



DOI: 00.0000/0000-0000.0000000000

Um Modelo de Rede Neural Profunda para Previsão da Pandemia do SARS-COV-2 no Brasil

A Deep Neural Network Model for SARS-CoV-2 Pandemic Forecasting in Brazil

ARAÚJO, Ricardo de Andrade. Ph.D. em Ciência da Computação

Instituto Federal do Sertão Pernambucano. Estr. do Tamboril, s/n - Ouricuri- PE - Brasil. CEP: 56.200-000. Telefone: +558721012350 / E-mail: ricardo.araujo@ifsertao-pe.edu.br

SOARES, Sérgio Castelo Branco. Ph.D. em Ciência da Computação

Universidade Federal de Pernambuco. Av. Jorn. Aníbal Fernandes, s/n - Recife - PE - Brasil. CEP: 50.740-560. Telefone: +558121268430 / E-mail: scbs@cin.ufpe.br

MEIRA, Silvio Romero de Lemos. Ph.D. em Ciência da Computação

Cesar School. Av. Cais do Apolo, 77 - Recife - PE - Brasil. CEP: 50.030-220. Telefone: +558134196700 / E-mail: silvio@meira.com

RESUMO

A Organização Mundial de Saúde declarou a doença do coronavírus 2019 (COVID-19) como uma pandemia sem precedentes nos tempos modernos. O agente etiológico da COVID-19 é um novo coronavírus conhecido como *severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (SARS-Cov-2), que tem causado complicações de diferentes gravidades no sistema respiratório humano e, conseqüentemente, sobrecarregando os sistemas de saúde mundiais devido à demanda excessiva de internações em unidades de terapia intensiva. Desta forma, devido a ausência de remédios efetivos e vacinas licenciadas para combater a COVID-19 e suas variantes, medidas de quarentena e distanciamento social têm sido empregados na tentativa de retardar a disseminação acelerada da COVID-19. No entanto, tais medidas causaram uma forte retração em diversas atividades econômicas. Neste cenário, prever a dinâmica da pandemia é essencial para nortear a estratégia para lidar simultaneamente com o crescimento da demanda por suporte à saúde e os reflexos na economia. Portanto, este trabalho apresenta um modelo de rede neural profunda projetado por um processo de aprendizagem baseado em gradiente para prever a disseminação da COVID-19, utilizando uma abordagem baseada em séries temporais. A fim de avaliar o desempenho preditivo do modelo, foram utilizadas séries temporais da COVID-19, com frequência diária, no Brasil. Os resultados obtidos mostram efetividade, em termos de desempenho preditivo, do modelo proposto para estimar a dinâmica da pandemia da COVID-19.

Palavras-chave: Redes Neurais Profundas, Séries Temporais, Previsão, COVID-19.

ABSTRACT

The World Health Organization has declared coronavirus disease 2019 (COVID-19) as an unparalleled pandemic in a hundred years. The etiological agent of COVID-19 is the new severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-Cov-2), which has caused complications of different severity in the human respiratory system, and hence, overburdening global health systems due to excessive demand for hospitalizations in intensive care units. In this way, due to the absence of effective drugs and licensed vaccines to wrestle against the COVID-19 and its variants, quarantine measures and social distancing have been employed in an attempt to slow the accelerated spread of COVID-19. However, it caused a break in numerous economic activities. In this scenario, predicting the pandemic's dynamic is essential to guide the strategy to deal simultaneously with the rise in the demand for health support and effects on the economy. Therefore, this work presents a deep neural network model designed by a gradient-based learning process to predict the spread of COVID-19, using a time series-based approach. In order to assess the model's prediction performance, we use COVID-19 time series, with daily frequency, in Brazil. Achieved results show effectiveness, in terms of predictive performance, of the proposed model to estimate the COVID-19 pandemic's dynamics.

Keywords: Deep Neural Networks, Time Series, Prediction, COVID-19.



1 Introdução

O controle sobre doenças virais infecciosas e contagiosas é considerado um grande desafio para a saúde pública mundial (GAO, 2018). Nesse contexto, o coronavírus, que pertence à classe dos vírus de ácido ribonucléico envelopado, tem sido o agente etiológico responsável pelo surgimento de várias doenças do aparelho respiratório humano de baixa gravidade (vírus 229E, OC43, NL63 e HKU1) e moderada / alta gravidade (vírus SARS-CoV e MERS-CoV) (ZHU et al., 2020).

Devido a prevalência, a alta diversidade genética e a constante recombinação de seus genes, surgiu em Wuhan - Hubei (China), em meados de 2019, um novo coronavírus, conhecido como *severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (SARS-Cov-2) (LAI et al., 2020; WU et al., 2020), originado provavelmente de morcegos (SHE et al., 2020; ZHOU et al., 2020) e sendo o agente causador da doença do coronavírus 2019 (COVID-19) (HE; DENG; LI, 2020; LAI et al., 2020; MUNSTER et al., 2020; SOHRABI et al., 2020).

Baseado em evidências relacionadas a uma possível disseminação acelerada, a COVID-19 foi considerada como uma pandemia em Março de 2020 pela Organização Mundial de Saúde (WHO, 2020), alcançando a marca de mais de dois milhões de casos confirmados e aproximadamente cem mil óbitos reportados (NATURE, 2020). A pandemia se espalhou por todo o globo terrestre, tendo desencadeado uma crise catastrófica sem precedentes e representando uma ameaça real para a saúde e economia globais (AYITTEY et al., 2020; CHENG-I et al., 2020).

A maioria dos casos confirmados da COVID-19 apresentam sintomas leves e sem complicações (WHO, 2020; CAO et al., 2020). De acordo com os dados da China, a doença tem apresentado complicações moderadas em cerca de 15-20% dos pacientes (necessidade de internação com suporte de oxigênio) e complicações graves em torno de 5% dos pacientes (urgência para internação em unidade de terapia intensiva) (WU; MCGOOGAN, 2020). Dados da Itália revelaram percentuais significativamente maiores (LAZZERINI; PUTOTO, 2020), visto que 40-55% dos pacientes necessitaram de internação e 7-12% foram internados em unidades de terapia intensiva. Desta forma, devido a uma demanda maior que a capacidade de atendimento, houve uma sobrecarga além do esperado nos sistemas de saúde mundiais (WU; MCGOOGAN, 2020; LAZZERINI; PUTOTO, 2020).

Na tentativa de evitar o colapso de seus sistemas de saúde, chefes de estado têm empregado medidas de quarentena e distanciamento social, visando retardar a disseminação acelerada da COVID-19, para garantir o nivelamento da demanda por leitos hospitalares (PARMET; SINHA, 2020), uma vez que não há terapia medicamentosa eficaz e vacinas licenciadas para combater a COVID-19 e suas variantes (ROSA; SANTOS, 2020). No entanto, tais medidas provocaram a paralisação de diversas atividades econômicas, impactando negativamente o produto interno bruto (PIB) e a manutenção de empregos (AYITTEY et al., 2020).

