266
Abril/2014	2264	2263,473	2264	0,527124	$1,79 \cdot 10^{-05}$

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Conforme pode ser observado na Tabela 15, apesar da rede NARX geralmente ter sido mais precisa na estimativa do número de casos de dengue, houve uma situação na qual o erro foi mais significativo. No mês em questão, a quantidade de casos da doença estimada pela rede NARX foi 25,7% da quantidade real observada. Por sua vez, ainda que a rede MLP tenha obtido erros geralmente maiores que a rede NARX, estes não representaram uma diferença tão significativa em relação aos valores reais. Por exemplo, no mês de abril de 2010, a rede MLP teve um erro equivalente a 0,88% da quantidade real observada.

Portanto, analisando as métricas de erro RMSE e MAPE além dos resultados apresentados na Tabela 15, chega-se à conclusão que a RNA mais aderente a área de estudo, ou seja, a rede com melhor desempenho dentre todas as construídas, treinadas e testadas é a rede MLP com 10 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e algoritmo de treinamento TrainBR. É importante destacar que o conjunto de entrada que obteve este resultado foi composto apenas pela quantidade de casos de dengue dos dois meses anteriores ao mês em que se realizava a previsão, ou seja, as variáveis climáticas não foram as mais adequadas para estimar a quantidade de casos de dengue em Guarulhos.

6.3.2 Itajaí

A rede MLP que produziu os melhores resultados para previsão de dengue em Itajaí foi treinada com 8 neurônios na camada oculta função de ativação TANSIG e com o algoritmo TrainBR. Seus erros MAPE e RMSE no conjunto de testes foram, respectivamente, 0,0369% e $2,68 \cdot 10^{-3}$. Já a rede NARX com melhor desempenho foi a alternativa com 5 neurônios na camada intermediária, função de ativação TANSIG e algoritmo de treinamento TrainLM. Esta rede obteve MAPE de 0,0537% e RMSE de $1,02 \cdot 10^{-3}$.

Na comparação entre as duas redes selecionadas, a rede MLP obteve um desempenho superior à rede NARX em relação ao MAPE, enquanto que a rede NARX atingiu o menor RMSE. A Tabela 16 apresenta a comparação entre a quantidade de casos de dengue calculada pelas redes com alguns valores reais observados.

Tabela 16 - Previsões para Itajaí realizadas pelas redes MLP e NARX eleitas

Mês observado	Casos de dengue	Previsão (casos)		Módulo do Erro (casos)	
		MLP	NARX	MLP	NARX
Fevereiro/2011	2	1,9991	2,0031	0,000862	0,003192
Abril/2013	7	7,0004	6,9896	0,000409	0,010338
Julho/2014	1	0,9988	1,3081	0,001141	0,308197
Janeiro/2015	72	71,9998	71,9821	0,000156	0,017805
Março/2015	1050	1049,9999	1049,9867	$2,58 \cdot 10^{-05}$	0,013253

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Conforme apresentado pela Tabela 16, ambas as alternativas de rede neural não tiveram erros significativos na previsão. Entretanto, a rede MLP atingiu maior precisão na estimação dos valores selecionados.

Deste modo, analisando as métricas de erro e os resultados apresentados, chega-se à conclusão que a RNA mais aderente a Itajaí é a rede MLP com 8 neurônios na camada oculta, função de ativação TANSIG e algoritmo de treinamento TrainLM. O conjunto de entrada que obteve este resultado foi composto pelos dados referentes à precipitação, temperatura máxima, mínima e do ar, umidade relativa e ao número de casos confirmados de dengue no mês anterior.

Os resultados apresentados pela rede mostram que é possível fazer a previsão de casos de dengue em Itajaí, utilizando RNAs com dados meteorológicos e históricos da quantidade de casos de dengue. Entretanto, destaca-se que, como toda modelagem matemática, a generalização dos resultados obtidos em um estudo de caso específico não pode ser utilizada diretamente para outros casos, pois se deve levar em consideração que as características de cada região são únicas, sendo a utilização dos modelos construídos neste trabalho restrita a cada área de estudo.

7 CONCLUSÕES

Rede Neural Artificial é uma técnica da Inteligência Artificial que possui como característica a capacidade de mapear relacionamentos incertos entre variáveis de uma aplicação. Este aspecto é particularmente relevante no problema da previsão de incidência de dengue, pois não demanda a compreensão detalhada das relações entre casos de dengue e as demais variáveis do ambiente. Tendo isto em vista, este trabalho descreve a modelagem de RNAs para o problema de previsão de casos de dengue nos municípios de Itajaí/SC e Guarulhos/SP. Além disso, este trabalho compara a utilização de duas arquiteturas distintas de RNAs, as redes Perceptron Multicamadas e as Redes Neurais Auto-Regressivas com Entradas Exógenas.

