

Análises do SIVEP-Gripe casos de H1N1 e COVID-19

08/06/2021

Nesse relatório analisaremos algumas variáveis nas pandemias de H1N1 e da COVID-19. Além disso, nosso foco será comparar dentro dessas pandemias os grupos de gestantes versus não gestantes. E por último, faremos uma breve análise dentro do grupo de gestantes nas duas pandemias (ideia para o 2º artigo).

A base de dados da pandemia de H1N1 utilizada foi a base SIVEP-Gripe (Sistema de Informação da Vigilância Epidemiológica da Gripe) de 2009 e de 2010 filtrada com os casos confirmados para H1N1 e teste pcr positivo, de mulheres em idade fértil (10 a 49 anos) gestantes e não gestantes, entre maio de 2009 a maio de 2010.

Já os dados da pandemia de COVID-19 foram obtidos a partir da filtragem da base de dados SIVEP-Gripe (Sistema de Informação da Vigilância Epidemiológica da Gripe) de 2020 e de 2021, com os casos confirmados para COVID-19, de mulheres em idade fértil (10 a 49 anos) gestantes e não gestantes, entre março de 2020 a março de 2021.

Inicialmente, iremos fazer uma breve análise dos critérios de diagnósticos utilizados na pandemia de COVID-19 e H1N1. Para essa análise, inicialmente a base de dados não terá o filtro de PCR positivo para covid-19 e para H1N1.

```
#tabela de frequencia para resultado do PCR base COVID
questionr::freq(
  dados_covid_sempcr$criterio,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Critério base Covid-19", digits = 2)
```

```
#tabela de frequencia para resultado do PCR base H1N1
questionr::freq(
  dados_h1n1_sempcr$criterio,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Critério base H1N1", digits = 2)
```

Table 1: Tabela de frequências para Critério base Covid-19

	n	%
Clínico	3126	2.9
Laboratorial	95290	89.5
NA	8080	7.6
Total	106496	100.0

Table 2: Tabela de frequências para Critério base H1N1

	n	%
Clínico	25881	73.5
Laboratorial	9207	26.1
NA	126	0.4
Total	35214	100.0

Table 3: Tabela de frequências para Critério base Covid-19 com filtro pcr positivo

	n	%
Clínico	384	0.6
Laboratorial	67415	96.9
NA	1808	2.6
Total	69607	100.0

Agora filtrando o pcr positivo para covid e h1n1 nas basea de dados, vamos observar a frequencia da variável critério ja filtrada para os casos de pcr positivo para covid-19 e H1N1.

```
#tabela de frequencia para resultado do PCR base COVID
questionr::freq(
  dados_covid$criterio,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Critério base Covid-19 com filtro pcr positivo", digits =
```

```
#tabela de frequencia para resultado do PCR base H1N1
questionr::freq(
  dados_h1n1$criterio,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Critério base H1N1 com filtro pcr positivo", digits = 2)
```

Como observado nas tabelas existem algumas observações que tem como resposta critério clínico, sendo essas mesmas observações com resposta positivo para covid-19 e H1N1.

Será que poderíamos considerar apenas os casos para *critério=="laboratorial"*?

Table 4: Tabela de frequências para Critério base H1N1 com filtro pcr positivo

	n	%
Clínico	39	0.4
Laboratorial	8785	99.2
NA	30	0.3
Total	8854	100.0

Variáveis de caracterização

Agora, iremos analisar as variáveis de caracterização contidas em ambas as bases (H1N1 e COVID-19), sendo elas: Idade, raça e faixa etária.

Idade

H1N1

```
## H1N1
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(idade = NU_IDADE_N - round(NU_IDADE_N, -2))
```

Descritiva :

```
datasummary((gestante_SN) ~ idade*(n+media+DP+mediana+minimo+maximo+q25+q75+IQR),
  data = dados_h1n1, output = 'markdown')
```

	n	media	DP	mediana	minimo	maximo	q25	q75	IQR
não	6070.00	26.87	10.67	26.00	10.00	49.00	18.00	35.00	17.00
sim	2784.00	25.15	6.12	25.00	10.00	49.00	21.00	29.00	8.00

```
#teste t
t.test(idade ~ gestante_SN, data = dados_h1n1)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: idade by gestante_SN
## t = 9.5691, df = 8435.1, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 1.364875 2.068135
## sample estimates:
## mean in group não mean in group sim
## 26.86952 25.15302
```

```
#tamanho de efeito
cohens_d(NU_IDADE_N ~ as.factor(gestante_SN), data=dados_h1n1)
```

```
## Cohen's d | 95% CI
## -----
## 0.18 | [0.14, 0.23]
##
## - Estimated using pooled SD.
```

```
interpret_d(0.18, rules="cohen1988")
```

```
## [1] "very small"
## (Rules: cohen1988)
```

Covid-19

```
datasummary((gestante_SN) ~ NU_IDADE_N*(n+media+DP+mediana+minimo+maximo+q25+q75+IQR),
  data = dados_covid, output = 'markdown')
```

	n	media	DP	mediana	minimo	maximo	q25	q75	IQR
não	64224.00	38.17	8.27	40.00	10.00	49.00	33.00	45.00	12.00
sim	5383.00	30.03	6.86	30.00	10.00	49.00	25.00	35.00	10.00

```
#teste t
t.test(NU_IDADE_N ~ gestante_SN, data = dados_covid)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: NU_IDADE_N by gestante_SN
## t = 82.22, df = 6767.5, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 7.945794 8.333941
## sample estimates:
## mean in group não mean in group sim
## 38.17442 30.03455
```

```
#tamanho de efeito de ed cohen
cohens_d(NU_IDADE_N ~ as.factor(gestante_SN), data=dados_covid)
```

```
## Cohen's d | 95% CI
## -----
## 1.00 | [1.10, 1.10]
##
## - Estimated using pooled SD.
```

```
interpret_d(1.00, rules="cohen1988")
```

```
## [1] "large"
## (Rules: cohen1988)
```

Faixa etária

H1N1

```

#Faixa etária
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(
    faixa_et = case_when(
      NU_IDADE_N <= 4019 ~ "<20",
      NU_IDADE_N >= 4020
      & NU_IDADE_N <= 4034 ~ "20-34",
      NU_IDADE_N > 4034 ~ ">=35",
      TRUE ~ NA_character_
    )
  )
dados_h1n1$faixa_et <-
  factor(dados_h1n1$faixa_et, levels = c("<20", "20-34", ">=35"))

#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(faixa_et, gestante_SN, prop = "c", useNA = "no", chisq = TRUE))

```

```

## Cross-Tabulation, Column Proportions
## faixa_et * gestante_SN
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      gestante_SN      não      sim      Total
## faixa_et
##      <20      1722 ( 28.4%)      499 ( 17.9%)      2221 ( 25.1%)
##      20-34      2783 ( 45.8%)      2052 ( 73.7%)      4835 ( 54.6%)
##      >=35      1565 ( 25.8%)      233 (  8.4%)      1798 ( 20.3%)
##      Total      6070 (100.0%)      2784 (100.0%)      8854 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      639.2557    2      0
## -----

```

```

#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$faixa_et))

```

```

## Cramer V
##      0.2687

```

Covid-19

```

#Faixa etária
dados_covid <- dados_covid %>%

```

```

mutate(
  faixa_et = case_when(
    NU_IDADE_N <= 19 ~ "<20",
    NU_IDADE_N >= 20
    & NU_IDADE_N <= 34 ~ "20-34",
    NU_IDADE_N > 34 ~ ">=35",
    TRUE ~ NA_character_
  )
)
dados_covid$faixa_et <-
  factor(dados_covid$faixa_et, levels = c("<20", "20-34", ">=35"))

#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(faixa_et, gestante_SN, prop = "c", useNA = "no", chisq = TRUE))

## Cross-Tabulation, Column Proportions
## faixa_et * gestante_SN
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##      gestante_SN      não      sim      Total
## faixa_et
##      <20      1731 ( 2.7%)    339 ( 6.3%)    2070 ( 3.0%)
##      20-34    17279 ( 26.9%)   3559 ( 66.1%)   20838 ( 29.9%)
##      >=35     45214 ( 70.4%)   1485 ( 27.6%)   46699 ( 67.1%)
##      Total      64224 (100.0%)   5383 (100.0%)   69607 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##    4124.593    2      0
## -----

#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$faixa_et))

## Cramer V
##    0.2434

```

Cor

H1N1

```

#Tabela de frequÃªncia para RaÃ§Ãªs
questionr::freq(

```

Table 7: Tabela de frequências para Raça

	n	%
Amarela	70	0.8
Branca	6119	69.1
Indigena	27	0.3
Parda	1495	16.9
Preta	380	4.3
NA	763	8.6
Total	8854	100.0

```
dados_h1n1$raca,
cum = FALSE,
total = TRUE,
na.last = FALSE,
valid = FALSE
) %>%
kable(caption = "Tabela de frequências para Raça", digits = 2)
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(raca, gestante_SN, prop="c", useNA = "no", chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## raca * gestante_SN
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##          gestante_SN          não          sim          Total
##          raca
##          Amarela          53 ( 0.9%)          17 ( 0.7%)          70 ( 0.9%)
##          Branca          4446 ( 79.4%)          1673 ( 67.1%)          6119 ( 75.6%)
##          Indigena          21 ( 0.4%)           6 ( 0.2%)          27 ( 0.3%)
##          Parda          872 ( 15.6%)          623 ( 25.0%)          1495 ( 18.5%)
##          Preta          205 ( 3.7%)          175 ( 7.0%)          380 ( 4.7%)
##          Total          5597 (100.0%)          2494 (100.0%)          8091 (100.0%)
## -----
```

Como existem caselas proximas de 5 iremos fazer um teste exato de Fisher :

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados_h1n1$raca, dados_h1n1$gestante_SN, simulate.p.value = TRUE)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data with simulated p-value (based on
## 2000 replicates)
##
## data: dados_h1n1$raca and dados_h1n1$gestante_SN
## p-value = 0.0004998
## alternative hypothesis: two.sided
```

Table 8: Tabela de frequências para Raça

	n	%
Amarela	695	1.0
Branca	29743	42.7
Indigena	129	0.2
Parda	22233	31.9
Preta	3132	4.5
NA	13675	19.6
Total	69607	100.0

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$raca))
```

```
## Cramer V
## 0.1411
```

Covid-19

```
#Tabela de frequência para Raça
questionr::freq(
  dados_covid$raca,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Raça", digits = 2)
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(raca, gestante_SN, prop="c",useNA = "no",chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## raca * gestante_SN
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##          gestante_SN          não          sim          Total
##          raca
##          Amarela          643 ( 1.2%)          52 ( 1.2%)          695 ( 1.2%)
##          Branca          27815 ( 54.0%)          1928 ( 43.8%)          29743 ( 53.2%)
##          Indigena          112 ( 0.2%)          17 ( 0.4%)          129 ( 0.2%)
##          Parda          20117 ( 39.0%)          2116 ( 48.0%)          22233 ( 39.8%)
##          Preta          2839 ( 5.5%)          293 ( 6.7%)          3132 ( 5.6%)
```



```
##          Total                51526 (100.0%)    4406 (100.0%)    55932 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared    df    p.value
## -----
##      176.751      4        0
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$raca))
```

```
## Cramer V
## 0.05621
```

Deslocamento

Iremos criar uma variável que indicará se o paciente se locomoveu para atendimento

Covid-19

```
#Se mudança de município para atendimento
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(mudou_muni = case_when((CO_MUN_RES == CO_MU_INTE) &
                                !is.na(CO_MU_INTE) & !is.na(CO_MUN_RES) ~ "não",
                                (CO_MUN_RES != CO_MU_INTE) & !is.na(CO_MU_INTE) &
                                !is.na(CO_MUN_RES) ~ "sim",
                                TRUE ~ NA_character_
                              )
)
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, mudou_muni, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * mudou_muni
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##          mudou_muni                não                sim                Total
## gestante_SN
##      não                42351 (71.2%)    17109 (28.8%)    59460 (100.0%)
##      sim                 3272 (63.5%)     1879 (36.5%)     5151 (100.0%)
##      Total                45623 (70.6%)    18988 (29.4%)    64611 (100.0%)
## -----
```

```
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##    135.2216     1       0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      1.42       1.34       1.51
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.12       1.12       1.12
## -----
```

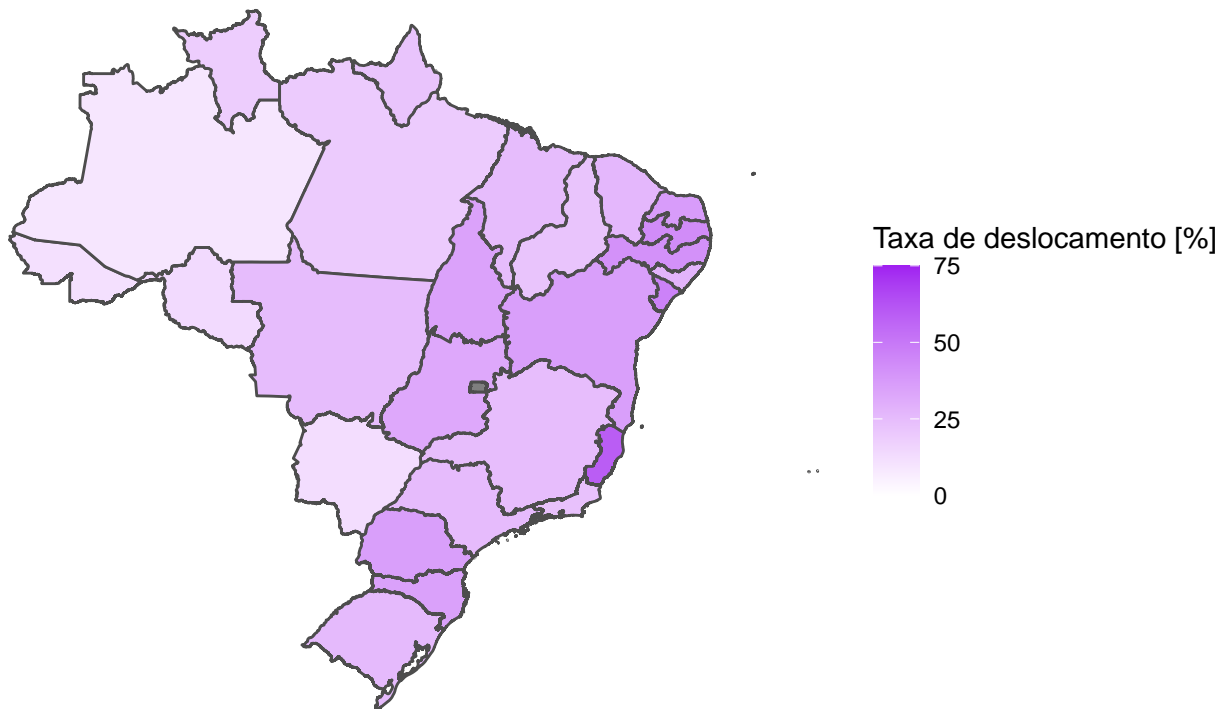
```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$mudou_muni))
```

```
## Cramer V
## 0.04581
```

