

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
DE SÃO PAULO
CÂMPUS SÃO PAULO**

| | |
|--------------------------------|-----------|
| GUILHERME MODESTO TURATO | SP3097846 |
| GUSTAVO DAIKI MORIMOTO CAMARGO | SP3097714 |
| PEDRO ENZO RODRIGUES SCIANNI | SP3096211 |
| RAFAEL CAIXETA VIEIRA ARAUJO | SP3094537 |

Análise de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) no ano de 2024.

São Paulo - SP

2024

IFSP- Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Câmpus São Paulo

| | |
|--------------------------------|-----------|
| GUILHERME MODESTO TURATO | SP3097846 |
| GUSTAVO DAIKI MORIMOTO CAMARGO | SP3097714 |
| PEDRO ENZO RODRIGUES SCIANNI | SP3096211 |
| RAFAEL CAIXETA VIEIRA ARAUJO | SP3094537 |

Análise de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) no ano de 2024.

Trabalho da disciplina de Estatística e Probabilidade apresentado ao curso de Análise e Desenvolvimento de Sistemas do Instituto Federal de São Paulo para a análise de Casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave em 2024.

Orientador: Josceli Maria Tenorio

São Paulo - SP

2024

Informações sobre os dados

O Ministério da Saúde (MS), através da Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS), é responsável pela vigilância da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) no Brasil desde a pandemia de Influenza A(H1N1)pdm09. Inicialmente focada na vigilância sentinela da Síndrome Gripal (SG), a vigilância de SRAG foi integrada à rede de monitoramento de Influenza e outros vírus respiratórios. Em 2020, a vigilância da COVID-19, doença causada pelo novo Coronavírus, responsável por uma pandemia global, também foi incorporada a esta rede de vigilância.

Há no portal dados de SRAG de 2009 até o presente (2024), incluindo agora a vigilância da COVID-19. Atualmente, o registro oficial de casos e óbitos por SRAG é realizado através do Sistema de Informação da Vigilância Epidemiológica da Gripe (SIVEP-Gripe).

O Ministério da Saúde publicou o Guia de Vigilância Epidemiológica para Emergências de Saúde Pública de Importância Nacional pela Doença pelo Coronavírus 2019, que contém informações sobre definições de casos, critérios de confirmação, encerramento de casos, entre outros aspectos relevantes.

É importante ressaltar que os dados de vigilância de SRAG apresentados estão sujeitos a modificações decorrentes de investigações epidemiológicas ou correções de erros, realizadas pelas equipes de vigilância nos diferentes níveis de gestão. Além disso, as bases de dados de SRAG disponibilizadas passam por um processo de tratamento que inclui a anonimização, conforme estipulado pela Lei 13.709/2018.

Sumário

| | |
|--|-----------|
| 1 - Introdução..... | 5 |
| 1.1 - Objetivo..... | 5 |
| 2 - Análise Estatística..... | 6 |
| 3 - Análise Probabilística..... | 10 |
| 4 - Teste de Hipótese..... | 13 |
| 5 - Referências..... | 14 |
| Anexo A..... | 16 |

1 - Introdução

Este relatório apresenta uma análise dos dados de Síndrome Respiratória Aguda Grave de 2021 a 2024, incluindo os casos ligados à Covid-19 disponibilizados pelo DATASUS, utilizando a linguagem de programação R.

O trabalho se dá no contexto da disciplina de Estatística e Probabilidade (ESP1A5), em que diferentes formas de análise de dados foram ensinadas para que fossem utilizadas na realização do presente projeto.

Nos dados analisados há diferentes informações, como sexo dos pacientes, idade, estado, tempo de sintomas, entre outros, como pode ser visto no Apêndice A.

1.1 - Objetivo

O objetivo do trabalho é de aplicar os conhecimentos obtidos ao longo da disciplina de Estatística e Probabilidade (ESP1A5). Para isso, foram feitas análise descritiva dos dados, análises de probabilidade e inferência.

2 - Análise Estatística

As bibliotecas utilizadas na realização do trabalho estão listadas a seguir na Figura 1.

Figura 1 - Bibliotecas utilizadas

```
install.packages("readr")
install.packages("readxl")
install.packages("ggplot2")
install.packages("dplyr")
install.packages("vcd")

library(readr)
library(readxl)
library(ggplot2)
library(dplyr)
library(readr)
library(vcd)
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Os códigos R utilizados para importar e tratar os dados estão listados a seguir na Figura 2.

Figura 2 - Importação e tratamento dos dados

```
#importando as bases de dados
dados <- read.csv("INFLUD24-17-06-2024.csv", sep = ";")

#TRATANDO OS DADOS
head(dados24)
str(dados)
dados$SG_UF_NOT <- factor(dados$SG_UF_NOT, levels = c("AC", "AL", "AP", "AM", "BA", "CE",
"DF", "ES", "GO", "MA", "MT", "MS", "MG", "PA", "PB", "PR", "PE", "PI", "RJ", "RN",
"RS", "RO", "RR", "SC", "SP", "SE", "TO"))
dados$CO_REGIONA <- as.character(dados$CO_REGIONA)
```

Fonte: Elaborado pelos autores.

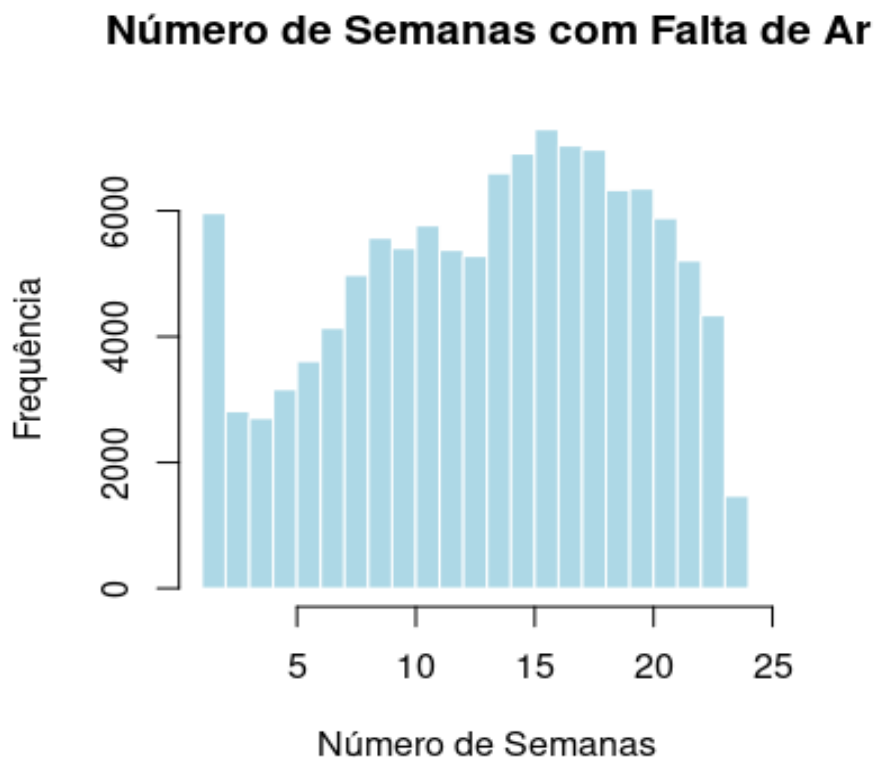
Na Figura 3, temos o código, e na Figura 4 o histograma por ele gerado que apresenta há quanto tempo (em número de semanas) os pacientes apresentavam falta de ar quando procuraram ajuda médica. Pode-se perceber que o número aumenta após a quinta semana, atingindo um pico entre a 15ª e a 20ª semana.

Figura 3 - Código da Figura 4

```
#quantas semanas após o sintomas o paciente foi atendido
hist(dados$SEM_PRI,
     breaks = "Sturges", # Método automático para determinar os intervalos dos bins
     col = "lightblue", # Cor de preenchimento dos bins
     border = "white", # Cor da borda dos bins
     main = "Número de semanas com falta de ar", # Título do histograma
     xlab = "Número de Semanas", # Rótulo do eixo x
     ylab = "Frequência" # Rótulo do eixo y
)
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Figura 4 - Histograma do número de semanas com falta de ar quando os pacientes procuraram ajuda médica.



Fonte: Elaborado pelos autores.

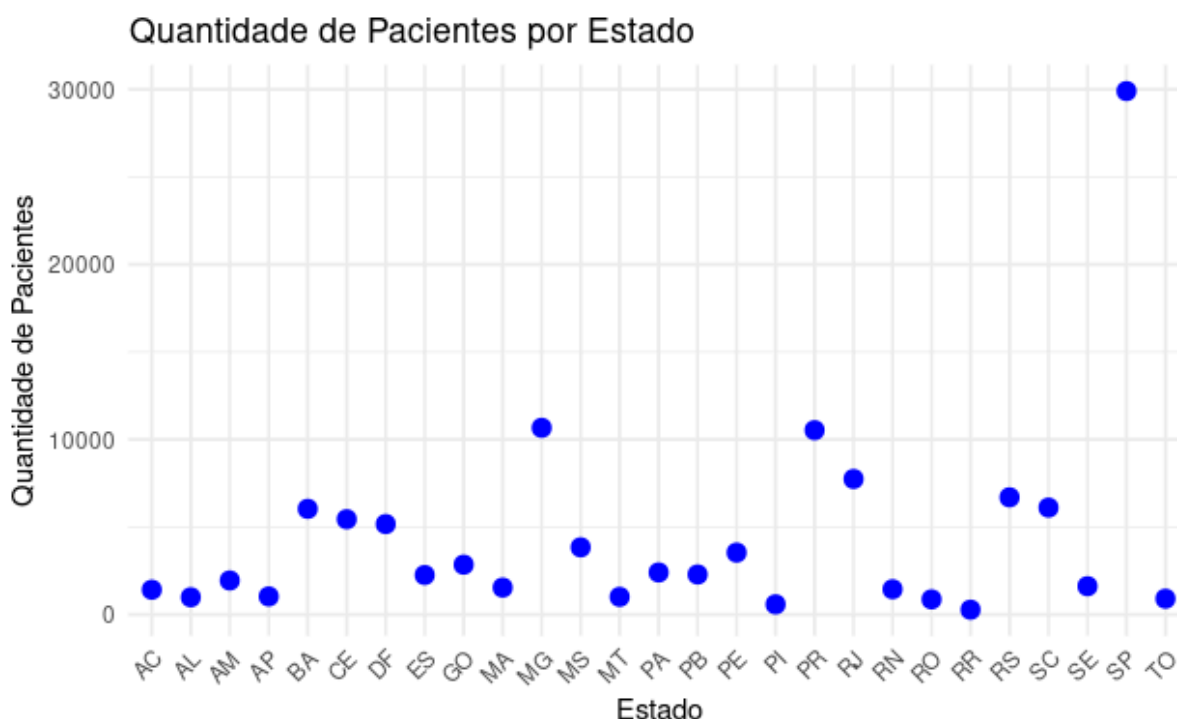
Posteriormente, foi elaborado um código (Figura 5) para gerar um gráfico (figura 6) com o número de ocorrências de SRAG por estados. Nele, pode-se observar que os estados com maior número de ocorrências, acima de 10.000, foram São Paulo, Paraná e Minas Gerais.