Para que os objetivos do trabalho fossem atingidos, inicialmente foi realizada uma revisão sistemática da literatura de modo a identificar os modelos que têm sido utilizados para previsão de incidência de dengue e as variáveis utilizadas nestes modelos. Posteriormente, foi realizada a modelagem e treinamento das redes com diferentes configurações de variáveis de entrada e parâmetros iniciais, com o intuito de encontrar o conjunto de entrada com o melhor ajuste ao problema.

Foram construídas, treinadas e testadas 1.408 configurações de redes para previsão de casos de dengue em Guarulhos e 1.320 redes para previsão em Itajaí. Metade das alternativas modeladas consistiam em redes MLP e a outra metade, em redes NARX. Dos dados disponíveis, 70% das amostras foram aleatoriamente utilizadas durante o treinamento das redes e o restante durante a fase de testes. Para minimizar os efeitos causados pela aleatoriedade das condições iniciais, optou-se por treinar cada alternativa de rede neural 50 vezes.

Para avaliar o desempenho das redes, foram utilizadas as métricas de erro RMSE e MAPE. Por meio dos resultados apresentados por estas métricas e da comparação gráfica, foi possível avaliar a qualidade da previsão e selecionar as MLPs e NARXs com melhores desempenhos. As redes MLPs e NARXs selecionadas foram comparadas entre si para eleição da rede com resultados mais satisfatórios para cada área de estudo.

O melhor desempenho em ambas as áreas de estudo foi obtido por redes da arquitetura MLP. Para previsão em Guarulhos, a rede que produziu os melhores resultados é a MLP modelada com 10 neurônios na camada oculta, função de ativação LOGSIG e algoritmo de treinamento TrainBR. O conjunto de entrada que obteve este resultado foi composto apenas pela quantidade de casos de dengue dos dois meses anteriores ao mês em que se realizava a previsão.

Por sua vez, o melhor desempenho para previsão de dengue em Itajaí foi obtido pela alternativa de MLP treinada com 8 neurônios na camada oculta, função de ativação TANSIG e o algoritmo TrainLM. O conjunto de entrada que obteve este resultado foi composto pelos dados referentes à precipitação, temperatura máxima, mínima, temperatura do ar, umidade relativa e ao número de casos confirmados de dengue no mês anterior.

Os resultados apresentados pelas redes mostram que é possível fazer a previsão de casos de dengue nas áreas de estudo, utilizando RNAs com dados meteorológicos e históricos da quantidade de casos de dengue. No caso de Guarulhos, nota-se que as variáveis climáticas não foram as mais adequadas para estimar a quantidade de casos de dengue, pois a rede treinada com informações sobre casos passados de dengue teve um desempenho superior.

Apesar dos resultados obtidos, destaca-se que a generalização dos resultados obtidos em um estudo de caso específico não pode ser utilizada diretamente para outros casos, pois deve-se levar em consideração que as características de cada região são únicas, sendo a utilização dos modelos construídos neste trabalho restrita a cada área de estudo.

Os erros RMSE e MAPE obtidos pelas redes apresentadas são menores que os relatados em diversos dos trabalhos selecionados na revisão sistemática da literatura. Entretanto, estes resultados não indicam um melhor ajuste das RNAs para previsão de casos de dengue, devido à unicidade das áreas de estudo e de suas séries temporais. Deste modo, uma comparação mais precisa entre outros modelos e as RNAs deveria considerar a mesma área de estudo e, preferencialmente, o mesmo período da série temporal. Por esta razão, sugere-se que trabalhos futuros realizem a comparação de RNAs aplicadas ao problema da previsão de dengue com os modelos estatísticos ARIMA e SARIMA.

Outra possibilidade de continuação da pesquisa inclui o desenvolvimento de um portal que aplique o modelo, visando disponibilizar informações que possam auxiliar a população e os órgãos públicos na preparação e controle de uma possível epidemia de dengue.

REFERÊNCIAS

- ABURAS, H. M.; CETINER, B. G.; SARI, M. Dengue confirmed-cases prediction: A neural network model. **Expert Systems with Applications**, v. 37, n. 6, p. 4256–4260, 2010.
- ADNAN, R. et al. 5 hours flood prediction modeling using improved NNARX structure: Case study Kuala Lumpur. **Proceedings of the 2014 IEEE 4th International Conference on System Engineering and Technology, ICSET 2014**, n. NOVEMBER, 2014.
- AL-MUHANDIS, N.; HUNTER, P. R. The value of educational messages embedded in a community-based approach to combat dengue fever: A systematic review and meta regression analysis. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 5, n. 8, 2011.
- ALVES, A. C. et al. Knowledge and practices related to dengue and its vector : a community-based study from Southeast Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 49, n. 2, p. 222–226, 2016.
- ANDRADE, M. C. DE et al. Estimativa De Padrões Espaço-Temporais Utilizando Redes Física Solar. p. 6–8, 2001.
- ARAÚJO, H. R. C. et al. Aedes aegypti Control Strategies in Brazil: Incorporation of New Technologies to Overcome the Persistence of Dengue Epidemics. **Insects**, v. 6, p. 576–594, 2002.
- BAGHIRLI, O. **Comparison of Lavenberg-Marquardt, Scaled Conjugate Gradient And Bayesian Regularization Backpropagation Algorithms for Multistep Ahead Wind Speed Forecasting Using Multilayer Perceptron Feedforward Neural Network**. Dissertação (Mestrado em Ciência). Department of Earth Sciences, Uppsala University, 2015.
- BARBOSA, G. L.; LOURENÇO, R. W. Análise da distribuição espaço-temporal de dengue e da infestação larvária no município de Tupã, Estado de São Paulo. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 43, n. 2, p. 145–151, 2010.
- BATISTA, A. L. F. **Modelos de Séries Temporais e Redes Neurais Artificiais na Previsão de Vazão**. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Sistemas). Universidade Federal de Lavras, 2009.
- BEALE, M. H.; HAGAN, M. T.; DEMUTH, H. B. **Neural Network Toolbox™ User's Guide**. 8.2 ed. Natick: Math Works, 2014.
- BEALE, M. H.; HAGAN, M. T.; DEMUTH, H. B. **Neural Network Toolbox™ Reference**. 9. ed. Natick: Math Works, 2016.
- BRAGA, A. DE P.; CARVALHO, A. P. DE L. F. DE; LUDERMIR, T. B. **Redes Neurais Artificiais: Teoria e Aplicações**. 2. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2011.
- BROOKSHEAR, J. G. **Ciência da Computação: Uma Visão Abrangente**. 11. ed. Porto Alegre: Bookmann, 2013.

CÂMARA, F. P. et al. Regional and dynamics characteristics of dengue in Brazil: a retrospective study. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 40, n. 2, p. 192–196, 2007.

CÂMARA, F. P. et al. Clima e epidemias de dengue no Estado do Rio de Janeiro. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 42, n. 2, p. 137–140, 2009.

CARDOSO, I. M. et al. Dengue: clinical forms and risk groups in a high incidence city in the Southeastern region of Brazil. **Revista Da Sociedade Brasileira De Medicina Tropical**, v. 44, n. 4, p. 430–435, 2011.

COPPIN, B. **Inteligência artificial**. 1. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2012.

CYBENKO, G. Approximation by Superpositions of a Sigmoidal Function. **Mathematics of Control Signals, and Systems**, v. 2, n. 4, p. 303–314, 1989.

DEMUTH, H.; BEALE, M. **Neural Network Toolbox™ User's Guide**. 4. ed. Natick: Math Works, 2002.

DIRETORIA DE VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA DE SANTA CATARINA (DIVE). Nota Técnica Nº 08/2015/DIVE/SUV/SES, 2015. Disponível em: <http://www.dive.sc.gov.br/conteudos/zoonoses/notas-tecnicas/dengue_nota_tecnica_8_intensificacao_acoes_da_dengue.pdf>. Acesso: 4 de junho de 2015

DOM, N. C. et al. Generating temporal model using climate variables for the prediction of dengue cases in Subang Jaya, Malaysia. **Asian Pacific Journal of Tropical Disease**, v. 3, n. 5, p. 352–361, 2013.

DUDA, R. O.; HART, P. E.; STORK, D. G. **Pattern Classification**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 2001.

EARNEST, A. et al. Comparing statistical models to predict dengue fever notifications. **Computational and Mathematical Methods in Medicine**, v. 2012, 2012.

GHARBI, M. et al. Time series analysis of dengue incidence in Guadeloupe, French West Indies: forecasting models using climate variables as predictors. **BMC infectious diseases**, v. 11, p. 166, 2011.

GUARULHOS. Cidade, 2016. Disponível em: <<http://www.guarulhos.sp.gov.br/cidade>>. Acesso em: 29 de julho de 2016.

HAGAN, M. T.; MENHAJ, M. B. Training Feedforward Networks with the Marquardt Algorithm. **IEEE Transactions on Neural Networks**, v. 5, n. 6, p. 989–993, 1994.

HALSTEAD, S. B. **Dengue**. Londres: Imperial College Press, 2008.

HAYKIN, S. **Redes neurais: princípios e práticas**. 2. ed. Porto Alegre: Bookmann, 2001.
HII, Y. L. et al. Forecast of Dengue Incidence Using Temperature and Rainfall. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 6, n. 11, 2012.

