

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

15/06/2021

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.

Função Breslow-Day

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

Table 5: Tabela de frequências para Evolucao base H1N1 - Gestantes

	n	%
cura	2369	84.4
obito	202	7.2
NA	235	8.4
Total	2806	100.0

```
#vamos usar pro teste de Breslow-Day
teste_breslowday <- function(dados_covid, dados_h1n1, var) {
  tab <- array(0, dim = c(2,2,2))
  tab[,1] <- table(dados_h1n1$gestante_SN, dados_h1n1[[var]])
  tab[,2] <- table(dados_covid$gestante_SN, dados_covid[[var]])
  a <- BreslowDayTest(tab, correct = TRUE)
  out <- data.frame(comp = c("h1n1-covid"),
    stat = c(a$statistic),
    p_valor = c(a$p.value)
  )
  return(out)
}
```

## Letalidade de gestante e não gestantes H1N1

A base utilizada foi a base de H1N1 com filtro apenas do período, pcr positivo e classi\_fin == 1(h1n1).

### Gestante

```
dados_h1n1_semfiltro<- dados_h1n1_semfiltro %>%
  mutate(gest_SN = case_when(CS_GESTANT == 1 | CS_GESTANT == 2 |
    CS_GESTANT == 3 | CS_GESTANT == 4 ~ "sim",
    TRUE ~ "não"))
dados_gest<- dados_h1n1_semfiltro %>%
  filter(gest_SN == "sim")
dados_gest <- dados_gest %>%
  mutate(evolucão = case_when(EVOLUCAO == 1 ~ "cura",
    EVOLUCAO == 2 ~ "obito",
    EVOLUCAO == 3 ~ "obito",
    EVOLUCAO == 4 ~ "obito",
    TRUE ~ NA_character_))
questionr::freq(
  dados_gest$evolucão,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Evolucao base H1N1 - Gestantes", digits = 2)
```

Table 6: Tabela de frequências para Evolucao base H1N1 - Não gestantes

	n	%
cura	19906	82.3
obito	1592	6.6
NA	2701	11.2
Total	24199	100.0

## Não gestante (independente do sexo)

```
dados_naogest<- dados_h1n1_semfiltro %>%
  filter(gest_SN == "não")
dados_naogest <- dados_naogest %>%
  mutate(evolucão = case_when(EVOLUCAO == 1 ~ "cura",
                              EVOLUCAO == 2 ~ "obito",
                              EVOLUCAO == 3 ~ "obito",
                              EVOLUCAO == 4 ~ "obito",
                              TRUE ~ NA_character_))

questionr::freq(
  dados_naogest$evolucão,
  cum = FALSE,
  total = TRUE,
  na.last = FALSE,
  valid = FALSE
) %>%
  kable(caption = "Tabela de frequências para Evolucao base H1N1 - Não gestantes", digits = 2)
```

## 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
c_h1n1 <- cohens_d(idade ~ as.factor(gestante_SN), data=dados_h1n1)
c_h1n1
```

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

```
interpret_d(c_h1n1$Cohens_d, rules="cohen1988")
```

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

## Covid-19

```
dados_covid$idade <- dados_covid$NU_IDADE_N
datasummary((gestante_SN) ~ idade*(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(idade ~ gestante_SN, data = dados_covid)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: idade 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
```

```
c_covid <- cohens_d(idade ~ as.factor(gestante_SN), data=dados_covid)
c_covid
```

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

```
interpret_d(c_covid$Cohens_d, 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
##
##
```

Table 9: 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

```
## -----
##           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 - médio
# 0.50 - grande
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$faixa_et))
```

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

Cor

H1N1

```
#Tabela de frequência para Raça
questionr::freq(
  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
```

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

Table 10: 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

```
#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 - médio
# 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
```

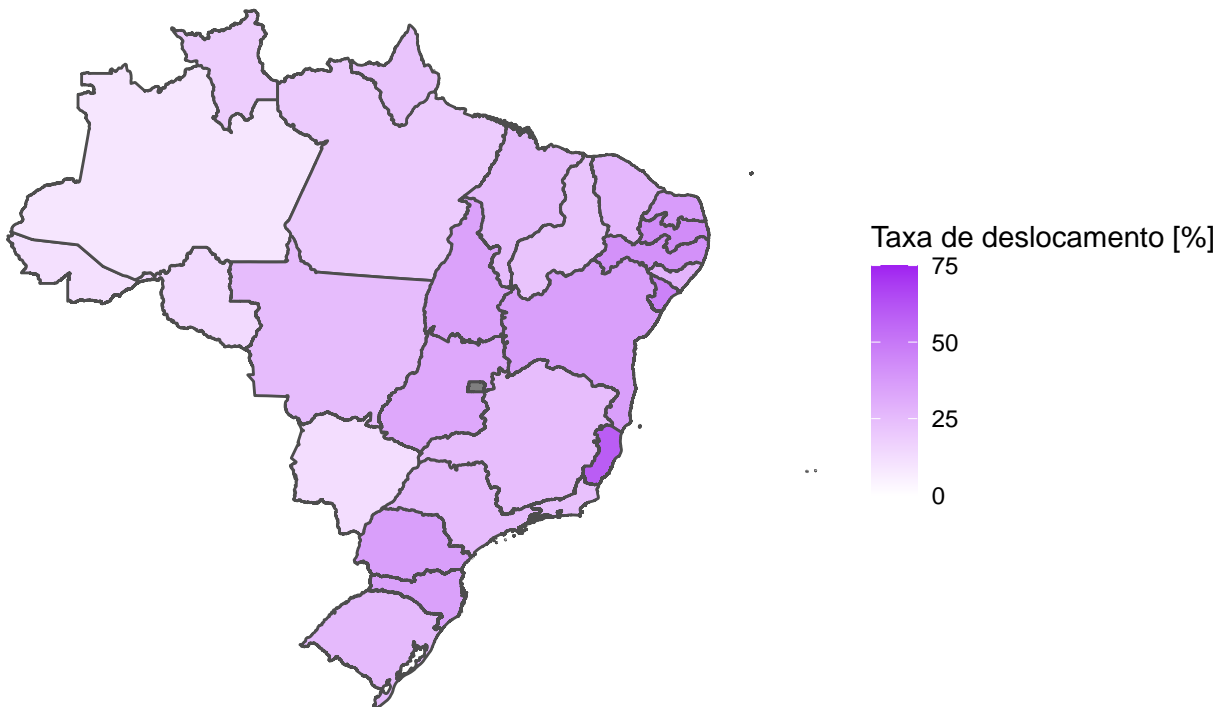
```
cramerV(table(dados_covid$gestante_SN,dados_covid$mudou_muni))
```

```
## 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))
```

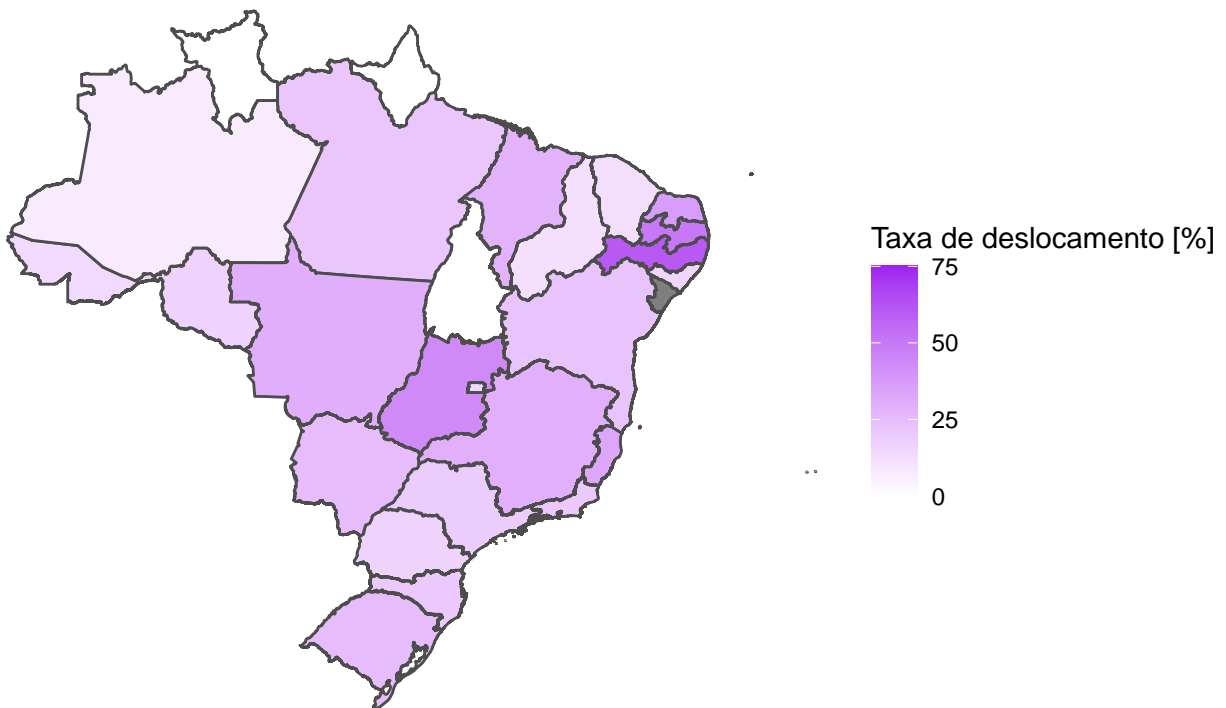
```
## Cramer V
```

```
## 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



```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"mudou_muni")
```

```
##               comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 13.96446 0.0001862991
```

# Vacina

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

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"vacina")
```

```
##               comp      stat p_valor
## X-squared h1n1-covid 185.9719      0
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"febre")
```

```
##               comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 13.95661 0.0001870789
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"tosse")
```

```
##               comp      stat    p_valor
## X-squared h1n1-covid 1.167481 0.2799194
```

## Dispneia

### H1N1

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

```
#tabela cruzada
with(dados_h1n1, ctable(gestante_SN, dispneia, 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(DISPNEIA == 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 * dispneia
## Data Frame: dados_covid
##
## -----
##          dispneia          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$gestante_SN,dados_covid$dispneia))
```

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

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"dispneia")
```

```
##               comp      stat p_valor
## X-squared h1n1-covid 154.894      0
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"garganta")
```

```
##           comp      stat   p_valor
## X-squared h1n1-covid 0.1407555 0.7075311
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"diarreia")
```

```
##           comp      stat  p_valor
## X-squared h1n1-covid 1.395429 0.2374904
```

## 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.

## Cardiopatía

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
##
##
## -----
##      cardiopati      Não      Sim      Total
##  gestante_SN
##      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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"cardiopati")
```

```
##                comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 7.573643 0.005922794
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"pneumopati")
```

```
##      comp      stat  p_valor
## X-squared h1n1-covid 1.199801 0.2733615
```



## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"renal")
```

```
##               comp      stat    p_valor
## X-squared h1n1-covid 0.61435 0.4331546
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"imunodepre")
```

```
##          comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 9.009579 0.002685683
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"hematologi")
```

```
##          comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 3.748672 0.05284947
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"gravidade")
```

```
##               comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 8.097947 0.004431541
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid,dados_h1n1,"evolucao")
```

```
##              comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 39.2065 3.812686e-10
```

## 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
##
##
## -----
##      gestante_SN      evolucao      cura      obito      Total
##      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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid_int,dados_h1n1_int,"evolucao")
```

```
##                comp      stat      p_valor
## X-squared h1n1-covid 13.09378 0.0002962787
```

## 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
```

```
#Teste de Breslow-Day
teste_breslowday(dados_covid_naoint,dados_h1n1_naoint,"evolucao")
```

```
##               comp      stat    p_valor
## X-squared h1n1-covid 3.279455 0.07015222
```

