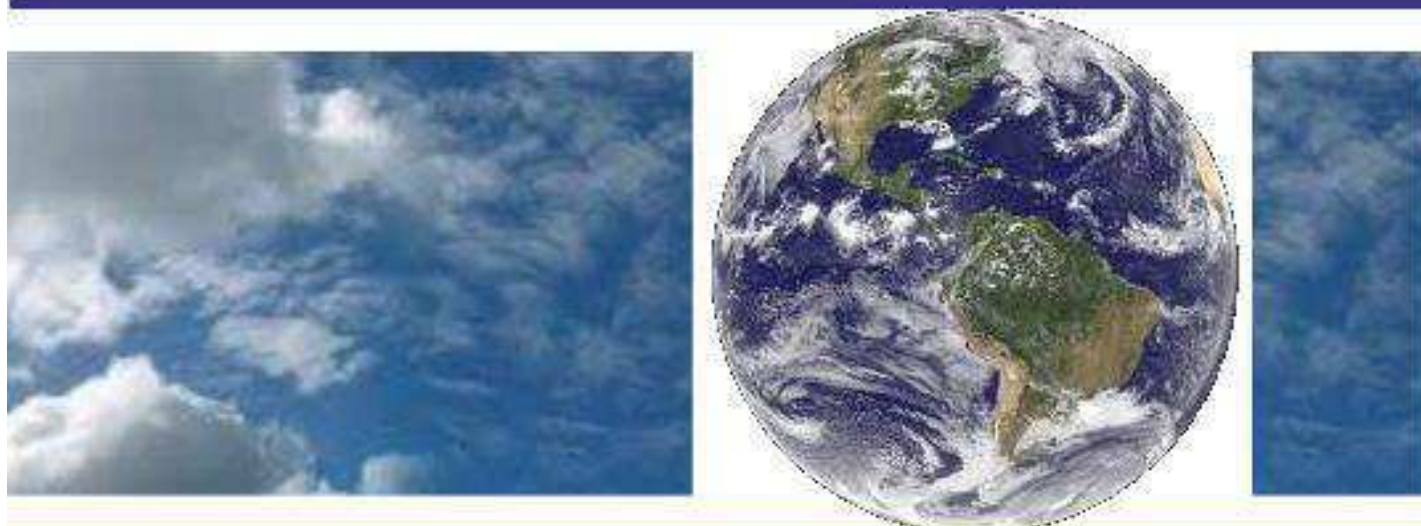


**UNIVERSIDADE FEDERAL DE CAMPINA GRANDE  
CENTRO DE TECNOLOGIA E RECURSOS NATURAIS  
UNIDADE ACADÊMICA DE CIÊNCIAS ATMOSFÉRICAS**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM**

# **METEOROLOGIA**



## **Tese de Doutorado**

**ROBERTO ALAN FERREIRA ARAÚJO**

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS/ESTOCÁSTICOS NA  
AVALIAÇÃO DA OCORRÊNCIA DE DENGUE EM FUNÇÃO  
DO CLIMA NA PARAÍBA**

**Campina Grande, Fevereiro de 2012**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE CAMPINA GRANDE – UFCG**

**CENTRO DE TECNOLOGIA E RECURSOS NATURAIS – CTRN**



**UNIDADE ACADÊMICA DE CIÊNCIAS ATMOSFÉRICAS – UACA**



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM METEOROLOGIA – PPGMET**

**CURSO DE DOUTORADO EM METEOROLOGIA**

**ROBERTO ALAN FERREIRA ARAÚJO**

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS/ESTOCÁSTICOS NA  
AVALIAÇÃO DA OCORRÊNCIA DE DENGUE EM FUNÇÃO DO CLIMA NA  
PARAÍBA.**

Campina Grande – Paraíba

Fevereiro de 2012

**ROBERTO ALAN FERREIRA ARAÚJO**

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS/ESTOCÁSTICOS NA  
AVALIAÇÃO DA OCORRÊNCIA DE DENGUE EM FUNÇÃO DO CLIMA NA  
PARAÍBA.**

Tese apresentada ao Programa de  
PósGraduação em Meteorologia da  
Universidade Federal de Campina  
Grande em cumprimento às exigências  
para obtenção do título de Doutor em  
Meteorologia.

Área de concentração: **Meteorologia de Meso e Grande Escala**

Sub-área: **Biometeorologia**

Orientador: **Prof. Dr. Manoel Francisco Gomes Filho**

Campina Grande – Paraíba

Fevereiro de 2012

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL DA UFCG

A659u     Araújo, Roberto Alan Ferreira.  
              Utilização de modelos matemáticos/estocásticos na avaliação da  
              Ocorrência de dengue em função do clima na Paraíba / Roberto Alan Ferreira  
              Araújo. - Campina Grande, 2012.  
              107f.: il. col.

              Tese (Doutorado em Meteorologia) – Universidade Federal de Campina  
              Grande, Centro de Tecnologia e Recursos Naturais.  
              Orientador: Prof. Dr. Manoel Francisco Gomes Filho.  
              Referências.

              1. Biometeorologia. 2. Dengue. 3. Modelos Dinâmicos. 4. Redes Neurais  
              Artificiais. I. Título.

CDU 551.586 (043)

ROBERTO ALAN FERREIRA ARAÚJO

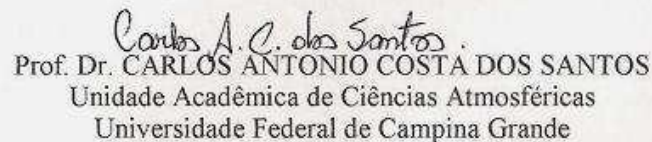
UTILIZAÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS/ESTOCÁSTICOS NA AVALIAÇÃO  
DA OCORRÊNCIA DE DENGUE EM FUNÇÃO DO CLIMA NA PARAÍBA

TESE APROVADA EM 27/02/2012

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. MANOEL FRANCISCO GOMES FILHO  
Unidade Acadêmica de Ciências Atmosféricas  
Universidade Federal de Campina Grande



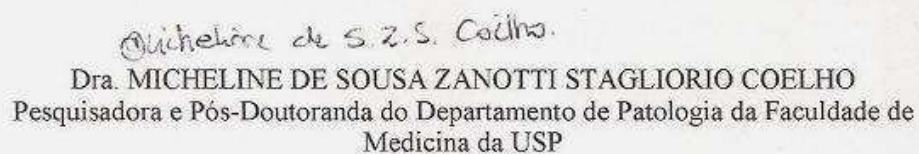
Prof. Dr. CARLOS ANTONIO COSTA DOS SANTOS  
Unidade Acadêmica de Ciências Atmosféricas  
Universidade Federal de Campina Grande



Prof. Dr. TARSO VILELA FERREIRA  
Departamento de Engenharia Elétrica  
Universidade Federal de Campina Grande



Prof. Dr. EDUARDO BARBOSA BESERRA  
Departamento de Biologia  
Universidade Estadual da Paraíba



Dra. MICHELINE DE SOUSA ZANOTTI STAGLIORIO COELHO  
Pesquisadora e Pós-Doutoranda do Departamento de Patologia da Faculdade de  
Medicina da USP

Dedico este trabalho a minha mãe,  
Creusa Ferreira Araújo, minha esposa,  
Cláudia Ligia, e a meus filhos Antônio  
Carlos e Maria Eduarda.

## AGRADECIMENTOS

A Deus que me deu forças para conseguir este feito, pois sem ele nada disso haveria acontecido, OBRIGADO SENHOR!

Ao meu orientador que desde o mestrado me acompanha nesta trajetória acadêmica;

A CAPES, por ter viabilizado todo este projeto;

Ao IRD na pessoa do pesquisador o Dr. Nicolas Degallier, por todo incentivo e parceria para a realização deste trabalho;

Ao INMET na pessoa do pesquisador Fabrício Daniel, por sua amizade e atenção;

Ao Sr. Cel. Kelson de Assis Chaves, por toda credibilidade e confiança;

Ao Sr. Maj. Gilberto Felipe da Silva, pelo apoio e credibilidade depositados à minha pessoa;

Ao Prof. Dr. Paulo Sérgio Lúcio, por todo apoio e amizade;

A Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba, pela atenção e os dados utilizados nesta pesquisa;

A Divanete por sua atenção durante todos esses anos na secretaria da Pós-graduação.

A todos os amigos pós-graduandos e graduandos da UACA que estiveram juntos comigo nesta caminhada acadêmica, em especial as inseparáveis Edvânia, Hérica e Rafaela.

Aos amigos Roni Guedes e Soetania, por sua ajuda e parceria, (Vocês são amigos de luxo!).

A todos os funcionários que fazem parte da UACA;

A todos os funcionários que fazem parte da Biblioteca Central da UFCG pelo atendimento, dedicação e atenção nas incontáveis vezes que estive naquele setor em busca do conhecimento;

Em fim .

Obrigado!



Há grandes homens que fazem com que todos se sintam pequenos. Entretanto, o verdadeiro grande homem faz com que todos se sintam grandes. *Gilberto Keith Chesterton.*

## RESUMO

O clima tem uma influência direta com determinadas morbidades, sendo esta o objeto de estudo de várias linhas de pesquisa multidisciplinar com o objetivo de verificar seus efeitos sobre os seres humanos, tarefa esta sendo a área de estudo direto da Biometeorologia Humana. Este trabalho apresenta uma abordagem feita a diferentes técnicas na observação de risco por epidemia de dengue com uma investigação proposta para o Estado da Paraíba. Tais técnicas são formadas por um modelo dinâmico do Institut de Recherche pour Le Développement – IRD (mIRD), um modelo Sazonal Auto Regressivos Integrado com uso de Médias Móveis (SARIMA), um modelo Holt - Winters e outro formado por Redes Neurais Artificiais (RNA). Os dados utilizados neste trabalho foram de casos notificados de dengue pela Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba, bem como os dados das variáveis meteorológicas do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). Os resultados das técnicas propostas mostraram que o modelo mIRD observa os valores de características entomológicas do inseto de maneira diferenciada para as localidades estudadas, emitindo um índice de risco que vem a ser diretamente dependente da taxa de reprodução do inseto, enquanto os demais modelos fazem uma previsão levando em consideração o número de casos notificados (SARIMA e HOLT-WINTRS), fazendo utilização também de variáveis meteorológicas (RNA), onde foi obtida uma boa mimetização entre o observado e o previsto.

**PALAVRAS CHAVES:** multidisciplinar; risco por epidemia; dengue; modelos dinâmicos; SARIMA e Holt - Winters; Redes Neurais Artificiais.

## ABSTRACT

The climate has a direct influence on certain morbidities, which is the study object of several multidisciplinary research areas. In order to evaluate its effects on humans, this task is the area of Human Biometeorology. This paper presents an approach to use different observation techniques for the risk of dengue outbreak, together with a research proposal for the State of Paraíba. Such techniques are formed by a dynamic modeling of the Institute de Recherché Pour le Développement - IRD (mIRD), the model Seasonal Auto Regressive Integrated Moving Average (SARIMA), model Holt - Winters and Neural Networks (RNA). The data used in this study were reported cases of dengue fever by the Health Department of the State of Paraíba, as well as data of meteorological variables from the National Institute of Meteorology (INMET). The results of the proposed techniques show that the model mIRD observes the characteristic entomological values if the insect distinguished regarding the studied localizations, giving a risk index directly dependent on the rate of reproduction of the insect, while the other models make a prediction taking into account the number of reported cases (Holt and SARIMA-WINTRS), using also meteorological variables (RNA), where we obtained a good agreement between observed and predicted data.

**KEYWORDS:** multidisciplinary, risk of an epidemic, dengue, dynamic models, SARIMA, Holt–Winters, Neural Networks.

## LISTA DE FÍGURAS

|   |    |
|---|----|
| Figura 1. Esquema de outras ciências e a biometeorologia humana. ....   | 24 |
| Figura 2. Mecanismos de impacto do aquecimento global sobre a saúde humana. ....  | 26 |
| Figura 3. Áreas de Risco de Epidemias de Dengue. ....   | 29 |
| Figura 4. Mapa de risco de dengue dos municípios da Paraíba. Fonte: Informativo da 35ª semana epidemiológica, da Secretaria de Saúde do Estado, dados atualizados em 14 de setembro de 2010. .... | 34 |
| Figura 5. Distribuição de casos de dengue Fonte: Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba. ....   | 37 |
| Figura 6. <i>Aedes aegypti</i> . ....   | 38 |
| Figura 7. Modelo de neurônio artificial. ....   | 45 |
| Figura 8. Representação da Função sigmóide. ....  | 47 |
| Figura 9. Arquitetura de uma rede MLP. ....   | 48 |
| Figura 10. : Regiões homoganeamente climáticas do Estado Paraíba ....   | 52 |
| Figura 11. Localização espacial das cidades estudadas. ....   | 53 |
| Figura 12. Notificações de casos de dengue das cidades estudadas. ....  | 55 |
| Figura 13. Diagrama de construção do modelo Box-Jenkins. ....   | 59 |
| Figura 14. Diagrama de blocos da metodologia proposta por RNAs. ....  | 66 |
| Figura 15. Dados de umidade relativa e temperatura média das cidades. ....  | 69 |

|   |    |
|---|----|
| Figura 16. Estados imaturos e evolução da Pupas para as cidades. ....   | 72 |
| Figura 17. Primeira picada e Ciclo gonotrófico das cidades. ....  | 74 |
| Figura 18. Tempo de incubação extrínseca e efetiva das cidades. ....  | 77 |
| Figura 19. Taxa de fecundidade e índice de risco para as cidades. ....  | 79 |
| Figura 20. Notificações de casos de dengue em Campina Grande entre 2001 e 2010 (a) e Funcoes de Autocorrelações da série de notificações de casos de dengue (b). ....   | 81 |
| Figura 21. (a) Série de Notificações de casos de dengue em Campina Grande entre 2001 e 2010 após diferenciação simples e (b) Funções de Autocorrelações após a primeira diferenciação e (c) Funções de Autocorrelações Parciais após a primeira diferenciação. .... | 82 |
| Figura 22. Mesmo que da Figura 21, exceto para diferenciação sazonal. ....  | 82 |
| Figura 23. (a) Histograma de frequencia das notificações de dengue em Campina Grande e (b) Quantis Normais versus a transformada de Box-Cox para a normalização da série. ....  | 84 |
| Figura 24. (a) Histograma de frequencia das notificações de dengue em Campina Grande após efetivada a transformação de Box-Cox e (b) Histograma dos resíduos. ....  | 84 |
| Figura 25. Gráfico comparando QQ normais gerados aleatoriamente, para amostras dos casos de notificações de dengue em Campina Grande. A linearidade dos pontos sugere que os dados são normalmente distribuídos. ....   | 84 |
| Figura 26. (a) Resíduos normalizados (b) ACF dos resíduos e (c) teste de Ljung-Box para testar a autocorrelação dos resíduos. ....  | 85 |
| Figura 27. (a)Resultado SARIMA CPV , (b) resultado H-W CPV. ....  | 87 |

|  |    |
|--|----|
| Figura 28. (a)Resultado SARIMA JPA , (b) resultado H-W JPA. ....   | 87 |
| Figura 29. (a)Resultado H - W PAT , (b) Resultado SARIMA PAT. ....   | 88 |
| Figura 30. (a)Resultado H-W SOU. , (b) Resultado SARIMA SOU. ....  | 89 |
| Figura 31. Execução RNA Campina Grande. ....   | 90 |
| Figura 32. Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de Campina Grande. (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada). .... | 91 |
| Figura 33. Execução RNA João Pessoa – PB. ....   | 91 |
| Figura 34. Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de João Pessoa, (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada). ....    | 92 |
| Figura 35. Execução RNA Patos - PB 04. ....  | 92 |
| Figura 36. Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de Patos, (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada). ....          | 93 |
| Figura 37. Execução RNAs Sousa – PB. ....  | 93 |
| Figura 38. Casos Previstos vs Observados por RNAs para a cidade de Sousa, , (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada). ....       | 94 |

## LISTA DE TABELAS

|  |    |
|--|----|
| Tabela 1. Boletim epidemiológico da Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba (ano II, nº1, 08 de junho de 2010). ..... | 34 |
| Tabela 2. Incidência de casos da 35ª semana epidemiológica. ....   | 35 |
| Tabela 3. Dados demográficos das cidades escolhidas para pesquisa. ....  | 54 |
| Tabela 4. : Referencia geográfica das cidades observadas. ....   | 56 |
| Tabela 5. $R^2$ e R do método SARIMA e H-W. ....   | 89 |

## LISTA DE ABREVIATURAS

|  |          |
|--|----------|
| Modelo dinâmico do <i>Intitut de Recherche pour Le Développement</i> | mIRD     |
| Auto Regressivo Integrado de Medias Móveis                           | ARIMA    |
| Sazonal Auto Regressivo Integrado de Médias Móveis                   | SARIMA   |
| Redes Neurais Artificiais  | RNA      |
| Instituto Nacional de Meteorologia                                   | INMET    |
| Intergovernmental Panel on Climate Change                            | IPCC     |
| Equações Diferenciais  | ED       |
| Backpropagation  | BPROP    |
| Multlayer Perceptron   | MLP      |
| Febre Hemorrágica por Dengue   | DHF      |
| least squares support vector machines                                | LS – SVM |
| Agência Nacional de Meio Ambiente de Singapura                       | NEA      |
| Resilient Proagation   | RPROG    |
| Instituto Nacional de Meteorologia                                   | INMET    |
| Campina Grande   | CPV      |
| João Pessoa  | JPA      |
| Patos  | PAT      |
| Sousa  | SOU      |
| central de processamento de dados                                    | PCD      |
| Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba                             | SSEP     |
| Erro Médio Quadrático  | EMQ      |
| Funções de auto-correlações  | ACF      |
| Funções de auto-correlações parciais                                 | PACF     |



Akaike Information Criterion

AIC

Holt – Winters

H- W

Função Energia de Erro

(FEE)

## SUMÁRIO

|   |    |
|---|----|
| <b>1. INTRODUÇÃO.</b> ....                          | 19 |
| 1.2 OBJETIVOS: .....                                | 20 |
| 1.2.1 GERAL:.....                                   | 20 |
| 1.1.2 ESPECÍFICOS: .....                            | 20 |
| 1.1.3 JUSTIFICATIVA: .....                          | 22 |
| <b>2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....                | 22 |
| 2.1 BIOMETEOROLOGIA.....                            | 22 |
| 2.2 DENGUE NO MUNDO. ....                           | 26 |
| 2.3 DENGUE NO BRASIL. ....                          | 30 |
| 2.4 DENGUE NA PARAÍBA. ....                         | 30 |
| <b>3 MODELAGEM E DENGUE.</b> .....                  | 38 |
| 3.1 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS (RNA). ....           | 42 |
| 3.1.1 RNA: UM BREVE HISTÓRICO. ....                 | 43 |
| 3.1.2 NEURONIO ARTIFICIAL. ....                     | 44 |
| 3.1.3 REDES PERCEPTRON MULTILAYER (MLP). ....       | 48 |
| 3.1.4 ALGORÍTMO RESILIENT PROPAGATION (RPROP). .... | 49 |
| <b>4 MATERIAL E METÓDOS.</b> .....                  | 52 |

|   |           |
|---|-----------|
| 4.1 DESCRIÇÃO DA ÁREA ESTUDA. . . . .   | 52        |
| 4.2 MATERIAL. . . . .   | 54        |
| 4.3 MÉTODOS. . . . .  | 56        |
| 4.3.1 MODELO DINÂMICO MIRD . . . . .  | 56        |
| 4.3.2 – MODELAGEM SARIMA E HOLT – WINTERS. . . . .  | 58        |
| 4.3.3 - MODELO PROPOSTO PARA A ARQUITETURA DA RNA. . . . .  | 64        |
| <b>5. RESULTADOS E DISCUSSÕES. . . . .</b>  | <b>66</b> |
| 5.1 MODELO MIRD. . . . .  | 67        |
| 5.1.1 ESTADOS IMATUROS E EVOLUÇÃO DA PUPAS. . . . .   | 69        |
| 5.1.2 TEMPO PARA PRIMEIRA PICADA DO INSETO BEM COMO SEU CICLO<br>GONOTROFICO. . . . .                                       | 72        |
| 5.1.3 TEMPO DE INCUBAÇÃO EXTRISECA E EFETIVA. . . . .   | 74        |
| 5.1.4 - TAXA DE FECUNDIDADE E O ÍNDICE DE RISCO. . . . .  | 77        |
| 5.2 MODELOS SARIMA E HOLT – WINTERS. . . . .  | 80        |
| 5.2.1 ESTIMATIVA DO MELHOR MODELO SARIMA AJUSTADO PARA<br>CAMPINA GRANDE. . . . .   | 80        |
| 5.2.2 COMPARAÇÕES ENTRE PREVISÕES E OBSERVAÇÕES PARA OS<br>MODELOS SARIMA E HOLT-WINTERS PARA AS CIDADES ESTUDADAS. . . . . | 86        |

|  |     |
|--|-----|
| 5.3 MODELO RNAS. . . . .                                 | 90  |
| 6. CONCLUSÕES. . . . .                                   | 95  |
| 7. PERSPECTIVAS DE TRABALHOS. . . . .                    | 98  |
| 8. TRABALHOS JÁ APRESENTADOS COM O TEMA DA TESE. . . . . | 99  |
| 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS. . . . .                   | 100 |

## 1 – INTRODUÇÃO

As mudanças que ocorrem no micro clima com as variáveis meteorológicas sobre uma região são vistas como um fator preocupante pelos estudiosos em climatologia. De fato, é observado que tais mudanças não influenciam somente o micro clima dessas regiões podendo ocasionar uma variação considerável no que diz respeito às morbidades e vetores que são relacionados a tais variações.

Não é novidade que a variabilidade climática está produzindo efeitos diretos e indiretos na saúde humana, entretanto nunca se deu tanta atenção às pesquisas que envolvem os temas estudados pela biometeorologia como atualmente. Isto é devido aos resultados obtidos com o crescente número de pesquisas relacionadas com o assunto. Prova disto são os vários estudos realizados em todo mundo pelos mais diversos pesquisadores, tanto, das ciências exatas, jurídicas, sociais e biológicas, formando assim uma união entre tais áreas, aumentando o nível dessas pesquisas com uma interdisciplinaridade, que visa uma melhor compreensão das inter-relações entre os seres vivos e o ambiente em que vivemos.

O relatório do *Intergovernmental Panel on Climate Change* (IPCC, 2007) mostra que este tipo de estudo que relaciona o clima à saúde, possibilita uma visão mais ampla e segura da relação entre as mudanças climáticas e seus impactos sobre o homem, mostrando um nível de confiança de que as mudanças regionais recentes nas temperaturas têm influências consideráveis nos impactos em muitos sistemas físicos e biológicos.

A relação entre clima e transmissão dinâmica de patógenos vem sendo bem documentada através de pesquisas por todo o mundo. Esta conexão é importante, pois um

terço da mortalidade humana é resultado de doenças infecciosas (COLWELL e PATZ, 1998). Cory *et al.* (2010) evidencia que o clima pode influenciar fortemente a dinâmica populacional de doenças vetoriais e é, conseqüentemente, a componente chave da ecologia dessas doenças. Assim mudanças climáticas futuras podem alterar a localização e a sazonalidade de muitas doenças vetoriais aumentando assim o risco de transmissão de doenças ao homem.

Com isso esse trabalho se propõe avaliar o risco de epidemia por vetor da dengue, fazendo a utilização de um modelo dinâmico que expressa características entomológicas do *Aedes Aegypti*, de um modelo sazonal, que fará a utilização dos dados de notificação de casos de dengue da secretaria de Saúde do Estado da Paraíba, e um modelo com metodologia de Redes Neurais Artificiais utilizará além dos casos de notificação de dengue, as variáveis meteorológicas para o Estado da Paraíba.

## **1.2 OBJETIVOS:**

### **1.2.1 Geral:**

Analisar e validar modelos na observação de risco de epidemia por vetores, mais especificamente o da dengue, observando a sua dinâmica de transmissão bem como, os eventos probabilísticos que tais modelos possam evidenciar com dados referentes ao Estado da Paraíba.

### **1.1.2 Específicos:**

1. Utilizar o modelo dinâmico do *Institut de Recherche pour le Développement* (mIRD), na observação do índice de risco de epidemia, fazendo a inserção, de variáveis climatológicas para a obtenção de parâmetros entomológicos do vetor bem como um índice de risco de epidemia na observação dos dados de saída;

2. Avaliar a eficácia de utilização da metodologia de Box e Jenkins e da metodologia clássica de alisamento exponencial de Holt-Winters, para a previsão de casos notificados de dengue para as cidades escolhidas;

3. Propor e validar uma topologia de Rede Neural Artificial (RNA), capaz de realizar a previsão de números de casos, empregando como entrada dados climatológicos, cedidos pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), e o número oficial de ocorrências de casos de dengue, com base nos dados da Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba.

### **1.1.3 Justificativa:**

- ❖ Resultados obtidos por outras pesquisas em biometeorologia;
- ❖ Interdisciplinaridade da área;

- ❖ Busca de uma melhor compreensão da inter – relações entre os seres vivos e o meio ambiente em que vivemos.



## **2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1 BIOMETEOROLOGIA**

A Biometeorologia se tornou uma grande ferramenta para a saúde humana no seu aspecto mais geral que vem a ser a observação do clima e suas interações com a saúde do homem. Deste modo, ao longo do tempo, houve um aprofundamento dentro desta área visando um entendimento mais claro das relações entre o clima e o meio ambiente, onde é observado se há uma relação, direta ou indireta, com morbidades vetores e a mortalidade em determinadas regiões. Estas interações tendem causar relações que podem ser térmicas, actínicas, elétricas e atmosféricas.

Levando em consideração o modo de estudo das outras áreas da meteorologia como a sinótica, micrometeorologia dentre outras, a biometeorologia sofre uma grande influência interdisciplinar de outras áreas, como a medicina, entomologia, estatística, física e etc., que com suas informações, fazem com que haja um aprofundamento nos estudos de casos relacionados a esta área.

Dentro deste contexto de interdisciplinaridade, temos opiniões formalizadas a partir de análises contextuais como a de Faust (1987), onde o autor já mencionava a dificuldade que sofre o pesquisador de biometeorologia humana. Ele mostra que ao tempo que é fascinante, também se torna frustrante as pesquisas relacionadas com a área, fascinante devido a interdisciplinaridade que a mesma oferece nas mais diversificadas áreas que podem ser correlacionadas, para proporem modelos resultados sob um teto comum. Frustrante, pois mesmo com o número elevado de instrumentos e técnicas bem como a facilidade de uso de grandes processadores na geração de parâmetros, os resultados

aparecem como a influência de duas quantidades conhecidas (eventos atmosféricos e organismos humanos), de uma terceira quantidade (influência do clima sobre o homem). Com isso ele propõe uma divisão de como se comporta tal ciência a partir da interpretação do quadro apresentado na figura abaixo:

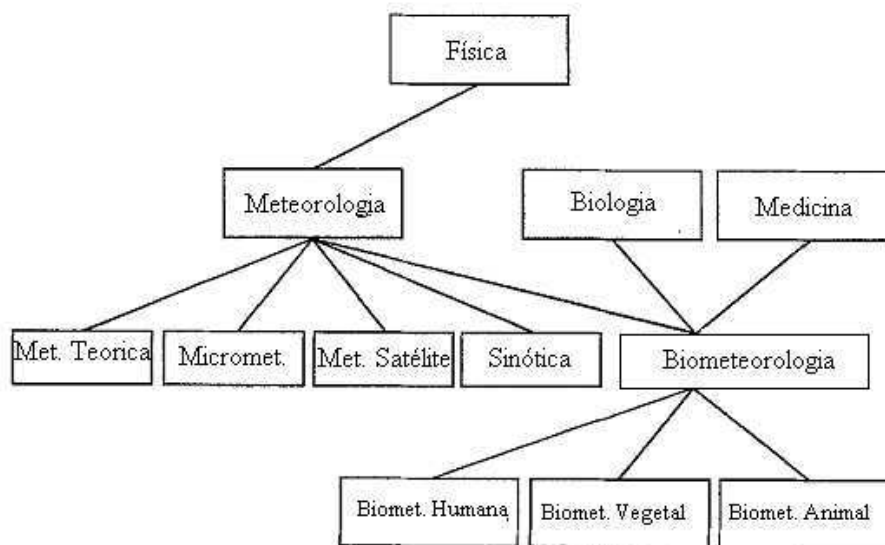


Figura 01: Esquema de outras ciências e a biometeorologia humana, adaptado de Hopper (1997)

Nos primórdios do século XX, a epidemiologia buscava na matemática a solução de seus modelos teóricos na identificação de doenças infecciosas. Baseando-se nas considerações que o processo saúde/doença era governado apenas por leis dinâmicas, surgem os modelos matemáticos determinísticos (BAILEY, 1964).

Com o passar do tempo, com a identificação de que os eventos mórbidos são sujeitos a chances, a modelagem foi aperfeiçoada e passou a serem utilizados os processos estocásticos, e têm o propósito de enfatizar o processo aleatório da ocorrência dos fenômenos (BATLETT, 1960).

O grau de complexidade dos modelos depende do número de categorias que compõem a população epidêmica, porém pelo menos dois componentes são sempre necessários, os infectados e os suscetíveis. As relações entre estes dois componentes mínimos determinam a dinâmica do processo.

O conceito de risco, fundamental à epidemiologia moderna, é definido como “a probabilidade de um indivíduo de uma população vir a desenvolver a doença durante um dado período de tempo”, por isso que há um crescente interesse de se estudar tanto o período de tempo que cada tipo de epidemia atua bem como a relação entre clima e a transmissão de patógenos. Esta conexão é importante devido ao fato de que um terço da mortalidade humana é resultado de doenças infecciosas (MORGENSTERN; COLWELL & PATZ, 1998).

As mudanças climáticas podem produzir impactos sobre a saúde humana por diferentes vias sendo que, muitas vezes, esses impactos atuaram na alteração de ecossistemas e ciclos biogeoquímicos que por sua vez podem aumentar a incidência de doenças infecciosas. As flutuações climáticas sazonais produzem um efeito na dinâmica das doenças vetoriais como, por exemplo, uma maior incidência de dengue no verão (com abrangência de casos em quase todo o território do Brasil) e de malária na Amazônia durante o período de estiagem, (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2006).

Cory *et al.* (2010) evidencia que o clima pode influenciar fortemente a dinâmica populacional de doenças vetoriais e é, conseqüentemente, a componente chave da ecologia dessas doenças. Assim, as mudanças climáticas futuras podem alterar a localização e a sazonalidade de muitas doenças vetoriais aumentando o risco de transmissão de doenças ao homem.

Os mecanismos de impacto do aquecimento global, tem uma atuação direta sobre o estudo de morbidades que se correlacionam com o clima, visto que estes podem ser por causas naturais ou antrópicas. É verificado que quando não há uma intervenção por parte das autoridades competentes, os eventos que sucedem tais mecanismos segue uma tendência de ter forte influência sobre a saúde humana como mostra a Figura (02):

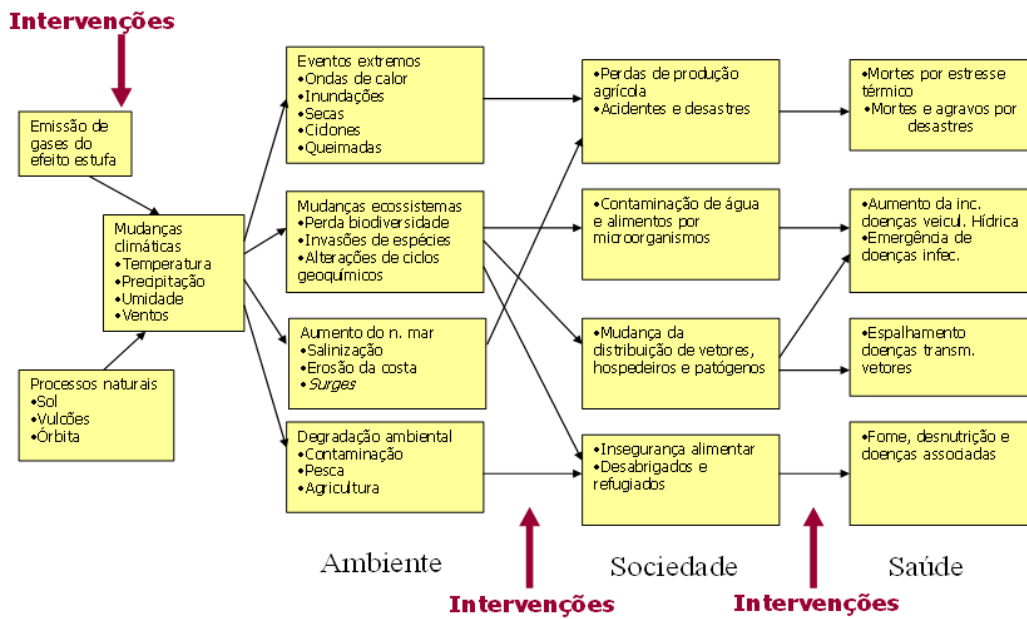


Figura 02: Mecanismos de impacto do aquecimento global sobre a saúde humana.

Adaptado de *McMichael et al.* (2006).

## 2.2 DENGUE NO MUNDO

A dengue é uma arbovirose que tem causado preocupação a tempos por ser um problema de saúde pública mundial, sendo constituída por um agente etiológico com quatro sorotipos: DEN 1 – 2 – 3 e 4. Os países tropicais são os mais atingidos em função das suas características ambientais, climáticas e sociais (Ribeiro, 2006).

Dois são os aspectos fundamentais para o enfrentamento deste problema: a capacidade de detecção, registro e acompanhamento precoce de número de casos e local de sua ocorrência, e a identificação e modelagem de fatores de risco e de proteção nas situações endêmica e epidêmica para estes territórios.

Segundo Tauil (2002), o aquecimento global do planeta tem gerado ainda uma preocupação sobre a possível expansão da área atual de incidência de algumas doenças transmitidas por vetores. Porém, devem-se levar em conta os vários fatores que influenciam a dinâmica dessas doenças, além das condições ambientais (vegetação, clima, hidrologia), como os sócio-demográficos (migrações e densidade populacional), além dos biológicos (ciclo vital dos insetos vetores de agentes infecciosos) e dos médico-sociais (estado imunológico da população; efetividade dos sistemas locais de saúde e dos programas específicos de controle de doenças, etc.), (BRUCE *et al.* 1980).

Marini *et al.* (2010) salientam a possibilidade de surtos epidêmicos, provocados por arbovirus. Fato comprovado na Itália, já que foram capturadas fêmeas do mosquito *Aedes albopictus* em Roma. Na cidade de Ravenna, em 2007, houve um surto de chikungunya, doença com a sintomatologia parecida com a dengue transmitida também por mosquitos do gênero *Aedes*.

O vírus dengue é transmitido pelo mosquito *Aedes aegypti* e destaca-se no cenário mundial como uma doença de crescente importância epidemiológica. Estima-se 50 a 100 milhões de casos de dengue no mundo. Segundo a Fundação Nacional de Saúde (2001), os primeiros relatos históricos sobre a dengue no mundo, mencionam a Ilha de Java, em 1779. O *Aedes aegypti* é bem adaptado ao meio urbano, se instalando onde as condições atendam os seus requisitos ecológicos mínimos (LANA , 2009).

No Brasil, há registros de epidemias de dengue desde 1923 sem confirmação laboratorial. Somente em 1982 começaram a ser realizados em nosso país para confirmação de casos, (FUNASA, 2001). O *Aedes aegypti* já foi erradicado do território brasileiro em 1958. A partir de 1986, a dengue foi novamente reintroduzida no país, levando a várias epidemias em 1991, 2001 e 2002. Apesar do intenso esforço de controle vetorial, a doença continua endêmica no país (Teixeira e Barreto, 1996; Teixeira *et al.*, 2002).

O *A. aegypti*, principal vetor do vírus Dengue, está presente em todos os Estados brasileiros e a infestação do *Aedes Albopictus* (potencial vetor de Dengue) cresce no país, fato que preocupa o Ministério da Saúde (Ministério da Saúde, 2005). Essa outra espécie de *Aedes* não é responsável pelas epidemias recorrentes no Brasil, mas tem potencial para contribuir (Schatzmayr, 2000; Castro *et al.* 2004; Ríos-Velásquez *et al.*,2007), uma vez que é uma espécie mais silvestre, podendo ocupar outros espaços ainda não atingidos por epidemias.

Muitos autores notaram o ressurgimento de doenças transmitidas por vetores ao redor do mundo com fortes indícios que esse fato se deve, parcialmente, ao resultado da variabilidade e mudanças climáticas (Gubler,1998; Epstein 2001, 2002, 2005; Confalonieri *et al.* , 2007; IPCC, 2007), onde é observado a atuação deste vetor em vários países como pode-se observar na figura abaixo:

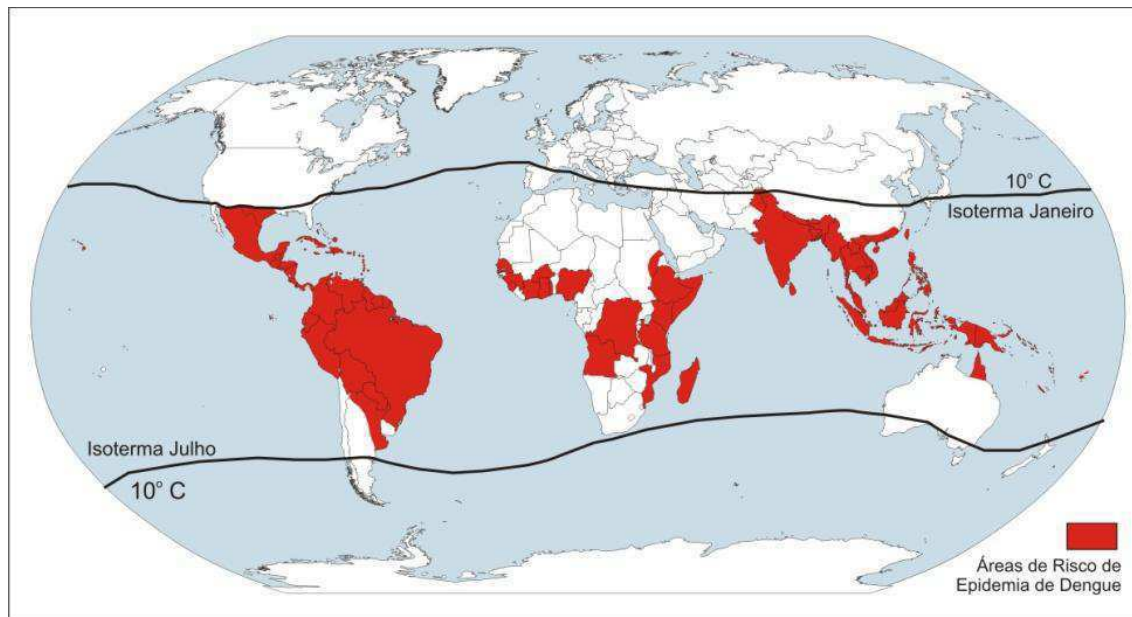


Figura 03: Áreas de Risco de Epidemias de Dengue em 2008. Adaptado de *World Health Organization* (2008).

As restrição térmica dos mosquitos vetores está na intolerância à temperaturas inferiores a 10° C, que funcionam com barreira geográfica, (TUN-LIN et al., 2000; BARBAZAN *et al.* 2010; PADMANABH *et al.* 2011). A partir desta temperatura os mosquitos transmissores não conseguem sobreviver, como observado na Figura 03.

Vários trabalhos reconhecem o papel das condições de habitação e de renda como determinantes da intensidade de transmissão da doença. Estudos feitos sobre a colonização do *Aedes aegypti*, concluíram que a maior densidade demográfica e menor renda apresentaram maiores riscos de transmissão de dengue (CHIARAVALLLOTI *et al*; 1998; BARCELLOS *et al*, 2005).

Nos períodos de seca, devido à falta de acesso aos serviços de abastecimento d'água, os moradores são obrigados a estocar água em quantidade suficiente para garantir

suprimento. Esses reservatórios têm sido apontados como um fator favorável à proliferação e procriação do vetor em áreas urbanas se dá devido ao armazenamento de água muitas vezes serem feitos de forma inapropriada por parte de seus usuários. ( PONTES *et al.*, 2000).

Em seu trabalho, Barcellos (2005) observou que em locais que se inicia a transmissão de dengue, há sempre epidemias de grande magnitude e sob forma hiperendêmica nos lugares onde circulam anteriormente um ou mais sorotipos, (BARCELLOS *et al.*, 2005).

Teixeira (2000), é mais contundente em seu estudo, tendo o mesmo afirmado que pela situação epidemiológica e entomológica de vários continentes, há evidências do agravamento do cenário atual, uma vez que há grande dificuldade em eliminar ou controlar os fatores de risco da doença.

Como podemos observar, a literatura é rica quando se trata de trabalhos que analisem a evolução temporal de doenças utilizando para isso modelos matemáticos. São empregados os métodos analíticos, com o uso de equações diferenciais visando a elaboração de modelos de transmissão de doenças causada por vetores, sendo incluso neste meio, a dengue. Outros modelos matemáticos propõem dar uma maior atenção na dinâmica desses vetores pondo a vista, muitas vezes um índice de risco de epidemia, assumindo a população humana como constante e outras vezes não (CUTINHO *et al.* 2005; LOPEZ *et al.* 2002; ESTEVA *et al.* 1998; DEROUICH *et al.* 2006).

Nakhapakorn *et al.* (2005), na Tailândia, utilizando de dados socioeconômicos, ambientais bem como de fatores climáticos, realizou um estudo verificando a importância de cada fator deste na incidência de dengue, sendo que para este fim, os autores fizeram



uso de modelos estatísticos, baseados em funções lineares para a obtenção e análises dos resultado.

### 2.3 DENGUE NO BRASIL

Em nosso país, as condições socioambientais favorecem a expansão do *Aedes aegypti* e possibilitam a dispersão do vetor desde sua reintrodução, em 1986. De acordo com o Ministério da Saúde, essa reintrodução não conseguiu ser controlada com os métodos tradicionalmente empregados no combate às doenças transmitidas por vetores no Brasil e no continente. Programas essencialmente centrados no combate químico, com baixíssima ou mesmo nenhuma participação da comunidade, sem integração inter setorial e com pequena utilização do instrumental epidemiológico, mostraram-se incapazes de conter um vetor com altíssima capacidade de adaptação ao novo ambiente criado pela urbanização acelerada e pelos novos hábitos (STRINI, 2006).

Depradine & Lovell (2004) mostram, em sua pesquisa que o clássico procedimento de correlação simultânea para identificar relações entre casos de dengue e variáveis climáticas fornece correlações fracas, embora estatisticamente significante. Ainda neste estudo, é evidenciado um intervalo de tempo para a ocorrência de associações mais explícitas. Fatores como período de desenvolvimento embrionário, tempo de eclosão das larvas, tempo de desenvolvimento das formas imaturas e período de incubação (*extrínseco e intrínseco*) vão constituir os componentes que explicaram a necessidade de considerar um intervalo de tempo (*time lag*) na busca de associações entre tais eventos.

A dengue teve, ao longo da última década, uma difusão incontrolada no território brasileiro. As estratégias de controle até o momento têm se mostrado pouco efetivas devido

à intensiva urbanização da doença e as limitações do próprio processo de vigilância da doença (TAIUL, 2002).

Ribeiro *et al* (2006), estudando a distribuição de casos de dengue em São Sebastião – SP, observou que a dengue ocorreu de maneira diferenciada nas várias localidades do município estudado. As localidades de transmissão se concentraram nos bairros centrais com 65% dos casos positivos, reforçando o aspecto urbano da doença sendo que desses casos 60% ocorreram no sexo feminino e 40 % no masculino. Uma explicação para um número maior de casos de incidência de dengue no sexo feminino pode estar na maior permanência extradomiciliar e perodomiciliar das mulheres onde predominantemente ocorre a transmissão, (RIBEIRO, 2006). Outros estudos discordam nos resultados, pois foram encontradas taxas de incidência similares entre os sexos, (VASCONCELOS *et al*, 1993; GONÇALVES NETO & REBELO, 2004).

Entre outros fatores, a temperatura e a pluviosidade afetam a sobrevivência e a reprodução do vetor, exercendo também as mudanças na sua distribuição e densidade. O padrão sazonal de incidência da doença coincide com o verão, devido a maior ocorrência de chuvas e aumentos de temperaturas neste período (KEATING, 2001; MOORE, 1985; TEIXERA, 2001).

A dengue tem uma caracterização positiva com relação às condições climáticas que são definidas por precipitação e temperaturas elevadas, desta forma, o conhecimento desses processos é de fundamental importância no entendimento sobre a dinâmica de transmissão e, conseqüentemente, na contribuição do controle deste vetor (RIBEIRO *et al*, 2006; FORANTTINI, 2002).

Degallier *et al.* (2010) estudaram alguns aspectos do clima relacionados à transmissão da dengue no Ceará, levando em consideração a adaptação do vetor com a micro região, buscando adaptar regionalmente o modelo de risco. O mesmo utilizou-se de parâmetros biológicos com o intuito de verificar qual a influência da temperatura e hygrometria sob a mortalidade do vetor *Aedes aegypti*. Foi observado que a taxa de mortalidade do vetor é diretamente influenciada pelo microclima local sendo que, devido a complexidade da relação entre a mortalidade e os fatores climáticos são necessários estudos complementares no campo bem como a utilização de modelos matemáticos.

## **2.4 DENGUE NA PARAÍBA**

Especificamente na Paraíba, a dengue se mostra muito atuante e o Ministério da Saúde informa, em seus boletins, que o Estado está na mesma situação dos estados do Ceará, Maranhão, Piauí e Bahia, com um alto risco de epidemia. Os dois Estados que geograficamente ficam ao lado da Paraíba (Pernambuco e Rio Grande do Norte) apresentam alto risco de epidemia de dengue.

Estudos feitos por Beserra & Castro Jr (2008) verificaram que para cidades distintas do interior da Paraíba, a temperatura tem uma influência direta sobre o desenvolvimento do inseto, e há um padrão diferenciado de desenvolvimento e de potencial biótico das populações de *A. aegypti*, sendo a causa provável o resultado da adaptação às condições climáticas próprias de cada região e devido a essas informações, há uma necessidade de se conhecer a bioecologia e de se considerar a área de distribuição e procedência desse vetor com intuito de desenvolvimento de estratégia de prevenção e combate, (BESERRA & CASTRO JR, 2008).

O boletim da Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba, registrou em 2010 até a 22ª semana epidemiológica, que compreende o período de 30 de maio a 5 de junho, 1.764 casos de suspeita de dengue. Foram confirmados 1.049 (59,46%), sendo que 260 casos por critério laboratorial e 789 por critério clínico. Foi verificado o aumento de 602 casos a mais que no mesmo período de 2009, representando um aumento de 134,7%.

A transmissão ocorreu em 65 municípios paraibanos, sendo que a maioria dos casos concentrou-se em municípios distintos como pode ser visto na Tabela :

Tabela 1: Boletim epidemiológico da Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba (ano II, nº1, 08 de junho de 2010)

| <b>Município</b>          | <b>Número de casos</b> | <b>Incidência (100.00,00 hab)</b> |
|---------------------------|------------------------|-----------------------------------|
| <b>Catolé do Rocha</b>    | 196                    | 695.52                            |
| <b>Brejo dos Santos</b>   | 159                    | 2.765.99                          |
| <b>João Pessoa</b>        | 77                     | 20.93                             |
| <b>Bom Sucesso</b>        | 65                     | 1.226.65                          |
| <b>Manaíra</b>            | 63                     | 554.24                            |
| <b>Pirpirituba</b>        | 31                     | 294.12                            |
| <b>Campina Grande</b>     | 21                     | 7.56                              |
| <b>Patos</b>              | 20                     | 31.77                             |
| <b>Riacho dos Cavalos</b> | 15                     | 180.74                            |
| <b>Teixeira</b>           | 12                     | 105.82                            |

Fonte: Informativo da 35ª semana epidemiológica, da Secretaria de Saúde do Estado.

Dados da 35ª semana epidemiológica que compreende o período de 03 de janeiro a 04 de setembro de 2010, observam um número alarmante de casos como mostra a Tabela abaixo:

Tabela 2: Incidência de casos da 35ª semana epidemiológica.

|                                    | 2010  |                             | 2009  |
|------------------------------------|-------|-----------------------------|-------|
| <b>Nº de casos notificados</b>     | 5.601 | Nº de casos notificados     | 1.270 |
| <b>Nº de casos confirmados</b>     | 3.503 | Nº de casos confirmados     | 691   |
| <b>Dengue clássica</b>             | 3.435 | Dengue clássica             | 680   |
| <b>Dengue com complicações</b>     | 40    | Dengue com complicações     | 02    |
| <b>Febre hemorrágica</b>           | 25    | Febre hemorrágica           | 08    |
| <b>Síndrome do choque</b>          | 03    | Síndrome do choque          | 01    |
| <b>Casos descartados</b>           | 826   | Casos descartados           | 585   |
| <b>Nº de casos em investigação</b> | 1.272 | Nº de casos em investigação |       |
| <b>Óbitos</b>                      | 04    | Óbitos                      | 01    |

Fonte: Informativo da 35ª semana epidemiológica, da Secretaria de Saúde do Estado.

Com isso houve um aumento de 406,9% com relação ao mesmo período de 2009, com 2.812 casos adicionais confirmados, sendo que alguns municípios tiveram uma redução expressiva em confirmações de casos a partir do segundo semestre.