Desta forma, prever a dinâmica da pandemia é essencial para dar suporte a ações estratégicas que levem em consideração, simultaneamente, o aumento crescente da demanda por serviços de saúde e os efeitos colaterais na economia (LI et al., 2020; VAISHYA et al., 2020; PETROPOULOS; MAKRIDAKIS, 2020). Portanto, esforços ainda precisam ser aplicados para realização de estudos, empírico e teórico, sobre o fenômeno gerador de séries temporais relacionado à disseminação da COVID-19, bem como desenvolver modelos para predizê-los, considerando a necessidade de maximizar o sucesso e minimizar o risco de ações para enfrentamento desta pandemia.

Assim, tentando encontrar respostas a algumas questões sobre a dinâmica da disseminação da COVID-19, este trabalho apresenta um estudo sobre séries temporais relacionadas ao seu fenômeno gerador no Brasil. Com base neste estudo, é proposto um modelo de rede neural profunda, projetado a partir de um processo de aprendizagem baseado em gradiente, capaz de produzir um mapeamento para estimar a dinâmica deste tipo particular de série temporal. A fim de avaliar o desempenho preditivo, foram utilizadas séries temporais com frequência diária relacionados a casos confirmados e óbitos reportados da COVID-19 no Brasil. Os resultados obtidos mostram a eficácia do modelo proposto para estimar essa pandemia.

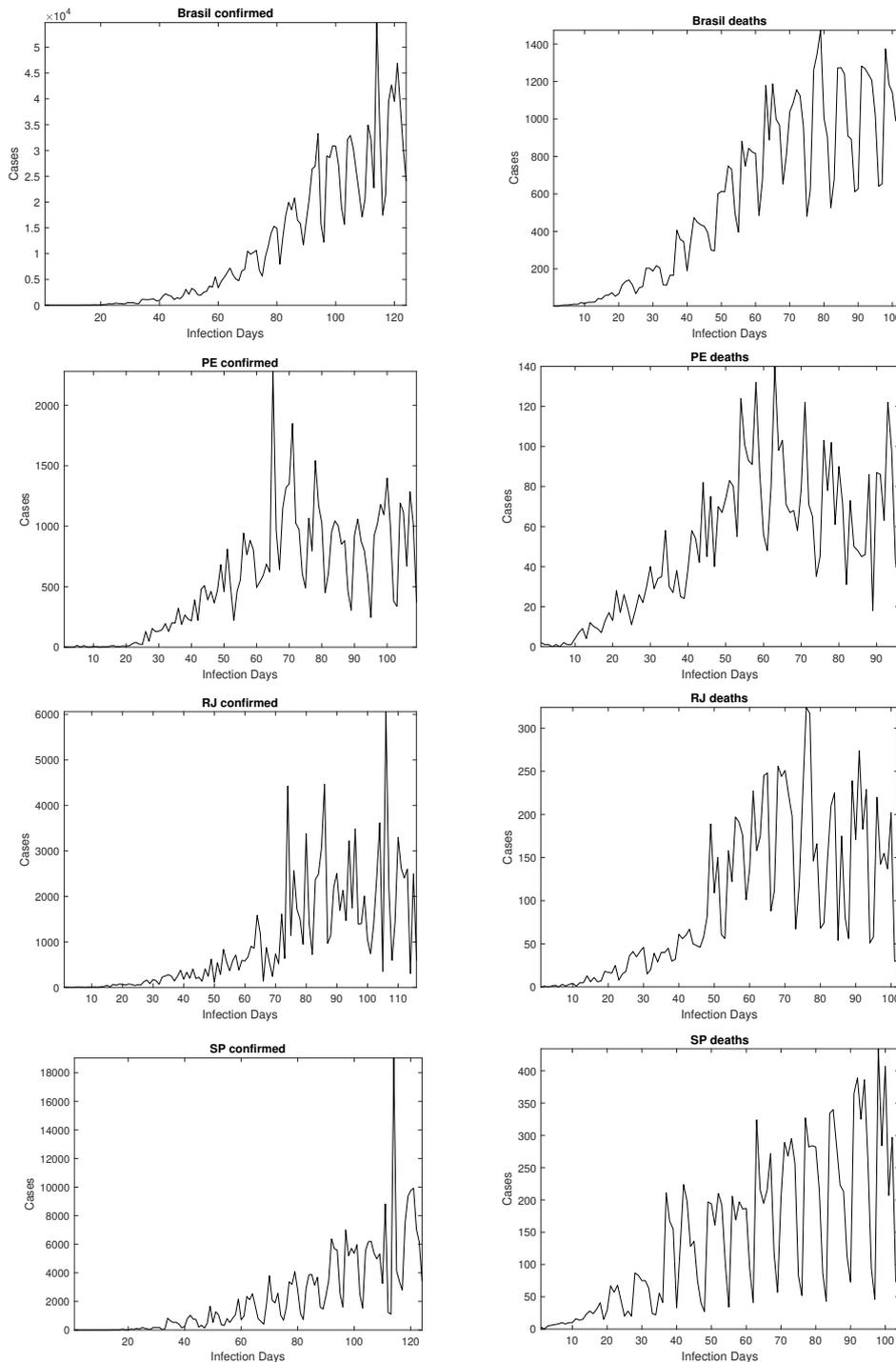
Este trabalho foi organizado da seguinte forma. Na Seção 2, é apresentada uma análise das séries temporais investigadas. Em seguida, na Seção 3, é descrito o modelo proposto. Posteriormente, na Seção 4, são mostradas e analisadas as simulações e os resultados experimentais. Ao final, na Seção 5, são apresentadas algumas conclusões úteis e apontamos algumas direções futuras promissoras para este trabalho.

2 Análise das Séries Temporais

As séries temporais de casos confirmados e óbitos do Brasil (BRCC e BRDC), e dos estados de Pernambuco (PECC e PEDC), São Paulo (SPCC e SPDC) e Rio de Janeiro (RJCC e RJDC) são investigadas neste trabalho. Os estados São Paulo e Rio de Janeiro são os dois mais importantes no Brasil, com alta taxa de casos confirmados e óbitos, e Pernambuco é o estado das instituições financiadoras desta pesquisa. Cada série temporal analisada consiste de observações, com frequência diária, como ilustrado na Figura 1.



Figura 1: Gráfico das séries temporais investigadas.