## 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

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

	n	media	DP	mediana	minimo	maximo	q25	q75	IQR
H1N1	2784.00	25.15	6.12	25.00	10.00	49.00	21.00	29.00	8.00
Covid-19	5383.00	30.03	6.86	30.00	10.00	49.00	25.00	35.00	10.00

```
#teste t
t.test(idade ~ pandemia, data = dados)
```



```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: idade by pandemia
## t = -32.783, df = 6218.4, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -5.173439 -4.589633
## sample estimates:
## mean in group H1N1 mean in group Covid-19
## 25.15302 30.03455
```

```
#tamanho de efeito
c <- cohens_d(idade ~ as.factor(pandemia), data=dados)
c
```

```
## Cohen's d | 95% CI
## -----
## -0.74 | [-0.79, -0.69]
##
## - Estimated using pooled SD.
```

```
interpret_d(c$Cohens_d, rules="cohen1988")
```

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

## Faixa Etária

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

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## faixa_et * pandemia
## Data Frame: dados
##
## -----
##      pandemia      H1N1      Covid-19      Total
## faixa_et
## <20      499 ( 17.9%)    339 (  6.3%)    838 ( 10.3%)
## 20-34    2052 ( 73.7%)   3559 ( 66.1%)   5611 ( 68.7%)
## >=35     233 (  8.4%)   1485 ( 27.6%)   1718 ( 21.0%)
## Total    2784 (100.0%)   5383 (100.0%)   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 = "c", useNA = "no",chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## raca * pandemia
## Data Frame: dados
##
## -----
##          pandemia          H1N1          Covid-19          Total
##          raca
##    Amarela          17 ( 0.7%)          52 ( 1.2%)          69 ( 1.0%)
##    Branca         1673 ( 67.1%)         1928 ( 43.8%)         3601 ( 52.2%)
##    Indigena           6 ( 0.2%)          17 ( 0.4%)          23 ( 0.3%)
##    Parda           623 ( 25.0%)         2116 ( 48.0%)         2739 ( 39.7%)
##    Preta           175 ( 7.0%)          293 ( 6.7%)          468 ( 6.8%)
##    Total          2494 (100.0%)         4406 (100.0%)         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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * vacina
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      vacina      Não      Sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      2074 ( 57.4%)    110 ( 10.8%)    2184 ( 47.2%)
## Covid-19    1539 ( 42.6%)    906 ( 89.2%)    2445 ( 52.8%)
##    Total      3613 (100.0%)    1016 (100.0%)    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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * febre
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      febre      não      sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      169 ( 10.2%) 2589 ( 44.8%) 2758 ( 37.1%)
##   Covid-19  1495 ( 89.8%) 3187 ( 55.2%) 4682 ( 62.9%)
##     Total  1664 (100.0%) 5776 (100.0%) 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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

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

```
##           tosse           não           sim           Total
##  pandemia
##    H1N1           107 ( 9.2%)      2650 ( 41.0%)      2757 ( 36.2%)
##   Covid-19        1055 ( 90.8%)      3810 ( 59.0%)      4865 ( 63.8%)
##    Total          1162 (100.0%)      6460 (100.0%)      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 ="c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * dispneia
## Data Frame: dados
##
## -----
##           dispneia           não           sim           Total
##  pandemia
##    H1N1           764 ( 31.5%)      1945 ( 39.1%)      2709 ( 36.6%)
##   Covid-19        1664 ( 68.5%)      3024 ( 60.9%)      4688 ( 63.4%)
##    Total          2428 (100.0%)      4969 (100.0%)      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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * garganta
## Data Frame: dados
##
## -----
##      garganta      não      sim      Total
## pandemia
##      H1N1      1259 ( 29.8%)  1383 ( 54.4%)  2642 ( 39.1%)
##      Covid-19  2959 ( 70.2%)  1161 ( 45.6%)  4120 ( 60.9%)
##      Total      4218 (100.0%)  2544 (100.0%)  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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * diarreia
## Data Frame: dados
##
## -----
##      diarreia      não      sim      Total
## pandemia
##   H1N1      2301 ( 40.3%)    250 ( 30.1%)    2551 ( 39.0%)
## Covid-19    3410 ( 59.7%)    581 ( 69.9%)    3991 ( 61.0%)
## Total      5711 (100.0%)    831 (100.0%)    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
```

## Cardiopatia

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

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

```
##
## -----
##      cardiopati      Não      Sim      Total
## pandemia
##      H1N1      2432 ( 63.1%)      38 ( 10.4%)      2470 ( 58.6%)
##      Covid-19      1421 ( 36.9%)      327 ( 89.6%)      1748 ( 41.4%)
##      Total      3853 (100.0%)      365 (100.0%)      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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * pneumopati
## Data Frame: dados
##
## -----
##      pneumonia      pneumopati      Não      Sim      Total
##      pneumonia
##      H1N1      2346 ( 61.0%)      116 ( 33.2%)      2462 ( 58.7%)
##      Covid-19      1500 ( 39.0%)      233 ( 66.8%)      1733 ( 41.3%)
##      Total      3846 (100.0%)      349 (100.0%)      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 = "c", useNA = "no", chisq =FALSE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * renal
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      renal      Não      Sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      2456 ( 60.3%)    10 ( 22.2%)    2466 ( 59.9%)
##   Covid-19      1614 ( 39.7%)    35 ( 77.8%)    1649 ( 40.1%)
##      Total      4070 (100.0%)    45 (100.0%)    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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * imunodepre
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      imunodepre      Não      Sim      Total
##  pandemia
##    H1N1      2423 ( 60.2%)    47 ( 47.5%)    2470 ( 59.9%)
##   Covid-19    1602 ( 39.8%)    52 ( 52.5%)    1654 ( 40.1%)
##      Total    4025 (100.0%)    99 (100.0%)    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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * hematologi
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##          hematologi          Não          Sim          Total
##  pandemia
##    H1N1          2447 ( 60.0%)    14 ( 35.0%)    2461 ( 59.7%)
## Covid-19          1632 ( 40.0%)    26 ( 65.0%)    1658 ( 40.3%)
##    Total          4079 (100.0%)    40 (100.0%)    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 = "c", useNA = "no", chisq = TRUE, OR=TRUE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * gravidade
## Data Frame: dados
##
##
## -----
##      gravidade   não internou      internou      Total
##  pandemia
##    H1N1          535 ( 76.6%)   2190 ( 29.8%)   2725 ( 33.9%)
##   Covid-19       163 ( 23.4%)   5151 ( 70.2%)   5314 ( 66.1%)
##     Total        698 (100.0%)   7341 (100.0%)   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="c", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

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

```
## -----
##           evolucao           cura           obito           Total
##  pandemia
##    H1N1           2349 ( 35.3%)    201 ( 30.6%)    2550 ( 34.9%)
##   Covid-19        4300 ( 64.7%)    455 ( 69.4%)    4755 ( 65.1%)
##     Total        6649 (100.0%)    656 (100.0%)    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="c", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = TRUE))
```

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

```
## pandemia
##      H1N1          1806 ( 30.5%)   195 ( 30.5%)   2001 ( 30.5%)
## Covid-19          4124 ( 69.5%)   445 ( 69.5%)   4569 ( 69.5%)
##      Total          5930 (100.0%)   640 (100.0%)   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="c", OR=TRUE, useNA = "no", chisq = FALSE))
```

```
## Cross-Tabulation, Column Proportions
## pandemia * evolucao
## Data Frame: dados2
##
## -----
##           evolucao      cura      obito      Total
## pandemia
##      H1N1          492 ( 79.0%)    5 ( 45.5%)   497 ( 78.4%)
```

```
## Covid-19          131 ( 21.0%)    6 ( 54.5%)   137 ( 21.6%)
## Total            623 (100.0%)   11 (100.0%)  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
```