



ISSN: 2230-9926

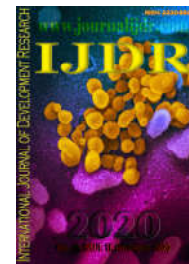
Available online at <http://www.journalijdr.com>

IJDR

International Journal of Development Research

Vol. 10, Issue, 11, pp. 41881-41886, November, 2020

<https://doi.org/10.37118/ijdr.20278.11.2020>



RESEARCH ARTICLE

OPEN ACCESS

REDES NEURAIIS MLP APLICADAS NA PREVISÃO DE CASOS CONFIRMADOS DE COVID-19 NO BRASIL

Maurício de Souza*, Alexandre T. R. da Silva and Rafael Lima de Carvalho

Universidade Federal do Tocantins, Tocantins, Brasil

ARTICLE INFO

Article History:

Received 17th August, 2020

Received in revised form

07th September, 2020

Accepted 09th October, 2020

Published online 24th November, 2020

Key Words:

COVID-19, Predição de Série Temporal, Redes Neurais, Saúde Pública.

*Corresponding author: *Maurício de Souza*

ABSTRACT

COVID-19 é a doença causada pelo vírus SARS-CoV-2, descoberto em 2019, e que se espalhou pelo mundo gerando uma pandemia com graves consequências sanitárias. Países lidam de diferentes formas para resguardar a saúde de sua população diante de um patógeno recém descoberto e com peculiaridades próprias. Muitos estudos estão sendo realizados sobre a COVID-19. No presente estudo, foi proposto um modelo de previsão de curto prazo baseado em redes neurais *Multilayer Perceptron* capaz de estimar o número de casos confirmados de COVID-19 no Brasil. Para isso, a base de dados deste estudo foi montada com dados de países com diferentes características em momentos distintos da evolução da pandemia. Foram utilizados no treinamento da rede neural dados históricos de 13 países. De acordo com a correlação de Pearson, os resultados obtidos na validação da rede neural foram muito fortes. Por fim, foram realizados testes com horizonte de previsão de 30 dias, estimando que no dia 14 de novembro de 2020 o Brasil atinja a marca de 5.756.356 casos confirmados de COVID-19.

Copyright © 2020, *Maurício de Souza et al.* This is an open access article distributed under the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Citation: *Maurício de Souza, Alexandre T. R. da Silva and Rafael Lima de Carvalho. 2020. "Redes Neurais MLP aplicadas na previsão de casos confirmados de COVID-19 no Brasil", International Journal of Development Research, 10, (11), 41881-41886.*

INTRODUCTION

A pandemia de COVID-19 é uma crise sanitária mundial com drásticas consequências sociais, econômicas e de saúde. No último dia do ano de 2019, o escritório da Organização Mundial da Saúde (OMS) na China foi informado sobre uma pneumonia com causa desconhecida detectada na cidade de Wuhan. O mercado Huanan, apontado como origem da propagação, foi fechado no dia seguinte para sanitização e desinfecção. No dia 5 de janeiro a OMS publica seu primeiro relatório acerca do que viria a ser a pandemia de COVID-19. (OMS, 2020). A COVID-19, acrônimo para *Corona Virus Disease* (Doença do Coronavírus) e 19 sendo o ano de 2019 (FIOCRUZ, 2020), é a doença causada pelo vírus SARS-CoV-2, *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavirus 2) (GORBALENYA, 2020). Rapidamente se espalhou por diversos países e, em poucos meses, estava presente em praticamente todo o mundo. Em 11 de março de 2020 foi anunciada oficialmente a pandemia de COVID-19 pela OMS (OPAS, 2020). Um conceito central na epidemiologia das doenças infecciosas é a taxa de propagação, ou número básico de reprodução.

Conhecer a taxa de propagação de um vírus em meio a uma população ao longo do tempo é basilar para lidar com epidemias. Esse número indica o risco de um agente infeccioso com relação à propagação da epidemia e permite que se projete a demanda hospitalar futura, o uso de medicamentos e equipamentos e até o espaço nos cemitérios para receber mortos (LIU *et. al.* 2020). Também chamado de R_0 , o número básico de reprodução da COVID-19 é estimado em 2,2 (RIOU & ALTHAUS, 2020) e a põe em grau próximo de comparação com outras doenças que afetam nossa sociedade. A título de comparação, a Influenza, por exemplo, tem taxa de propagação estimada entre 1,5 e 2 e foi a protagonista da primeira pandemia deste século, no ano de 2009 (CHANG, 2009). O controle da COVID-19 acontece em um país quando R_0 é reduzido a menos de um, fazendo com que a quantidade de casos diminua lentamente. Além da taxa de propagação, há a taxa de mortalidade. Em alguns países a taxa de mortalidade é bem mais elevada quando comparada a outros, e o que ocasiona isto ainda é nebuloso. Por exemplo, a taxa de mortalidade de COVID-19 na Itália é de aproximadamente 9,9% e na Alemanha é de 2,9%. É suposto que isso ocorre porque, dentre diversos fatores, diferentes países adotaram medidas de isolamento social distintas, alguns com maior ou

menor grau de isolamento, e isto tem impacto direto em colapsar ou não o sistema de saúde; têm diferentes graus de rede de saúde disponível à população, alguns com sistema universal e outros não; a quantidade de leitos com cada país oferta à sua população é muito distinta; e condições climáticas diferentes (não se sabe ainda se isto influencia na transmissão e gravidade dos sintomas de COVID-19), por diferenças de temperatura ou de umidade (MOUSAVI, 2020), ou ainda pela maior prevalência de sol, o que incorre em maior absorção de vitamina D pela população (WANG *et al.* 2020). Por causa da grande quantidade de variáveis incertas e de diferentes realidades de cada país, o que impacta em taxas de mortalidades bastante distintas, foi delimitado o escopo deste trabalho somente sobre casos confirmados. Assim, o intuito foi o de identificar a curva de comportamento de contágio comum do vírus em diferentes países uma vez que para alguém transmitir o vírus, basta estar infectado independente de qualquer outra variável, ou seja, a variável caso confirmado é uma variável independente e, desta forma, pode ser analisada isoladamente. Pela possibilidade de incorrer ruídos pelos diferentes cenários sociais, climáticos e de infraestrutura saúde/hospitalar de cada país, não fez parte deste estudo a análise e previsão de outras variáveis, como, por exemplo, número de óbitos, mas somente do número de casos confirmados.

Assim, o objetivo que norteou este trabalho foi o de prever a tendência epidemiológica de curto prazo de casos confirmados de COVID-19 no Brasil por meio de Rede Neural Artificial (RNA) do tipo *Multilayer Perceptron* (MLP), que é um aproximador não linear. As RNAs são utilizadas como metodologias de previsão de séries temporais com bastante sucesso e vale destacar seu uso em epidemias e análise de período de quarentena por COVID-19 (DANDEKAR E BARBASTATHIS, 2020). Saba & Elseikh (2020) fizeram uma comparação entre RNAs e modelo auto-regressivo integrado de médias móveis e as redes neurais apresentaram resultados bastante consistentes para a previsão desses dados. Ademais, Rocha *et al.* (2020) realizaram estudo comparativo entre dois modelos de redes neurais, RBF e MLP, para a previsão da COVID-19 no estado do Pará. A saber, tendência epidemiológica de casos confirmados está diretamente ligada à taxa de propagação do vírus no país.

Sendo assim, trata-se de uma pesquisa exploratória que visa examinar um conjunto de dados históricos de COVID-19 buscando, por meio de um algoritmo inteligente, identificar um modelo de previsão com alta precisão e acurácia do número de casos confirmados. Isso possibilitará aos agentes públicos que dados históricos possam ser extrapolados a fim de serem utilizados como base de conhecimento no processo de tomada de decisão a fim de subsidiar planos de contenção e proteção (gerenciar demanda hospitalar futura ampliando números de leitos e UTIs, adquirir e distribuir medicamentos/equipamentos/testes diagnósticos, etc.) necessários em tempo hábil uma vez que o período de incubação da COVID-19 é de até 14 dias e durante este período o vírus pode ser transmitido (REZAEETALAB *et al.* 2020). Alguns países tiveram o primeiro contato com a doença aproximadamente ao mesmo tempo e a evolução do contágio se desenvolveu de forma similar. O gráfico de casos confirmados diários mostra a ocorrência dessa similaridade entre Alemanha, Bélgica, Espanha, França, Itália e Reino Unido (Figura 1).