HIRSCHEN, K.; SCHÄFER, M. Bayesian regularization neural networks for optimizing fluid flow processes. **Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering**, v. 195, n. 7–8, p. 481–500, 2006.

IBGE. Guarulhos, 2016a. Disponível em:
<<http://cidades.ibge.gov.br/xtras/perfil.php?lang=&codmun=351880>>. Acesso em: 30 de julho de 2016.

IBGE. Itajaí, 2016b. Disponível em:
<<http://cidades.ibge.gov.br/xtras/perfil.php?codmun=420820>>. Acesso em: 9 de agosto de 2016.

ITAJAÍ. Diretoria de Vigilância Epidemiológica, 2016. Disponível em:
<<http://www.itajai.sc.gov.br/c/diretoria-vigilancia-epidemiologica>>. Acesso em: 9 de agosto de 2016.

JORGE, M. **Inserção de todos os consumidores no mercado liberalizado de energia elétrica : oportunidades e desafios**. Dissertação (Mestrado de Engenharia Eletrotécnica). Instituto Superior de Engenharia do Porto, 2013.

KOVÁCS, Z. L. **Redes Neurais Artificiais: Fundamentos e Aplicações**. 4. ed. São Paulo: Editora Livraria da Física, 2006.

LIMA, E. D. A.; FIRMINO, J. L. D. N.; GOMES FILHO, M. F. A relação da previsão da precipitação pluviométrica e casos de dengue nos estados de Alagoas e Paraíba nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 23, n. 3, p. 264–269, 2008.

LOESCH, C.; SARI, S. T. **Redes Neurais Artificiais: Fundamentos e Modelos**. 1. ed. Blumenau: Editora da FURB, 1996.

MAFRA, A. DE A.; LEMOS, F. L. **Linha-guia de atenção à saúde: Dengue**. 1. ed. Belo Horizonte: Governo do Estado de Minas, 2009.

MANSO, W. **Estudo epidemiológico da dengue no período de 2000 a 2005 no município de Guarulhos (SP)**. Dissertação (Mestrado em Medicina Veterinária). Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Universidade de São Paulo, 2006.

MARTINEZ, E. Z.; SILVA, E. A. S. DA; FABBRO, A. L. D. A SARIMA forecasting model to predict the number of cases of dengue in Campinas, State of São Paulo, Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 44, n. 4, p. 436–440, 2011.

MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. **The Bulletin of Mathematical Biophysics**, v. 5, n. 4, p. 115–133, 1943.

MEKPARYUP, J.; KORNPETPANEE, S.; SAITHANU, K. Forecasting the Dengue Hemorrhagic Fever Cases Using Seasonal ARIMA Model in Chonburi , Thailand. **Global Journal of Pure and Applied Mathematics.**, v. 11, n. JANUARY, p. 401–407, 2015.

MEKPARYUP, J.; SAITHANU, K. A Seasonal ARIMA Model For Forecasting The Dengue

Hemorrhagic Fever Patients In Rayong , Thailand. **Global Journal of Pure and Applied Mathematics**, v. 11, n. January, p. 175–181, 2015.

MENEZES, J. M. P.; BARRETO, G. A. Long-term time series prediction with the NARX network: An empirical evaluation. **Neurocomputing**, v. 71, n. 16, p. 3335–3343, 2008.

MENEZES, J. M. P.; BARRETO, G. A. Redes baseadas em projeções aleatórias para predição não-linear de séries temporais caóticas. **Proceeding Series of the Brazilian Society of Applied and Computational Mathematics**, v. 1, n. 1, p. 1–6, 2013.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Diretrizes Nacionais para a Prevenção e Controle de Epidemias de Dengue**. 1. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2009.

NUNES, J. DA S. **Dengue: Etiologia, patogênese e suas implicações a nível global**. Dissertação (Mestrado em Medicina). Faculdade de Ciências da Saúde, Universidade da Beira Anterior, 2011.

PHUNG, D. et al. Identification of the prediction model for dengue incidence in Can Tho city, a Mekong Delta area in Vietnam. **Acta Tropica**, v. 141, n. August 2015, p. 88–96, 2015.

PREMA, V.; RAO, K. U. **Time series decomposition model for accurate wind speed forecast****Renewables: Wind, Water, and Solar**, 2015. Disponível em: <<http://www.jrenewables.com/content/2/1/18>>

PROMPROU, S.; JAROENSUTASINEE, M.; JAROENSUTASINEE, K. Forecasting dengue haemorrhagic fever cases in Southern Thailand using ARIMA Models. **Dengue Bulletin**, v. 30, n. August, p. 99–106, 2006.

REZENDE, S. O. **Sistemas Inteligentes: Fundamentos e Aplicações**. 1. ed. Barueri: Manole, 2003.

RIBEIRO, A. F. et al. Associação entre incidência de dengue e variáveis climáticas. **Revista de Saude Publica**, v. 40, n. 4, p. 671–676, 2006.

RUSSEL, S.; NORVIG, P. **Inteligência Artificial**. 2. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2004.

SILVA, J. S.; MARIANO, Z. D. F.; SCOPEL, I. A dengue no Brasil e as políticas de combate ao Aedes aegypti: da tentativa da erradicação às políticas de controle. **Revista Brasileira de Geografia Médica e da Saúde**, v. 3, n. 6, p. 163–175, 2008.

SILVA, I. N. DA; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. **Redes Neurais Artificiais para engenharia e ciências aplicadas**. São Paulo: Artliber, 2010.

SIQUEIRA, J. B. et al. Dengue and dengue hemorrhagic fever, Brazil, 1981-2002. **Emerging infectious diseases**, v. 11, n. 1, p. 48–53, 2005.

SOUZA, L. J. DE. **Dengue - Diagnóstico, Tratamento e Prevenção**. 2. ed. Rio de Janeiro: Rubio, 2008.

SOUZA, S. S. DE; SILVA, I. G. DA; SILVA, H. H. G. DA. Associação entre incidência de

dengue, pluviosidade e densidade larvária de *Aedes aegypti*, no Estado de Goiás. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 43, n. 2, p. 152–155, 2010.

SUN, Z. et al. A Bayesian regularized artificial neural network for adaptive optics forecasting. **Optics Communications**, v. 382, p. 519–527, 2017.

TAFNER, M. A.; XEREZ, M. DE; RODRIGUES FILHO, I. W. **Redes neurais artificiais: introdução e princípios de neurocomputação**. Blumenau: EDO: Ed. da FURB, 1995.

TALIBERTI, H.; ZUCCHI, P. Custos diretos do programa de prevenção e controle da dengue no Município de São Paulo em 2005. **Revista Panamericana de Salud Pública**, v. 27, n. 3, p. 175–180, 2010.

TAUIL, P. L. Critical aspects of dengue control in Brazil. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 18, n. 3, p. 867–871, 2002.

TAUIL, P. L. Perspectivas de controle de doenças transmitidas por vetores no Brasil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 39, n. 3, p. 275–277, 2006.

TIEN BUI, D. et al. Landslide susceptibility assessment in the Hoa Binh province of Vietnam: A comparison of the Levenberg-Marquardt and Bayesian regularized neural networks. **Geomorphology**, v. 171–172, p. 12–29, 2012.

TOMITA, Y. et al. Artificial neural network approach for selection of susceptible single nucleotide polymorphisms and construction of prediction model on childhood allergic asthma. **BMC bioinformatics**, v. 5, p. 120, 2004.

VARELLA, D.; JARDIM, C. **Dengue e Febre Amarela**. Barueri: Gold Editora, 2009.

WERMELINGER, E. D. et al. *Aedes aegypti* eggs oviposited on water surface collected from field ovitraps in Nova Iguaçu City, Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 48, n. 6, p. 770–772, 2015.

WHITE, K. **Dengue Fever**. 1. ed. New York: Rosen Publishing Group, 2004.

WHITEHORN, J.; FARRAR, J. Dengue. **British Medical Bulletin**, v. 95, n. 1, p. 161–173, 2010.

WHO. **International travel and health: Situation as on 1 January 2012**. 1. ed. Geneva: World Health Organization, 2012. v. 2

WHO; TDR. **Dengue: Guidelines for Diagnosis, Treatment, Prevention and Control**. Geneva: World Health Organization, 2009.

YU, H. L. et al. A spatio-temporal climate-based model of early dengue fever warning in southern Taiwan. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, v. 25, n. 4, p. 485–494, 2011.

YU, L. et al. Application of a new hybrid model with seasonal auto-regressive integrated moving average (ARIMA) and nonlinear auto-regressive neural network (NARNN) in

forecasting incidence cases of HFMD in Shenzhen, China. **PLoS ONE**, v. 9, n. 6, 2014.

ZAFARI, A.; KIANMEHR, M. H.; ABDOLAHZADEH, R. Modeling the effect of extrusion parameters on density of biomass pellet using artificial neural network. **International Journal Of Recycling of Organic Waste in Agriculture**, v. 2, n. 1, p. 9, 2013.

ZHANG, T.; YOU, X. Improvement of the Training and Normalization Method of Artificial Neural Network in the Prediction of Indoor Environment. **Procedia Engineering**, v. 121, p. 1245–1251, 2015.

