

Análise Bayesiana para Inferência Causal na COVID-19

Impacto da Vacinação

José Elvano Moraes

12/04/2021

Dataset = <https://dados.gov.br/dataset/bd-srag-2019>

SRAG 2021 - Banco de Dados de Síndrome Respiratória Aguda Grave Vigilância de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) O Ministério da Saúde, por meio da Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS), desenvolve a vigilância da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) no Brasil, desde 2009, devido a pandemia de Influenza A(H1N1)pdm09. A partir disso, a vigilância de SRAG foi implantada na rede de vigilância de Influenza e outros vírus respiratórios, que anteriormente atuava apenas com a vigilância sentinela de Síndrome Gripal (SG).

Recentemente (2020), a vigilância da COVID-19, a infecção humana causada pelo novo Coronavírus, que vem causando uma pandemia, foi incorporada na rede de vigilância da Influenza e outros vírus respiratórios.

Esta página tem como finalidade disponibilizar o legado dos banco de dados (BD) epidemiológicos de SRAG, da rede de vigilância da Influenza e outros vírus respiratórios, desde o início da sua implantação (2009) até os dias atuais (2020), com a incorporação da vigilância da COVID-19.

Para mais informações, acessar:

Gripe/Influenza - <https://saude.gov.br/saude-de-a-z/gripe>

COVID-19 - <https://coronavirus.saude.gov.br/>

Nota

Este documento é ainda tão somente experimentação e análise exploratória em fase absolutamente incipiente. Por isso a falta de estrutura, gráficos não explicativos, *typos*, etc

Inferência da estrutura da Rede Causal usando o Algoritmo mmhc

```
suppressPackageStartupMessages(expr = library(tidyverse))
suppressPackageStartupMessages(expr = library(bnlearn))
suppressPackageStartupMessages(expr = library(bnstruct))
suppressPackageStartupMessages(expr = library(readr))
suppressPackageStartupMessages(expr = library(Rgraphviz))
suppressPackageStartupMessages(expr = library(Rmpfr))
```

```

dados <- read_csv("x_to_be_factors.csv",
  col_types = cols(
    FEBRE = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    TOSSE = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    GARGANTA = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    DISPNEIA = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    DESC_RESP = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    SATURACAO = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    DIARREIA = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    VOMITO = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    OUTRO_SIN = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    HOSPITAL = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    EVOLUCAO = col_factor(levels = c("1", "2", "3", "9")),
    RENAL = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    DIABETES = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    OBESIDADE = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    PERD_OLFT = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    PERD_PALA = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    VACINA = col_factor(levels = c("1", "2", "9")),
    CLASSI_FIN = col_factor(levels = c("1", "2", "3", "4", "5"))))

```

```
## Warning: Missing column names filled in: 'X1' [1]
```

Subconjunto de variáveis

```

#reselecionar retira a variavel automatica X1
xx <- select(dados,
  FEBRE,          # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  TOSSE,          # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  GARGANTA,       # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  DISPNEIA,       # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  DESC_RESP,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  SATURACAO,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  DIARREIA,       # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  VOMITO,         # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  OUTRO_SIN,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  #HOSPITAL,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  EVOLUCAO,       # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  RENAL,          # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  DIABETES,       # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  OBESIDADE,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  PERD_OLFT,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  PERD_PALA,      # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  VACINA,         # 1 = sim, 2 = nao, 9 = ignorado
  #-----/-----
  CLASSI_FIN)     #/ 1 = SRAG por influenza
                  #/ 2 = SRAG por outro virus respiratorio
                  #/ 3 = SRAG por outro agente etiológico, qual:
                  #/ 4 = SRAG nao especificado
                  #/ 5 = SRAG por COVID-19
  # -----/-----
# dado não pode ser `tibble` nas funções de *bnlearn*

```

```

x = as.data.frame(xx)

# mmhc e mmhc não admitem NA
x_no_na <- na.omit(x)

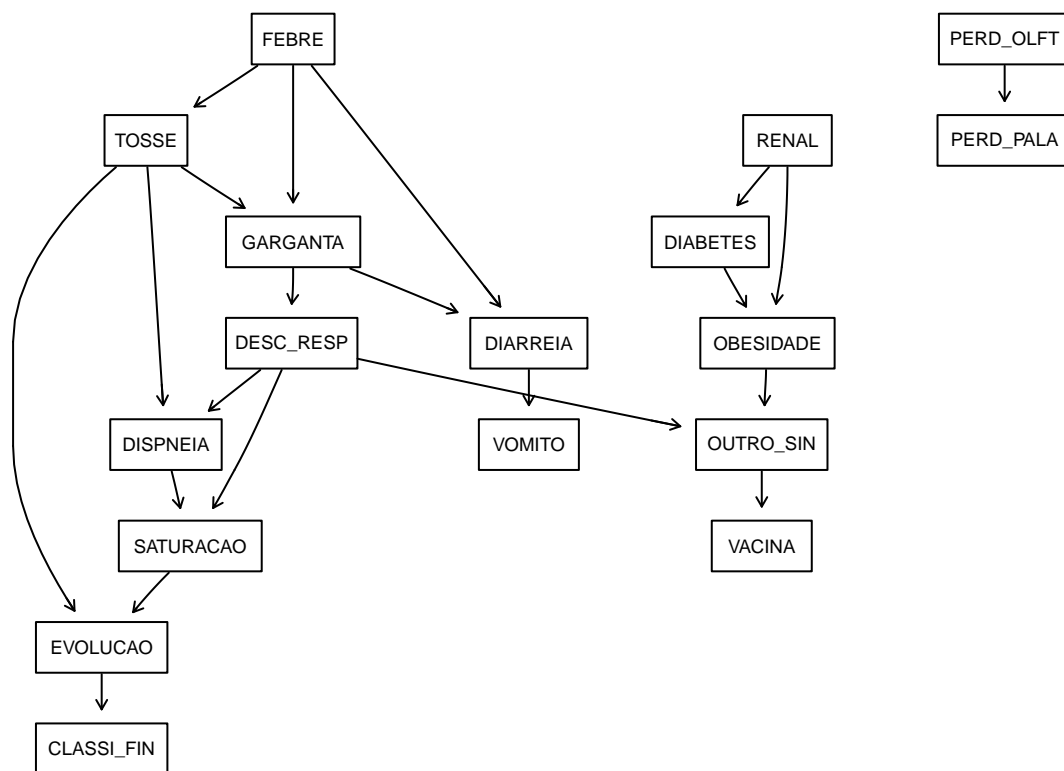
srag_todas <- x_no_na
srag_covid <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN == 5)
srag_influenza <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN == 1)
srag_outro_virus_respiratorio <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN == 2)
srag_outro_agente_etiologico <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN == 3)
srag_nao_especificada <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN == 4)
srag_nao_covid <- x_no_na %>% filter(CLASSI_FIN != 5)

suppressWarnings(bn_mmhc <- mmhc(srag_todas))
suppressWarnings(bn_mmhc_srag_covid <- mmhc(srag_covid))
suppressWarnings(bn_mmhc_influenza <- mmhc(srag_influenza))
suppressWarnings(bn_mmhc_srag_outro_virus_respiratorio <- mmhc(srag_outro_virus_respiratorio))
suppressWarnings(bn_mmhc_srag_outro_agente_etiologico <- mmhc(srag_outro_agente_etiologico))
suppressWarnings(bn_mmhc_srag_nao_especificada <- mmhc(srag_nao_especificada))
suppressWarnings(bn_mmhc_srag_nao_covid <- mmhc(srag_nao_covid))

graphviz.plot(bn_mmhc, shape = 'rectangle', main = "Todas causas de SRAG")

```

Todas causas de SRAG

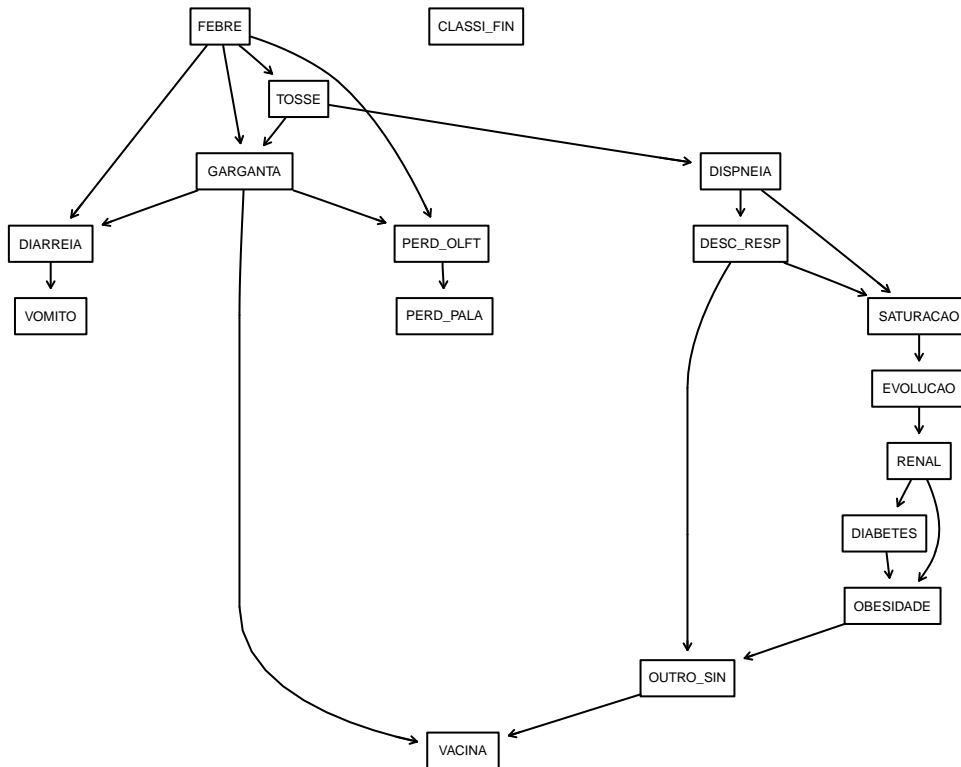


```

graphviz.plot(bn_mmhc_srag_covid, shape = 'rectangle', main = "SRAG por COVID-19")

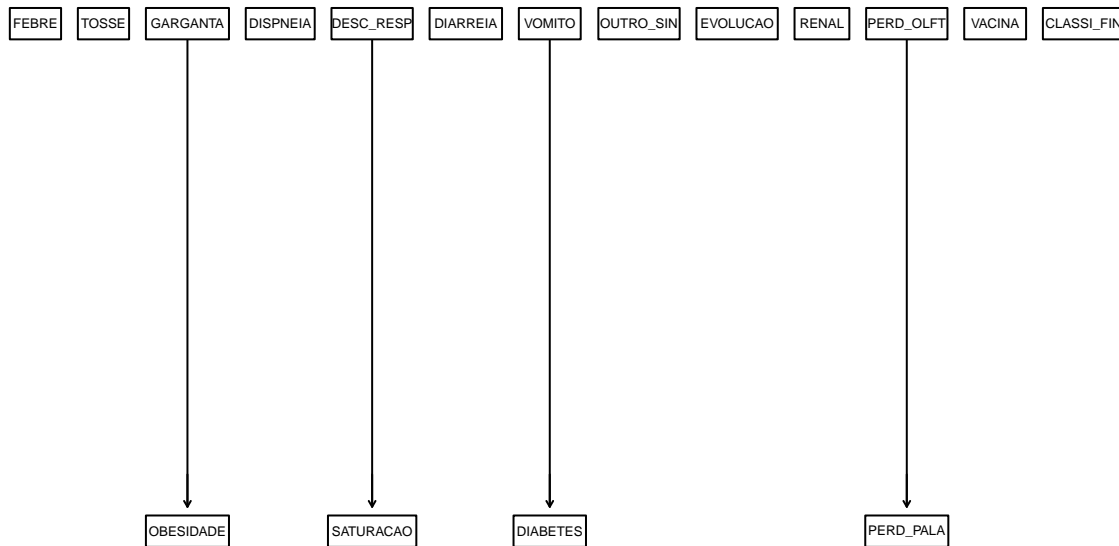
```

SRAG por COVID-19



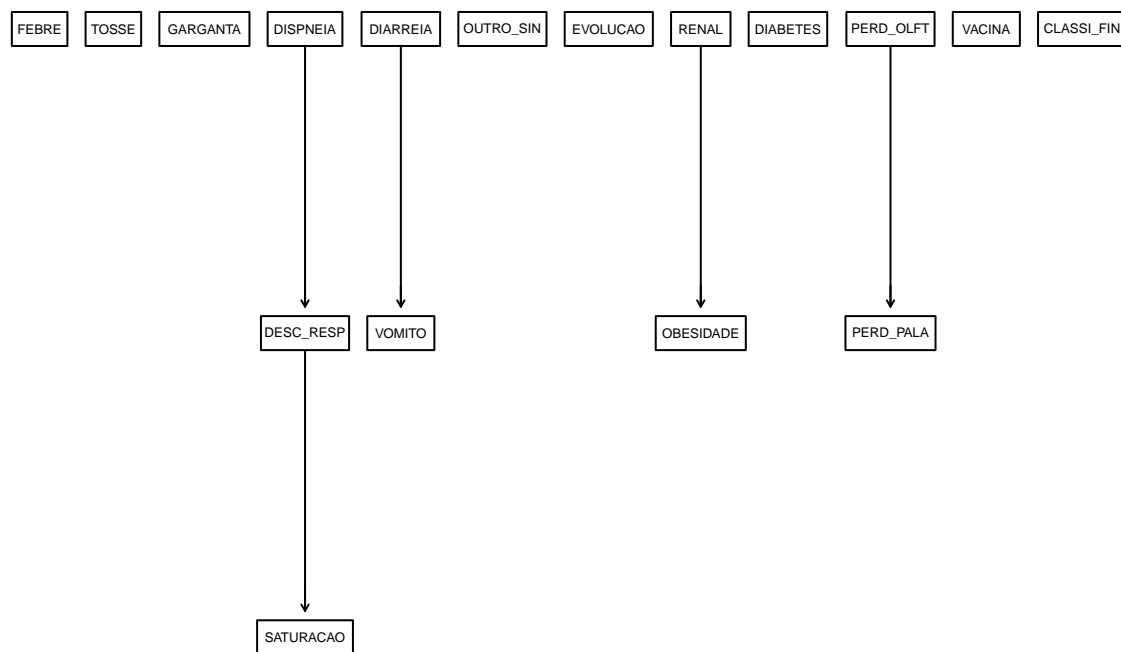
```
graphviz.plot(bn_mmhc_influenza, shape = 'rectangle', main = "SRAG por Influenza")
```

SRAG por Influenza



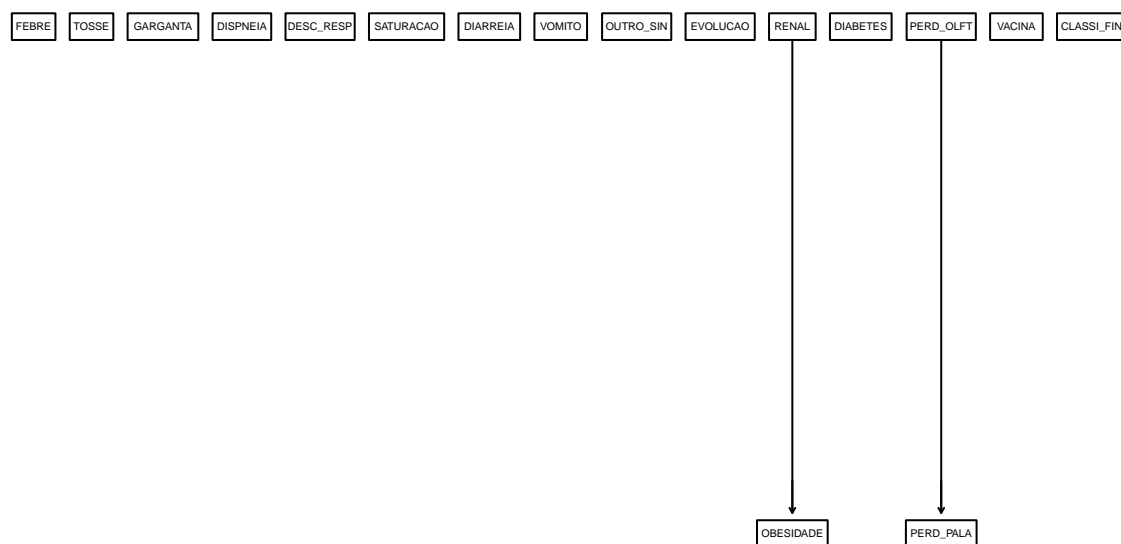
```
graphviz.plot(bn_mmhc_srag_outro_virus_respiratorio, shape = 'rectangle', main = "SRAG por Outro Virus")
```

SRAG por Outro Virus Respiratório



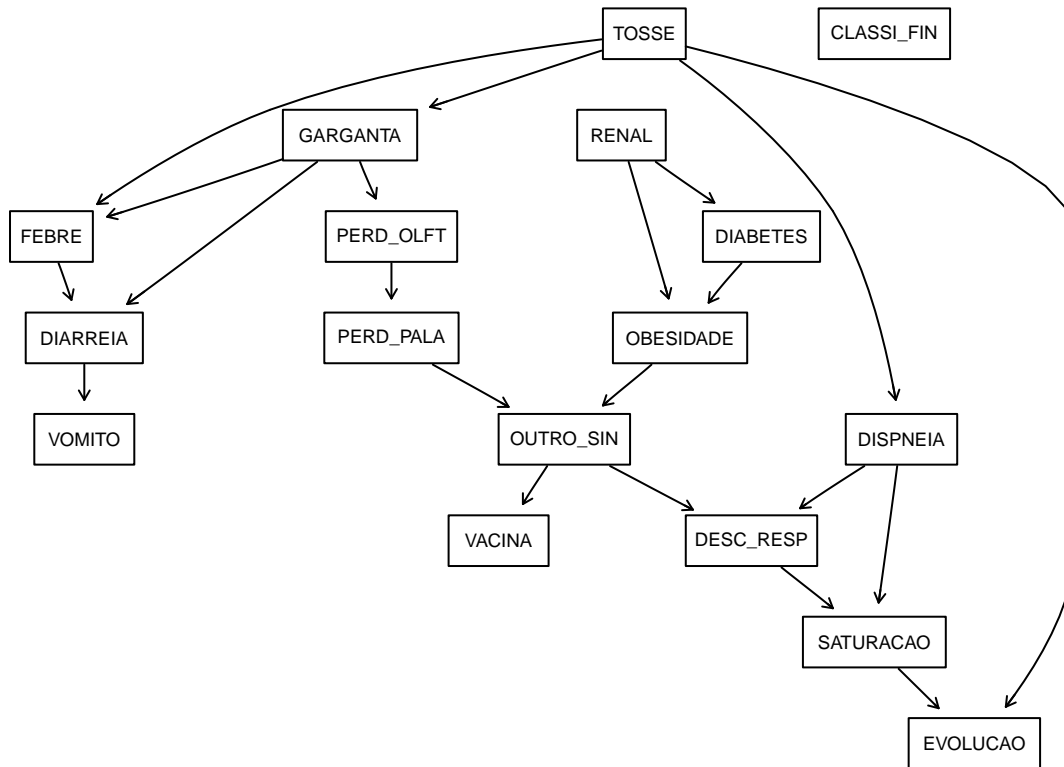
`graphviz.plot(bn_mmhc_srag_outro_agente_etiologico, shape = 'rectangle', main = "SRAG por Outros Agentes Etiológicos")`

SRAG por Outros Agentes Etiológicos



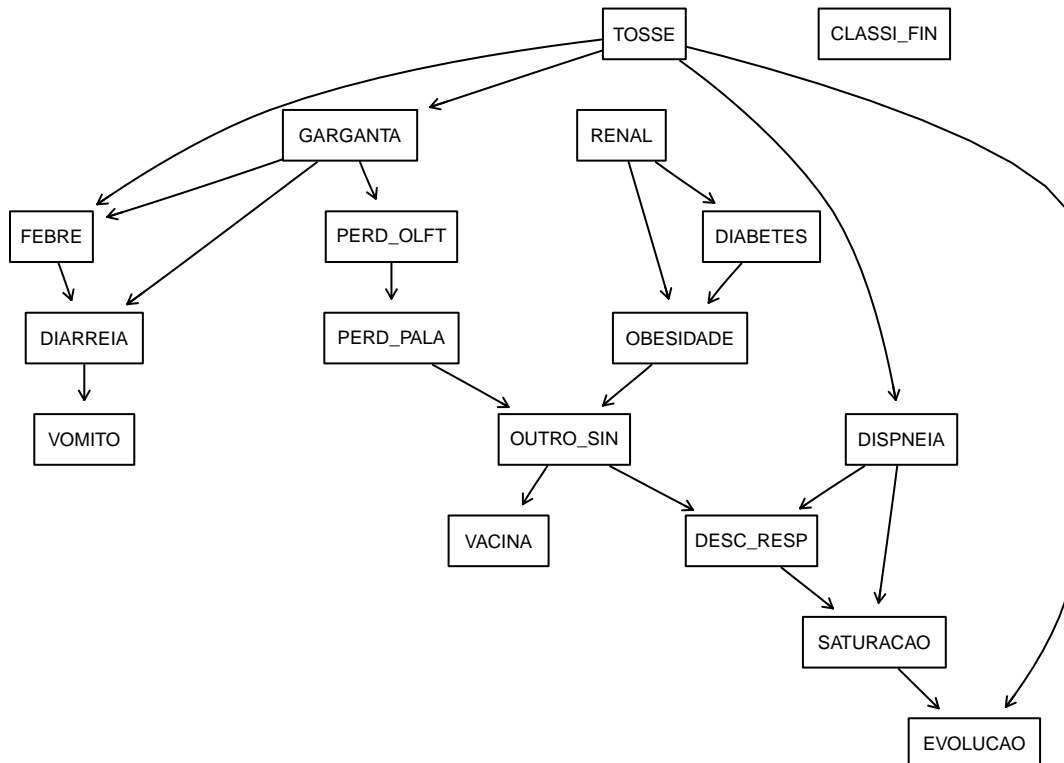
`graphviz.plot(bn_mmhc_srag_nao_especificada, shape = 'rectangle', main = "SRAG Não Especificada")`

SRAG Não Especificada



`graphviz.plot(bn_mmhc_srag_ao_covid, shape = 'rectangle', main = "TODAS SRAG Não COVID-19")`

TODAS SRAG Não COVID-19



Ajustamento da estrutura da rede com os dados

Descrição estatística da rede para a variável VACINA

```
fitted_mmhc_bn_srag_covid = bn.fit(bn_mmhc_srag_covid, srag_covid)
```

```
## Warning in check.data(data, allow.missing = TRUE): variable CLASSI_FIN has  
## levels that are not observed in the data.
```

```
fitted_mmhc_bn_srag_covid$VACINA
```

```
##  
## Parameters of node VACINA (multinomial distribution)  
##
```

```
## Conditional probability table:  
##
```

```
## , , OUTRO_SIN = 1  
##
```

```
## GARGANTA
```

```
## VACINA      1      2      9  
## 1 0.23216374 0.14488349 0.04545455  
## 2 0.37923977 0.35542047 0.13888889  
## 9 0.38859649 0.49969605 0.81565657  
##
```

```
## , , OUTRO_SIN = 2  
##
```

```
## GARGANTA
```

```
## VACINA      1      2      9  
## 1 0.25503356 0.17523232 0.08938547  
## 2 0.49588164 0.42360453 0.27932961  
## 9 0.24908481 0.40116316 0.63128492  
##
```

```
## , , OUTRO_SIN = 9  
##
```

```
## GARGANTA
```

```
## VACINA      1      2      9  
## 1 0.19471947 0.17906977 0.06542056  
## 2 0.27722772 0.21860465 0.14285714  
## 9 0.52805281 0.60232558 0.79172230
```

```
suppressWarnings(bn.fit.barchart(fitted_mmhc_bn_srag_covid$VACINA, xlab = "Probabilidade", ylab = "VACINA"))
```

Conditional Probabilities for Node VACINA

