Irene Fernández Molina
2019-06-11

Práctica 2: Limpieza y validación de los datos

1. Descripción del dataset

El conjunto de datos a analizar se ha obtenido a través de UCI (https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Diabetes+130-US+hospitals+for+years+1999-2008). Los datos son relativos a pacientes de diabetes que tras haber sido tratados, necesitan de una readmisión o no.

El dataset se compone de un único csv que agrupa datos clínicos durante 10 años (1999-2008) de 130 hospitales de los Estados Unidos.

Cada fila representa un ingreso hospitalario de un paciente con diabetes, donde el motivo del ingreso y el diagnóstico fue algún tipo de diabetes. La duración del ingreso es de entre 1 y 14 días y se llevaron a cabo test de laboratorio, además de suministrar medicinas a los pacientes.

Hay un total de 101.767 registros, donde cada fila contiene un total de 50 atributos:

- encounter_id: id de ingreso
- patient_nbr: número de paciente
- race: etnia del paciente. Valores: Caucasian, Asian, African American, Hispanic, y otros.
- gender: sexo del paciente. Valores: male, female, and unknown/invalid
- age: edad del paciente. Agrupado en intervalos de 10 años.
- weight: peso del paciente en libras.
- admission_type_id: tipo de admisión con 9 valores posibles, por ejemplo, emergencia, urgente, neonato y no disponible.
- discharge_disposition_id: tipo de alta del paciente, con 29 valores posibles.
- admission_source_id: tipo de admisión, por ejemplo derivación de especialista, emergencia o transferido de hospital.
- time_in_hospital: tiempo en días que permanece el paciente en el hospital desde que se ingresa hasta que se le da el alta.
- payer_code: identificador del medio de pago.
- medical_specialty: especialidad desde donde se derivó al paciente

- num_lab_procedures: número de test de laboratorio que se realizaron desde el ingreso del paciente.
- num_procedures: número de procedimientos, aparte de los test ded laboratorio, realizados.
- num_medications: número de las distintas medicinas que se le proporciona al enfermo.
- number_outpatient: número de visitas como paciente externo en el año previo al ingreso.
- number_emergency: número de emergencias sufridas por el paciente en el año previo al ingreso
- number_inpatient: número de visitas como paciente interno
- diag_1: diagnóstico primario
- diag_2: diagnostico secundario
- diag_3: diagnostico secundario adicional
- number_diagnoses: número de diagnósticos introducidos en el sistema
- max_glu_serum: resultado del test de glucosa
- A1Cresult: resultado del test A1c. Indica su valor o si no se ha tomado. Values: “>8” if the result was greater than 8%, “>7” if the result was greater than 7% but less than 8%, “normal” if the result was less than 7%, and “none” if not measured.

Los siguiente 24 atributos indican características de los medicamentos. Sus valores son **up** si se aumentó la dosis, **down** si se redujo, **steady** si se mantuvo y **no** si el medicamento no fue prescrito.

- metformin, repaglinide, nateglinide, chlorpropamide, glimepiride, acetohexamide, glipizide, glyburide, tolbutamide, pioglitazone, rosiglitazone, acarbose, miglitol, troglitazone, tolazamide, examide, citoglipton, insulin, glyburide-metformin, glipizide-metformin, glimepiride-pioglitazone, metformin-rosiglitazone, metformin-pioglitazone,

- change: indica si ha habido un cambio en la medicación, con valores yes y no
- diabetesMed: indica si hubo alguna medicación prescrita. Toma los valores yes y no.
- readmitted: Indica si el paciente tuvo que ser readmitido. Toma valores **<30** si tuvo que ser readmitido en menos de 30 días, **>30** si fue readmitido en más de 30 días y **No** sino necesitó ser readmitido.

Objetivo de análisis

El objetivo de análisis en determinar qué variables influyen en la readmisión o no de un paciente ya tratado. De esta forma, será posible establecer modelos de regresión que permitan predecir en base a ciertas características si un paciente necesitará volver a ser tratado o no.

Este tipo de análisis adquiere relevancia en centros médicos, permitiendo optimizar los recursos y personalizar los tratamientos, ya que cuando un paciente necesita de una readmisión, el coste económico es elevado.

2. Integración y selección de los datos de interés a analizar.

Este dataset ya ha sido tratado, ya que se ha usado en diversos estudios científicos. Es por eso que todos los atributos resultan relevantes a primera vista.
Aun así, si se realiza un primer análisis sobre los datos para determinar los datos faltantes por columnas, se observa que los atributos de weight (97%), payer code (52%) y medical specialty (53%) tienen un alto porcentaje de datos perdidos. Para el resto de los atributos este valor no supera el 2%.
Existiendo tanto valores desconocidos, asumimos que son atributos que no tendrán gran importancia sobre el resultado. Por tanto, para evitar la dispersión de los datos y disminuir la complejidad del dataset se eliminarán estas columnas a la hora de realizar el tratamiento de los datos y su posterior análisis.

```
> diabetic_data <- diabetic_data[, -6]
> diabetic_data <- diabetic_data[, -10]
> diabetic_data <- diabetic_data[, -10]
```

Esto reduce el número de columnas a 47. Sigue siendo un número considerable, así que para reducir el alcance de la práctica se eliminarán las columnas de medicamentos y variables que no estén directamente ligadas a la fisionomía del paciente, para poder ligar un reingreso a las condiciones físicas del paciente. También eliminaremos la columna **patient_nbr** y **encounter_id**, ya que todos los valores son únicos e identifican a un sólo registro.

De esta forma, el dataset final contará con 17 columnas, siendo estas:

race, **gender**, **age**, **discharge_disposition_id**, **time_in_hospital**, **num_lab_procedures**, **num_procedures**, **diag_1**, **diag_2**, **diag_3**, **number_diagnoses**, **max_glu_serum**, **A1Cresult**, **change**, **diabetesMed**, **readmitted**.

Para seleccionarlas se usará el método subset

```
diabetic_data <- subset(diabetic_data,select=c(3,4,5,8,10,13, 14, 19,
20, 21, 22, 23, 24, 48, 49, 50))
```

Al echar un primer vistazo al dataset se observa que los valores nulos se representan con un carácter ?. Por ello, se realizará una sustitución de estos caracteres por una cadena vacía de forma que R los trate como valores NA (not available).

3. Limpieza de los datos

Antes de empezar a limpiar los datos, realizamos una lectura del fichero en formato csv en el que se encuentran mediante la función read.csv. Este proceso se realizará en el lenguaje de programación R y con el IDE RStudio.
El resultado obtenido tras la lectura será un objeto data.frame. Al leer el csv indicamos a su que que se traten las cadenas vacías como datos de tipo NA y que las strings no se traten como factores, sino como cadenas de caracteres.

```
 directory <- getwd()
 diabetic_data <- read.csv(file.path(directory,"diabetic_data.csv"),
header=TRUE, na.strings = c("","NA"), stringsAsFactors=FALSE)
   str(diabetic_data)
```

```
'data.frame':   101766 obs. of  17 variables:
 $ encounter_id            : int  2278392 149190 64410 500364 16680 35754 55842 63768 12522 15738 ...
 $ race                    : chr  "Caucasian" "Caucasian" "AfricanAmerican" "Caucasian" ...
 $ gender                  : chr  "Female" "Female" "Female" "Male" ...
 $ age                     : chr  "[0-10)" "[10-20)" "[20-30)" "[30-40)" ...
 $ discharge_disposition_id: int  25 1 1 1 1 1 1 1 1 3 ...
 $ time_in_hospital        : int  1 3 2 2 1 3 4 5 13 12 ...
 $ num_lab_procedures      : int  41 59 11 44 51 31 70 73 68 33 ...
 $ num_procedures          : int  0 0 5 1 0 6 1 0 2 3 ...
 $ diag_1                  : chr  "250.83" "276" "648" "8" ...
 $ diag_2                  : chr  "" "250.01" "250" "250.43" ...
 $ diag_3                  : chr  "" "255" "V27" "403" ...
 $ number_diagnoses        : int  1 9 6 7 5 9 7 8 8 8 ...
 $ max_glu_serum           : chr  "None" "None" "None" "None" ...
 $ A1Cresult               : chr  "None" "None" "None" "None" ...
 $ change                  : chr  "No" "Ch" "No" "Ch" ...
 $ diabetesMed             : chr  "No" "Yes" "Yes" "Yes" ...
 $ readmitted              : chr  "NO" ">30" "NO" "NO" ...
```