Sendo assim, a Secretaria de Saúde do Estado, fez uma listagem dos municípios com maior favorabilidade para o desenvolvimento da dengue, levando em consideração parâmetros epidemiológicos adotados pelo Ministério da Saúde, que são:

Baixo risco – (0 a 100) casos por 100.000 Habitantes;

Médio risco – (entre 100 e 300) casos por 100.000 Habitantes;

Alto risco – (maior igual a 300) casos por 100.000 Habitantes.

Assim, foi formatado um mapa de risco com os municípios da Paraíba como se observa na Figura 4:

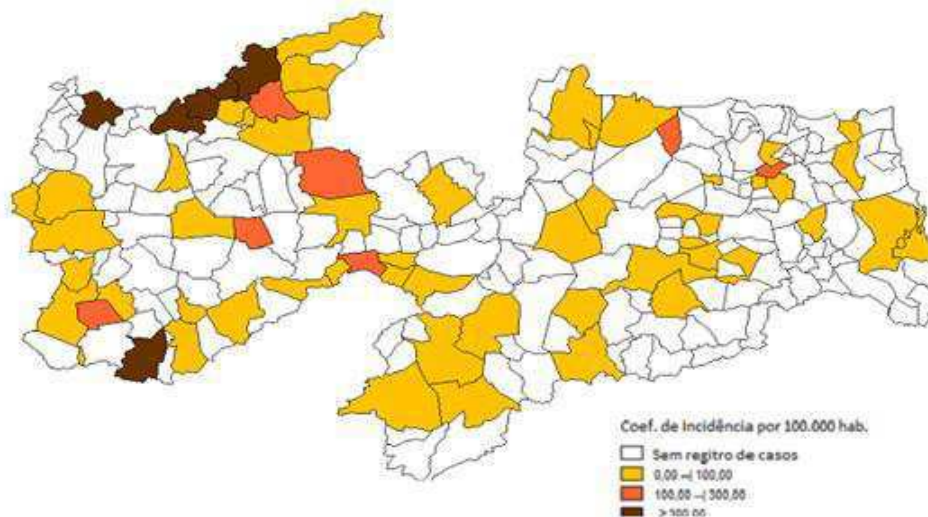


Figura 4: Mapa de risco de dengue dos municípios da Paraíba. (Fonte: Informativo da 35ª semana epidemiológica, da Secretaria de Saúde do Estado, dados atualizados em 14 de setembro de 2010.)

Com relação aos dados mais recentes, o boletim epidemiológico número 17, que relata dados até a 17ª semana epidemiológica de 2011 com término em 30 de abril, mostra que já foram notificados 7.648 casos suspeitos de dengue. Tais casos foram classificados conforme visto na Figura 05:



Figura 5: Distribuição de casos de dengue Fonte: Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba.

Levando em consideração os casos citados acima na 17ª semana epidemiológica, os municípios que tiveram a maior incidência de dengue com complicações (DCC) e febre hemorrágica de dengue (FHD) foram: Campina Grande, com 6 casos de DCC e um de FHD e João Pessoa com 3 casos de DCC e 7 de FHD confirmados.

Em particular, esse trabalho enfatiza a morbidade de Dengue que é ocasionada por um arbovírus da família flaviviridae, gênero flavovírus, que inclui 4 tipos imunológicos de vírus: DENGUE 1, 2, 3 e 4; sendo um de seus transmissores um vetor da ordem Diptera, da família Culicidae do gênero *Aedes* conhecido por *Aedes aegypti* (como observado na Figura 6), que atua em grande parte do território brasileiro, sendo este estudo dirigido mais precisamente para o Estado da Paraíba.

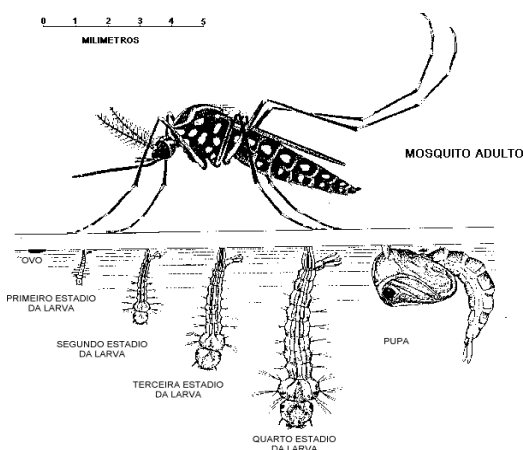


Figura 6: *Aedes aegypti*. Fonte: Portal Saúde do Governo Federal.

Estudos como esse são de extrema importância, tanto para a comunidade científica que observa o comportamento epidemiológico traçando assim metas para o combate de tais morbidades, quanto para a população que é beneficiada com descobertas destas áreas de pesquisa, no que diz respeito ao controle e prevenção de tais doenças que não escolhe faixa etária nem níveis sócio econômicos para sua atuação (Araújo, 2007).

### 3 MODELAGEM E DENGUE

São vários os autores que utilizam as mais diversificadas metodologias estatísticas e computacionais para a criação de modelos que estudem o comportamento da dengue. Busca-se através destes modelos a previsão de número de casos ou de índices que permitam antever o risco de epidemia, permitindo assim a tomada de ações preventivas e corretivas, contribuindo com a diminuição de casos de dengue nas suas formas mais violentas.

O objetivo do uso dos modelos matemáticos utilizados em epidemiologia é proporcionar informações úteis para a tomada de decisão bem como estabelecer medidas imperativas na erradicação de tais enfermidades infecciosas.(KAY - 2003)

Utilização da matemática na solução de seus modelos teóricos na identificação de doenças infecciosas se deu nos primórdios de século XX. Baseando-se nas considerações que o processo saúde/doença era governado apenas por leis dinâmicas, surgem os modelos matemáticos determinísticos (BAILEY, 1964).

Com o passar do tempo, com a identificação de que os eventos mórbidos são sujeitos a chances, a modelagem foi aperfeiçoada e passou a serem utilizados os processos estocásticos, que é sinônimo de probabilísticos, e tem o propósito de enfatizar o processo aleatório da ocorrência dos fenômenos (BATLETT, 1960).

Segundo Morgenstern (1989), o conceito de risco, é fundamental o entendimento da epidemiologia moderna. Tal conceito é definido como sendo “a probabilidade de um indivíduo de uma população vir a desenvolver a doença durante um dado período de tempo”.



A literatura é rica quando se trata de trabalhos que analisem a evolução temporal de doenças utilizando para isso modelos matemáticos, para isso são empregados métodos analíticos com utilização de ED (Equações Diferenciais), visando a elaboração de modelos de transmissão de doenças causadas por vetores. Outros modelos utilizados no exterior baseiam-se na dinâmica desses vetores assumindo a população humana como uma constante e outras vezes não (ESTEVA *et al.* 1998; ; LOPEZ *et al.* 2002; CUTINHO *et al.* 2005; DEROUICH *et al.* 2006).

Nakhapakorn *et al.* (2005) Utilizou dados sócio econômicos, bem como de fatores ambientais, para verificar a importância de cada fator na incidência de dengue (Uso de funções lineares para obtenção e análises dos resultados).

A dinâmica da transmissão das doenças infecciosas é apresentada através de grandes modelos epidemiológicos, que são a base de tais observações, sendo que suscetíveis-infectados (SI), suscetíveis-infectados-sensíveis (SIS), suscetíveis, infectados e recuperados (SIR) e suscetíveis-infectados-removido- suscetível (SIRS) (BALL *et al.*, 1999, 2002).

Nos modelos matemáticos do tipo SIR, é utilizado um importante parâmetro chamado de taxa de reprodução basal ( $R_0$ ), definida como o número médio de contatos efetivos realizados por uma pessoa infectada durante o período completo de infecção, quando é introduzido em uma população susceptível. O valor deste parâmetro proporciona a informação acerca do tamanho de um surto de epidemia e é utilizado para indicar o tamanho final da epidemia (BALL, 1999; MÜLLER, 200)

YANG (2003) estudou a dinâmica da transmissão de dengue levando em consideração a população de insetos e a população humana e fazendo da utilização de

equações diferenciais ordinárias. Tomaram-se como base as características de cada população com dados referentes ao estado de São Paulo analisando um modelo onde há indivíduos suscetíveis e infectantes para descrever a dinâmica da transmissão de dengue. Ele observou que força de infecção depende somente do número de indivíduos infectantes, e não do número de indivíduos suscetíveis, pois ela indica o grau de contaminação do ambiente pelos vírus eliminados por todos os indivíduos infectantes (YANG, 2001).

Depradine e Lovell (2004), associaram um atraso temporal na identificação da relação dos casos de dengue e variáveis climáticas, devido os procedimento de correlação simultânea dessas variáveis terem sido fracas, embora estatisticamente significante. Foram levados alguns fatores em consideração para este estudo tais como: período de desenvolvimento embrionário; tempo de eclosão das larvas; tempo de desenvolvimento das formas imaturas; período de incubação (extrínseco e intrínseco).

Cetiner (2009), utilizou uma modelagem com RNA, empregando como dados de entrada casos confirmados de dengue bem como as médias de temperatura, umidade relativa e precipitação pluviométrica de Singapura. Foi gerado um modelo de previsão desses casos em uma rede do tipo Multilayer Perceptron (MLP), com o algoritmo Backpropagation (BPROP) conseguindo resultados satisfatórios na previsão de surto de dengue em Singapura.

Rachata *et al.* (2008), utilizando dados de temperatura, umidade relativa e chuvas, bem como dados relativos aos casos confirmados de Febre Hemorrágica por Dengue ( DHF), da cidade de Chiang Rai na Tailândia de janeiro de 1999 a dezembro de 2007, desenvolveu um sistema de predição automático de DHF, utilizando para isso o modelo Auto Regressivo Integrado de Medias Móveis (ARIMA), Auto Regressivo

Integrado de Médias Móveis Sazonal (SARIMA) e RNA. O mesmo obteve com a junção dessas modelagens uma acurácia de 85,92%, comparado aos dados de DHF observados.

Yusof (2011), utilizou RNA de base radial treinada com o algoritmo BPROG, em conjunto como uma técnica de aproximação para solução e classificação de problemas não linear conhecida como *least squares support vector machines* (LS – SVM), na predição de casos de dengue no distrito de Selendor na Malásia. Comparando os dois métodos, obtiveram melhores resultados com o modelo LS – SVM, em termos de previsão e tempo computacional, do que com RNA, (YUSOF,2011).

Aburas *et al.* (2010), fazendo uso de casos confirmados de dengue bem como das médias das temperaturas, umidade relativa e os totais de precipitação pluviométrica provenientes da Agência Nacional de Meio Ambiente de Singapura (NEA) de janeiro de 2001 à dezembro de 2006, utilizaram uma rede do tipo MLP com o algoritmo BPROP tendo este modelo subestimado os resultados em pontos específicos para o ano de 2005.

Strini (2006), realizou um estudo utilizando RNA para observar os padrões temporais de propagação da dengue e seus fatores de influência como temperatura e os programas de controle e erradicação do mosquito transmissor, visando a construção de um sistema computacional para a previsão de incidência da doença. Para isso o mesmo utilizou como entrada da RNA os dados mensais relativos a incidência de dengue e temperaturas médias, (STRINI, 2006).

Cunha (2010), também empregou uma RNA, do tipo MLP, com uma variação do algoritmo de treinamento BPROP, denominado Resilient Progratinnon (RPROG), executando uma validação através do modelo ARIMA, devido a sua vasta utilização epidemiológica, encontrando resultados satisfatório na previsão de epidemias por vetor no estado de Roraima (CUNHA, 2010).

### **3.1 REDES NEURAIAS ARTIFICIAIS (RNA)**

Nas últimas décadas, as redes neurais artificiais (RNA) têm mostrado grande habilidade na modelagem e previsão de séries temporais não-lineares e não-estacionárias em hidrologia e engenharia de recursos hídricos e meteorologia, devido à sua inata propriedade não-linear e sua flexibilidade para a modelagem (GUEDES, 2011).

RNA é um paradigma não-linear estatístico poderoso para o reconhecimento de padrões complexos com a habilidade de manter a precisão, mesmo quando alguns dados de entrada estão faltando. É ainda, capaz de realizar tarefas específicas determinadas que imitam os atos do cérebro humano, com seus neurônios e conexões sinápticas (HERTZ *et al.* 1991; FALSET, 1994; HAYKIN, 1999).

Dentre as várias utilizações de RNA nas áreas das ciências, é denotado o emprego na previsão de dinâmica temporal de epidemias, sendo uma dessas utilizações feita por Bustamante-Sá & Nobre (1995), onde o mesmo faz o uso de MLP treinados por retropropagação de erros (*backpropagation*), sendo que diversas configurações com diferentes padrões de entradas considerando diversas faixas de tempo foram testadas. Para a efetivação desses testes foram obtidos series temporais, semana a semana entre 1980 a 1989 de casos de Hepatite nos Estados Unidos da América, que serviram para treinar a rede, prevendo assim a evolução da doença com certa antecedência.

#### **3.1.1 RNA: UM BREVE HISTÓRICO**

A utilização de redes neurais data do período de 1943 em artigos escritos por McCulloch e Pitts, que sugerem a construção de máquinas baseadas no comportamento do cérebro humano. Vários outros artigos foram publicados sem resultados satisfatórios até o

ano de 1949 quando foi publicado o livro “*The Organization of Behavior*”, ( A Organização do comportamento), de Donald Hebb, que perseguia a idéia de que o condicionamento psicológico clássico está presente em qualquer parte dos animais por esta ser uma propriedade de neurônios individuais. Essas idéias não eram de um todo inovadoras, entretanto Hebb propôs uma lei de aprendizagem para a sinapses dos neurônios individuais. Com isso foi dado um passo importante na inspiração de vários pesquisadores buscando o aprofundamento deste tema, sendo que vários trabalhos foram publicados entre 1941 a 1950. Estes trabalhos serviram de base para o desenvolvimento do tema.

As idéias que surgiram deste período culminaram na criação do primeiro neuro computador chamado de *Snark* em 1951 por Mavin Minsky. O Snark serviu de base para as estruturas que sucederam, sendo que o primeiro neuro computador a obter sucesso, nomeado de “Mark I Perceptron” foi originado em 1957, idealizados por Frank Rosenblatt, Charles Wightman, dentre outros. Devido a grandiosidade de seus estudos, suas contribuições técnicas e de sua maneira moderna de pensar, muitos o vêem como o fundador da neuro computação na forma em que a temos hoje sendo que o interesse inicial para a criação do Perceptron era o reconhecimento de padrões (HAYKIN, 1999).

Houve uma queda nos estudos acerca de RNAs no período de 1967 a 1982, onde vários pesquisadores mantiveram seus trabalhos de maneira silenciosa devido à baixa aplicabilidade da teoria, uma vez que os recursos da época eram limitados e caros.

### **3.1.2 NEURONIO ARTIFICIAL**

O neurônio é a unidade de processamento fundamental da RNA (FERREIRA –

2011). Abaixo podemos exemplificar um modelo de um neurônio artificial:

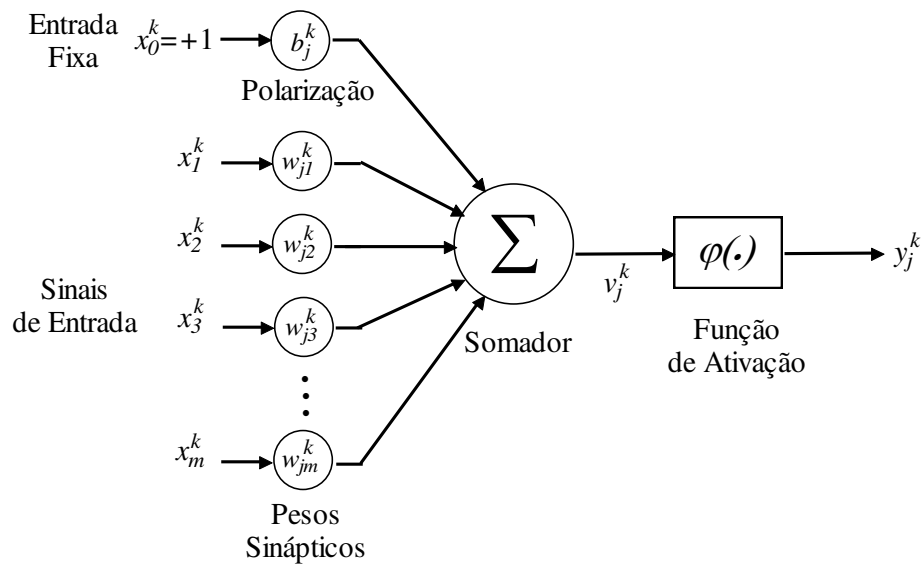


Figura 07: Modelo de neurônio artificial. Fonte: Ferreira (2011).

Nesta configuração acima podemos identificar três elementos básicos (SILVA,2005):

1. Um conjunto de *sinapses* ou *conexões*, cada qual sendo caracterizada por um *peso sináptico*  $w_{ji}^k$ , que indica a importância do sinal  $x_i^k$  na determinação da saída do neurônio  $j$  da camada  $k$ .
2. Um *somador*, o qual tem a função de realizar uma combinação linear dos sinais de entrada ponderados pelos respectivos pesos sinápticos de suas ligações.
3. Uma *função de ativação* para limitar a amplitude da saída num intervalo normalizado geralmente  $[0,1]$  ou  $[-1,1]$ .

O neurônio representado na Figura 07, também inclui um termo denominado de *polarização* ou *bias*, representado por  $b_j^k$ , cujo a função é elevar ou reduzir a entrada da função de ativação, através da aplicação de um sinal de entrada com valor fixo em 1.

Matematicamente um neurônio  $j$  localizado na camada  $k$  é descrito através do seguinte par de equações:

$$v_j^k = b_j^k + \sum_{i=1}^m w_{ji}^k x_i^k, \quad (01)$$

e:

$$y_j^k = \varphi_j^k(v_j^k), \quad (02)$$

em temos:  $x_0^k, x_1^k, \dots, x_m^k$ : sinais de entrada;  $w_{j1}^k; w_{jm}^k$ : pesos sinápticos;  $b_j^k$ : polarização;  $v_j^k$ : potencial de ativação;  $\varphi_j^k(\cdot)$ : função de ativação;  $y_j^k$ : sinal de saída.

A função de ativação,  $\varphi_j^k(v_j^k)$ , define a saída de um neurônio  $j$  em termos de um potencial de ativação  $v_j^k$  (HAYKIN, 2001). Isto evita que informações propaguem-se pelas camadas da RNA sem limite numérico de crescimento, o que pode ocasionar a saturação dos neurônios e a perda de eficiência da rede (FERREIRA, 2011).

As funções de ativação mais utilizadas na confecção de RNAs são as do tipo sigmoidal, possuindo forma de  $\underline{s}$ , onde damos como exemplo a tangente hiperbólica, possuindo a forma de uma sigmóide com definição no intervalo contínuo [-1,1]:

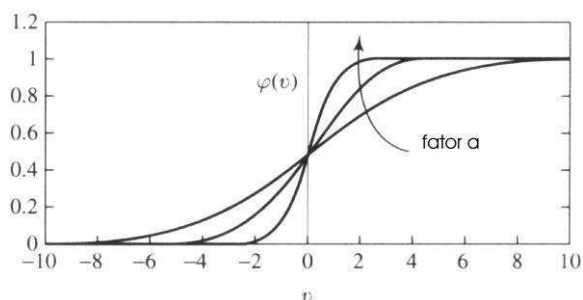


Figura 08: Função sigmóide.

A forma mais simples de uma RNA é o *Perceptron*, com o propósito de focar em um modelo computacional inspirado na retina, tendo como o objetivo principal, a percepção eletrônica de sinais com uma de suas aplicações voltada à identificação de padrões geométricos idealizada por Rosenblatt (1958).

O Princípio de funcionamento do *perceptron* em termos matemáticos é descrito pela seguinte equação:

$$\begin{cases} u = \sum_{i=1}^n w_i \cdot x_i - \theta \\ y = g(u) \end{cases}, \quad (03)$$

em que  $x_i$  são as entradas da rede,  $w_i$  é o peso (ponderação) associado à  $i$ -ésima entrada,  $\theta$  é o limiar de ativação,  $g(\cdot)$  é a função de ativação e  $u$  é o potencial de ativação.



### 3.1.3 REDES PERCEPTRON MULTILAYER (MLP)

Dentre os diversos tipos de arquitetura de RNA, a MLP é uma das mais utilizadas por serem tidas como uma generalização do *perceptron* de camada única (HAYKIN, 2001).

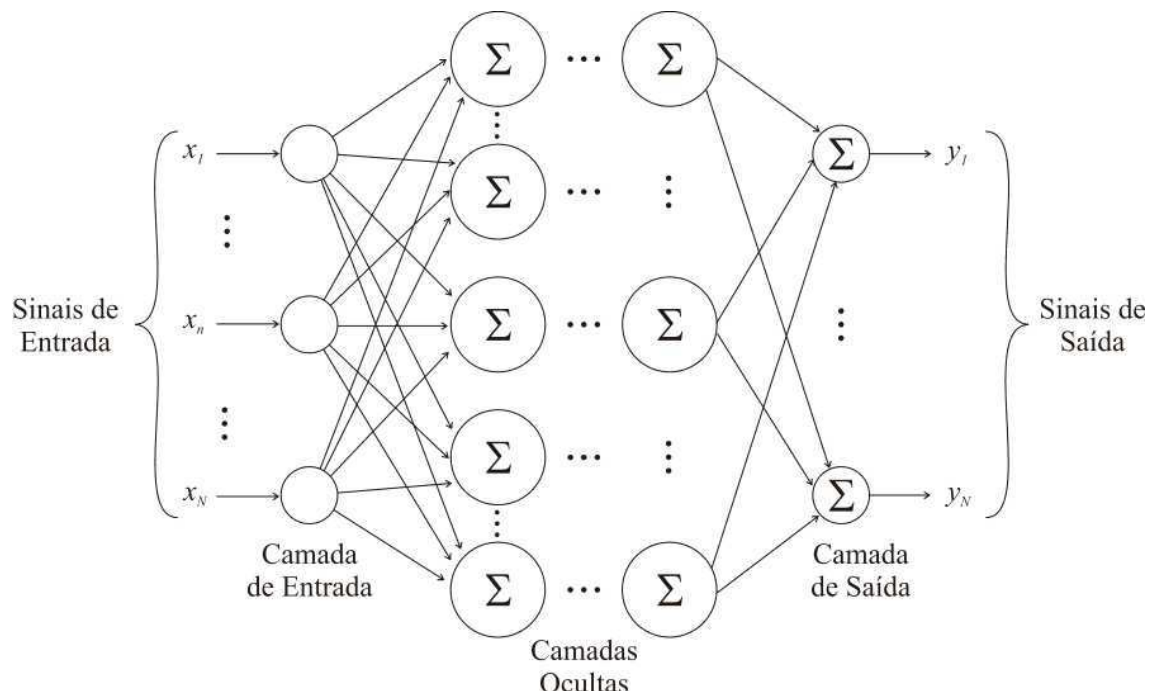


Figura 9: Arquitetura de uma rede MLP Fonte: FERREIRA, 2011.

Este tipo de rede é constituído de uma camada de entrada, formada por unidades sensoriais, uma ou mais camadas ocultas e uma camada de saída, estando essas todas conectadas como mostra a Figura 9. Com exceção da camada de entrada que tem como principal finalidade a distribuição dos sinais de entrada sem que haja alteração, as demais camadas são constituídas de neurônios.

Com relação ao funcionamento do MLP temos a seguinte formação:

- Camada de entrada: onde os neurônios representam as variáveis de entrada

(variáveis independentes) que distribuem estas para as camadas escondidas;

- Camada (s) escondida (s): onde os neurônios realizam o processamento, através de regras de propagação e funções de ativação;
- Camada de saída; onde os neurônios representam as variáveis de saída (resposta da rede).

As MLP são redes do tipo supervisionada devido o seu processo de aprendizagem (*supervisionado*), baseando-se no subconjunto de treinamento de onde a rede irá extrair o conhecimento da aplicação. Durante o treinamento cada resultado obtido na camada de saída da RNA, é confrontado com o resultado esperada sendo essa operação realizada através da *Função Energia de Erro* (FEE), definida como erro médio quadrático entre a saída produzida pela rede e a desejada (FERREIRA, 2011), dada por:

$$\varepsilon(n) = \frac{1}{2} \sum_{j \in B} [d_j(n) - y_j(n)]^2 \quad (04)$$

em que: B representa o conjunto de neurônios da camada de saída;  $d_j(n)$  é a saída desejada do neurônio de saída j, para o padrão n do conjunto de treinamento;  $Y_j(n)$  é a saída calculada para do neurônio de saída j, para o padrão n do conjunto de treinamento.

