Análise Estatística de Fatores de Risco para Doença Coronária

AUTHOR
Wenderson Santos

Introdução

O dataset provém de um estudo que analisou 297 pacientes na Cleveland Clinic para avaliação da Doença Coronária;

O experimento envolveu 3 estágios:

- Teste de esforço (protocolo de Bruce)
- Cinefluoroscopia
- Angiografia coronária
- Cintilografia com Tálio-201

Variáveis analisadas

- age
- sex
- cp : tipo de dor no peito
    - Angina Típica: Atende a três critérios (localização atrás do osso do peito, provocada por esforço/estresse e aliviada por repouso).
    - Angina Atípica: Atende a apenas dois desses critérios.
    - Dor Não Anginosa: Atende a apenas um ou nenhum dos critérios, sugerindo que a causa pode ser muscular ou gástrica (não cardíaca).
    - Assintomático: O paciente não sente dor, mas o médico ainda assim solicitou os exames devido a outros fatores de risco (como idade ou histórico familiar).
- thalach : Frequência cardíaca máxima atingida antes da exaustão ou sintomas (no teste de esforço).
- exang : Indica se o paciente sentiu angina (dor) durante o exercício.
- oldpeak : diferença entre a posição do segmento ST (ECG) no repouso e no pico do esforço (thalac) (quanto maior essa diferença, maior é a área do coração que sofre por falta de sangue)
- slope : Enquanto o oldpeak diz o quanto a linha afundou, o slope diz como ela se comporta logo após o afundamento. Existem três tipos principais de inclinação:
    - Value 0: Upsloping (Ascendente): A linha afunda, mas sobe rápido. É comum em exercícios intensos e nem sempre indica doença grave.

    - Value 1: Flat (Plano): A linha afunda e fica “reta”. É um sinal clássico e preocupante de isquemia.
    - Value 2: Downsloping (Descendente): A linha afunda e continua descendo. É o sinal mais grave de todos, indicando que o coração está em alto sofrimento isquêmico. (mesmo após a interrupção do esforço)
- ca : Número de vasos principais com depósitos de cálcio ou interrupções no fluxo.
    - 0: Nenhuma calcificação significativa (indício de artérias limpas)
    - 1, 2 o u 3: Indica que a doença está presente em um, dois ou três vasos principais.
- thal : Avalia se o sangue está chegando a todas as partes do coração durante o repouso e após o esforço.
    - 0 = Normal: O contraste se distribui uniformemente por todo o coração.
    - 1 = Fixed Defect (Defeito Fixo): Uma parte do coração não recebe o contraste nem no esforço, nem no repouso. Isso geralmente indica tecido morto (cicatriz de um infarto antigo).
    - 2 = Reversable Defect (Defeito Reversível): O coração parece normal em repouso, mas “falta sangue” em alguma região durante o esforço. Isso é o sinal clássico de isquemia ativa: a artéria está entupida, mas o tecido ainda está vivo e sofrendo.
- condition (target)
- trestbps : É a pressão arterial medida no momento da internação.
- fbs : Glicemia de Jejum é maior ou menor que 120mg/dl (binário)
- chol : nível total de colesterol no sangue.
- restecg :
    - Value 0 (Normal): O coração em repouso não apresenta irregularidades elétricas.
    - Value 1 (Anormalidade de Onda ST-T): O coração já mostra sinais de sofrimento mesmo sem fazer esforço. É um sinal de alerta precoce.
    - Value 2 (Hipertrofia Ventricular Esquerda): Indica que o músculo do coração está “inchado” (grosso), geralmente por ter que fazer muita força para bombear o sangue contra uma pressão alta crônica.

Modelagem com Regressão Logística

```
source(here::here("R", "modelPrep.R"))
```

Modelo com todas as variáveis

```r
formula1 <- condition ~ age + sex + cp + thalach + exang +
                        oldpeak + slope + ca + thal +
                        trestbps + chol + fbs + restecg

modelo1_ <- glm(formula1, data = treino, family = "binomial")
```

```r
summary(modelo1_)
```

```
Call:
glm(formula = formula1, family = "binomial", data = treino)

Coefficients:
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -6.194972   3.665480  -1.690 0.091012 .
age         -0.026817   0.029325  -0.914 0.360473
sex1         1.751307   0.623152   2.810 0.004948 **
cp1          1.905287   0.923121   2.064 0.039021 *
cp2          0.321896   0.847290   0.380 0.704011
cp3          2.768984   0.864891   3.202 0.001367 **
thalach     -0.011517   0.012639  -0.911 0.362196
exang1       0.337282   0.550815   0.612 0.540317
oldpeak      0.649698   0.283217   2.294 0.021791 *
slope1       1.341601   0.600799   2.233 0.025547 *
slope2       0.402313   1.023407   0.393 0.694237
ca1          2.575920   0.637209   4.043 5.29e-05 ***
ca2          3.119482   0.851992   3.661 0.000251 ***
ca3          2.982628   1.206518   2.472 0.013432 *
thal1       -0.336710   0.979476  -0.344 0.731023
thal2        1.486334   0.518928   2.864 0.004180 **
trestbps     0.014047   0.014133   0.994 0.320261
chol         0.005760   0.005651   1.019 0.308039
fbs1        -0.407723   0.701053  -0.582 0.560845
restecg1     1.120803   3.359086   0.334 0.738634
restecg2     0.261999   0.460966   0.568 0.569784
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 328.58  on 237  degrees of freedom
Residual deviance: 141.26  on 217  degrees of freedom
AIC: 183.26

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

O AIC foi de 183.26.

Embora o modelo explique bem a variável alvo, é possível observar que a maioria das covariáveis não é estatísticamente significativa, segundo o teste de Wald.

Para verificar isso, faremos um **Teste de Razão de Verossimilhanças** verificando o impacto da

Para verificar isso, faremos um **Teste de Razão de Verossimilhanças**, verificando o impacto da retirada de cada variável.

```
pander(Anova(modelo1_, type = "III", test = "LR"))
```

Analysis of Deviance Table (Type III tests)

	LR Chisq	Df	Pr(>Chisq)
age	0.8384	1	0.3599
sex	8.776	1	0.003053
cp	20.58	3	0.0001287
thalach	0.8493	1	0.3568
exang	0.3705	1	0.5427
oldpeak	5.789	1	0.01612
slope	5.689	2	0.05818
ca	30.8	3	9.375e-07
thal	10.29	2	0.005832
trestbps	0.9972	1	0.318
chol	1.046	1	0.3065
fbs	0.3411	1	0.5592
restecg	0.4147	2	0.8127

Aqui é possível obervar que as variáveis que mais contribuem para o modelo são: sex, cp, oldpeak, slope, ca e thal

Para verificar o impacto no modelo ao retirar essas variáveis, faremos o **Teste de Razão de Verossimilhanças** entre o modelo com todas as variáveis e o modelo sem as variáveis (age, thalach, exang, trestbps, chol, fbs, restecg)

```
# Modelo reduzido ( com 6 variáveis )
modelo_reduzido_ <- glm(condition ~  sex + cp +
                        oldpeak + slope + ca + thal,
                    data = treino,
                    family = "binomial")

pander(anova(modelo1_, modelo_reduzido_, test = "Chisq"))
```

Analysis of Deviance Table

Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)
217	141.3	NA	NA	NA
225	146	-8	-4.728	0.7863

O P-valor foi de 0.7863, ou seja, não há evidências de que o modelo com todas as variáveis seja melhor que o modelo reduzido. Então optamos pelo uso do modelo reduzido.

```
pander(Anova(modelo_reduzido_, type = "III", test = "LR"))
```

Analysis of Deviance Table (Type III tests)

	LR Chisq	Df	Pr(>Chisq)
sex	7.552	1	0.005995
cp	33.87	3	2.114e-07
oldpeak	8.84	1	0.002947
slope	7.529	2	0.02318
ca	36.4	3	6.159e-08
thal	13.53	2	0.001152

Todas variáveis contribuem significativamente para o modelo.

Analisando os coeficientes do modelo reduzido

```
summary(modelo_reduzido_)
```

```
Call:
glm(formula = condition ~ sex + cp + oldpeak + slope + ca + thal,
    family = "binomial", data = treino)

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -5.9413     1.0866  -5.468 4.55e-08 ***
sex1          1.5013     0.5701   2.633 0.008457 **
cp1           1.9084     0.8790   2.171 0.029920 *
cp2           0.1321     0.8094   0.163 0.870380
cp3           2.8874     0.7625   3.787 0.000153 ***
oldpeak       0.7464     0.2675   2.790 0.005265 **
slope1        1.4200     0.5586   2.542 0.011027 *
slope2        0.3778     0.9772   0.387 0.699022
ca1           2.4781     0.5834   4.248 2.16e-05 ***
ca2           2.7872     0.7884   3.535 0.000407 ***
ca3           3.0723     1.1399   2.695 0.007031 **
thal1        -0.4301     0.9152  -0.470 0.638360
thal2         1.6062     0.4905   3.275 0.001058 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 328.58  on 237  degrees of freedom
Residual deviance: 145.99  on 225  degrees of freedom
AIC: 171.99

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

O AIC do modelo reduzido (171.99) foi menor que o do modelo completo, e a Deviance Residual foi aproximadamente igual. Ou seja, o modelo com menos variáveis conseguiu explicar tão bem os dados quanto o completo.

```
# Calcula os Odds Ratios e os Intervalos de Confiança
intervalos <- exp(confint(modelo_reduzido_))
```

```
Waiting for profiling to be done...
```

```
ors <- exp(coef(modelo_reduzido_))

# Cria o data frame e calcula a Amplitude
tabela_coef <- data.frame(
  OR = ors,
  "2.5" = intervalos[,1],
  "97.5" = intervalos[,2],
  Amplitude = intervalos[,2] - intervalos[,1] # Diferença absoluta
)

pander(tabela_coef,
       caption = "Odds Ratios, Intervalos de Confiança e Amplitude",
       digits = 4)
```

Odds Ratios, Intervalos de Confiança e Amplitude

	OR	X2.5	X97.5	Amplitude
(Intercept)	0.002629	0.0002555	0.01868	0.01842
sex1	4.487	1.524	14.54	13.02
cp1	6.742	1.257	40.86	39.6
cp2	1.141	0.2326	5.755	5.522
cp3	17.95	4.36	89.08	84.72
oldpeak	2.109	1.278	3.68	2.401
slope1	4.137	1.427	12.99	11.56
slope2	1.459	0.2034	9.701	9.497
ca1	11.92	3.986	39.93	35.94
ca2	16.24	3.77	83.96	80.19
ca3	21.59	2.872	261.3	258.5
thal1	0.6504	0.1084	4.116	4.008
thal2	4.984	1.94	13.45	11.51

É possível observar que alguns coeficientes estimados são muito incertos (o modelo não conseguiu definir se a associação entre a respectiva variável e o target era positiva ou negativa);

Essas variáveis foram : cp2, slope2 e thal1

Outros coeficientes tinham IC com amplitude grande demais, como foi o caso de cp3, ca3, ca2

Ou seja, o modelo não conseguiu estimar precisamente esses coeficientes

Uma possível motivação para isso é que essas variáveis categóricas possuem algumas classes subrepresentadas no dataset, dificultando a estimação dos parâmetros.

Treinando modelo com agrupamento de classes subrepresentadas

- cp :
  - com_dor : {0, 1, 2}
  - sem_dor : {3}
- slope :
  - asc : {0}
  - not_asc : {1, 2}
- ca :
  - zero : {0}
  - not_zero : {1, 2, 3}
- thal :
  - normal : {0}
  - not_normal : {1, 2}

```
modelo_agrupado <- glm(condition ~ sex+ cp +
                   oldpeak + slope + ca + thal,
                 data = treino_agrupado,
                 family = "binomial")
```

```
summary(modelo_agrupado)
```

```
Call:
glm(formula = condition ~ sex + cp + oldpeak + slope + ca + thal,
    family = "binomial", data = treino_agrupado)

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -2.1741     0.5627  -3.864 0.000112 ***
sex1              1.1387     0.4984   2.285 0.022342 *
cp_sem dor        2.1247     0.4299   4.943 7.70e-07 ***
oldpeak           0.5708     0.2290   2.493 0.012669 *
slope_not_asc     0.9416     0.4819   1.954 0.050691 .
ca_zero          -2.3326     0.4465  -5.224 1.75e-07 ***
thal_not_normal   1.2461     0.4543   2.743 0.006092 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 328.58  on 237  degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 157.70  on 231  degrees of freedom
AIC: 171.7

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

```r
# Calcula os Odds Ratios e os Intervalos de Confiança
intervalos <- exp(confint(modelo_agrupado))
```

```
Waiting for profiling to be done...
```

```r
ors <- exp(coef(modelo_agrupado))

# Cria o data frame e calcula a Amplitude
tabela_coef <- data.frame(
  OR = ors,
  "2.5" = intervalos[,1],
  "97.5" = intervalos[,2],
  Amplitude = intervalos[,2] - intervalos[,1] # Diferença absoluta
)

pander(tabela_coef,
       caption = "Odds Ratios, Intervalos de Confiança e Amplitude",
       digits = 4)
```

Odds Ratios, Intervalos de Confiança e Amplitude

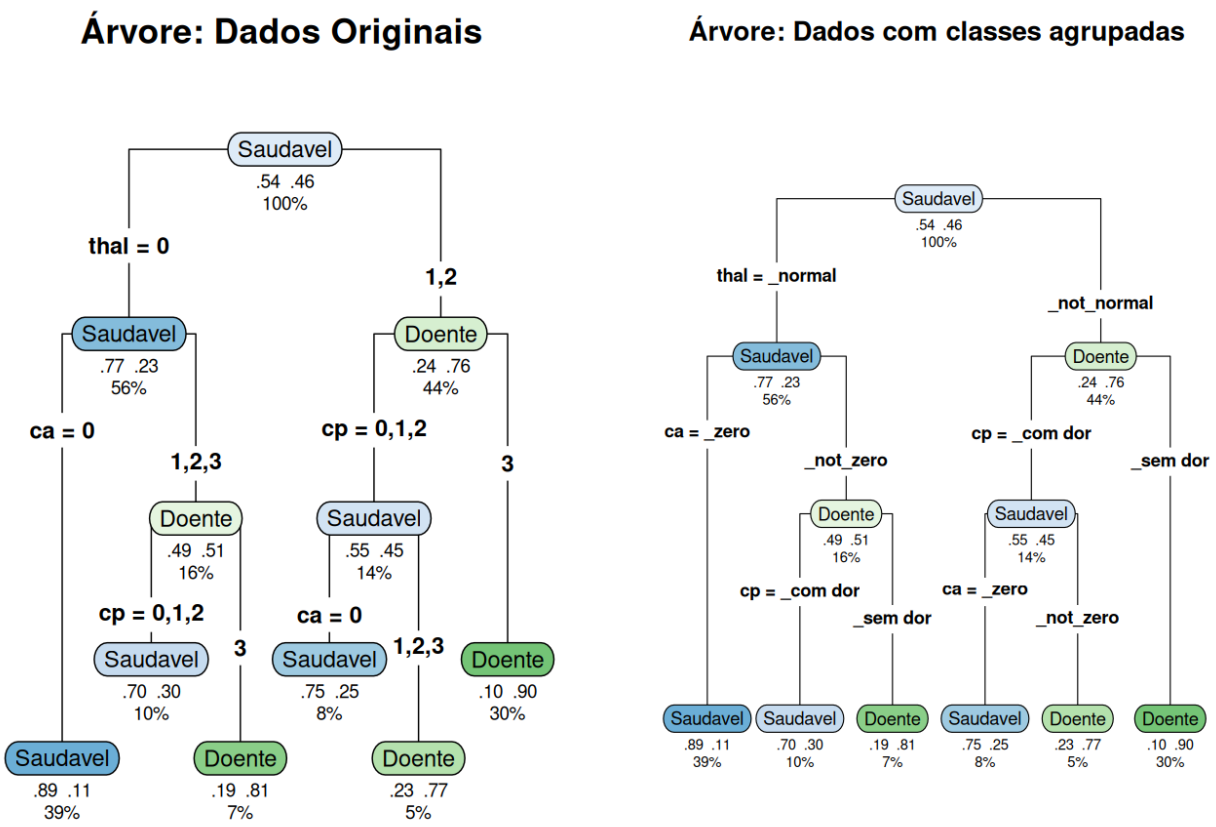
	OR	X2.5	X97.5	Amplitude
(Intercept)	0.1137	0.0346	0.3199	0.2853
sex1	3.123	1.196	8.564	7.368
cp_sem dor	8.37	3.71	20.25	16.54
oldpeak	1.77	1.15	2.836	1.686
slope_not_asc	2.564	1.004	6.721	5.717
ca_zero	0.09704	0.03845	0.2243	0.1859
thal_not_normal	3.477	1.439	8.636	7.198

Aqui, é possível observar que os parâmetros estão mais estáveis e os odds ratios estão mais de acordo com os insights obtidos na EDA;

Criando árvore de decisão de acordo com as variáveis usadas no modelo logístico reduzido

```r
# Árvore de Decisão nos Dados Originais
arvore_original <- rpart(condition ~ sex + cp + oldpeak + slope + ca + thal,
                         data = treino,
                         method = "class")

# Árvore de Decisão nos Dados com classes agrupadas
arvore_limpa <- rpart(condition ~ sex + cp + oldpeak + slope + ca + thal
```

```
arvore_limpa <- rpart(condition ~ sex + cp + otdpeak + stope + ca + thal,
                      data = treino_limpo,
                      method = "class")

# Plotando das árvores
par(mfrow = c(1, 2))

rpart.plot(arvore_original, main = "Árvore: Dados Originais",
           type = 4, extra = 104, under = TRUE, faclen = 0)

rpart.plot(arvore_limpa, main = "Árvore: Dados com classes agrupadas",
           type = 4, extra = 104, under = TRUE, faclen = 0)
```



As duas árvores geradas são iguais, isso mostra que o agrupamento das classes subrepresentadas faz sentido;

Verificando o desempenho do modelo no conjunto de teste (via boostrap)

```
# BOOTSTRAP
set.seed(123)
n_boot <- 1000

# Bootstrap para os 3 modelos principais
boot_reduzido <- boot(data = teste, statistic = calc_boot_metrics,
                      R = n_boot, modelo = modelo_reduzido_, tipo_modelo = "glm")
```

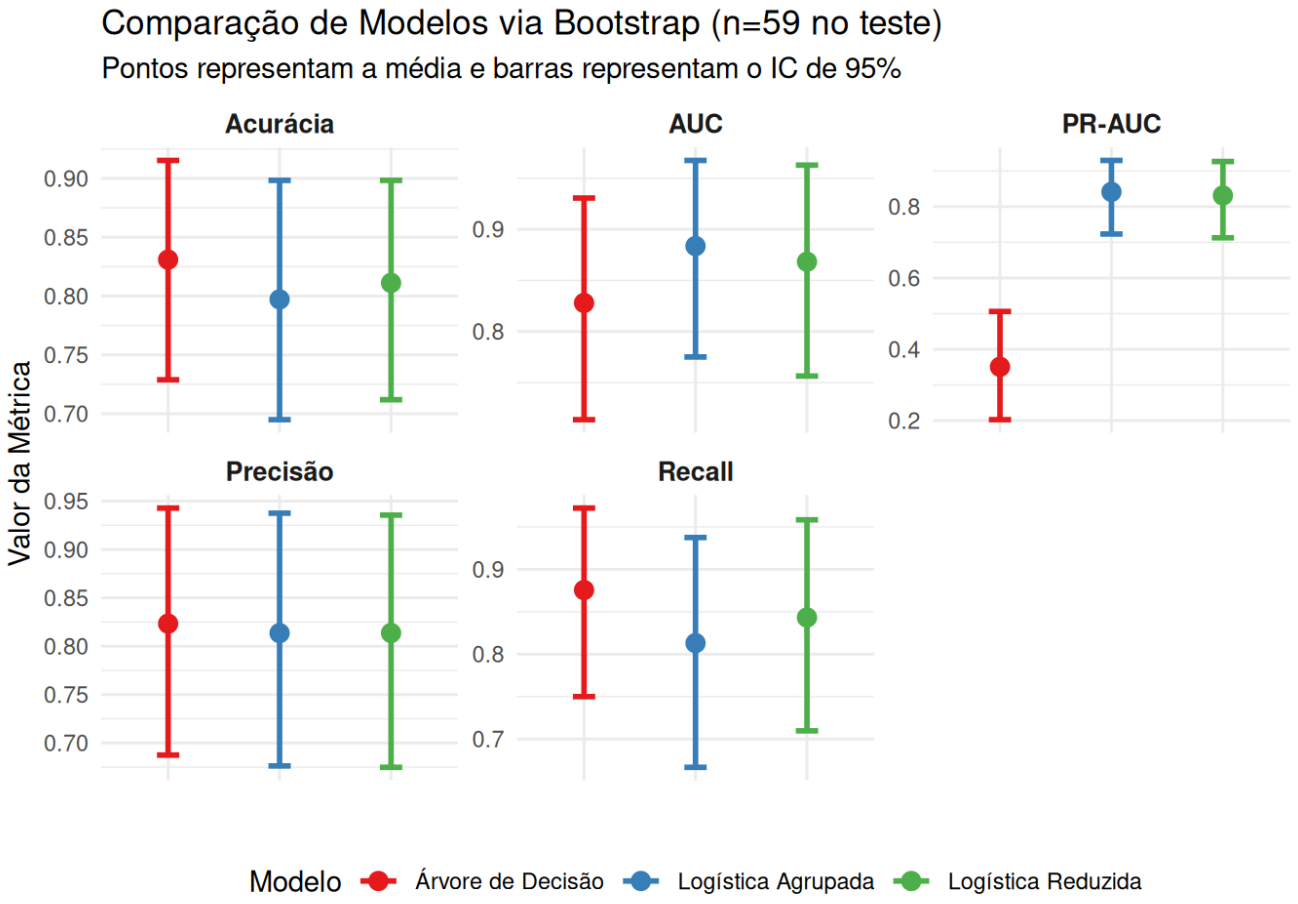
```r
boot_agrupado <- boot(data = teste_agrupado, statistic = calc_boot_metrics,
                      R = n_boot, modelo = modelo_agrupado, tipo_modelo = "glm")

boot_arvore   <- boot(data = teste_agrupado, statistic = calc_boot_metrics,
                      R = n_boot, modelo = arvore_limpa, tipo_modelo = "tree")


tabela_bootstrap <- rbind(
  summarize_boot(boot_reduzido, "Logística Reduzida"),
  summarize_boot(boot_agrupado, "Logística Agrupada"),
  summarize_boot(boot_arvore, "Árvore de Decisão")
)


tabela_ordenada <- tabela_bootstrap %>%
  arrange(Metrica, desc(Modelo))

pander(tabela_ordenada,
       caption = "Métricas de Performance Ordenadas (Média e IC de 95%)",
       split.table = Inf, # Evita que a tabela quebre em colunas
       digits = 4)
```

Métricas de Performance Ordenadas (Média e IC de 95%)

Modelo	Metrica	Media	IC_Lower	IC_Upper
Árvore de Decisão	AUC	0.8279	0.7137	0.9306
Logística Reduzida	AUC	0.8683	0.7564	0.9628
Logística Agrupada	AUC	0.8836	0.775	0.9674
Árvore de Decisão	Acurácia	0.8309	0.7288	0.9153
Logística Reduzida	Acurácia	0.8112	0.7119	0.8983
Logística Agrupada	Acurácia	0.7972	0.6949	0.8983
Árvore de Decisão	PR-AUC	0.3507	0.2024	0.5061
Logística Reduzida	PR-AUC	0.8313	0.7126	0.9267
Logística Agrupada	PR-AUC	0.8415	0.7232	0.9297
Árvore de Decisão	Precisão	0.8234	0.6875	0.9429
Logística Reduzida	Precisão	0.8137	0.6748	0.9355
Logística Agrupada	Precisão	0.8136	0.6762	0.9376
Árvore de Decisão	Recall	0.8756	0.75	0.9722
Logística Reduzida	Recall	0.8432	0.7097	0.9584
Logística Agrupada	Recall	0.8131	0.6667	0.9375

```r
ggplot(tabela_ordenada, aes(x = Modelo, y = Media, color = Modelo)) +
  geom_point(size = 3) +
  geom_errorbar(aes(ymin = IC_Lower, ymax = IC_Upper), width = 0.2, linewidth = 1) +
  facet_wrap(~Metrica, scales = "free_y") +
  scale_color_brewer(palette = "Set1") +
```

```
scale_color_brewer(palette = "Set1") +
theme_minimal() +
labs(
  title = "Comparação de Modelos via Bootstrap (n=59 no teste)",
  subtitle = "Pontos representam a média e barras representam o IC de 95%",
  y = "Valor da Métrica",
  x = ""
) +
theme(
  axis.text.x = element_blank(), # Remove o texto do eixo X para não sobrepor
  strip.text = element_text(face = "bold", size = 10), # Estiliza o título dos qua
  legend.position = "bottom"
)
```



Esse gráfico mostra que o desempenho dos modelos parece ser equivalente entre os modelos, entretando, no PR-AUC, é possível observar que a árvore de decisão teve um valor muito inferior aos outros, ou seja, ela é um modelo muito sensível a pequenas mudanças.

Teste de hipótese de diferença de médias entre o modelo logístico nos dados agrupados e a árvore de decisão

```
metricas_nomes <- c("Acurácia", "Precisão", "Recall", "AUC", "PR-AUC")
resultados_testes <- data.frame()

# --- 2. LOOP PARA CÁLCULO DE P-VALOR POR MÉTRICA ---
for (i in 1:5) {
  dist_agrupada <- boot_agrupado$t[, i]
```

```
  dist_arvore   <- boot_arvore$t[, i]

  # Diferença das distribuições (Agrupada - Árvore)
  diff_dist <- dist_agrupada - dist_arvore

  # P-valor: proporção de vezes que a árvore empatou ou venceu
  p_val <- mean(diff_dist <= 0)

  # Armazenando resultados
  resultados_testes <- rbind(resultados_testes, data.frame(
    Métrica = metricas_nomes[i],
    Diferença_Média = mean(diff_dist),
    P_Valor = p_val,
    Significativo_05 = ifelse(p_val < 0.05, "Sim", "Não")
  ))
}

# --- 3. EXIBIÇÃO DA TABELA ---
pander(resultados_testes,
       caption = "Teste de Hipótese via Bootstrap: Logística Agrupada vs. Árvore de
       digits = 4)
```

Teste de Hipótese via Bootstrap: Logística Agrupada vs. Árvore de Decisão

Métrica	Diferença_Média	P_Valor	Significativo_05
Acurácia	-0.03378	0.717	Não
Precisão	-0.009789	0.54	Não
Recall	-0.06255	0.759	Não
AUC	0.0557	0.22	Não
PR-AUC	0.4908	0	Sim

Teste de hipótese de diferença de médias entre o modelo logístico nos dados agrupados e nos dados originais

```
metricas_nomes <- c("Acurácia", "Precisão", "Recall", "AUC", "PR-AUC")
resultados_testes <- data.frame()

# --- 2. LOOP PARA CÁLCULO DE P-VALOR POR MÉTRICA ---
for (i in 1:5) {
  dist_agrupada <- boot_agrupado$t[, i]
  dist_reduzido   <- boot_reduzido$t[, i]

  # Diferença das distribuições (Agrupada - Árvore)
  diff_dist <- dist_agrupada - dist_reduzido

  # P-valor: proporção de vezes que a árvore empatou ou venceu
  p_val <- mean(diff_dist <= 0)

  # Armazenando resultados
```

```
  resultados_testes <- rbind(resultados_testes, data.frame(
    Métrica = metricas_nomes[i],
    Diferença_Média = mean(diff_dist),
    P_Valor = p_val,
    Significativo_05 = ifelse(p_val < 0.05, "Sim", "Não")
  ))
}

# --- 3. EXIBIÇÃO DA TABELA ---
pander(resultados_testes,
       caption = "Teste de Hipótese via Bootstrap: Logística Agrupada vs. Árvore de
       digits = 4)
```

Teste de Hipótese via Bootstrap: Logística Agrupada vs. Árvore de Decisão

Métrica	Diferença_Média	P_Valor	Significativo_05
Acurácia	-0.014	0.615	Não
Precisão	-0.0001247	0.508	Não
Recall	-0.03017	0.638	Não
AUC	0.01536	0.417	Não
PR-AUC	0.01019	0.435	Não

Conclusão

Como não há diferenças significativas entre o desempenho do modelo logístico com e sem os dados agrupados e o modelo com classes agrupadas teve parâmetros mais “comportados”, o escolheremos como o melhor modelo, nessa análise.