APÊNDICE A - PROTOCOLO DA REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA

O objetivo desta revisão sistemática é fazer um levantamento da literatura relevante acerca do tema previsão de dengue. Mais especificamente, a meta deste trabalho é investigar os modelos e métodos que vem sendo utilizados na previsão de casos de dengue. Além disso, a revisão sistemática também visa descobrir características utilizadas na previsão, incluindo o tempo de antecedência, índices para análise da qualidade da previsão e as variáveis utilizadas pelos modelos.

Com o intuito de cumprir os objetivos da revisão, foi elaborado um protocolo de busca, de modo a levantar o máximo da literatura sobre o assunto. A seguir será descrito o protocolo de busca elaborado.

PERGUNTA DE PESQUISA

1. Pergunta de Pesquisa: Quais modelos têm sido utilizados para previsão de casos de dengue?
2. Perguntas de Pesquisa Adicionais:
 - a) Com que antecedência pode ser realizada uma previsão de casos de dengue com erro aceitável?
 - b) Quais métricas de erro são geralmente empregadas para investigar a qualidade da previsão de casos de dengue?
 - c) Quais dados são utilizados como variáveis de entrada nos modelos de previsão adotados?
3. População: Pesquisas realizadas na área de previsão de incidência de dengue, que apliquem técnicas de previsão.
4. Intervenção:

Para a pergunta principal: Modelos de previsão de séries temporais que têm sido utilizados para prever a incidência de dengue;

Para as perguntas secundárias:

 - a) Horizonte de previsão que tem sido utilizado na previsão de dengue;
 - b) Índices e métricas de erro que têm sido utilizados para verificar a qualidade da previsão de dengue;
 - c) Dados que têm sido utilizados na previsão de dengue.

5. Resultados: Comparativo dos modelos que têm sido utilizados para prever casos de dengue.
6. Contexto: Artigos publicados nas bases de dados eletrônicas ACM Digital Library, Portal de Periódicos da Capes, ScienceDirect e Springer.

BASES DE DADOS E STRINGS DE BUSCA

A seguir são descritas as *strings* de busca utilizadas em cada uma das fontes de pesquisa que foram consultadas nesta revisão sistemática. As *strings* de busca foram adaptadas para cada fonte de pesquisa, dado que cada fonte possui um mecanismo de busca próprio.

ACM Digital Library

(dengue) and (forecast or predict) and (not diagnostic and not risk) Published since 2010.

Portal de Periódicos da Capes

no título contém dengue AND no título contém predict, Data de publicação: Últimos 5 anos.

ScienceDirect

pub-date > 2009 and (TAK(dengue) and (forecast OR predict)).

Springer

'dengue AND "time series" AND (forecast OR predict)' within Article 2010 - 2015.

Filtro: Título contém dengue

CRITÉRIOS E PROCEDIMENTOS DE SELEÇÃO PARA TRABALHOS

Após a construção e uso das *strings* de busca em cada fonte de pesquisa, foram encontrados diversos trabalhos. Por esta razão, os trabalhos foram filtrados a partir dos seguintes critérios:

1. Exclusão de trabalhos repetidos, ou seja, que foram encontrados em mais de uma fonte de pesquisa;
2. Pela análise do título do trabalho;
3. Pela análise do resumo e da introdução do trabalho.

Para que fossem selecionados trabalhos com maior relação com o tema da pesquisa, foram definidos quatro critérios de inclusão e dois critérios de exclusão. Os critérios de inclusão e exclusão são listados a seguir.

Critérios de inclusão

1. Artigos a partir de 2010;
2. Trabalhos em inglês e português;
3. Trabalhos que descrevem de forma detalhada como a técnica de previsão foi utilizada;
4. Artigos que tenham como foco a previsão de dengue.

Critérios de exclusão

1. Trabalhos curtos, como resumos ou resumos expandidos.
2. Trabalhos que façam a previsão de outras doenças, por exemplo, malária.

EXECUÇÃO DO PROTOCOLO DE REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA

A revisão sistemática foi realizada em setembro de 2015. Depois dos testes iniciais e dos refinamentos nas *strings* de busca, foi iniciada a coleta e análise dos trabalhos. Inicialmente as buscas resultaram um total de 116 artigos. Os resultados, separados por base de dados, são apresentados na Tabela 17.

Tabela 17 - Número de artigos encontrados inicialmente

Fonte de Pesquisa	Total
ACM Digital Library	22
Portal de Periódicos da Capes	24
ScienceDirect	53
Springer	17

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Seguindo os critérios e procedimentos de seleção de trabalhos, a próxima etapa seria a retirada dos trabalhos repetidos. Entretanto, não houveram trabalhos removidos por este critério.