Figura 5: Código da distribuição de pacientes por estado

```
#gráfico de dispersão para expressar quantas ocorrências houveram em cada estado
ggplot(dados_estado, aes(x = SG_UF_NOT, y = Quantidade)) +
  geom_point(size = 3, color = "blue") + # Pontos azuis para representar os dados
  labs(title = "Quantidade de Pacientes por Estado", # Título do gráfico
       x = "Estado", y = "Quantidade de Pacientes") + # Rótulos dos eixos
  theme_minimal() + # Estilo do tema minimalista
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1)) # Ajuste do ângulo dos rótulos no eixo x
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Figura 6: Distribuição do número de pacientes por estado



Fonte: Elaborado pelos autores

Na Figura 7 podemos observar um código para gerar um histograma a partir de variáveis diferentes, mais especificamente, o número de homens e mulheres do estado de São Paulo que demoraram mais de 3 semanas para serem atendidos após início dos sintomas.

Figura 7 - Código para analisar dados sobre atendimento de homens e mulheres de SP.

```
#homens e mulheres quem são de SP de demoraram mais de 3 semanas para ir ao hospital após os sintomas

pacientes_sp_mais_3semanas <- subset(dados, SG_UF_NOT == "SP" & SEM_PRI > 3)

contagem_sexo <- table(pacientes_sp_mais_3semanas$CS_SEX0)

sexos <- c("M", "F")

contagem_sexo <- contagem_sexo[sexos]
contagem_sexo[is.na(contagem_sexo)] <- 0

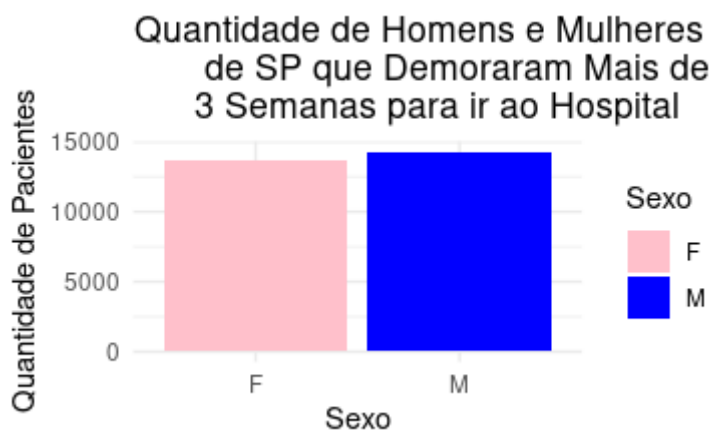
df_contagem <- data.frame(Sexo = names(contagem_sexo), Contagem = as.vector(contagem_sexo))

ggplot(data = df_contagem, aes(x = Sexo, y = Contagem, fill = Sexo)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  theme_minimal() +
  labs(title = "Quantidade de Homens e Mulheres
de SP que Demoraram Mais de
3 Semanas para ir ao Hospital",
x = "Sexo",
y = "Quantidade de Pacientes") +
  scale_fill_manual(values = c("M" = "blue", "F" = "pink"))
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Na Figura 8 podemos perceber que o número de homens e mulheres que levaram ao menos 3 semanas para serem atendidos após o início dos sintomas foi similar, entre 12.500 e 15.000.

Figura 8 - Histograma do número de Homens e Mulheres de SP que levaram ao menos 3 semanas para serem atendidos.



Fonte: Elaborado pelos autores

3 - Análise Probabilística

Na Figura 9, podemos observar código para gerar o histograma da probabilidade de um dado paciente ser do estado SP ou RJ.

Figura 9 - Código para gerar histograma da probabilidade do paciente ser de SP ou RJ.

```
#probabilidade do estado do paciente ser SP ou RJ

frequencia_estados <- table(dados$SG_UF_NOT)
prob_sp <- frequencia_estados["SP"] / sum(frequencia_estados)
prob_rj <- frequencia_estados["RJ"] / sum(frequencia_estados)

# Criando um data frame para facilitar a criação do gráfico
dados_prob_estado <- data.frame(Estado = c("SP", "RJ"),
                                Probabilidade = c(prob_sp, prob_rj))

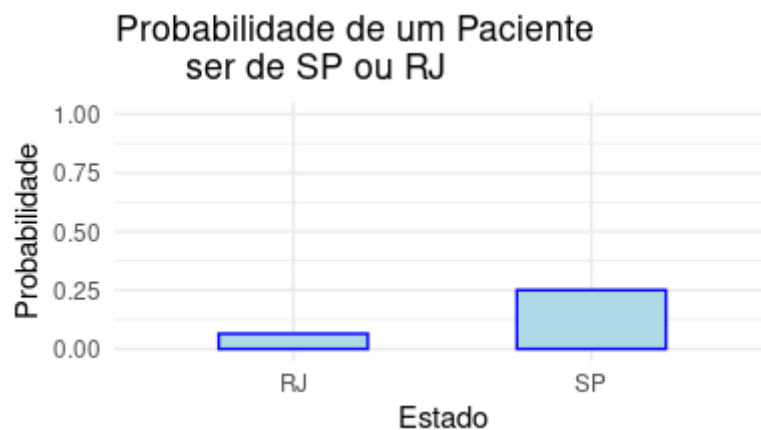
# Gráfico de barras da probabilidade de um paciente ser de SP ou RJ
library(ggplot2)

ggplot(dados_prob_estado, aes(x = Estado, y = Probabilidade)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "lightblue", color = "blue", width = 0.5) +
  labs(title = "Probabilidade de um Paciente
         ser de SP ou RJ",
        x = "Estado", y = "Probabilidade") +
  ylim(0, 1) + # Limitando o eixo y de 0 a 1 (probabilidade máxima)
  theme_minimal() # Estilo minimalista
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Na Figura 10, tem-se o histograma gerado pelo código da Figura 10. Nela, podemos notar que há uma chance de 25% aproximadamente de um dado paciente ser de SP, enquanto há uma chance inferior a 12,5% do paciente vir do estado de RJ.

Figura 10: Histograma de probabilidade de um paciente ser de SP ou RJ.



Fonte: Elaborado pelos autores

Na Figura 11, tem-se o código R com para a geração do histograma acerca da probabilidade de pacientes de SP e RJ buscarem ser atendidos após 3 semanas. Na Figura 12, podemos notar que essa probabilidade é alta em ambos os casos, sendo acima de 80%.

Figura 11: Código para geração do histograma de probabilidade dos pacientes de SP e RJ buscarem ajuda após 3 semanas de sintomas.