Iremos fazer um mapa para visualizar a taxa de pessoas que se deslocam para atendimento por estados :

```
#Covid-19
d1 <- dados_covid
estado <- sort(unique(d1$SG_UF_NOT))
valor <- data.table(prop.table(table(d1$SG_UF_NOT,d1$mudou_muni),1))
valor <- valor[valor$V2=="sim",]
dt1_estadual <- data.frame("uf"=valor$V1,"T1"=valor$N*100)
dt <- rbind(c("AC",12), c("AL",27), c("AP",16), c("AM",13), c("BA",29),
            c("CE",23), c("DF",53), c("ES",32), c("GO",52), c("MA",21),
            c("MT",51), c("MS",50), c("MG",31), c("PA",15), c("PB",25),
            c("PR",41), c("PE",26), c("PI",22), c("RN",24), c("RS",43),
            c("RJ",33), c("RO",11), c("RR",14), c("SC",42), c("SP",35),
            c("SE",28), c("TO",17)) %>% data.table %>% `colnames<-`(c("uf","id"))
mapaUF <- readRDS("mapaUF.Rds")
dt1 <- full_join(dt, dt1_estadual, by = "uf")
ggplot(dt1) + geom_map(map = mapaUF, color = 'gray30', aes_string(map_id = "id", fill = "T1")) + geom_p
```

Casos de Covid-19



H1N1

```
#Se mudança de município para atendimento
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(mudou_muni = case_when((ID_MN_RESI == CO_MU_INTE) &
    !is.na(CO_MU_INTE) & !is.na(ID_MN_RESI) ~ "não",
    (ID_MN_RESI != CO_MU_INTE) & !is.na(CO_MU_INTE) &
    !is.na(ID_MN_RESI) ~ "sim",
    TRUE ~ NA_character_
  )
)

#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, mudou_muni, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * mudou_muni
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##      mudou_muni      não      sim      Total
## gestante_SN
```

```
##           não           2922 (79.7%)    745 (20.3%)    3667 (100.0%)
##           sim           1706 (78.4%)    471 (21.6%)    2177 (100.0%)
##           Total         4628 (79.2%)    1216 (20.8%)    5844 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      1.3632      1      0.243
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      1.08        0.95      1.23
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.02        1.02      1.02
## -----
```

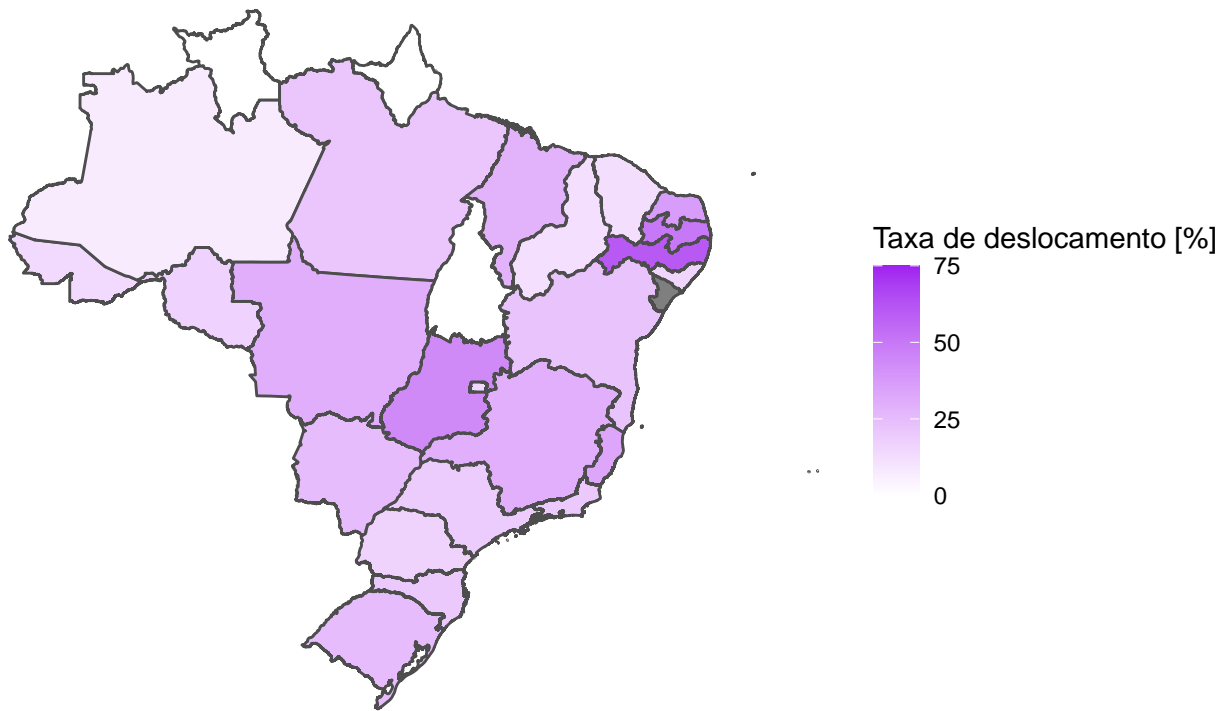
```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$mudou_muni))
```

```
## Cramer V
## 0.01571
```

Iremos fazer um mapa para visualizar a taxa de pessoas que se deslocam para atendimento por estados :

```
#H1N1
d1 <- dados_h1n1
valor <- data.table(prop.table(table(d1$SG_UF_NOT,d1$mudou_muni),1))
valor <- valor[valor$V2=="sim",]
dt1_estadual <- data.frame("id"=valor$V1,"T1"=valor$N*100)
dt <- rbind(c("AC",12), c("AL",27), c("AP",16), c("AM",13), c("BA",29),
            c("CE",23), c("DF",53), c("ES",32), c("GO",52), c("MA",21),
            c("MT",51), c("MS",50), c("MG",31), c("PA",15), c("PB",25),
            c("PR",41), c("PE",26), c("PI",22), c("RN",24), c("RS",43),
            c("RJ",33), c("RO",11), c("RR",14), c("SC",42), c("SP",35),
            c("SE",28), c("TO",17)) %>% data.table %>% `colnames<-`(c("uf","id"))
mapaUF <- readRDS("mapaUF.Rds")
dt1 <- full_join(dt, dt1_estadual, by = "id")
ggplot(dt1) + geom_map(map = mapaUF, color = 'gray30', aes_string(map_id = "id", fill = "T1")) + geom_p
```

Casos de H1N1



Agora iremos analisar os casos onde o paciente já foi vacinado ou não contra a gripe.

Vacina

H1N1

```
#Se tomou vacina anti-gripal
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(vacina = case_when(VACINA == 1 ~ "Sim",
                             VACINA == 2 ~ "Não",
                             TRUE ~ NA_character_)
)
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, vacina, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * vacina
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##              vacina              Não              Sim              Total
```

```
##   gestante_SN
##       não          4448 (89.0%)   549 (11.0%)   4997 (100.0%)
##       sim          2074 (95.0%)   110 ( 5.0%)   2184 (100.0%)
##       Total        6522 (90.8%)   659 ( 9.2%)   7181 (100.0%)
## -----
##
## -----
##   Chi.squared    df    p.value
## -----
##       63.84        1        0
## -----
##
## -----
##   Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##       0.43        0.35        0.53
## -----
##
## -----
##   Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##       0.94        0.94        0.94
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$vacina))
```

```
## Cramer V
## 0.09481
```

Covid-19

```
#Se tomou vacina anti-gripal
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(vacina = case_when(VACINA == 1 ~ "Sim",
                             VACINA == 2 ~ "Não",
                             TRUE ~ NA_character_)
  )
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, vacina, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * vacina
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
```

```
##          vacina          Não          Sim          Total
##  gestante_SN
##      não      23450 (76.8%)   7080 (23.2%)   30530 (100.0%)
##      sim      1539 (62.9%)    906 (37.1%)    2445 (100.0%)
##      Total    24989 (75.8%)   7986 (24.2%)   32975 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##    236.3533     1       0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      1.95      1.79      2.13
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      1.22      1.22      1.22
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$vacina))
```

```
## Cramer V
##    0.0848
```

Sintomas

Agora iremos analisar as variáveis dos sintomas das bases de covid-19 e H1N1.

Febre

H1N1

```
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(febre = case_when(FEBRE == 1 ~ "sim",
                           FEBRE == 2 ~ "não",
                           TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, febre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * febre
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      febre      não      sim      Total
## gestante_SN
##      não      211 (3.5%)  5817 (96.5%)  6028 (100.0%)
##      sim      169 (6.1%)  2589 (93.9%)  2758 (100.0%)
##      Total      380 (4.3%)  8406 (95.7%)  8786 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      30.9331    1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.56      0.45      0.68
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.57      0.57      0.57
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$febre))
```

```
## Cramer V
## 0.05994
```

COVID-19

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(febre = case_when(FEBRE == 1 ~ "sim",
                           FEBRE == 2 ~ "não",
                           TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, febre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```



```
## gestante_SN * febre
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##          febre          não          sim          Total
## gestante_SN
##      não      15954 (28.2%)  40533 (71.8%)  56487 (100.0%)
##      sim      1495 (31.9%)   3187 (68.1%)   4682 (100.0%)
##      Total    17449 (28.5%)  43720 (71.5%)  61169 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      28.649    1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      0.84      0.79      0.89
## -----
##
## -----
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      0.88      0.88      0.88
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$febre))
```

```
## Cramer V
## 0.02171
```

Tosse

H1N1

```
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(tosse = case_when(TOSSE == 1 ~ "sim",
                           TOSSE == 2 ~ "não",
                           TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, tosse, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * tosse
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##          tosse      não      sim      Total
## gestante_SN
##      não      231 (3.8%)  5795 (96.2%)  6026 (100.0%)
##      sim      107 (3.9%)  2650 (96.1%)  2757 (100.0%)
##      Total      338 (3.8%)  8445 (96.2%)  8783 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      0.0023      1  0.9618
## -----
##
## -----
## Odds Ratio  Lo - 95%  Hi - 95%
## -----
##      0.99      0.78      1.25
## -----
##
## -----
## Risk Ratio  Lo - 0%  Hi - 0%
## -----
##      0.99      0.99      0.99
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$tosse))
```

```
## Cramer V
## 0.001149
```

COVID-19

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(tosse = case_when(TOSSE == 1 ~ "sim",
                           TOSSE == 2 ~ "não",
                           TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, tosse, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```

```
## gestante_SN * tosse
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##           tosse           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           11165 (19.3%)    46729 (80.7%)    57894 (100.0%)
##           sim           1055 (21.7%)     3810 (78.3%)     4865 (100.0%)
##           Total         12220 (19.5%)    50539 (80.5%)    62759 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      16.337      1     1e-04
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.86      0.80      0.93
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.89      0.89      0.89
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$tosse))
```

```
## Cramer V
## 0.01621
```

Dispneia

H1N1

```
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(dispatcheia = case_when(DISPNIEIA == 1 ~ "sim",
                                   DISPNEIA == 2 ~ "não",
                                   TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, dispatcheia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * dispneia
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      dispneia      não      sim      Total
## gestante_SN
##      não      1835 (31.0%)  4088 (69.0%)  5923 (100.0%)
##      sim      764 (28.2%)  1945 (71.8%)  2709 (100.0%)
##      Total    2599 (30.1%)  6033 (69.9%)  8632 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      6.6886    1  0.0097
## -----
##
## -----
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      1.14      1.03      1.26
## -----
##
## -----
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      1.10      1.10      1.10
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$dispneia))
```

```
## Cramer V
## 0.02811
```

COVID-19

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(dispneia = case_when(DISPNIEIA == 1 ~ "sim",
                              DISPNEIA == 2 ~ "não",
                              TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, dispneia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```

```
## gestante_SN * dispnea
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##           dispnea           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           13041 (22.9%)   43792 (77.1%)   56833 (100.0%)
##           sim           1664 (35.5%)    3024 (64.5%)    4688 (100.0%)
##           Total         14705 (23.9%)   46816 (76.1%)   61521 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##    374.2403    1       0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.54      0.51      0.58
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.65      0.65      0.65
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$dispnea))
```

```
## Cramer V
## 0.07807
```

Dor de garganta

H1N1

```
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(garganta = case_when(GARGANTA == 1 ~ "sim",
                              GARGANTA == 2 ~ "não",
                              TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, garganta, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * garganta
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##           garganta           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           2546 (43.6%)   3299 (56.4%)   5845 (100.0%)
##           sim           1259 (47.7%)   1383 (52.3%)   2642 (100.0%)
##           Total         3805 (44.8%)   4682 (55.2%)   8487 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      12.1697    1    5e-04
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.85      0.77      0.93
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.91      0.91      0.91
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$garganta))
```

```
## Cramer V
## 0.03812
```

COVID-19

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(garganta = case_when(GARGANTA == 1 ~ "sim",
                              GARGANTA == 2 ~ "não",
                              TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, garganta, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```

```
## gestante_SN * garganta
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##           garganta           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           33103 (67.9%)   15665 (32.1%)   48768 (100.0%)
##           sim           2959 (71.8%)    1161 (28.2%)    4120 (100.0%)
##           Total         36062 (68.2%)   16826 (31.8%)   52888 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      27.0306    1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.83      0.77      0.89
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.95      0.95      0.95
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$vacina))
```

```
## Cramer V
##      0.0848
```

Diarreia

H1N1

```
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(diarreia = case_when(DIARREIA == 1 ~ "sim",
                              DIARREIA == 2 ~ "não",
                              TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, diarreia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * diarreia
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##           diarreia           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           4860 (85.5%)      824 (14.5%)      5684 (100.0%)
##           sim           2301 (90.2%)      250 ( 9.8%)      2551 (100.0%)
##           Total          7161 (87.0%)      1074 (13.0%)      8235 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      33.836      1       0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.64       0.55       0.74
## -----
##
## -----
## Risk Ratio     Lo - 0%     Hi - 0%
## -----
##      0.95       0.95       0.95
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$diarreia))
```

```
## Cramer V
## 0.06449
```

COVID-19

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(diarreia = case_when(DIARREIA == 1 ~ "sim",
                              DIARREIA == 2 ~ "não",
                              TRUE ~ NA_character_))
```

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, diarreia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```



```
## gestante_SN * diarreia
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##           diarreia           não           sim           Total
## gestante_SN
##           não           36680 (77.2%)   10838 (22.8%)   47518 (100.0%)
##           sim           3410 (85.4%)    581 (14.6%)    3991 (100.0%)
##           Total         40090 (77.8%)   11419 (22.2%)   51509 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##    144.7713    1       0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.58      0.53      0.63
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.90      0.90      0.90
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$diarreia))
```

```
## Cramer V
##    0.0531
```

Comorbidades

Iremos analisar as variáveis de comorbidades para as duas pandemias. Sendo essas: Cardiopatia, pneumopatia, renal, imunodepressão, hematologia e diabetes.

Para fazermos essa análise iremos organizar e rotular todas essas variáveis referentes as comorbidades.

```
## Base H1N1

dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(cardiopati = case_when(CARDIOPATI == 1 ~ "Sim",
                                CARDIOPATI == 2 ~ "Não",
                                TRUE ~ NA_character_))
```

```

dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(pneumopati = case_when(PNEUMOPATI == 1 ~ "Sim",
                                PNEUMOPATI == 2 ~ "Não",
                                TRUE ~ NA_character_))

dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(renal = case_when(RENAL == 1 ~ "Sim",
                           RENAL == 2 ~ "Não",
                           TRUE ~ NA_character_))

dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(imunodepre = case_when(IMUNODEPRE == 1 ~ "Sim",
                                 IMUNODEPRE == 2 ~ "Não",
                                 TRUE ~ NA_character_))

dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(hematologi = case_when(HEMOGLOBI == 1 ~ "Sim",
                                 HEMOGLOBI == 2 ~ "Não",
                                 TRUE ~ NA_character_))

# Base do COVID

dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(cardiopati = case_when(CARDIOPATI == 1 ~ "Sim",
                                CARDIOPATI == 2 ~ "Não",
                                TRUE ~ NA_character_))

dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(pneumopati = case_when((PNEUMOPATI == 1 | ASMA == 1) ~ "Sim",
                                (PNEUMOPATI == 2 | ASMA == 2) ~ "Não",
                                TRUE ~ NA_character_))

dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(renal = case_when(RENAL == 1 ~ "Sim",
                           RENAL == 2 ~ "Não",
                           TRUE ~ NA_character_))

dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(imunodepre = case_when(IMUNODEPRE == 1 ~ "Sim",
                                 IMUNODEPRE == 2 ~ "Não",
                                 TRUE ~ NA_character_))

dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(hematologi = case_when(HEMATOLOGI == 1 ~ "Sim",
                                 HEMATOLOGI == 2 ~ "Não",
                                 TRUE ~ NA_character_))

```

Com nossa base já estruturada, iremos fazer uma breve análise dessas variáveis.

Cardiopatia

H1N1:

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, cardiopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * cardiopati
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      cardiopati      Não      Sim      Total
##  gestante_SN
##      não      5429 (97.1%)    163 (2.9%)    5592 (100.0%)
##      sim      2432 (98.5%)     38 (1.5%)    2470 (100.0%)
##      Total      7861 (97.5%)    201 (2.5%)    8062 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##      12.7914     1     3e-04
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      0.52       0.36       0.74
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      0.99       0.99       0.99
## -----

#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$cardiopati))

## Cramer V
## 0.0407
```

COVID-19:

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, cardiopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * cardiopati
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
##      gestante_SN      cardiopati      Não      Sim      Total
##      não      13141 (57.2%)      9825 (42.8%)      22966 (100.0%)
##      sim      1421 (81.3%)      327 (18.7%)      1748 (100.0%)
##      Total      14562 (58.9%)      10152 (41.1%)      24714 (100.0%)
## -----
##
## -----
##      Chi.squared      df      p.value
## -----
##      387.941      1      0
## -----
##
## -----
##      Odds Ratio      Lo - 95%      Hi - 95%
## -----
##      0.31      0.27      0.35
## -----
##
## -----
##      Risk Ratio      Lo - 0%      Hi - 0%
## -----
##      0.70      0.70      0.70
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$cardiopati))
```

```
## Cramer V
## 0.1254
```

Pneumopatia

H1N1:

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, pneumopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * pneumopati
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      pneumopati      Não      Sim      Total
## gestante_SN
##      não      5185 (92.6%)  417 (7.4%)  5602 (100.0%)
##      sim      2346 (95.3%)  116 (4.7%)  2462 (100.0%)
##      Total      7531 (93.4%)  533 (6.6%)  8064 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      20.2427    1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.61      0.50      0.76
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.97      0.97      0.97
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$pneumopati))
```

```
## Cramer V
## 0.05064
```

COVID-19:

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, pneumopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * pneumopati
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
```

```
##          pneumopati          Não          Sim          Total
##  gestante_SN
##      não          17015 (82.0%)   3728 (18.0%)   20743 (100.0%)
##      sim           1500 (86.6%)    233 (13.4%)    1733 (100.0%)
##      Total        18515 (82.4%)   3961 (17.6%)   22476 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##      22.2714     1       0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      0.71       0.61     0.82
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      0.95       0.95     0.95
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$pneumopati))
```

```
## Cramer V
## 0.0317
```

Renal

H1N1:

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, renal, prop = "r", useNA = "no", chisq = FALSE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * renal
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##          renal          Não          Sim          Total
##  gestante_SN
##      não          5521 ( 98.8%)   66 (1.2%)   5587 (100.0%)
##      sim           2456 ( 99.6%)   10 (0.4%)   2466 (100.0%)
```

```
##           Total           7977 ( 99.1%)    76 (0.9%)    8053 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.34      0.17      0.66
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.99      0.99      0.99
## -----
```

Como existem caselas muito proximas de 5 iremos fazer um teste exato de Fisher

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados_h1n1$renal, dados_h1n1$gestante_SN)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:  dados_h1n1$renal and dados_h1n1$gestante_SN
## p-value = 0.0006227
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.1558760 0.6680346
## sample estimates:
## odds ratio
##  0.3406406
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$renal))
```

```
## Cramer V
##  0.03698
```

COVID-19:

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, renal, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * renal
## Data Frame: dados_covid
##
```

```
##
## -----
##           renal           Não           Sim           Total
##  gestante_SN
##      não           18233 (92.1%)    1563 (7.9%)    19796 (100.0%)
##      sim           1614 (97.9%)      35 (2.1%)     1649 (100.0%)
##      Total         19847 (92.5%)    1598 (7.5%)    21445 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##      72.7285     1     0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      0.25       0.18     0.35
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      0.94       0.94     0.94
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$renal))
```

```
## Cramer V
## 0.05857
```

Imunodepressão

H1N1:

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, imunodepre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * imunodepre
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##           imunodepre           Não           Sim           Total
##  gestante_SN
```



```
##           não           5414 (96.8%)   177 (3.2%)   5591 (100.0%)
##           sim           2423 (98.1%)    47 (1.9%)   2470 (100.0%)
##           Total         7837 (97.2%)   224 (2.8%)   8061 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##      9.6528      1   0.0019
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.59      0.43      0.82
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.99      0.99      0.99
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$imunodepre))
```

```
## Cramer V
## 0.03542
```

COVID-19:

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, imunodepre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * imunodepre
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##           imunodepre           Não           Sim           Total
## gestante_SN
##      não           18059 (90.5%)   1885 (9.5%)   19944 (100.0%)
##      sim           1602 (96.9%)    52 (3.1%)   1654 (100.0%)
##      Total         19661 (91.0%)   1937 (9.0%)   21598 (100.0%)
## -----
##
## -----
```

```
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      73.6598    1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.31      0.23      0.41
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.93      0.93      0.93
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$imunodepre))
```

```
## Cramer V
## 0.0587
```

Hematologia

H1N1:

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, hematologi, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * hematologi
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##      hematologi      Não      Sim      Total
## gestante_SN
##      não      5556 (99.5%)    28 (0.5%)    5584 (100.0%)
##      sim      2447 (99.4%)    14 (0.6%)    2461 (100.0%)
##      Total      8003 (99.5%)    42 (0.5%)    8045 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      0.0479    1  0.8267
## -----
```

```
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      1.14         0.60      2.16
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.00         1.00      1.00
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$hematologi))
```

```
## Cramer V
## 0.004312
```

COVID-19:

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, hematologi, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * hematologi
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##          hematologi      Não      Sim      Total
## gestante_SN
##      não      19050 (97.2%)    557 (2.8%)    19607 (100.0%)
##      sim      1632 (98.4%)     26 (1.6%)    1658 (100.0%)
##      Total    20682 (97.3%)    583 (2.7%)    21265 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df    p.value
## -----
##      8.8149    1      0.003
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.54         0.37      0.81
## -----
```

```
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.99      0.99      0.99
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$hematologi))
```

```
## Cramer V
## 0.0209
```

Critério de Gravidade

Iremo analisar agora, a gravidade dos casos. Para isso, foi levado em consideração casos graves aqueles que houveram internação, e casos menos graves aqueles os quais não houveram internação.

