

**Universidade de Pernambuco**  
**Programa de Pós-Graduação em Engenharia da Computação –**  
**PPGEC**

**Proposta de Tese de Doutorado**

**Área: Computação Inteligente / Reconhecimento de Padrões**

**Título: Arquiteturas profundas para modelagem, simulação e predição da distribuição espacial de doenças baseadas em vetores**

**Orientador: Wellington Pinheiro dos Santos ([wps@ecomp.poli.br](mailto:wps@ecomp.poli.br))**

**Coorientadora: Clarisse Lins de Lima ([clarisse.lins@ufpe.br](mailto:clarisse.lins@ufpe.br))**

**Descrição**

As epidemias de dengue clássica e da febre hemorrágica de dengue são consideradas como parte dos maiores problemas de Saúde Pública da segunda metade do século XX e do começo do século XXI. As mudanças demográficas e o intenso fluxo migratório das zonas rurais para as regiões urbanas geraram um crescimento desordenado das cidades. Isso combinado à ausência de boas condições de saneamento básico contribui para a proliferação do vetor, essencialmente em países tropicais e subtropicais. Devido às alterações climáticas e ao crescente número de voos internacionais, o Brasil viu surgir mais dois novos arbovírus para as Américas: a Chikungunya e o vírus Zika. Ferramentas que possam extrair informações de forma eficiente e eficaz das diversas bases de dados que os municípios e estados já detêm, tais como informações sobre infraestrutura, aspectos socioeconômicos e informações ambientais e climáticas, além do mapeamento dos índices de infestação, podem contribuir para a modelagem e construção de preditores de casos e locais infectados. Esses preditores podem apoiar a construção de políticas de controle de vetores por parte de gestores públicos de saúde e de entidades da sociedade civil organizada.

Diversos trabalhos mostram que vetores podem ser modelados por meio de métodos lineares e não lineares, usando sistemas de equações diferenciais e autômatos celulares. No entanto, essas técnicas de modelagem não se mostram efetivas para predição de casos e criadouros. Redes neurais artificiais profundas podem ser utilizadas para modelagem, simulação e predição da distribuição espaço-temporal tanto de vetores - como os mosquitos, no caso de arboviroses como a dengue, a febre chikungunya, a zika e a malária - quanto de casos da doença. Essas redes têm-se mostrado eficazes na resolução de problemas complexos de classificação, o que poderia auxiliar bastante na tarefa de modelagem, simulação e predição de casos e de criadouros, minimizando a necessidade de pré-processamento complexo. Contudo, essas redes tendem a exigir muita complexidade computacional no treinamento, além de consumir muita memória em aplicações de tempo real, o que faz com que a autonomia de sistemas inteligentes baseados em redes profundas seja limitada.

Neste trabalho o principal objetivo é construir modelos implícitos espaço-temporais, no contexto da Epidemiologia Digital, para modelagem, simulação e predição de casos e de criadouros para doenças transmitidas por vetores baseados em redes neurais artificiais profundas, que possam conjugar informações geográficas de casos, criadouros, variáveis climáticas, ambientais e socioeconômicas, utilizando uma abordagem de Internet das Coisas, com múltiplos sensores e bases de dados. Como estudos de caso, serão investigadas doenças cujo vetor sejam os mosquitos *Aedes aegypti*, transmissor da dengue, da chikungunya e da zika, e *Anopheles*, transmissor da malária.

**Referências Bibliográficas**

- FATIMA, Meherwar; PASHA, Maruf. Survey of machine learning algorithms for disease diagnostic. **Journal of Intelligent Learning Systems and Applications**, v. 9, n. 01, p. 1, 2017.
- BAQUERO, Oswaldo Santos; SANTANA, Lidia Maria Reis; CHIARAVALLLOTI-NETO, Francisco. Dengue forecasting in São Paulo city with generalized additive models, artificial neural networks and seasonal autoregressive integrated moving average models. **PLoS one**, v. 13, n. 4, p. e0195065, 2018.
- JAIMES-DUENEZ, Jeiczon et al. Spatio-temporal distribution of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) mitochondrial lineages in cities with distinct dengue incidence rates suggests complex population dynamics of the dengue vector in Colombia. **PLoS neglected tropical diseases**, v. 9, n. 4, p. e0003553, 2015.
- QIU, Xueheng et al. Ensemble deep learning for regression and time series forecasting. In: **2014 IEEE symposium on computational intelligence in ensemble learning (CIEL)**. IEEE, 2014. p. 1-6.