```
#qual a probabilidade dos pacientes que são de SP e RJ irem para o hospital após 3 semanas de sintomas.

pacientes_sp_apos_3semanas <- sum(dados$SG_UF_NOT == "SP" & dados$SEM_PRI > 3)
pacientes_rj_apos_3semanas <- sum(dados$SG_UF_NOT == "RJ" & dados$SEM_PRI > 3)

total_sp <- sum(dados$SG_UF_NOT == "SP")
total_rj <- sum(dados$SG_UF_NOT == "RJ")

prob1_sp <- pacientes_sp_apos_3semanas / total_sp
prob1_rj <- pacientes_rj_apos_3semanas / total_rj

cat("Probabilidade de pacientes de SP irem ao hospital após 3 semanas de sintomas:", prob_sp, "\n")
cat("Probabilidade de pacientes de RJ irem ao hospital após 3 semanas de sintomas:", prob_rj, "\n")

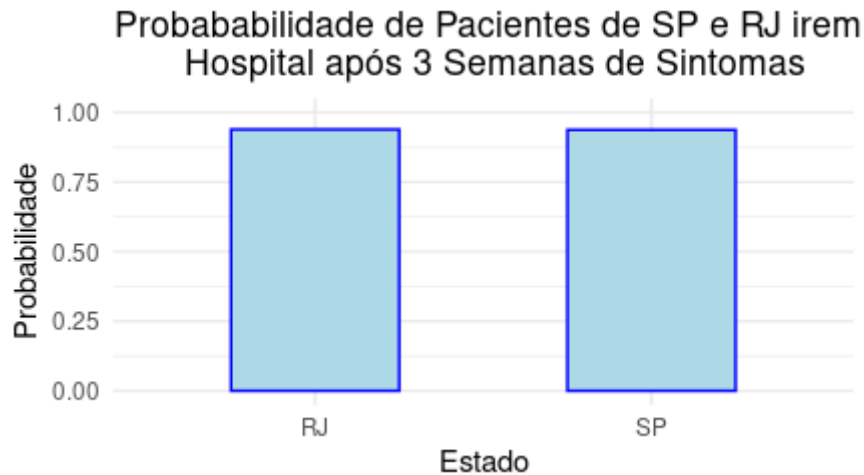
# Criando um data frame para facilitar a criação do gráfico
dados_prob1_estado <- data.frame(Estado = c("SP", "RJ"),
                                Probabilidade = c(prob1_sp, prob1_rj))

# Gráfico de barras da probabilidade de um paciente ser de SP ou RJ
library(ggplot2)

ggplot(dados_prob1_estado, aes(x = Estado, y = Probabilidade)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "lightblue", color = "blue", width = 0.5) +
  labs(title = "Probabilidade de Pacientes de SP e RJ
            irem ao Hospital após 3 Semanas
            de Sintomas",
        x = "Estado", y = "Probabilidade") +
  ylim(0, 1) + # Limitando o eixo y de 0 a 1 (probabilidade máxima)
  theme_minimal() # Estilo minimalista
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Figura 12: Histograma de probabilidade de Pacientes de SP e RJ irem ao hospital após 3 semanas de sintomas.



Fonte: Elaborado pelos autores

Por fim, na análise probabilística, tem-se a probabilidade que um dado paciente de SP que procure atendimento após 3 semanas ser do sexo masculino (Figura 12) e o código associado (figura 11). Nela, podemos perceber que há uma chance pouco superior a 50% de que o paciente em questão seja do sexo masculino.

Figura 11 - Código de geração do gráfico da probabilidade que um dado paciente de SP que busque ajuda médica após 3 semanas de sintomas ser do sexo masculino.

```
#Qual a probabilidade das pessoas que demoram mais de 3 semanas e vem de SP serem homens?
pacientes_sp_mais_3semanas <- subset(dados, SG_UF_NOT == "SP" & SEM_PRI > 3 & CS_SEX0 == "M")

total_sp_mais_3semanas <- sum(dados$SG_UF_NOT == "SP" & dados$SEM_PRI > 3)

probabilidade_sp_homem_mais_3semanas <- nrow(pacientes_sp_mais_3semanas) / total_sp_mais_3semanas

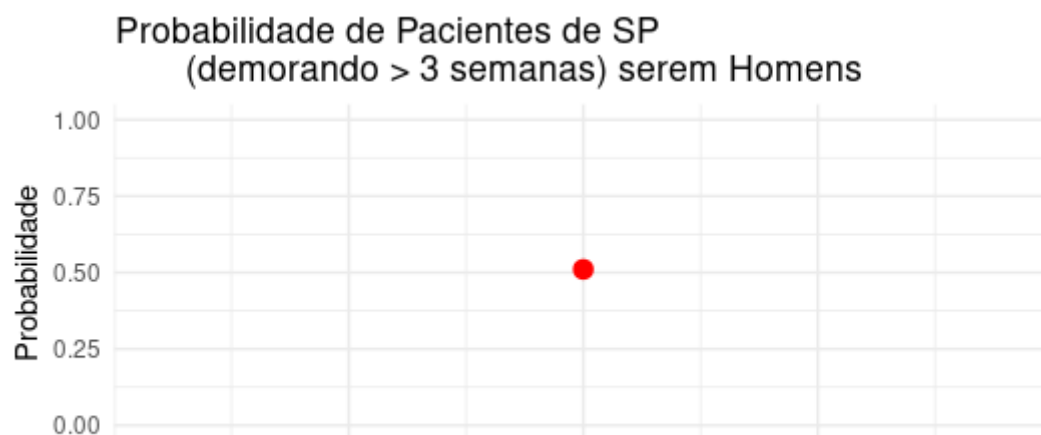
# Criando um data frame para o gráfico
dados_prob_homem_sp <- data.frame(Probabilidade = probabilidade_sp_homem_mais_3semanas)

# Gráfico de ponto da probabilidade dos pacientes de SP que demoram mais de 3 semanas serem homens
library(ggplot2)

ggplot(dados_prob_homem_sp, aes(x = 1, y = Probabilidade)) +
  geom_point(size = 3, color = "red") +
  labs(title = "Probabilidade de Pacientes de SP
  (demorando > 3 semanas) serem Homens",
  x = "", y = "Probabilidade") +
  ylim(0, 1) + # Limitando o eixo y de 0 a 1 (probabilidade máxima)
  theme_minimal() + # Estilo minimalista
  theme(axis.ticks.x = element_blank(), # Remover ticks do eixo x
  axis.text.x = element_blank()) # Remover rótulos do eixo x
```

Fonte: Elaborado pelos autores

Figura 12 - Gráfico da probabilidade que um um dado paciente de SP que busque ajuda médica após 3 semanas de sintomas ser do sexo masculino



Fonte: Elaborado pelos autores

4 - Teste de Hipótese

A seguir, foi realizado um teste de hipótese sobre se existe uma diferença significativa na quantidade média de semanas com sintomas (SEM_PRI) entre pacientes de São Paulo (SP) e do Rio de Janeiro (RJ) que foram hospitalizados por SRAG.

No caso de uma hipótese nula (H_0), a média de semanas com sintomas de pacientes hospitalizados por SRAG em São Paulo seria igual àquela dos pacientes hospitalizados por SRAG no Rio, e diferente no caso de uma hipótese alternativa (H_1).

Foi constatado, como mostrado na Figura 13, que há uma diferença significativa no número de semanas com sintomas dos pacientes hospitalizados por SRAG nos dois estados.

Figura 13: Teste de Hipótese sobre a diferença no número de semanas com sintomas entre pacientes com SRAG nos estados de SP e RJ.

```
>
> teste_t <- t.test(dados_sp$SEM_PRI, dados_rj$SEM_PRI)
> print(teste_t)

Welch Two Sample t-test

data: dados_sp$SEM_PRI and dados_rj$SEM_PRI
t = -5.0019, df = 12015, p-value = 5.756e-07
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.5304244 -0.2317447
sample estimates:
mean of x mean of y
 13.13628  13.51737

>
> if (teste_t$p.value < 0.05) {
+   cat("Rejeitamos a hipótese nula: há uma diferença significativa na quantidade média de semanas com sintomas entre pacientes de SP e RJ.\n")
+ } else {
+   cat("Não rejeitamos a hipótese nula: não há diferença significativa na quantidade média de semanas com sintomas entre pacientes de SP e RJ.\n")
+ }
Rejeitamos a hipótese nula: há uma diferença significativa na quantidade média de semanas com sintomas entre pacientes de SP e RJ.
> |
```

Fonte: Elaborado pelos Autores

5 - Referências

SRAG 2021 a 2024 - Banco de Dados de Síndrome Respiratória Aguda Grave - incluindo dados da COVID-19. Disponível em:
<https://opendatasus.saude.gov.br/dataset/srag-2021-a-2024>. Acesso em: 20 jun. 2024.

Anexo A

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|----------------|
| DT_NOTIFIC | SEM_NOT | DT_SIN_PRI | SEM_PRI |
| Length:119144 | Min. : 1.00 | Length:119144 | Min. : 1.00 |
| Class :character | 1st Qu.:10.00 | Class :character | 1st Qu.: 9.00 |
| Mode :character | Median :15.00 | Mode :character | Median :14.00 |
| | Mean :14.39 | | Mean :13.54 |
| | 3rd Qu.:19.00 | | 3rd Qu.:18.00 |
| SG_UF_NOT | ID_REGIONA | CO_REGIONA | |
| SP :29894 | Length:119144 | Length:119144 | |
| MG :10665 | Class :character | Class :character | |
| PR :10530 | Mode :character | Mode :character | |
| RJ : 7745 | | | |
| RS : 6696 | | | |
| ID_MUNICIP | CO_MUN_NOT | ID_UNIDADE | |
| Length:119144 | Min. :110002 | Length:119144 | |
| Class :character | 1st Qu.:292740 | Class :character | |
| Mode :character | Median :351518 | Mode :character | |
| | Mean :343445 | | |
| | 3rd Qu.:410940 | | |
| CO_UNI_NOT | CS_SEXO | DT_NASC | |
| Min. : 418 | Length:119144 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:2081938 | Class :character | Class :character | |
| Median :2473478 | Mode :character | Mode :character | |
| Mean :3213167 | | | |
| 3rd Qu.:3528618 | | | |
| NU_IDADE_N | TP_IDADE | COD_IDADE | CS_GESTANT |
| Min. : -4.00 | Min. :1.000 | Length:119144 | Min. :0.000 |
| 1st Qu.: 3.00 | 1st Qu.:2.000 | Class :character | 1st Qu.:6.000 |
| Median : 9.00 | Median :3.000 | Mode :character | Median :6.000 |
| Mean : 30.08 | Mean :2.704 | | Mean :5.837 |
| 3rd Qu.: 64.00 | 3rd Qu.:3.000 | | 3rd Qu.:6.000 |
| CS_RACA | CS_ESCOL_N | ID_PAIS | CO_PAIS |
| Min. :1.00 | Min. :0.00 | Length:119144 | Min. : 1.000 |
| 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:2.00 | Class :character | 1st Qu.: 1.000 |
| Median :4.00 | Median :5.00 | Mode :character | Median : 1.000 |
| Mean :3.31 | Mean :5.11 | | Mean : 1.028 |
| 3rd Qu.:4.00 | 3rd Qu.:9.00 | | 3rd Qu.: 1.000 |
| SG_UF | ID_RG_RESI | CO_RG_RESI | |
| Length:119144 | Length:119144 | Min. :1331 | |