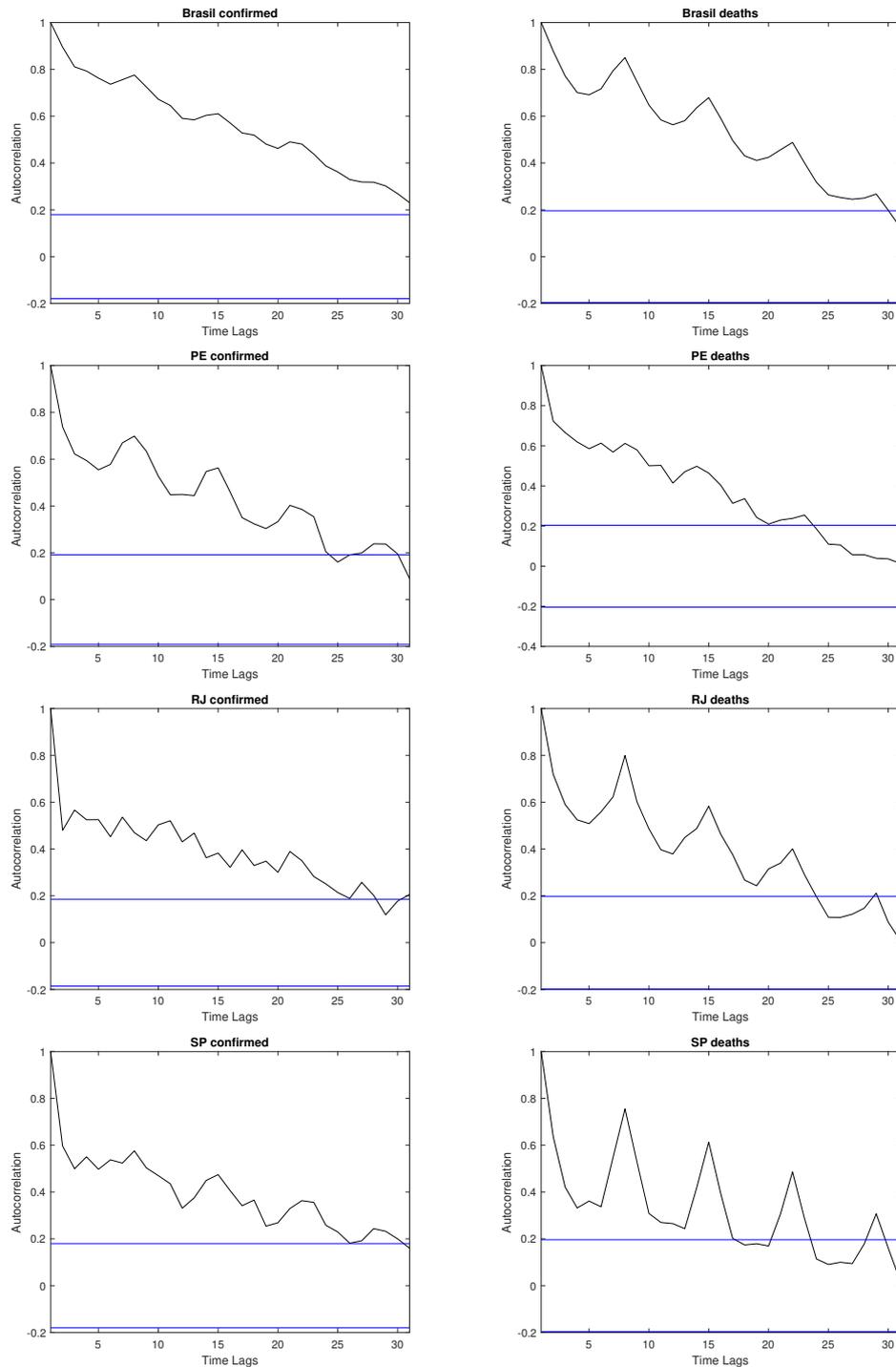


Fonte: Elaborada pelo autor.

A seguir, é apresentada uma análise empírica (ARAÚJO et al., 2019) visando encontrar características relevantes do fenômeno gerador das séries temporais da COVID-19. Inicialmente, a função de autocorrelação (*autocorrelation function*, ACF) (BOX; JENKINS; REINSEL, 1994), descrita na Figura 2, é calculada para analisar a presença de dependência linear.

De acordo com a Figura 2, é possível notar um comportamento de decaimento lento sem ciclos identificáveis (para as séries BRCC, SPCC, RJCC e PEDC) e com ciclos regulares (para as séries BRDC, SPDC, RJDC e PECC), confirmando a hipótese de dependência linear e sugerindo a presença de algum tipo de dependência não-linear

Figura 2: Função de autocorrelação das séries temporais investigadas.