Comprobamos el tipo de los atributos del objeto obtenido.

```
sapply(diabetic_data, function(x) class(x))
```

```
            encounter_id                    race                  gender                     age
               "integer"             "character"             "character"             "character"
discharge_disposition_id       time_in_hospital      num_lab_procedures          num_procedures
               "integer"               "integer"               "integer"               "integer"
                  diag_1                  diag_2                  diag_3       number_diagnoses
             "character"             "character"             "character"               "integer"
           max_glu_serum               A1Cresult                  change             diabetesMed
             "character"             "character"             "character"             "character"
             readmitted
             "character"
```

Tenemos tanto tipo de datos char como integer. Para num_lab_procedures y num_procedures comprobamos si existen valores menores que 0, situación que se trataría como un error en los datos.
> sapply(diabetic_data, function(x) sum(x < 0))

Para ambos atributos obtenemos que no existen valores de este estilo.

Finalmente, la variable de output es una variable categórica que puede tomar tres valores, **<30** si el paciente tuvo que ser readmitido en menos de 30 días, **>30** si fue readmitido en más de 30 días y **No** sino necesitó ser readmitido. Para simplificar el análisis, se realizará una transformación de forma que la variable de output refleje si el paciente necesitó ser readmitido (1) o no (0) directamente sobre el csv de datos antes de cargarlo.

3.1. Ceros y elementos vacíos

A continuación comprobamos si alguna de las variables contiene valores nulos.

```
sapply(diabetic_data, function(x) sum(is.na(x)))
```

```
            encounter_id                    race                  gender                     age
                       0                    2273                       0                       0
discharge_disposition_id       time_in_hospital      num_lab_procedures          num_procedures
                       0                       0                       0                       0
                  diag_1                  diag_2                  diag_3       number_diagnoses
                      21                     358                    1423                       0
           max_glu_serum               A1Cresult                  change             diabetesMed
                       0                       0                       0                       0
             readmitted
                       0
```

Vemos que los atributos **race**, **diag_1**, **diag_2** y **diag_3** contienen valores nulos. Es necesario tratar con los registros que contienen valores desconocidos en algún campo. Por otra parte, la columna de **gender** presenta campos con valor “Unknown/Invalid” que también deberíamos tratar como nulos.

```
> unique(diabetic_data$gender, incomparables = FALSE)
[1] Female          Male            Unknown/Invalid
Levels: Female Male Unknown/Invalid
```

Una opción sería eliminar estos registros, pero como se incurriría en pérdida de información, se plantea rellenar los valores faltantes mediante el imputación basada en k vecinos más próximos.

Se elige esta opción basándose en que los registros guardan cierta relación entre sí y puede predecirse el valor faltante basándose en el resto de variables. Trabajar con datos aproximados permitirá tener un menor margen de error que trabajando con datos vacíos. Este método se aplicará a los atributos **race** y **diag_1**, ya que todos los pacientes tienen una etnia, aunque esta no se haya especificado, y han recibido un diagnóstico, ya que son registros que implican que existe un alta del paciente.

```
#Instalacion del paquete VIM
>install.packages("VIM")
# Imputación de valores mediante la función kNN() del paquete VIM
suppressWarnings(suppressMessages(library(VIM)))

diabetic_data$race <- kNN(diabetic_data)$race
diabetic_data$diag_1 <- kNN(diabetic_data)$diag_1
diabetic_data$gender <- kNN(diabetic_data)$gender

Tras realizar la aproximación, comprobamos de nuevo la existencia de
datos vacíos

sapply(diabetic_data, function(x) sum(is.na(x)))
```

```
        encounter_id              patient_nbr                     race                   gender
                   0                        0                        0                        0
                 age             admission_type_id discharge_disposition_id      admission_source_id
                   0                        0                        0                        0
      time_in_hospital          num_lab_procedures           num_procedures          num_medications
                   0                        0                        0                        0
    number_outpatient           number_emergency         number_inpatient                   diag_1
                   0                        0                        0                        0
               diag_2                   diag_3          number_diagnoses            max_glu_serum
                 358                     1423                        0                        0
           A1Cresult                metformin              repaglinide              nateglinide
                   0                        0                        0                        0
       chlorpropamide              glimepiride            acetohexamide                glipizide
                   0                        0                        0                        0
           glyburide              tolbutamide             pioglitazone           rosiglitazone
                   0                        0                        0                        0
           acarbose                 miglitol             troglitazone                tolazamide
                   0                        0                        0                        0
            examide              citoglipton                  insulin       glyburide.metformin
                   0                        0                        0                        0
glipizide.metformin  glimepiride.pioglitazone   metformin.rosiglitazone    metformin.pioglitazone
                   0                        0                        0                        0
             change              diabetesMed                readmitted
                   0                        0                        0
```

En el caso de **diag_2** y **diag_3** son diagnósticos que no necesariamente deben existir, ya que se trata de diagnósticos que complementan al diagnóstico principal. Por ello, si no aparecen asumiremos que no se emitió ningún diagnóstico secundario, así que sustituimos estos valores desconocidos por “No diagnosis”

```
diabetic_data$diag_2[diabetic_data$diag_2 == ""] <- "No diagnosis"
```

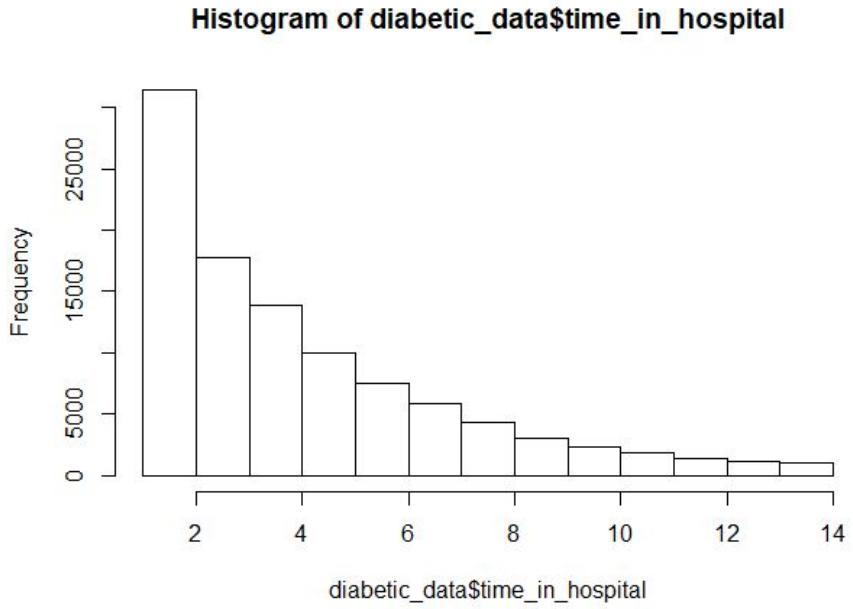
3.2. Identificación y tratamiento de valores extremos.

El siguiente paso sería comprobar si existen valores extremos en alguno de los parámetros. Se considera valor atípico o extremo aquel valor que está numéricamente distante del resto de los datos, en concreto, a 3 desviaciones estándar alejados de la media.

En este punto, analizaremos los valores numéricos. Calcularemos el umbral a partir del cual consideraríamos que se trata de un valor atípico.
A continuación calculamos el máximo y el histograma de cada uno de los atributos para localizar estos valores

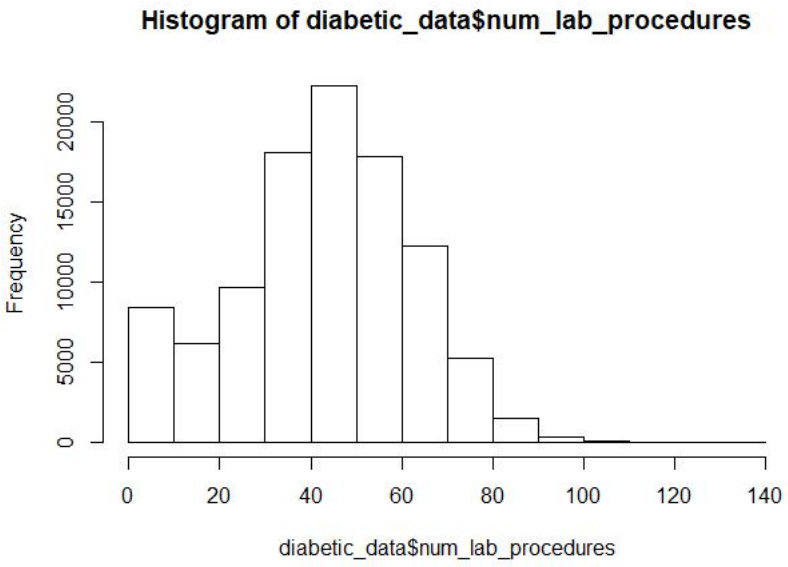
Time_in_hospital

>mean(diabetic_data$time_in_hospital,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$time_in_hospital,na.rm=T)
[1] 13.35131
>max(diabetic_data$time_in_hospital, na.rm=T)
[1] 14
> hist(diabetic_data$time_in_hospital)



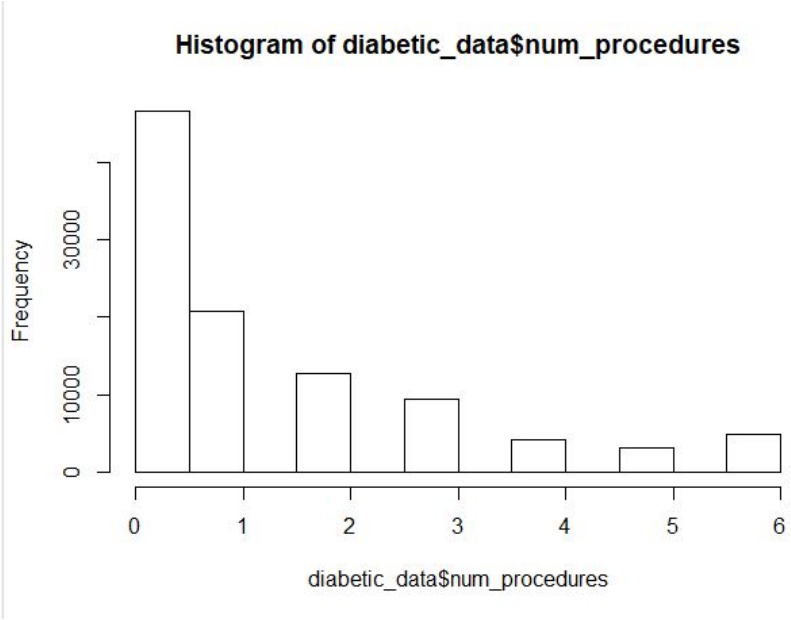
num_lab_procedures

>mean(diabetic_data$num_lab_procedures,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$num_lab_procedures,na.rm=T)
[1] 48.21306
> max(diabetic_data$num_lab_procedures, na.rm=T)
[1] 132



num_procedures

>mean(diabetic_data$num_procedures,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$num_procedures,na.rm=T)
[1] 6.457151
> max(diabetic_data$num_procedures, na.rm=T)
[1] 6



number_diagnoses

Podemos observar que tanto time_in_hospital como num_lab_procedures contienen datos atípicos. En el caso de time_in_hospital estos datos podrían considerarse fringelier más que como outliers, debido a la cercanía con el límite.
El tercer parámetro en cambio mantiene sus valores dentro de rangos esperados.

Llegados a este punto, habría que valorar si estos valores extremos se deben a errores o son valores reales.
Ya que estos datos han sido ya tratados con anterioridad y es un dataset lo suficientemente grande, se asume que estamos tratando con valores reales, por lo que se mantendrán.

Otra estrategia puede ser analizar los datos con o sin estos valores extremos y decidir el resultado correcto en función de las diferencias y tendencias obtenidas en cada uno de los casos.

El resto de atributos son atributos categóricos, para los cuales no tiene sentido aplicar este análisis. Por otra parte, tampoco se realizará análisis sobre el parámetro de salida readmitted.

Con esto el dataset quedaría listo para realizar el análisis. Para facilitar este proceso, se exportará el dataset obtenido a un nuevo fichero

```
write.csv(diabetic_data, "diabetic_data_clean.csv")
```

4. Análisis de los datos.

4.1. Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar (planificación de los análisis a aplicar).

A continuación se seleccionan los grupos dentro del conjunto de datos que pueden resultar interesantes para analizar y/o comparar.

Seleccionaremos las variables categóricas de sexo, edad, etnia y primer diagnóstico, y como variables numéricas número de diagnósticos, días pasados en el hospital, número de test de laboratorio y número de procedimientos.

Las variables categóricas se convertirán en factores, puesto que actualmente son de tipo carácter.

```
#sexo
> diabetic_data$gender <- as.factor(diabetic_data$gender)
> unique(diabetic_data$gender, incomparables = FALSE)
[1] Female Male
Levels: Female Male
#edad
> diabetic_data$age <- as.factor(diabetic_data$age)
> unique(diabetic_data$age, incomparables = FALSE)
```

```
 [1] [0-10)   [10-20)  [20-30)  [30-40)  [40-50)  [50-60)  [60-70)
[70-80)
 [9] [80-90)  [90-100)
10 Levels: [0-10) [10-20) [20-30) [30-40) [40-50) [50-60) [60-70) ...
[90-100)
#etnia
> diabetic_data$race <- as.factor(diabetic_data$race)
> unique(diabetic_data$race, incomparables = FALSE)
[1] Caucasian       AfricanAmerican Other           Asian
Hispanic
Levels: AfricanAmerican Asian Caucasian Hispanic Other
#diagnostico
> diabetic_data$diag_1 <- as.factor(diabetic_data$diag_1)
> unique(diabetic_data$diag_1)
```

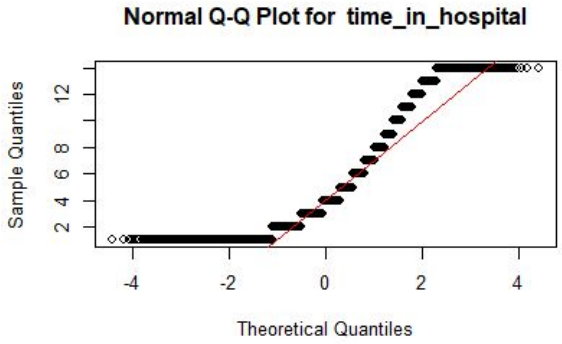
```
  [1] 250.83 276    648    8      197    414    428    398    434    250.7  157
 [12] 518    999    410    682    402    737    572    V57    189    786
 [23] 427    996    277    584    462    473    411    174    486    998
 [34] 511    432    626    295    196    250.6  618    182    845    423
 [45] 808    250.4  722    403    250.11 784    707    440    151    715
 [56] 997    198    564    812    38     590    556    578    250.32 433
 [67] V58    569    185    536    255    250.13 599    558    574    491
 [78] 560    244    250.03 577    730    188    824    250.8  332    562
 [89] 291    296    510    401    263    438    70     250.02 493    642
[100] 625    571    738    593    250.42 807    456    446    575    250.41
[111] 820    515    780    250.22 995    235    250.82 721    787    162
[122] 724    282    514    V55    281    250.33 530    466    435    250.12
[133] V53    789    566    822    191    557    733    455    711    482
[144] 202    280    553    225    154    441    250.81 349    962    592
[155] 507    386    156    200    728    348    459    426    388    607
[166] 337    82     531    596    288    656    573    492    220    516
[177] 210    922    286    885    958    661    969    250.93 227    112
[188] 404    823    532    416    346    535    453    250    595    211
[199] 303    250.01 852    218    782    540    457    285    431    340
[210] 550    54     351    601    723    555    153    443    380    204
[221] 424    241    358    694    331    345    681    447    290    158
[232] 579    436    335    309    654    805    799    292    183    78
[243] 851    458    586    311    892    305    293    415    591    794
[254] 803    79     655    429    278    658    598    729    585    444
[265] 604    727    214    552    284    680    708    41     644    481
[276] 821    413    437    968    756    632    359    275    512    781
[287] 420    368    522    294    825    135    304    320    250.31 669
[298] 868    496    250.43 826    567    3      203    53     251    565
[309] 161    495    49     250.1  297    663    576    355    850    287
[320] 250.2  611    840    350    726    537    620    180    366    783
[331] 11     751    716    250.3  199    464    580    836    664    283
[342] 813    966    289    965    184    480    608    333    972    212
[353] 117    788    924    959    621    238    785    714    942    250.23
[364] 710    47     933    508    478    844    7      736    233    42
[375] 250.5  397    395    201    421    253    250.92 600    494    977
[386] 39     659    312    614    647    652    646    274    861    425
[397] 527    451    485    217    250.53 442    970    193    160    322
[408] 581    475    623    374    582    568    465    801    237    376
[419] 150    461    913    226    617    987    641    298    790    336
[430] 362    228    513    383    746    353    911    506    873    155
[441] 860    534    802    141    V45    396    310    341    242    719
[452] 239    533    616    519    301    V66    5      989    230    385
[463] 300    853    871    570    848    463    9      934    250.21 236
[474] 361    594    501    810    643    430    528    205    791    983
[485] 992    490    172    171    622    306    863    864    474    660
[496] 759    356    634    967    551    695    187    732    747    323
[507] 308    370    252    152    846    164    365    718    48     266
[518] 720    94     344    797    170    878    904    V56    882    843
[529] 709    973    454    686    939    487    229    991    483    357
[540] 692    796    693    935    936    800    920    V26    261    307
[551] 262    250.9  831    145    223    V71    839    685    V54    35
[562] 34     179    964    136    324    389    815    334    143    526
[573] 588    192    V67    394    917    88     219    325    792    717
[584] 994    990    793    207    637    195    373    847    827    31
[595] 891    814    V60    703    865    352    627    378    342    886
[606] 369    745    705    816    541    986    610    633    640    753
[617] 173    835    379    445    272    382    945    619    881    250.52
[628] 866    405    916    215    893    75     671    928    906    897
[639] 725    867    115    890    734    521    674    470    834    146
[650] 696    524    980    691    384    142    879    250.51 246    208
[661] 448    955    653    149    245    735    883    854    952    838
[672] 194    V43    163    216    147    354    27     477    318    880
[683] 921    377    471    683    175    602    250.91 982    706    375
[694] 417    131    347    870    148    862    61     817    914    360
[705] 684    314    V63    36     57     240    915    971    795    988
[716] 452    963    327    731    842    V25    645    665    110    944
[727] 603    923    412    363    957    976    698    299    700    273
[738] 974    97     529    66     98     605    941    52     806    84
[749] 271    837    657    895    338    523    542    689    114    543
[760] 372    V70    E909   583    V07    422    615    279    500    903
[771] 919    875    381    804    704    23     58     649    832    133
[782] 975    833    391    690    10     V51
716 Levels: 10 11 110 112 114 115 117 131 133 135 136 141 142 143 145 146 147 148 149 150 151 152 153 154 155 156 ... V71
```

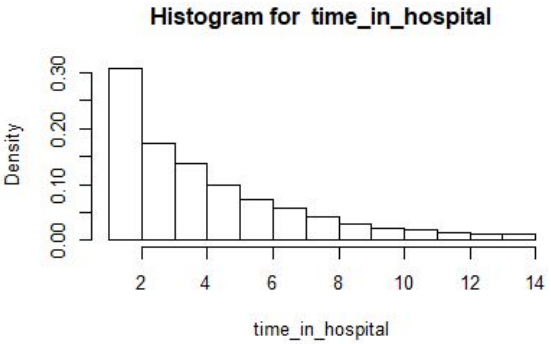
4.2. Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza.

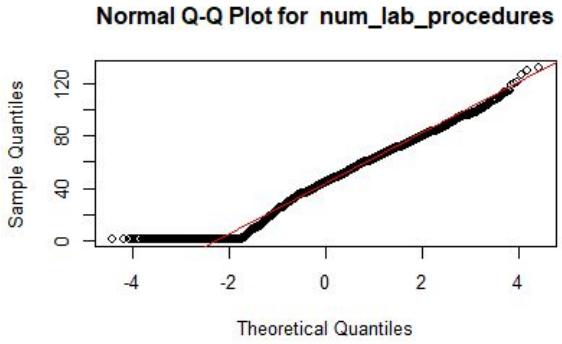
En este punto se comprobará si las variables cuantitativas provienen de una distribución normal.
Para comprobar la normalidad de las variables cuantitativas se utilizarán las gráficas de QQplots, ya que permiten observar la similitud entre la distribución del conjunto de datos a analizar y una distribución normal ideal.

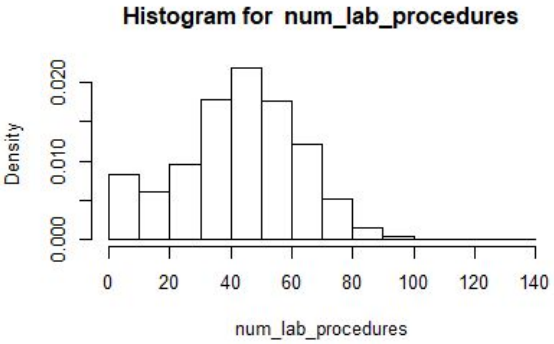
El siguiente código mostrará el histograma y qq-plot de todas las variables numéricas

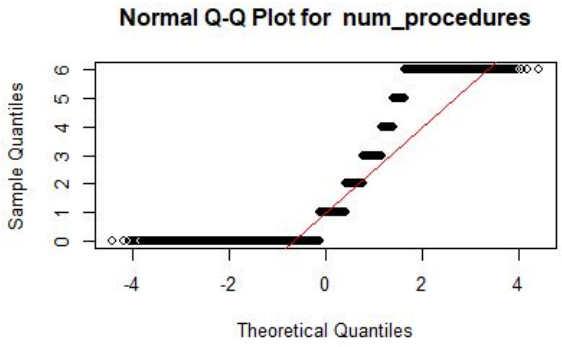
```
par(mfrow=c(2,2))
for(i in 1:ncol(diabetic_data)) {
  if (is.numeric(diabetic_data[,i])){
    qqnorm(diabetic_data[,i],main = paste("Normal Q-Q Plot for
",colnames(diabetic_data)[i]))
    qqline(diabetic_data[,i],col="red")
    hist(diabetic_data[,i],
      main=paste("Histogram for ", colnames(diabetic_data)[i]),
      xlab=colnames(diabetic_data)[i], freq = FALSE)
  }
}
```

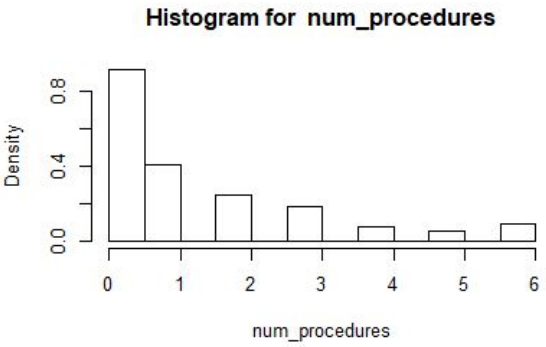


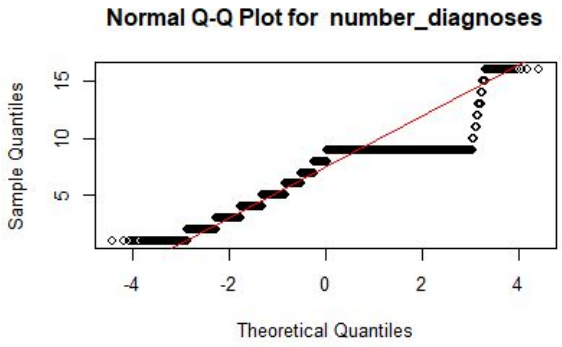


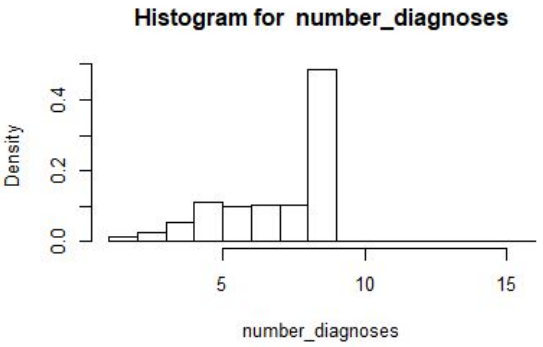












Los resultados nos indican que la variable num_lab_procedures podría ser candidata a la normalización, pero observamos que hay diversas muestras fuera

de la recta de regresión. Para comprobar si estas variables están normalizadas, utilizaremos la prueba de Anderson-Darling. En este caso no se podría aplicar el test de Shapiro Wilk debido a que hay más de 5000 registros y queremos hacer el análisis sobre la totalidad de los datos.

Aplicaremos el test a todas las variables, comprobando que se obtiene un p-valor superior al nivel de significación prefijado α = 0,05. Si se cumple esta condición se considera que la variable en cuestión sigue una distribución normal.

```
> library(nortest)
> alpha = 0.05
> col.names = colnames(diabetic_data)
>
> for (i in 1:ncol(diabetic_data)) {
+     if (i == 1) cat("Variables que no siguen una distribución
normal:\n")
+     if (is.integer(diabetic_data[,i]) | is.numeric(diabetic_data[,i]))
{
+         p_val = ad.test(diabetic_data[,i])$p.value
+         if (p_val < alpha) {
+             cat(col.names[i])
+             # Format output
+             if (i < ncol(diabetic_data) - 1) cat(", ")
+             if (i %% 3 == 0) cat("\n")
+         }
+     }
+ }
Variables que no siguen una distribución normal:
encounter_id, discharge_disposition_id, time_in_hospital,
num_lab_procedures, num_procedures, number_diagnoses,
```

Se asume que los datos no pueden normalizarse y se analizarán con pruebas no paramétricas que no presuponen esta característica. Del mismo modo, al no ser datos normales no sería necesario analizar la homogeneidad en la varianza.

4.3. Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos. En función de los datos y el objetivo del estudio, aplicar pruebas de contraste de hipótesis, correlaciones, regresiones, etc. Aplicar al menos tres métodos de análisis diferentes.

Se plantean las siguientes preguntas e hipótesis a comprobar y que se irán respondiendo a lo largo de este apartado:

- ¿Cuáles son las variables que más afectan al reingreso de un paciente?
- ¿Influyen los niveles de glucosa máximos?¿Un nivel alto aumenta la probabilidad de un reingreso?
- ¿La edad, raza y género influyen más que el número de procedimientos realizados y el resultado obtenido en los tests para un reingreso?

En primer lugar se realizará un análisis de correlación entre las distintas variables para determinar cuáles ejercen mayor influencia sobre un posible reingreso. Para ello se usará el coeficiente de correlación de Spearman, ya que estos datos no siguen una distribución normal.

```
>cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method
="spearman")

      Spearman's rank correlation rho

data:  diabetic_data$readmitted and diabetic_data$time_in_hospital
S = 1.6493e+14, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
sample estimates:
       rho
0.06102197

Warning message:
In cor.test.default(diabetic_data$readmitted,
diabetic_data$time_in_hospital,  :
  Cannot compute exact p-value with ties
```

Parece que existen muestras con los mismos valores o ties. Por ellos, se utilizará el coeficiente tau-b de Kendall, ya que está adaptado para trabajar con ties. Consideraremos la hipótesis nula como que dos variables no están relacionadas entre sí cuando su índice de correlación es 0.

```
>cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$number_diagnoses,method="ken
dall", use="pairwise")
[1] 0.09857357
```

Para comprobar que no están correlacionadas, se comprueba la hipótesis nula con la función cor.test.

```
>cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$number_diagnoses,method
="kendall", use="pairwise")

      Kendall's rank correlation tau

data:  diabetic_data$readmitted and diabetic_data$number_diagnoses
z = 34.733, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
sample estimates:
       tau
0.09857357
```

Debido a que p-value es menor que 0,05, se rechaza la hipótesis nula y se afirma que existe correlación entre ambas variables. Realizamos el mismo proceso con el resto de variables:

```
>cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method="ken
dall", use="pairwise")
[1] 0.05264863

>cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method
="kendall", use="pairwise")

      Kendall's rank correlation tau

data:  diabetic_data$readmitted and diabetic_data$time_in_hospital
z = 19.466, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
sample estimates:
       tau
0.05264863

>cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_lab_procedures,method="k
endall", use="pairwise")
[1] 0.03369054
>cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_lab_procedures,meth
od="kendall", use="pairwise")

      Kendall's rank correlation tau

data:  diabetic_data$readmitted and diabetic_data$num_lab_procedures
```

```
z = 13.061, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
sample estimates:
       tau
0.03369054
>cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_procedures,method="kenda
ll", use="pairwise")
[1] -0.04217783
>cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_procedures,method="
kendall", use="pairwise")

      Kendall's rank correlation tau

data:  diabetic_data$readmitted and diabetic_data$num_procedures
z = -14.794, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
sample estimates:
        tau
-0.04217783
```

Como p-value es inferior a 0,05 en todos los casos, podemos afirmar que existe correlación entre estas variables y la variable de output. Aun así, este factor no es muy elevado. Esto puede ser debido al gran número de variables que teníamos en el dataset, lo que hace que el factor de correlación se reparta entre ellas, haciendo que no exista una única variable muy significativa

Para la variable gender, change y diabetesMed, al ser datos dicotómicos, se aplica el test de Wilcoxon.

```
> wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$gender)

      Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$gender
W = 1310400000, p-value = 8.757e-09
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0


> wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$change)

      Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$change
W = 1346200000, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

```
> wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$diabetesMed)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$diabetesMed
W = 850160000, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Estas variables muestran que hay diferencias estadísticamente significativas entre los distintos grupos, ya que p-value es menor de 0,05. Esto implica que existen diferencias entre hombres y mujeres, si existe o no un cambio en la medicación y si se realizó una prescripción de medicación.

En el caso de que existan tres o más grupos de datos, como ocurre en el atributo de etnia, edad, max_glu_serum o A1Cresult, es posible aplicar el test de Kruskal-Wallis.

```
> kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$race)

        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$race
Kruskal-Wallis chi-squared = 81.943, df = 4, p-value < 2.2e-16

> diabetic_data$max_glu_serum <- as.factor(diabetic_data$max_glu_serum)
> kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$max_glu_serum)

        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$max_glu_serum
Kruskal-Wallis chi-squared = 49.147, df = 3, p-value = 1.214e-10

> diabetic_data$A1Cresult <- as.factor(diabetic_data$A1Cresult)
> kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$A1Cresult)

        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  diabetic_data$readmitted by diabetic_data$A1Cresult
Kruskal-Wallis chi-squared = 53.504, df = 3, p-value = 1.432e-11
```

En este caso se observa que los grupos son diferentes estadísticamente entre ellos al obtener p-values menores de 0,05.

Por último, vamos a intentar crear un modelo predictivo. En este caso, nos encontramos ante un problema de regresión lógica, ya que la variable de output puede tomar dos valores, reingreso (1) o no (0).

Primero, retiramos la columna de enconter_id, ya que no aporta información relevante. Tras varios intentos, se valora eliminar también las columnas de diagnósticos, ya que al ser una variable categórica con demasiadas variables estaba aportando demasiado ruido a la estimación y no se conseguían resultados claros.

De esta forma se mantienen las variables de etnia, género, edad, tiempo de hospitalización, test de laboratorio, número de procedimientos, número de diagnósticos, máximo nivel de glucosa, resultado del test A1C, cambios en la medicación y receta de medicación para diabetes

```
train <- diabetic_data[1:80000,]
test <- diabetic_data[80001:88900,]

model <- glm(readmitted ~.,family=binomial(link='logit'),data=train)

summary(model)

Call:
glm(formula = readmitted ~ ., family = binomial(link = "logit"),
    data = train)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.5040  -1.1359  -0.8611   1.1652   1.9558

Coefficients:
                    Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)        -2.2362480  0.2241741  -9.975  < 2e-16 ***
raceAsian          -0.1652015  0.1039637  -1.589 0.112053
raceCaucasian       0.0172183  0.0182227   0.945 0.344719
raceHispanic        0.0384147  0.0550101   0.698 0.484977
raceOther          -0.2402845  0.0669462  -3.589 0.000332 ***
genderMale         -0.0534123  0.0145782  -3.664 0.000248 ***
age[10-20)          0.9047973  0.2269889   3.986 6.72e-05 ***
age[20-30)          0.9745714  0.2182156   4.466 7.97e-06 ***
age[30-40)          0.8224237  0.2144308   3.835 0.000125 ***
age[40-50)          0.8473229  0.2126427   3.985 6.76e-05 ***
age[50-60)          0.7996060  0.2122068   3.768 0.000165 ***
age[60-70)          0.8625417  0.2121521   4.066 4.79e-05 ***
age[70-80)          0.8871180  0.2121133   4.182 2.89e-05 ***
```

```
age[80-90)          0.8275724  0.2124530   3.895 9.81e-05 ***
age[90-100)         0.4664176  0.2164881   2.154 0.031203 *
time_in_hospital    0.0133437  0.0026091   5.114 3.15e-07 ***
num_lab_procedures  0.0016907  0.0004151   4.073 4.65e-05 ***
num_procedures     -0.0749116  0.0044839 -16.707  < 2e-16 ***
number_diagnoses    0.1360320  0.0039753  34.219  < 2e-16 ***
max_glu_serum>300   0.2019684  0.0804309   2.511 0.012036 *
max_glu_serumNone  -0.0143638  0.0547166  -0.263 0.792926
max_glu_serumNorm  -0.0419310  0.0673873  -0.622 0.533784
A1Cresult>8         0.0997309  0.0460380   2.166 0.030290 *
A1CresultNone       0.1632674  0.0392772   4.157 3.23e-05 ***
A1CresultNorm      -0.0899389  0.0507774  -1.771 0.076521 .
changeNo           -0.0476874  0.0168136  -2.836 0.004565 **
diabetesMedYes      0.2567239  0.0196697  13.052  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 110737  on 79999  degrees of freedom
Residual deviance: 108459  on 79973  degrees of freedom
AIC: 108513

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Ahora podemos analizar los resultados obtenidos del modelo. Podemos afirmar que la variable de glucosa no es estadísticamente relevante en comparación al resto de variables.
Con respecto a las variables estadísticamente relevantes vemos que el número de procedimientos, número de diagnósticos y el cambio en la medicación tienen los p-values más bajos, con lo que podemos asociar una fuerte correlación entre estas variables y el reingreso del paciente. Curiosamente, los datos de edad, genero o etnia tienen menos influencia.

Los valores positivos indican que influyen de forma positiva en un ingreso, mientras que los valores negativos indican que, siendo el resto de variables iguales, el número de procedimientos reduce en un 0,07 la posibilidad de un reingreso.

Vamos a ver el modelo de nuevo pero seleccionando algunas de estas variables más significativas.

```
> model2 <- glm(readmitted ~
(age+num_procedures+number_diagnoses+diabetesMed),family=binomial(link='
logit'),data=train)
```

```
> summary(model2)

Call:
glm(formula = readmitted ~ (age + num_procedures + number_diagnoses +
    diabetesMed), family = binomial(link = "logit"), data = train)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.3789  -1.1385  -0.8718   1.1656   1.9333

Coefficients:
                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -2.133714   0.211157 -10.105  < 2e-16 ***
age[10-20)        0.920297   0.226756   4.059 4.94e-05 ***
age[20-30)        1.022388   0.217784   4.695 2.67e-06 ***
age[30-40)        0.857276   0.213966   4.007 6.16e-05 ***
age[40-50)        0.876296   0.212150   4.131 3.62e-05 ***
age[50-60)        0.827343   0.211712   3.908 9.31e-05 ***
age[60-70)        0.895913   0.211630   4.233 2.30e-05 ***
age[70-80)        0.929164   0.211571   4.392 1.12e-05 ***
age[80-90)        0.878016   0.211905   4.143 3.42e-05 ***
age[90-100)       0.525925   0.215917   2.436   0.0149 *
num_procedures   -0.069376   0.004344 -15.971  < 2e-16 ***
number_diagnoses  0.142612   0.003858  36.968  < 2e-16 ***
diabetesMedYes    0.289934   0.016992  17.063  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 110737  on 79999  degrees of freedom
Residual deviance: 108632  on 79987  degrees of freedom
AIC: 108658

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Para comprobar la validez del modelo, se procede a realizar predicciones con los datos de test.

```
> fitted <- predict(model2,newdata=test,type='response')
> fitted <- ifelse(fitted > 0.5,1,0)
> Error <- mean(fitted != test$readmitted)
> print(paste('Accuracy',1-Error))
[1] "Accuracy 0.541573033707865"
```

Comprobamos que la precisión del modelo no es muy alta, a pesar de escoger las variables más influyentes. Al realizar las estimaciones con todos los parámetros se obtiene una precisión mayor

```
[1] "Accuracy 0.552921348314607"
```

Con lo cual es posible que aumentando el número de variables en juego sea posible aumentar la precisión de este modelo, ya que hemos reducido las variables a tratar de 47 a únicamente 4. Debido al alcance de la práctica, este supuesto se plantea como una mejora a realizar.

5. Representación de los resultados a partir de tablas y gráficas.

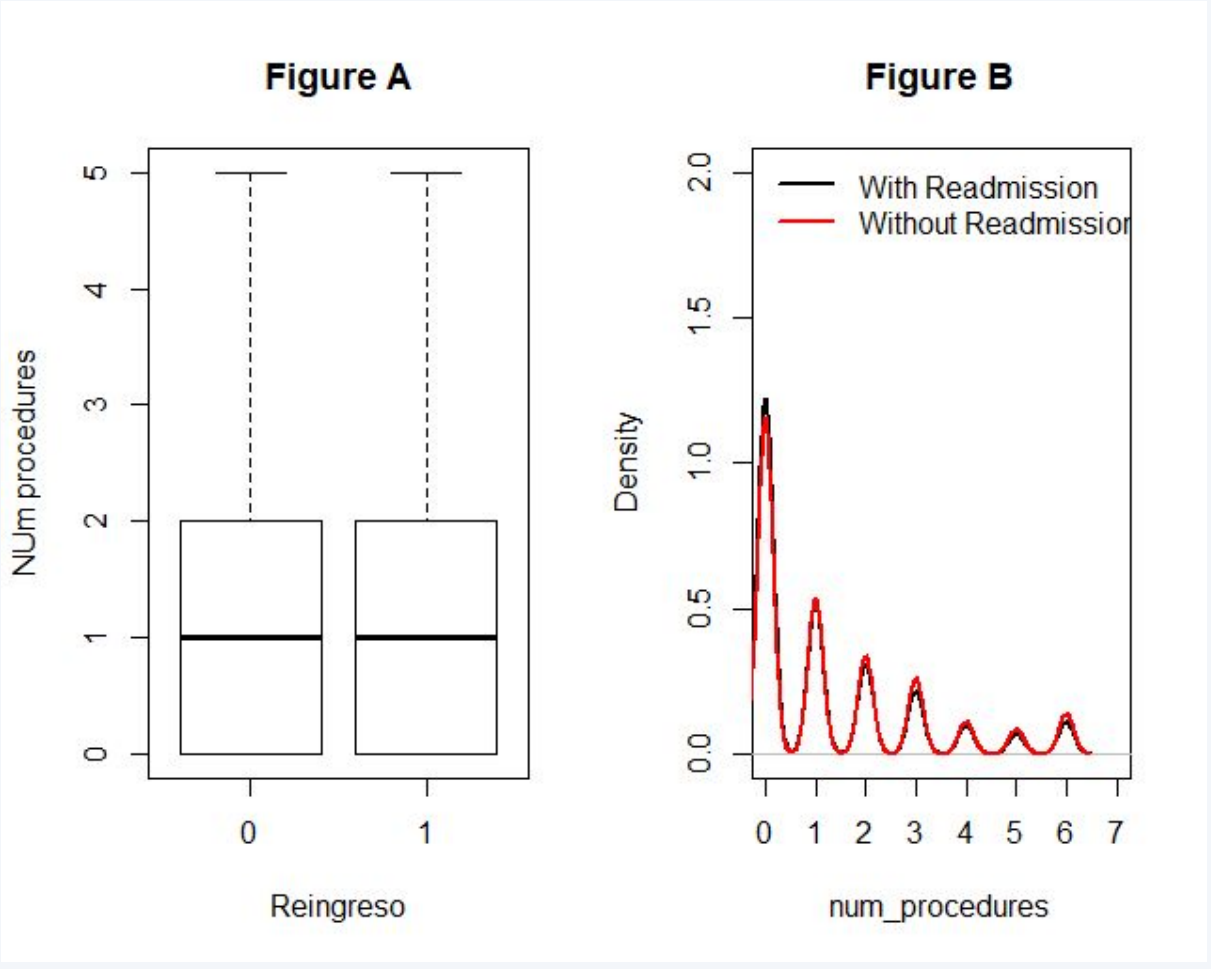
Vamos a analizar gráficamente los resultados de correlación obtenidos. Una forma de hacerlo es observar cómo se ven afectadas las variables teniendo en cuenta que la persona haya sido reingresada o no. Analizaremos el número de procedimientos y de diagnósticos, ya que son dos de las variables más correlacionadas en base a los resultados obtenidos.

```
par(mfrow = c(1, 2))

with(diabetic_data, boxplot(num_procedures ~ readmitted,
                        ylab = "Num procedures",
                        xlab = "Reingreso",
                        main = "Figure A",
                        outline = FALSE))

with <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 1, ]
without <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 0, ]

plot(density(with$num_procedures),
     xlim = c(0, 7),
     ylim = c(0, 2),
     xlab = "num_procedures",
     main = "Figure B",
     lwd = 2)
lines(density(without$num_procedures),
      col = "red",
      lwd = 2)
legend("topleft",
       col = c("black", "red"),
       legend = c("With Readmission", "Without Readmission"),
       lwd = 2,
       bty = "n")
```



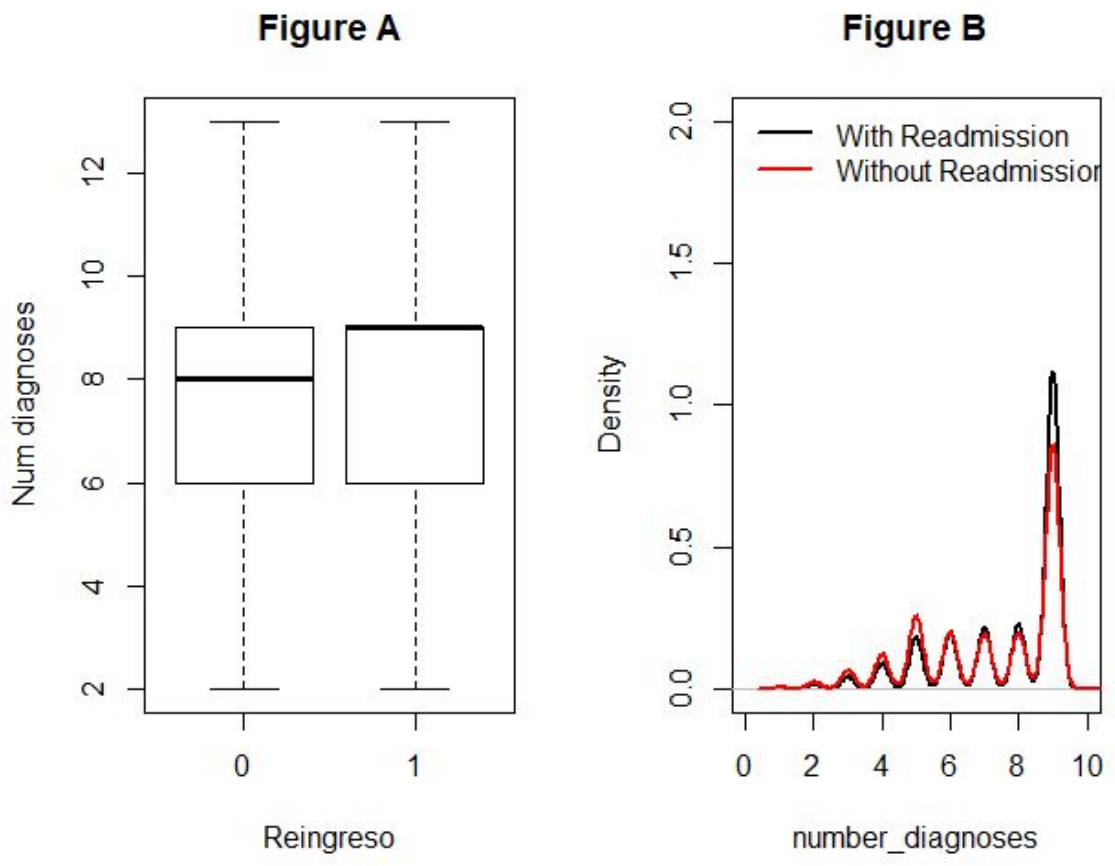
En este caso, vemos que al readmisiones son ligeramente superiores cuando no se realiza ningún procedimiento. En cambio, a partir de un procedimiento realizado siempre es mayor la densidad de no readmisiones que de readmisiones, siendo más significativas las diferencias con 3 o 6 procedimientos. Esta situación podría explicarse afirmando que cuantas más pruebas se realicen sobre el paciente, con más certeza puede emitirse un diagnóstico adecuado y evitar una readmisión.

```
par(mfrow = c(1, 2))

with(diabetic_data, boxplot(number_diagnoses ~ readmitted,
                        ylab = "Num diagnoses",
                        xlab = "Reingreso",
                        main = "Figure A",
                        outline = FALSE))

with <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 1, ]
without <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 0, ]
```

```
plot(density(with$number_diagnoses),
     xlim = c(0, 10),
     ylim = c(0, 2),
     xlab = "number_diagnoses",
     main = "Figure B",
     lwd = 2)
lines(density(without$number_diagnoses),
      col = "red",
      lwd = 2)
legend("topleft",
       col = c("black", "red"),
       legend = c("With Readmission", "Without Readmission"),
       lwd = 2,
       bty = "n")
```



En este caso, vemos que el número de readmisiones es menor que el de no admisiones entre 1 y 6 diagnósticos. Más de 6 diagnósticos derivan en un mayor número de readmisiones, siendo especialmente significativo para 9 diagnósticos. Esto puede explicarse si asumimos que aquellos casos con mayor número de diagnósticos son casos complejos, que requieren de múltiples opiniones y resulta complicado llegar a un diagnóstico consensuado.

6. Resolución del problema. A partir de los resultados obtenidos, ¿cuáles son las conclusiones? ¿Los resultados permiten responder al problema?

De los resultados observamos que las características físicas, véase género, edad o etnia, no influyen tanto en una futura readmisión como los procedimientos y test que puedan realizarse sobre el paciente durante su ingreso para obtener el diagnóstico correcto. Igualmente también se ha observado que tampoco depende de sus valores de glucosa, a pesar de aparentemente ser un factor de riesgo.

Aun así, se ha observado al realizar la construcción del modelo que no ha sido posible conseguir una buena precisión al reducir las variables. Esto nos indica que determinar una readmisión es un proceso complejo, donde haría falta un análisis más extenso y detallado con el fin de localizar qué otras variables del conjunto de las descartadas tienen una fuerte correlación con la variable de output e incluirlas para mejorar esta precisión.

7. Código

```
directory <- getwd()
diabetic_data <- read.csv(file.path(directory,"diabetic_data.csv"),
header=TRUE, na.strings = c("","NA"), stringsAsFactors=FALSE)
diabetic_data <- subset(diabetic_data,select=c(3,4,5,8,10,13, 14, 19,
20, 21, 22, 23, 24, 48, 49, 50))
str(diabetic_data)
sapply(diabetic_data, function(x) class(x))

sapply(diabetic_data, function(x) sum(is.na(x)))

#Instalacion del paquete VIM
>install.packages("VIM")
# Imputación de valores mediante la función kNN() del paquete VIM

suppressWarnings(suppressMessages(library(VIM)))

diabetic_data$race <- kNN(diabetic_data)$race
diabetic_data$diag_1 <- kNN(diabetic_data)$diag_1
diabetic_data$gender <- kNN(diabetic_data)$gender
```

```r
sapply(diabetic_data, function(x) sum(is.na(x)))

mean(diabetic_data$time_in_hospital,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$time_in_
hospital,na.rm=T)
max(diabetic_data$time_in_hospital, na.rm=T)
hist(diabetic_data$time_in_hospital)


mean(diabetic_data$num_lab_procedures,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$num_pr
ocedures,na.rm=T)
max(diabetic_data$num_lab_procedures, na.rm=T)
hist(diabetic_data$num_lab_procedures)

mean(diabetic_data$num_procedures,na.rm=T)+3*sd(diabetic_data$num_proced
ures,na.rm=T)
max(diabetic_data$num_procedures, na.rm=T)
hist(diabetic_data$num_procedures)


write.csv(diabetic_data, "diabetic_data_clean.csv")

#sexo
diabetic_data$gender <- as.factor(diabetic_data$gender)
#edad
diabetic_data$age <- as.factor(diabetic_data$age)
#etnia
diabetic_data$race <- as.factor(diabetic_data$race)
#diagnostico
diabetic_data$diag_1 <- as.factor(diabetic_data$diag_1)

#histograma y qqplot
par(mfrow=c(2,2))
for(i in 1:ncol(diabetic_data)) {
  if (is.numeric(diabetic_data[,i])){
    qqnorm(diabetic_data[,i],main = paste("Normal Q-Q Plot for
",colnames(diabetic_data)[i]))
    qqline(diabetic_data[,i],col="red")
    hist(diabetic_data[,i],
         main=paste("Histogram for ", colnames(diabetic_data)[i]),
         xlab=colnames(diabetic_data)[i], freq = FALSE)
  }
}

#normalidad en las variables
```

```
library(nortest)
alpha = 0.05
col.names = colnames(diabetic_data)

for (i in 1:ncol(diabetic_data)) {
  if (i == 1) cat("Variables que no siguen una distribución normal:\n")
  if (is.integer(diabetic_data[,i]) | is.numeric(diabetic_data[,i])) {
    p_val = ad.test(diabetic_data[,i])$p.value
    if (p_val < alpha) {
      cat(col.names[i])
      # Format output
      if (i < ncol(diabetic_data) - 1) cat(", ")
      if (i %% 3 == 0) cat("\n")
    }
  }
}


#correlacion con test de spearman
cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method=
"spearman")

#coeficiente tau-b
cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$number_diagnoses,method="kend
all", use="pairwise")
cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$number_diagnoses,method=
"kendall", use="pairwise")

cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method="kend
all", use="pairwise")
cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$time_in_hospital,method=
"kendall", use="pairwise")

cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_lab_procedures,method="ke
ndall", use="pairwise")
cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_lab_procedures,metho
d="kendall", use="pairwise")

cor(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_procedures,method="kendal
l", use="pairwise")
cor.test(diabetic_data$readmitted,diabetic_data$num_procedures,method="k
endall", use="pairwise")

#wilcoxom para datos dicotomicos
wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$gender)
```

```
wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$change)
wilcox.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$diabetesMed)

#kruskal-wallis para datos categoricos
kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$race)
diabetic_data$max_glu_serum <- as.factor(diabetic_data$max_glu_serum)
kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$max_glu_serum)
diabetic_data$A1Cresult <- as.factor(diabetic_data$A1Cresult)
kruskal.test(diabetic_data$readmitted~diabetic_data$A1Cresult)

#modelo de regresion lógica
train <- diabetic_data[1:80000,]
test <- diabetic_data[80001:88900,]

model <- glm(readmitted ~.,family=binomial(link='logit'),data=train)
summary(model)

model2 <- glm(readmitted ~
(age+num_procedures+number_diagnoses+diabetesMed),family=binomial(link='
logit'),data=train)
summary(model2)

#precision del modelo
fitted <- predict(model2,newdata=test,type='response')
fitted <- ifelse(fitted > 0.5,1,0)
Error <- mean(fitted != test$readmitted)
print(paste('Accuracy',1-Error))

#representacion grafica
par(mfrow = c(1, 2))

with(diabetic_data, boxplot(num_procedures ~ readmitted,
                            ylab = "Num procedures",
                            xlab = "Reingreso",
                            main = "Figure A",
                            outline = FALSE))

with <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 1, ]
without <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 0, ]

plot(density(with$num_procedures),
     xlim = c(0, 7),
     ylim = c(0, 2),
     xlab = "num_procedures",
     main = "Figure B",
```

```
     lwd = 2)
lines(density(without$num_procedures),
      col = "red",
      lwd = 2)
legend("topleft",
       col = c("black", "red"),
       legend = c("With Readmission", "Without Readmission"),
       lwd = 2,
       bty = "n")

par(mfrow = c(1, 2))

with(diabetic_data, boxplot(number_diagnoses ~ readmitted,
                            ylab = "Num diagnoses",
                            xlab = "Reingreso",
                            main = "Figure A",
                            outline = FALSE))

with <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 1, ]
without <- diabetic_data[diabetic_data$readmitted == 0, ]

plot(density(with$number_diagnoses),
     xlim = c(0, 10),
     ylim = c(0, 2),
     xlab = "number_diagnoses",
     main = "Figure B",
     lwd = 2)
lines(density(without$number_diagnoses),
      col = "red",
      lwd = 2)
legend("topleft",
       col = c("black", "red"),
       legend = c("With Readmission", "Without Readmission"),
       lwd = 2,
       bty = "n")
```