### **3.1.4 ALGORÍTMO *RESILIENT PROPAGATION* (RPROP)**

Foi proposto por Riedmiller e Braun em 1993, sendo uma modificação do algoritmo *backpropagation* tradicional, onde este faz uso de uma estratégia localizada de atualização dos pesos, no qual apenas as variações de sinal do gradiente local de cada peso são levadas em consideração. Todos os pesos são ajustados ao final de cada época de

treinamento, significando que cada peso  $w_{ji}^k$  possui sua própria taxa de variação  $\Delta_{ji}^k$  (RUMELART & MCCLELLAND, 1986):

$$\Delta w_{ji}^k(m) = \begin{cases} \eta^+ \cdot \Delta_{ji}^k(m-1), & \text{se } \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m-1) \cdot \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m) > 0 \\ \eta^- \cdot \Delta_{ji}^k(m-1), & \text{se } \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m-1) \cdot \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m) < 0 \\ \Delta_{ji}^k(m-1), & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (05)$$

em que  $\eta^- = 0,5$ ;  $\eta^+ = 1,2^2$ ; e  $\xi_{MED}(m)$  é a função energia de erro média de uma época  $m$  definida como (FERREIRA – 2011).

$$\varepsilon(m) = \frac{1}{N} \sum_{n=1} \varepsilon(n) \quad (06)$$

onde  $N$  é o número total de padrões do conjunto de treinamento e  $\varepsilon(n)$ , é a função energia do erro para um padrão de entrada  $n$  pertencente ao conjunto de treinamento.

Na sua generalidade, os valores de reajuste dos pesos da rede são calculados do seguinte modo:

$$\Delta w_{ji}^k(m) = \begin{cases} -\Delta_{ji}^k(m), & \text{se } \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m) > 0 \\ +\Delta_{ji}^k(m), & \text{se } \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m) < 0 \\ 0, & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (07)$$

No entanto, há uma exceção. No caso em que  $\frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m-1) \cdot \frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m) < 0$ , a configuração de pesos anterior ao último reajuste deve ser retomada. Assim, o reajuste dos pesos é calculado como sendo:

$$\Delta w_{ji}^k(m) = -\Delta w_{ji}^k(m-1). \quad (08)$$

Os pesos são reajustados a cada época da seguinte forma:

$$w_{ji}^k(m+1) = w_{ji}^k(m) + \Delta w_{ji}^k(m). \quad (09)$$

Riedmiller e Braun, (1993), afirma que é importante notar que a mudança nos pesos da RNA depende apenas do sinal de  $\frac{\partial \xi_{med}}{\partial w_{ji}^k}(m)$ , independentemente do seu valor absoluto.

Se a derivada for positiva, o peso é decrementado por  $\Delta_{ji}^k(m)$ ; se a derivada for negativa, o peso será incrementado por  $\Delta_{ji}^k(m)$ . Esse artifício permite ao algoritmo uma eficácia mesmo em situações onde o gradiente é muito pequeno, como por exemplo o caso em que a superfície de erro tem uma forma plana, (RIEDMILLER E BRAUN, 1993).

## 4 MATERIAL E METÓDOS

### 4.1 DESCRIÇÃO DA ÁREA ESTUDADA

Com uma população estimada em 3.766.528 habitantes (IBGE, 2010), o estado da Paraíba ocupa 56.584,6 km<sup>2</sup> de área territorial brasileira englobando 223 municípios, estando situado no extremo leste da região Nordeste do Brasil. Tem 98% de seu território inserido no Polígono das Secas. Faz limites: Norte com Rio Grande do norte, ao Sul com Pernambuco, a Oeste com o Ceará, ao Leste com o Oceano Atlântico. Faz limites: ao norte com o Rio Grande do Norte, ao sul com Pernambuco, a oeste com o Ceará, ao leste com o Oceano Atlântico.

O estado possui seis regiões homogeneamente climáticas identificadas como: Litoral, Brejo, Agreste, Cariri e Curimataú, Sertão e Alto Sertão como mostra a Figura abaixo.

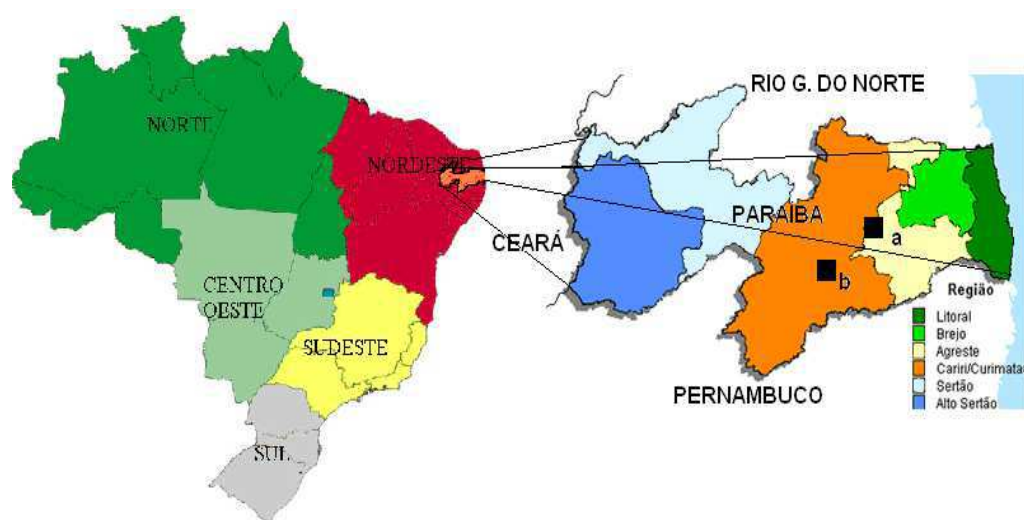


Figura 10: Regiões homogeneamente climáticas do Estado Paraíba. Fonte: Araújo,(2007)

Com relação a área de estudo, será levado em consideração os municípios que fazem parte da área de coleta de dados das plataformas de coleta de dados (PCD) que

enviam os dados para o Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), sendo essas localizadas nas cidades de: Campina Grande(CPV), João Pessoa (JPA, Capital do Estado), Souza (SOU) e Patos (PAT) que além disso, estão entre os dez municípios mais populosos do Estado como mostra a figura abaixo:

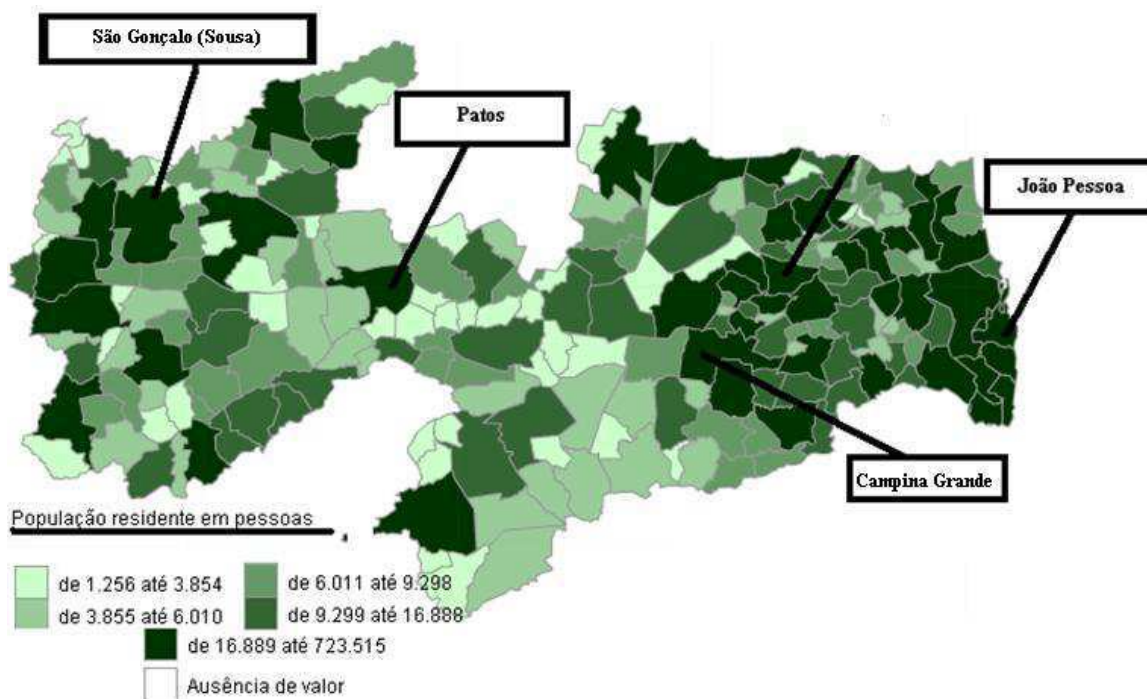


Figura 11: Localização espacial das cidades estudadas

Fonte: <http://www.ibge.gov.br/estadosat/perfil.php?sigla=pb>

De acordo com o IBGE (2010) as cidades observadas na Figura 11, tem as seguintes características:

**Tabela 3: Dados geográficos das cidades escolhidas para pesquisa**

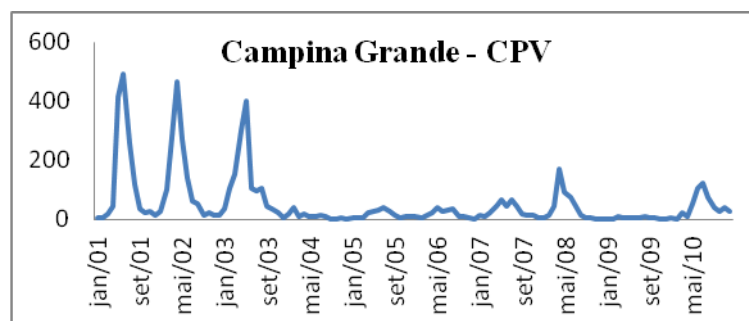
|  | <b>João Pessoa</b>      | <b>Campina Grande</b>   | <b>Patos</b> | <b>Sousa</b> |
|--|-------------------------|-------------------------|--------------|--------------|
| <b>População</b>                                   | 723.515                 | 385.213                 | 100.674      | 65.603       |
| <b>Área territorial</b>                            | 221,474 Km <sup>2</sup> | 594,179 Km <sup>2</sup> | 473,054      | 738.543      |
| <b>Densidade demográfica (Hab/ Km<sup>2</sup>)</b> | 3.430,21                | 648,31                  | 212,82       | 89.10        |

Fonte: IBGE (2011)

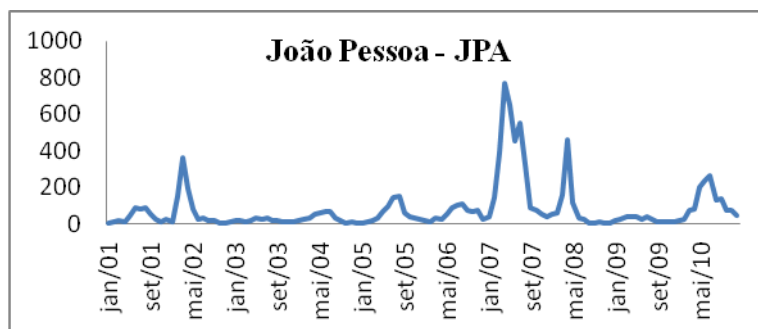
O período de observação dos dados epidemiológicos será de janeiro de 2001 a dezembro de 2010, com os dados formatadas em médias mensais num montante de 120 observações de cada cidade estudada cedidas pela Secretária de Saúde do Estado da Paraíba. Um maior detalhamento destes dados será apresentado na seção a seguir.

## 4.2 MATERIAL

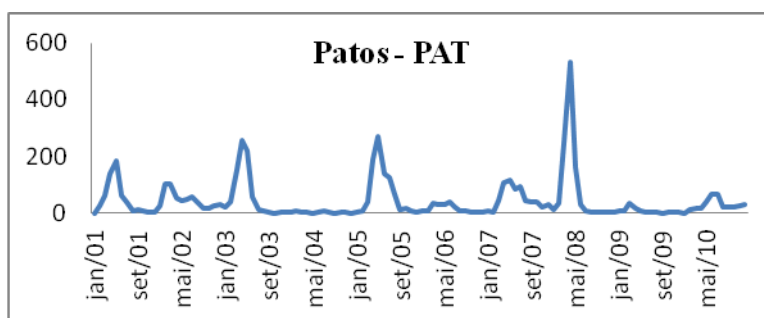
Os dados utilizados das notificações de casos dengue na Paraíba foram cedidos pela Secretaria de Saúde do Estado da Paraíba (SSEP), levando em consideração as semanas epidemiológicas de cada ano das cidades de CPV, JPA, PAT e SOU, dispostos através de suas médias mensais como mostram as Figuras abaixo:



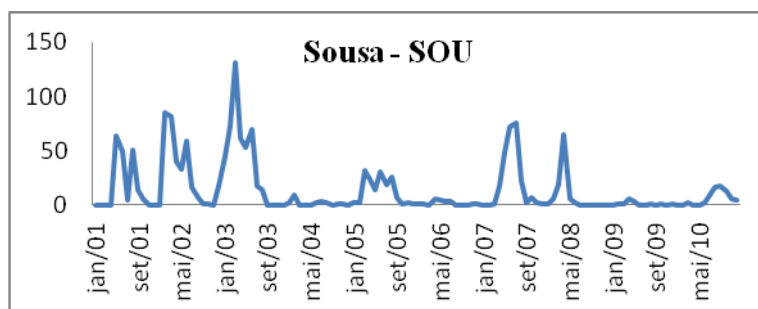
(a)(continua)



(b)



(c)



(d)

Figura 12: Notificações de casos de dengue; CPA (a), JPA (b), PAT (c) e SOU (d).

Fonte: SSEP.

Serão utilizados os dados climatológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), das cidades observadas na Tabela 4:



Tabela 4: Referência geográfica das cidades observadas

|            | <b>Código OMM</b> | <b>Latitude</b> | <b>Longitude</b> | <b>Altitude (m)</b> |
|------------|-------------------|-----------------|------------------|---------------------|
| <b>CPV</b> | 82795             | -07° 13' 50"    | -35° 52' 52"     | 551                 |
| <b>JPA</b> | 82798             | -07° 06' 54"    | 34° 51' 47"      | 47                  |
| <b>PAT</b> | 82791             | -07° 01' 28"    | 37° 16' 48"      | 242                 |
| <b>SOU</b> | 82689/            | -06° 45' 33"    | 38° 13' 41"      | 220                 |

Fonte: INMET.

### 4.3 MÉTODOS

#### 4.3.1 MODELO DINÂMICO mIRD

Este modelo observa a dinâmica de transmissão da dengue levando em consideração o risco climático de infecção pelo *Aedes aegypti*. O modelo tem como dados de entrada os valores de temperatura média do ar e umidade relativa, a nível mensal. Por sua vez, a saída são arquivos de tipo texto que correspondem, entre outras variáveis calculadas pelo modelo, ao índice de risco epidemiológico (VIRGINIE, 2008).

Ainda segundo Virginie (2008), a previsão de doenças infecciosas pode ser feita através de modelagem dinâmica epidemiológica, sendo que este modelo proposto por Charly Favier é do tipo mecanicista determinando a relação entre diferentes variáveis epidemiológicas e entomológicas, sendo utilizado para o entendimento de como funciona a transmissão de doenças causadas por vetores.

O cálculo do índice de risco é feito com base em funções entomológicas que levam em consideração o  $R_0 = 1$  onde temos a seguinte equação:

$$R_0 = V \times N \times \frac{S_N \exp(-\mu t_J)}{2t_N} \times \left[ \frac{k}{1 - \exp(-\mu t_G)} \right]^2 \times \exp(-\mu t_E) \quad (10)$$

Nos quais as variáveis observadas acima significam:

$R_0$  : Taxa de reprodução Basal;  $V$  : Duração da virêmia;  $N$  : Número de ninfas;

$S_N$  : Sobrevida na fonte;  $\mu$  : Taxa de mortalidade do vetor;  $t_J$  : Tempo necessário para a primeira picada;  $t_N$  : Duração do estado de ninfas;  $t_G$  : Duração do ciclo gonotrófico;

$k$  : Número de picadas por ciclo gonotrófico;  $t_e$  : Duração do ciclo extrínseco;

O modelo do mIRD utiliza ainda estimação de resultados do modelo de animais poiquilotérmicos (animais de sangue frio), que são similares as equações utilizadas por Foks *et al.* (1993), sendo estas dependentes da temperatura (VIRGINIE, 2008). A equação abaixo mostra como calcular estas observações.

$$r(T) = \rho_{(25^\circ C)} (T / 298) \exp[(\Delta H_A^\# / R)((1 - /298) - (1/T))] \quad (11)$$

em que:

$r(T)$  : Taxa de desenvolvimento da temperatura T (em K) e  $h^{-1}$ ;  $\rho_{(25^\circ C)}$  : Taxa de desenvolvimento à 25°C em  $h^{-1}$ ;  $T$  : Temperatura em °K;  $\Delta H_A^\#$  : Valor da entalpia de ativação da reação catalisada pela enzima  $cal.mol^{-1}$ ;  $R$  : Constante dos gases perfeitos.

A rotina do modelo executa também o calculo dos seguintes parâmetros entomológicos:

- Período de incubação efetiva : quanto tempo entre a primeira picada que infectou o inseto e a primeira picada infecciosa;

- Período de incubação extrínseco: que vem a ser o tempo de desenvolvimento do arbovírus (que ocorre dentro do organismo do artrópode), após o qual o vírus poderá ser transmitido a novos hospedeiros suscetíveis;
- Cálculo de tempo total dos estados imaturos (Larva + Pupas)
- Tempo do ciclo gonotrófico do inseto;
- Índice de risco relativo dado em porcentagem.

Este **mIRD**, permitirá determinar um índice de risco de transmissão proporcional ao número de ninfas per capita para garantir o  $R_0=1$ .

#### **4.3.2 – MODELAGEM SARIMA E HOLT - WINTERS**

A metodologia de Box-Jenkins baseia-se num processo iterativo para a síntese de padrões a partir de dados históricos, exigindo etapas como a especificação, a identificação de um modelo, com base nas autocorrelações dentre outros critérios, fase de estimação dos parâmetros e validação ou diagnóstico do modelo ajustado.

Os modelos ARIMA resultam da combinação de três componentes denominados “filtros”: o componente auto-regressivo (AR), o filtro de integração (I) e a componente de médias móveis (MA). Em princípio se faz necessário entender o conceito de estacionariedade. Modelos estacionários são aqueles que assumem que o processo está em equilíbrio. Um processo é considerado fracamente estacionário se suas média e

variância se mantêm constantes ao longo do tempo e a função de autocovariância depende apenas da defasagem entre os instantes de tempo.

A identificação de um modelo se baseia em análise de autocorrelações, autocorrelações parciais e outros critérios. O objetivo é determinar os valores de  $p$  (termo auto-regressivo),  $d$  (número de diferenças) e  $q$  (número de termos da média móvel) do modelo ARIMA ( $p,d,q$ ), além das estimativas preliminares dos parâmetros a serem usadas no estágio de estimação (SA, 1995) .

A estratégia para a construção do modelo é baseada nos próprios dados, conforme a Figura 13, que ilustra o diagrama de construção do modelo:



Figura 13: Diagrama de construção do modelo Box-Jenkins. (Adaptado de Cunha, 2010.)

No presente estudo será dada ênfase a modelagem SARIMA, uma adaptação aos modelos ARIMA no caso em que a variável a ser estudada é fortemente caracterizada pela sua sazonalidade.

Seja  $Y' = (Y_1, Y_2, \dots, Y_n)$  uma série temporal de dados. Um modelo sazonal ARIMA, SARIMA, com  $S$  observações por período, denotado por SARIMA ( $p,d,q$ )( $P,D,Q$ ) $_s$ , é dado por  $\Phi(L^S)\varphi(L)(1-L)^D(1-L^S)^D Y_t = \Theta(L^S)\theta(L)\varepsilon_t$ , onde  $L$  é o operador

diferença dado por:  $L^K = Y_{t-K} / Y_t$ ;  $\varphi(L) = 1 - \varphi_1 L^1 - \varphi_2 L^2 - \dots - \varphi_p L^p$  é uma função polinomial autorregressiva (AR) de ordem  $p$  com vetor de coeficientes  $\varphi' = (\varphi_1, \varphi_2, \dots, \varphi_p)$ ,  $\theta(L) = 1 + \theta_1 L^1 + \theta_2 L^2 + \dots + \theta_q L^q$  é uma média móvel (MA) polinomial de ordem  $q$  com vetor de coeficientes  $\theta' = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_q)$ ,  $\Phi(L^S) = 1 - \varphi_{S,1} L^S - \varphi_{S,2} L^{2S} - \dots - \varphi_{S,p} L^{pS}$  e  $\Theta(L^S) = 1 + \theta_{S,1} L^S + \theta_{S,2} L^{2S} + \dots + \theta_{S,q} L^{qS}$  são funções polinomiais sazonais de ordem  $P$  e  $Q$ , respectivamente, que satisfazem as condições de *estacionariedade* e *invertibilidade*,  $d$  é o número de passos diferenciais necessários para estacionarizar a série,  $D$  é o número de diferenças sazonais e  $\varepsilon_t$  são termos de erro assumidos serem independentes e identicamente distribuídos e aleatórios, amostrados de uma distribuição com média zero ( $\mu=0$ ), e variância  $\sigma^2$  constante. Em séries temporais, os  $\varepsilon_t$  são variáveis comumente referidas como ruídos brancos, e eles são interpretados como um efeito exógeno que o modelo não é capaz de explicar, (BOX & JENKS, 1976).

Considerando uma série temporal de dados mensais de notificações de dengue, este ruído branco pode ser efeito de variáveis climáticas, eventuais campanhas de prevenção ou educação, entre outros.

Neste trabalho foi usado o software estatístico R<sup>®</sup> 2.3.1 (de distribuição gratuita), para ajustar os modelos SARIMA para casos de incidência de dengue, entre janeiro de 2001 e dezembro de 2010, para quatro cidades da Paraíba: João Pessoa, Campina Grande, Patos e Sousa.

A adequação do modelo foi verificada pela plotagem de histogramas e pelos gráficos das funções de autocorrelações (ACF) e de autocorrelações parciais (PACF), também pelo teste dos resíduos padronizados de Ljung-Box (1978), que é um teste de hipóteses para correlações, que busca mostrar que os resíduos não são autocorrelacionados.

A análise da ACF e dos resíduos de Ljung-Box são estatísticas úteis para testar a aleatoriedade dos resíduos. O critério acrônimo para Akaike Information Criterion (AIC), foi empregado para comparar a eficiência de ajuste dos modelos. Quanto menores os valores de AIC, mais adequado será o modelo (LJUNG-BOX, 1978).

Outros procedimentos são necessários para o sucesso da metodologia, a exemplo, após a análise do histograma de frequência dos dados, muitas vezes nota-se uma distribuição que pode não atender a condição de normalidade dos dados, e uma transformação de Box-Cox é introduzida. A transformação é relativamente simples, como mostra a equação a seguir:

$$Y^\lambda = \frac{Y^\lambda - 1}{\lambda}, \quad (12)$$

onde  $\lambda$  varia entre -1 e 1. Para obtenção do melhor  $\lambda$ , medidas de assimetria e curtose são minimizadas e a distribuição normal aproximada quando valores apropriados de  $\lambda$  são encontrados.

A previsão é a última etapa da metodologia que utilizam o modelo identificado e estimado para fazer previsões. Caso o modelo não seja adequado, o ciclo é repetido, voltando-se à fase de identificação. Na prática, é identificado não somente um modelo, mas alguns modelos para serem estimados e validados. O melhor modelo será usado para determinar o menor erro quadrático médio (EQM) de previsão. A fase mais crítica é a identificação (MORETTIN, 2006).

A metodologia de Box-Jenkins tem como vantagem o fato de ser bastante precisa na previsão sob uma gama de séries temporais. No entanto, torna-se difícil de conciliar os parâmetros com o modelo inicialmente criado à medida que novos dados são adquiridos,

isto é, deve ser periodicamente revisto, ou até mesmo, um novo modelo deve ser criado. Por outro lado, a construção de um modelo exige o uso de um especialista em modelos ARIMA, sendo também mais exigente em termos computacionais (PFLAUMER, 1992), (LEE, 1998).

Como a maioria dos procedimentos de análise estatística de séries temporais supõe que estas estejam estacionárias, será necessário transformá-las caso ainda não sejam. A transformação mais comum consiste em tomar diferenças sucessivas da série original até obter uma série estacionária. Em situações normais, uma ou duas diferenças é suficiente para que a série se torne estacionária. O número de diferenças necessárias para tornar a série estacionária é denominado ordem de integração (JOHNSON, 1982; ALHO, 1990; SOUZA, 1996).

No caso deste trabalho, também houve a utilização da metodologia Holt – Winters, sendo este o mais utilizado para previsão de curto prazo por ser simples e ter um baixo custo operacional, boa precisão e com uma capacidade de ajustamento rápido à mudanças na série (LÚCIO *et al.*, 2010).

O método de Holt é um desdobramento dos modelos Brown (1962), que considera exclusivamente os modelos lineares onde há dois hiperparâmetros: ( $\alpha$ ) para atualização sequencial do nível e ( $\beta$ ) para a atualização sequencial da tendência (MONTEGOMERY – 1976). Assim temos para o modelo de Holt:

$$Z_t = \mu(t) + \epsilon_t, \tag{13}$$

em que:  $\alpha$ : constante de amortecimento do nível;  $\beta$ : constante de amortecimento da tendência.

