Estadisticas descriptivas

Christopher Evans A01742073 ITC

En este trabajo vamos a estar analizando un set de datos acerca de la diabetes, Esta data list incluye las variables de embarazos, glucosa, presión arterial, Grosor de piel, Insulina, IMC, Función de pedigrí de Diabetes, Edad y Resultado.

Dentro de este trabajo se va a estar detallando algunos puntos clave de nuestro data en general y se va a crear un data list nuevo con solo las variables de Grosor de piel, Insulina, IMC y Resultado y analisando las caracteristicas que tiene el nuevo data set.

In [30]:
```
#importa librerías
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
df=pd.read_csv("diabetes.csv")
```

Descripción de Variables

Descripcion general de data set

In [9]:
```
df.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 768 entries, 0 to 767
Data columns (total 9 columns):
 #   Column                    Non-Null Count  Dtype  
---  ------                    --------------  -----  
 0   Pregnancies               768 non-null    int64  
 1   Glucose                   768 non-null    int64  
 2   BloodPressure             768 non-null    int64  
 3   SkinThickness             768 non-null    int64  
 4   Insulin                   768 non-null    int64  
 5   BMI                       768 non-null    float64
 6   DiabetesPedigreeFunction  768 non-null    float64
 7   Age                       768 non-null    int64  
 8   Outcome                   768 non-null    int64  
dtypes: float64(2), int64(7)
memory usage: 54.1 KB
```

In [6]:
```
df.describe()
```

Out[6]:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	Dia
count	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	
mean	3.845052	120.894531	69.105469	20.536458	79.799479	31.992578	
std	3.369578	31.972618	19.355807	15.952218	115.244002	7.884160	
min	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	
25%	1.000000	99.000000	62.000000	0.000000	0.000000	27.300000	
50%	3.000000	117.000000	72.000000	23.000000	30.500000	32.000000	
75%	6.000000	140.250000	80.000000	32.000000	127.250000	36.600000	
max	17.000000	199.000000	122.000000	99.000000	846.000000	67.100000	

In [2]:
```
df.nunique()
```

Out[2]:
```
Pregnancies                 17
Glucose                    136
BloodPressure               47
SkinThickness               51
Insulin                    186
BMI                        248
DiabetesPedigreeFunction   517
Age                         52
Outcome                      2
dtype: int64
```

Después de nuestro análisis general, este trabajo va a estar utilizando las siguientes variables como análisis

Skin Thickness Cuantitativa Continua

Insulin Cuantitativa Continua

BMI Cuantitativa Continua

Outcome Categorica Nominal

In [17]:
```
vars_interes = ['SkinThickness', 'Insulin', 'BMI','Outcome']
df_selected = df[vars_interes]
df_selected.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 768 entries, 0 to 767
Data columns (total 4 columns):
 #   Column         Non-Null Count  Dtype
---  ------         --------------  -----
 0   SkinThickness  768 non-null    int64
 1   Insulin        768 non-null    int64
 2   BMI            768 non-null    float64
 3   Outcome        768 non-null    int64
dtypes: float64(1), int64(3)
memory usage: 24.1 KB
```

In [26]:
```
df_selected.describe()
```

Out[26]:

	SkinThickness	Insulin	BMI	Outcome
count	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000
mean	20.536458	79.799479	31.992578	0.348958
std	15.952218	115.244002	7.884160	0.476951
min	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
25%	0.000000	0.000000	27.300000	0.000000
50%	23.000000	30.500000	32.000000	0.000000
75%	32.000000	127.250000	36.600000	1.000000
max	99.000000	846.000000	67.100000	1.000000

In [24]:
```
for col in vars_interes:
    minimo = df_selected[col].min()
    maximo = df_selected[col].max()
    rango = maximo - minimo
    print(col, "Min:", minimo, "Max", maximo, "Rango", rango)
```

```
SkinThickness Min: 0 Max 99 Rango 99
Insulin Min: 0 Max 846 Rango 846
BMI Min: 0.0 Max 67.1 Rango 67.1
Outcome Min: 0 Max 1 Rango 1
```

In [25]:
```
# Estadísticas descriptivas
estadisticas = df_selected.describe()

# Desviación estándar
desviacion_std = df_selected.std()

# Mostrar resultados
print("Estadísticas Descriptivas:")
print(estadisticas)
print("Desviación estándar:")
print(desviacion_std)
```

```
Estadísticas Descriptivas:
       SkinThickness     Insulin         BMI     Outcome
count     768.000000  768.000000  768.000000  768.000000
mean       20.536458   79.799479   31.992578    0.348958
std        15.952218  115.244002    7.884160    0.476951
min         0.000000    0.000000    0.000000    0.000000
25%         0.000000    0.000000   27.300000    0.000000
50%        23.000000   30.500000   32.000000    0.000000
75%        32.000000  127.250000   36.600000    1.000000
max        99.000000  846.000000   67.100000    1.000000
Desviación estándar:
SkinThickness     15.952218
Insulin          115.244002
BMI                7.884160
Outcome            0.476951
dtype: float64
```

Grosor del pliegue cutáneo: Se puede observar que la media y mediana son bastante cercanas, sugiriendo que la distribución de los datos es bastante simétrica. Dicho lo anterior, tenemos mínimos y máximos muy extremos, indicando que tenemos datos erróneos o sin tratar.

