

# 1 Introdução

Este trabalho tem como objetivo explorar uma ampla gama de dados relacionados às mulheres que tiveram ou não pré-eclâmpsia, incluindo características físicas, resultados de exames laboratoriais, histórico de doenças e hábitos. A pré-eclâmpsia, uma condição médica complexa que afeta mulheres grávidas, é de grande interesse para a comunidade médica devido às suas implicações para a saúde materna e neonatal.

A pré-eclâmpsia, caracterizada por hipertensão arterial e danos a órgãos, é uma complicação gestacional que geralmente se manifesta após a 20ª semana de gravidez. Ela é frequentemente acompanhada de sintomas como aumento da pressão arterial, presença de proteína na urina, edema e, em casos mais graves, eclâmpsia, que pode resultar em convulsões. Esta condição não apenas representa uma ameaça direta à saúde da mãe, mas também pode ter sérias consequências para o feto, incluindo restrição de crescimento intrauterino e parto prematuro. A magnitude do problema da pré-eclâmpsia é evidente nas estatísticas globais de saúde materna. A pré-eclâmpsia é um fator de risco para complicações de saúde a longo prazo para a mãe, como doença cardíaca e hipertensão.

Neste estudo, realizamos uma análise estatística abrangente. Isso incluiu a utilização de regressão logística para identificar fatores relevantes associados à pré-eclâmpsia, uma análise descritiva dos dados coletados para melhor compreensão do perfil das pacientes, bem como o cálculo amostral para determinar o tamanho ideal da amostra para garantir resultados confiáveis. Além disso, investigamos a curva logística de quatro parâmetros para preencher eventuais valores faltantes nos dados. Esta análise estatística detalhada visa aprimorar nossa compreensão da pré-eclâmpsia, suas causas potenciais e possíveis estratégias de prevenção, contribuindo assim para o avanço das práticas médicas e políticas de saúde relacionadas à gravidez.

Através deste estudo multidisciplinar, esperamos fornecer insights valiosos para profissionais de saúde, pesquisadores e formuladores de políticas, a fim de melhorar o diagnóstico precoce, o tratamento e a prevenção da pré-eclâmpsia, com o objetivo de promover a saúde materna e neonatal em todo o mundo.

## 2 Objetivo

## 3 Metodologia

## 4 Resultados

### 4.1 Tamanho Amostral

Para o cálculo do tamanho da amostra onde o objetivo do estudo era comparar dois grupos: grupo tratamento com um controle, no contexto do trabalho o grupo controle seriam as mulheres que tiveram gestações saudáveis ( $MN$ ) e o grupo tratamento seriam mulheres que tiveram pré-eclâmpsia ( $MP$ ). Optou-se por usar a variância da pressão sistólica porque, segundo a Sociedade Brasileira de Cardiologia, ela é primeiro indício para causa de doença cardiovascular, ou seja, está sendo usado como desfecho para o aumento da pressão. As variâncias para os grupos serão denotados por  $\sigma_{MN}^2$  e  $\sigma_{MP}^2$ , respectivamente, e foram obtidas por meio de estudo piloto e repassado pela cliente para o estudo.

As variâncias para a **pressão sistólica** são:

- Grupo MN: 196,90
- Grupo MP: 514,95

Então, escolhendo um nível de significância de  $\alpha = 0,05$  e um poder de teste de  $\beta = 0,10$ , tem-se que os resultados encontrados estão na *Tabela 1*.

O *delta* ( $\delta$ ) denota a diferença das médias do grupo MN e MP,  $|\mu_{MN} - \mu_{MP}| < \delta$ . Nota-se que quanto menor o delta, ou seja, quão próximo deseja-se que as médias dos grupos sejam “iguais”, maior será a amostra a ser avaliada para garantir boa estimação.

Table 1: Cálculo do tamanho amostral para diferentes erros

Delta	Tamanho Amostral
0.1	747.971
0.5	29.919
1.0	7.480
2.0	1.870
5.0	299
10.0	75

## 4.2 Curva de concentração do Sflt1

Devido ao não registro de valores de *concentração* de Sflt1 (provavelmente devido a baixa acurácia do equipamento na medição para valores pequenos de concentração), e tendo o resultado da *absorbância* observada, foi solicitado a estimação teórica dessas concentrações.

É conhecido por meio da literatura que essa concentração a ser estimada segue uma equação conhecida como **Four parameter logistic regression** (Modelo de Regressão Logística de 4 Parâmetros) a qual é muito usada para dados de ensaio imunoabsorvente enzimático - ELISA (Enzyme-linked immunosorbent assay). Cabe então, a estimação dos parâmetros da curva por meio da regressão específica do problema.

Esse modelo de regressão possui como variável resposta a **absorbância** e como variável explicativa a **concentração**. Entretanto, o objetivo final da estimação é prever valores de concentração para uma absorbância conhecida. Assim, a princípio usou-se os dados teóricos disponibilizados para estimar os parâmetros. Foi buscado na literatura ajustes semelhantes e optou-se pela implementação *LL2.4* contida no pacote *drc* (Analysis of Dose-Response Curves ou Análise de Curvas Dose-Resposta) implementado no R-Studio.

A função *LL2.4* fornece a reparametrização da função por meio da transformação log da concentração e no parâmetro do ponto de inflexão, dado por:

$$y = c + \frac{d - c}{1 + e^{b(\log(x) - \log(e))}}$$

Figure 1: Fórmula da parametrização usada

- **b** indica a inclinação da curva (Slope)
- **c** indica o limite inferior (Amin)
- **d** indica o limite superior (Amax)
- **e** indica o ponto de inflexão (ED50 que nessa parametrização é  $\log_2 \text{ED50}$ )

Além disso, a função permite auto-inicialização (caso o algoritmo seja iterativo e parta de um “chute inicial”), e a imputação dos nomes dos parâmetros. Como está sendo usada a transformação  $\log_2$  para estimar os parâmetros, para conversão final da concentração estimada será aplicada a inversa da transformação para achar o valor real da concentração.

O resultado encontrado para a estimação dos parâmetros está na *Tabela 2*.

Para testar a significância dos parâmetros, um intervalo de confiança foi obtido, *Tabela 3*. Exceto o parâmetro de máximo e mínimo, conclui-se que todos demais são significativos. Pelo método do *p - valor*, caso o nível de significância  $\alpha = 0,10$ , apenas o ponto de máximo seria não significativo.

Por meio da *Figura 1* é possível notar o quão bem a curva se ajustou aos dados teóricos.

Table 2: Valores estimados dos parâmetros

	coefs.data
b	-1.3264
c	0.1229
d	10.9819
e	8.6645

Table 3: Intervalo de confiança para os parâmetros

	2.5 %	97.5 %
Slope:(Intercept)	-2.198	-0.455
Amin:(Intercept)	-0.054	0.299
Amax:(Intercept)	-41.195	63.159
log2ED50:(Intercept)	3.704	13.625

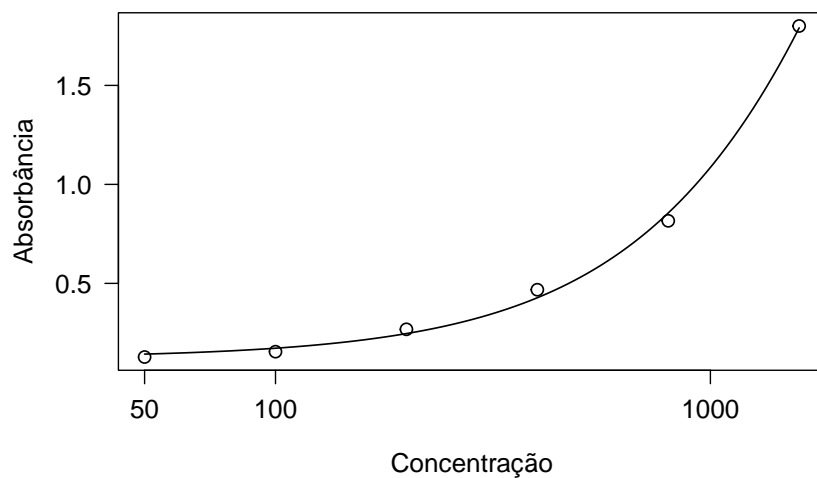


Figure 2: Gráfico da estimação da curva para os dados teóricos

Table 4: Resumo teste de normalidade dos resíduos

Nome	Método	Pvalor	Conclusão
Resíduos	Shapiro-Wilk normality test	0.9177	Não significativo

#### 4.2.1 Análise de resíduos

A fim de validar alguns pressupostos da regressão e a partir da *Figura 2* (contida no *apêndice*), sobre os resíduos, nota-se que a homocedasticidade é válida.

De mesmo modo, sobre a *Tabela 4*, sobre a hipótese nula de que os resíduos possuem distribuição normal, para o mesmo  $\alpha = 0,05$ , dado o  $p$ -valor observado, não rejeita-se a hipótese nula. Não foi encontrado pressuposto de normalidade dos resíduos na literatura, entretanto, optou-se por reportar.

Logo conclui-se que a estimação parece se adequar bem aos dados e pode-se seguir para a estimação da concentração por meio desses parâmetros.

#### 4.2.2 Estimação da concentração por imputação do limite inferior

Para estimação da concentração, como foi feita uma parametrização, a *Log2-concentração* será obtida e então convertida para escala padrão. Buscando-se na literatura referências, foi encontrado que além dos valores estimados, como deseja-se estimar concentrações abaixo do limite inferior, um novo candidato a mínimo deveria ser estipulado. Nesse caso, optou-se pelo mínimo ser o menor valor de concentração observado na amostra (0.048). Esse valor está contido no Intervalo de Confiança para o mínimo. Os demais coeficientes serão os mesmos estimados.

As concentrações encontradas podem ser vistas na *Tabela 5*.

Por fim, nota-se que os valores preditos parecem estar próximos do esperado para o comportamento dos dados teóricos.

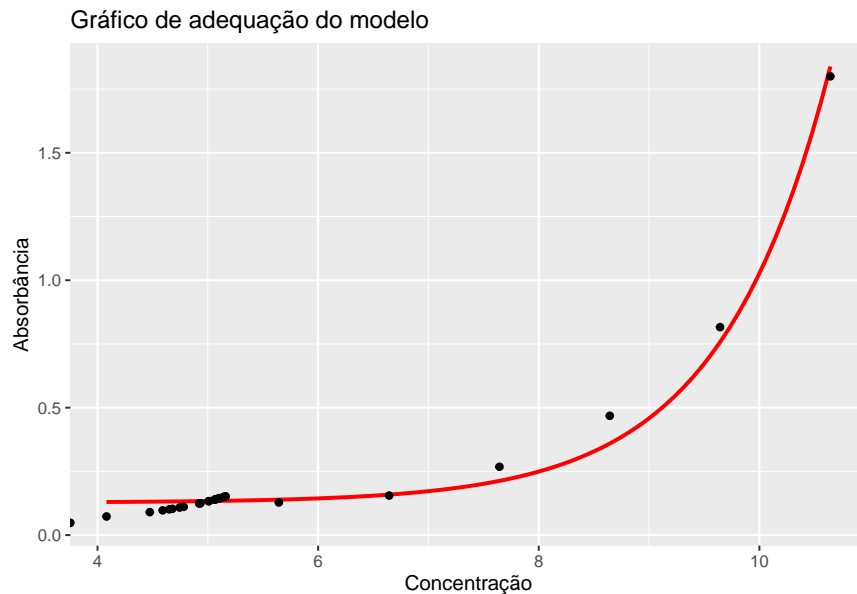


Figure 3: Concentração preditas com dados teóricos

Table 5: Comparativo das estimações para concentração de Sflt1 abaixo da curva

Absorbância	Concentração Estimada	Ajuste Luiza
0.048	0.000	7.328
0.073	16.934	11.145
0.090	22.226	13.741
0.097	24.098	20.207
0.101	25.112	23.902
0.103	25.605	25.750
0.108	26.803	30.368
0.111	27.499	33.139
0.124	30.350	45.148
0.124	30.350	45.148
0.124	30.350	45.148
0.124	30.350	45.148
0.125	30.560	46.071
0.133	32.192	53.461
0.133	32.192	53.461
0.133	32.192	53.461
0.133	32.192	53.461
0.139	33.370	59.003
0.140	33.563	59.927
0.141	33.754	60.851
0.143	34.135	62.698
0.144	34.324	63.622
0.145	34.512	64.546
0.149	35.256	68.241
0.150	35.439	69.164
0.152	35.804	71.012

Table 6: Quantidade de nulos e não nulos por grupo de CK

grupo	Nulos	Nao nulos
0	100	2
1	43	43

### 4.3 Análises descritivas

Em seguida foi levantado algumas medidas de resumo para as variáveis de interesse contidas no banco de dados. Essas descritivas foram levantadas com o objetivo de avaliar principalmente o efeito da variável em cada grupo, *Grupo MN* e *Grupo MP*.

Em síntese, as medidas descritivas escolhidas para os dados contínuos refletem:

- Boxplot: comparativo do comportamento dos dados para cada grupo e se há informações discrepantes;
- Tabela: medidas de resumos de tendência central e variabilidade, indicativo de nulos e número de observações encontradas e
- Histograma: a frequência geral da variável de interesse.

Caso fossem encontrados dados extremos, visando melhores estimativas, eles foram retirados das medidas de resumo. Seus resultados gerais antes e após a retirada foram colocados em uma tabela chamada “Resumo de retirada”.

Para os dados categóricos, a medida descritiva escolhida foi um gráfico de barras para avaliar a proporção de cada grupo (*MN* e *MP*) dentro de cada categoria. Dentre algumas variáveis categóricas, foi gerado uma tabela de frequência para avaliar a proporção da categoria dentro de cada grupo (*MN* e *MP*).

Essas análises descritivas estão contidas na seção de **Apêndice** desse relatório.

### 4.4 Resumo testes de hipóteses

Para os dados numéricos, os testes tiveram por hipótese geral:

$$\begin{cases} H_0 : \mu_{Grupo\ MN} = \mu_{Grupo\ MP} \\ H_1 : \mu_{Grupo\ MN} \neq \mu_{Grupo\ MP} \end{cases}$$

Caso os dados atendessem a suposição de normalidade para os grupos, foi aplicado o *Teste T* para comparação da média de dois grupos. Caso contrário, o *Teste de Permutação* foi aplicado como teste não paramétrico. Em suma, deseja-se avaliar se a média entre os grupos é igual para uma dada variável ou se há diferença.

Para as variáveis qualitativas, o *Teste Exato de Fisher* para tabelas de contingência  $2 \cdot m$  foi aplicado sobre a hipótese nula de que a proporção das categorias fossem iguais para ambos grupos (*MN* e *MP*).

Há apenas 2 observações no *grupo MN* da variável **CK**, logo, não foi possível realizar o teste de médias para ele.

Em seguida, será apresentado o resumo de todos testes de hipóteses aplicados as variáveis.

Resumo Descritivas favoráveis para o estudo sobre as variáveis que impactam na média ou frequência dentro do grupo *Grupo MN* e *Grupo MP* para um nível de significância de  $\alpha = 0,05$ .

\begin{table}

\caption{Resumo de todos os resultados favoráveis dos testes para 5% de significância}

Table 7: Resumo de todos os resultados dos testes

Nome	Método	Pvalor	Conclusão
pressao_sis	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_dias	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_media	Teste permutação	0.0000	Significativo
ldl_dosado	Teste permutação	0.0000	Significativo
creatinina	Teste permutação	0.0000	Significativo
peso_bebe	Welch Two Sample t-test	0.0000	Significativo
prematurro	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
hipertensao	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
anti_hiper	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
filtr_glomerular	Teste permutação	0.0014	Significativo
trombomodulina	Welch Two Sample t-test	0.0021	Significativo
imc	Teste permutação	0.0082	Significativo
abdomen	Welch Two Sample t-test	0.0095	Significativo
gordura	Teste permutação	0.0108	Significativo
tipo_parto	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0108	Significativo
escolaridade	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0239	Significativo
sft1	Welch Two Sample t-test	0.0397	Significativo
quadril	Teste permutação	0.0580	Não significativo
hdl	Teste permutação	0.0598	Não significativo
aat1	Welch Two Sample t-test	0.0602	Não significativo
cintura	Teste permutação	0.0616	Não significativo
pai1	Teste permutação	0.0640	Não significativo
lym	Teste permutação	0.0718	Não significativo
adma	Teste permutação	0.0900	Não significativo
peso	Teste permutação	0.0918	Não significativo
tgo_ast	Teste permutação	0.1062	Não significativo
nao_hdl	Teste permutação	0.1104	Não significativo
colesterol_total	Teste permutação	0.1604	Não significativo
sft1_geral	Teste permutação	0.2078	Não significativo
nir	Teste permutação	0.2346	Não significativo
sft1_luiza	Teste permutação	0.2780	Não significativo
etnia	Fisher's Exact Test for Count Data	0.2943	Não significativo
acido_urico	Welch Two Sample t-test	0.3302	Não significativo
diabetes	Fisher's Exact Test for Count Data	0.3353	Não significativo
vldl	Teste permutação	0.3424	Não significativo
neu	Teste permutação	0.3572	Não significativo
quantos_anos_evento	Fisher's Exact Test for Count Data simulated	0.3643	Não significativo
medic_hipercol	Fisher's Exact Test for Count Data	0.4735	Não significativo
cintura_quadril	Teste permutação	0.4746	Não significativo
gama_gt	Teste permutação	0.4840	Não significativo
tgp_alt	Teste permutação	0.5284	Não significativo
num_gestacoes	Fisher's Exact Test for Count Data	0.5611	Não significativo
dimero	Teste permutação	0.6510	Não significativo
hipercolesterolemia	Fisher's Exact Test for Count Data	0.6627	Não significativo
triglicerides	Teste permutação	0.8522	Não significativo
hba1c	Teste permutação	0.8942	Não significativo
medic_diabetes	Fisher's Exact Test for Count Data	1.0000	Não significativo
tabagista	Fisher's Exact Test for Count Data	1.0000	Não significativo

Nome	Método	Pvalor	Conclusão
pressao_sis	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_dias	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_media	Teste permutação	0.0000	Significativo
ldl_dosado	Teste permutação	0.0000	Significativo
creatinina	Teste permutação	0.0000	Significativo
peso_bebe	Welch Two Sample t-test	0.0000	Significativo
prematureo	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
hipertensao	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
anti_hiper	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
filtr_glomerular	Teste permutação	0.0014	Significativo
trombomodulina	Welch Two Sample t-test	0.0021	Significativo
imc	Teste permutação	0.0082	Significativo
abdomen	Welch Two Sample t-test	0.0095	Significativo
gordura	Teste permutação	0.0108	Significativo
tipo_parto	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0108	Significativo
escolaridade	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0239	Significativo
sft1	Welch Two Sample t-test	0.0397	Significativo

\end{table}

Caso fosse assumido um nível de significância de  $\alpha = 0,10$ , as seguintes variáveis seriam candidatas a impactar no grupo.

\begin{table}

\caption{Resumo de todos os resultados favoráveis dos testes para 10% de significância}

Nome	Método	Pvalor	Conclusão
pressao_sis	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_dias	Teste permutação	0.0000	Significativo
pressao_media	Teste permutação	0.0000	Significativo
ldl_dosado	Teste permutação	0.0000	Significativo
creatinina	Teste permutação	0.0000	Significativo
peso_bebe	Welch Two Sample t-test	0.0000	Significativo
prematureo	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
hipertensao	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
anti_hiper	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0000	Significativo
filtr_glomerular	Teste permutação	0.0014	Significativo
trombomodulina	Welch Two Sample t-test	0.0021	Significativo
imc	Teste permutação	0.0082	Significativo
abdomen	Welch Two Sample t-test	0.0095	Significativo
gordura	Teste permutação	0.0108	Significativo
tipo_parto	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0108	Significativo
escolaridade	Fisher's Exact Test for Count Data	0.0239	Significativo
sft1	Welch Two Sample t-test	0.0397	Significativo
quadril	Teste permutação	0.0580	Significativo
hdl	Teste permutação	0.0598	Significativo
aat1	Welch Two Sample t-test	0.0602	Significativo
cintura	Teste permutação	0.0616	Significativo
pai1	Teste permutação	0.0640	Significativo
lym	Teste permutação	0.0718	Significativo
adma	Teste permutação	0.0900	Significativo
peso	Teste permutação	0.0918	Significativo



\end{table}

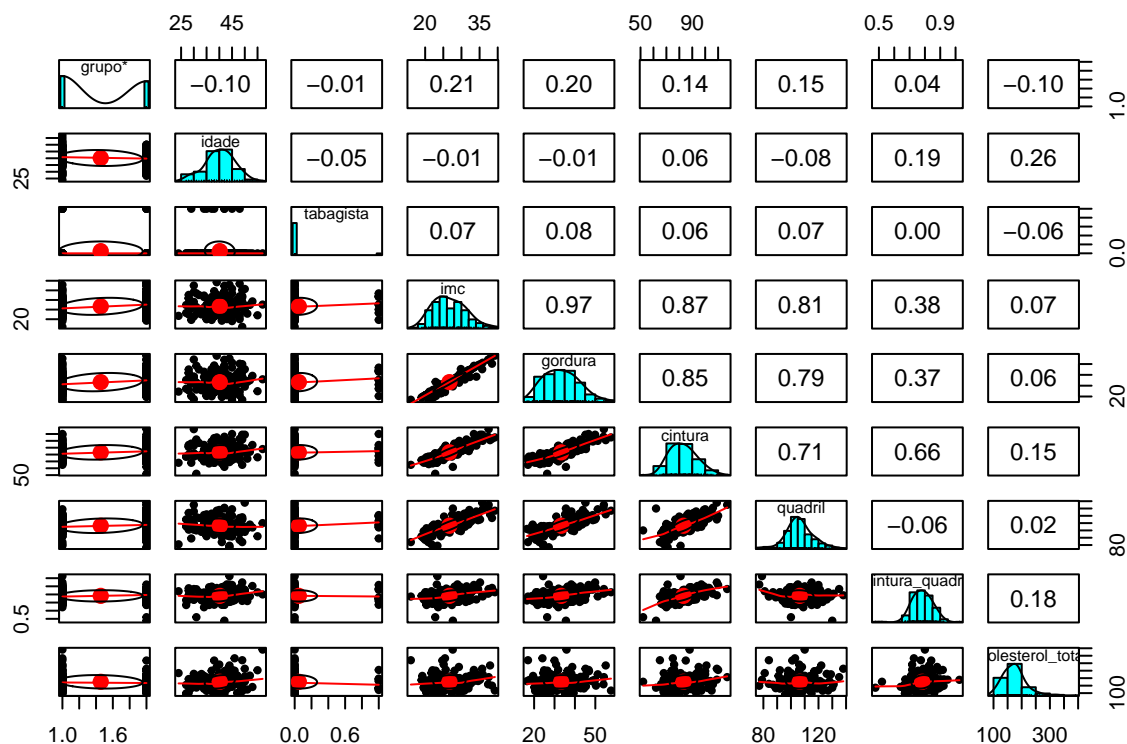
#### 4.5 Modelo Linear Generalizado para hipertensão

```
## # A tibble: 6 x 53
##   iniciais grupo.x etnia idade escolaridade num_gestacoes peso imc gordura
##   <chr>      <fct>   <dbl> <dbl> <fct>                <dbl> <dbl> <dbl>   <dbl>
## 1 LDS        1         2   39 1                    4  68.4  29.6   39.1
## 2 MRS        0         2   45 0                    3 102.   35.9   51.2
## 3 ZCAS        1         1   31 2                    2  67.3  26.3   32.9
## 4 AAFR        1         2   45 2                    3  69.8  25.6   31.9
## 5 AMAA        1         1   30 2                    2  71.5  29.0   38.3
## 6 DBGA        1         2   36 2                    3  79.9  29.0   38

## # i 44 more variables: pressao_sis <dbl>, pressao_dias <dbl>,
## #   pressao_media <dbl>, cintura <dbl>, abdomen <dbl>, quadril <dbl>,
## #   cintura_quadril <dbl>, neu <dbl>, lym <dbl>, nlr <dbl>,
## #   colesterol_total <dbl>, hdl <dbl>, ldl_dosado <dbl>, vldl <dbl>,
## #   nao_hdl <dbl>, triglicerides <dbl>, hba1c <dbl>, creatinina <dbl>,
## #   filtr_glomerular <dbl>, tgp_alt <dbl>, tgo_ast <dbl>, acido_urico <dbl>,
## #   ck <dbl>, gama_gt <dbl>, anti_hiper <dbl>, medic_diabetes <dbl>, ...

##           iniciais          grupo colesterol_total          hdl
##   0.000000000          0.000000000    0.000000000    0.000000000
##   ldl_dosado    triglicerides          imc          cintura
##   0.000000000          0.000000000    0.005319149    0.005319149
##   quadril    cintura_quadril    pressao_sis    pressao_dias
##   0.005319149    0.005319149    0.010638298    0.010638298
##   idade          tabagista          gordura          hba1c
##   0.010638298    0.010638298    0.021276596    0.234042553
##   aat1          pail          dimero
##   0.569148936    0.574468085    0.585106383

## # A tibble: 10 x 4
##   Nome          Método          Pvalor Conclusão
##   <chr>        <chr>          <dbl> <chr>
## 1 imc          Teste permutação    0.0014 Significativo
## 2 ldl_dosado    Teste permutação    0.0018 Significativo
## 3 cintura      Welch Two Sample t-test 0.0025 Significativo
## 4 gordura      Teste permutação    0.0028 Significativo
## 5 cintura_quadril Teste permutação    0.0124 Significativo
## 6 quadril      Teste permutação    0.0606 Não significativo
## 7 idade        Welch Two Sample t-test 0.230  Não significativo
## 8 hdl          Teste permutação    0.623  Não significativo
## 9 colesterol_total Teste permutação    0.634  Não significativo
## 10 triglicerides Teste permutação    0.716  Não significativo
```



```
##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + imc + cintura + cintura_quadril +
##      idade + quadril + gordura + ldl_dosado, family = binomial(link = "logit"),
##      data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.8947 -0.8883 -0.6075  1.0715  1.9733
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  31.105454  23.054389   1.349   0.1773
## grupo2        0.875230   0.364709   2.400   0.0164 *
## imc           0.317023   0.184817   1.715   0.0863 .
## cintura       0.424896   0.267903   1.586   0.1127
## cintura_quadril -44.711264  28.624103  -1.562   0.1183
## idade         0.035508   0.030367   1.169   0.2423
## quadril       -0.380309   0.221018  -1.721   0.0853 .
## gordura      -0.080569   0.083715  -0.962   0.3358
## ldl_dosado     0.006558   0.005151   1.273   0.2030
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
```

```

##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 207.41  on 173  degrees of freedom
## AIC: 225.41
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

##      grupo      imc      cintura cintura_quadril      idade
##      1.168764    23.271350    285.881923    118.081902    1.127745
##      quadril      gordura      ldl_dosado
##      162.878990    17.676427    1.179525

##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + ldl_dosado, family = binomial(link = "logit"),
##      data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5392  -0.9073  -0.6792   1.1403   1.9245
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -3.383135   1.216383  -2.781  0.00541 **
## grupo2       0.959907   0.345115   2.781  0.00541 **
## idade        0.036610   0.028486   1.285  0.19872
## ldl_dosado   0.007961   0.004825   1.650  0.09894 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 219.18  on 178  degrees of freedom
## AIC: 227.18
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

##      grupo      idade ldl_dosado
##      1.118696    1.059741    1.103919

##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + imc + ldl_dosado,
##      family = binomial(link = "logit"), data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5705  -0.8860  -0.6386   1.1197   2.0676
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -5.878246   1.636090  -3.593  0.000327 ***
## grupo2       0.848765   0.353921   2.398  0.016477 *
## idade        0.039990   0.029137   1.373  0.169903
## imc          0.093538   0.038252   2.445  0.014474 *
## ldl_dosado   0.006895   0.004935   1.397  0.162369

```

```

## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 212.96  on 177  degrees of freedom
## AIC: 222.96
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + gordura + ldl_dosado,
##      family = binomial(link = "logit"), data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5578  -0.9016  -0.6500   1.1486   2.0349
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -4.876953   1.430422  -3.409 0.000651 ***
## grupo2       0.858950   0.352453   2.437 0.014807 *
## idade       0.039476   0.028959   1.363 0.172830
## gordura     0.043939   0.019834   2.215 0.026732 *
## ldl_dosado  0.007390   0.004897   1.509 0.131282
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 214.13  on 177  degrees of freedom
## AIC: 224.13
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + cintura + ldl_dosado,
##      family = binomial(link = "logit"), data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5824  -0.8695  -0.6532   1.0740   2.0273
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -6.247899   1.775274  -3.519 0.000433 ***
## grupo2       0.913133   0.351632   2.597 0.009409 **
## idade       0.035300   0.028911   1.221 0.222097
## cintura     0.037187   0.016006   2.323 0.020160 *
## ldl_dosado  0.006235   0.004950   1.260 0.207845
## ---

```

```

## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 213.56  on 177  degrees of freedom
## AIC: 223.56
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + quadril + ldl_dosado,
##      family = binomial(link = "logit"), data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5761  -0.9061  -0.6824   1.1419   1.9605
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -5.798008   2.263386  -2.562  0.01042 *
## grupo2       0.925435   0.348328   2.657  0.00789 **
## idade        0.041632   0.029083   1.431  0.15229
## quadril      0.021549   0.016723   1.289  0.19754
## ldl_dosado   0.007279   0.004888   1.489  0.13647
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 217.48  on 177  degrees of freedom
## AIC: 227.48
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + idade + cintura_quadril +
##      ldl_dosado, family = binomial(link = "logit"), data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.5466  -0.9104  -0.6354   1.1421   1.9950
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -6.420382   2.123925  -3.023  0.00250 **
## grupo2        0.949895   0.348100   2.729  0.00636 **
## idade         0.027041   0.028880   0.936  0.34912
## cintura_quadril 4.449829   2.502679   1.778  0.07540 .
## ldl_dosado    0.007256   0.004875   1.489  0.13659
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
## Null deviance: 236.04 on 181 degrees of freedom
## Residual deviance: 215.87 on 177 degrees of freedom
## AIC: 225.87
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

## Start: AIC=254.25
## alta_pressao ~ grupo + imc + cintura + cintura_quadril + idade +
## quadril + gordura + ldl_dosado
##
##
## Df Deviance AIC
## - gordura 1 208.34 249.97
## - idade 1 208.80 250.43
## - ldl_dosado 1 209.04 250.67
## - imc 1 210.41 252.04
## - cintura_quadril 1 210.59 252.22
## - cintura 1 210.76 252.39
## - quadril 1 211.32 252.96
## <none> 207.41 254.25
## - grupo 1 213.26 254.89
##
## Step: AIC=249.97
## alta_pressao ~ grupo + imc + cintura + cintura_quadril + idade +
## quadril + ldl_dosado
##
##
## Df Deviance AIC
## - idade 1 209.74 246.17
## - ldl_dosado 1 210.31 246.74
## - cintura_quadril 1 211.16 247.59
## - imc 1 211.29 247.72
## - cintura 1 211.30 247.73
## - quadril 1 211.87 248.30
## <none> 208.34 249.97
## - grupo 1 214.04 250.46
## + gordura 1 207.41 254.25
##
## Step: AIC=246.17
## alta_pressao ~ grupo + imc + cintura + cintura_quadril + quadril +
## ldl_dosado
##
##
## Df Deviance AIC
## - cintura_quadril 1 212.40 243.62
## - ldl_dosado 1 212.40 243.62
## - imc 1 212.54 243.76
## - cintura 1 212.62 243.84
## - quadril 1 213.18 244.41
## - grupo 1 214.63 245.86
## <none> 209.74 246.17
## + idade 1 208.34 249.97
## + gordura 1 208.80 250.43
##

```

```

## Step: AIC=243.62
## alta_pressao ~ grupo + imc + cintura + quadril + ldl_dosado
##
##           Df Deviance    AIC
## - cintura      1   212.69 238.71
## - imc           1   214.39 240.41
## - quadril       1   214.57 240.59
## - ldl_dosado    1   214.98 241.00
## - grupo         1   217.36 243.38
## <none>          212.40 243.62
## + cintura_quadril 1   209.74 246.17
## + idade         1   211.16 247.59
## + gordura       1   211.80 248.22
##
## Step: AIC=238.71
## alta_pressao ~ grupo + imc + quadril + ldl_dosado
##
##           Df Deviance    AIC
## - quadril       1   214.88 235.69
## - ldl_dosado    1   215.68 236.49
## - grupo         1   217.42 238.24
## <none>          212.69 238.71
## - imc           1   219.57 240.39
## + idade         1   211.31 242.53
## + gordura       1   212.15 243.37
## + cintura       1   212.40 243.62
## + cintura_quadril 1   212.62 243.84
##
## Step: AIC=235.69
## alta_pressao ~ grupo + imc + ldl_dosado
##
##           Df Deviance    AIC
## - ldl_dosado    1   217.64 233.26
## - grupo         1   219.76 235.37
## <none>          214.88 235.69
## - imc           1   220.85 236.47
## + quadril       1   212.69 238.71
## + idade         1   212.96 238.98
## + cintura_quadril 1   213.40 239.42
## + gordura       1   214.32 240.34
## + cintura       1   214.57 240.59
##
## Step: AIC=233.26
## alta_pressao ~ grupo + imc
##
##           Df Deviance    AIC
## <none>          217.64 233.26
## - imc           1   224.62 235.03
## + ldl_dosado    1   214.88 235.69
## + idade         1   214.94 235.75
## - grupo         1   225.54 235.95
## + quadril       1   215.68 236.49
## + cintura_quadril 1   215.76 236.58
## + gordura       1   216.73 237.55

```

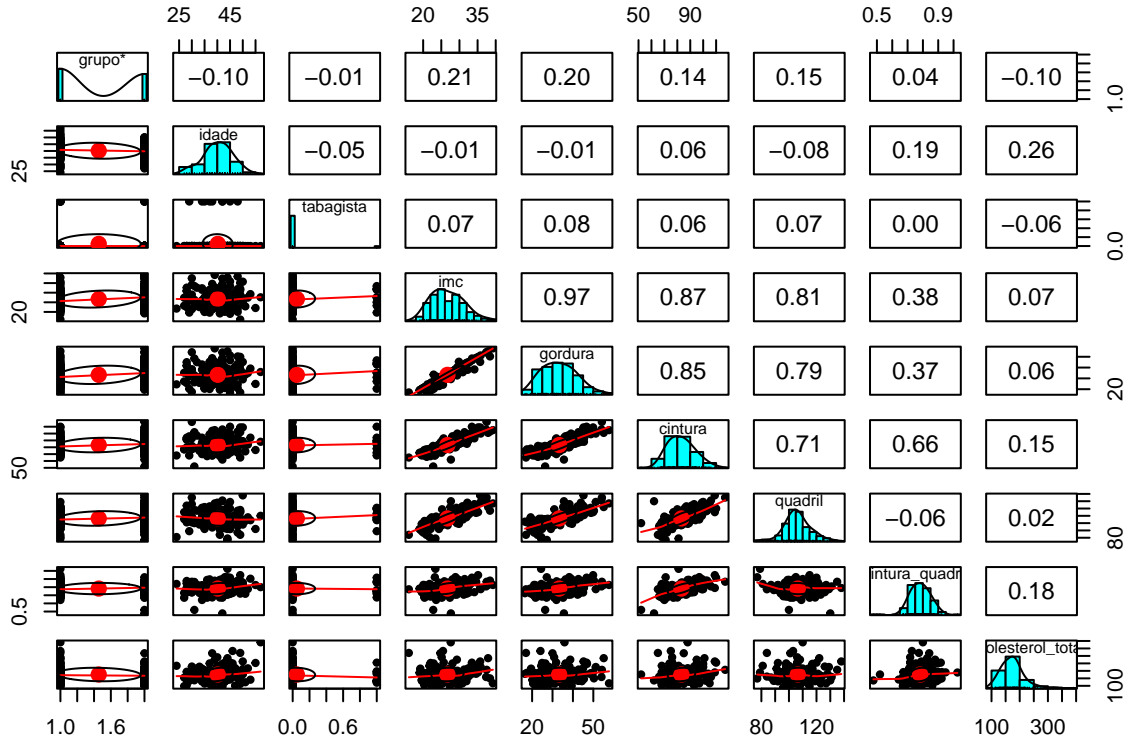
```
## + cintura          1    216.94 237.75

##
## Call:
## glm(formula = alta_pressao ~ grupo + imc, family = binomial(link = "logit"),
##      data = dfmodelo)
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6454  -0.8795  -0.6531   1.1501   1.9564
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -3.71339    1.03720  -3.580 0.000343 ***
## grupo2       0.92084    0.33053   2.786 0.005336 **
## imc          0.09810    0.03794   2.586 0.009717 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##      Null deviance: 236.04  on 181  degrees of freedom
## Residual deviance: 217.64  on 179  degrees of freedom
## AIC: 223.64
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
##
## z test of coefficients:
##
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)   31.1054539  23.0543890   1.3492 0.17727
## grupo2        0.8752297   0.3647095   2.3998 0.01640 *
## imc           0.3170233   0.1848167   1.7153 0.08628 .
## cintura       0.4248956   0.2679030   1.5860 0.11274
## cintura_quadril -44.7112642  28.6241029  -1.5620 0.11828
## idade         0.0355083   0.0303671   1.1693 0.24228
## quadril       -0.3803090   0.2210181  -1.7207 0.08530 .
## gordura       -0.0805694   0.0837154  -0.9624 0.33584
## ldl_dosado     0.0065575   0.0051511   1.2730 0.20300
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
##      (Intercept)      grupo2      imc      cintura cintura_quadril
##      3.227952e+13  2.399426e+00  1.373035e+00  1.529431e+00  3.820715e-20
##      idade      quadril      gordura      ldl_dosado
##      1.036146e+00  6.836501e-01  9.225908e-01  1.006579e+00
```



Table 8: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Branca	Negra	Parda
Grupo MN	46.53%	13.86%	39.60%
Grupo MP	35.71%	19.05%	45.24%



A análise da matriz de dispersão e da correlação entre as variáveis pode ajudar a identificar a multicolinearidade, que ocorre quando duas ou mais variáveis independentes estão altamente correlacionadas entre si. Isso pode ser observado em gráficos de dispersão onde as variáveis estão fortemente alinhadas. É possível identificar uma relação linear positiva entre as seguintes variáveis: imc, gordura, cintura e quadril.

**Characteristic**	**OR**	**95% CI**	**p-value**
grupo			
1	—	—	
2	2.14	1.09, 4.23	0.028
imc	1.10	1.02, 1.18	0.016
ldl_dosado	1.01	1.00, 1.02	0.10

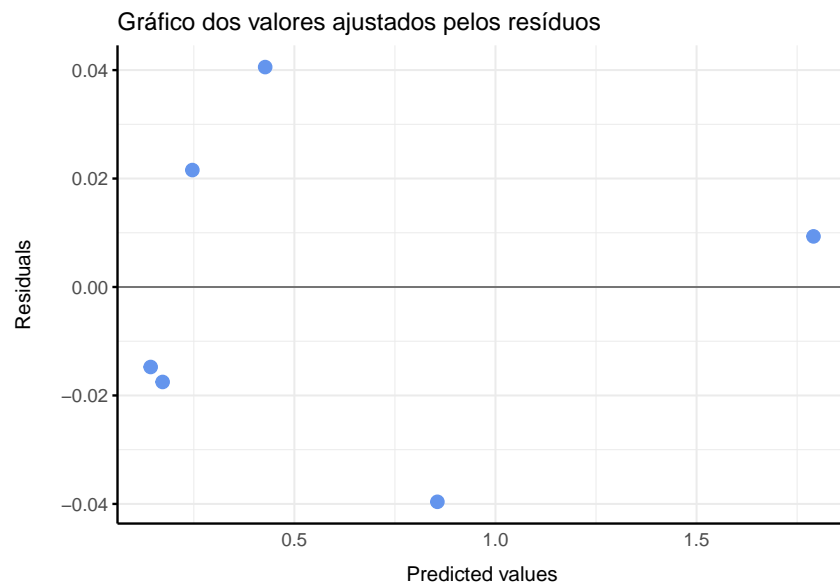


Figure 4: Gráfico dos valores ajustados pelos resíduos do modelo

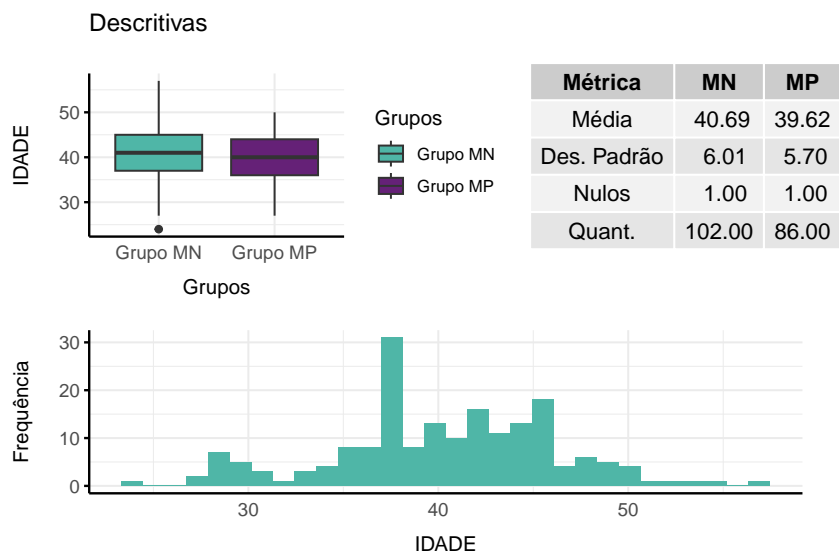


Figure 5: Análise descritiva por grupo para a variável idade

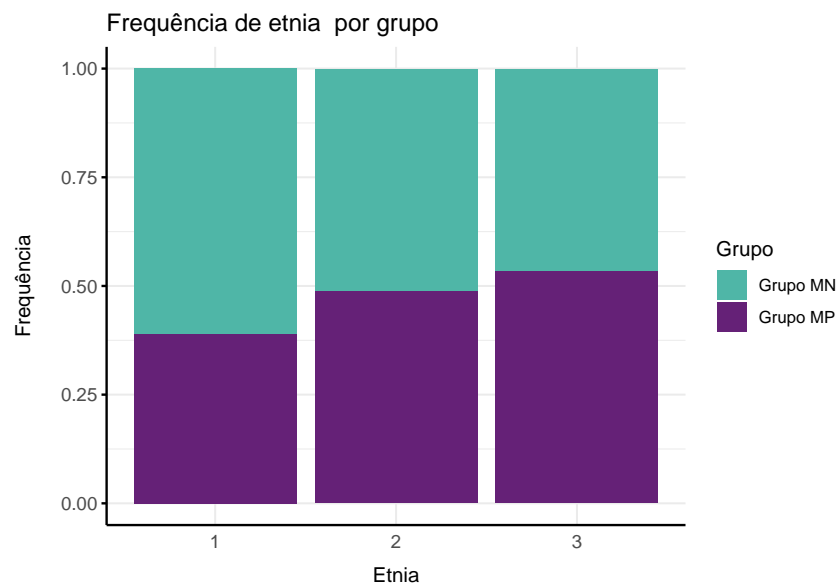


Figure 6: Análise descritiva por grupo para a variável etnia

Table 9: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	4ª série	Ensino Médio	Ensino técnico	Fundamental	Pós-graduação	Superior
Grupo MN	1.98%	14.85%	4.95%	0.00%	34.65%	43.56%
Grupo MP	5.88%	23.53%	5.88%	4.71%	34.12%	25.88%

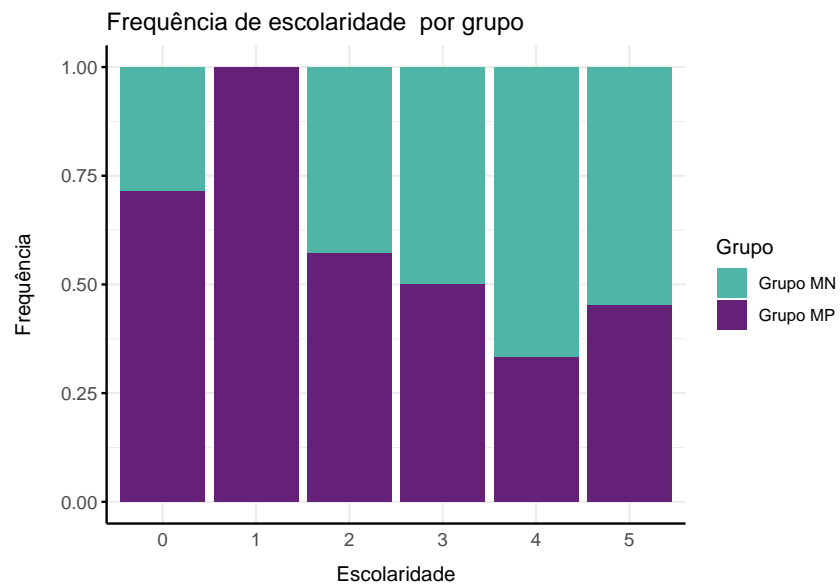


Figure 7: Análise descritiva por grupo para a variável escolaridade

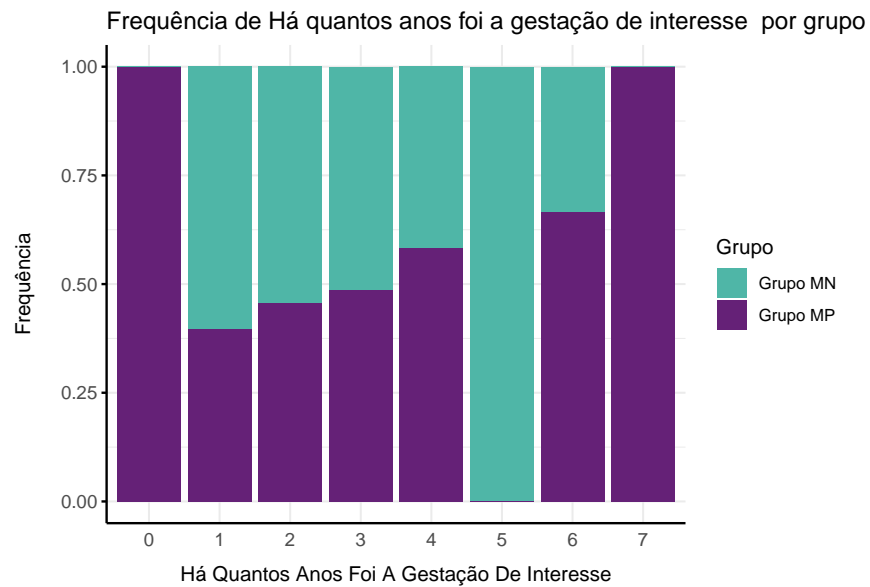


Figure 8: Análise descritiva por grupo para a variável há quantos anos foi a gestação de interesse

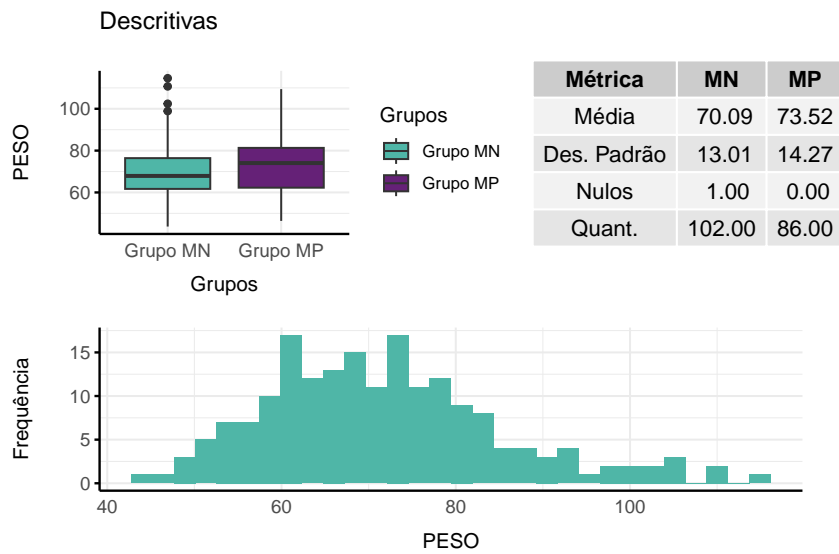


Figure 9: Análise descritiva por grupo para a variável peso

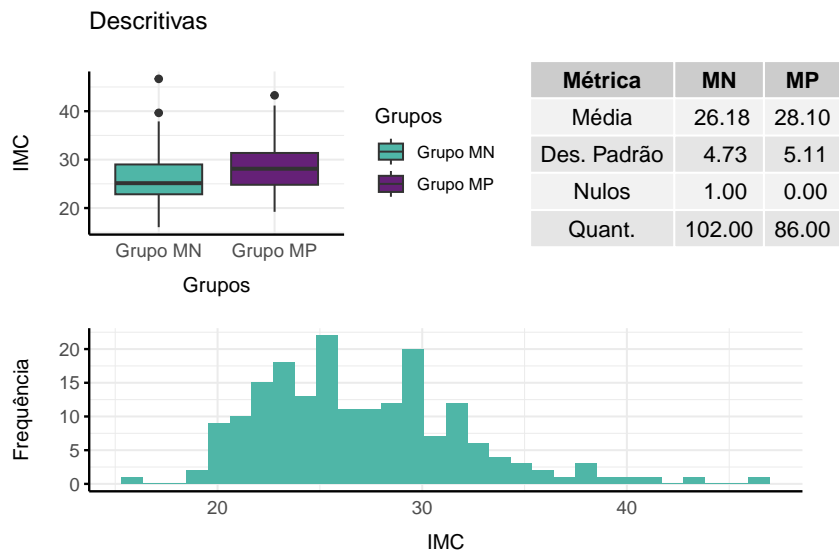


Figure 10: Análise descritiva por grupo para a variável IMC

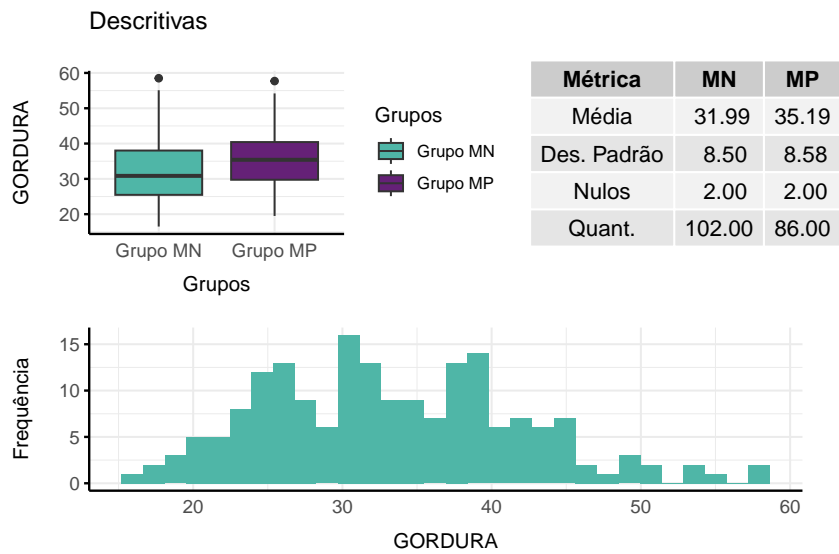


Figure 11: Análise descritiva por grupo para a variável gordura

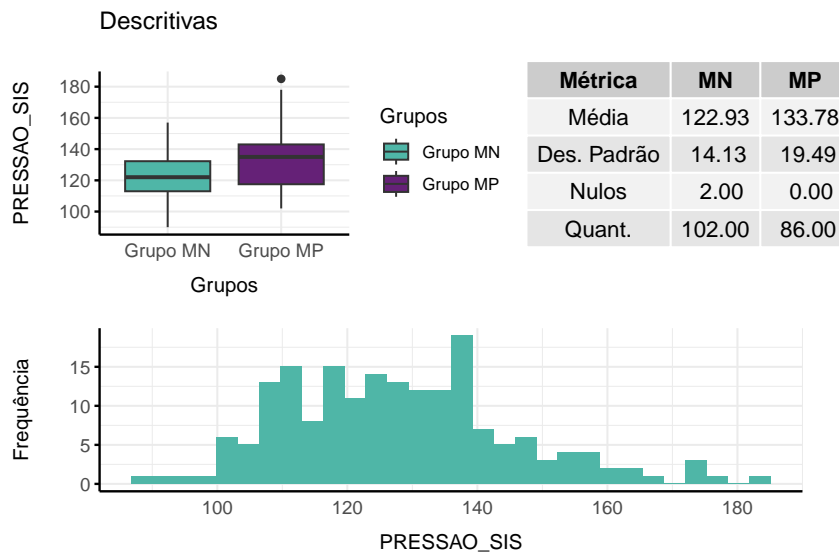


Figure 12: Análise descritiva por grupo para a variável pressão sistólica

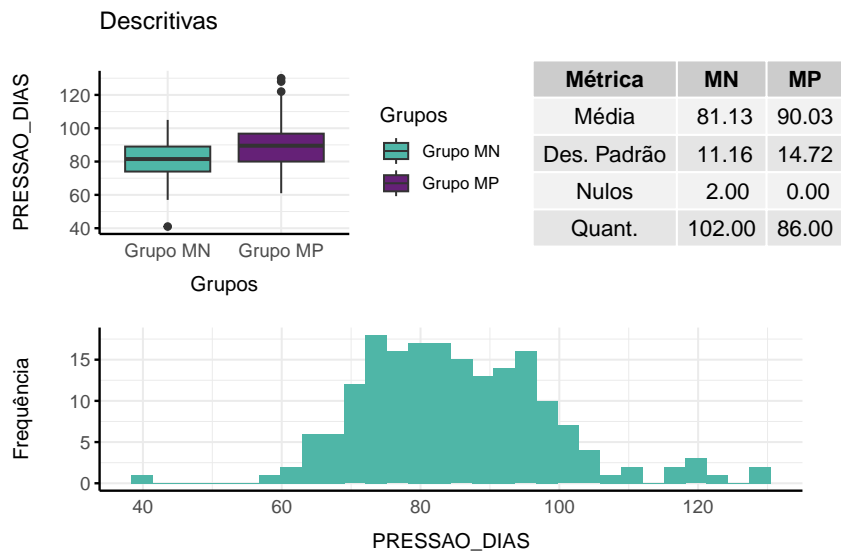


Figure 13: Análise descritiva por grupo para a variável pressão diastólica

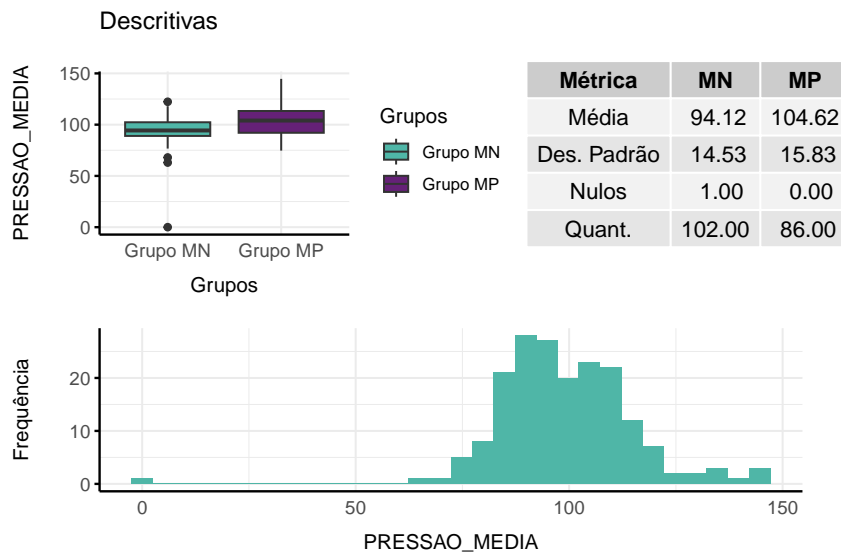


Figure 14: Análise descritiva por grupo para a variável pressão média

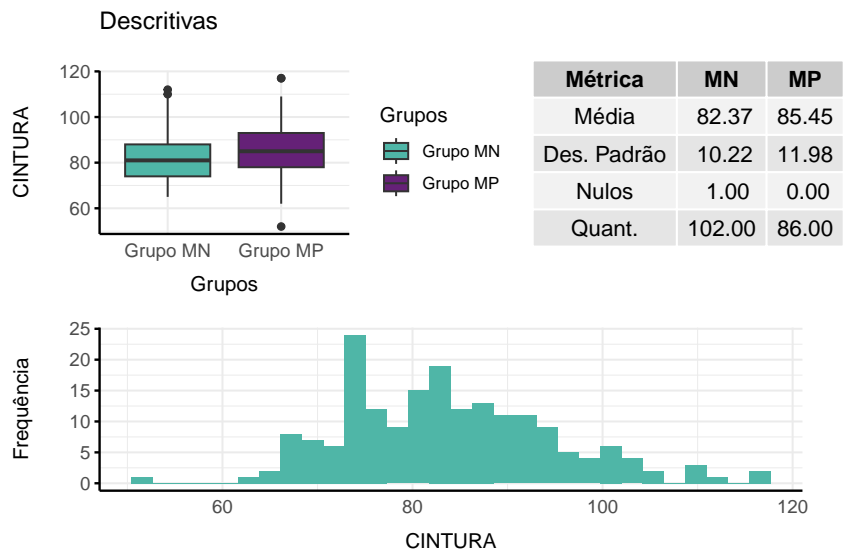


Figure 15: Análise descritiva por grupo para a variável cintura

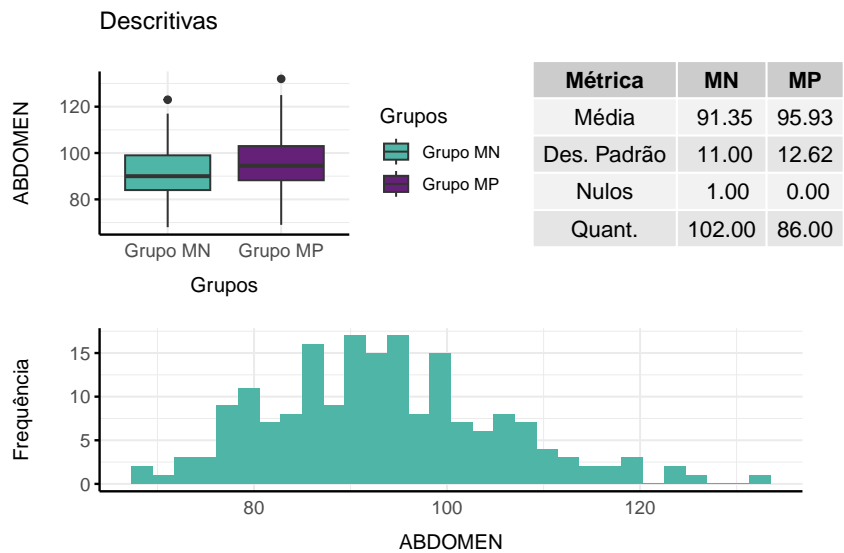


Figure 16: Análise descritiva por grupo para a variável circunferência do abdômen



## 5 Apêndice

### 5.1 Resíduos curva

### 5.2 Idade:

### 5.3 Etnia:

### 5.4 Escolaridade:

### 5.5 Há quantos anos foi a gestação de interesse :

### 5.6 Peso da mulher:

### 5.7 IMC:

### 5.8 Percentual de gordura:

### 5.9 Pressão Sistólica:

### 5.10 Pressão Diastólica:

### 5.11 Pressão arterial média:

### 5.12 Circunferência de cintura:

### 5.13 Circunferência de abdômen:

### 5.14 Circunferência de quadril:

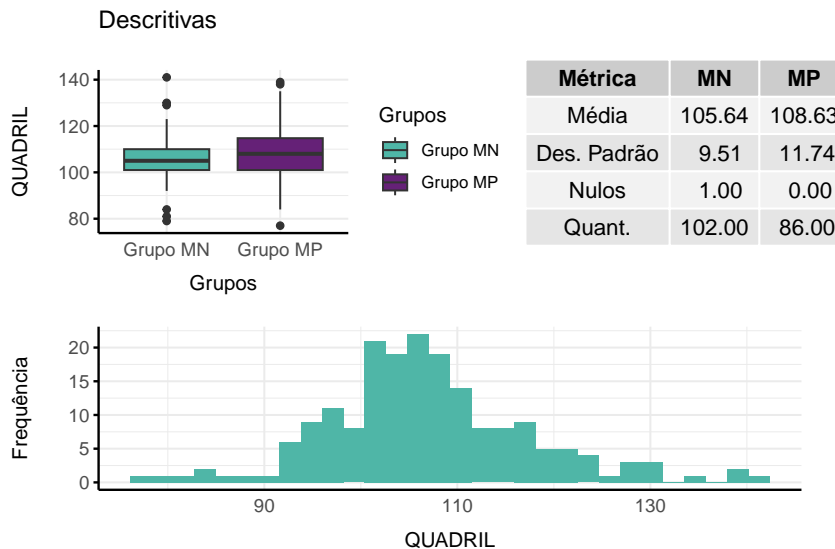


Figure 17: Análise descritiva por grupo para a variável quadril

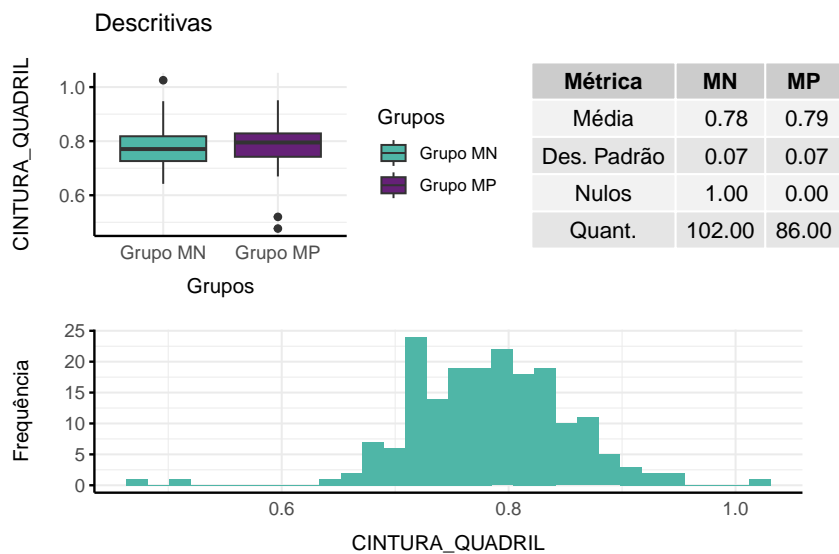


Figure 18: Análise descritiva por grupo para a variável de relação da cintura vs quadril

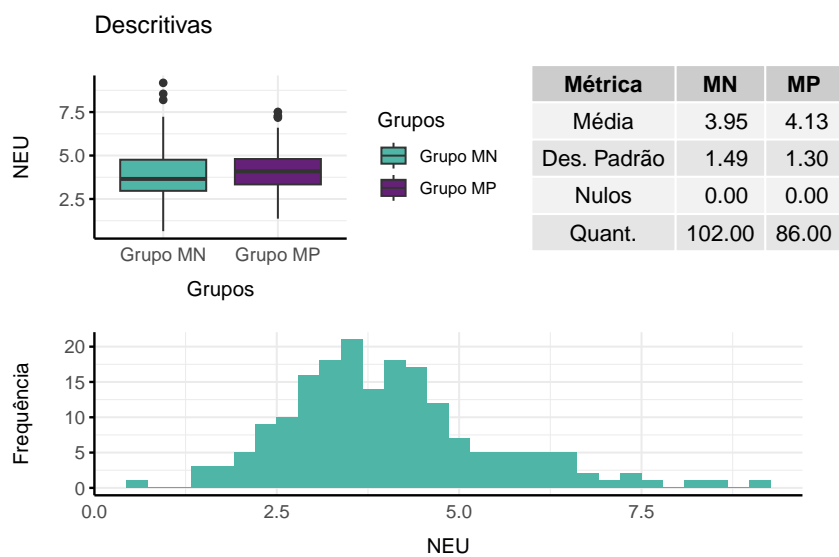


Figure 19: Análise descritiva por grupo para a variável neutrófilos

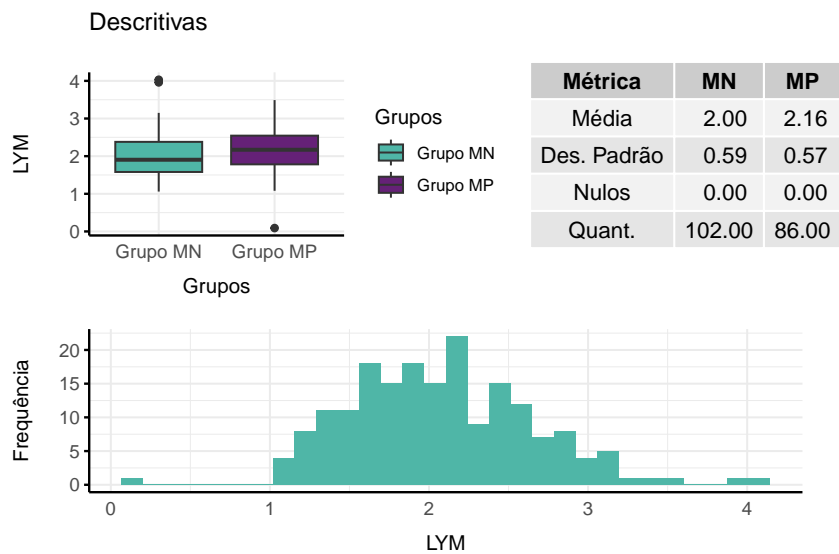


Figure 20: Análise descritiva por grupo para a variável linfócitos

Table 10: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	2.29	1.96
Des. Padrão	3.58	0.71
Nulos	0.00	0.00
Quant.	188.00	182.00

Note:

Variável de referência: nlr

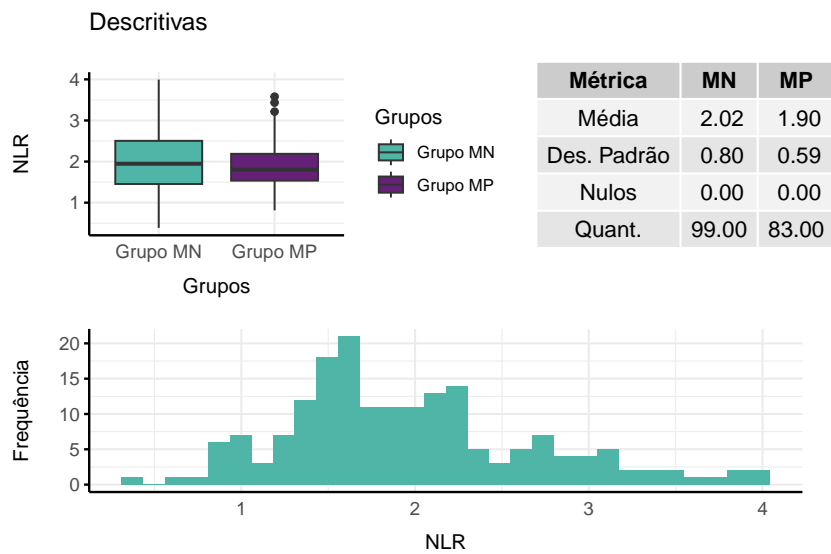


Figure 21: Análise descritiva por grupo para a variável NLR

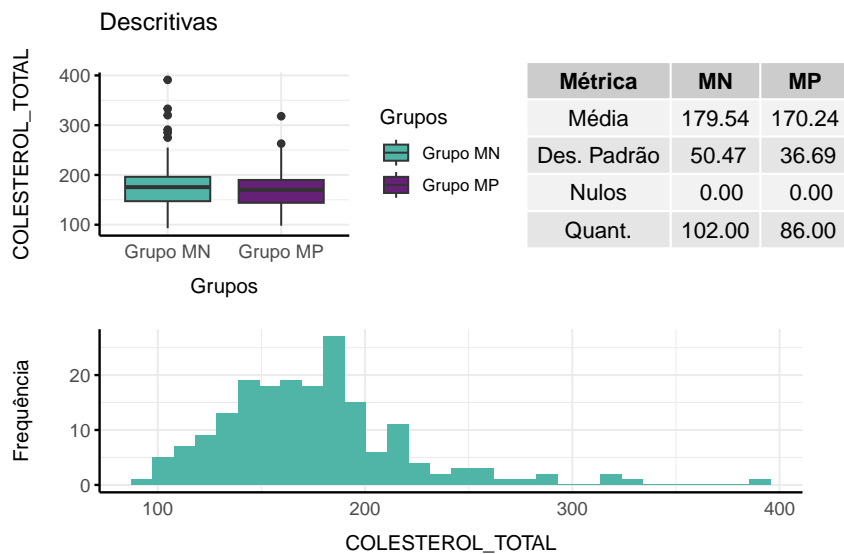


Figure 22: Análise descritiva por grupo para a variável colesterol total

Table 11: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	21.61	20.46
Des. Padrão	11.20	6.50
Nulos	0.00	0.00
Quant.	188.00	184.00

Note:

Variável de referência: vldl

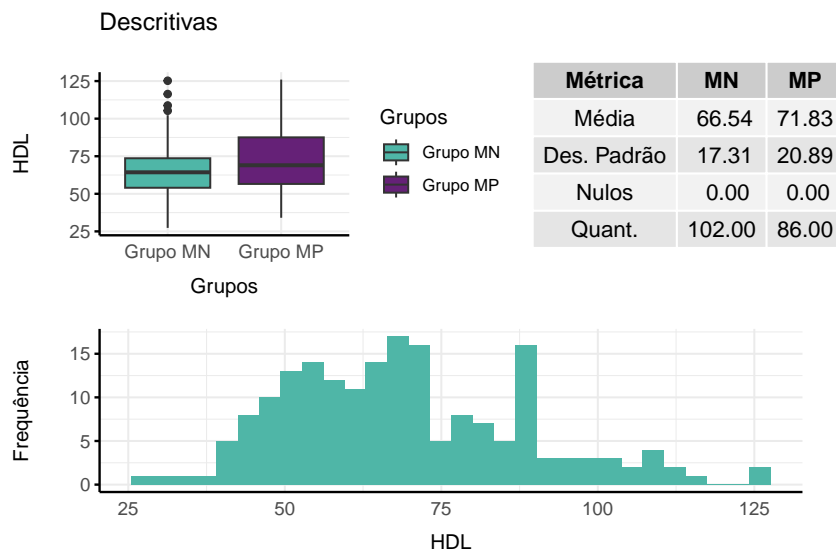


Figure 23: Análise descritiva por grupo para a variável HDL

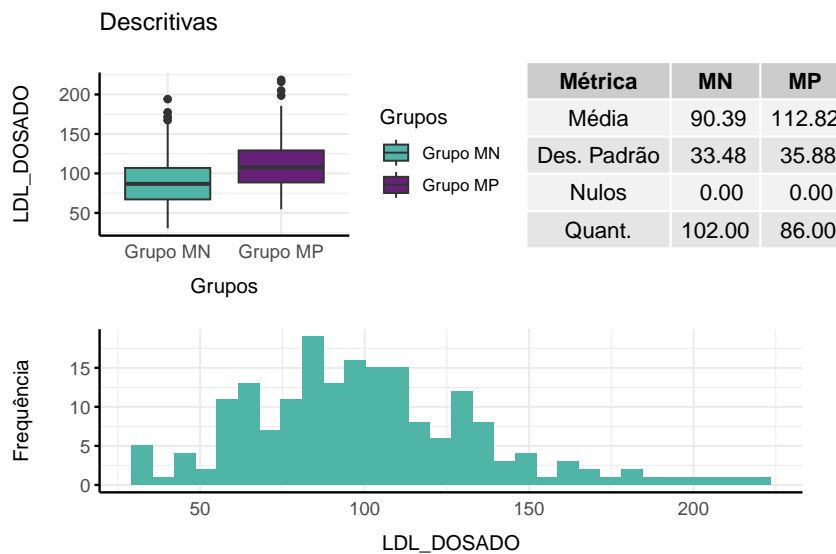


Figure 24: Análise descritiva por grupo para a variável LDL dosado

Table 12: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	121.43	112.49
Des. Padrão	84.57	55.37
Nulos	0.00	0.00
Quant.	188.00	183.00

Note:

Variável de referência: triglicerides

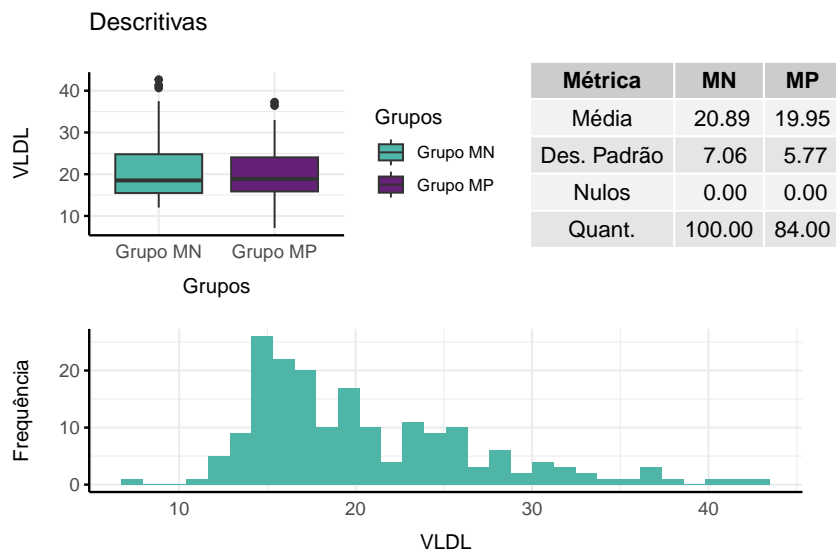


Figure 25: Análise descritiva por grupo para a variável VLDL

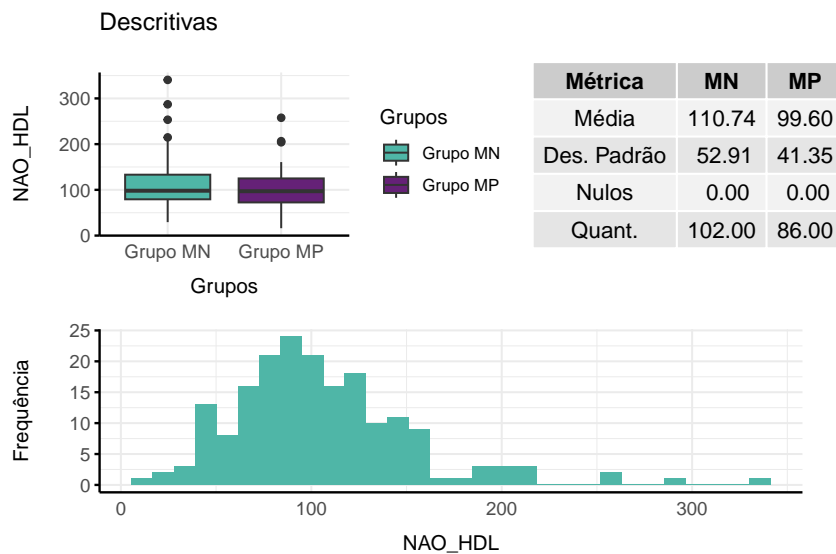


Figure 26: Análise descritiva por grupo para a variável Não-HDL

Table 13: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	4.78	4.64
Des. Padrão	0.98	0.66
Nulos	44.00	0.00
Quant.	188.00	137.00

Note:

Variável de referência: hba1c

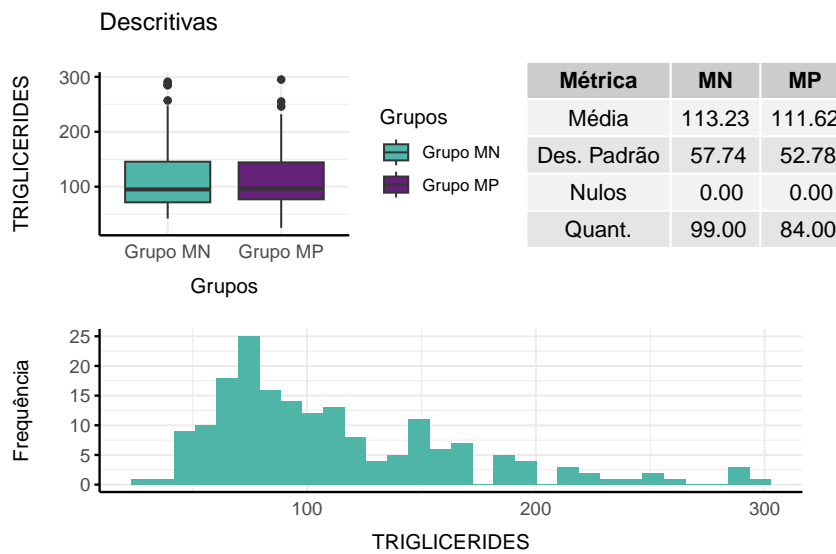


Figure 27: Análise descritiva por grupo para a variável triglicérides

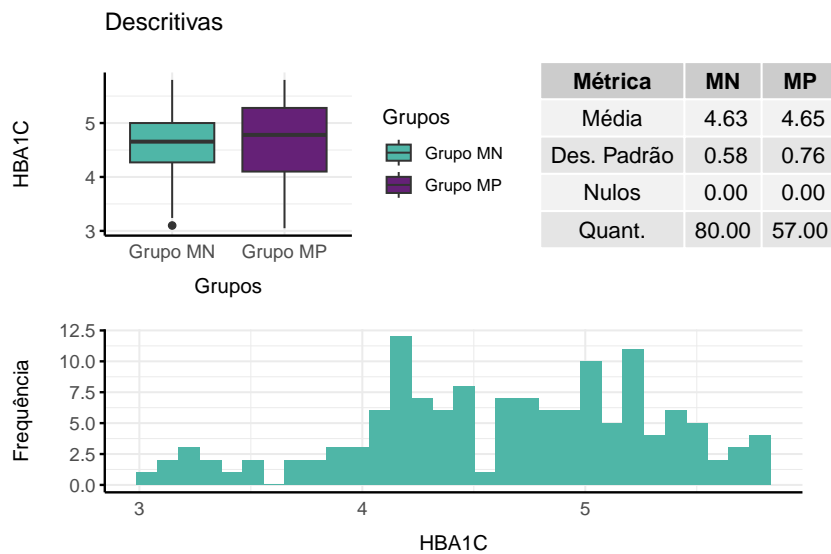


Figure 28: Análise descritiva por grupo para a variável HbA1c

Table 14: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	1.09	0.80
Des. Padrão	3.78	0.29
Nulos	3.00	0.00
Quant.	188.00	183.00

*Note:*

Variável de referência: creatinina

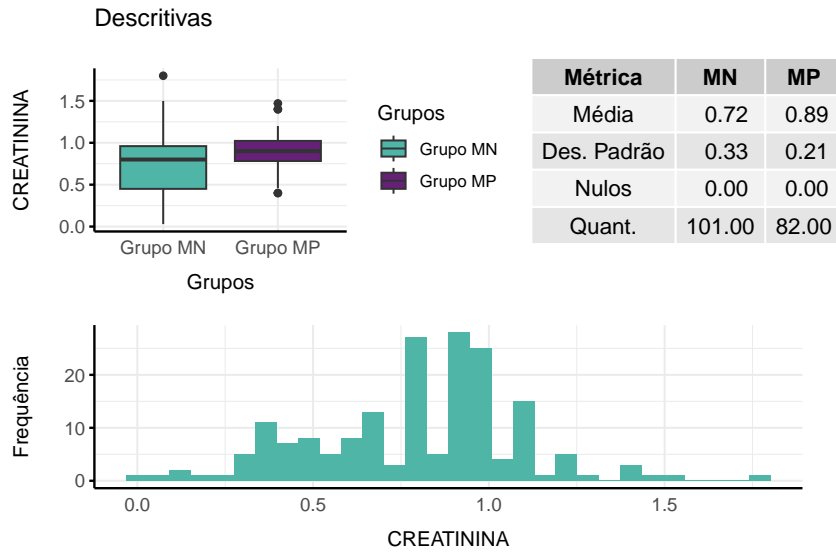


Figure 29: Análise descritiva por grupo para a variável creatinina

5.15 Relação cintura vs quadril:

5.16 Neutrófilos:

5.17 Linfócitos:

5.18 Razão neutrófilo/linfócito NLR:

5.19 Colesterol Total:

5.20 HDL:

5.21 LDL dosado:

5.22 VLDL:

5.23 Não-HDL:

5.24 Triglicérides:

5.25 Hemoglobina glicada HbA1c:

5.26 Creatinina:

5.27 Ritmo de filtração glomerular:

5.28 TGP/ALT:

5.29 TGO/AST:

5.30 Ácido úrico:

5.31 CK:

5.32 Gama GT:

5.33 Há quantos anos foi a gestação de interesse

5.34 Peso do bebê:

5.35 Tipo Parto

5.36 Prematuro

5.37 BAI 1 pp/mL



Table 15: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	989.28	121.89
Des. Padrão	11305.86	69.95
Nulos	4.00	0.00
Quant.	188.00	179.00

*Note:*

Variável de referência: filtr\_glomerular

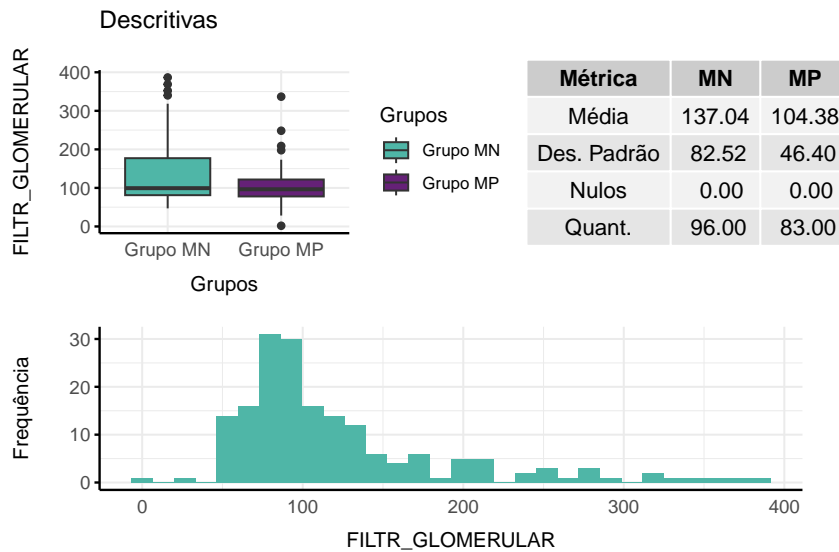


Figure 30: Análise descritiva por grupo para a variável filtração glomerular

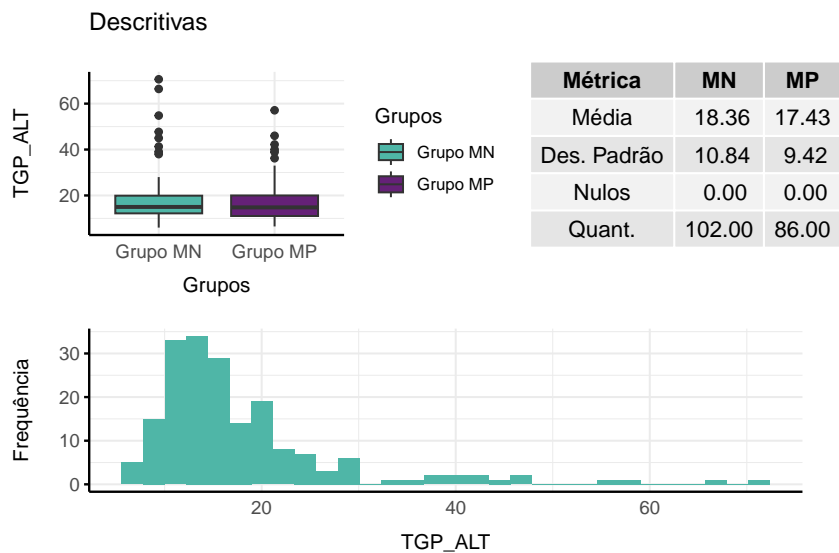


Figure 31: Análise descritiva por grupo para a variável TGP/ALT

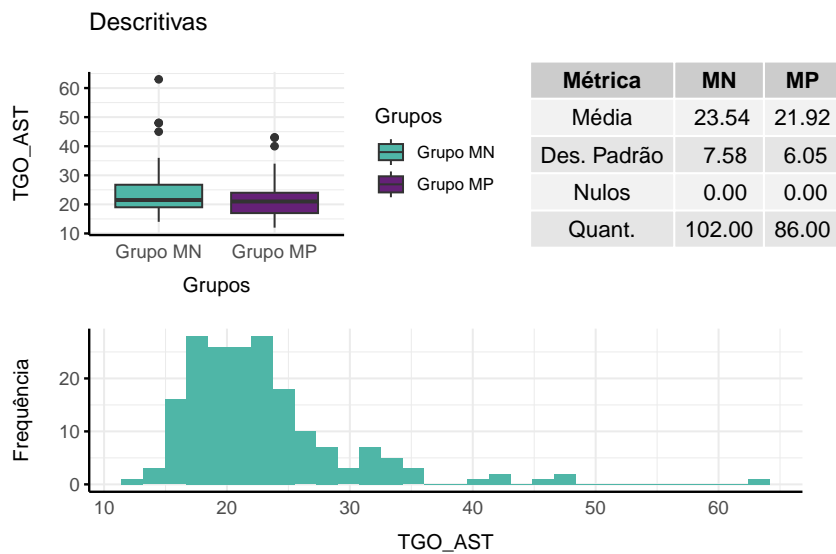


Figure 32: Análise descritiva por grupo para a variável TGO/AST

Table 16: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	4.88	4.66
Des. Padrão	1.62	1.05
Nulos	0.00	0.00
Quant.	188.00	180.00

*Note:*

Variável de referência: acido\_urico

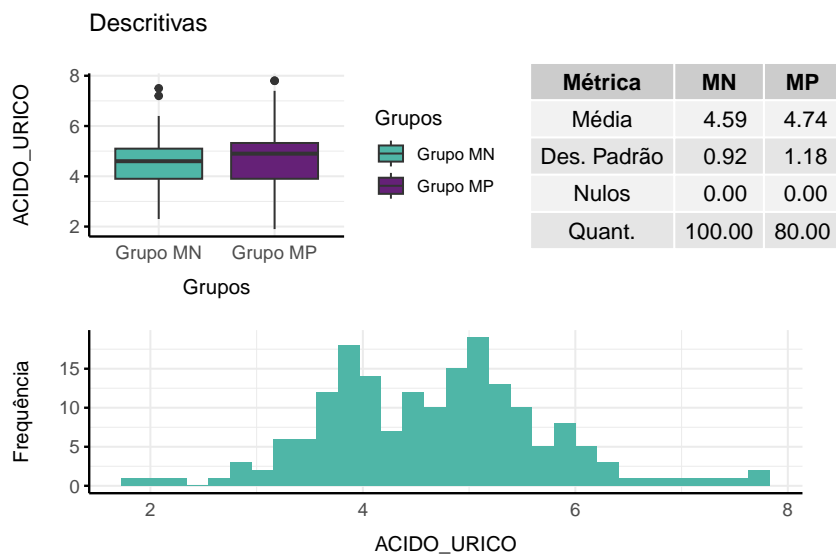


Figure 33: Análise descritiva por grupo para a variável ácido úrico

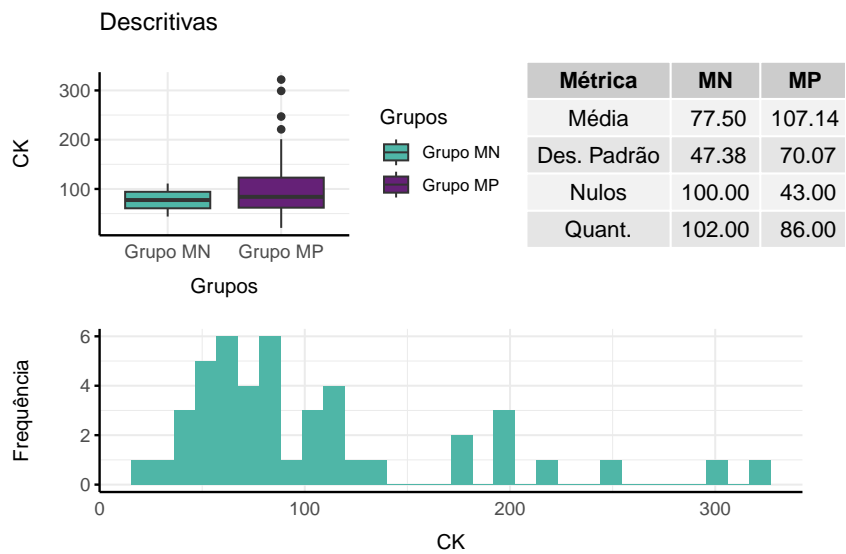


Figure 34: Análise descritiva por grupo para a variável CK

Table 17: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	29.79	23.78
Des. Padrão	22.27	8.23
Nulos	0.00	0.00
Quant.	188.00	170.00

*Note:*

Variável de referência: gama\_gt

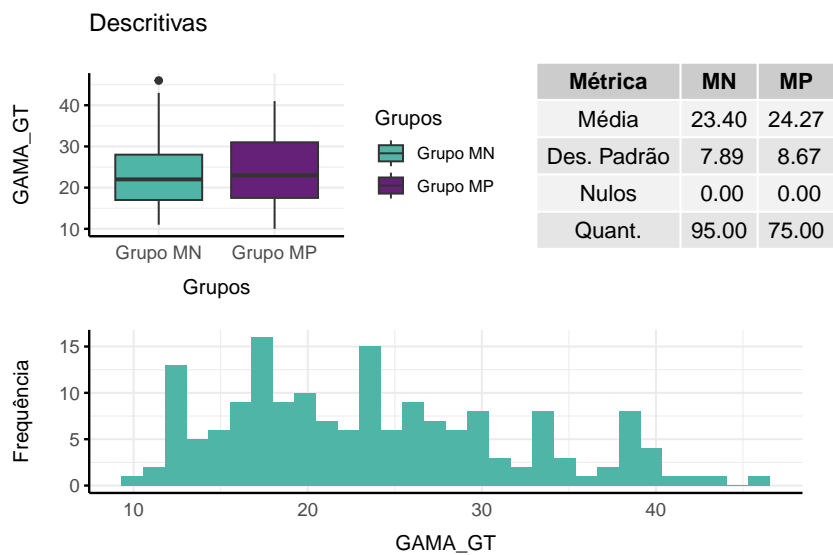


Figure 35: Análise descritiva por grupo para a variável Gama GT

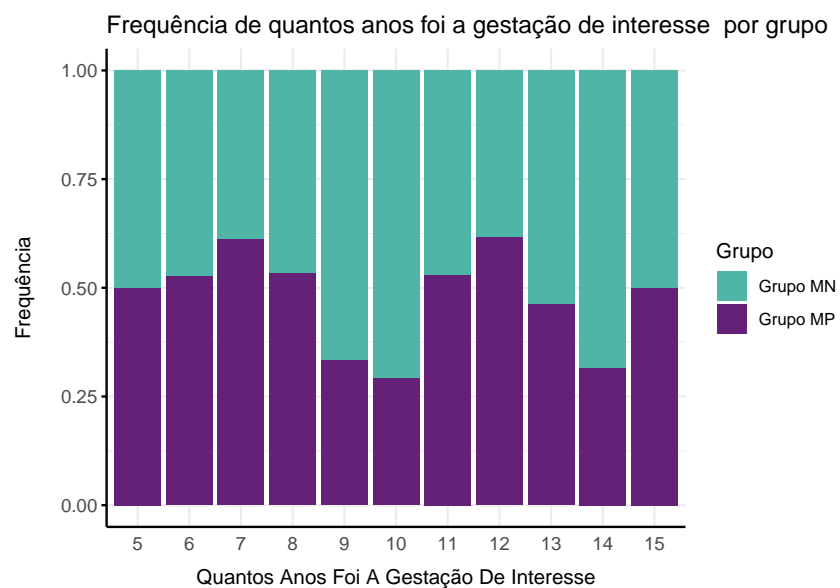


Figure 36: Análise descritiva por grupo para a variável quantos anos passou-se do evento

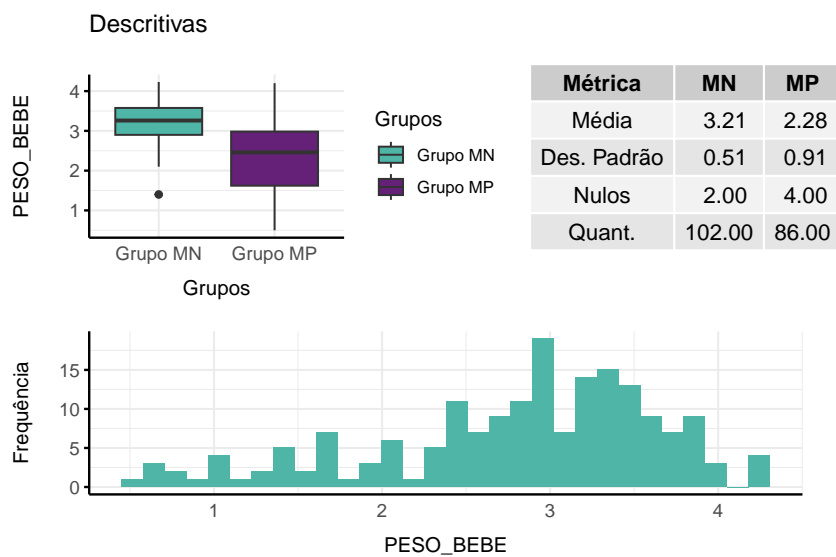


Figure 37: Análise descritiva por grupo para a variável peso do bebê

Table 18: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Cesariana	Fórceps	Induzido	Normal
Grupo MN	57.58%	3.03%	0.00%	39.39%
Grupo MP	76.19%	1.19%	1.19%	21.43%

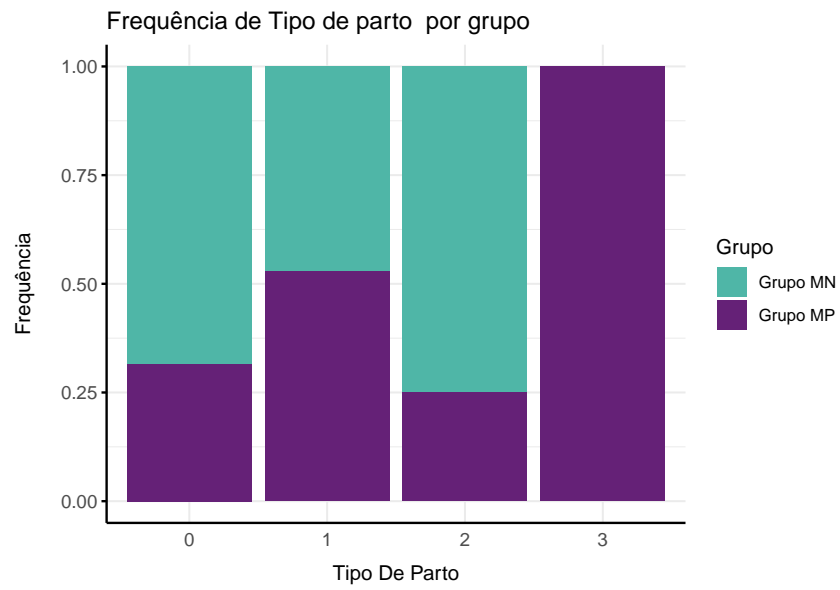


Figure 38: Análise descritiva por grupo para a variável tipo de parto

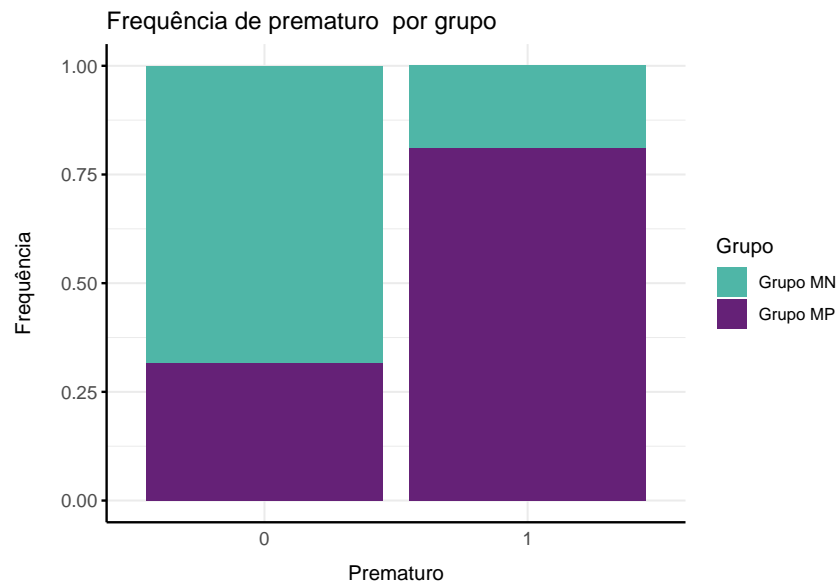


Figure 39: Análise descritiva por grupo para a variável prematuro

Table 19: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	90.10%	9.90%
Grupo MP	49.41%	50.59%

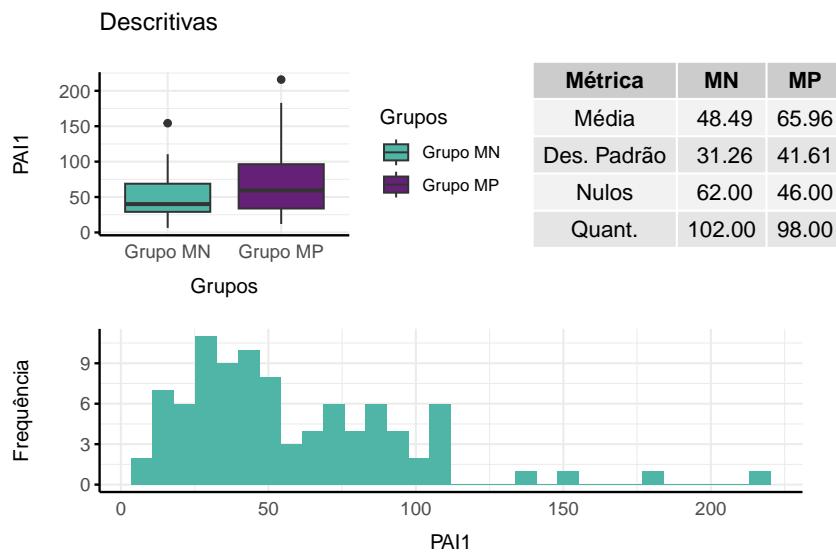


Figure 40: Análise descritiva por grupo para a variável PAI-1

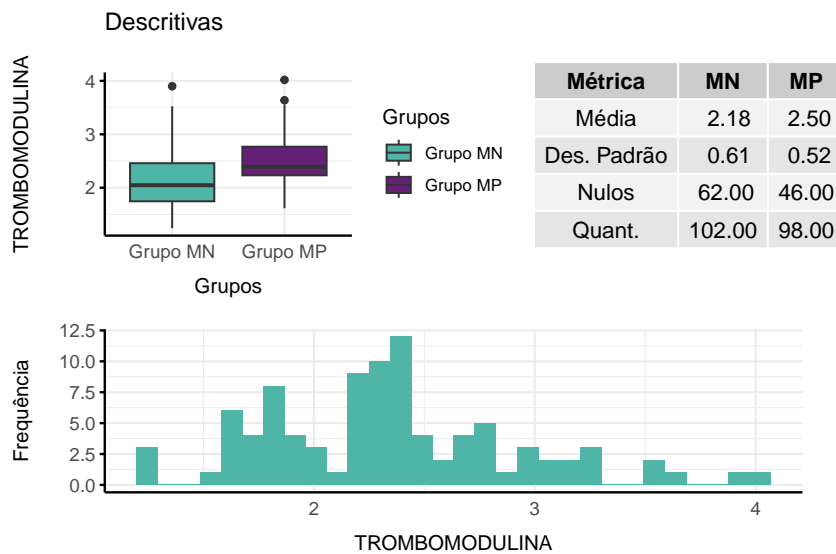


Figure 41: Análise descritiva por grupo para a variável trombomodulina

Table 20: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	155.25	79.88
Des. Padrão	209.23	35.44
Nulos	114.00	0.00
Quant.	200.00	73.00

*Note:*

Variável de referência: adma

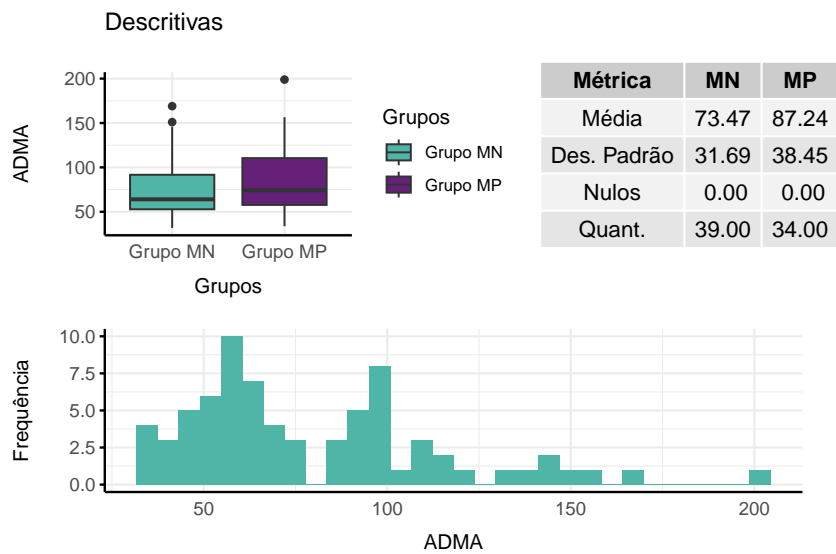


Figure 42: Análise descritiva por grupo para a variável ADMA

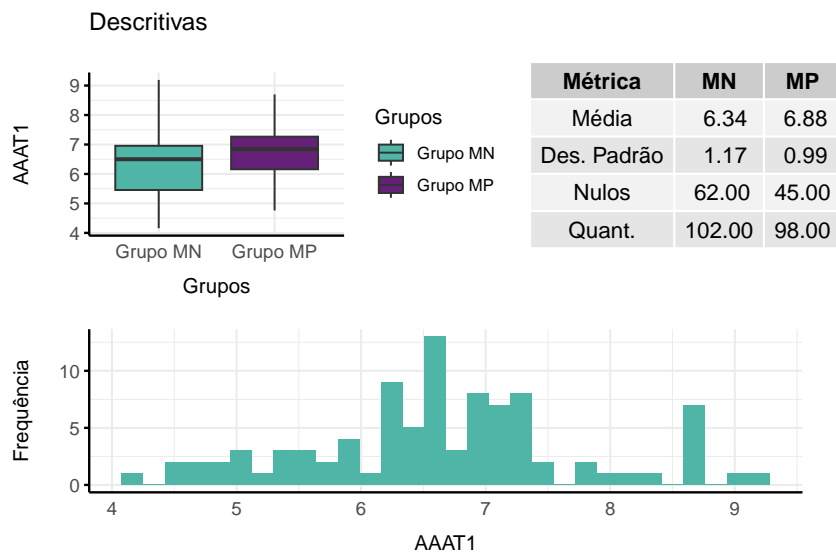


Figure 43: Análise descritiva por grupo para a variável AA-AT1

Table 21: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	172.02	62.47
Des. Padrão	877.84	37.94
Nulos	133.00	0.00
Quant.	200.00	65.00

Note:

Variável de referência: sflt1

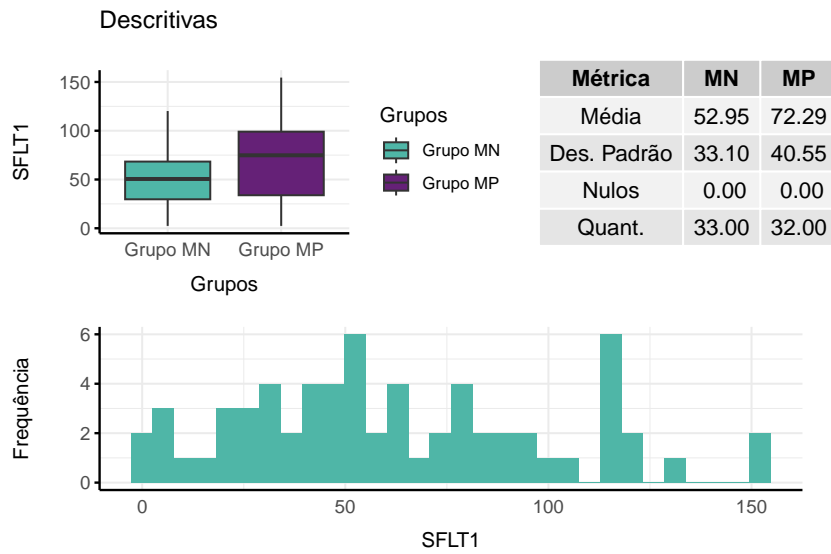


Figure 44: Análise descritiva por grupo para a variável sflt1 sem previsões

Table 22: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	124.11	51.21
Des. Padrão	716.36	34.63
Nulos	99.00	0.00
Quant.	200.00	99.00

*Note:*

Variável de referência: sflt1\_geral

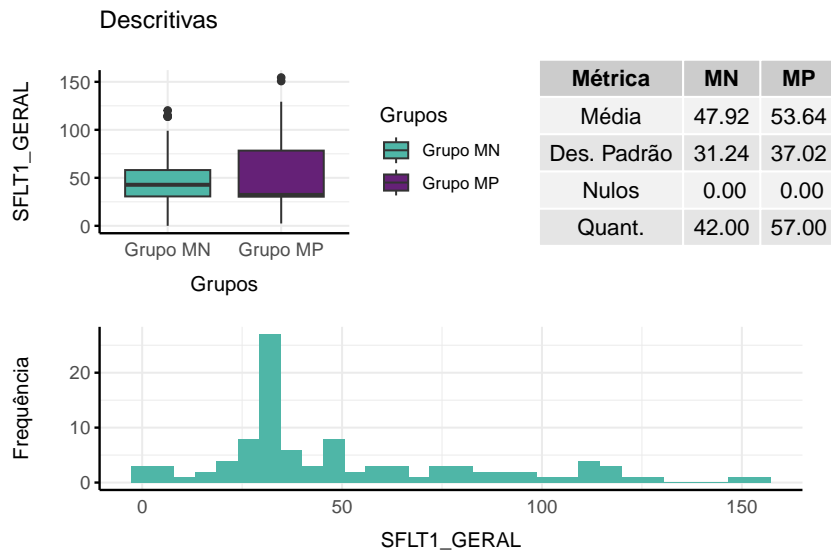


Figure 45: Análise descritiva por grupo para a variável Sflt1 com previsões feitas pelo ajuste da curva



Table 23: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	129.75	56.97
Des. Padrão	715.71	33.07
Nulos	99.00	0.00
Quant.	200.00	99.00

Note:

Variável de referência: sflt1\_luiza

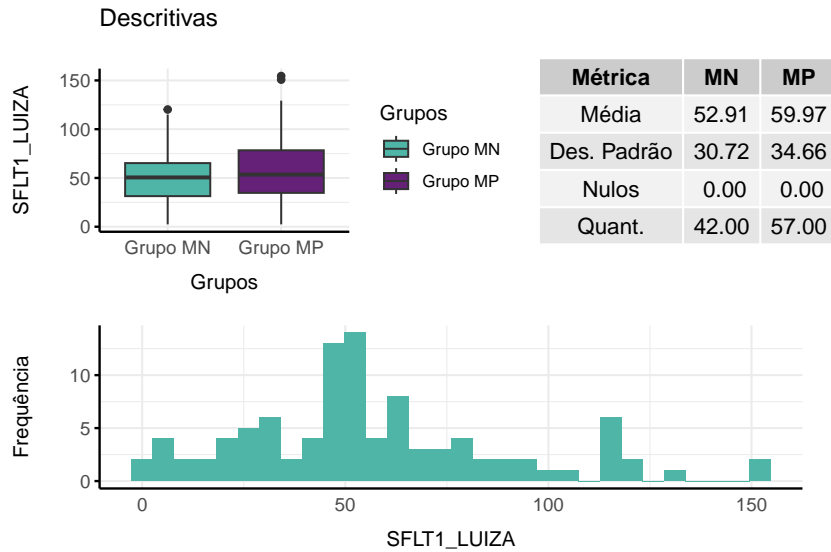


Figure 46: Análise descritiva por grupo para a variável Sflt1 com previsões feitas pelo método da Luiza

Table 24: Resumo da retirada

Métrica	Antes.da.retirada	Após.a.retirada
Média	334.60	308.53
Des. Padrão	301.24	195.52
Nulos	337.00	0.00
Quant.	415.00	77.00

Note:

Variável de referência: dimero

Table 25: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	97.03%	2.97%
Grupo MP	74.42%	25.58%

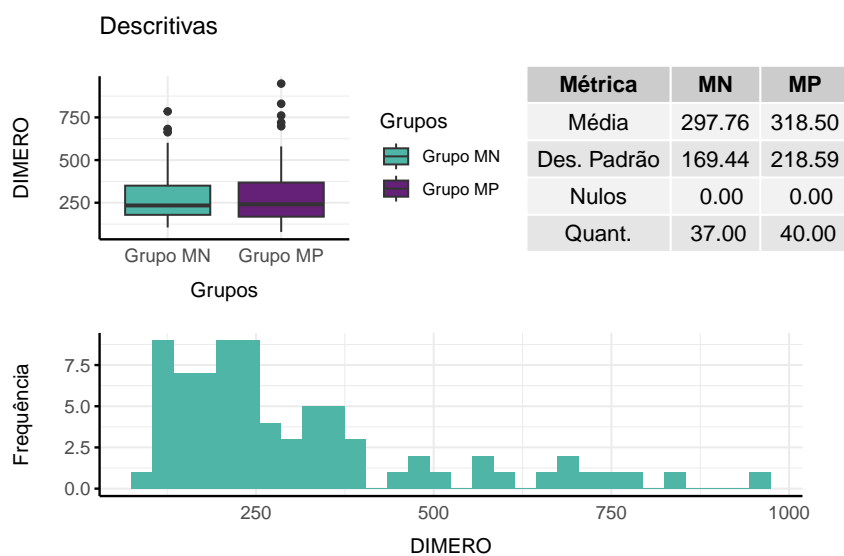


Figure 47: Análise descritiva por grupo para a variável dimero

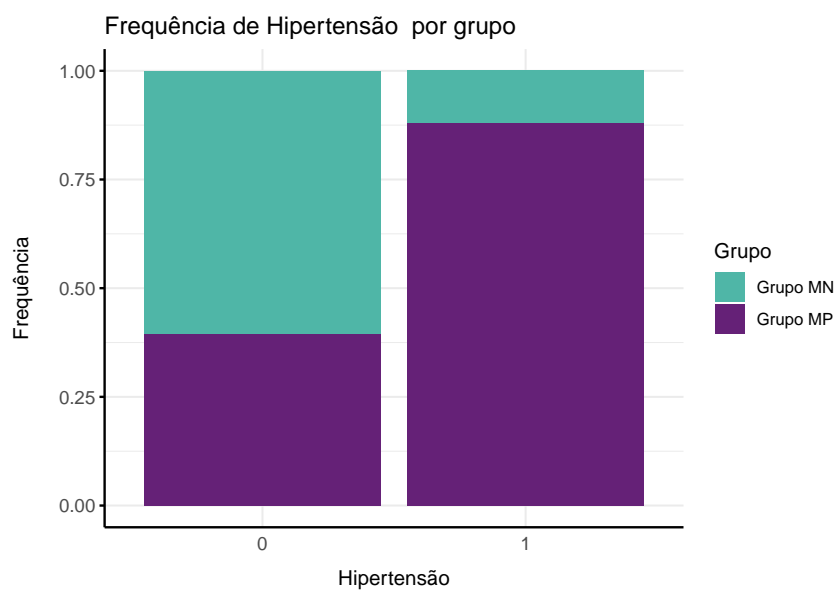


Figure 48: Análise descritiva por grupo para a variável hipertensão

Table 26: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	96.04%	3.96%
Grupo MP	70.93%	29.07%

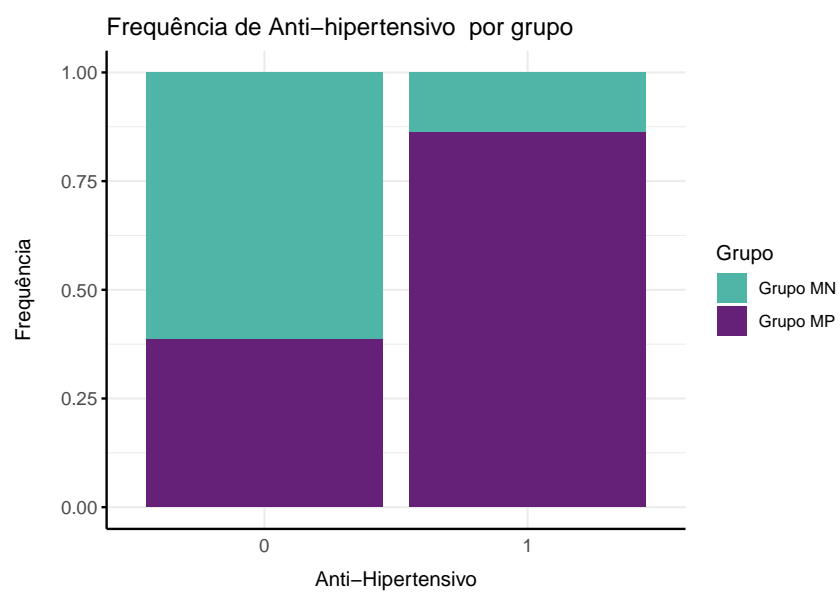


Figure 49: Análise descritiva por grupo para a variável anti-hipertensivo

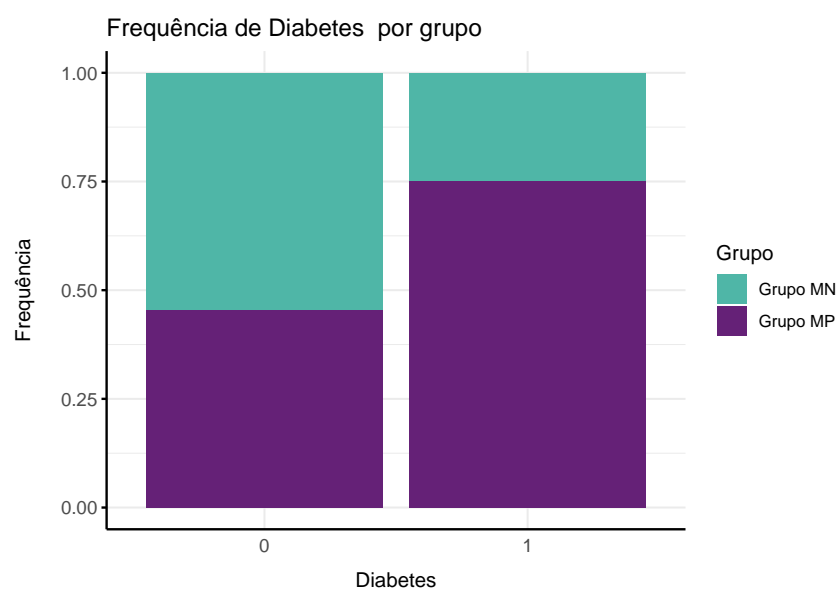


Figure 50: Análise descritiva por grupo para a variável diabetes

Table 27: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	99.01%	0.99%
Grupo MP	96.51%	3.49%

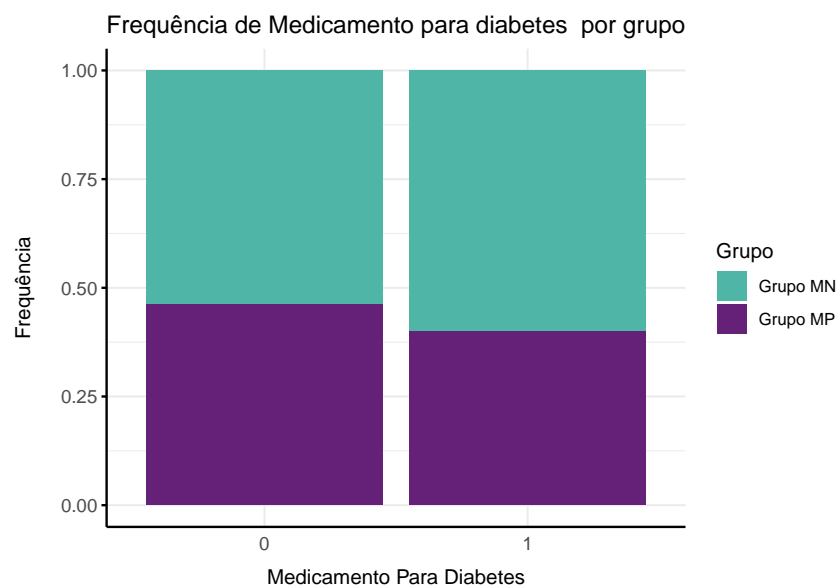


Figure 51: Análise descritiva por grupo para a variável medicamento para diabetes

Table 28: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	97.03%	2.97%
Grupo MP	97.67%	2.33%

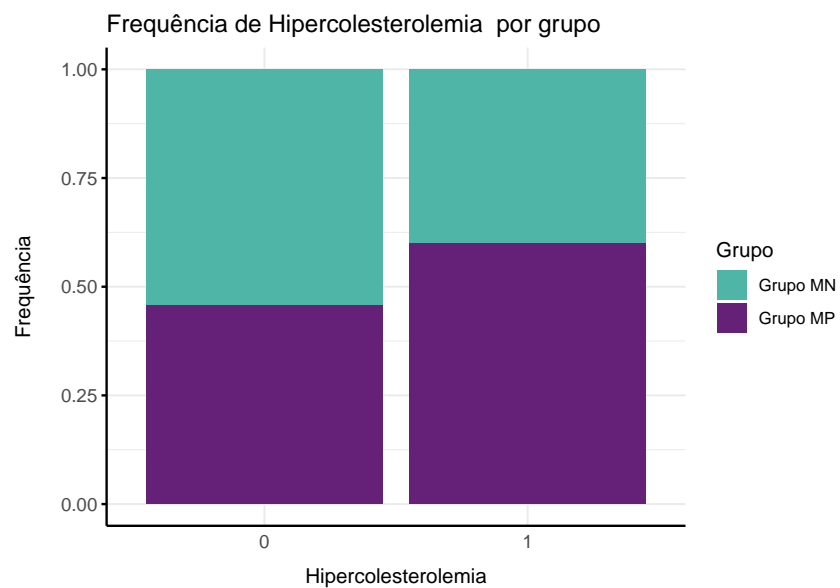


Figure 52: Análise descritiva por grupo para a variável hipercolesterolemia

Table 29: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	98.02%	1.98%
Grupo MP	96.51%	3.49%

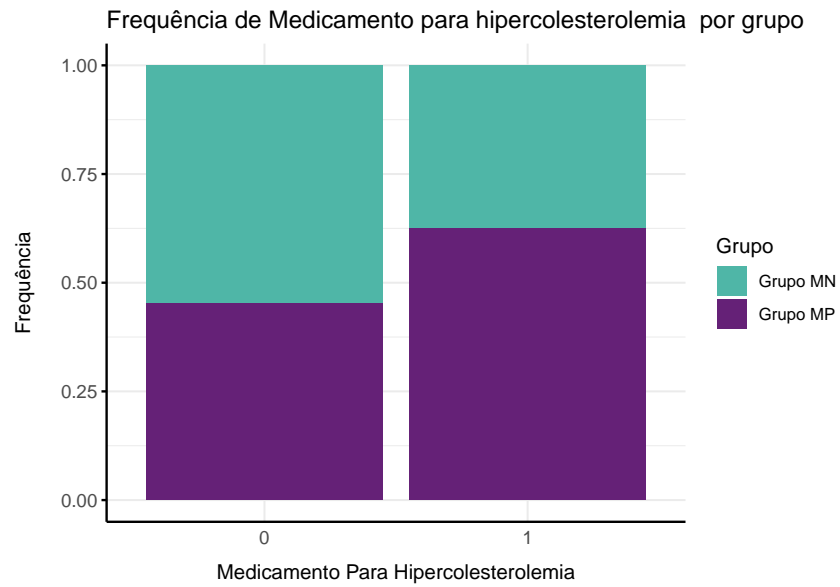


Figure 53: Análise descritiva por grupo para a variável medicamento para hipercolesterolemia

Table 30: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	97.03%	2.97%
Grupo MP	94.19%	5.81%

Table 31: Tabela da proporção da variavel por grupo

Grupo	Não	Sim
Grupo MN	95.05%	4.95%
Grupo MP	95.29%	4.71%

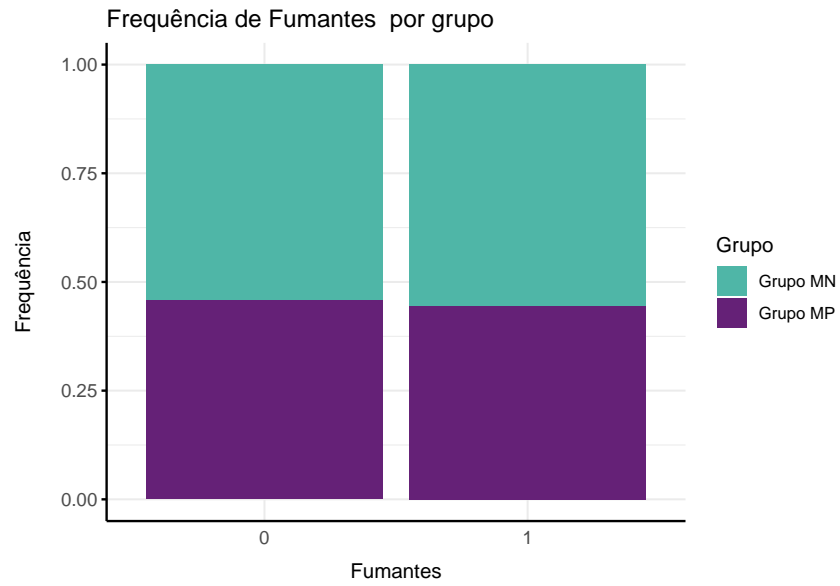


Figure 54: Análise descritiva por grupo para a variável fumantes

<https://est.ufba.br/sites/est.ufba.br/files/kim/matd49-aula04-fisher.pdf>

<https://www.jstor.org/stable/2527460?seq=1>

<http://ndl.ethernet.edu.et/bitstream/123456789/15304/1/9103.pdf>

<https://janalin.github.io/analyse-ELISA/results.html>

<https://cran.r-project.org/web/packages/drc/drc.pdf>

<https://nomato.files.wordpress.com/2015/03/curvas-de-dose-resposta-no-software-r.pdf>