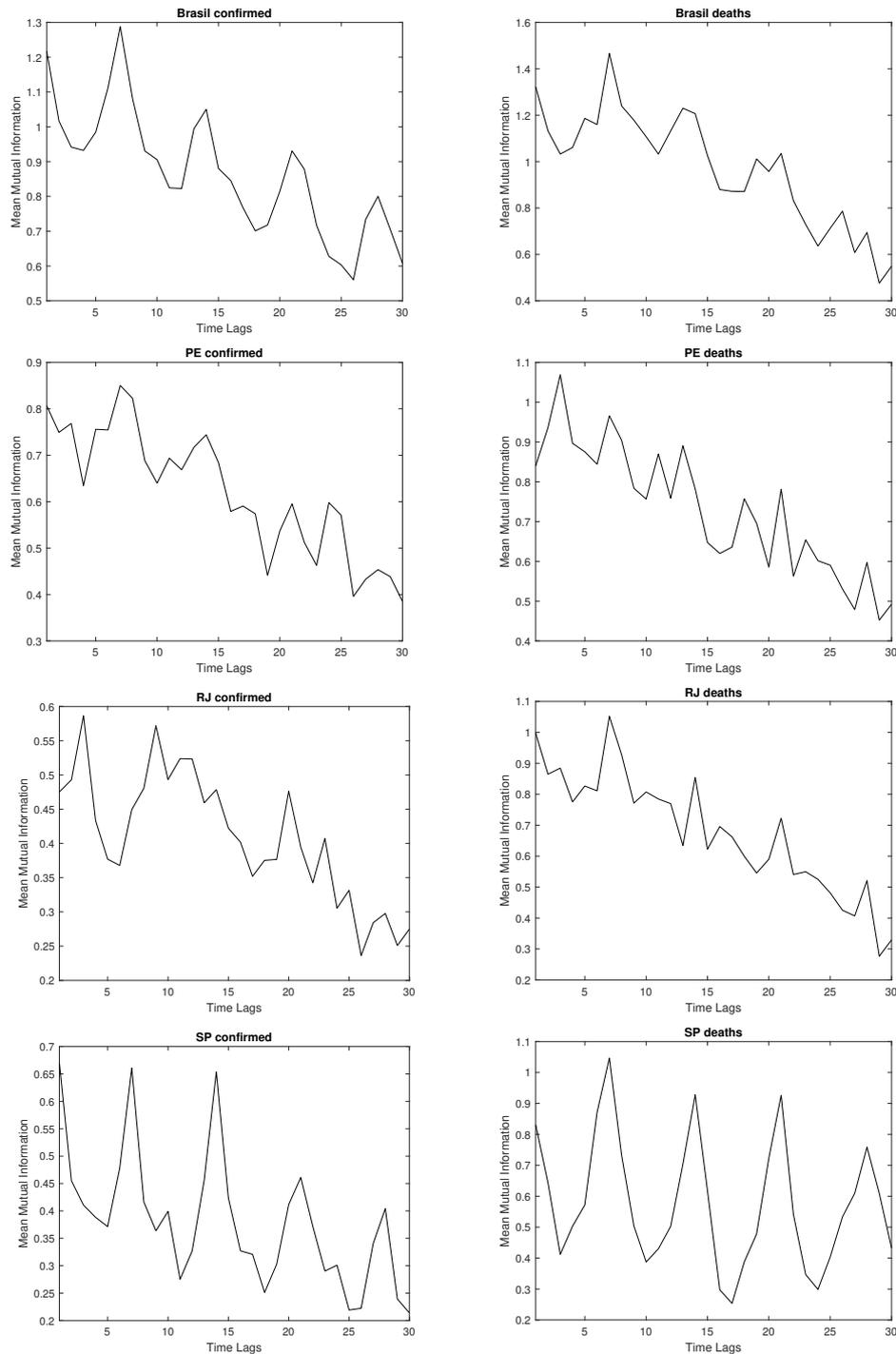


Fonte: Elaborada pelo autor.

(embora a ACF não possa ser utilizada para confirmar tal comportamento). Neste contexto, para superar a limitação da ACF para dependência não-linear, é calculada a informação mútua média (*mean mutual information*, MMI) (FRASER; SWINNEY, 1986; STOJANOVIC et al., 2014), ilustrada na Figura 3.

Na Figura 3, também é possível observar um comportamento de decaimento lento sem ciclos identificáveis (para as séries RJCC, RJDC, PECC e PEDC) e com ciclos regulares (para as séries BRCC, BRDC, SPCC e SPDC), sugerindo a presença de dependência não-linear. No entanto, a análise da MMI não é capaz de avaliar a natureza de tal dependência. Portanto, é calculado o parâmetro de Hurst (*Hurst parameter*, HP) (HURST, 1951;

Figura 3: Informação mútua média das séries temporais investigadas.



Fonte: Elaborada pelo autor.

MENEZES; BARRETO, 2008; DINIZ; LIMA; FILHO, 2012), descrito na Figura 4, para avaliação da natureza de tal relacionamento.

A análise da Figura 4 revela que estas séries temporais são geradas por processos auto-similares com dependência não-linear de longo prazo (uma vez que os valores calculados do HP são significativamente inferiores a 0.5). Tal fato sugere que os valores futuros das séries temporais investigadas são do tipo “revesão à média”. Além disso, o HP calculado representa a garantia matemática que todas as séries investigadas neste trabalho podem teoricamente ser previstas (ARAÚJO et al., 2019). Vale mencionar que o objetivo desta análise empírica de séries temporais é prover evidências, considerando amostras diárias, que as séries investigadas do surto da COVID-19 podem ser

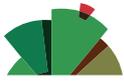
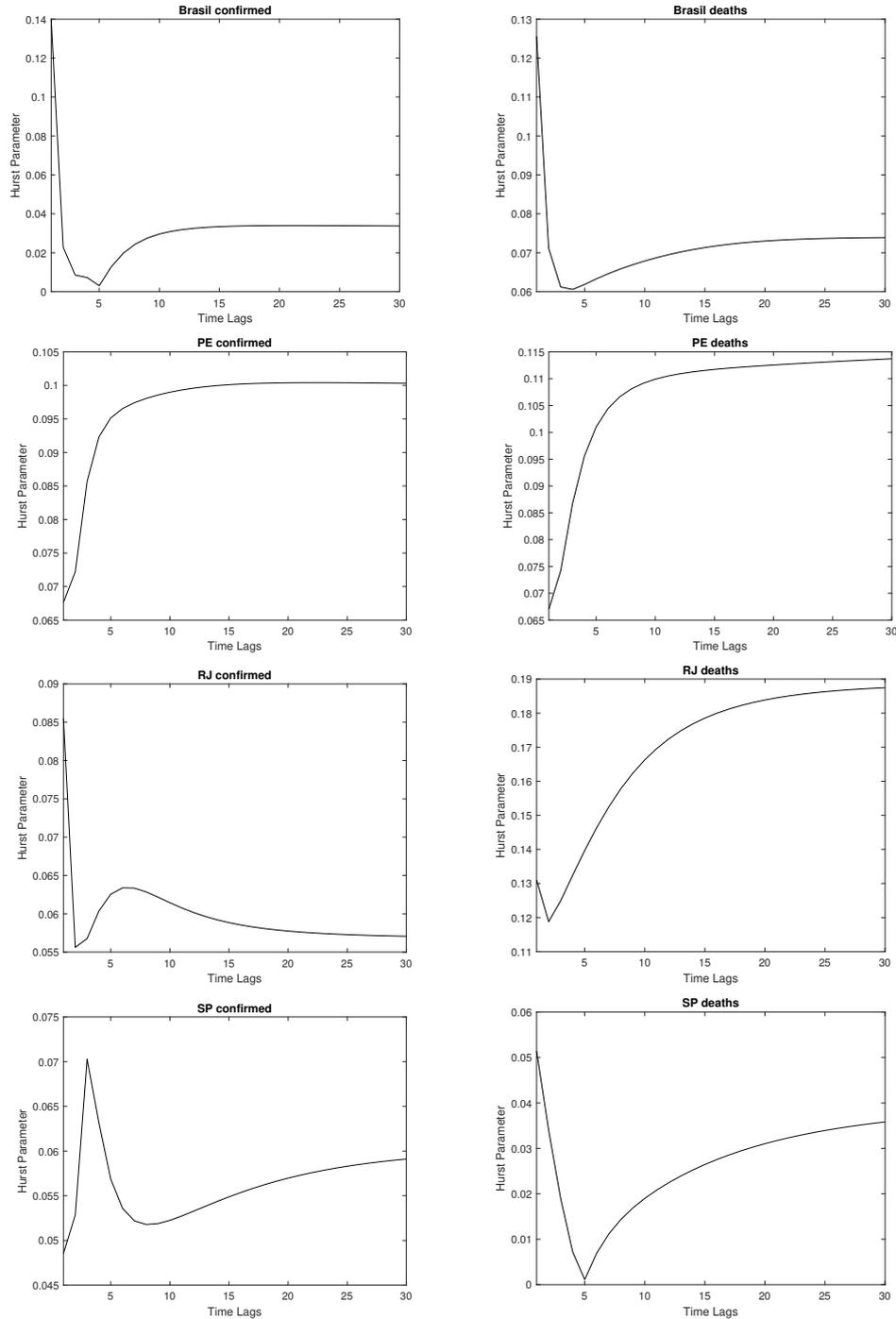


Figura 4: Parâmetro de Hurst das séries temporais investigadas.



Fonte: Elaborada pelo autor.

modeladas em termos de mapeamentos capazes de caracterizar corretamente seus fenômenos geradores.

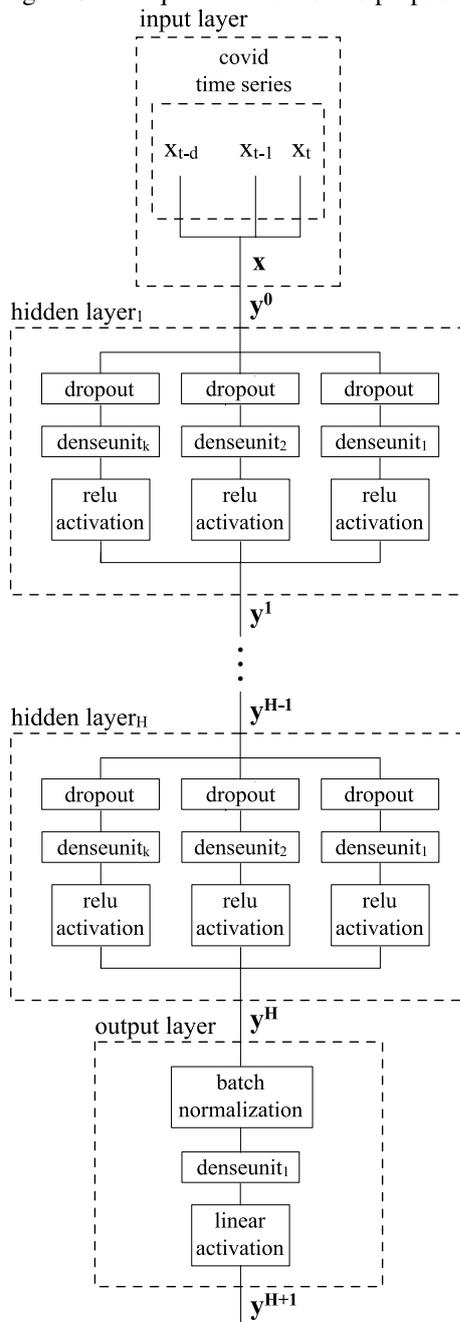
3 O Modelo Proposto

O modelo proposto neste trabalho, referenciado como *Robust Epidemic Covid ForEcasting* (RECIFE), é uma arquitetura de rede neural profunda utilizada para prever séries temporais relacionadas ao surto da COVID-19 no cenário brasileiro. A principal motivação desta proposta é devido ao fato que modelos advindos da epidemiologia não obtiveram sucesso na previsão desta pandemia (RODA et al., 2020), pois estes têm dependência de intervenção

humana (especialistas no problema) para a definição de seus parâmetros, e tal fato compromete o projeto de um modelo com desempenho minimamente aceitável (BENVENUTO et al., 2020). Desta forma, esforços ainda são necessários para analisar a dinâmica do surto da COVID-19 e, consquentemente, para desenvolver modelos automáticos (sem qualquer tipo de intervenção humana) para prever a evolução desta pandemia.

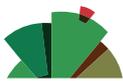
Ao contrário dos modelos epidemiológicos clássicos para prever a disseminação de vírus (IMAI et al., 2020; SHEN et al., 2020; TANG et al., 2020a, 2020b; WU; LEUNG; LEUNG, 2020; YOU et al., 2020; RODA et al., 2020; PENG et al., 2020; ZHAO et al., 2020), este trabalho emprega uma abordagem baseada em séries temporais com uma tecnologia de aprendizagem profunda para estimar cenários futuros de disseminação da COVID-19 no Brasil. A Figura 5 ilustra a arquitetura do modelo proposto.

Figura 5: A arquitetura do modelo proposto.



Fonte: Elaborada pelo autor.

A camada de entrada do modelo é composta por d retardos temporais (*time lags*) da série temporal (assumindo que x_t é a observação da série temporal (x) no tempo t , então os retardos temporais serão $x_{t-1}, x_{t-2}, \dots, x_{t-d}$). As H camadas a seguir (conhecidas como camadas escondidas) do modelo são compostas por: i) técnica de regularização



por *dropout* (SRIVASTAVA et al., 2014) (as unidades de processamento neurais são inativadas aleatoriamente, utilizando uma taxa de 10%, durante o processo de treinamento, reduzindo o impacto do problema de *overfitting*), ii) k unidades densas (uma estrutura neural totalmente conectada que realiza uma operação de multiplicação por elemento entre o vetor de entrada e os pesos, somados a um termo de *bias*), e iii) unidades lineares retificadas (*rectified linear units*, ReLU) (NAIR; HINTON, 2010) (uma função de ativação aplicada a saída das unidades densas).

Por fim, a última camada (camada de saída) é composta por: i) técnica de *batch normalization* (IOFFE; SZEGEDY, 2015) (para tratar o problema da mudança da covariância interna, utilizando um termo de momento igual a 0.99 e $\epsilon=0.001$, devido a possibilidade de saturação do comportamento das funções de ativação das camadas anteriores), ii) uma unidade densa, and iii) uma unidade linear (função de ativação que não restringe o domínio devido ao comportamento do tipo exponencial deste tipo particular de série temporal). Note que é utilizada apenas uma unidade de processamento neural nesta camada porque este trabalho foca no problema de previsão do tipo um-passo-adiante.

No processo de treinamento do modelo proposto os pesos são ajustados de acordo com um critério de erro (função objetivo) até a convergência, isto é, até o critério de parada ser alcançado. Vale mencionar que a função objetivo gera uma superfície de erro que reside no espaço \mathbb{R}^n (n representa a quantidade de pesos do modelo). O principal problema na minimização da função objetivo é encontrar um ponto de ótimo neste espaço que minimiza o erro entre a saída gerada pelo modelo e a saída desejada. Como o processo de aprendizagem do modelo proposto é do tipo supervisionado, este será equivalente a um problema de otimização não-linear irrestrito, onde a superfície de erro será minimizada a partir do ajuste iterativo do vetor de pesos. Para o processo de aprendizagem do modelo proposto são investigados: i) Adadelta (ZEILER, 2012), ii) Adam (KINGMA; BA, 2014), iii) Adagrad (DUCHI; HAZAN; SINGER, 2011), iv) Adamax (REDDI; KALE; KUMAR, 2019), v) Nadam (DOZAT, 2016), vi) RMSProp (TIELEMAN; HINTON, 2012), e vii) SGD (SUTSKEVER et al., 2013).