Nivel de insulina Podemos observar una desviación estándar grande que nos indica una dispersión en los datos significativa. Esto combinado con una media y mediana muy diferentes, nos indica una distribución con sesgo a la derecha.

Índice de Masa Corporal: La media y la mediana son muy similares indicando una distribución simétrica, vemos que el valor medio de los datos es 32 mostrando que la mayoría de individuos son personas con sobrepeso posiblemente indicando un prejuicio natural sobre nuestros otros datos, notamos un mínimo de 0 que no es posible en la escala de índice de masa corporal indicando error en nuestros datos.

Consultas

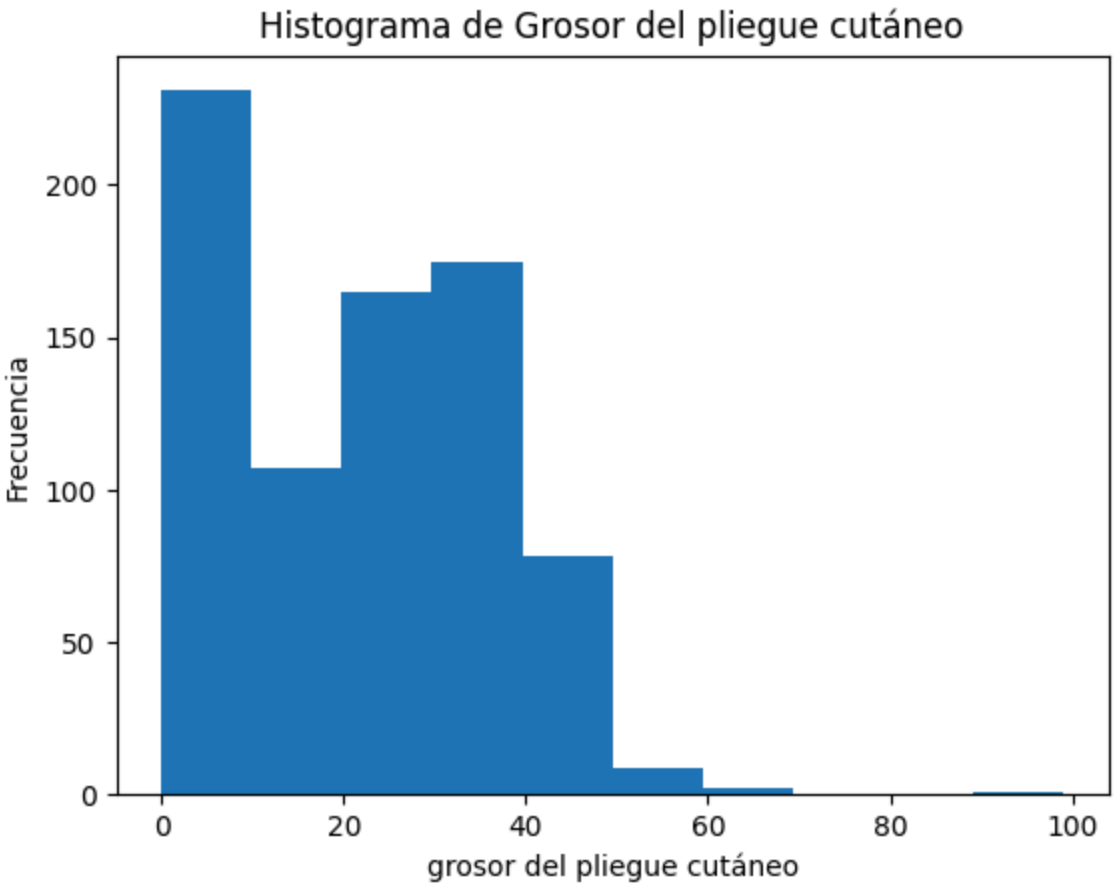
In [29]:
```python
# 1. Personas con BMI > 25
personas_bmi_mayor_25 = df[df['BMI'] > 25].shape[0]
print("Personas con BMI > 25:", personas_bmi_mayor_25)

# 2. Personas con SkinThickness > 20 y Outcome = 1
piel_y_positivo = df[(df['SkinThickness'] > 20) & (df['Outcome'] == 1)].shape[0]
print("Personas con SkinThickness > 20 y Outcome = 1:", piel_y_positivo)

# 3. Personas con BMI < 25 y Insulin > promedio
promedio_insulina = df['Insulin'].mean()
bajo_bmi_alta_insulina = df[(df['BMI'] < 25) & (df['Insulin'] > promedio_insulina)]
print("Personas con BMI < 25 e Insulina > promedio:", bajo_bmi_alta_insulina)
```

```
Personas con BMI > 25: 645
Personas con SkinThickness > 20 y Outcome = 1: 163
Personas con BMI < 25 e Insulina > promedio: 24
```

Visualización de Datos

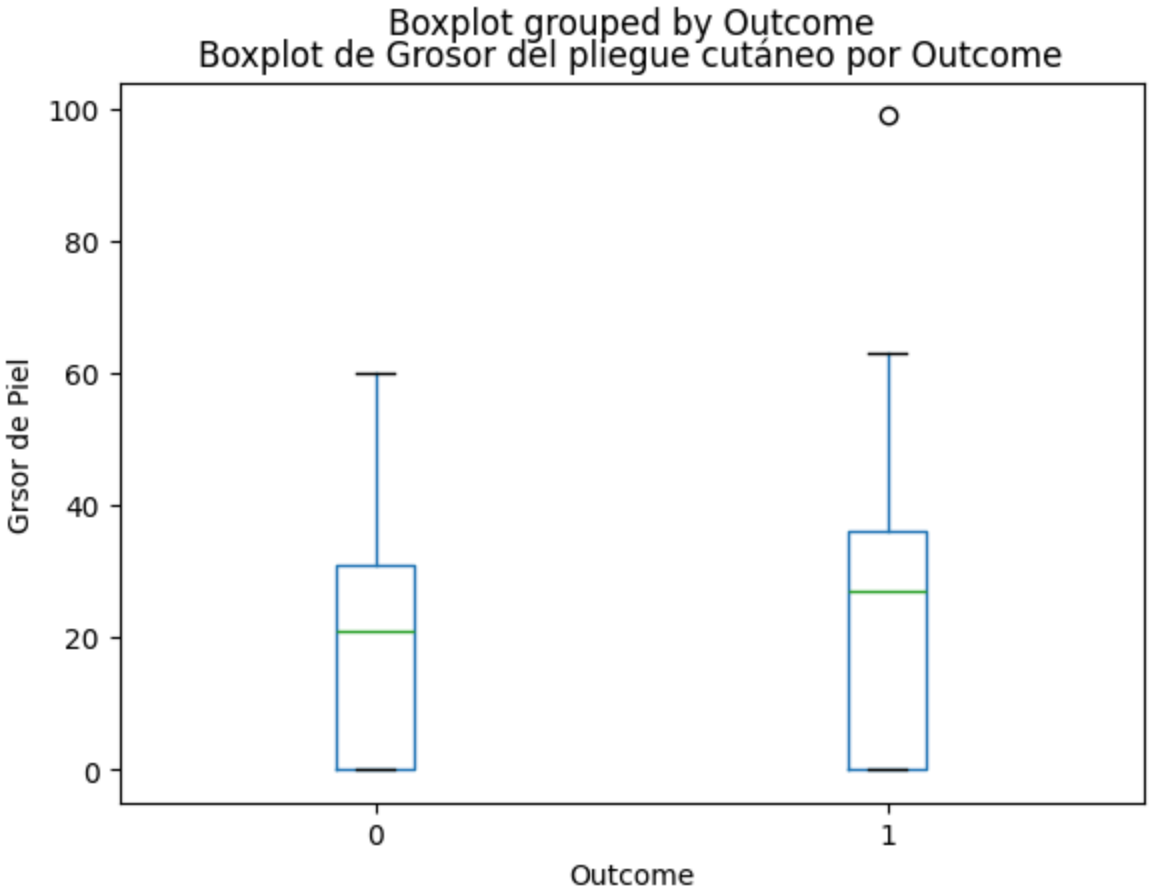
Grosor del pliegue cutáneo

In [53]:
```
# Histograma para grosor del pliegue cutáneo
plt.hist(df_selected['SkinThickness'])
plt.title('Histograma de Grosor del pliegue cutáneo')
plt.xlabel('grosor del pliegue cutáneo')
plt.ylabel('Frecuencia')
plt.show()
```



Se observa una frecuencia muy alta en 0, indicando valores incompletos o erroneos.

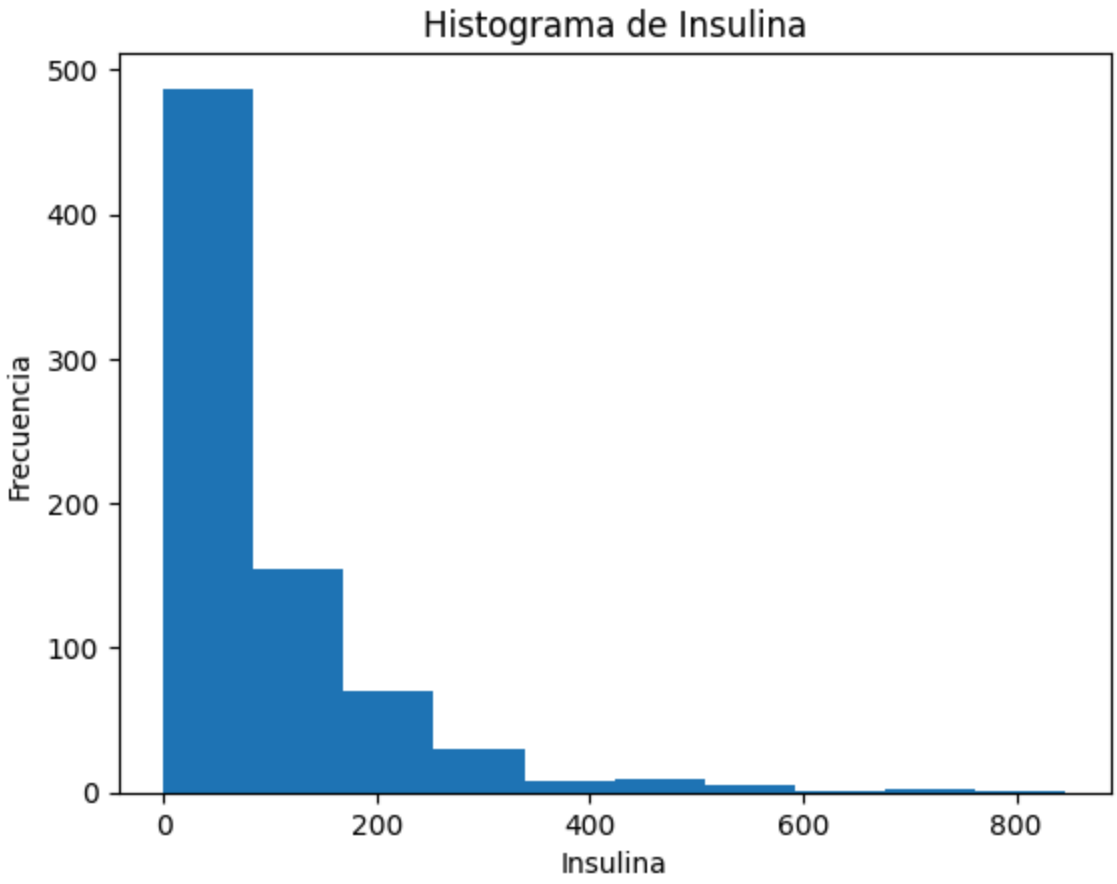
In [79]:
```
# Boxplot de Skin Thickness por Outcome
df_selected.boxplot(column='SkinThickness', by='Outcome', grid=False)
plt.title('Boxplot de Grosor del pliegue cutáneo por Outcome')
plt.xlabel('Outcome')
plt.ylabel('Grsor de Piel')
plt.show()
```



Podemos observar una frecuencia muy alta de registros con un valor de 0, indicando valores faltantes, si solo se toman encuentra los valores válidos vemos como estos se concentran entre 20 y 40 mm con una mediana de 23 mm, en el boxplot se observa que las personas con diabetes tienden a tener un pliegue cutáneo ligeramente mayor que quienes no la tienen.

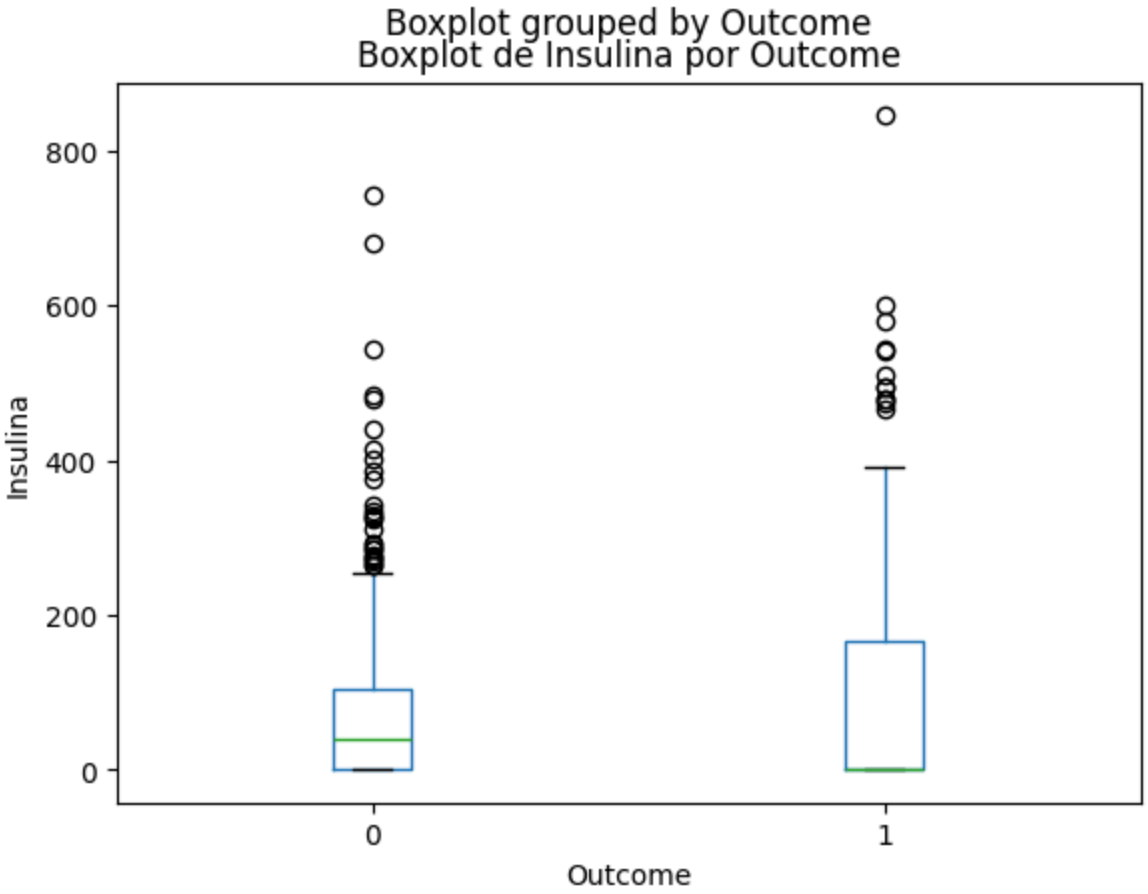
Niveles de Insulina

In [50]:
```
# Histograma para Insulina
plt.hist(df_selected['Insulin'])
plt.title('Histograma de Insulina')
plt.xlabel('Insulina')
plt.ylabel('Frecuencia')
plt.show()
```



Se observa una frecuencia muy alta en 0, indicando valores de data set con bastantes personas saludables.

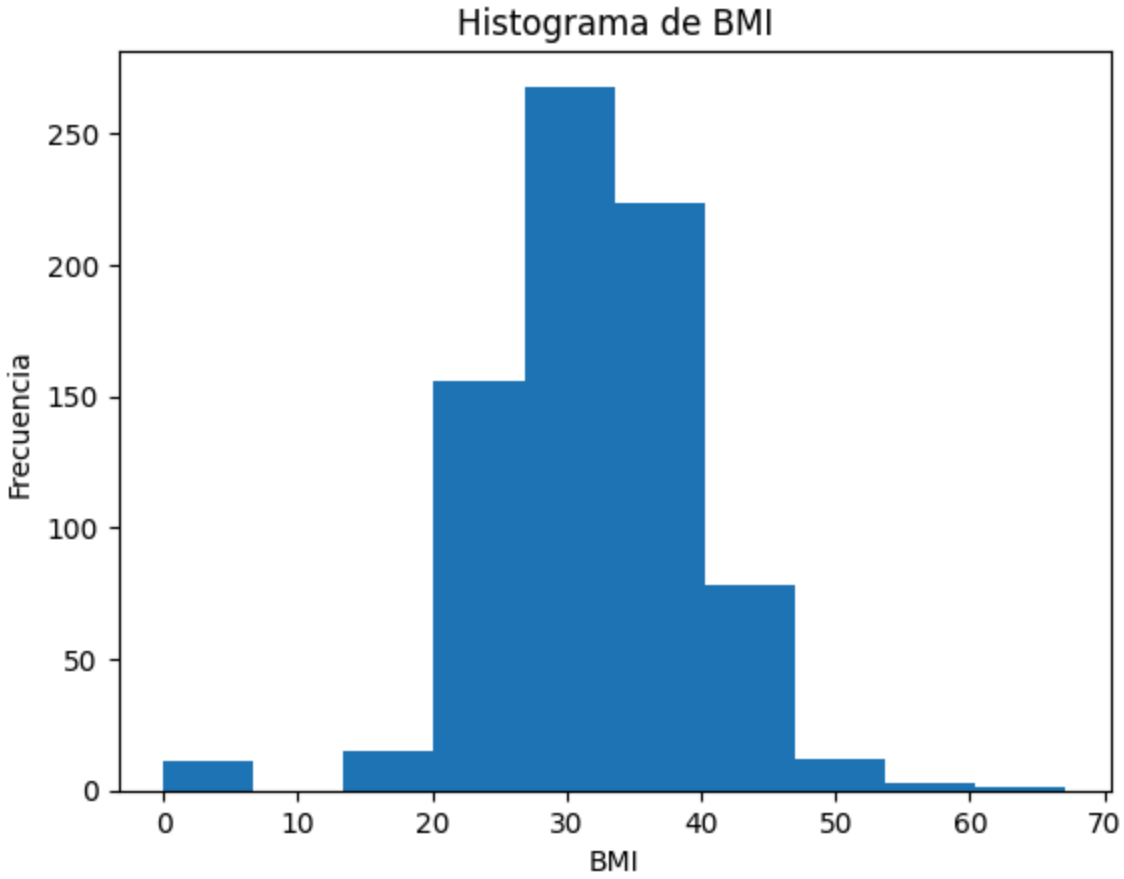
In [80]:
```
df_selected.boxplot(column='Insulin', by='Outcome', grid=False)
plt.title('Boxplot de Insulina por Outcome')
plt.xlabel('Outcome')
plt.ylabel('Insulina')
plt.show()
```



La distribución de insulina muestra una alta concentración de valores bajos. La mayoría de los registros están por debajo de 200, con algunos valores altos que representan casos con mayor necesidad de insulina. Se observa que las personas con diabetes tienden a tener niveles de insulina más altos, sugiriendo una relación posible.

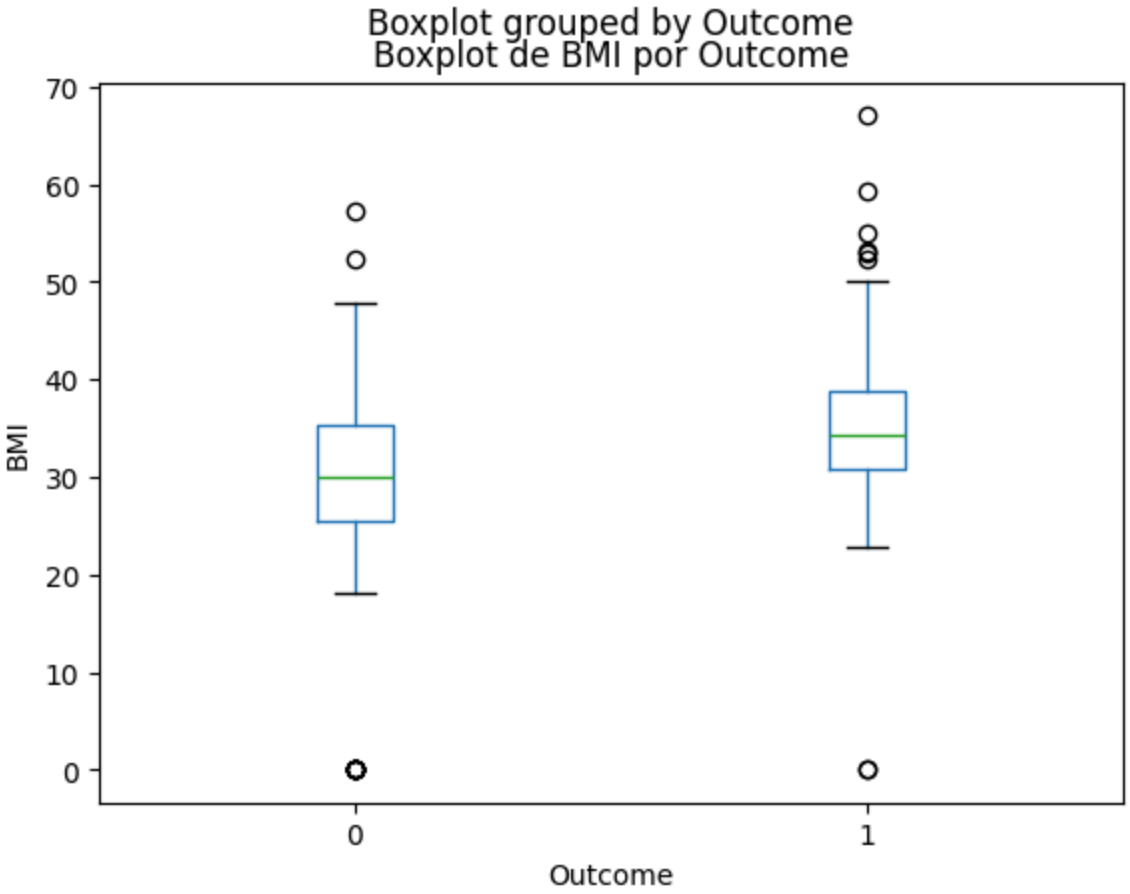
BMI

In [49]:
```
# Histograma para BMI
plt.hist(df_selected['BMI'])
plt.title('Histograma de BMI')
plt.xlabel('BMI')
plt.ylabel('Frecuencia')
plt.show()
```



La distribución del BMI muestra que la mayoría de las personas se encuentran entre valores de 25 y 40, lo que indica un predominio de sobrepeso en nuestra muestra

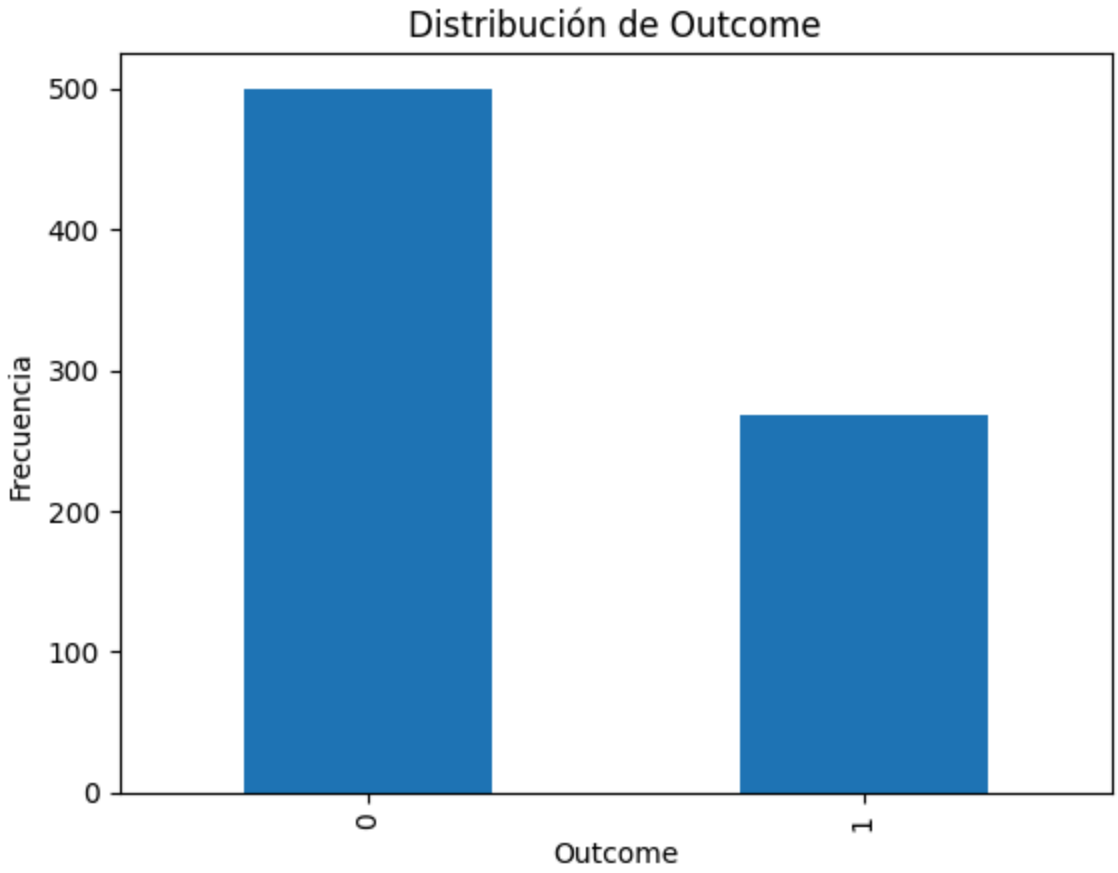
In [81]:
```
df_selected.boxplot(column='BMI', by='Outcome', grid=False)
plt.title('Boxplot de BMI por Outcome')
plt.xlabel('Outcome')
plt.ylabel('BMI')
plt.show()
```



El box plot sugiere una posible relación entre un mayor BMI y el diagnóstico de diabetes.