| | | | |
|------------------|------------------|---------------|------------------|
| Class :character | Class :character | 1st Qu.:1354 | |
| Mode :character | Mode :character | Median :1449 | |
| | | Mean :1627 | |
| | | 3rd Qu.:1550 | |
| ID_MN_RESI | CO_MUN_RES | CS_ZONA | SURTO_SG |
| Length:119144 | Min. :110001 | Min. :1.000 | Min. :1.00 |
| Class :character | 1st Qu.:292740 | 1st Qu.:1.000 | 1st Qu.:2.00 |
| Mode :character | Median :351500 | Median :1.000 | Median :2.00 |
| | Mean :343245 | Mean :1.174 | Mean :2.47 |
| | 3rd Qu.:411370 | 3rd Qu.:1.000 | 3rd Qu.:2.00 |
| NOSOCOMIAL | AVE_SUINO | FEBRE | TOSSE |
| Min. :1.000 | Min. :1.000 | Min. :1.000 | Min. :1.000 |
| 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:1.000 | 1st Qu.:1.000 |
| Median :2.000 | Median :2.000 | Median :1.000 | Median :1.000 |
| Mean :2.262 | Mean :2.965 | Mean :1.323 | Mean :1.202 |
| 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:1.000 |
| GARGANTA | DISPNEIA | DESC_RESP | SATURACAO |
| Min. :1.000 | Min. :1.000 | Min. :1.000 | Min. :1.000 |
| 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:1.000 | 1st Qu.:1.000 | 1st Qu.:1.000 |
| Median :2.000 | Median :1.000 | Median :1.000 | Median :1.000 |
| Mean :2.081 | Mean :1.307 | Mean :1.279 | Mean :1.422 |
| 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:1.000 | 3rd Qu.:2.000 |
| DIARREIA | VOMITO | OUTRO_SIN | OUTRO_DES |
| Min. :1.000 | Min. :1.000 | Min. :1.00 | Length:119144 |
| 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:1.00 | Class :character |
| Median :2.000 | Median :2.000 | Median :2.00 | Mode :character |
| Mean :1.968 | Mean :1.926 | Mean :1.75 | |
| 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.00 | |
| PUERPERA | FATOR_RISC | CARDIOPATI | HEMATOLOGI |
| Min. :1.00 | Min. :1.000 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:1.000 | 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:2.00 |
| Median :2.00 | Median :2.000 | Median :2.00 | Median :2.00 |
| Mean :2.06 | Mean :1.585 | Mean :1.57 | Mean :2.05 |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 |
| SIND_DOWN | HEPATICA | ASMA | DIABETES |
| Min. :1.00 | Min. :1.00 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:1.00 |
| Median :2.00 | Median :2.00 | Median :2.00 | Median :2.00 |
| Mean :2.04 | Mean :2.06 | Mean :1.87 | Mean :1.73 |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 |
| NEUROLOGIC | PNEUMOPATI | IMUNODEPRE | RENAL |

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|------------------|
| Min. :1.00 | Min. :1.00 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 |
| Median :2.00 | Median :2.00 | Median :2.00 | Median :2.00 |
| Mean :1.91 | Mean :1.91 | Mean :1.99 | Mean :1.99 |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 |
| OBESIDADE | OBES_IMC | OUT_MORBI | MORB_DESC |
| Min. :1.00 | Length:119144 | Min. :1.00 | Length:119144 |
| 1st Qu.:2.00 | Class :character | 1st Qu.:1.00 | Class :character |
| Median :2.00 | Mode :character | Median :1.00 | Mode :character |
| Mean :2.03 | | Mean :1.56 | |
| 3rd Qu.:2.00 | | 3rd Qu.:2.00 | |
| VACINA | DT_UT_DOSE | MAE_VAC | |
| Min. :1.00 | Length:119144 | Min. :1.00 | |
| 1st Qu.:2.00 | Class :character | 1st Qu.:2.00 | |
| Median :2.00 | Mode :character | Median :9.00 | |
| Mean :4.58 | | Mean :6.38 | |
| 3rd Qu.:9.00 | | 3rd Qu.:9.00 | |
| DT_VAC_MAE | M_AMAMENTA | DT_DOSEUNI | |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Length:119144 | |
| Class :character | 1st Qu.:1.00 | Class :character | |
| Mode :character | Median :2.00 | Mode :character | |
| | Mean :4.33 | | |
| | 3rd Qu.:9.00 | | |
| DT_1_DOSE | DT_2_DOSE | ANTIVIRAL | |
| Length:119144 | Length:119144 | Min. :1.000 | |
| Class :character | Class :character | 1st Qu.:2.000 | |
| Mode :character | Mode :character | Median :2.000 | |
| | | Mean :2.635 | |
| | | 3rd Qu.:2.000 | |
| TP_ANTIVIR | OUT_ANTIV | DT_ANTIVIR | |
| Min. :1.00 | Length:119144 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:1.00 | Class :character | Class :character | |
| Median :1.00 | Mode :character | Mode :character | |
| Mean :1.07 | | | |
| 3rd Qu.:1.00 | | | |
| HOSPITAL | DT_INTERNA | SG_UF_INTE | |
| Min. :1.000 | Length:119144 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:1.000 | Class :character | Class :character | |
| Median :1.000 | Mode :character | Mode :character | |
| Mean :1.042 | | | |
| 3rd Qu.:1.000 | | | |

| | | | |
|------------------|---------------|------------------|------------------|
| ID_RG_INTE | CO_RG_INTE | ID_MN_INTE | |
| Length:119144 | Min. :1331 | Length:119144 | |
| Class :character | 1st Qu.:1353 | Class :character | |
| Mode :character | Median :1449 | Mode :character | |
| | Mean :1583 | | |
| | 3rd Qu.:1533 | | |
| CO_MU_INTE | UTI | DT_ENTUTI | |
| Min. :110002 | Min. :1.000 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:292740 | 1st Qu.:1.000 | Class :character | |
| Median :351880 | Median :2.000 | Mode :character | |
| Mean :346407 | Mean :1.792 | | |
| 3rd Qu.:411370 | 3rd Qu.:2.000 | | |
| DT_SAIDUTI | SUPORT_VEN | RAIOX_RES | RAIOX_OUT |
| Length:119144 | Min. :1.000 | Min. :1.00 | Length:119144 |
| Class :character | 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:2.00 | Class :character |
| Mode :character | Median :2.000 | Median :5.00 | Mode :character |
| | Mean :2.414 | Mean :4.31 | |
| | 3rd Qu.:3.000 | 3rd Qu.:6.00 | |
| DT_RAIOX | AMOSTRA | DT_COLETA | TP_AMOSTRA |
| Length:119144 | Min. :1.000 | Length:119144 | Min. :1.000 |
| Class :character | 1st Qu.:1.000 | Class :character | 1st Qu.:1.000 |
| Mode :character | Median :1.000 | Mode :character | Median :1.000 |
| | Mean :1.057 | | Mean :1.155 |
| | 3rd Qu.:1.000 | | 3rd Qu.:1.000 |
| OUT_AMOST | PCR_RESUL | DT_PCR | POS_PCRFLU |
| Length:119144 | Min. :1.000 | Length:119144 | Min. :1.0 |
| Class :character | 1st Qu.:1.000 | Class :character | 1st Qu.:2.0 |
| Mode :character | Median :2.000 | Mode :character | Median :2.0 |
| | Mean :2.517 | | Mean :1.8 |
| | 3rd Qu.:4.000 | | 3rd Qu.:2.0 |
| TP_FLU_PCR | PCR_FLUASU | FLUASU_OUT | PCR_FLUBLI |
| Min. :1.00 | Min. :1.00 | Length:119144 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:2.00 | Class :character | 1st Qu.:3.00 |
| Median :1.00 | Median :3.00 | Mode :character | Median :3.00 |
| Mean :1.01 | Mean :2.47 | | Mean :3.04 |
| 3rd Qu.:1.00 | 3rd Qu.:3.00 | | 3rd Qu.:3.00 |
| FLUBLI_OUT | POS_PCROUT | PCR_VSR | PCR_PARA1 |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Min. :1 | Min. :1 |
| Class :character | 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 |
| Mode :character | Median :1.00 | Median :1 | Median :1 |
| | Mean :1.15 | Mean :1 | Mean :1 |

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|---------------|
| | 3rd Qu.:1.00 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 |
| PCR_PARA2 | PCR_PARA3 | PCR_PARA4 | PCR_ADENO |
| Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 |
| 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 |
| Median :1 | Median :1 | Median :1 | Median :1 |
| Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 |
| 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 |
| PCR_METAP | PCR_BOCA | PCR_RINO | PCR_OUTRO |
| Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 |
| 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 |
| Median :1 | Median :1 | Median :1 | Median :1 |
| Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 |
| 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 |
| DS_PCR_OUT | CLASSI_FIN | CLASSI_OUT | CRITERIO |
| Length:119144 | Min. :1.000 | Length:119144 | Min. :1.000 |
| Class :character | 1st Qu.:2.000 | Class :character | 1st Qu.:1.000 |
| Mode :character | Median :4.000 | Mode :character | Median :1.000 |
| | Mean :3.246 | | Mean :1.119 |
| | 3rd Qu.:4.000 | | 3rd Qu.:1.000 |
| EVOLUCAO | DT_EVOLUCA | DT_ENCERRA | |
| Min. :1.000 | Length:119144 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:1.000 | Class :character | Class :character | |
| Median :1.000 | Mode :character | Mode :character | |
| Mean :1.416 | | | |
| 3rd Qu.:1.000 | | | |
| DT_DIGITA | HISTO_VGM | PAIS_VGM | CO_PS_VGM |
| Length:119144 | Min. :0 | Mode:logical | Mode:logical |
| Class :character | 1st Qu.:0 | NA's:119144 | NA's:119144 |
| Mode :character | Median :0 | | |
| | Mean :0 | | |
| | 3rd Qu.:0 | | |
| LO_PS_VGM | DT_VGM | DT_RT_VGM | PCR_SARS2 |
| Mode:logical | Mode:logical | Mode:logical | Min. :1 |
| NA's:119144 | NA's:119144 | NA's:119144 | 1st Qu.:1 |
| | | | Median :1 |
| | | | Mean :1 |
| | | | 3rd Qu.:1 |
| PAC_COCBO | PAC_DSCBO | OUT_ANIM | |
| Length:119144 | Length:119144 | Length:119144 | |
| Class :character | Class :character | Class :character | |
| Mode :character | Mode :character | Mode :character | |