A etapa seguinte consistiu na leitura do título de todos os trabalhos de modo a constatar se estes se encaixavam nos critérios de inclusão ou exclusão. Assim, restaram 17 trabalhos, que são exibidos na Tabela 18, separados por base de dados.

Tabela 18 - Número de artigos restantes após análise dos títulos

Fonte de Pesquisa	Total
ACM Digital Library	3
Portal de Periódicos da Capes	4
ScienceDirect	5
Springer	5

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

A etapa final envolveu a leitura dos resumos e introduções dos trabalhos restantes. Por fim, restaram 7 trabalhos, os quais são exibidos na Tabela 19, separados por base de dados.

Tabela 19 - Número de artigos restantes após análise do resumo e introdução

Fonte de Pesquisa	Total
ACM Digital Library	0
Portal de Periódicos da Capes	2
ScienceDirect	3
Springer	2

Fonte: Elaboração da autora, 2016.

Os 7 trabalhos restantes foram lidos, analisados e dispostos em um quadro (ver páginas 48 e 49), onde puderam ser comparados com o objetivo de responder as perguntas de pesquisa primária e secundárias.

APÊNDICE B – ALGORITMO PARA MODELAGEM DAS REDES MLP

Quadro 5 - Algoritmo em Matlab utilizado na modelagem das redes MLP

```

%% Dado um conjunto de entrada, o algoritmo gera todas as configurações
%% de redes MLP que podem ser produzidas variando-se o algoritmo de
%% treinamento (TrainBR e TrainLM), função de ativação (TANSIG E LOGSIG)
%% e a quantidade de neurônios (5 a 15) - Totalizando 44 redes para cada
%% iteração. Cada rede é treinada e testada utilizando-se a técnica de
%% validação cruzada por amostragem aleatória.

%% Inicia vetores auxiliares
algoritmo = cellstr(['trainbr'; 'trainlm']);
funcao = cellstr(['tansig'; 'logsig']);
vetorXLS = [];

%% Realiza a iteração para cada algoritmo de treinamento
for alg=1:2
    %% Realiza a iteração de 5 a 15 neurônios
    for neuronio=5:15
        menorRmseTeste = 0;
        %% Realiza a iteração para cada função de ativação
        for func=1:2

            %% Importa os Dados para Treinamento
            % Dados de Entrada
            if(func==1)
                % Seleciona os dados normalizados de -1 a 1
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '-1 a 1', 'B4:F74');
            else
                % Seleciona os dados normalizados de 0 a 1
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '0 a 1', 'B4:F74');
            end

            % Cria matriz com os sinais de entrada
            entradas = reshape([raw{:}],size(raw));
            clearvars raw;

            %Dados de Saída
            if(func==1)
                % Seleciona os dados normalizados de -1 a 1
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '-1 a 1', 'G4:G74');
            else
                % Seleciona os dados normalizados de 0 a 1
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '0 a 1', 'G4:G74');
            end;

            % Cria matriz com os sinais de entrada
            targets = reshape([raw{:}],size(raw));
            clearvars raw;

            entradas = entradas';
            targets = targets';

            %% Configura a RNA - cada rede foi treinada 50 vezes para
            %% minimizar os efeitos causados pela aleatoriedade
            for x =1:50
                NeuroniosCamadaOcultas = neuronio;
            end
        end
    end
end

```



```

AlgoritmoTreinamento = char(algoritmo(alg));
net = feedforwardnet
    (NeuroniosCamadaOcultas, AlgoritmoTreinamento);

%Modela a RNA
net = configure(net, entradas, targets);

%Funções de Ativação das Camadas (Ocultas e de Saída)
net.layers{1}.transferFcn = char(funcao(func));
net.layers{2}.transferFcn = 'purelin';
net.trainParam.epochs = 1000;

%% Validação cruzada
net.divideFcn = 'dividerand';
net.divideMode = 'sample';
net.divideParam.trainRatio = 70/100;
net.divideParam.valRatio = 15/100;
net.divideParam.testRatio = 15/100;

%% Treinamento RNA
[net, tr] = train(net, entradas, targets);

%% Testa a RNA
saidas = net(entradas);
erro = gsubtract(targets, saidas);
trainTargets = targets .* tr.trainMask{1};
valTargets = targets .* tr.valMask{1};
testTargets = targets .* tr.testMask{1};
trainPerformance = perform(net, trainTargets, saidas);
valPerformance = perform(net, valTargets, saidas);
testPerformance = perform(net, testTargets, saidas);
% Cálculo do RMSE
RMSE_treinamento = sqrt(trainPerformance);
RMSE_teste = sqrt(testPerformance);

% Salva a rede com menor RMSE até a x-ésima iteração
if (x == 1)
    menorRmseTeste = RMSE_teste;
    save(strcat(char(algoritmo(alg)),
        int2str(neuronio), char(funcao(func)), '.mat'));
end;
if (RMSE_teste < menorRmseTeste)
    menorRmseTeste = RMSE_teste;
    save(strcat(char(algoritmo(alg)),
        int2str(neuronio), char(funcao(func)), '.mat'));
end;
clear net; clear tr;
end;

%% Salva informações das redes para comparação
load(strcat(char(algoritmo(alg)),
    int2str(neuronio), char(funcao(func)), '.mat'));
vetorXLS = [vetorXLS; [neuronio, algoritmo(alg), funcao(func),
    tr.num_epochs, RMSE_treinamento, RMSE_teste]];
end;
end;
end;
%% Salva informações de todas as redes em xls
xlswrite('Saída', vetorXLS);

```

APÊNDICE C – ALGORITMO PARA MODELAGEM DAS REDES NARX

Quadro 6 - Algoritmo em Matlab utilizado na modelagem das redes NARX

```

%% Dado um conjunto de entrada, o algoritmo gera todas as configurações
%% de redes NARX que podem ser produzidas variando-se o algoritmo de
%% treinamento (TrainBR e TrainLM), função de ativação (TANSIG E LOGSIG)
%% e a quantidade de neurônios (5 a 15) - Totalizando 44 redes para cada
%% iteração. Cada rede é treinada e testada utilizando-se a técnica de
%% validação cruzada por amostragem aleatória.

algoritmo = cellstr(['trainbr'; 'trainlm']);
funcao = cellstr(['tansig'; 'logsig']);
vetorXLS = [];
for alg=1:2

    for neuronio=5:15
        menorRmseTeste = 0;

        for func=1:2

            if(func==1)
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '-1 a 1', 'B4:F74');
            else
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '0 a 1', 'B4:F74');
            end

            entradas = reshape([raw{:}],size(raw));
            clearvars raw;

            if(func==1)
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '-1 a 1', 'G4:G74');
            else
                % Dados Normalizados de 1 a -1
                [~, ~, raw] = xlsread('C:\Dados', '0 a 1', 'G4:G74');
            end;

            % Criando matriz com os sinais de entrada
            targets = reshape([raw{:}],size(raw));
            clearvars raw;

            %Transponto Matrices
            entradas = entradas';
            targets = targets';
            %Preparar entradas
            [p,Pi,Ai,t] = preparets(net,entradas,{},targets);
            entradas = con2seq(entradas);
            targets = con2seq(targets);

            %% Configurando RNA
            for x =1:50
                %x
                NeuroniosCamadaOculta = neuronio;
                AlgoritmoTreinamento = char(algoritmo(alg));

                net = narxnet(1:2,1:2,NeuroniosCamadaOculta,
                    'open',AlgoritmoTreinamento);
            end
        end
    end
end

```

```

%%Funções de Ativação das Camadas
net.layers{1}.transferFcn = char(funcao(func));
net.layers{2}.transferFcn = 'purelin';

net.trainParam.epochs = 1000;

%% Validação cruzada
net.divideParam.trainRatio = 70/100;
net.divideParam.valRatio = 15/100;
net.divideParam.testRatio = 15/100;

%%Preparação dos dados
[p,Pi,Ai,t] = preparets(net,entradas,{},targets);

%% Treinamento RNA
[net,tr] = train(net,p,t,Pi);

%% Testando a RNA
Y = net(p,Pi,Ai);
performance = perform(net,t,Y);
trainTargets = gmultiply(t,tr.trainMask);
valTargets = gmultiply(t,tr.valMask);
testTargets = gmultiply(t,tr.testMask);
trainPerformance = perform(net,trainTargets,Y);
valPerformance = perform(net,valTargets,Y);
testPerformance = perform(net,testTargets,Y);

% Cálculo do RMSE
RMSE_treinamento = sqrt(trainPerformance);
RMSE_teste = sqrt(testPerformance);

if (x == 1)
    menorRmseTeste = RMSE_teste;
    save(strcat(char(algoritmo(alg)),
        int2str(neuronio),char(funcao(func)),'.mat'));
end;
if (RMSE_teste < menorRmseTeste)
    menorRmseTeste = RMSE_teste;
    save(strcat(char(algoritmo(alg)),int2str(neuronio),
        char(funcao(func)),'.mat'));
end;
clear net;
clear tr;
end;

%%Salvar dados
load(strcat(char(algoritmo(alg)),
    int2str(neuronio),char(funcao(func)),'.mat'));
vetorXLS = [vetorXLS;[neuronio,algoritmo(alg),funcao(func),
    tr.num_epochs,RMSE_treinamento,RMSE_teste]];
end;
end;
end;
xlswrite('saida',vetorXLS);

```

Fonte: Elaboração da autora, 2016.