4 Simulações e Resultados Experimentais

Nos experimentos realizados com o modelo proposto, todas as séries temporais foram normalizadas no intervalo [0.2, 0.8] e divididas em três conjuntos (PRECHELT, 1994): treinamento (80% dos dados), validação (10% dos dados) e teste (10% dos dados). Foi definida um arquitetura básica do modelo, definida por RECIFE ($I; \mathbf{H} = h_1, \dots, h_k; O$). O termo I representa a dimensionalidade de entrada, o termo h_k define a quantidade de unidades de processamento na k -ésima camada escondida, e o termo O representa a dimensionalidade de saída (como este trabalho foca em problema de previsão de um-passo-adiante, foi fixado $O=1$). Para o número de camadas escondidas (H) e suas respectivas unidades de processamento (k), foi utilizada uma metodologia empírica, utilizando validação-cruzada, onde os valores $H = [1, 5, 10]$ e $k = [8, 16, 32, 64, 128]$ são investigados.

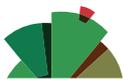
Para cada processo de aprendizagem do modelo proposto em particular são fixados os parâmetros ótimos sugeridos por seus respectivos autores. Além disso, são utilizados três critérios de parada: i) número de épocas de treinamento ($epoch = 10000$), ii) *process training* ($Pt \leq 10^{-6}$) (PRECHELT, 1994), e iii) *generalization loss* ($Gl > 5\%$) (PRECHELT, 1994). A escolha da dimensionalidade de entrada é baseada na análise das séries temporais apresentada na Seção 2. A Tabela 1 resume os retardos temporais escolhidos para cada série temporal investigada.

Tabela 1: Sumário dos retardos temporais relevantes para as séries temporais investigadas.

Série Temporal	Retardos Temporais
Brasil Confirmados	1-30
Brasil Óbitos	1-29
PE Confirmados	1-24
PE Óbitos	1-23
RJ Confirmados	1-28
RJ Óbitos	1-24
SP Confirmados	1-29
SP Óbitos	1-23

Fonte: Elaborada pelo autor.

Vale mencionar que medidas relevantes são utilizadas para avaliação de desempenho de previsão: *mean absolute percentage error* (MAPE) (CLEMENTS; HENDRY, 1993), *mean squared error* (MSE) (CLEMENTS; HENDRY, 1993) e *Theil statistics* (THEIL) (HANN; STEURER, 1996). Observe que, para cada configuração de modelo, são realizados trinta experimentos, onde a média (MEAN) foi calculada para cada medida de desempenho. Todos os



experimentos com o modelo proposto foram realizados com a linguagem de programação Python, utilizando a API KERAS com backend Tensorflow.

4.1 Análise das Medidas de Desempenho

A Tabela 2 resume os resultados para as medidas MAPE, MSE e THEIL das séries temporais da COVID-19 investigadas.

Tabela 2: Resultados de previsão para as medidas MAPE, MSE e THEIL.

Medidas	Brasil	
	Confirmados	Óbitos
MAPE	8.2617e-03	5.0180e-02
MSE	2.3462e-05	1.0417e-03
THEIL	9.6217e-04	5.2155e-02
	PE	
	Confirmados	Óbitos
MAPE	4.2371e-02	8.2350e-02
MSE	3.3825e-04	2.5561e-03
THEIL	1.8636e-02	6.3052e-02
	RJ	
	Confirmados	Óbitos
MAPE	4.3973e-02	8.9556e-02
MSE	3.4778e-04	2.4477e-03
THEIL	8.2169e-03	5.1200e-02
	SP	
	Confirmados	Óbitos
MAPE	3.2032e-02	8.6594e-02
MSE	4.9294e-04	3.7445e-03
THEIL	1.0102e-02	5.7152e-02

Fonte: Elaborada pelo autor.

De acordo com a Tabela 2, os valores obtidos para o MAPE (no intervalo [8e-03,8e-02]) sugerem que o modelo proposto tem desvios percentuais expressivamente baixos. Também, os valores obtidos para a medida MSE (no intervalo [2e-05,3e-03]) indicam que a previsão gerada pelo modelo proposto próxima do valor real da série temporal. Além disso, os valores obtidos para a medida THEIL (no intervalo [9e-04,6e-02]) demonstram que a previsão não tem nenhum atraso de um-passo-adiante em relação ao valor real da série, sugerindo que o modelo proposto não tem nenhuma similaridade com um passeio aleatório (uma vez que $THEIL \leq 1$), e pode ser utilizado com eficácia em situações do mundo real.

4.2 Análise do Comportamento de Previsão

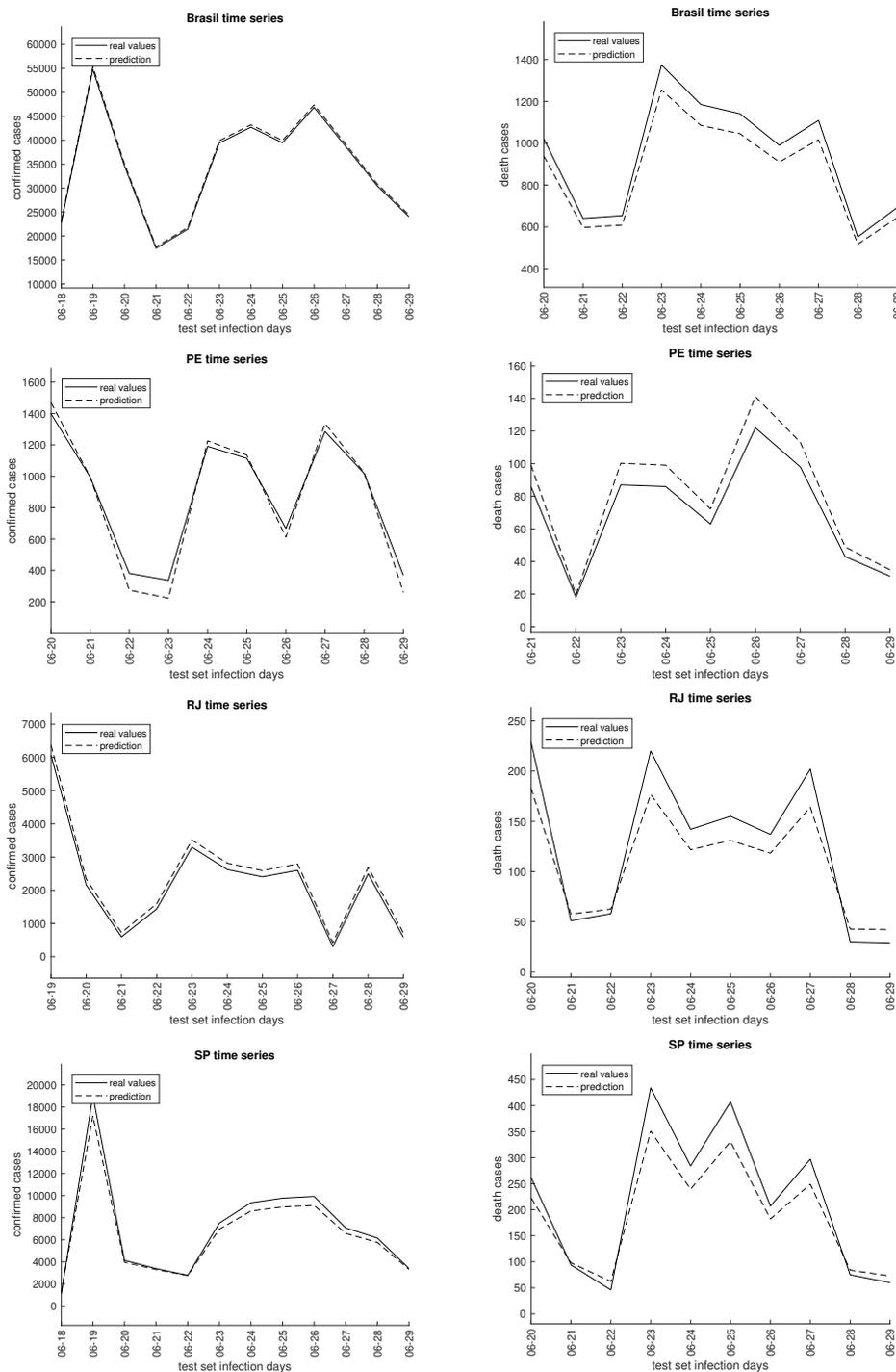
Uma análise comparativa entre os valores reais e previstos, utilizando o modelo proposto, para todas as séries temporais da COVID-19 investigadas neste trabalho é apresentada na Figura 6. Em todos os gráficos é possível observar que as previsões estão altamente correlacionadas aos valores reais das séries temporais. Tal fato indica que o modelo proposto pode reproduzir o fenômeno gerador deste tipo particular de série temporal no tempo futuro, sendo uma opção viável para prever a disseminação da COVID-19 no Brasil.