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|--------------|
| DOR_ABD | FADIGA | PERD_OLFT | PERD_PALA |
| Min. :1.00 | Min. :1.000 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:2.00 |
| Median :2.00 | Median :2.000 | Median :2.00 | Median :2.00 |
| Mean :2.11 | Mean :1.923 | Mean :2.28 | Mean :2.28 |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:2.00 |
| TOMO_RES | TOMO_OUT | DT_TOMO | TP_TES_AN |
| Min. :1.00 | Length:119144 | Length:119144 | Min. :1.00 |
| 1st Qu.:6.00 | Class :character | Class :character | 1st Qu.:2.00 |
| Median :6.00 | Mode :character | Mode :character | Median :2.00 |
| Mean :5.78 | | | Mean :1.94 |
| 3rd Qu.:6.00 | | | 3rd Qu.:2.00 |
| DT_RES_AN | RES_AN | POS_AN_FLU | TP_FLU_AN |
| Length:119144 | Min. :1.000 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| Class :character | 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:1.00 |
| Mode :character | Median :4.000 | Median :2.00 | Median :1.00 |
| | Mean :3.365 | Mean :1.94 | Mean :1.04 |
| | 3rd Qu.:5.000 | 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:1.00 |
| POS_AN_OUT | AN_SARS2 | AN_VSR | AN_PARA1 |
| Min. :1.00 | Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 |
| 1st Qu.:1.00 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 |
| Median :1.00 | Median :1 | Median :1 | Median :1 |
| Mean :1.32 | Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 |
| 3rd Qu.:1.00 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 |
| AN_PARA2 | AN_PARA3 | AN_ADENO | AN_OUTRO |
| Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 | Min. :1 |
| 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 | 1st Qu.:1 |
| Median :1 | Median :1 | Median :1 | Median :1 |
| Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 | Mean :1 |
| 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 | 3rd Qu.:1 |
| DS_AN_OUT | TP_AM_SOR | SOR_OUT | |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Length:119144 | |
| Class :character | 1st Qu.:2.00 | Class :character | |
| Mode :character | Median :9.00 | Mode :character | |
| | Mean :5.37 | | |
| | 3rd Qu.:9.00 | | |
| DT_CO_SOR | TP_SOR | OUT_SOR | |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Length:119144 | |
| Class :character | 1st Qu.:1.00 | Class :character | |

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|------------------|
| Mode :character | Median :1.00 | Mode :character | |
| | Mean :1.59 | | |
| | 3rd Qu.:2.00 | | |
| DT_RES | RES_IGG | RES_IGM | RES_IGA |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Min. :1.00 | Min. :1.00 |
| Class :character | 1st Qu.:4.00 | 1st Qu.:4.00 | 1st Qu.:4.00 |
| Mode :character | Median :4.00 | Median :4.00 | Median :4.00 |
| | Mean :4.02 | Mean :3.98 | Mean :4.09 |
| | 3rd Qu.:4.00 | 3rd Qu.:4.00 | 3rd Qu.:4.00 |
| ESTRANG | VACINA_COV | DOSE_1_COV | DOSE_2_COV |
| Min. :1.000 | Min. :1.000 | Length:119144 | Length:119144 |
| 1st Qu.:2.000 | 1st Qu.:1.000 | Class :character | Class :character |
| Median :2.000 | Median :2.000 | Mode :character | Mode :character |
| Mean :1.993 | Mean :1.707 | | |
| 3rd Qu.:2.000 | 3rd Qu.:2.000 | | |
| DOSE_REF | FAB_COV_1 | FAB_COV_2 | |
| Length:119144 | Length:119144 | Length:119144 | |
| Class :character | Class :character | Class :character | |
| Mode :character | Mode :character | Mode :character | |
| FAB_COVREF | LAB_PR_COV | LOTE_1_COV | |
| Length:119144 | Length:119144 | Length:119144 | |
| Class :character | Class :character | Class :character | |
| Mode :character | Mode :character | Mode :character | |
| LOTE_2_COV | LOTE_REF | FNT_IN_COV | |
| Length:119144 | Length:119144 | Min. :1.000 | |
| Class :character | Class :character | 1st Qu.:2.000 | |
| Mode :character | Mode :character | Median :2.000 | |
| | | Mean :1.948 | |
| | | 3rd Qu.:2.000 | |
| DOSE_2REF | FAB_COVRF2 | LOTE_REF2 | |
| Length:119144 | Length:119144 | Length:119144 | |
| Class :character | Class :character | Class :character | |
| Mode :character | Mode :character | Mode :character | |
| TRAT_COV | TIPO_TRAT | OUT_TRAT | DT_TRT_COV |
| Min. :1.00 | Min. :1.00 | Length:119144 | Mode:logical |

| | | | |
|------------------|------------------|------------------|------------------|
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:3.00 | Class :character | NA's:119144 |
| Median :2.00 | Median :3.00 | Mode :character | |
| Mean :2.82 | Mean :2.59 | | |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:3.00 | | |
| CO_DETEC | VG_OMS | VG_OMSOUT | |
| Min. :1.00 | Min. :1.00 | Length:119144 | |
| 1st Qu.:2.00 | 1st Qu.:1.00 | Class :character | |
| Median :2.00 | Median :1.00 | Mode :character | |
| Mean :2.48 | Mean :3.57 | | |
| 3rd Qu.:2.00 | 3rd Qu.:7.00 | | |
| VG_LIN | VG_MET | VG_METOUT | VG_DTRES |
| Length:119144 | Min. :1.00 | Length:119144 | Mode:logical |
| Class :character | 1st Qu.:1.00 | Class :character | NA's:119144 |
| Mode :character | Median :3.00 | Mode :character | |
| | Mean :2.24 | | |
| | 3rd Qu.:3.00 | | |
| VG_ENC | VG_REINF | REINF | FAB_ADIC |
| Min. :1.00 | Mode:logical | Min. :2 | Length:119144 |
| 1st Qu.:1.00 | NA's:119144 | 1st Qu.:2 | Class :character |
| Median :3.00 | | Median :2 | Mode :character |
| Mean :2.74 | | Mean :2 | |
| 3rd Qu.:5.00 | | 3rd Qu.:2 | |
| LOT_RE_BI | FAB_RE_BI | DOSE_ADIC | |
| Length:119144 | Length:119144 | Length:119144 | |
| Class :character | Class :character | Class :character | |
| Mode :character | Mode :character | Mode :character | |
| DOS_RE_BI | LOTE_ADIC | TABAG | CASO_SRAG |
| Length:119144 | Length:119144 | Mode:logical | Min. :0.000 |
| Class :character | Class :character | NA's:119144 | 1st Qu.:1.000 |
| Mode :character | Mode :character | | Median :1.000 |
| | | | Mean :0.751 |
| | | | 3rd Qu.:1.000 |