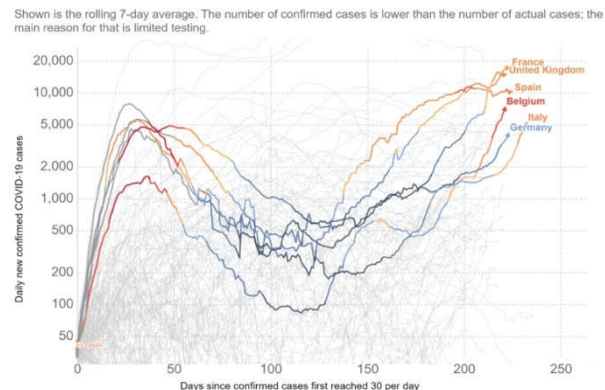


Figura 1. Casos diários confirmados de COVID-19 Fonte: ROSER et al. (2020)

A partir do gráfico da figura 1, pelo comportamento dos casos diários confirmados nesses países, é verificável a ocorrência de um série temporal. A saber, série temporal é um conjunto de dados observados e ordenados segundo parâmetro de tempo e com dependência serial, sendo este espaço de tempo equidistantes (horários, diário, semanal, mensal, trimestral, anual, etc.) entre os dados (SOUZA & CAMARGO, 2004). Por causa disso, métodos de previsão de séries temporais baseiam-se na suposição de que as observações passadas contêm informações sobre o padrão de comportamento da série temporal e que é recorrente no tempo. A sazonalidade é a componente que representa padrões que se repetem em intervalos de tempo regulares e vai determinar o tamanho da janela de entrada de dados da rede neural. Todavia, a figura 1 apresenta o gráfico construído a partir de médias móveis, o que dificulta a identificação da sazonalidade e exigiu a análise dos dados brutos diários. Isso porque para enfrentamento da pandemia de COVID-19, as pesquisas necessitam de dados precisos e abrangentes.

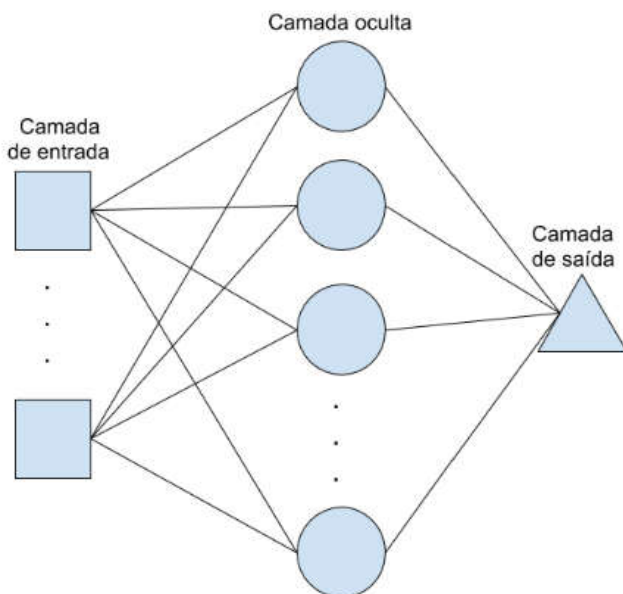
DESENVOLVIMENTO

Base de dados: Os dados utilizados neste estudo são públicos e foram coletados do portal *Our World in Data* (<https://ourworldindata.org>). Essa base de dados contém, atualmente, 41 variáveis. As variáveis representam, dentre outras coisas, dados relacionados a casos confirmados, óbitos e testes, bem como outras variáveis de potencial interesse para estudos sobre a pandemia de COVID-19. Neste estudo, foi adotada amostragem estratificada, que consiste em dividir toda a população do objeto de estudo em diferentes estratos, neste caso os estratos são países. Foram reunidos dados de 13 países, sendo: Brasil, país com objetivo final de estudo; outros países da América do Sul, inseridos na mesma região do Brasil, com mais casos acumulados confirmados por milhão de pessoas (Argentina, Bolívia, Chile, Colômbia, Equador, Peru); e outros países de outras regiões do planeta, que estão em diferentes estágios temporais da pandemia e têm grande expressão populacional: Europa (Alemanha, Itália e Rússia), América do Norte (EUA e México) e Ásia (China). Vale ressaltar que a taxa de propagação em diferentes momentos da pandemia nos países varia em decorrência de diversos fatores, entre eles, em decorrência de medidas de isolamento, o que pode ocasionar em redução da precisão e acurácia da previsão se trabalhar somente com os dados de um país. Por causa disso, a base de dados deste estudo foi montada com dados de países com diferentes características em momentos distintos da evolução da pandemia.

Como a quantidade de habitantes de cada uma dos países selecionados para o estudo varia significativamente (China tem cerca de 1,4 bilhões de pessoas e a Bolívia cerca de 11 milhões de habitantes), os dados foram normalizados. Nesse sentido, o número absoluto de casos confirmados de COVID-19 foi transformado em casos por milhão de habitantes para uma comparação mais fidedigna. Assim, foram coletados para análise os casos ocorridos no Brasil e comparados com os estratos de outros países.

Foi usada a série histórica com dados diários de casos confirmados a partir da data do primeiro caso de COVID-19 confirmado em cada um dos países pesquisa anteriormente citados, até o dia 15 de outubro de 2020. Este estudo adotou modelagem baseada em dados (*data driven modeling*), que pressupõe a presença de uma quantidade considerável e suficiente de dados para realizar tarefa preditiva.

Arquitetura da rede neural MLP: Redes neurais artificiais (RNAs) são formadas por diversos elementos, que tentam imitar o funcionamento dos neurônios. Assim como o cérebro humano, as RNAs adquirem o conhecimento por meio do ambiente externo e tentam encontrar a solução de um determinado problema através de um processo de aprendizado. De forma geral, as redes *Multilayer Perceptron* (MLP) possuem arquiteturas que consistem em uma camada de entrada, que recebe as variáveis preditoras, uma ou mais camadas ocultas e uma camada de saída, que, no casos de previsão de séries temporais, contém a(s) variável(is) predita(s). A arquitetura típica de uma RNA MLP é apresentada na Figura 2.



Fonte: Adaptado de Haykin (2001)

Figura 2. Arquitetura típica de uma RNA MLP

De acordo com Werbos (1990), a previsão de valores de uma série temporal, por meio de uma RNA, inicia com a montagem do conjunto de treinamento. Esse conjunto depende da definição janela de tempo para os valores passados das variáveis explicativas, que serão as entradas da RNA, e do horizonte de previsão, que é o que se deseja prever.

Como o objetivo que norteou este trabalho foi o de prever a tendência epidemiológica de casos confirmados de COVID-19

no Brasil, foi plotado em um gráfico (figura 3) o número absoluto de casos diários novos de COVID-19 no Brasil. A partir do gráfico foi possível identificar a janela de tempo, ou seja, que o período de tempo regular que padrões se repetem é de sete dias (sazonalidade).

Assim, este estudo utilizou uma janela de sete dias para a entrada de dados e o oitavo dia foi definido como o horizonte de previsão. Nesse sentido, a quantidade de entradas da RNA MLP adotada neste estudo é sete, que é a janela de entrada identificada no Brasil. A camada de saída foi constituída com apenas um neurônio, que representa o valor a ser previsto no horizonte de previsão.

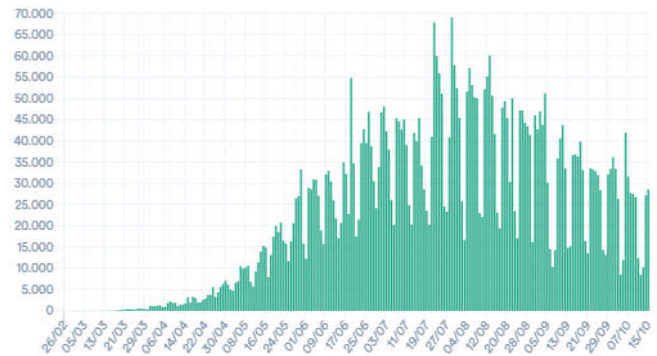


Figura 3. Gráfico de novos casos de COVID-19 no Brasil Fonte: Ministério da Saúde (2020)

A quantidade de neurônios na camada oculta foi definida pelo método de Fletcher-Gloss (SILVA *et al.*, 2010):

$$n = 2 * \sqrt{n} + n_2 \leq n_1 \leq 2 * n + 1$$

onde n = número de entradas da rede neural; n1 = quantidade de neurônios da camada oculta; n2 = quantidade de neurônios da camada de saída

Assim, pelo método de Fletcher-Gloss, a quantidade de neurônios na camada oculta deverá ser. A função de perda foi calculada com base no erro médio quadrado (*Mean Square Error* ou *MSE*):

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - y'_i)^2$$

onde n = total de previsões; i = cada valor da previsão; y = valor esperado; y' = valor previsto.

Como função de ativação nas camadas oculta e de saída foi adotada a função sigmóide, que é uma função não-linear. Nielsen (2015) afirma que a função sigmóide é eficiente quando o comportamento de entrada é variavelmente suave, refletindo assim também no neurônio de saída, aumentando a taxa de aprendizado de forma contínua. Ela é calculada da seguinte forma:

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$$

onde e = constante de Euler; x = variável de entrada.

Treinamento e validação da rede neural MLP: Para treinamento da RNA MLP foram utilizadas duas

funcionalidades da biblioteca Keras, que é uma biblioteca de rede neural de código aberto escrita em Python. A primeira função foi usada para instanciar o objeto com as funções de treinamento e avaliação, `keras.models.Sequential`; a outra para adicionar as camadas, `from keras.layers import Dense`. Foi montada uma tabela de dados utilizando a sequência dos sete primeiros dias como entrada, sendo o oitavo dia a saída, compondo então a primeira linha. Para a segunda linha foram usados os valores do segundo ao oitavo dia como entrada e o nono dia como saída. Assim, sucessivamente para os dias seguintes até serem utilizados todos os dados coletados dos países (vide figura 4). Cada linha da tabela corresponde a um para entrada/saída, que é um padrão de treinamento e deve ser apresentado repetidas vezes até que o algoritmo alcance uma convergência de aprendizado.

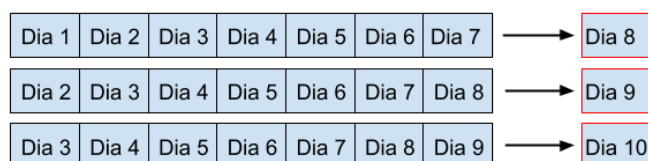


Figura 4. Exemplo parcial de tabela de dados montada para treinamento

A função usada para a normalização dos dados de entrada da rede neural foi a “`MinMaxScaler().fit_transform()`” importada da biblioteca `sklearn.preprocessing` (BROWNLEE, 2020).

Para treinamento da RNA MLP foi utilizada a função `Sequential().fit()`, disponível na biblioteca Keras. O método para correção do erro foi o gradiente descendente estocástico, que se baseia na estimativa adaptativa de momentos de primeira e segunda ordem. Esse método foi utilizado levando em conta o otimizador Adam da biblioteca Keras e, de acordo com Kingma e Ba (2014), o método é "computacionalmente eficiente, tem poucos requisitos de memória, é invariável para reescalonamento diagonal de gradientes e é adequado para problemas que são grandes em termos de dados e/ou parâmetros".

O modelo aqui proposto utiliza os próprios valores gerados para prever os próximos dias. Desse modo é feita uma previsão de curto prazo (*Short-Term Forecasting*). Em testes a RNA MLP foi utilizada para prever em até 30 dias o número de casos confirmados após a notificação do último caso de COVID-19. Ressalta-se que quanto mais aumentar o horizonte de previsão, maior tende a ser o erro, afinal haverá um somatório de erros (erros cumulativos). Os testes realizados e os resultados obtidos são apresentados a seguir.

RESULTADOS

O método de treinamento/validação utilizado foi *hold-out* (HAYKIN, 2001), que divide o conjunto de dados em grupos de treinamento (usado para ajustar os parâmetros livres) e validação (usado para testar/validar o modelo). O conjunto de dados treinamento da rede foi montado com toda a base de dados dos países selecionados para o estudo (Argentina, Bolívia, Chile, Colômbia, Equador, Peru, Alemanha, Itália, Rússia, EUA, México e China) desde o primeiro registro de infecção até a data de 15 de outubro, com exceção do Brasil. No caso do Brasil, foram utilizados na fase de treinamento os primeiros 70% da base de dados. Os outros 30% finais dos

dados do Brasil foram usados para compor a base de validação da rede neural. Foram realizados testes com nove RNAs MLP, divergindo entre elas somente a quantidade de neurônios na camada oculta, conforme estabelecido pelo método de Fletcher-Gloss (7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15). O resultado dos testes com as diferentes arquiteturas está expresso na tabela 1.

Tabela 1. MSE resultante das diferentes redes neurais utilizadas nos treinamentos

Quantidade de neurônios na camada oculta	Erro médio quadrado (MSE)
7	0.012537334114313126
8	0.01249875407665968
9	0.012410050258040428
10	0.012659200467169285
11	0.01250410731881857
12	0.012622671201825142
13	0.012551963329315186
14	0.012500567361712456
15	0.012644777074456215

Nos testes, a RNA que apresentou melhor resultado foi a que possui 9 neurônios na camada oculta, com $MSE = 0,01241$. A figura 5 apresenta o gráfico com a evolução do MSE do treinamento da RNA com 9 neurônios na camada oculta.

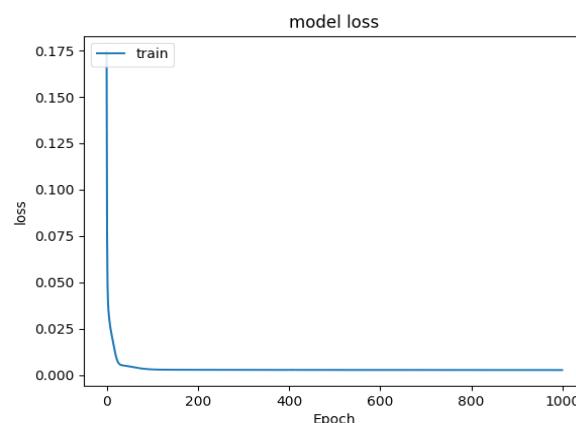


Figura 5. Evolução do MSE do treinamento da RNA com 9 neurônios na camada oculta.

A validação da RNA MLP deste trabalho consistiu em apresentar à rede neural a base de dados de validação, que foi composta pelos últimos 30% dos dados históricos de casos confirmados de COVID-19 no Brasil. Isso foi feito a fim de que a RNA MLP atue preditivamente e os valores previstos pudessem ser comparados com os dados reais presentes na base de validação. Na figura 6 é apresentado gráfico com resultado da validação (dados esperados e valores previstos) da rede MLP expresso em média móvel de sete dias para o número de casos confirmados no Brasil em valores absolutos.

A apresentação em média móvel de sete dias é a forma mais comum e usual de apresentação dos dados da COVID-19. A figura 7 contém o resultado da validação da RNA MLP contendo a quantidade cumulativa de casos confirmados de COVID-19 no Brasil. Para a etapa de validação foi utilizado verificada estatisticamente a correlação dos dados esperados e dados previstos. Por se tratarem de variáveis quantitativas sem causalidade, foi utilizada a correlação de Pearson e a RNA utilizada apresentou valor probabilístico não significativo ao nível de significância de 0,05 ($r=0.9287894621$). Isso demonstra a existência de correlação positiva, muito forte, e

significativa entre os valores esperados e previstos gerados no teste de validação da RNA MLP.

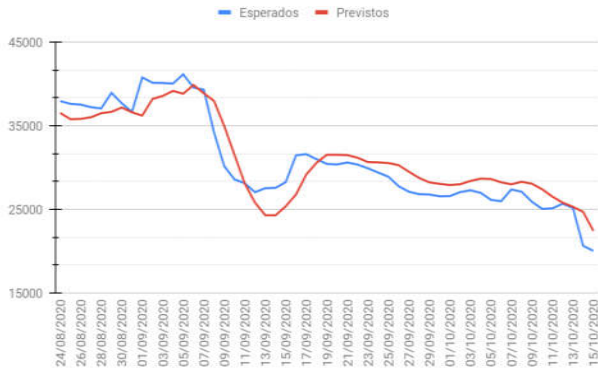


Figura 6. Dados esperados de casos confirmados de COVID-19 no Brasil x dados previstos pela RNA MLP

Tabela 2. Previsão de casos confirmados acumulados de COVID-19 no Brasil

Data	Cumulativo de casos confirmados
16/10/2020	5.160.832
17/10/2020	5.183.027
18/10/2020	5.206.192
19/10/2020	5.228.073
20/10/2020	5.245.634
21/10/2020	5.261.682
22/10/2020	5.278.653
23/10/2020	5.298.272
24/10/2020	5.319.368
25/10/2020	5.341.147
26/10/2020	5.362.431
27/10/2020	5.382.446
28/10/2020	5.401.959
29/10/2020	5.421.865
30/10/2020	5.442.689
31/10/2020	5.464.284
01/11/2020	5.486.298
02/11/2020	5.508.242
03/11/2020	5.529.872
04/11/2020	5.551.404
05/11/2020	5.573.157
06/11/2020	5.595.331
07/11/2020	5.617.925
08/11/2020	5.640.800
09/11/2020	5.663.763
10/11/2020	5.686.722
11/11/2020	5.709.736
12/11/2020	5.732.919
13/11/2020	5.756.356
14/11/2020	5.780.056



Figura 7. Dados cumulativos de COVID-19 esperados no Brasil x dados previstos pela RNA MLP.

Por fim, a RNA MLP validada foi executada a fim de prever para os próximos 30 dias o número de casos confirmados de COVID-19 no Brasil. Os gráficos contidos na figura 8 e 9

representam a previsão de 30 dias dos casos acumulados por milhão do Brasil.



Figura 8. Evolução de casos diários confirmados de COVID-19 no Brasil até o dia 15/10/2020 com previsão até o dia 14/11/2020

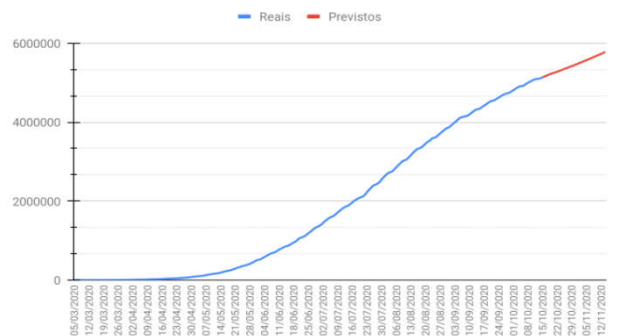


Figura 9 - Evolução cumulativa de casos confirmados de COVID-19 no Brasil até o dia 15/10/2020 com previsão até o dia 14/11/2020

A figura 8 apresenta a previsão de casos diários em média móvel de sete dias e na figura 9 o cumulativo de casos.

Conclusão

A pandemia provocada pela COVID-19 é uma crise sanitária mundial. Realizar a previsão de transmissão com precisão e acurácia satisfatória possibilita aos agentes públicos que dados históricos possam ser usados para subsidiar planos de contenção e de planejamento de aquisição e disponibilização de recursos médico-hospitalares e de proteção à população. O objetivo que norteou este trabalho foi o de prever a tendência epidemiológica de curto prazo de casos confirmados de COVID-19 no Brasil por meio de RNA do tipo MLP. A RNA foi treinada com dados históricos de 13 países de diferentes regiões e de diferentes estágios da evolução da pandemia. A principal contribuição deste trabalho se dá neste ponto uma vez que a utilização de dados somente do Brasil não permitiria à RNA MLP aprender sobre estágios da pandemia que o país ainda não atingiu, porém que já foi atingido por outros países. Ademais, diferentemente de outros trabalhos, como o de Rocha *et al.* (2020) e Espinosa *et al.* (2020), esta pesquisa não visou realizar a previsão sobre o número de óbitos por COVID-19 por entender que distintas taxas de mortalidades provenientes de diferentes países tendem a impactar negativamente a previsão. Porém, é uma hipótese de pesquisa a ser verificada em trabalhos futuros.

REFERÊNCIAS

Brownlee, J. "How to Make Predictions with Keras". Machine Learning Mastery. 9 Abr. 2018. Disponível em:

- <https://machinelearningmastery.com/how-to-make-classification-and-regression-predictions-for-deep-learning-models-in-keras/>
- Chang, L. Y., Shih, S. R., Shao, P. L., Huang, D. T. N., Huang, L. M. 2009. "Novel swine-origin influenza virus A (H1N1): the first pandemic of the 21st century". *Journal of the Formosan Medical Association*, 108(7), 526-532.
- Dandekar, R., Barbastathis, G. 2020. "Neural Network aided quarantine control model estimation of global Covid-19 spread". Eprint AxXiv:2004.02752.
- Espinosa, M. M., Oliveira, E. C., Melo, J. S., Damaceno, R. D., Terças-Trettel, A. C. P. 2020. "Predição de casos e óbitos de COVID-19 em Mato Grosso e no Brasil". *Journal of Health & Biological Sciences*, 8(1), 1-7.
- Fiocruz, Fundação Oswaldo Cruz. "Por que a doença causada pelo novo vírus recebeu o nome de Covid-19?" 17 mar. 2020. Disponível em: <https://portal.fiocruz.br/pergunta/por-que-doenca-causada-pelo-novo-virus-recebeu-o-nome-de-covid-19>
- Gorbalenya, A.E., Baker, S.C., Baric, R.S. 2020. "The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2". *Nature Microbiology* 5, 536–544.
- Haykin, S. 2001. "Redes Neurais: princípios e práticas". 2.ed. Porto Alegre: Bookman.
- Kingma, D. P., Ba, J. L. 2014. "Adam: A method for stochastic optimization". arXiv preprint arXiv:1412.6980.
- Liu, Y., Gayle, A., Wilder-Smith, A., Rocklöv, J. 2020. "The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus", *Journal of Travel Medicine*, Volume 27, Issue 2, March. Taaa 021.
- Mousavi M., Salgotra, R., Holloway, D., Gandomi, A. H. 2020. "COVID-19 Time Series Forecast Using Transmission Rate and Meteorological Parameters as Features," in *IEEE Computational Intelligence Magazine*, vol. 15, no. 4, pp. 34-50, Nov.
- Nielsen, M. A. 2015. "Neural networks and deep learning". Vol. 2018. San Francisco, CA: Determination press.
- OMS, Organização Mundial da Saúde. "Pneumonia de causa desconhecida – China". 05 jan. 2020. Disponível em: <https://www.who.int/csr/don/05-january-2020-pneumonia-of-unkown-cause-china/en/>
- OPAS, Organização Pan-Americana de Saúde. "OMS afirma que COVID-19 é agora caracterizada como pandemia". 11 mar. 2020. Disponível em: https://www.paho.org/bra/index.php?option=com_content&view=article&id=6120:oms-afirma-que-covid-19-e-agora-caracterizada-como-pandemia&Itemid=812
- Rezaeetalab, F., Mozdourian, M., Amini, M., Javidarabshahi, Z., Akbari, F. "COVID-19: A New Virus as a Potential Rapidly Spreading in the Worldwide". *Journal of Cardio-Thoracic Medicine*, 8(1), 563-564. 2020.
- Riou, J., Althaus, C. L. "Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019 novel coronavirus (2019-nCoV)". December 2019 to January 2020. *Euro surveillance : bulletin Européen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*, 25 abr. 2020.
- Rocha, J. E. C., Souza Júnior, G. N., Brito, S. R., Folador A. R. C., Ramos, R. T. J., Braga, M. D. B., Botelho, M. D. N. "Redes neurais artificiais na previsão de contágio e óbitos por covid-19: um estudo no estado do Pará, Brasil", *International Journal of Development Research*, 10(04), 35416-35421. 2020.
- Roser, M; Ritchie, H., Ortiz-Ospina, E., Hasell, J., "Coronavirus Pandemic (COVID-19)". *Our World in Data*. 2020. Disponível em: <https://ourworldindata.org/coronavirus>
- Saba, A. I., Elseikh, A. H. "Forecasting the prevalence of COVID-19 outbreak in Egypt using nonlinear autoregressive artificial neural networks". *Process Safety and Environmental Protection*, Volume 141, Pages 1-8. Set, 2020.
- Silva, I. N., Spati, D. H., Flauzino, R. A. "Redes Neurais Artificiais para Engenharia e Ciências Aplicadas" Curso Prático. Artliber. São Paulo. 2010
- Souza, R. C., Camargo, M. E. 2004. "Análise e Previsão de Séries Temporais: Os Modelos Arima". 2a. ed. Rio de Janeiro: Gráfica e Editora Regional.
- Wang, J., Tang, K., Feng, K., Lin, X., Lv, W., Chen, K., Wang, F. 2020. "High Temperature and High Humidity Reduce the Transmission of COVID-19" 9 Mar.
- Werbos, P. J. 1990. "Backpropagation through time: what it does and how to do it". *Proceedings of the IEEE*, v. 78, n. 10, p. 1550-1560