5 Conclusões

Neste trabalho foi apresentada uma análise empírica de séries temporais diárias do surto da COVID-19 no Brasil, utilizando a função de autocorrelação (para identificação do relacionamento linear) e a informação mútua média (para identificação do relacionamento não-linear). Além disso, foi analisado o parâmetro de Hurst (para avaliar comportamentos de persistência ou anti-persistência em termos de componentes não-lineares de curto e longo prazos). Tal estudo forneceu as evidências necessárias de que este tipo particular de série temporal são de alguma forma previsíveis.

De acordo com esta hipótese, foi apresentado um modelo de rede neural organizado em uma estrutura profunda de camadas de forma a construir um mapeamento capaz de prever o surto da COVID-19 no Brasil. A primeira

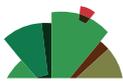
Figura 6: Gráficos de previsão.



Fonte: Elaborada pelo autor.

camada do modelo foi definida pelos retardos temporais (observações históricas de casos confirmados e óbitos relacionados a COVID-19). As camadas seguintes (escondidas) foram construídas a partir de *dropouts*, unidades densas e funções de ativação linear retificada. Por fim, a última camada (saída) foi composta por *batch normalization*, unidade densa e uma função de ativação linear. Vale mencionar que apenas uma unidade de processamento foi empregada na camada de saída devido ao foco deste trabalho ter sido relacionado na previsão de um-passo-adiante. Para o projeto do modelo proposto foram investigados processos de aprendizagem clássicos para redes neurais profundas (Adadelta, Adam, Adagrad, Adamax, Nadam, RMSProp e SGD).

A análise experimental demonstrou que o modelo proposto tem aprendizagem estável e alto poder de generali-



zação para prever séries temporais de casos confirmados e óbitos do surto da COVID-19 no Brasil. Os resultados alcançados mostram que a previsão gerada pelo modelo proposto se encontra próxima aos valores reais das séries temporais investigadas, bem como está associada a um desvio percentual expressivamente pequeno e livre do dilema do passeio aleatório (previsões com atrasos de um-passo-adiante em relação aos valores reais da série). Portanto, podemos concluir que o modelo proposto tem boa eficácia geral, e mostra competitividade, em termos de desempenho preditivo, para estimar a pandemia de COVID-19 no Brasil.

Como trabalhos futuros, uma análise residual deve ser realizada para confirmar se o modelo gerado é um modelo estatisticamente ajustado para prever as séries temporais da COVID-19 no Brasil. Também, um estudo sobre a complexidade computacional e de seu processo de aprendizagem deve ser realizada. Além disso, uma análise comparativa deve ser feita com o modelo proposto e modelos epidemiológicos clássicos, outros modelos de redes neurais e outros modelos matemáticos e estatísticos, na tentativa de confirmar um melhor desempenho preditivo do modelo proposto em termos das séries temporais investigadas neste trabalho. Por fim, uma análise experimental complementar deve ser realizada com séries temporais da COVID-19 em outros países visando confirmar as evidências encontradas neste trabalho, bem como mostrar o potencial, na prática, do modelo proposto em termos de benefícios para dar suporte estratégico a processos de tomada de decisão tanto na área da saúde quanto na economia.

Referências

- ARAÚJO, R. de A. et al. A deep increasing-decreasing-linear neural network for financial time series prediction. *Neurocomputing*, v. 347, p. 59–81, 2019.
- AYITTEY, F. K. et al. Economic impacts of wuhan 2019-ncov on china and the world. *J Med Virol*, v. 5, n. 92, p. 473–475, 2020.
- BENVENUTO, D. et al. Application of the arima model on the covid-2019 epidemic dataset. *Data in Brief*, v. 29, p. 105340, 2020.
- BOX, G. E. P.; JENKINS, G. M.; REINSEL, G. C. *Time Series Analysis: Forecasting and Control*. Third. New Jersey: Prentice Hall, 1994.
- CAO, J. et al. Clinical features and short-term outcomes of 18 patients with corona virus disease 2019 in intensive care unit. *Intensive Care Medicine*, In Press, 2020.
- CHENG-I, W. et al. Sars-cov-2, covid-19 and inherited arrhythmia syndromes. *Heart Rhythm*, In Press, 2020.
- CLEMENTS, M. P.; HENDRY, D. F. On the limitations of comparing mean square forecast errors. *Journal of Forecasting*, v. 12, n. 8, p. 617–637, 1993.
- DINIZ, N.; LIMA, F. G.; FILHO, A. C. da S. The impact of the hurst window in the financial time series forecast: an analysis through the exchange rate. *Review of Business Research*, v. 12, p. 27–33, 2012.
- DOZAT, T. Incorporating nesterov momentum into adam. In: . [S.l.: s.n.], 2016.
- DUCHI, J. C.; HAZAN, E.; SINGER, Y. Adaptive subgradient methods for online learning and stochastic optimization. *J. Mach. Learn. Res.*, v. 12, p. 2121–2159, 2011.
- FRASER, A.; SWINNEY, H. Independent coordinates for strange attractors from mutual information. *Physical Review A*, v. 33, n. 2, p. 1134–1140, 1986.
- GAO, G. F. From “a” to “z”: attacks from emerging and re-emerging pathogens. *Cell*, v. 172, p. 1157–1159, 2018.
- HANN, T. H.; STEURER, E. Much ado about nothing? exchange rate forecasting: Neural networks vs. linear models using monthly and weekly data. *Neurocomputing*, v. 10, p. 323–339, 1996.
- HE, F.; DENG, Y.; LI, W. Coronavirus disease 2019 (covid-19): What we know? *Journal of medical virology*, In Press, 2020.
- HURST, E. Long term storage capacity of reservoirs. *Transactions of the American Society of Civil Engineers*, v. 116, p. 770–799, 1951.
- IMAI, N. et al. Report 1: Estimating the potential total number of novel coronavirus (2019-ncov) cases in wuhan city. <https://www.imperial.ac.uk/mrc-global-infectious-disease-analysis/covid-19/report-1-case-estimates-of-covid-19/>, 2020.