Como ponto inicial, criamos uma variável de gravidade.

```
# PARA a base do H1N1
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(gravidade = factor(case_when(HOSPITAL == 1 ~ "internou",
                                       HOSPITAL == 2 ~ "não internou",
                                       TRUE ~ NA_character_)))
dados_h1n1$gravidade <- relevel(
  dados_h1n1$gravidade,
  ref = "não internou"
)
# PARA a base do COVID
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(gravidade = factor(case_when(HOSPITAL == 1 ~ "internou",
                                       HOSPITAL == 2 ~ "não internou",
                                       TRUE ~ NA_character_)))
dados_covid$gravidade <- relevel(
  dados_covid$gravidade,
  ref = "não internou"
)
```

Agora, iremos analisar a taxa de casos com internação e não internação

H1N1

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, gravidade, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * gravidade
## Data Frame: dados_h1n1
##
##
## -----
##      gravidade   não internou      internou      Total
## gestante_SN
##      não      2166 (36.9%)   3698 (63.1%)   5864 (100.0%)
##      sim      535 (19.6%)    2190 (80.4%)   2725 (100.0%)
##      Total    2701 (31.4%)   5888 (68.6%)   8589 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##    257.6111    1     0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      2.40      2.15      2.67
## -----
##
## -----
## Risk Ratio     Lo - 0%     Hi - 0%
## -----
##      1.88      1.88      1.88
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$gravidade))
```

```
## Cramer V
## 0.1735
```

COVID-19

```
#tabela cruzada
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, gravidade, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * gravidade
## Data Frame: dados_covid
##
##
## -----
```

```
##          gravidade  não internou      internou      Total
##  gestante_SN
##      não          3406 (5.4%)   59463 (94.6%)   62869 (100.0%)
##      sim           163 (3.1%)    5151 (96.9%)    5314 (100.0%)
##      Total        3569 (5.2%)   64614 (94.8%)   68183 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared  df    p.value
## -----
##    54.0889    1      0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##    1.81        1.54      2.12
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##    1.77        1.77      1.77
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$gravidade))
```

```
## Cramer V
## 0.02829
```

Desfecho

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, sendo esses: Cura ou óbito.

H1N1

```
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_h1n1
##
## -----
##          evolucao      cura      obito      Total
## -----
```

```
##   gestante_SN
##       não          5124 (91.9%)   454 (8.1%)   5578 (100.0%)
##       sim          2349 (92.1%)   201 (7.9%)   2550 (100.0%)
##       Total        7473 (91.9%)   655 (8.1%)   8128 (100.0%)
## -----
##
## -----
##   Chi.squared    df    p.value
## -----
##       0.123        1    0.7258
## -----
##
## -----
##   Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##       0.97        0.81        1.15
## -----
##
## -----
##   Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##       1.00        1.00        1.00
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1$gestante_SN,dados_h1n1$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.004377
```

COVID-19

```
with(dados_covid, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##           evolucao          cura          obito          Total
##   gestante_SN
##       não          47544 (82.9%)   9786 (17.1%)   57330 (100.0%)
##       sim          4300 (90.4%)    455 ( 9.6%)    4755 (100.0%)
##       Total        51844 (83.5%)   10241 (16.5%)   62085 (100.0%)
## -----
##
## -----
```

```
## Chi.squared    df    p.value
## -----
##    178.7989      1        0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.51        0.47        0.57
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.92        0.92        0.92
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.05375
```

Desfecho para casos onde houve internação

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, filtrados por `gravidade=="internou"`, sendo esses: Cura ou óbito.

```
# BASE H1N1
dados_h1n1_int <- dados_h1n1 %>%
  filter(gravidade=="internou")
# BASE COVID-19
dados_covid_int <- dados_covid %>%
  filter(gravidade=="internou")
```

H1N1

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1_int, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_h1n1_int
##
##
## -----
```



```
##              evolucao          cura          obito          Total
##  gestante_SN
##      não          3024 (87.4%)    437 (12.6%)    3461 (100.0%)
##      sim          1806 (90.3%)    195 ( 9.7%)    2001 (100.0%)
##      Total        4830 (88.4%)    632 (11.6%)    5462 (100.0%)
```

```
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##    10.0078     1   0.0016
## -----
```

```
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##    0.75       0.62      0.89
## -----
```

```
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##    0.97       0.97      0.97
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1_int$gestante_SN,dados_h1n1_int$evolucao))
```

```
## Cramer V
##    0.0434
```

COVID-19

```
#tabela cruzada
with(dados_covid_int, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_covid_int
##
## -----
##              evolucao          cura          obito          Total
##  gestante_SN
##      não          44075 (82.6%)    9276 (17.4%)    53351 (100.0%)
##      sim          4124 (90.3%)     445 ( 9.7%)    4569 (100.0%)
##      Total        48199 (83.2%)    9721 (16.8%)    57920 (100.0%)
## -----
```

```
##
## -----
##   Chi.squared    df    p.value
## -----
##    175.6697      1        0
## -----
##
## -----
##   Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.51        0.46        0.57
## -----
##
## -----
##   Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.92        0.92        0.92
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid_int$gestante_SN,dados_covid_int$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.05516
```

Desfecho para casos onde não houve internação

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, filtrados por `gravidade=="não internou"`, sendo esses: Cura ou óbito.

```
# BASE H1N1
dados_h1n1_naoint <- dados_h1n1 %>%
  filter(gravidade=="não internou")
# BASE COVID-19
dados_covid_naoint <- dados_covid %>%
  filter(gravidade=="não internou")
```

H1N1

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1_naoint, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = FALSE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_h1n1_naoint
##
```

```
##
## -----
##          evolucao          cura          obito          Total
##  gestante_SN
##      não          1937 (99.2%)    16 (0.8%)    1953 (100.0%)
##      sim          492 (99.0%)     5 (1.0%)     497 (100.0%)
##      Total        2429 (99.1%)    21 (0.9%)    2450 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      1.23      0.45      3.37
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.00      1.00      1.00
## -----
```

Como existem caselas proximas de 5 iremos fazer um teste exato de Fisher :

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados_h1n1_naoint$evolucao, dados_h1n1_naoint$gestante_SN)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data: dados_h1n1_naoint$evolucao and dados_h1n1_naoint$gestante_SN
## p-value = 0.5966
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.3507275 3.5363506
## sample estimates:
## odds ratio
##  1.230199
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_h1n1_naoint$gestante_SN,dados_h1n1_naoint$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.008148
```

COVID-19

```
#tabela cruzada
with(dados_covid_naoint, ctable(gestante_SN, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## gestante_SN * evolucao
## Data Frame: dados_covid_naoint
##
##
## -----
##           evolucao      cura      obito      Total
## gestante_SN
##      não      2616 (89.4%)   310 (10.6%)   2926 (100.0%)
##      sim       131 (95.6%)     6 ( 4.4%)   137 (100.0%)
##      Total     2747 (89.7%)   316 (10.3%)   3063 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      0.39      0.17      0.88
## -----
##
## -----
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      0.94      0.94      0.94
## -----
```

Como existem caselas proximas de 5 iremos fazer um teste exato de Fisher :

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados_covid_naoint$evolucao, dados_covid_naoint$gestante_SN)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data: dados_covid_naoint$evolucao and dados_covid_naoint$gestante_SN
## p-value = 0.0145
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.1381577 0.8748106
## sample estimates:
## odds ratio
##    0.38659
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid_naoint$gestante_SN,dados_covid_naoint$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.04224
```

Casos apenas de gestantes nas duas pandemias (2º Artigo)

Nessa seção serão analisados apenas os casos de mulheres gestantes nas duas pandemias. Para isso criamos uma coluna que indica de qual pandemia se trata aquele caso (H1N1 ou Covid-19).

```
dados_covid <- dados_covid %>%
  mutate(pandemia = factor(case_when(gestante_SN == "sim" ~ "Covid-19",
                                     TRUE ~ NA_character_)))
dados_h1n1 <- dados_h1n1 %>%
  mutate(pandemia = factor(case_when(gestante_SN == "sim" ~ "H1N1",
                                     TRUE ~ NA_character_)))

df1 <- dados_covid %>%
  select(faixa_et, gestante_SN, raca, vacina, febre, tosse, dispneia, diarreia, garganta, pandemia, cardiopati, pn)
  filter(gestante_SN=="sim")

df2 <- dados_h1n1 %>%
  select(faixa_et, gestante_SN, raca, vacina, febre, tosse, dispneia, diarreia, garganta, pandemia, cardiopati, pn)
  filter(gestante_SN=="sim")

dados <- full_join(df1, df2)

dados$pandemia <- relevel(
  dados$pandemia,
  ref = "H1N1"
)
```

Idade (Faixa Etária)

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(faixa_et, pandemia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## faixa_et * pandemia
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      pandemia      H1N1      Covid-19      Total
## faixa_et
##      <20          499 (59.5%)    339 (40.5%)    838 (100.0%)
##      20-34        2052 (36.6%)   3559 (63.4%)   5611 (100.0%)
##      >=35         233 (13.6%)    1485 (86.4%)   1718 (100.0%)
##      Total        2784 (34.1%)   5383 (65.9%)   8167 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##    579.2785   2      0
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$faixa_et))
```

```
## Cramer V
## 0.2663
```

Raça

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(raca, pandemia,prop = "r", useNA = "no",chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## raca * pandemia
## Data Frame: dados
##
## -----
##          pandemia          H1N1          Covid-19          Total
##          raca
##    Amarela           17 (24.6%)           52 (75.4%)           69 (100.0%)
##    Branca          1673 (46.5%)          1928 (53.5%)          3601 (100.0%)
##    Indigena           6 (26.1%)           17 (73.9%)           23 (100.0%)
##    Parda           623 (22.7%)          2116 (77.3%)          2739 (100.0%)
##    Preta           175 (37.4%)           293 (62.6%)           468 (100.0%)
##    Total          2494 (36.1%)          4406 (63.9%)          6900 (100.0%)
## -----
```

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados$raca, dados$pandemia,simulate.p.value = TRUE)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data with simulated p-value (based on
## 2000 replicates)
##
## data: dados$raca and dados$pandemia
## p-value = 0.0004998
## alternative hypothesis: two.sided
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$raca))
```

```
## Cramer V
## 0.236
```

Vacina

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, vacina, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * vacina
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##          vacina          Não          Sim          Total
##  pandemia
##    H1N1          2074 (95.0%)    110 ( 5.0%)    2184 (100.0%)
## Covid-19          1539 (62.9%)    906 (37.1%)    2445 (100.0%)
##    Total          3613 (78.1%)    1016 (21.9%)    4629 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared    df    p.value
## -----
##    688.4694      1        0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##    11.10         9.01      13.67
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##    1.51         1.51      1.51
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$vacina))
```

```
## Cramer V
## 0.3862
```

Febre

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, febre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * febre
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      febre      não      sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      169 ( 6.1%)  2589 (93.9%)  2758 (100.0%)
##   Covid-19    1495 (31.9%)  3187 (68.1%)  4682 (100.0%)
##      Total    1664 (22.4%)  5776 (77.6%)  7440 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared  df  p.value
## -----
##    664.0395    1      0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio  Lo - 95%  Hi - 95%
## -----
##      0.14      0.12      0.16
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio  Lo - 0%  Hi - 0%
## -----
##      0.19      0.19      0.19
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$febre))
```

```
## Cramer V
## 0.2991
```

Tosse

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, tosse, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * tosse
## Data Frame: dados
##
##
## -----
```



```
##           tosse           não           sim           Total
##  pandemia
##    H1N1           107 ( 3.9%)    2650 (96.1%)    2757 (100.0%)
##   Covid-19        1055 (21.7%)    3810 (78.3%)    4865 (100.0%)
##      Total        1162 (15.2%)    6460 (84.8%)    7622 (100.0%)
```

```
## -----
```

```
##
```

```
## -----
```

```
## Chi.squared   df   p.value
```

```
## -----
```

```
##    430.3494     1         0
```

```
## -----
```

```
##
```

```
## -----
```

```
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
```

```
## -----
```

```
##      0.15      0.12      0.18
```

```
## -----
```

```
##
```

```
## -----
```

```
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
```

```
## -----
```

```
##      0.18      0.18      0.18
```

```
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
```

```
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
```

```
# 0.30 - < 0.50 - medio
```

```
# 0.50 - grande
```

```
cramerV(table(dados$pandemia,dados$tosse))
```

```
## Cramer V
```

```
##      0.238
```

Dispneia

```
#tabela cruzada
```

```
with(dados, ctable(pandemia, dispneia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
```

```
## pandemia * dispneia
```

```
## Data Frame: dados
```

```
##
```

```
##
```

```
## -----
```

```
##           dispneia           não           sim           Total
```

```
##  pandemia
```

```
##    H1N1           764 (28.2%)    1945 (71.8%)    2709 (100.0%)
```

```
##   Covid-19        1664 (35.5%)    3024 (64.5%)    4688 (100.0%)
```

```
##      Total        2428 (32.8%)    4969 (67.2%)    7397 (100.0%)
```

```
## -----
```

```
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##    41.0793      1       0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##    0.71         0.64       0.79
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##    0.79         0.79       0.79
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$dispneia))
```

```
## Cramer V
## 0.07482
```

Dor de Garganta

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, garganta, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * garganta
## Data Frame: dados
##
## -----
##      garganta      não      sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      1259 (47.7%)  1383 (52.3%)  2642 (100.0%)
##   Covid-19      2959 (71.8%)  1161 (28.2%)  4120 (100.0%)
##     Total      4218 (62.4%)  2544 (37.6%)  6762 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##   399.5888      1       0
## -----
```

```
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      0.36      0.32      0.40
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      0.66      0.66      0.66
## -----

#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$garganta))
```

```
## Cramer V
## 0.2434
```

Diarreia

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, diarreia, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))

## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * diarreia
## Data Frame: dados
##
## -----
##      diarreia      não      sim      Total
## pandemia
##   H1N1      2301 (90.2%)    250 ( 9.8%)    2551 (100.0%)
## Covid-19    3410 (85.4%)    581 (14.6%)    3991 (100.0%)
## Total      5711 (87.3%)    831 (12.7%)    6542 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared    df    p.value
## -----
##      31.3396      1      0
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      1.57      1.34      1.84
## -----
```

```
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.06      1.06      1.06
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$diarreia))
```

```
## Cramer V
## 0.06968
```

Cardiopatía

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, cardiopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * cardiopati
## Data Frame: dados
```

```
##
## -----
##      cardiopati      Não      Sim      Total
## pandemia
##      H1N1      2432 (98.5%)      38 ( 1.5%)      2470 (100.0%)
##      Covid-19      1421 (81.3%)      327 (18.7%)      1748 (100.0%)
##      Total      3853 (91.3%)      365 ( 8.7%)      4218 (100.0%)
## -----
```

```
##
## -----
## Chi.squared    df    p.value
## -----
##      379.5331      1      0
## -----
```

```
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      14.73      10.46      20.74
## -----
```

```
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.21      1.21      1.21
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$cardiopati))
```

```
## Cramer V
## 0.3008
```

