

**“AÑO DE LA RECUPERACIÓN Y CONSOLIDACIÓN DE LA ECONOMÍA  
PERUANA”**

**UNIVERSIDAD PRIVADA SAN JUAN BAUTISTA**

**FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD**

**ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA-EPMH**



**“SISTEMATIZACIÓN Y MÉTODOS ESTADÍSTICOS”**

**INTEGRANTES**

- CUZCANO HUAMANI, ALEXANDRA
- ENCARNACION CANO, ALFREDO
- GAGO CCENCHO, CHRISTHY
- OLASCOAGA ESPIRITU, ANTONELLA
- PALMA PACHAS, ANDREA

**DOCENTE:**

ING. SEGUNDO VICENTE CASTRO LOPEZ

**SAN BORJA**

**2025-1**

Editor: visual

format: html

Basededatos: dengue\_5

TÍTULO:trabajo semana 15 - PC4-3 trabajo final

```
---
title: "pc4-3"
format: html
editor: visual
database: dengue.csv
Grupo: 8
Participantes:
CUZCANO HUAMANI, ALEXANDRA
ENCARNACION CANO, ALFREDO
GAGO CCENCHO, CHRISTHY
OLASCOAGA ESPIRITU, ANTONELLA
PALMA PACHAS, ANDREA
---
```

## Importación y cargado de datos

```
{r}
install.packages("car")
install.packages("here")
install.packages("rio")
install.packages("ggplot2")
install.packages("MICE")
install.packages("VIM")
install.packages("knitr")
install.packages("kableExtra")
```

```
{r}
library(car)
library(here)
library(rio)
library(ggplot2)
library(mice)
library(VIM)
library(knitr)
library(kableExtra)
library(gtsummary)
```

**El análisis de** dataset para este ejercicio Para ilustrar el proceso de análisis multivariado en un modelo de regresión logística, se empleará el dataset **dengue.csv**.

Este conjunto de datos incluye información **1000** pacientes de.

Las variables **Genero** , **Edad** , **NS1**, **IgG**, **IgM**, **Zona**, **Tipo\_Zona**, **Tipo\_Vivienda**

**Cargando los datos** *El análisis univariado (funcion IMPORT/ HEAD*

```
{r}
dengue_4 <- import("dengue.csv")
```

```
{r}
head(dengue)
```

A tibble: 6 × 10

| Genero<br><chr> | Edad<br><dbl> | NS1<br><chr> | IgG<br><chr> | IgM<br><chr> |
|-----------------|---------------|--------------|--------------|--------------|
| Femenino        | 45            | Negativo     | Negativo     | Negativo     |
| Masculino       | 17            | Negativo     | Negativo     | Positivo     |
| Femenino        | 29            | Negativo     | Negativo     | Negativo     |
| Femenino        | 63            | Positivo     | Positivo     | Negativo     |
| Masculino       | 22            | Negativo     | Negativo     | Negativo     |
| Femenino        | 36            | Negativo     | Negativo     | Positivo     |

6 rows | 1-5 of 10 columns

## Tabla de visualización

- Visualización comando (glimpse)

```
{r}
glimpse(dengue)
```

Rows: 1,000  
Columns: 10

```
$ Genero      <chr> "Femenino", "Masculino", "Femenino", "Femenino", "Masculino",
"..."
$ Edad        <dbl> 45, 17, 29, 63, 22, 36, 15, 26, 31, 10, 31, 10, 13, 43, 52,
12, ...
$ NS1         <chr> "Negativo", "Negativo", "Negativo", "Positivo", "Negativo",
"Ne..."
$ IgG         <chr> "Negativo", "Negativo", "Negativo", "Positivo", "Negativo",
"Ne..."
$ IgM         <chr> "Negativo", "Positivo", "Negativo", "Negativo", "Negativo",
"Po..."
$ Zona       <chr> "Mirpur", "Chawkbazar", "Paltan", "Motijheel", "Gendaria",
"Dha..."
$ Tipo_Zona   <chr> "No desarrollada", "Desarrollada", "No desarrollada",
"Desarro..."
$ Tipo_Vivienda <chr> "Edificio", "Edificio", "Otro", "Otro", "Edificio", "Otro",
"Ed..."
$ Distrito    <chr> "Dhaka", "Dhaka", "Dhaka", "Dhaka", "Dhaka", "Dhaka", "Dhaka",
"..."
$ Resultado   <chr> "Dengue negativo", "Dengue negativo", "Dengue negativo",
"Dengu..."
```

- Visualización comando (datatable) -Tablas interactivas con DT y reactable

```
{r}
library(DT)
datatable(
  dengue,
  filter = "top",
  options = list(pageLength = 10, scrollX = TRUE))
```

