

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Aplicação de modelos de sobrevida no tempo de cura de hanseníase

Daiane de Oliveira Gonçalves ¹

Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria-Universidade Federal de Alfenas

Fabricio Goecking Avelar ²

Departamento de Estatística - Universidade Federal de Alfenas

Natália da Silva Martins Fonseca ³

Departamento de Estatística - Universidade Federal de Alfenas

1 Introdução

A hanseníase é uma infecção granulomatosa crônica, causada pelo bacilo *Mycobacterium leprae*, apresentando alta contagiosidade e baixa morbidade [3]. Em 2011, foram detectados 228.474 casos dessa doença no mundo, sendo que o segundo lugar com maior número de casos, em valores absolutos, foi ocupado pelo Brasil, passando à frente somente da Índia. Com esses resultados, fomos um dos poucos país a não atingir a meta de diminuição/erradicação da hanseníase como problema de saúde pública. Essa doença tem tratamento, e quanto mais precocemente diagnosticada e tratada mais rapidamente pode-se ter a cura do paciente. Tendo em vista a importância de cura da hanseníase para o setor de saúde pública, bem como os fatores que possam influenciar na cura dessa doença, este estudo objetiva: propor um modelo de sobrevida capaz de descrever o tempo até a cura de pacientes portadores da hanseníase e os fatores a ela atrelados. Sabe-se que os modelos paramétricos de sobrevivência são capazes de descrever, de modo mais preciso que os modelos não paramétricos e semi-paramétricos, o tempo até a cura dos pacientes [2].

2 Metodologia

A amostra utilizada nesse estudo foi composta por 18 pacientes diagnosticados com hanseníase, em um município situado no Sul de Minas Gerais entre os anos de 2013 a 2017. Para a análise desse conjunto de dados admitiu-se como variável resposta o tempo até a cura dos pacientes portadores da doença, considerando como covariáveis idade, gênero, clínica (tuberculóide-T, dimorfa-D e virchowiana-V) e o número de nervos afetados. Foram

¹daiane_og@hotmail.com

²fabricio@unifal-mg.edu.br

³natalia.martins@unifal-mg.edu.br

ajustados os modelos Exponencial, Weibull, Lognormal e Gama com parâmetros estimados por meio dos Estimadores de Verossimilhança. Para a seleção do melhor modelo foram utilizados os critérios de AIC e BIC. As análises foram realizadas utilizando-se o sistema computacional estatístico R, versão 3.5.1, [4] com o auxílio do pacote GAMLSS proposto na Ref. [1].

3 Resultados

Primeiramente, realizou-se a análise ajustando os modelos Weibull, Gama, Exponencial e Lognormal. Foram calculados as estimativas de máxima verossimilhança (EMV) dos parâmetros do modelo e os valores estatísticos Global Deviance (GD), o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério informação bayesiano (BIC). Para tais valores estimados dos parâmetros para as distribuições Weibull, Gama, Exponencial e Lognormal, foram plotadas as curvas de sobrevivência, juntamente com a curva de Kaplan-Meier. Observando as distâncias da curva de Kaplan-Meier com as demais funções, verificou-se que a menor distância é dada pelo modelo Weibull. Como os critérios AIC e BIC do modelo Weibull também foram menores, tem-se que o modelo é o mais apropriado. Após eleger o modelo Weibull como o que mais se ajustou aos dados, propôs-se um modelo de regressão Weibull. Tem-se que $\mu = \exp\{\beta_{01} + \beta_{11}x_1 + \beta_{21}x_2M + \beta_{31}x_3T + \beta_{41}x_3V + \beta_{51}x_4\}$, e $\sigma = \exp\{\beta_{02} + \beta_{12}x_1 + \beta_{22}x_2M + \beta_{32}x_3T + \beta_{42}x_3V + \beta_{52}x_4\}$. A única variável explicativa que foi significativa para explicar o tempo de vida dos pacientes com hanseníase é clínica (em μ), a qual retorna a classificação operacional da hanseníase Paucibacilar ou Multibacilar. Observou-se que o efeito dessa variável explicativa em μ é que a classificação operacional Paucibacilar diminui o tempo até a cura do paciente em 48,2% ao ser comparada com a classificação operacional Multibacilar. Todas as pressuposições da análise de resíduos foram atendidas com 5% de significância. Por meio da análise gráfica verificou-se a qualidade e as pressuposições de normalidade do modelo ajustado. Por meio da análise de resíduos de Cox-Snell também verificou-se que o modelo Weibull parece ser adequado, ou seja, indica uma boa qualidade de ajuste.

Referências

- [1] D. M. Stasinopoulos, R. A. Rigby. Generalized additive models for location, scale and shape (gamlss) in R. *Journal of Statistical Software*, 23(7): 1-46, 2007.
- [2] E. Colosimo, S. Giolo. *Análise de sobrevivência aplicada*. São Paulo: Blücher, 2006.
- [3] J. C. Lastória, M. Abreu. Hanseníase: diagnóstico e tratamento. *Diagn Tratamento*, 17(4): 173-179, 2012.
- [4] R Core Team. *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2018.