# **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
          Glucose
                                   768 non-null
                                                   int64
           BloodPressure
                                   768 non-null
                                                   int64
           SkinThickness
                                    768 non-null
                                                   int64
          Insulin
                                    768 non-null
                                                   int64
                                    768 non-null
           BMI
                                                   float64
           DiabetesPedigreeFunction 768 non-null
                                                   float64
                                                   int64
           Age
                                    768 non-null
           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	ВМІ	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
        --- -----
                            -----
            SkinThickness 768 non-null
         0
                                            int64
         1
             Insulin
                            768 non-null
                                            int64
             BMI
                            768 non-null
         2
                                            float64
         3
             Outcome
                          768 non-null
                                            int64
        dtypes: float64(1), int64(3)
        memory usage: 24.1 KB
         df selected.describe()
In [26]:
Out[26]:
                SkinThickness
                                  Insulin
                                               BMI
                                                      Outcome
                   768.000000 768.000000 768.000000 768.000000
          count
          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
                    99.000000 846.000000
                                          67.100000
                                                      1.000000
           max
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:

	${\tt SkinThickness}$	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:							
SkinThi	ickness 15	.952218					
Insulir	115	. 244002					

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]: # 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
```

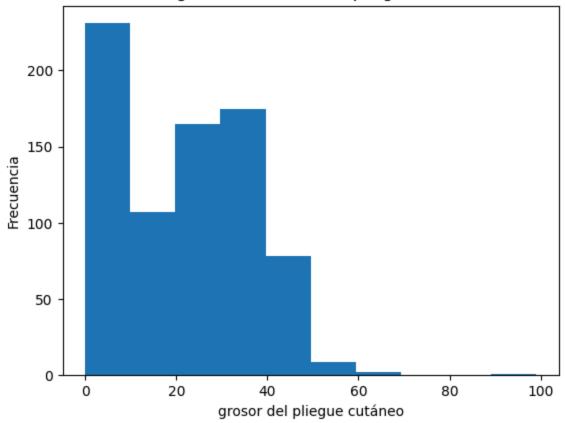
Personas con BMI < 25 e Insulina > promedio: 24

### 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()
```

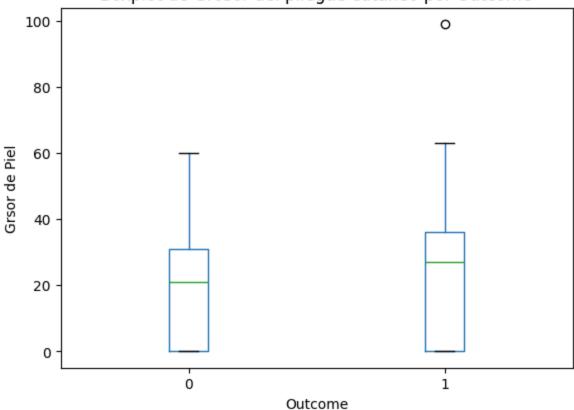
#### Histograma de Grosor del pliegue cutáneo



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()
```

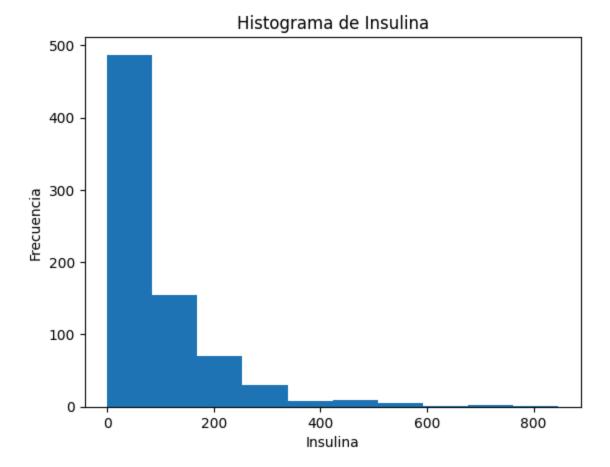




Podemos observar una frecuencia muy alta de registros con un valor de 0, indicando valores faltantes, si solo se toman encuentra los valores válidos vemos como estos se concentran entre 20 y 40 mm con una mediana de 23 mm, en el boxplot se observa que las personas con diabetes tienden a tener un pliegue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

### Niveles de Insulina

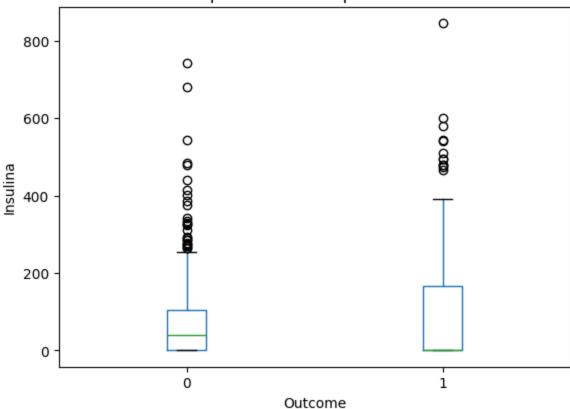
```
In [50]: # Histograma para Insulina
  plt.hist(df_selected['Insulin'])
  plt.title('Histograma de Insulina')
  plt.xlabel('Insulina')
  plt.ylabel('Frecuencia')
  plt.show()
```



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()
```

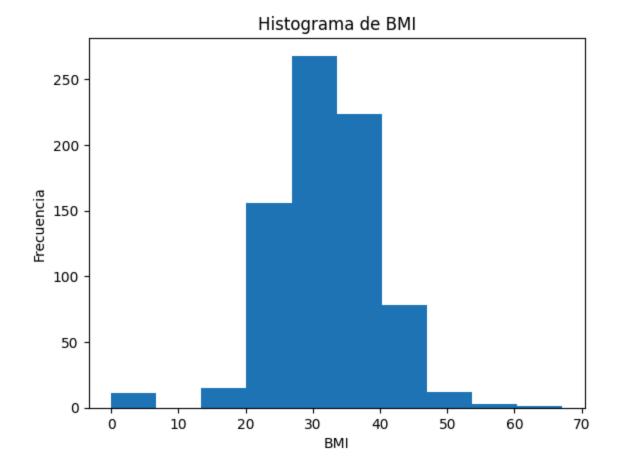
#### Boxplot grouped by Outcome Boxplot de Insulina por Outcome



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.

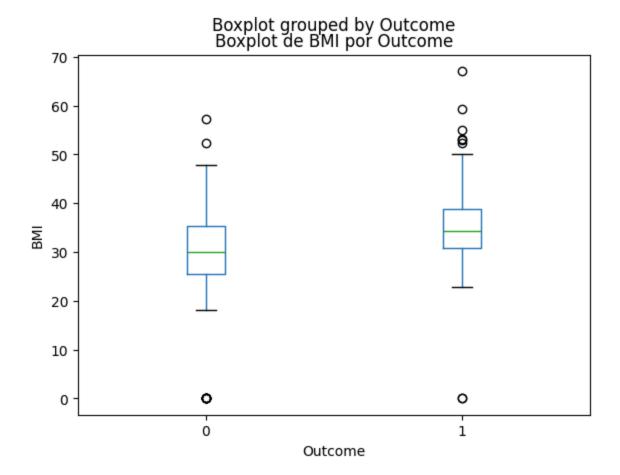
#### **BMI**

```
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

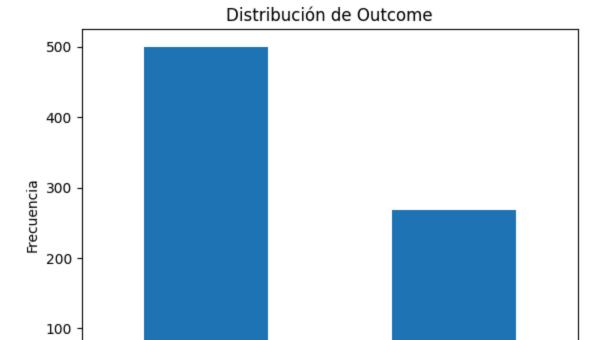
```
In [81]: df_selected.boxplot(column='BMI', by='Outcome', grid=False)
    plt.title('Boxplot de BMI por Outcome')
    plt.xlabel('Outcome')
    plt.ylabel('BMI')
    plt.show()
```



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()
```

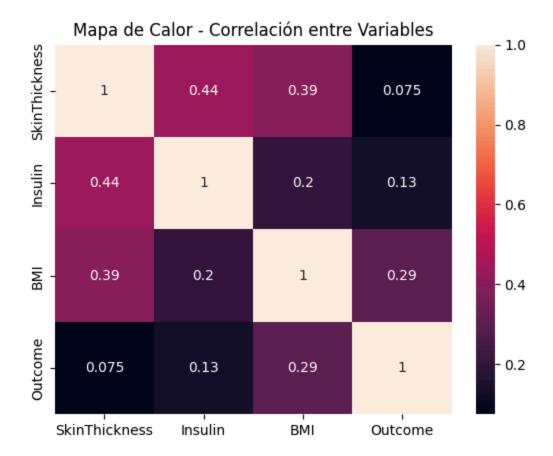


En nuestra base de datos predominan personas sin diabetes con una relación aproximada de 2 personas saludables por cada persona enferma.

Outcome

Г

ò



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.

In [ ]: