



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Regressão de séries temporais aplicado à modelagem da dinâmica migratória da influenza no Brasil
<b>Autor</b>	ALINE FOERSTER GRANDE
<b>Orientador</b>	GUILHERME PUMI

Regressão de séries temporais aplicado à modelagem da dinâmica migratória da  
influenza no Brasil

Aluna: Aline Foerster Grande

Orientador: Guilherme Pumi

Instituto de Matemática e Estatística UFRGS

Causada pelo vírus influenza, a gripe é uma das doenças mais prevalentes no Brasil e no mundo, infectando cerca de 10% da população mundial a cada ano e causando perdas entre 250.000 e 500.000 mortes anuais. É comumente conhecido que diversas cepas de gripe que afetam o Brasil migram da Europa, Ásia e Estados Unidos, no movimento migratório dos solstícios. A justificativa desse trabalho se baseia no fato de que a dinâmica evolucionária desse vírus é formada por rápidas mutações, seleção natural e rearranjo frequente, de forma que compreender melhor a sua dinâmica de migração intercontinental é de grande importância na determinação de políticas imunológicas e de saúde pública. O objetivo desse trabalho é modelar a incidência do vírus da gripe A (subtipos H1N1 e H3N2) no Brasil em um determinado mês  $t$ , a partir de dados de incidência e diversidade genética coletados em meses anteriores em outras localidades. Para tal será aplicada a metodologia de regressão com defasagens, que visa determinar a influência de determinadas variáveis na previsão de outras. Para tal análise utilizou-se dois tipos de dados, um representando a incidência da gripe nas seguintes regiões: América do Norte, América do Sul, América Central, Brasil, Europa, Sul da Ásia e Pacífico Ocidental. Outro representando a diversidade genética dos vírus H1N1 e H3N2 dos seguintes locais: América do Norte, global e Ásia. Dentre os resultados obtidos destacamos que as variáveis que melhor explicam a incidência da gripe no Brasil são:  $B_{t-1}$  (número de casos positivos da gripe no Brasil com uma defasagem),  $A_{t-4}$  (na América do Norte com quatro defasagens),  $E_{t-2}$  (na Europa com duas defasagens),  $E_{t-3}$  (na Europa com três defasagens),  $C_{t-3}$  (na América Central com três defasagens),  $\mu_t$  (média mensal no Brasil),  $P_{t-4}$  e  $P_{t-5}$  (diversidade genética da gripe H1N1 na Ásia com quatro e cinco defasagens).