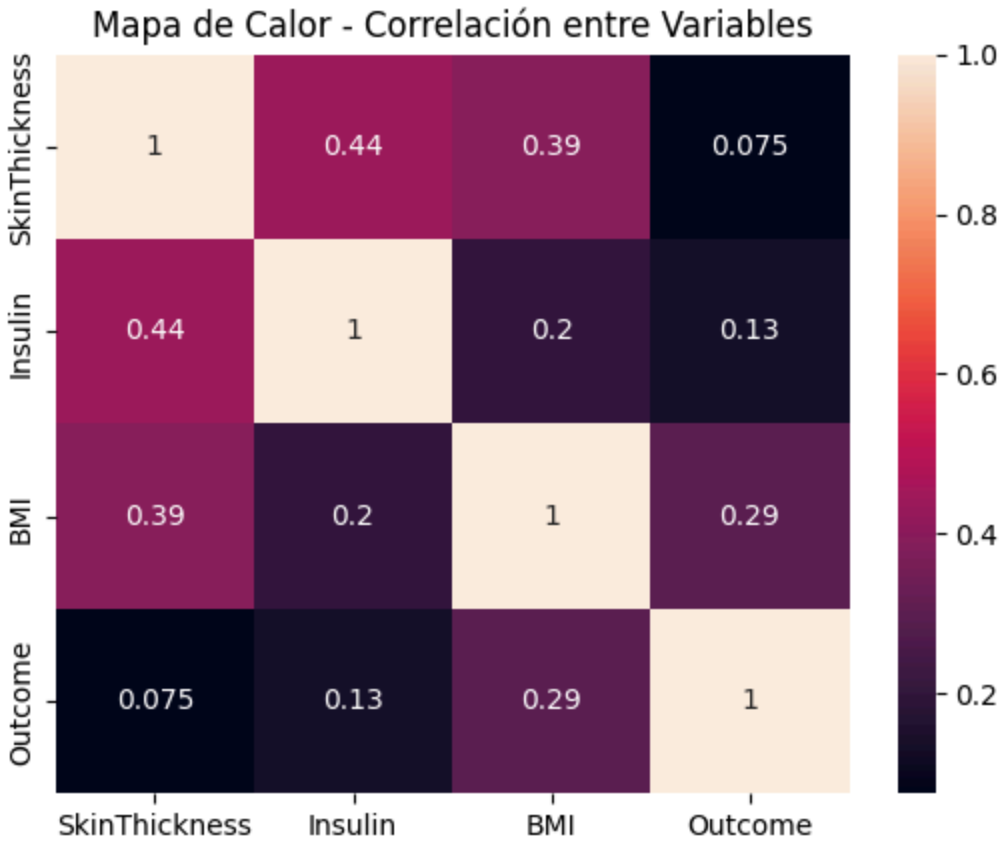
Outcome

In [62]:
```
# Diagramas de barras
datos_outcome = df_selected['Outcome'].value_counts()
datos_outcome.plot(kind='bar')
plt.title('Distribución de Outcome')
plt.xlabel('Outcome')
plt.ylabel('Frecuencia')
plt.show()
```



En nuestra base de datos predominan personas sin diabetes con una relación aproximada de 2 personas saludables por cada persona enferma.

In [70]:
```
# Mapa de calor de correlación
correlacion = df_selected.corr()
sns.heatmap(correlacion, annot=True)
plt.title('Mapa de Calor - Correlación entre Variables')
plt.show()
```



En nuestro mapa de calor vemos una correlación moderada entre el grosor de piel y la Insulina, y el grosor de piel y BMI indicando que estas variables aumentan juntas. Para nuestro outcome no tenemos ninguna variable individual con un nivel de correlación muy alto, indicando la importancia de usar un análisis de correlación múltiple o usar otras variables.

Preguntas

¿Hay alguna variable que no aporta información? Todas las variables aportan algo de información, pero de estas la menos útil es el grosor de piel gracias a la alta cantidad de ceros y la baja correlación con el outcome.

Si tuvieras que eliminar variables, ¿cuáles quitarías y por qué? La variable menos crítica y por ende más fácil de eliminar, sería el grosor de piel, ya que tiene muchos valores erróneos y una correlación baja con el resultado.

Si comparas el rango de las variables (min-max), ¿todas están en rangos similares? Describe sus rangos.

No, todas las variables tienen rangos muy diferentes y altos dado a valores erróneos o mal categorizados, causando mínimos y máximos muy extremos.

¿Existen variables que tengan datos atípicos? Describe cuáles si o no.

Todas las variables tienen rangos atípicos, tenemos valores en grosor de piel igual a 0, valores fuera del promedio en los niveles de insulina y BMI no posibles, teniendo en cuenta valores muy bajos como los de 0 y muy altos como 67

¿Existe correlación alta entre variables? Describe algunas, indicando si es correlación positiva o negativa. Existen algunas correlaciones bajas existentes principalmente entre el grosor de piel y la Insulina, y el grosor de piel y BMI indicando que estas variables aumentan juntas.

Pero no existe ninguna correlación alta para alguna variable individual con outcome, esto nos indica que deberíamos usar un análisis de correlación múltiple.

In [ ]: