doi: 10.5123/S2176-6223202602075

Seção Temática 90 anos do IEC

Análise de séries temporais e avaliação de modelos preditivos para micobacterioses não tuberculosas

Time series analysis and evluation of predictive models for nontuberculous mycobacterioses

José Anderson Monteiro Pantoja[1,2], Adriano Felipe Barbosa Castro[1,2], Ana Beatriz Henrique Santos[2,3], Danna Karen Corrêa dos Santos[1,2], Alex Brito Souza[1,2], Ana Judith Pires Garcia[2], Emilyn Costa Conceição[1,5,6], Karla Valeria Batista Lima[1,2,3,4], Luciana Damascena da Silva[1,2], Consórcio REVIGEN

[1] *Programa de Pós-graduação em Biologia Parasitária na Amazônia, Belém, Pará, Brasil*
[2] *Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, Pará, Brasil*
[3] *Programa de Pós-graduação em Epidemiologia e Vigilância em Saúde, Ananindeua, Pará, Brasil*
[4] *Universidade do Estado do Pará, Belém, Pará, Brasil*
[5] *Centre for Epidemic Response and Innovation, School of Data Science and Computational Thinking, Stellenbosch University, Stellenbosch, South Africal*
[6] *South African Medical Research Council Centre for Tuberculosis Research, Division of Molecular Biology and Human Genetics, Faculty of Medicine and Health Sciences, Stellenbosch University, Cape Town, South Africa*

INTRODUÇÃO

O aumento das notificações de micobactérias não tuberculosas (MNT) desafia a vigilância epidemiológica, sobretudo na Amazônia, onde são escassas informações sobre sua distribuição e comportamento temporal[1]. A análise de tendências pode apoiar a vigilância[2]. Este estudo avaliou modelos preditivos para casos novos de MNT notificados no SITE-TB entre 2013 e 2024 e projetou a incidência para 2025.

METODOLOGIA

Foi realizado estudo de série temporal com 197 casos novos de MNT, distribuídos em 144 observações mensais. Avaliaram-se estacionariedade (ADF), autocorrelação (ACF/PACF) e periodicidade. Compararam-se 14 modelos ARIMA por validação temporal cruzada, com horizontes de 1, 3 e 12 meses e RMSE como principal medida de desempenho[3]. Os resíduos foram avaliados pelo teste de Ljung-Box e R^2. As análises de séries temporais e a modelagem preditiva foram realizadas no software Orange Data Mining. Vinculado ao INCT/REVIGEN, o estudo foi aprovado pelo CEP/IEC (CAAE: 97760326.3.0000.0019, Parecer: 8.576.080).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A série foi estacionária (ADF=-6,072; p<0,001), sem autocorrelação forte ou sazonalidade anual definida. O ARIMA (1,0,1) teve menor RMSE para 1 e 3 meses (1,180 e 1,208); em 12 meses, o ARIMA (1,0,2) teve RMSE de 1,484, semelhante ao ARIMA (0,0,0) (1,486). Não houve autocorrelação residual significativa, mas R^2 negativos indicaram baixa capacidade explicativa. Para 2025, projetaram-se cerca de 16 a 17 casos, com ganho mínimo dos modelos complexos.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A baixa estrutura temporal das notificações de MNT limitou o desempenho dos modelos ARIMA. As projeções para 2025 devem ser interpretadas com cautela. Variáveis clínicas, laboratoriais, ambientais e espaciais poderão melhorar futuras análises epidemiológicas.

FINANCIAMENTO

CNPq.

Palavras-chave: Micobactérias não tuberculosas; Séries temporais; Epidemiologia; Vigilância em saúde.

Eixo Temático: Bacteriologia; Epidemiologia.

Correspondência / Correspondence:
José Anderson Monteiro Pantoja
Instituto Evandro Chagas/SVSA/MS
Rodovia BR-316 km 7, s/n. Bairro: Levilândia – CEP: 67030-000 – Ananindeua, Pará, Brasil
E-mail: monteiropantoja954@gmail.com

REFERÊNCIAS

1 Lima ACO, Schmid KB, Melo HF, Athayde RC, Monte RL, Almeida IN, et al. Molecular characterization of nontuberculous Mycobacteria in a tuberculosis and HIV reference unit in the State of Amazonas, Brazil. Rev Soc Bras Med Trop. 2022;55:e0613-2021.

2 Silva MT, Galvão TF. Tuberculosis incidence in Brazil: time series analysis between 2001 and 2021 and projection until 2030. Rev Bras Epidemiol. 2024;27:e240027.

3 Chen S, Wang X, Zhao J, Zhang Y, Kan X. Application of the ARIMA Model in Forecasting the Incidence of Tuberculosis in Anhui During COVID-19 Pandemic from 2021 to 2022. Infect Drug Resist. 2022 Jul;15:3503-12.