Pneumopatia

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, pneumopati, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * pneumopati
## Data Frame: dados
##
## -----
##      pneumonia      pneumopati      Não      Sim      Total
##      pneumonia
##      H1N1      2346 (95.3%)      116 ( 4.7%)      2462 (100.0%)
##      Covid-19      1500 (86.6%)      233 (13.4%)      1733 (100.0%)
##      Total      3846 (91.7%)      349 ( 8.3%)      4195 (100.0%)
## -----
##
## -----
##      Chi.squared      df      p.value
## -----
##      100.5623      1      0
## -----
##
## -----
##      Odds Ratio      Lo - 95%      Hi - 95%
## -----
##      3.14      2.49      3.96
## -----
##
## -----
##      Risk Ratio      Lo - 0%      Hi - 0%
## -----
##      1.10      1.10      1.10
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$pneumopati))
```

```
## Cramer V
## 0.1557
```

Renal

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, renal, prop = "r", useNA = "no", chisq = FALSE, OR = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * renal
## Data Frame: dados
##
## -----
##      renal      Não      Sim      Total
## pandemia
##   H1N1      2456 ( 99.6%)    10 (0.4%)   2466 (100.0%)
## Covid-19    1614 ( 97.9%)    35 (2.1%)   1649 (100.0%)
## Total      4070 ( 98.9%)    45 (1.1%)   4115 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##      5.33      2.63      10.79
## -----
##
## -----
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##      1.02      1.02      1.02
## -----
```

```
#teste exato de Fisher
fisher.test(dados$renal, dados$pandemia)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data: dados$renal and dados$pandemia
## p-value = 2.945e-07
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 2.571045 12.089282
## sample estimates:
## odds ratio
## 5.323824
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
```

```
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$renal))
```

```
## Cramer V
## 0.0809
```

Imunodepressão

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, imunodepre, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * imunodepre
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      imunodepre      Não      Sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      2423 (98.1%)    47 (1.9%)    2470 (100.0%)
## Covid-19    1602 (96.9%)    52 (3.1%)    1654 (100.0%)
##    Total    4025 (97.6%)    99 (2.4%)    4124 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared  df  p.value
## -----
##      5.9934    1    0.0144
## -----
##
## -----
## Odds Ratio  Lo - 95%  Hi - 95%
## -----
##      1.67      1.12      2.50
## -----
##
## -----
## Risk Ratio  Lo - 0%  Hi - 0%
## -----
##      1.01      1.01      1.01
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$imunodepre))
```

```
## Cramer V
## 0.03974
```

Hematologia

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, hematologi, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * hematologi
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##          hematologi          Não          Sim          Total
##  pandemia
##    H1N1          2447 (99.4%)    14 (0.6%)    2461 (100.0%)
## Covid-19          1632 (98.4%)    26 (1.6%)    1658 (100.0%)
##    Total          4079 (99.0%)    40 (1.0%)    4119 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Chi.squared   df   p.value
## -----
##    9.2732      1   0.0023
## -----
##
## -----
## Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##    2.78       1.45      5.35
## -----
##
## -----
## Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##    1.01       1.01      1.01
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$hematologi))
```

```
## Cramer V
## 0.04997
```

Gravidade

```
#tabela cruzada
with(dados, ctable(pandemia, gravidade, prop = "r", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```



```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * gravidade
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      gravidade   não internou      internou      Total
##  pandemia
##    H1N1           535 (19.6%)   2190 (80.4%)   2725 (100.0%)
##   Covid-19       163 ( 3.1%)   5151 (96.9%)   5314 (100.0%)
##      Total       698 ( 8.7%)   7341 (91.3%)   8039 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##    621.3556     1     0
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio   Lo - 95%   Hi - 95%
## -----
##     7.72       6.43     9.26
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio   Lo - 0%   Hi - 0%
## -----
##     6.40       6.40     6.40
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$gravidade))
```

```
## Cramer V
## 0.2785
```

Desfecho

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, sendo esses: Cura ou óbito.

```
with(dados, ctable(pandemia, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * evolucao
## Data Frame: dados
##
##
```

```
## -----
##           evolucao           cura           obito           Total
##  pandemia
##    H1N1           2349 (92.1%)    201 ( 7.9%)    2550 (100.0%)
##   Covid-19        4300 (90.4%)    455 ( 9.6%)    4755 (100.0%)
##     Total        6649 (91.0%)    656 ( 9.0%)    7305 (100.0%)
## -----
##
## -----
##  Chi.squared   df   p.value
## -----
##    5.5716      1   0.0183
## -----
##
## -----
##  Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##    1.24         1.04        1.47
## -----
##
## -----
##  Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##    1.02         1.02        1.02
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados$pandemia,dados$evolucao))
```

```
## Cramer V
## 0.02812
```

Desfecho casos internados

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, com filtro `gravidade=="internou"` sendo esses: Cura ou óbito.

```
dados1 <- dados %>%
  filter(gravidade=="internou")
with(dados1, ctable(pandemia, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * evolucao
## Data Frame: dados1
##
## -----
##           evolucao           cura           obito           Total
```

```
##      pandemia
##      H1N1          1806 (90.3%)    195 ( 9.7%)    2001 (100.0%)
##      Covid-19       4124 (90.3%)    445 ( 9.7%)    4569 (100.0%)
##      Total          5930 (90.3%)    640 ( 9.7%)    6570 (100.0%)
## -----
##
## -----
##      Chi.squared    df    p.value
## -----
##           0         1         1
## -----
##
## -----
##      Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##           1.00         0.84         1.19
## -----
##
## -----
##      Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##           1.00         1.00         1.00
## -----
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
# 0.30 - < 0.50 - medio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados1$pandemia,dados1$evolucao))
```

```
##      Cramer V
## 8.658e-05
```

Desfecho casos não internados

Será analisada a variável que informa o desfecho do caso, com filtro `gravidade=="não internou"` sendo esses: Cura ou óbito.

```
dados2 <- dados %>%
  filter(gravidade=="não internou")
with(dados2, ctable(pandemia, evolucao, prop="r", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Row Proportions
## pandemia * evolucao
## Data Frame: dados2
##
## -----
##           evolucao      cura      obito      Total
##      pandemia
##      H1N1          492 (99.0%)    5 (1.0%)    497 (100.0%)
```

```
## Covid-19          131 (95.6%)    6 (4.4%)   137 (100.0%)
## Total            623 (98.3%)   11 (1.7%)   634 (100.0%)
## -----
##
## -----
## Odds Ratio    Lo - 95%    Hi - 95%
## -----
##      4.51          1.35      15.00
## -----
##
## -----
## Risk Ratio    Lo - 0%    Hi - 0%
## -----
##      1.04          1.04      1.04
## -----
```

```
#teste exato de Fisher
```

```
fisher.test(dados2$evolucao, dados2$pandemia)
```

```
##
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data: dados2$evolucao and dados2$pandemia
## p-value = 0.01622
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  1.122993 18.908405
## sample estimates:
## odds ratio
##  4.492668
```

```
#tamanho de efeito V de cramer
```

```
# 0.10 - < 0.30 - pequeno
```

```
# 0.30 - < 0.50 - médio
```

```
# 0.50 - grande
```

```
cramerV(table(dados2$pandemia,dados2$evolucao))
```

```
## Cramer V
```

```
## 0.1063
```