Em uma versão mais sofisticada deste método de Holt encontra-se ainda um terceiro hiperparâmetro responsável por amortecer o crescimento à medida que o horizonte de previsão aumenta.

Já a técnica de Winters, trata do amortecimento exponencial de séries sazonais, lembrando que a sazonalidade a repetições periódicas definidas relacionadas às estações do ano. O método utiliza fatores discretos, via fatores sazonais, que caracterizam o período sazonal podendo ser incorporado ao modelo de forma aditiva ou multiplicativa (SOUZA – 1983).

$$\text{Modelo aditivo: } Z_t = \mu(t) + \rho_t + et, \quad (14)$$

$$\text{Modelo multiplicativo: } Z_t = \mu(t) * \rho_t + et, \quad (15)$$

onde:  $\mu(t)$  : nível médio da série;  $\rho_t$  : Fatores sazonais (parâmetros da parte sazonal do modelo);  $et$  : componente aleatório não explicado pelo modelo.

Ainda Lúcio *et al.* (2010), evidencia a necessidade de calcular as previsões de valores futuros da série para estimar o nível e a tendência da série no período atual, bem como os valores do fator sazonal correspondente ao último período de sazonalidade, calculadas pelas seguintes equações, (LÚCIO *et al.*, 2010):

Sazonalidade aditiva:

$$\begin{aligned} n_t &= \alpha(Y_t - f_{t-s}) + (1 - \alpha).(n_{t-1} + b_{t-1}); \\ b_t &= \beta(n_t - n_{t-1}) + (1 - \beta).b_{t-1}; \\ f_t &= \gamma(Y_t - n_t) + (1 - \gamma).f_{t-s} \end{aligned} \quad (16)$$



Sazonalidade multiplicativa:

$$\begin{aligned}n_t &= \alpha \frac{Y_t}{f_{t-s}} + (1-\alpha).(n_{t-1} + b_{t-1}); \\b_t &= \beta(n_t - n_{t-1}) + (1-\beta).b_{t-1}; \\f_t &= \gamma \frac{Y_t}{n_t} + (1-\gamma).f_{t-s} .\end{aligned}\tag{17}$$

onde:  $\alpha, \beta$  e  $\gamma$ , são constantes de amortecimento. No fim de cada período  $t$ , a estimativa da tendência e a componente sazonal são dados por  $b_t$  e  $f_t$  respectivamente e  $n_t$  denotando a componente de nível.

#### 4.3.3 - MODELO PROPOSTO PARA A ARQUITETURA DA RNA:

Para este trabalho propõe-se um modelo de arquitetura de rede tipo MLP de três camadas com a utilização do algoritmo RPROG, com o treinamento e função do tipo tangente hiperbólica. O uso deste tipo de rede é explicado pela boa exatidão e custo computacional,(FERREIRA, 2011). Foram utilizadas médias móveis de nível 3, como forma de suavizar os valores extremos, utilizando 70% dos dados para o treinamento, 15% para validação e 15% para o teste da RNA.

Inicialmente utilizou-se os dados das variáveis climatológicas e casos de dengue das cidades mencionadas para a pesquisa, nos seus valores mensais sucessivos, de forma isolada. Ou seja, a RNA foi executada empregando como entrada apenas umidade; em seguida apenas temperatura; em seguida apenas casos de incidência de dengue; e assim por diante. A intenção, com esse método, é observar a eficiência da RNA em correlacionar dados de entrada com os dados na saída (número de casos de dengue do mês subsequente).

Com isso foi possível ter-se uma noção de quais variáveis aderem melhor ao modelo proposto via RNA.

Em seguida, com a observação de resultados de dez execuções da rotina do algoritmo base, foi feita a média e o desvio padrão de cada variável meteorológica e da incidência de casos de dengue. Tomando-se como critérios as menores médias do Erro Médio Quadrático, (EMQ), e desvio padrão, buscou-se uma combinação de variáveis de entrada que, quando unidas para alimentar a RNA, resultam num EMQ ainda menor.

Após várias tentativas, foi determinado que o vetores de entrada da RNA deveriam ser compostos por: temperatura máxima; temperatura mínima; umidade relativa; Vento; evaporação e casos de dengue do mês atual.

A partir dessas entradas, espera-se que a RNA consiga definir com relativo sucesso quantos casos de dengue haverá no mês seguinte, fazendo uso do algoritmo de treinamento do tipo RPROG.

Abaixo podemos ver como é proposto o modelo acima em forma de diagrama:

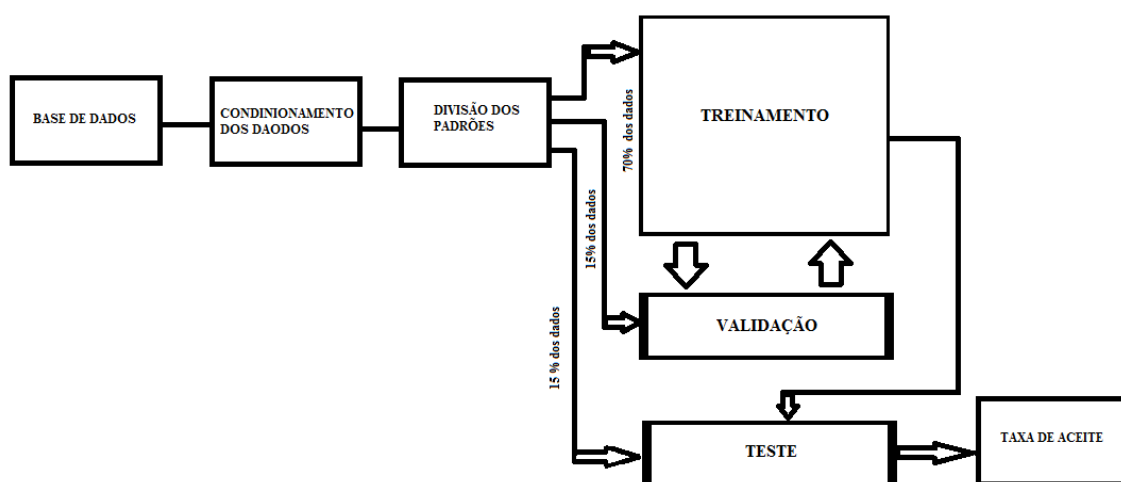


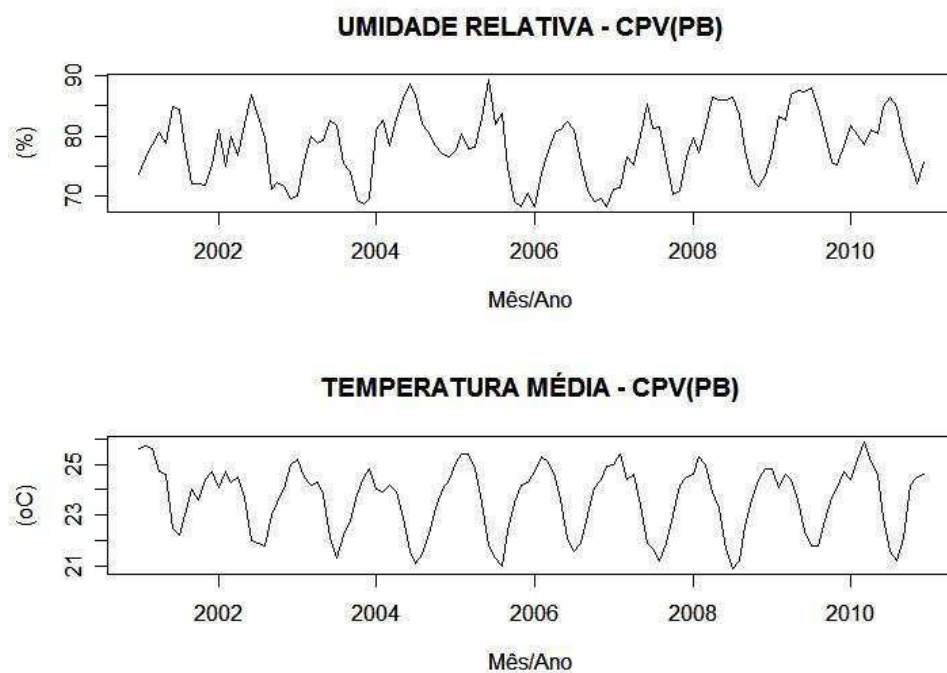
Figura 14: Diagrama de blocos da metodologia proposta por RNAs.

## 5.RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 5.1 MODELO mIRD

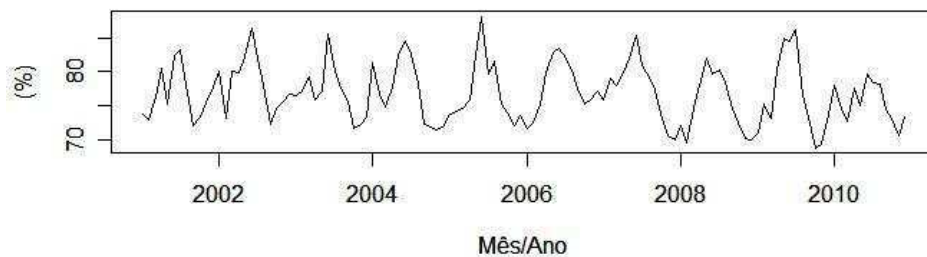
Nas cidades analisadas, o modelo mIRD, teve como dados de entrada as variáveis **umidade relativa** e **temperatura média**, onde os mesmos foram padronizados, ambas estando diretamente relacionadas com o ciclo de vida do inseto, como mostram a

Figura 16:

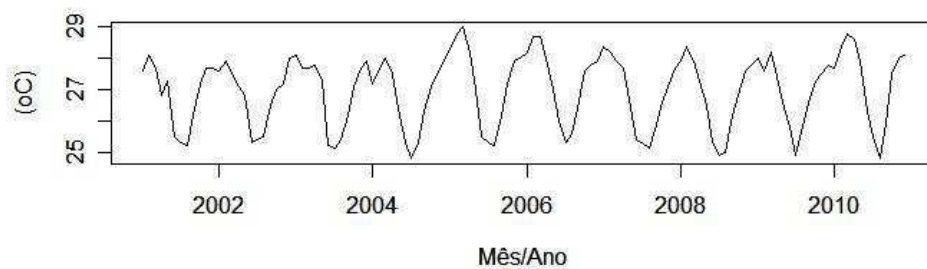


(a)

### UMIDADE RELATIVA - JPA(PB)

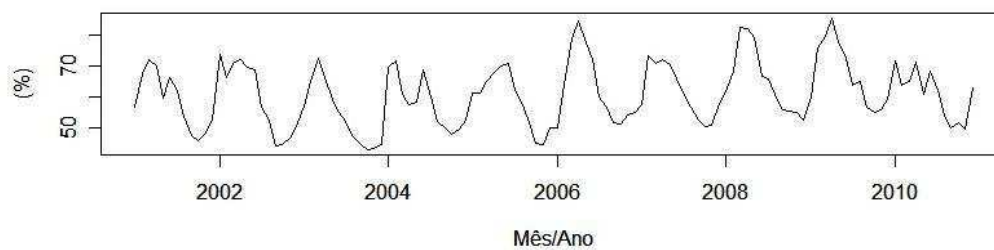


### TEMPERATURA MÉDIA - JPA(PB)

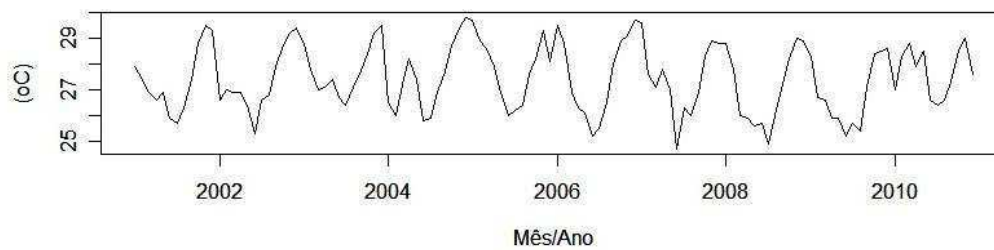


(b)

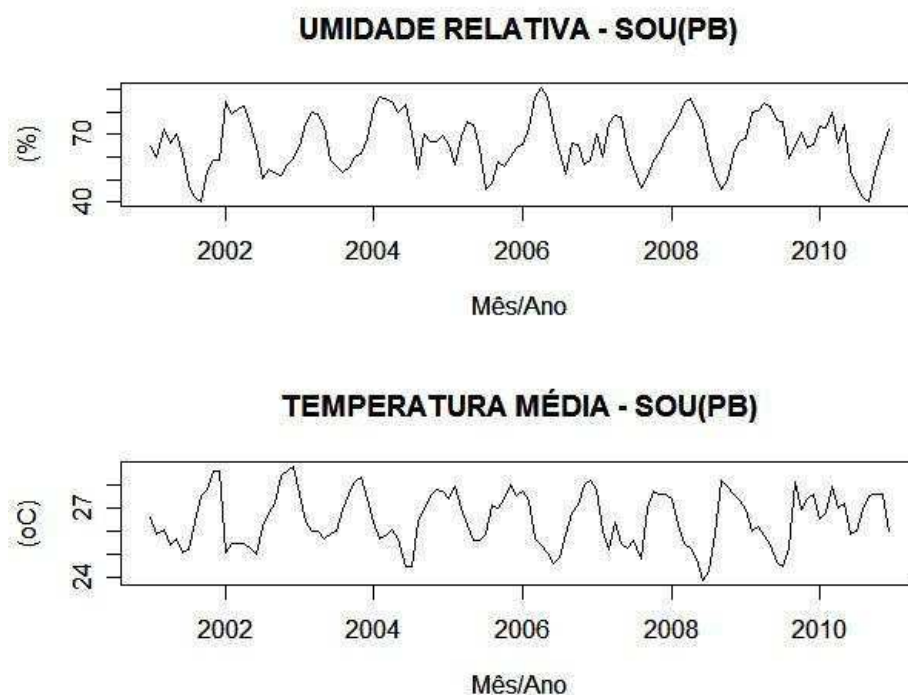
### UMIDADE RELATIVA - PAT(PB)



### TEMPERATURA MÉDIA - PAT(PB)



(c)



(d)

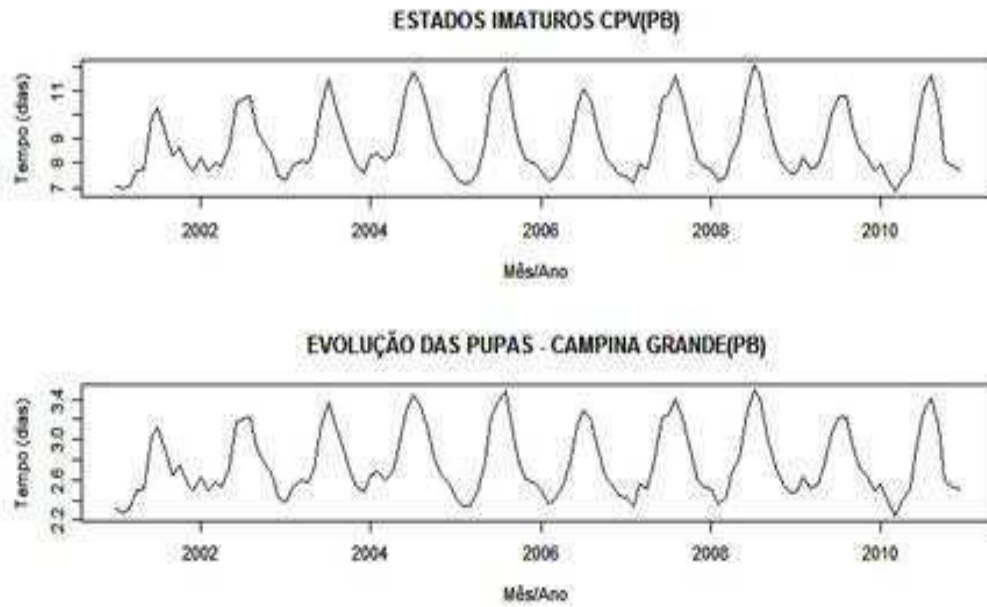
Figura 15: Dados de umidade relativa e temperatura média das cidades CPV (a), JPA (b), PAT (c) e SOU (d). Fonte: INMET (2011).

Com os dados acima foram obtidos os seguintes resultados:

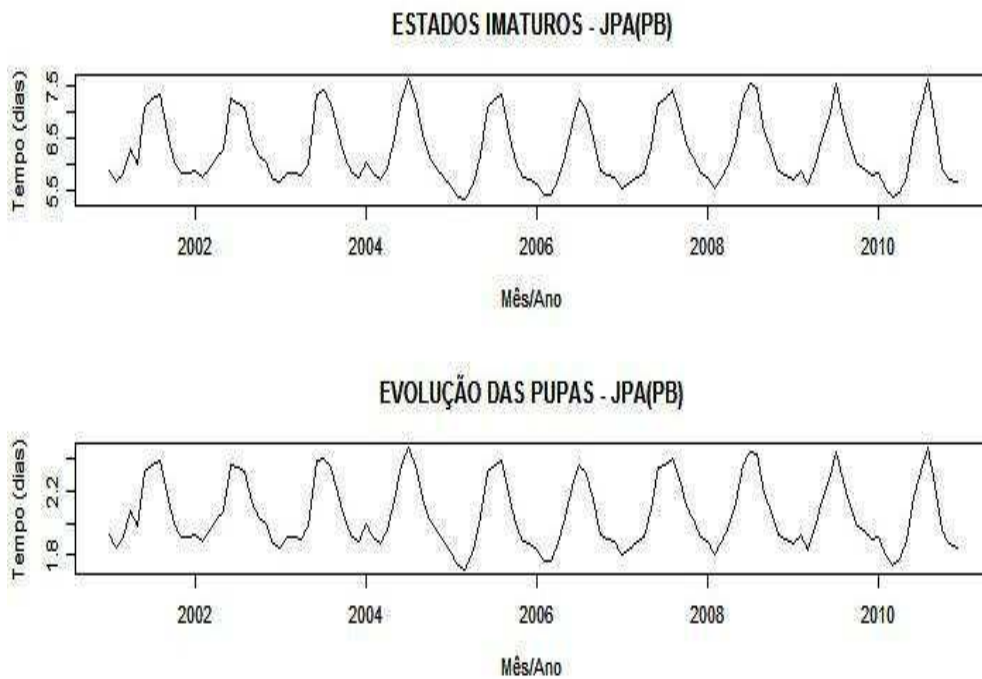
### 5.1.1 ESTADOS IMATUROS E EVOLUÇÃO DAS PUPAS:

Na figura 17, os estados imaturos que fazem parte dos estágios larvais (estados imaturos), e das fases de larva e pupa, tiveram resultados que se assemelham aos encontrados por Beserra *et al.*,(2008), tendo estes resultados sido encontrados em laboratório com material colhido em diferentes cidades no interior da Paraíba, onde o mesmo obteve os resultados com temperatura ambiente entre  $26^{\circ} \pm 2^{\circ}\text{C}$  com uma fotofase

de 12 horas. Os resultados deram entre 6,3 dias e 8,3 dias para fase larval e de 2 dias a 2,5 dias para fase de pupa.

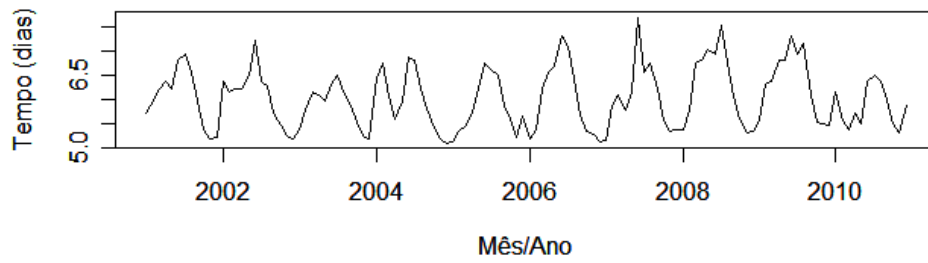


(a)(continua)

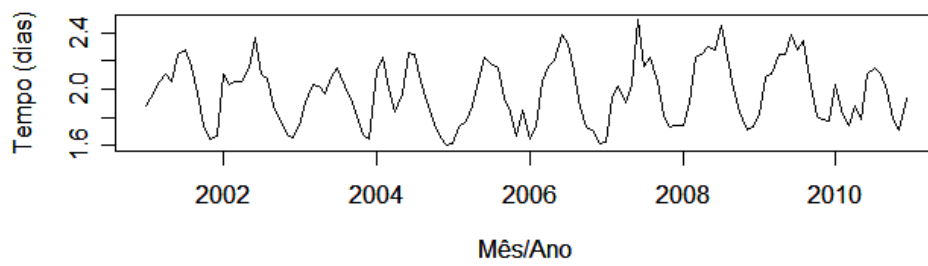


(b)

### ESTADOS IMATUROS - PATOS(PB)

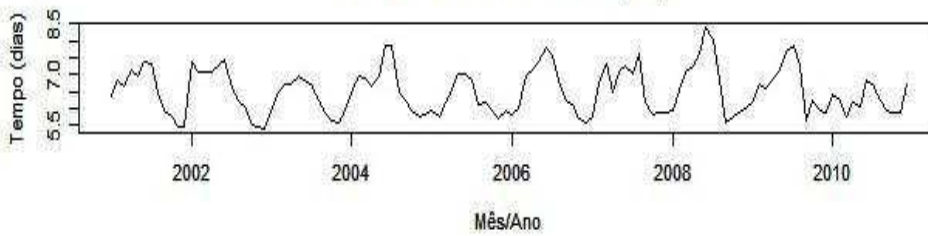


### EVOLUÇÃO DAS PUPAS - PATOS(PB)

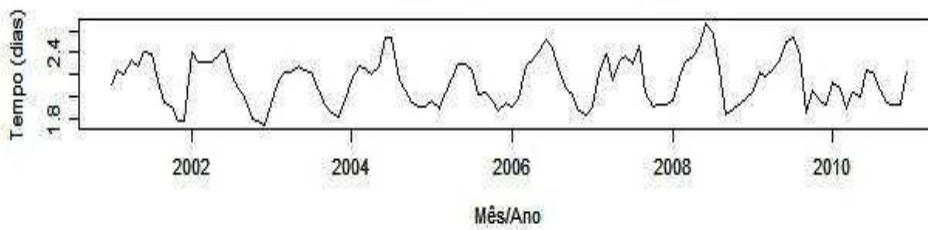


(c)(continua)

### ESTADOS IMATUROS - SOU(PB)



### EVOLUÇÃO DAS PUPAS - SOU(PB)

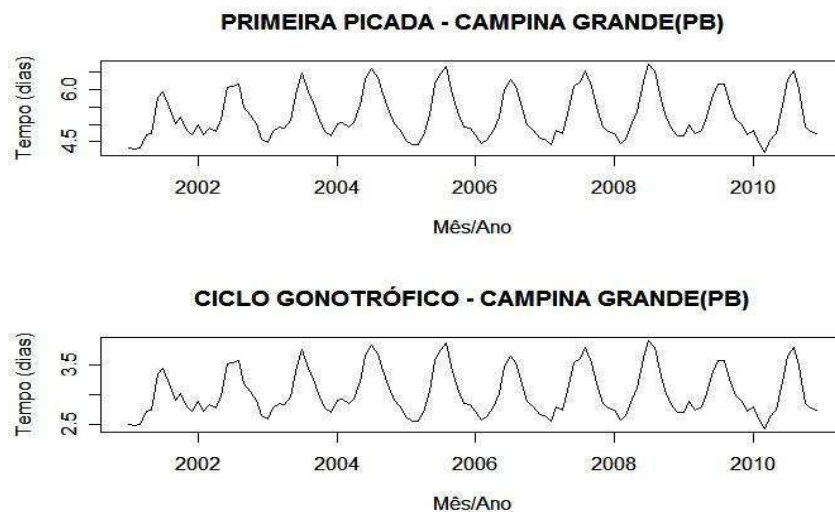


(d)

Figura (16): Estados imaturos e evolução da Pupas para as cidades de CPV (a), JPA (b), PAT(c) e Sou (d).

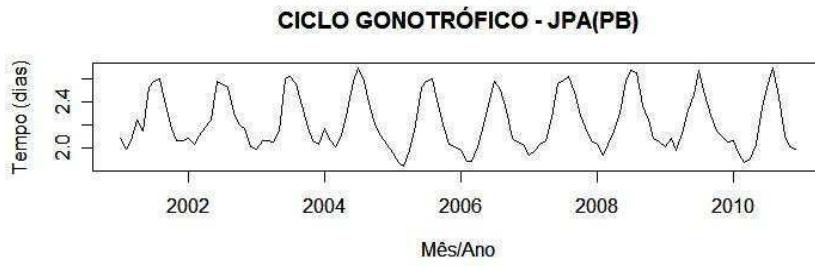
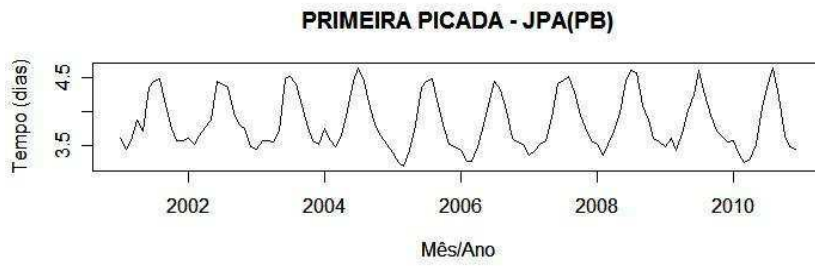
### 5.1.2 TEMPO PARA PRIMEIRA PICADA DO INSETO BEM COMO SEU CICLO GONOTRÓFICO:

O tempo para primeira picada variou entre 6, 5 dias e 5 dias em seu valores máximos sendo que o maior valor foi obtido com dados da cidade de Campina Grande (figura 17 (a)), e o menor valor para João Pessoa com 4,5 dias para a variável primeira picada. O *ciclo gonotrófico* sendo uma variável dependente da variável *primeira picada*, segue o padrão de valores proporcional para Campina Grande (4 dias) e João pessoa (2,5 dias). Com esses dados é observado que o ciclo gonotrófico tem um tempo menor para João Pessoa e maior para Campina Grande (Figura 17, a e b), enquanto que para Patos e Sousa os valores são similares em torno de 5 dias para o ciclo gonotrófico e 3 dias para a primeira picada (figuras 17 (c) e (d)).

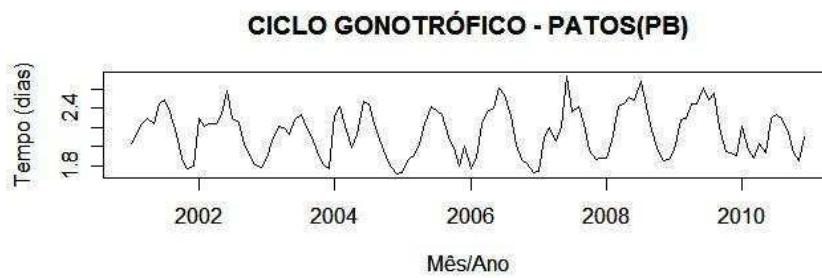


(a)

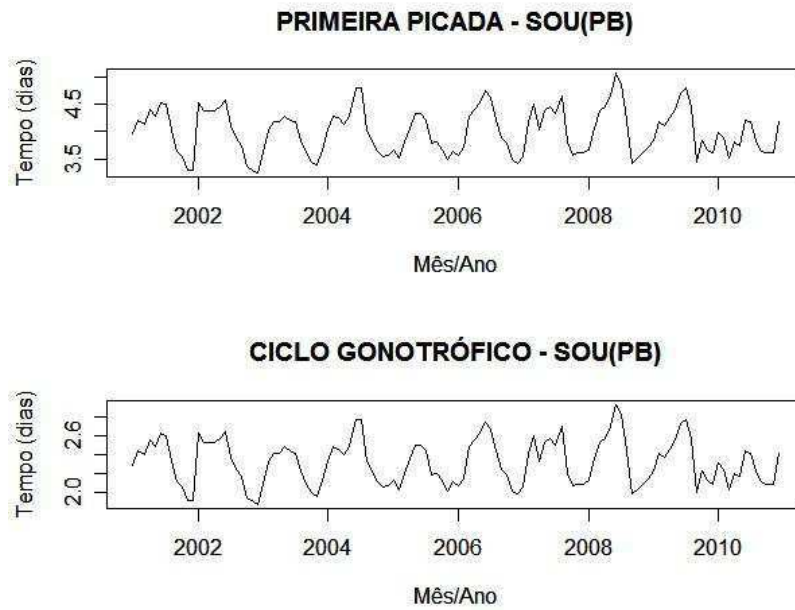




(b) continua



(c)



(d)

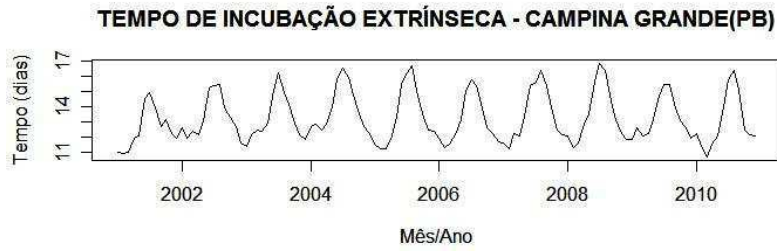
Figura 17: Primeira picada e Ciclo gonotrofico das cidades de CPV(a), JPA (b), PAT (c) e SOU (d).

### 5.1.3 TEMPO DE INCUBAÇÃO EXTRISECA E EFETIVA:

Como já fora mencionando, o tempo de incubação extrínseca é o período no qual o inseto é infectado desenvolve o vírus e fique habilitado a infectar novos hospedeiros. Com isso o periodo de maior incubação extrínseca foi observado para cidade de Campina Grande (figura 18 (a)) com um valor de 16 dias tendo as demais cidades obtido um valor aproximado de 12 dias.

Já o período de incubação efetiva é o espaço de tempo entre a primeira picada que infectou o inseto e a primeira picada infecciosa, tiveram seus valores aproximados da variável incubação com a incubação extrínseca.

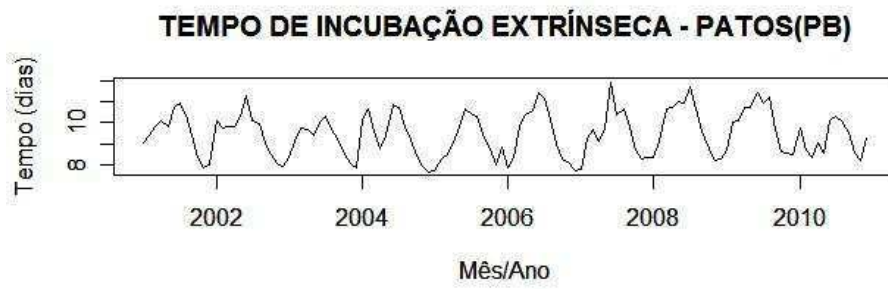
Os valores obtidos do tempo de incubação extrínseca, para as cidades de João Pessoa, Patos e Sousa, são aproximados aos valores de Yong *et al.*(2007), em torno de 7 a 10 dias.



(a)



(b)



(c)(continua)

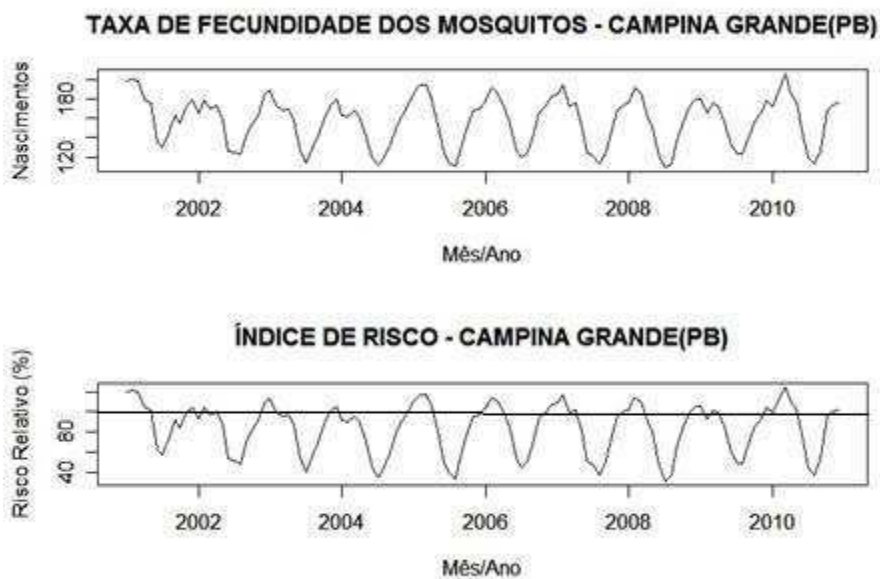


(d)

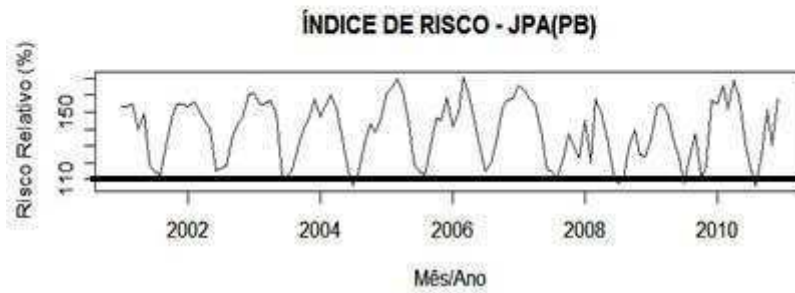
Figura 18: Tempo de incubação extrínseca e efetiva das cidades de CPV(a), JPA (b), PAT (c) e SOU (d).

#### 5.1.4 - TAXA DE FECUNDIDADE E O ÍNDICE DE RISCO:

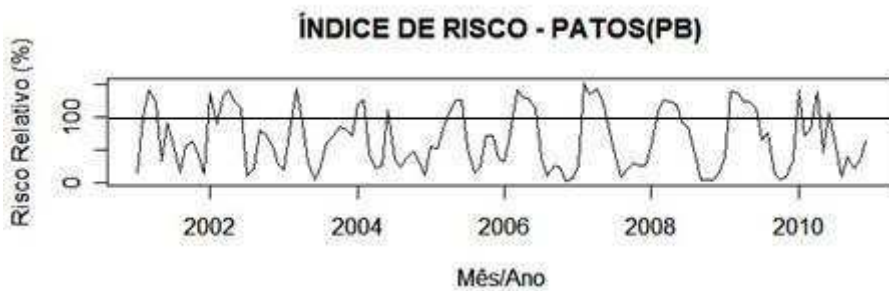
A taxa de fecundidade e o índice de risco, são calculados a partir da taxa de reprodução basal do inseto, logo temos que os valores obtidos com  $R_0 > 1$ , neste caso tem-se risco de epidemia, consecutivamente se  $R_0 < 1$ , a incidência da doença diminui ( figura 19 (a,b,c,d)). Levando em consideração que as cidades investigadas para estarem em risco de epidemia eminente terão que manter o valor do índice de risco acima de 100%, observamos nos resultados do mIRD que a cidade com maior favorabilidade de epidemia é João Pessoa, seguida de Patos Sousa e Campina Grande.



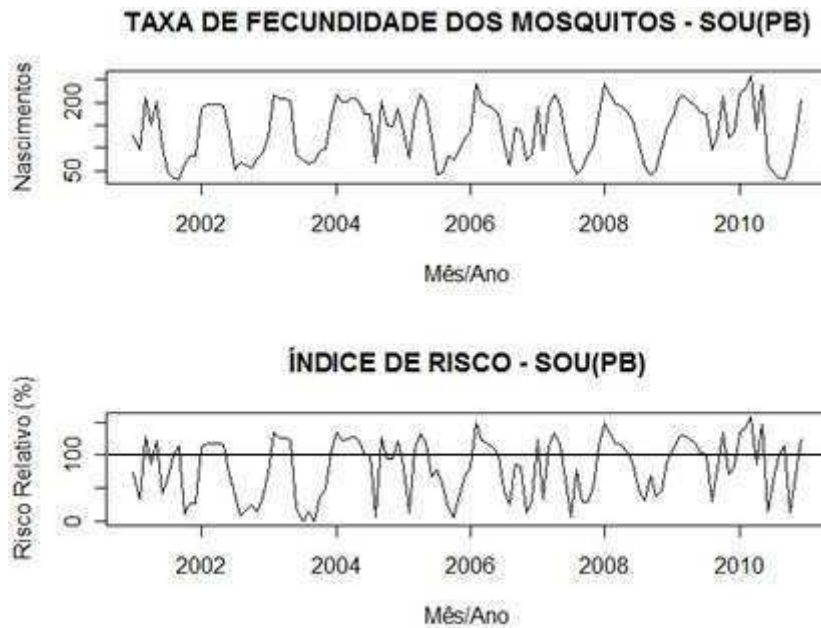
(a)



(b)



(c)



(d)

Figura 19: Taxa de fecundidade e índice de risco para as cidades de CPV (a), JPA (b), PAT(c) e SOU (d).

## 5.2 MODELOS SARIMA E HOLT – WINTERS

### 5.2.1 Estimativa Do Melhor Modelo SARIMA Ajustado Para Campina Grande

A seguir são mostrados todos os processos para a obtenção do melhor modelo SARIMA para a cidade de Campina Grande. A Figura 20b mostra o comportamento das funções de autocorrelações (ACF) em função das notificações dos casos mensais de dengue (Figura 20a). A ACF fornece uma medida útil do grau de dependência entre os valores de uma série temporal em diferentes períodos, e medem ainda o tamanho e a força da “memória” do processo. O gráfico da ACF exhibe uma periodicidade de comprimento  $S=12$ , um resultado esperado, pois as notificações de dengue mostram um ciclo sazonal.

A Figura 21 (a), mostra a primeira diferenciação aplicada na série com o intuito de deixá-la estacionária. Considerando a série temporal  $X_t$  com  $t=0, \dots, n$ , a primeira diferença da série seria definida como  $\Delta X_t = X_t - X_{t-1}$ ,  $t=1,2,3,\dots$ ; generalizando, a  $n$ -ésima diferença da série será dada por:

$$\Delta^n X_t = \Delta^{n-1} X_t - \Delta^{n-1} X_{t-1} = \sum_{r=0}^n (-1)^r \binom{n}{r}, \text{ onde } \binom{n}{r} = \frac{n!}{r!(n-r)!} \quad (18)$$

A Figura 21(b) e 21(c) mostra os gráficos da ACF e PACF após a primeira diferenciação. O decaimento exponencial da ACF observado na Figura 21(b) mostra agora poucos valores acima da linha tracejada que representa a variação aleatória média dos erros, sugerindo um movimento da média de ordem  $q=2$  ou  $3$ . A PACF é a seqüência de correlações entre  $(X_t \text{ e } X_{t-1})$ ,  $(X_t \text{ e } X_{t-2})$ ,  $(X_t \text{ e } X_{t-3})$ , e assim por diante, obtidas pelas equações de Yule-Walker (Mills, 1990). A PACF sugere que  $p$  deve ser igual a  $2$ , dado que as autocorrelações parciais são próximas de zero em todos os lags que excedem  $2$ .

Os gráficos da Figura 22(a), 22(b) e 22(c) mostram a série após uma diferenciação de ordem  $12$  para séries mensais, como forma de remover a sazonalidade da série e transformá-la em uma série estacionária. Desta forma chega-se a classe de modelos sazonais ARIMA  $(p,d,q) \times (P,D,Q)$  ou SARIMA. Nesta classe de modelos permite-se a diferenciação simples e a sazonal. Em geral, o valor para  $D$  é raramente maior que  $1$  e os valores de  $P$  e  $Q$  não ultrapassam  $2$  (Brockwell e Davis, 1996). Vários modelos foram testados para diferentes valores de  $p,q$  e  $P,Q$ . Problemas de convergência são encontrados quando não se aplica nenhuma diferenciação sazonal ( $D=0$ ), portanto considerou-se uma diferença sazonal, ou seja,  $D=1$ . O modelo com menor valor de AIC para os dados, e portanto, com o melhor ajuste, foi o SARIMA  $(2,2,2)(1,1,1)$ , com um valor de  $AIC=36,98$ .



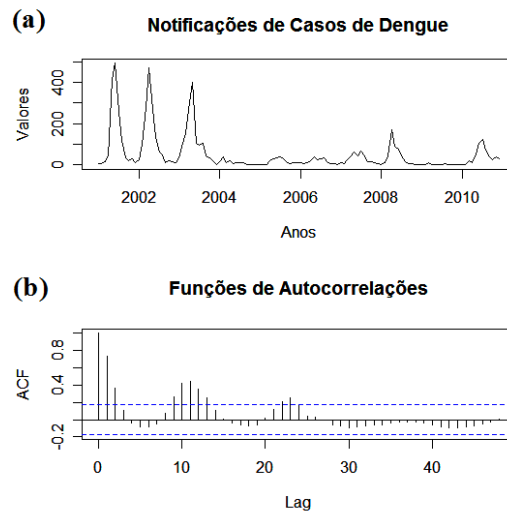


Figura 20: (a) Notificações de casos de dengue em Campina Grande entre 2001 e 2010 e (b) Funções de Autocorrelações da série de notificações de casos de dengue.

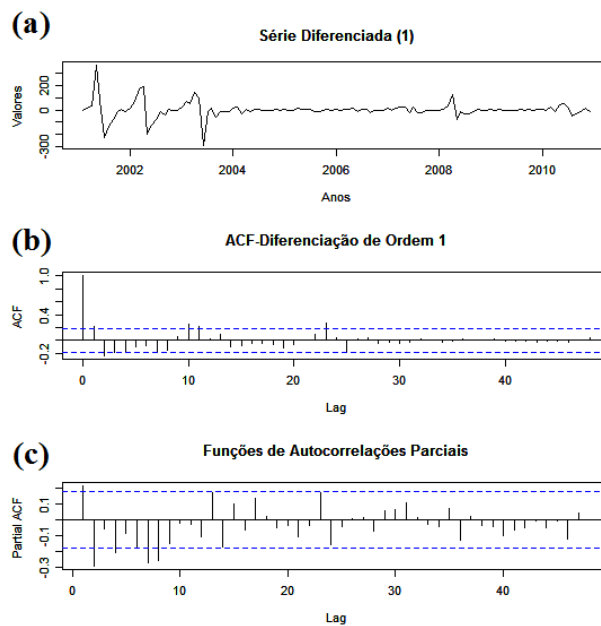


Figura 21: (a) Série de Notificações de casos de dengue em Campina Grande entre 2001 e 2010 após diferenciação simples e (b) Funções de Autocorrelações após a primeira diferenciação e (c) Funções de Autocorrelações Parciais após a primeira diferenciação.

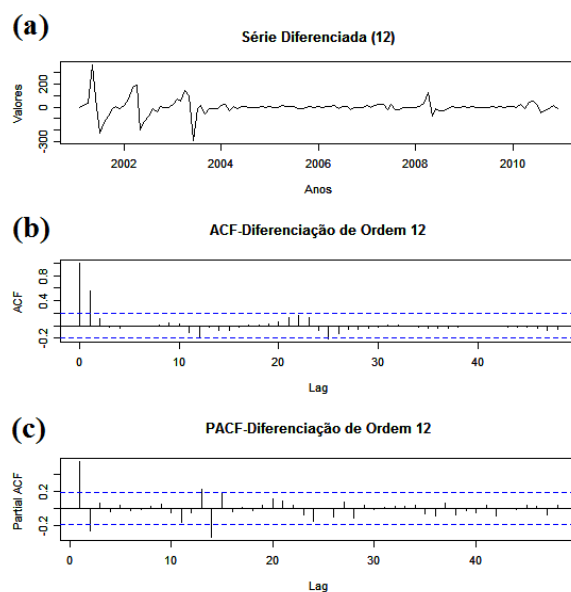


Figura 22: (a) Série de Notificações de casos de dengue em Campina Grande entre 2001 e 2010 após diferenciação simples e (b) Funções de Autocorrelações após a primeira diferenciação e (c) Funções de Autocorrelações Parciais após a primeira diferenciação. (exceto para diferenciação sazonal).

A Figura 23 evidencia o que foi explicado anteriormente na metodologia, pois percebe-se que a distribuição dos dados não segue uma distribuição com características de normalidade. A transformada de Box-Cox foi aplicada e obteve-se para Campina Grande um fator  $\lambda=0,148$ . A Figura 24 mostra o histograma dos casos notificados após a série transformada e o seu respectivo histograma dos resíduos.

O gráfico quantil-quantil plot ou q-q plot é utilizado para determinar se dois conjuntos de dados pertencem à mesma distribuição de probabilidades. Em tais gráficos os pontos são formados pelos quantis amostrais e se no resultado os pontos alinham-se numa reta de inclinação 1, as distribuições das duas amostras podem ser consideradas as mesmas. A Figura 25 mostra este gráfico para a distribuição dos casos de notificações de dengue para Campina Grande, o comportamento do gráfico mostra que, com a maior quantidade

de pontos sobre a reta, a hipótese de normalidade dos dados pode ser aceita com certa garantia, uma vez que se torna muito difícil a exatidão dos pontos sobre uma reta exatamente na diagonal, o que representaria com nível máximo de confiança que os dados seguem estritamente uma distribuição normal.

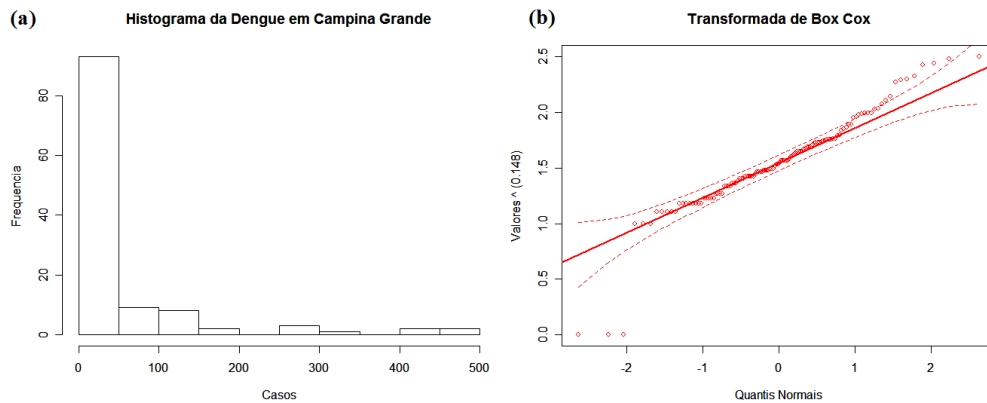


Figura 23: (a) Histograma de frequência das notificações de dengue em Campina Grande e (b) Quantis Normais versus a transformada de Box-Cox para a normalização da série.

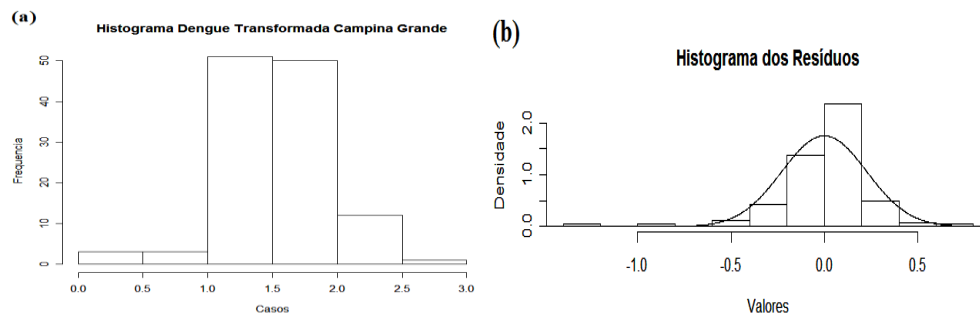


Figura 24: (a) Histograma de frequência das notificações de dengue em Campina Grande após efetivada a transformação de Box-Cox e (b) Histograma dos resíduos.

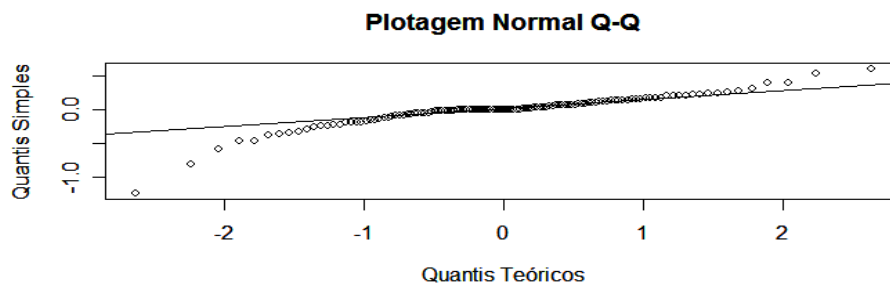


Figura 25: Gráfico comparando QQ normais gerados aleatoriamente, para amostras dos casos de notificações de dengue em Campina Grande. A linearidade dos pontos sugere que os dados são normalmente distribuídos.

A Figura 26 mostra os resíduos e a ACF dos resíduos da série após as diferenciações de ordem simples e sazonal.

O teste de Ljung-Box é um tipo de teste estatístico que analisa se um grupo de autocorrelações de uma série temporal é diferente de zero. O teste de Ljung-Box é comumente utilizado em modelagem SARIMA. É um teste aplicado aos resíduos de um modelo ajustado SARIMA, não a série original, e em tais aplicações a hipótese efetivamente a ser testada é que os resíduos a partir do modelo SARIMA não têm autocorrelação. Na prática, como mostra a Figura 26(c), se os pontos estão situados acima da linha tracejada denominada ruído branco, esta hipótese pode ser aceita.

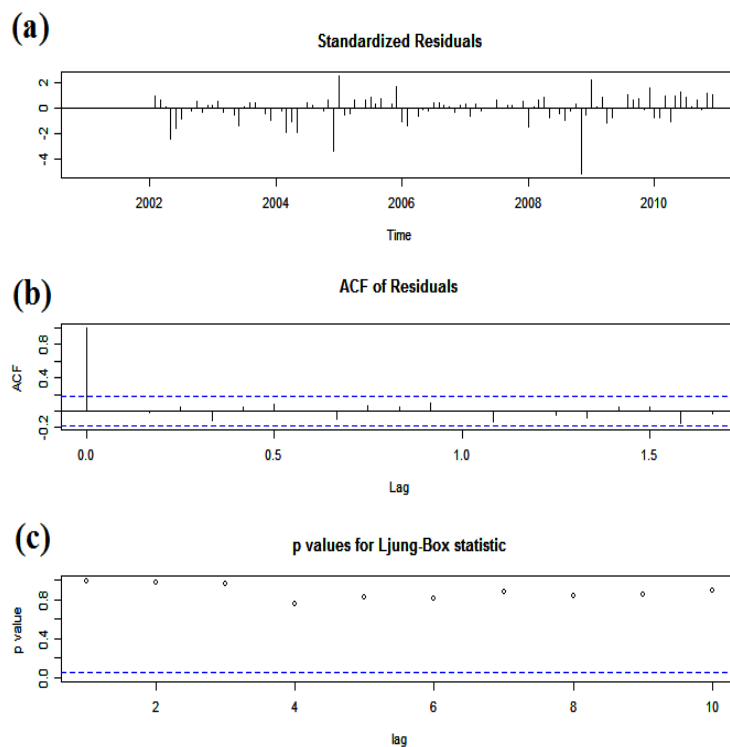


Figura 26: (a) Resíduos normalizados (b) ACF dos resíduos e (c) teste de Ljung-Box para testar a autocorrelação dos resíduos.

Todos os passos e testes mostrados para a obtenção do melhor modelo SARIMA que pode ser ajustado aos dados de notificações de dengue, para Campina Grande, foram empregados para as outras cidades alvos desta pesquisa, JPA, PAT E SOU (resultados não mostrados). Em geral observou-se que o modelo SARIMA(2,2,2)(1,1,1), foi suficiente para gerar previsões com razoáveis níveis de concordância com a realidade nas quatro cidades estudadas.

#### 5.2.2 Comparações entre Previsões e Observações para os modelos SARIMA e Holt-Winters para as cidades estudadas.

Os resultados obtidos entre as técnicas SARIMA e Holt – Winters podem ser vistos nas figuras de forma que a figura 21, 22, 23 e 24 para as cidades estudadas utilizando os valores de casos notificados de dengue.

Na figura 27 observa-se os resultados para a cidade de Campina Grande onde o modelo SARIMA acompanhou o maior valor observado de casos sem que houvesse uma superestimação enquanto o H-W também acompanhou o valor extremo de casos em 2008, tendo ambos os modelos subestimados os extremo valor observado em 2009. Ainda de acordo com a tabela 05, houve uma maior aderencia do modelo SARIMA do que os H- W, tendo o os valores exatos de coeficiente de correlação 87% e 71% respectivamente.

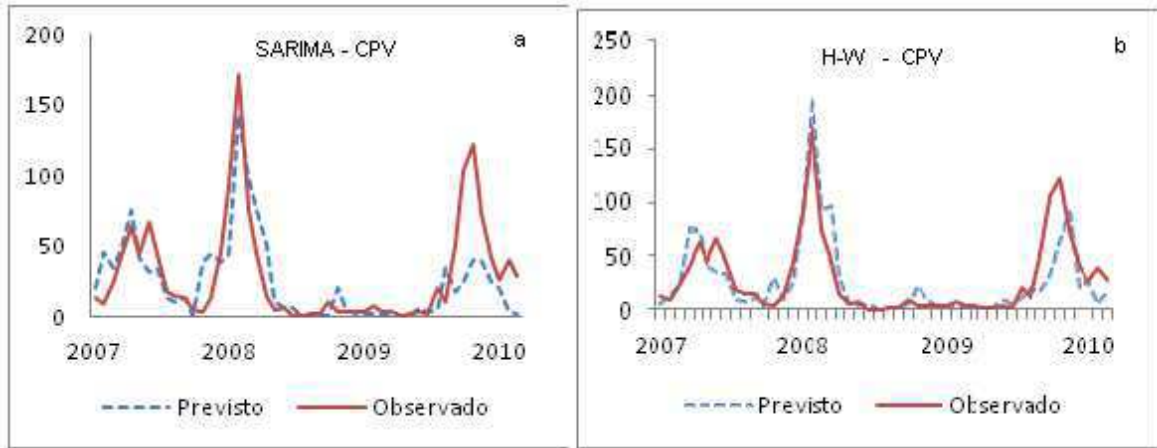


Figura (27): (a)Resultado SARIMA CPV , (b) resultado H-W CPV.

Na figura 28, é observado os resultados da cidade de João Pessoa onde tanto o modelo H-W bem como o SARIMA, em seus valores previstos, acompanharam a série de casos notificados, não tendo a mesma eficiência para o evento extremo, ocasionado no ano de 2007 ( figura 28 a e b), superestimando os valores previstos, no entanto o mesmo faz um acompanhamento significativo, tendo o coeficiente de correlção, para esta observação, alcançado valores de 76% e 86% respectivamente.

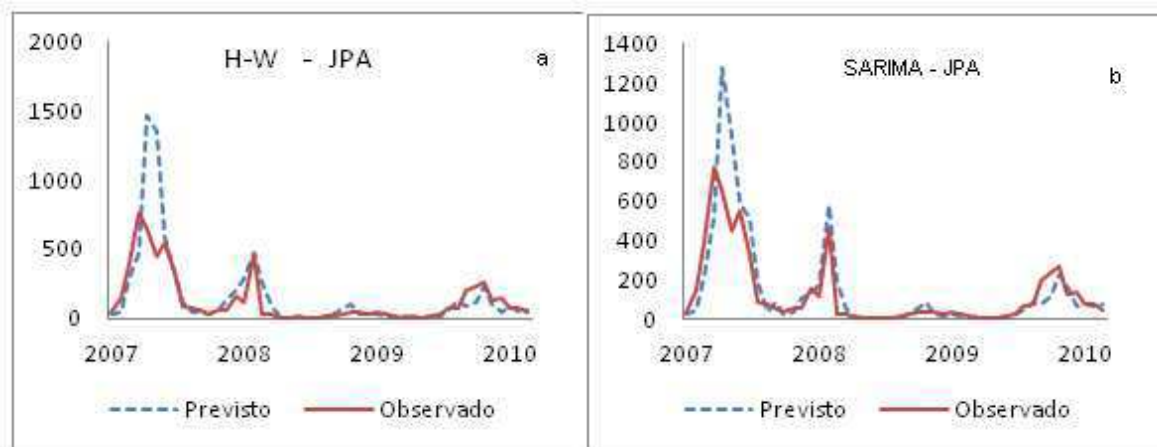


Figura (28): (a)Resultado SARIMA JPA , (b) resultado H-W JPA

A figura 29 observa-se os os resultados obtidos para a cidade de Patos (PAT), onde o modelo H-W subestimou os valores observados não acompanhando os extremos. O SARIMA teve o mesmo comportamento porém o valor do coeficiente obtido foi maior do que o H-W com valores de 64% (H-W) e 68% (SARIMA).

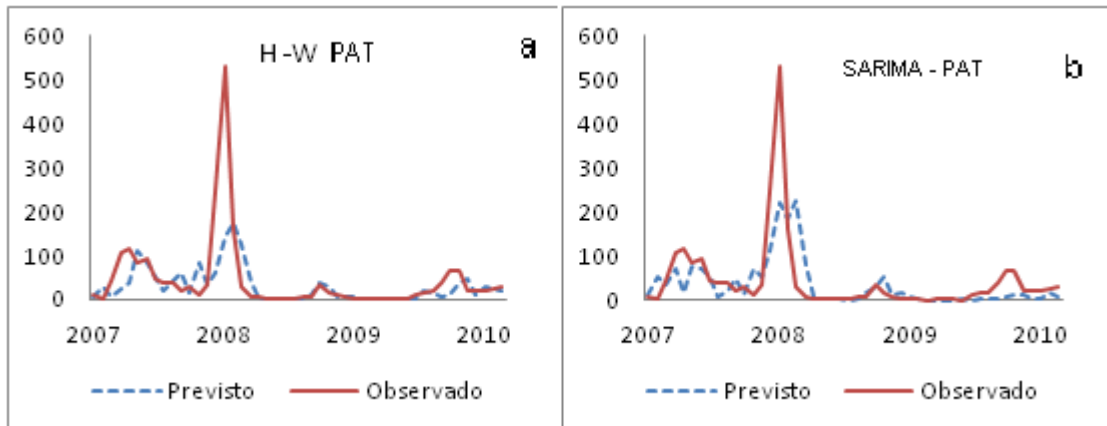


Figura (29): (a)Resultado H - W PAT , (b) Resultado SARIMA PAT.

Na figura 30 temos os resultados do modelo H-W e SARIMA para Sousa (SOU), onde é observado, em ambos os modelos que os mesmos não acompanharam os valores observados e principalmente o modelo SARIMA que obteve o seu coeficiente de correlação muito baixo 8%. Para o modelo H-W houve um coeficiente de correlção satisfatório de 74%, onde o modelo, mesmo tendo subestimado o evento extremo de 2007 e superestimado o evento extremo de 2008 daquela localidade.

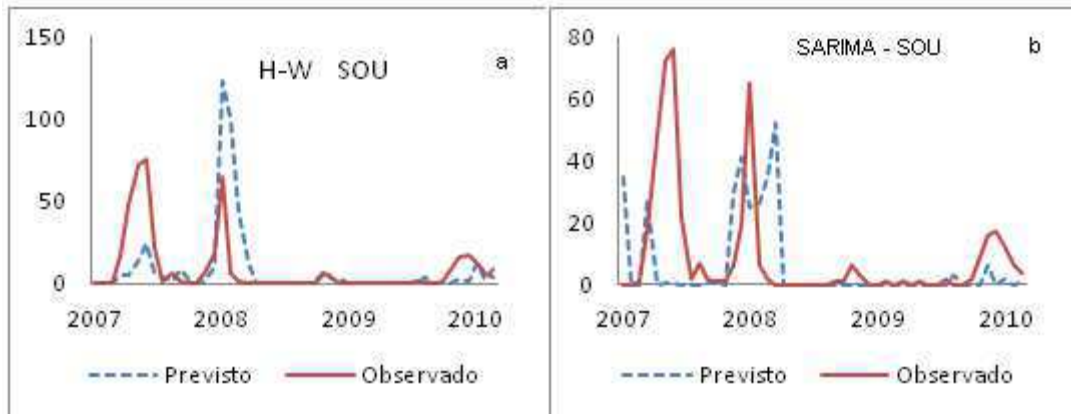


Figura (30): (a)Resultado H-W SOU. , (b) Resultado SARIMA SOU.

De acordo com o resultados da metodologia Holt – Winters e SARIMA, a tabela 05 apresentam-se, para as cidades analisadas, a avaliação da performance das previsões com base nos coeficientes de correlação entre os valores observados e previstos:

Tabela (05):  $R^2$  e R do método SARIMA e H-W

|          | CPV  |        | JPA  |        | PAT  |        | SOU  |        |
|----------|------|--------|------|--------|------|--------|------|--------|
|          | H-W  | SARIMA | H-W  | SARIMA | H-W  | SARIMA | H-W  | SARIMA |
| $R^2$    | 0,51 | 0,75   | 0,58 | 0,74   | 0,41 | 0,47   | 0,55 | 0,01   |
| <b>R</b> | 0,71 | 0,87   | 0,76 | 0,86   | 0,64 | 0,68   | 0,74 | 0,08   |

### 5.3 Modelo RNAs:

Com a execução do algoritmo foram observados os resultados abaixo, referentes as fguras de 31 a 38, onde as figuras 31, 33,35 e 37 são formadas pelas as curvas dos valores empregados nas etapas de teste, com os valores observados entre esperados e



atingidos, bem o o EMQ para a etapa de treinamento e validação e por fim o gráfico dos valores esperados e atingidos do treinamento, da validação e o do teste.

Nos resultados das figuras 32, 34, 36, 38, é observado as médias das dez execuções dos gráficos dos valores esperados e atingidos que incluem o treinamento a validação e o teste para as cidades estudadas, ode observamos que a RNA mimetizou satisfatoriamente os casos notificados de dengue, entretando os casos de extremos valores a mesma tendeu a subestimar a previsão (o que aconteceu em todas as abservações), prevendo valores bem acima dos obervados apenas em uma ocasião referente a cidade de Patos (figura 36).

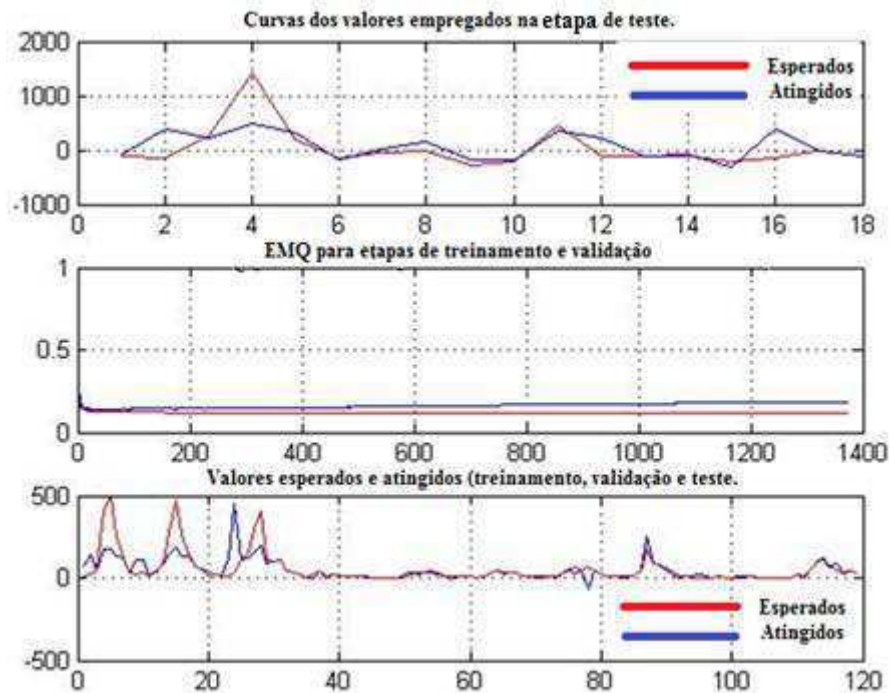


Figura (31): Execução RNA Campina Grande.

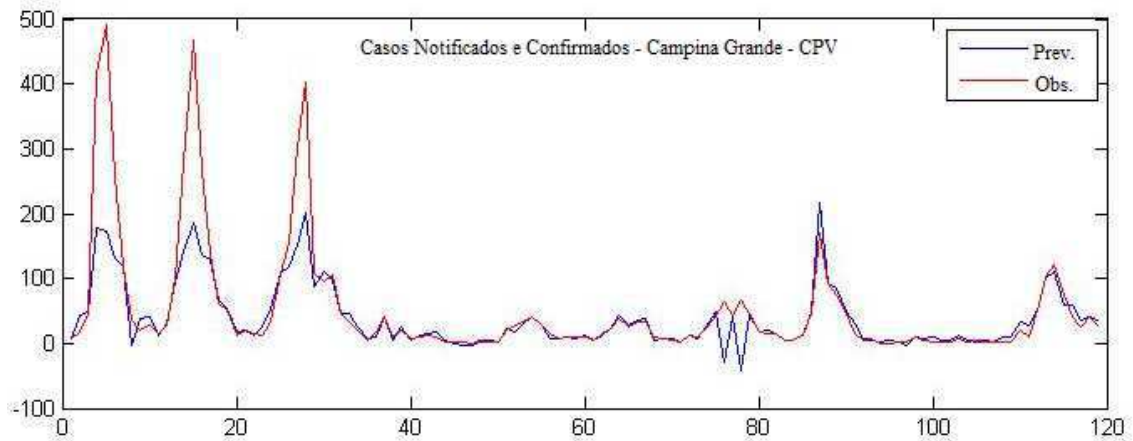


Figura (32): Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de Campina Grande. (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada)

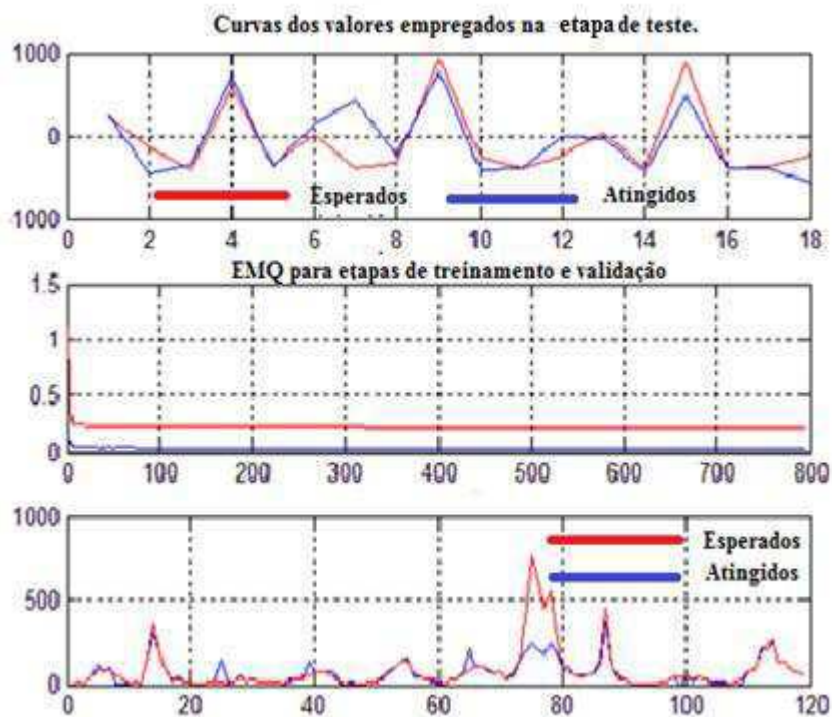


Figura (33): Execução RNA João Pessoa - PB

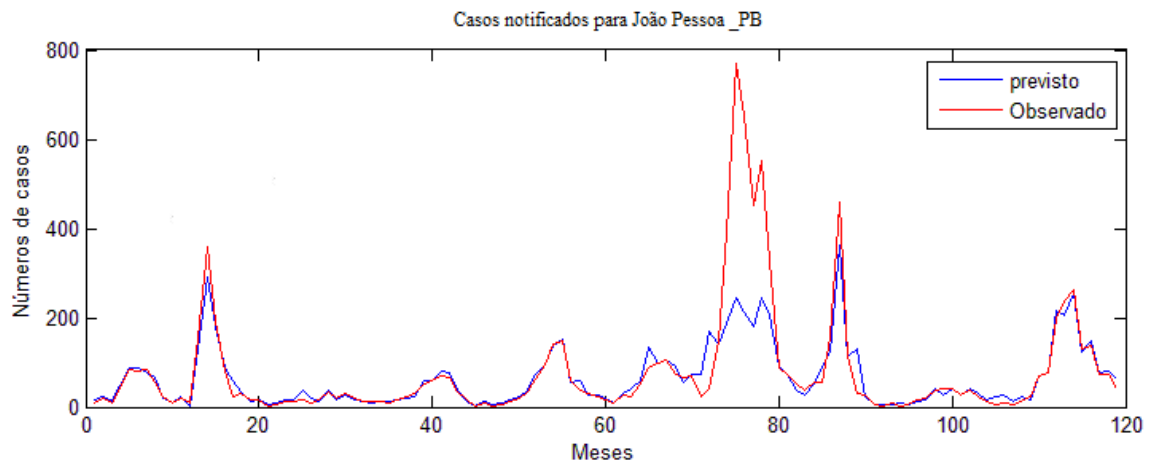


Figura (34): Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de João Pessoa, (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada).

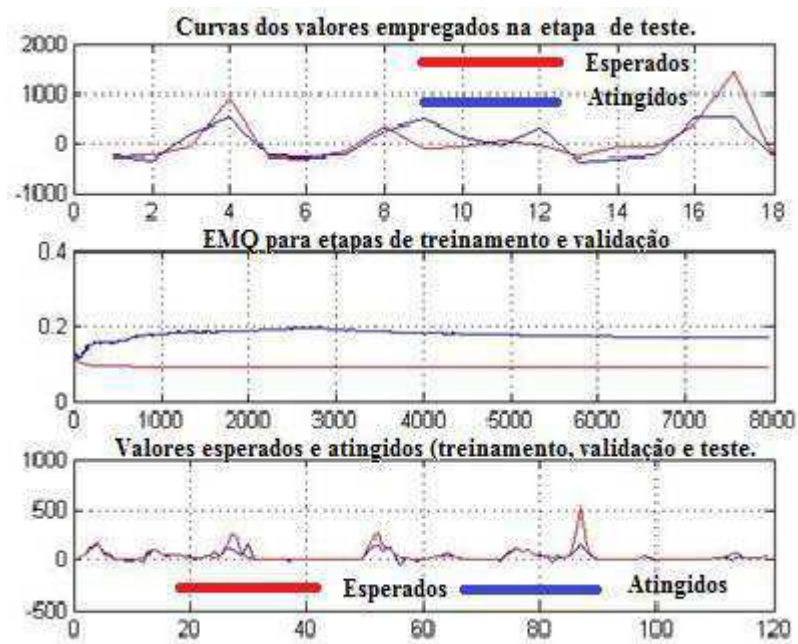


Figura (35): Execução RNA Patos - PB 04.



Figura (36): Casos Previstos e Observados por RNAs para a cidade de Patos, (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada).

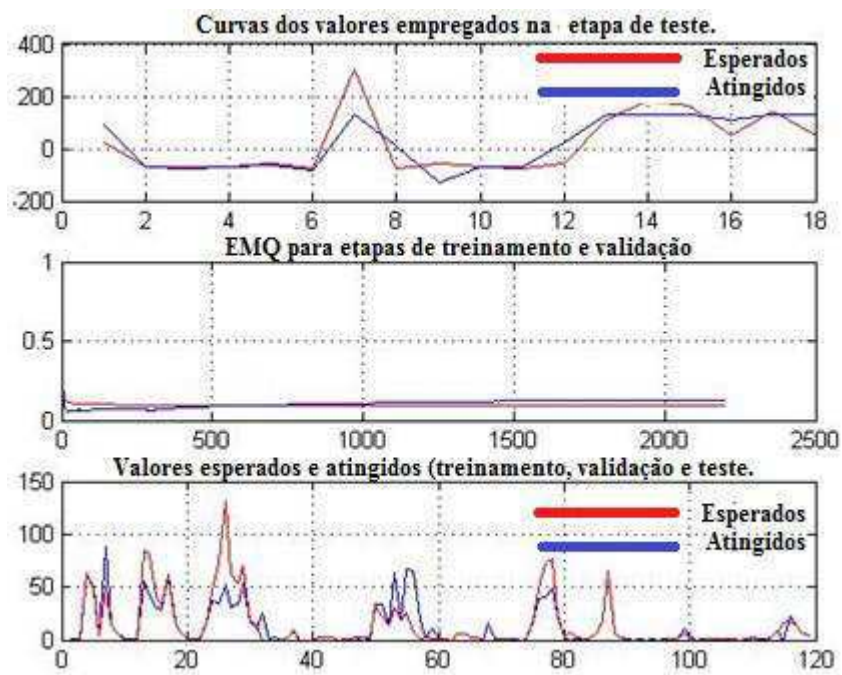


Figura (37): Execução RNAs Sousa – PB.

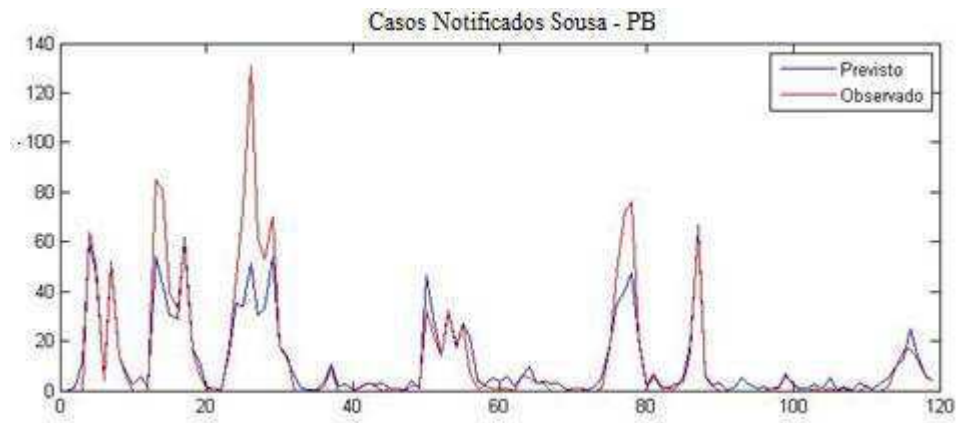


Figura (38): Casos Previstos vs Observados por RNAs para a cidade de Sousa, , (Série composta por treinamento, validação e teste de dez execuções para cidade investigada)..

## 6. CONCLUSÕES

Com relação ao modelo dinâmico (que reproduziu os resultados dando ênfase as características entomológicas do inseto), pode-se perceber que o mesmo se portou de maneira diferenciada entre as cidades observadas. Este fato é uma característica do vetor devido a sua facilidade de adaptar com as características climáticas locais, o que torna o enfrentamento mais difícil em caso de epidemia.

Os resultados do modelo sugerem que há uma forte dependência do inseto com as variáveis climáticas de entrada, e em particular com a temperatura, onde o modelo mostrou, dentre outros resultados, o índice de risco (dependente direto da taxa de fecundidade), atuante numa faixa de tempo compreendida entre o final de dezembro e o início de maio do período observado em todas as cidades estudadas.

Esta taxa dada em porcentagem, indica que quando acima de 100% a cidade está passiva de epidemia por dengue. Assim, a cidade que mais se destacou devido ao alto valor deste índice foi João Pessoa, seguida de Campina Grande, Patos e Sousa (sendo as duas últimas em igualdade de valores).

Um das explicações que pode se buscar com o resultado do modelo, são os valores de umidade relativa encontrados em cada uma dessas cidades atuam conjuntamente com as médias das temperaturas, já que temos os mesmos em ordem decrescente na mesma configuração para os resultados mencionados acima sendo o inseto tem um desenvolvimento favorável entre 21°C e 29°C.

O modelo dinâmico do IRD tem algumas observações a serem feitas para o melhoramento dos resultados, no tocante aos gráficos das variáveis de saída. Observa-se que os mesmos são semelhantes, exceto pelo o índice, visto que tal modelo leva em consideração as características ecológicas do inseto. É válido lembrar que este modelo está em fase de validação e que estudos como este fazem com que os pesquisadores tenham subsídios teóricos para a calibração do mesmo.

Com relação ao modelo SARIMA e Holt – Winters, foi observado que ambos acompanharam a tendência dos casos notificados, havendo apenas uma anormalidade para a cidade de Sousa onde o modelo não conseguiu acompanhar essa tendência gerando um coeficiente de correlação entre a série observa e prevista insignificante. Mesmo assim tais métodos no geral obtiveram bons resultados, onde podemos afirmar que há uma sazonalidade significativa nos casos confirmados de dengue pela SSEP, o que tornou possível esse estudo com a utilização deste método.

Os modelos SARIMA e H-W, não obtiveram uma boa aderência quanto aos eventos extremos, e se portaram com uma mimetização aceitável, mesmo com algumas pequenas defasagens durante a execução.

Com relação ao baixo coeficiente de correlação para a cidade de Patos, se deu devido ao modelo subestimar os valores no período do evento extremo de 2008 para a cidade, onde o mesmo teve uma diferença entre o observado e o previsto de mais de 400 casos, bem como o modelo não teve uma mimetização satisfatória para este caso entre os anos de 2007 e 2008. O contrário da cidade de João Pessoa onde houve uma diferença maior para o período de 2007 com uma diferença de mais de 600 casos entre o observado e o previsto (com o modelo também subestimando os valores), sendo que neste caso há uma

mimetização considerável do previsto com o observado, fazendo com que este resultado tenha os maiores valores para os coeficientes de determinação e correlação respectivamente.

Para os resultados da metodologia de RNA para arquitetura proposta, os resultados foram satisfatórios, levando em consideração o *modus operandi* do modelo. Em todas as execuções a RNA se portou de maneira semelhante, mimetizando os valores observados em seus resultados, tendo os casos extremos subestimados em torno de 300 a 400 casos para as cidades de CPA, JPA e PAT.

A cidade de Sousa obteve a melhor mimetização dos dados observados, sendo que a diferença entre os valores extremos dos dados reais e os dados previstos pela RNA ficou em torno de 80 casos. De maneira geral, os resultados demonstraram uma boa aplicabilidade do modelo baseado em RNA na previsão de casos futuros de dengue.

É de grande importância o trabalho de análise na estimação de densidades de vetores, bem como o risco de epidemias, levando em consideração as características entomológicas do inseto, como visto no modelo dinâmico mIRD, bem como nos modelos SARIMA e H-W, evidencia a possibilidade de se ter uma previsão de casos de dengue através dos próprios dados de notificação, visto que se comporta de maneira sazonal.



## 7. PERSPECTIVAS DE TRABALHOS

Nesta seção apresenta-se possíveis linhas de investigação que podem ser seguidas a partir dos estudos deste trabalho, bem como das questões que não foram aprofundadas nele.

- a) Validar o modelo mIRD, bem como a observação dos parâmetros do modelo que cria os gráficos, para uma melhor consistência nos resultados;
- b) Inserir os resultados do mIRD como entrada de uma RNA.
- c) Utilizar variáveis como ovoposição, índice de infestação predial dentre outras nos modelos.
- d) Utilizando valores de modelos de previsão, analisar os resultados desses valores em possíveis cenários futuros.
- e) Buscar uma metodologia de estimativa de extremos bem como a inserção nos modelos de variáveis socioeconômicas.

## **8. TRABALHOS JÁ APRESENTADOS COM O TEMA DA TESE:**

- **UTILIZACIÓN DE UN MODELO DINÁMICO EN OBTENCIÓN DE UN INDICADOR DEL RIESGO EPIDÉMICO: ESTUDIO DE DENGUE EN JOÃO PESSOA – PARAÍBA – BR**

Roberto Alan Ferreira Araújo<sup>1</sup>, Nicolás Degallier<sup>2</sup>, Fabrício Daniel dos Santos Silva<sup>3</sup>, Renilson Targino Dantas<sup>4</sup>, Manoel Francisco Gomes Filho<sup>5</sup>, Eduardo Beserra Barbosa<sup>6</sup>, Roni Valter de Souza Guedes<sup>7</sup>

- **XX Congreso Mexicano de Meteorología y V Congreso Internacional de Meteorología, 2011 14 al 18 de noviembre del 2011, Acapulco, Guerrero, México.**

- **UTILIZAÇÃO DE UM MODELO DINÂMICO NA OBSERVAÇÃO DE RISCO DE EPIDÊMIA POR VETOR EM CAMPINA GRANDE – PB**

- Roberto Alan Ferreira Araújo<sup>1</sup>, Nicolás Degallier<sup>2</sup>, Fabricio Daniel dos Santos Silva<sup>3</sup>, Renilson Targino Dantas<sup>4</sup>, Manoel Francisco Gomes Filho<sup>5</sup>, Eduardo Beserra Barbosa<sup>6</sup>, Roni Valter de Souza Guedes<sup>7</sup>

- **IV Simpósio Internacional de Climatologia (SIC 2011)**

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS NA AVALIAÇÃO DE RISCO DE EPIDEMIA POR**

**AÇÃO DE VETORES vs CLIMA: ESTUDO DO CASO DA DENGUE NA  
PARAÍBA**

Roberto Alan Ferreira Araújo, Nicolas Degallier, Paulo Sérgio Lúcio; Tarso Vilela

Ferreira; Fabrício Daniel dos Santos Silva, Renilson Targino Dantas, Manoel

Francisco Gomes Filho, Eduardo Beserra Barbosa, Roni Valter de Souza Guedes

**Seminário apresentado aos professores e alunos do Programa de Pós-Graduação em  
Ciências Climáticas da UFRN**

## 9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, R A F; “**Morbidades em função de variáveis meteorológicas em Campina Grande – PB**” Dissertação de mestrado. Junho de 2007, Departamento de Meteorologia da UFCG .
- ALHO, J. M. “**Stochastic methods in population forecasting.**”International Journal of Forecasting. North-Holland, June, 1990, p. 521-530.
- AMBURAS, M. H; CETINER, B. G.; SARI, M.; “**Dengue confirmed – cases prediction: A neural network model**”. Expert Systems with applications, 37 (2010), 4256 – 4260.
- BAILEY, N. T. J., 1964. “**The elements of stochastic processes with applications to the natural sciences**”. New York: John Wiley & Sons.
- BATLETT, M. S., 1960. “**Stochastic population models in ecology and epidemiology**”. London: Methuen.
- BARCELLOS, C.; PUSTAI, A. K.; WEBER, M. A.; BRITO M.R.V.; (2005). “**Identificação de locais com potencial de transmissão de dengue em Porto Alegre através de técnicas de geoprocessamento**”. Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical.
- BARBAZAN, P. et al. 2010: **Modeling the effect of temperature on transmission of dengue.** Med. Vet. Entomol., 24, 66-73.
- BALL F. **Stochastic and deterministic models for sis epidemics a population artitioned into households.** Mathem Biosc 1999;156:41-67.
- BALL F, NEAL P. **A general model for stochastic sir epidemics with two levels of mixing.** Mathem Biosc 2002;180:73-102.
- BARCELLOS C, BARBOSA KC, PINA MF, MAGALHÃES MMAF, PAOLA JCMD, SANTOS SM. **Interrelacionamento de dados ambientais e de saúde: Análise de risco à saúde aplicada ao abastecimento de água no Rio de Janeiro utilizado sistemas de informações geográficas.** Cadernos de Saúde Pública 14:597 – 605, 1998.

BESERRA E.B , CASTRO JR. F.P. **Biologia comparada de populações de *Aedes Aegypti* da Paraíba.** Neotropical Entomology 37 (1): 081 – 085, 2008.

BOX, G. E. P. e JENKINS, G. M. **Time Series Analysis: Forecasting and Control.** San Francisco: Holden Day, 1976.

BUSTAMANTE-SÁ, C. & NOBRE, F. F. (1995). “**Forecasting Epidemiological Time Series With Backpropagation Neural Network**”. *In the Proc. of the 38th Midwest Symposium on Circuits and Systems*, Rio de Janeiro, Brasil, v.2. p.1365 – 1368.

BROCKWELL, P. J., AND DAVIS, R. 1996. **Introduction to Time-Series and Forecasting.** Springer-Verlag.

BRUCE-CHWATT L.J., ZULUETA J. **The rise and fall of malaria in Europe, a historico-epidemiological study.** Oxford: Oxford University Press; 1980.

BROWN RG. **Smoothing, forecasting and prediction of discrete time series.** New Jersey: Prentice Hall; 1962.

CETINER, B. G.; SARI M.; ABURAS H. M.; “**Recognition of dengue disease patterns using artificial neural networks**”. 5th International Advanced Technologies Symposium (IATS’09), May 13-15, 2009, Karabük, Turkey © IATS’09, Karabük University, Karabük, Turkey.

COLWELL RR, PATZ JA (1998) **Climate, infectious disease and health: an interdisciplinary perspective.** American Academy of Microbiology, Washington, DC.

COUTINHO, F. A. B.; BURATTINI, M. N.; LOPEZ, L. F. & MASSAD, E. (2005). “**An approximate threshold condition for non-autonomous system: An application to a vectorborne infection**”. *Mathematics and Computers in Simulation*, 70, p. 149-158.

CHIAVALLLOTE NETO FC, MORAES MS, FERNANDES MA. **Avaliação dos resultados de incentivo a participação da comunidade no controle da dengue em um bairro periférico do município de São José do Rio Preto, São Paulo, e da relação entre**

**conhecimentos e práticas desta população.** Caderno de Saúde Pública 14 (supl 2): 101-109, 1998.

CONFALONIERI U., MENNE B., AKHTAR R., EBI K.L., HAUENGUE M., KOVATS R.S., REVICH B., WOODWARD A., (2007) Human health. In: Parry ML, Canziani O.F., Palutikof J.P., VAN DER LINDEN P.J., HANSON C.E. (eds) Climate change 2007: impacts, adaptation and vulnerability, contribution of working group ii to the fourth assessment report of the Epstein PR (2001) Climate change and emerging infectious diseases. *Microbes Infect* 3:747–754.

(CORYE *et. al*; 2010) Jaclyn C. Scott; Doug E. Brackney; Corey L. Campbell; Virginie Bondu-Hawkins; Brian Hjelle; Greg D. Ebel; Ken E. Olson; Carol D. Blair. “*Comparison of Dengue Virus Type 2-Specific Small RNAs from RNA Interference-Competent and – Incompetent Mosquito Cells*”. *PLoS Negl Trop Dis* 4(10): e848. doi:10.1371/journal.pntd.0000848

CUNHA, G. B.; “*Redes Neurais Artificiais Aplicadas á Previsão Da Incidência De Malária no Estado de Roraima*”. Tese de doutorado apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, Faculdade de Eng. Elétrica, 2010.

Degallier, N; Servain, J; Hannart, A; Durand, B; Souza, R N; Ribeiro, Z M: “**Impactos Climáticos Sobre a Transmissão da Dengue no Nordeste do Brasil**”. Convênio de cooperação internacional – *Climat de l’ Atlantique Tropical et Impacts sur Le Nordeste (CATIN)*, 2010.

DEPREDINI CA, LOVELL EH. **Climatologically variables and the incidence of dengue fever in Barbados.** *International Journal Environments Health Res.* 2004; 14: 429-41.

DEUROICH, M. & BOUTAYEB, A. (2006). “**Dengue fever: Mathematical modeling and computer simulation**”. *Applied Mathematics and Computation*, 177, p. 528-544.

EPSTEIN PR (2002) **Climate change and infectious disease: stormy weather ahead.** *Epidemiology* 13:373–375

EPSTEIN PR (2005) **Climate change and human health.** *N Engl J Med* 353:1433–1436

ESTEVA, L. & VARGAS,C. (1998). “**Analysis of a dengue disease transmtion model**”. *Mathematical Biosciences*, 150, p. 137-151.

FAUSETT, L., **Fundamentals of Neural Networks**, Prentice-Hall, New Jersey, 1994.

FAUST, V; “**Zwischen Frustration und Faszination**”. (1987) Münch Medicine Wochenschr. 129:40.

FERREIRA, T.V.; “**Estimação Inteligente da Poluição de Isolamentos Elétricos Baseada nos VECSE do Ruído Ultrassônico**”. Tese apresentada à Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal de Campina Grande - UFCG. Abril de 2011.

FORANTINI, OP. **Culicidologia media: identificação, biologia e epidemiologia**. São Paulo: Edusp; 2002. v. 2.

FOCKS, D.A.; HAILE, DG, DANIELS, E AND MOUNT, GA (1993). “ *Dynamics life table model for aedes agypti (Dipetera: Culicidae): analysis of the literature and model development,*”Journal of Medical Entomology, 30(6): 1003 – 1017.

FUNASA, Dengue instruções para pessoal de combate ao vetor: manual de normastécnicas. 2001. Ministério da Saúde, Fundação Nacional de Saúde 3ed, Brasília.

GUEDES, R V S. “**Previsão de seca na bacia hidrográfica do Açude Epitácio Pessoa com base em redes neurais artificiais**”, Dissertação apresentada como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Meteorologia pela Unidade Acadêmica de Ciências Atmosféricas (UACA) da Universidade Federal de Campina Grande (UFCG) – Campina Grande, 2011. 72 f.: il. col.

GOMEZ DH, RAMOS BB, TAPIA CR. **El riesgo de tranmision de dengue: um espacio para La estratificacion**. Salud Publica México. 1995: 37(supl): 88-97.

GUBLER DJ (1998) **Resurgent vector-borne diseases as a global health problem**. Emerg Infect Dis 4:442–452

HAYKIN S, **Neural Networks: A Comprehensive Foundation**. Upper Saddle River, New Jersey, 1999.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em < [www.ibge.gov.br](http://www.ibge.gov.br) >, acessado em 2011.

Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em <[www.inmet.gov.br](http://www.inmet.gov.br)> acessado em 14/05/2011.

Intergovernmental Panel on Climate Change [homepage on the Internet]. Washington DC: IPCC; 2007 [cited 2007 Feb.]. Available from: <http://www.ipcc.ch>. Intergovernmental panel on climate change. Cambridge University Press, Cambridge, pp 391–431

J. HERTZ, A. KROGH, R.G. PALMER, **Introduction to the Theory of Neural Computing**, Addison-Wesley, New York, 1991.

KEATING J. **An investigation into the cyclical incidence of dengue fever**. Soc Sci Med. 2001; 53: 1587-97.

LANA, R. M.; “*Modelos Dinâmicos Acoplados para Simulação da Ecologia do vetor Aedes aegypti*”. Dissertação de mestrado da Universidade Federal de Ouro Preto Programa de Pós-Graduação em Ecologia de Biomas Tropicais – 2009.

LIMA, E. A.; FIMINO, J. L. 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, 264-269, 2008.

Lee, Ronald D. **Probabilistic Approaches to Population Forecasting, in: Frontiers of Population Forecasting**. A supplement to vol. 24 of Population and Development Review, New York, 1998, p. 156-190.

LJUNG, G. M, e BOX, G. E. P. “**On a Measure of Lack of Fit in Time Series Models,**” **Biometrika** 65, pp.67–72, 1978.



LOPEZ, L. F.; COUTINHO, F. A. B.; BURATTINI, M. N. & MASSAD, E. (2002). **“Threshold conditions for infection persistence in complex host-vectors interactions”**. *C. R. Biologies*, 325, p. 1073-1084.

LOOPMAN JS, PREVOTS DR, VACA MARIN AS, GOMEZ DH, ZARATE AML, LONGINI IM JR, SEPÚLVEDA AJ. **Determinants and predctores of dengue infection in México**. *American Journal of Epidemiology* 133:1168 – 1178, 1991.

LUCIO, P S. SILVA, FDS. SANTOS ,LAR., LUCAS EWM., BARBOSA ,T F., DIAS, PLS. **UM MODELO ESTOCÁSTICO COMBINADO DE PREVISÃO SAZONAL PARA A PRECIPITAÇÃO NO BRASIL**. *Revista Brasileira de Meteorologia*, v.25, n.1, 70 - 87, 2010

Müller J, Kretzschmar M, Dietz K. **Contact tracing and deterministic epidemic models**. *Mathem Biosc* 2000;164:39-64.

**MINISTÉRIO DA SAÚDE, Programa Nacional de Controle da Dengue: amparo legal à execução das ações de campo – imóveis fechados, abandonados ou com acesso não permitido pelo morador / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. – 2. ed. – Brasília : Ministério da Saúde, 2006. 252 p.: il. – (Série C. Projetos, Programas e Relatórios) ISBN 85-334-1314-9.**

MORIN, C W. COMRIE, A C. **“Modeled response of the West Nile virus vector *Culex quinquefasciatus* to changing climate using the dynamic mosquito simulation model.”** Original paper, 2010. *International Journal of Biometeorology*, 54: 517 – 529.

Morettin, P. A.; Toloí, C. M.. **Análise de Séries Temporais.2ª Ed.** São Paulo : Edgard Blucher, 2006.

MONGENSTERN, H., 1982. **Use of ecologic analysis in epidemiologic research**. *American Journal of Public Health*, 72: 1336 – 1344.

MOORE, C.G.; **Predicting *Aedes aegypti* abundance from climatological data**. *Ecology of mosquitoes*. Vero beach (FL): Florida Medical Entomology Laboratory: 1985. pg 223 – 33.

NAKHAPAKORN, K. & TRIPATHI, N. K. (2005). “**An information value based analysis of physical and climatic factors affecting dengue fever and dengue haemorrhagic fever incidence**”. *International Journal of Health Geographics*, 4:13.

Padmanabha, H. et al. 2011: **Temperature induces trade-offs between development and starvation resistance in *Aedes aegypti* (L.) larvae**. *Med. Vet. Entomol.*, Doi, 10.1111/j.1365-2915.2011.00950.x.

PONTES, R.J.; FREEMAN, J.; OLIVEIRA – LIMA, J.W.; HODGSON, J.C.; SPIELMAN, A.; “**Vector densities that potentiate dengue outbreaks in a Brazilia city**”. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 62:378-383,2000.

PFLAUMER, Peter. *Forecasting US population totals with the Box-Jenkins approach*. *International Journal of Forecasting*. North-Holland, August, 1992, p. 329-338.

RUBIN D.B. Multiple imputation after 18 + years. *J Am Stat assoc* 1996; 91: 473 – 89.

RUBIN D.B. Multiple imputation for nonresponsive in surveys. New York: Wiley; 1987.

**R; The R Foundation** for Statistical Computing c/o Department of Statistics and Mathematics Wirtschaftsuniversit□at Wien Augasse 2-6 1090 Vienna, Austria Tel:(+43 1) 31336 4754 Fax: (+43 1) 31336 774 Email: [R-foundation@R-project.org](mailto:R-foundation@R-project.org)

RACHATA, N.; CHAROENKWAN, P.; YOOYATIVONG T.; CHAMNONGTHAL, K.; LURSINSAP, C.; HIGUCHI, K.. “*Automatic Prediction System of Dengue Hemorrhagic-Fever Outbreak Risk by Using Entropy and Artificial Neural Network*”. 2008 International Symposium on Communications and Information Technologies (ISCIT 2008)

RIEDMILLER, M.; BRAUN, H. **A direct adaptive method for faster backpropagation learning: The RPROP algorithm**. Proceedings of the IEEE International Conference on Neural Networks. SãoFrancisco: [s.n.]. 1993. p. 586-591.

RIBEIRO AF, MARQUES GRAM, VOLTOLINI JC, CONDINO ML. Association between dengue incidence and climatic factores. *Rev. Saúde Pública* 2006; 40(4): 671 – 6.

ROSENBLATT, F. (1958); *The perceptron: a probabilistic model for information storage and organization in the brain*. Psychological Review, vol. 65 pp. 386-408.

RUMELHART, D.E.; MCCLELLAND, J.L.; *Parallel distributed processing: exploration in microstructure of cognition*. Cambridge: MIT Press, 1986.

STRINI, EJ. “Previsão da Incidência de Dengue por meio de Redes Neurais Artificiais” **Monografia apresentada como parte dos requisitos da disciplina Desenvolvimento de Projeto II (IBM1064) do curso de Informática Biomédica. UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO FACULDADE DE FILOSOFIA CIÊNCIAS E LETRAS DE RIBEIRÃO PRETO DEPARTAMENTO DE FÍSICA E MATEMÁTICA INFORMÁTICA BIOMÉDICA. Ribeirão Preto – SP 2006.**

SILVA, I N; SPATT, D H; FLAUZINO, R A; “*Redes Neurais Artificiais: para engenharia e ciências aplicadas.*” - São Paulo: Ed. Artiliber, 2010.

SOUZA, Reinaldo Castro & CAMARGO, Maria Emília. *Análise e previsão de séries temporais: Os Modelos ARIMA*. Ijuí, SEDIGRAF, 1996.

Schatzmayr H.G., 2000. **Dengue situation in Brazil by year**. Mem Inst Oswaldo Cruz 95(1), 179-181.

SZWARCWALD, C L. CASTILHO, E A. “ Os caminhos da estatística e suas incursões pela epidemiologia”. Caderno de Saúde Pública. Rio De Janeiro, 8 (1): 05-21, 1992.

Tauil PL. Controle de doenças transmitidas por vetores no Sistema Único de Saúde. Informe Epidemiológico do SUS 2002;11(2):59-60.

TEIXEIRA GT, BARRETO LB GUERRA Z. Epidemiologia e medidas de prevenção do dengue. Informe epidemiológico do SUS 8:5-33,1999.

Tun-Lin, W. et al. 2000: **Effects of temperature and larval diet on development rates and survival of dengue vector *Aedes aegypti* in north Queensland, Australia**. Med. Vet. Entomol., 14, 31-37.

World Health Organization 2008: **World health organization map production. Dengue, countries or area at risk, 2008.** Suíça: WHO. 2008. <disponível em: <http://http://www.who.int/topics/dengue/en/>> Acesso: 01 de Julho de 2011.

VASCONCELOS, PFC. Epidemia de febre clássica da dengue causada pelo sorotipo 2em Araguaina, Tocantins, Brasil. Ver Inst Med Tropi São Paulo. 19936: 35 : 141-8.

VIRGINIE P ; « *Evaluation de la possibilité d'adaptation d'un modèle de risque climatique de transmission de la dengue à la transmission du virus du chikungunya par Aedes albopictus dans le nord de l'Italie.* ». Laboratoire d'Océanographie et du Climat : Expérimentations et Approches Numériques (LOCEAN). Rapport de stage de Master 1 OACT, réalisé du 28 avril au 13 juin 2008.

YANG, H.M., MACORRIS, KC, GALVANI, KC ; ANDRIGHETTI, MTM., 2007. Dinâmica da transmissão de dengue com dados Entomológicos Temperaturas dependentes.. TEMA Tend. Mat. Apl. Comput. 8(1), 159-168.

YUSOF, Y.; MUSTAFFA, Z.; “*Dengue Outbreak Prediction: A Least Squares Support Vector Machines Approach*”. International Journal of Computer Theory and Engineering, Vol. 3, No. 4, August 2011.