- IOFFE, S.; SZEGEDY, C. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift. *International Conference on International Conference on Machine Learning*, v. 37, p. 448–456, 2015.
- KINGMA, D. P.; BA, J. *Adam: A Method for Stochastic Optimization*. 2014.
- LAI, C. et al. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (sars-cov-2) and coronavirus disease-2019 (covid-19): The epidemic and the challenges. *International Journal of Antimicrobial Agents*, In Press, 2020.
- LAZZERINI, M.; PUTOTO, G. Covid-19 in italy: momentous decisions and many uncertainties. *Lancet Glob Health*, In Press, 2020.
- LI, L. et al. Propagation analysis and prediction of the covid-19. *Infectious Disease Modelling*, v. 5, p. 282 – 292, 2020.
- MENEZES, J. M. P.; BARRETO, G. A. Long-term time series prediction with the narx network: An empirical evaluation. *Neurocomputing*, v. 71, n. 16-18, p. 3335–3343, 2008.
- MUNSTER, V. J. et al. A novel coronavirus emerging in china - key questions for impact assessment. *The New England journal of medicine*, In Press, 2020.
- NAIR, V.; HINTON, G. E. Rectified linear units improve restricted boltzmann machines. *ICML*, p. 807–814, 2010.
- NATURE. Coronavirus latest: global infections pass two million. *15 April*, 2020.
- PARMET, W. E.; SINHA, M. S. Covid-19 - the law and limits of quarantine. *N Engl J Med*, v. 382, p. 1–28, 2020.
- PENG, L. et al. *Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling*. 2020.
- PETROPOULOS, F.; MAKRIDAKIS, S. Forecasting the novel coronavirus covid-19. *PLOS ONE*, v. 15, n. 3, p. 1–8, 03 2020.
- PRECHELT, L. *Proben1: A set of Neural Network Benchmark Problems and Benchmarking Rules*. [S.l.], 1994.
- REDDI, S. J.; KALE, S.; KUMAR, S. *On the Convergence of Adam and Beyond*. 2019.
- RODA, W. C. et al. Why is it difficult to accurately predict the covid-19 epidemic? *Infectious Disease Modelling*, v. 5, p. 271 – 281, 2020.
- ROSA, S. G. V.; SANTOS, W. C. Clinical trials on drug repositioning for covid-19 treatment. *Pan American Journal of Public Health*, In Press, 2020.
- SHE, J. et al. 2019 novel coronavirus of pneumonia in wuhan, china: emerging attack and management strategies. *Clin Transl Med*, v. 9, n. 1, p. 1–19, 2020.
- SHEN, M. et al. Modelling the epidemic trend of the 2019 novel coronavirus outbreak in china. *bioRxiv*, Cold Spring Harbor Laboratory, 2020.
- SOHRABI, C. et al. World health organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (covid-19). *International Journal of Surgery*, v. 76, p. 71–76, 2020.
- SRIVASTAVA, N. et al. Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting. *Journal of Machine Learning Research*, v. 15, n. 1, p. 1929–1958, 2014.
- STOJANOVIC, M. B. et al. A methodology for training set instance selection using mutual information in time series prediction. *Neurocomputing*, v. 141, p. 236–245, 2014.
- SUTSKEVER, I. et al. On the importance of initialization and momentum in deep learning. In: *Proceedings of the 30th International Conference on Machine Learning*. Atlanta, Georgia, USA: [s.n.], 2013. (Proceedings of Machine Learning Research, 3), p. 1139–1147.
- TANG, B. et al. An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-ncov). *Infect Dis Model*, v. 5, p. 248–255, 2020.
- TANG, B. et al. Estimation of the transmission risk of the 2019-ncov and its implication for public health interventions. *Journal of Clinical Medicine*, In Press, 2020.



ARAÚJO, R. de A.; SOARES, S.; MEIRA, S.
Um Modelo de Rede Neural Profunda para Previsão da Pandemia do SARS-COV-2 no Brasil

TIELEMAN, T.; HINTON, G. *Lecture 6.5 - RmsProp: Divide the gradient by a running average of its recent magnitude*. 2012. COURSERA: Neural Networks for Machine Learning.

VAISHYA, R. et al. Artificial intelligence (ai) applications for covid-19 pandemic. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews*, v. 14, n. 4, p. 337 – 339, 2020.

WHO. *Coronavirus disease 2019 (COVID-19): Situation Report - 51*. [S.l.], 2020.

WU, C. et al. Sars-cov-2, covid-19 and inherited arrhythmia syndromes. *Heart rhythm*, In Press, 2020.

WU, J. T.; LEUNG, K.; LEUNG, G. M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-ncov outbreak originating in wuhan, china: a modelling study. *The Lancet*, v. 395, n. 10225, p. 689–697, 2020.

WU, Z.; MCGOOGAN, J. M. Characteristics of and important lessons from the coronavirus disease 2019 (covid-19) outbreak in china: Summary of a report of cases from the chinese center for disease control and prevention. *JAMA*, v. 323, n. 13, p. 1239–1242, 2020.

YOU, C. et al. Estimation of the time-varying reproduction number of covid-19 outbreak in china. *medRxiv*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2020.

ZEILER, M. D. *ADADELTA: An Adaptive Learning Rate Method*. 2012.

ZHAO, S. et al. Estimating the unreported number of novel coronavirus (2019-ncov) cases in china in the first half of january 2020: A data-driven modelling analysis of the early outbreak. *J. Clin. Med*, In Press, 2020.

ZHOU, P. et al. Discovery of a novel coronavirus associated with the recent pneumonia outbreak in humans and its potential bat origin. *bioRxiv*, In Press, 2020.

ZHU, N. et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in china, 2019. *N Engl J Med*, v. 382, n. 2, p. 727–733, 2020.