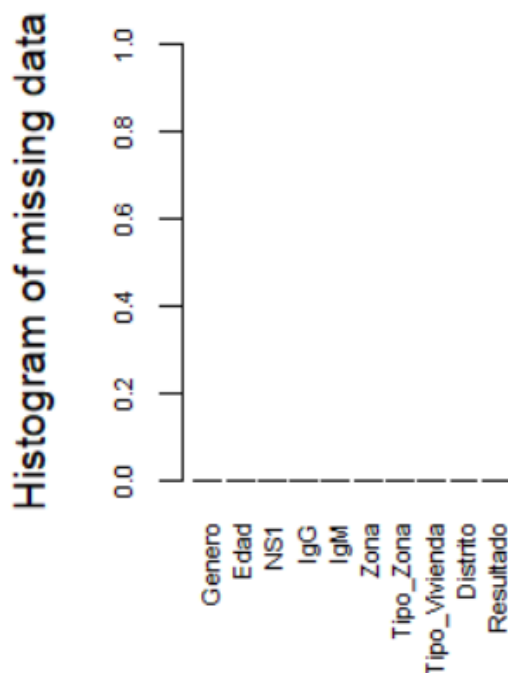
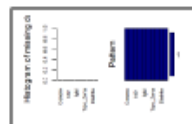
Show  entries

Search:

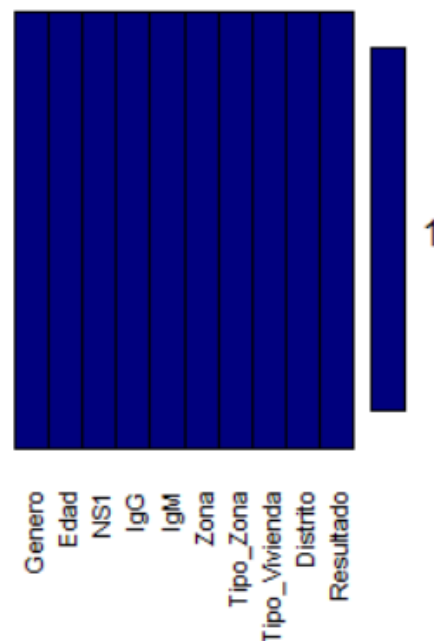
|   | Genero                           | Edad                             | NS1                              | IgG                              | IgM                              | Zona                             | Tipo_Zona                        |
|---|----------------------------------|----------------------------------|----------------------------------|----------------------------------|----------------------------------|----------------------------------|----------------------------------|
|   | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> | <input type="text" value="All"/> |
| 1 | Femenino                         | 45                               | Negativo                         | Negativo                         | Negativo                         | Mirpur                           | No desarroll                     |
| 2 | Masculino                        | 17                               | Negativo                         | Negativo                         | Positivo                         | Chawkbazar                       | Desarroll                        |
| 3 | Femenino                         | 29                               | Negativo                         | Negativo                         | Negativo                         | Paltan                           | No desarroll                     |
| 4 | Femenino                         | 63                               | Positivo                         | Positivo                         | Negativo                         | Motijheel                        | Desarroll                        |
| 5 | Masculino                        | 22                               | Negativo                         | Negativo                         | Negativo                         | Gendaria                         | No desarroll                     |
| 6 | Femenino                         | 36                               | Negativo                         | Negativo                         | Positivo                         | Dhanmondi                        | Desarroll                        |

- Visualización comando (VIM) - HISTOGRAMA

```
{r}
aggr_plot <- aggr(dengue,col = c("navyblue", "red"), numbers = TRUE, sortVars = TRUE,
,labels = names(dengue),
cex.axis = .7, gap = 3, ylab = c("Histogram of missing data", "Pattern"))
```



Pattern



## Variables de dengue.csv (comando NAMES)

```
{r}
names(dengue)
```

|                               |                        |                     |
|-------------------------------|------------------------|---------------------|
| [1] "grupo_edad_gr"           | "edad_mediana_gr"      | "edad"              |
| "raza_afroamericana"          |                        |                     |
| [5] "historia_familiar"       | "volumen_prostata"     | "volumen_tumoral"   |
| "estadio_t"                   |                        |                     |
| [9] "gleason_biopsia"         | "confinamiento_organo" | "psa_preoperatorio" |
| "terapia_previa"              |                        |                     |
| [13] "unidades_transfundidas" | "gleason_quirurgico"   | "terapia_adyuvante" |
| "radioterapia_adyuvante"      |                        |                     |
| [17] "recurrencia_bioquimica" | "censor"               |                     |
| "tiempo_hasta_recurrencia"    | "bn_positivo"          |                     |