Analisis de Datos

Maria Jose Bustamante - Paola Peralta Flores

Analisis Descriptivo e Inferencial

Librerias que vamos a utilizar.

```
library(ggplot2)
library(ggpubr)
library(dplyr)
```

```
Attaching package: 'dplyr'

The following objects are masked from 'package:stats':

    filter, lag

The following objects are masked from 'package:base':

    intersect, setdiff, setequal, union
```

```
library(glmnet)
```

```
Loading required package: Matrix

Loaded glmnet 4.1-7
```

```
library(caret)
```

```
Loading required package: lattice
```

```
library(e1071)
library(ggstatsplot)
```

```
You can cite this package as:
     Patil, I. (2021). Visualizations with statistical details: The 'ggstatsplot' approach.
     Journal of Open Source Software, 6(61), 3167, doi:10.21105/joss.03167
```

```
library(corrplot)
```

```
corrplot 0.92 loaded
```

```
library(lavaan)
```

```
This is lavaan 0.6-15
lavaan is FREE software! Please report any bugs.
```

Leer los datos y renombrar las variables.

```
Datos <- read.csv("./processed.cleveland.data",header=FALSE,sep=",",
                  na.strings = '?')
names(Datos) <- c( "Edad", "Sexo", "DPecho", "PresArtRep", "Colesterol","AzuA",
                   "ECGRep","FCardiaca","Angina", "ST","PenST", "Vasos",
                   "Estado", "Enfermedad")
```

Exploracion de los datos. Con la funcion `head` se muestran las primeras seis filas del conjunto de datos.

```
head(Datos)
```

```
  Edad Sexo DPecho PresArtRep Colesterol AzuA ECGRep FCardiaca Angina  ST PenST
1   63    1      1        145        233    1      2       150      0 2.3     3
2   67    1      4        160        286    0      2       108      1 1.5     2
3   67    1      4        120        229    0      2       129      1 2.6     2
4   37    1      3        130        250    0      0       187      0 3.5     3
5   41    0      2        130        204    0      2       172      0 1.4     1
6   56    1      2        120        236    0      0       178      0 0.8     1
```

```
  Vasos Estado Enfermedad
1     0      6          0
2     3      3          2
3     2      7          1
4     0      3          0
5     0      3          0
6     0      3          0
```

Definimos los datos por sus categorias.

```
Datos$Sexo[Datos$Sexo==1] <- "Masculino"
Datos$Sexo[Datos$Sexo==0] <- "Femenino"
Datos$DPecho[Datos$DPecho==1] <- "Tipo 1"
Datos$DPecho[Datos$DPecho==2] <- "Tipo 2"
Datos$DPecho[Datos$DPecho==3] <- "Tipo 3"
Datos$DPecho[Datos$DPecho==4] <- "Tipo 4"
Datos$AzuA[Datos$AzuA==1] <- "Verdadero"
Datos$AzuA[Datos$AzuA==0] <- "Falso"
Datos$ECGRep[Datos$ECGRep==0] <- "Nivel 0"
Datos$ECGRep[Datos$ECGRep==1] <- "Nivel 1"
Datos$ECGRep[Datos$ECGRep==2] <- "Nivel 2"
Datos$Angina[Datos$Angina==1] <- "Si"
Datos$Angina[Datos$Angina==0] <- "No"
Datos$PenST[Datos$PenST==1] <- "Valor 1"
Datos$PenST[Datos$PenST==2] <- "Valor 2"
Datos$PenST[Datos$PenST==3] <- "Valor 3"
Datos$Estado[Datos$Estado==3] <- "N"
Datos$Estado[Datos$Estado==6] <- "DF"
Datos$Estado[Datos$Estado==7] <- "DR"
```

Agregamos una columna, modificando las etapas de “Enfermedad”:

- Saludable (0 - No)
- Enfermo (1,2,3,4 - Si).

```
c <- Datos$Enfermedad
Corazon <- data.frame("Corazon"=c(c))
Corazon$Corazon[Corazon$Corazon==0] <- "No"
Corazon$Corazon[Corazon$Corazon==1] <- "Si"
Corazon$Corazon[Corazon$Corazon==2] <- "Si"
Corazon$Corazon[Corazon$Corazon==3] <- "Si"
```

```r
Corazon$Corazon[Corazon$Corazon==4] <- "Si"

Datos <- cbind(Datos, Corazon)

# Permite visualizar los datos de la tabla de mejor manera
pander::pandoc.table(
head(Datos))
```

Edad	Sexo	DPecho	PresArtRep	Colesterol	AzuA	ECGRep
63	Masculino	Tipo 1	145	233	Verdadero	Nivel 2
67	Masculino	Tipo 4	160	286	Falso	Nivel 2
67	Masculino	Tipo 4	120	229	Falso	Nivel 2
37	Masculino	Tipo 3	130	250	Falso	Nivel 0
41	Femenino	Tipo 2	130	204	Falso	Nivel 2
56	Masculino	Tipo 2	120	236	Falso	Nivel 0

Table: Table continues below

FCardiaca	Angina	ST	PenST	Vasos	Estado	Enfermedad	Corazon
150	No	2.3	Valor 3	0	DF	0	No
108	Si	1.5	Valor 2	3	N	2	Si
129	Si	2.6	Valor 2	2	DR	1	Si
187	No	3.5	Valor 3	0	N	0	No
172	No	1.4	Valor 1	0	N	0	No

```
    178        No     0.8   Valor 1     0       N          0          No
-------------------------------------------------------------------------------
```

Analisis PCA

Tecnica útil para resumir y explorar datos complejos, reducir la dimensionalidad y encontrar las variables y combinaciones lineales más relevantes en un conjunto de datos.

```
PCA <- prcomp(Datos[,c("Edad", "PresArtRep","Colesterol", "FCardiaca", "ST")])

PCA
```

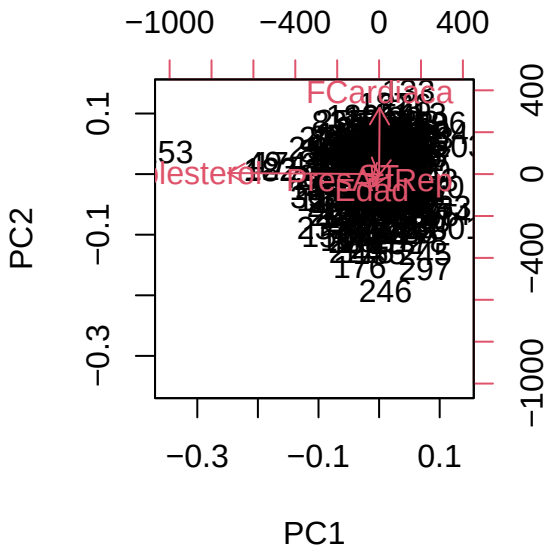
```
Standard deviations (1, .., p=5):
[1] 51.871246 23.245850 17.513339  7.619184  1.070944

Rotation (n x k) = (5 x 5):
                    PC1         PC2         PC3         PC4          PC5
Edad       -0.038400706 -0.18061002 -0.12731753 -0.97451825  0.003136272
PresArtRep -0.050463490 -0.10499968 -0.98177615  0.14974926  0.010920408
Colesterol -0.997979694  0.01594758  0.05406571  0.02930745  0.000421610
FCardiaca   0.003744198  0.97763994 -0.13001050 -0.16440401 -0.016574588
ST         -0.001154567 -0.01791396 -0.00894484  0.00131652 -0.999797986
```

```
summary(PCA)
```

```
Importance of components:
                          PC1     PC2      PC3     PC4     PC5
Standard deviation     51.871 23.2458 17.51334 7.61918 1.07094
Proportion of Variance  0.748  0.1502  0.08527 0.01614 0.00032
Cumulative Proportion   0.748  0.8983  0.98354 0.99968 1.00000
```

```
biplot(PCA)
```



Analisis Univariante

Se obtienen las medidas de tendencia central, valores minimos y maximos y los quartiles de las variables especificadas. Se visualizan las variables de manera independiente, utilizando variables categoricas y variables cuantitativas.

```
V.Cuantitativas <- data.frame("Edad" = Datos$Edad,"PresArtRep" = Datos$PresArtRep,
                              "Colesterol" = Datos$Colesterol,
                              "FCardiaca" = Datos$FCardiaca,"ST" = Datos$ST)
# Se realiza una tabla con todas estas variables
knitr::kable(summary(V.Cuantitativas))
```

Edad	PresArtRep	Colesterol	FCardiaca	ST
Min. :29.00	Min. : 94.0	Min. :126.0	Min. : 71.0	Min. :0.00
1st Qu.:48.00	1st Qu.:120.0	1st Qu.:211.0	1st Qu.:133.5	1st Qu.:0.00
Median :56.00	Median :130.0	Median :241.0	Median :153.0	Median :0.80
Mean :54.44	Mean :131.7	Mean :246.7	Mean :149.6	Mean :1.04
3rd Qu.:61.00	3rd Qu.:140.0	3rd Qu.:275.0	3rd Qu.:166.0	3rd Qu.:1.60
Max. :77.00	Max. :200.0	Max. :564.0	Max. :202.0	Max. :6.20

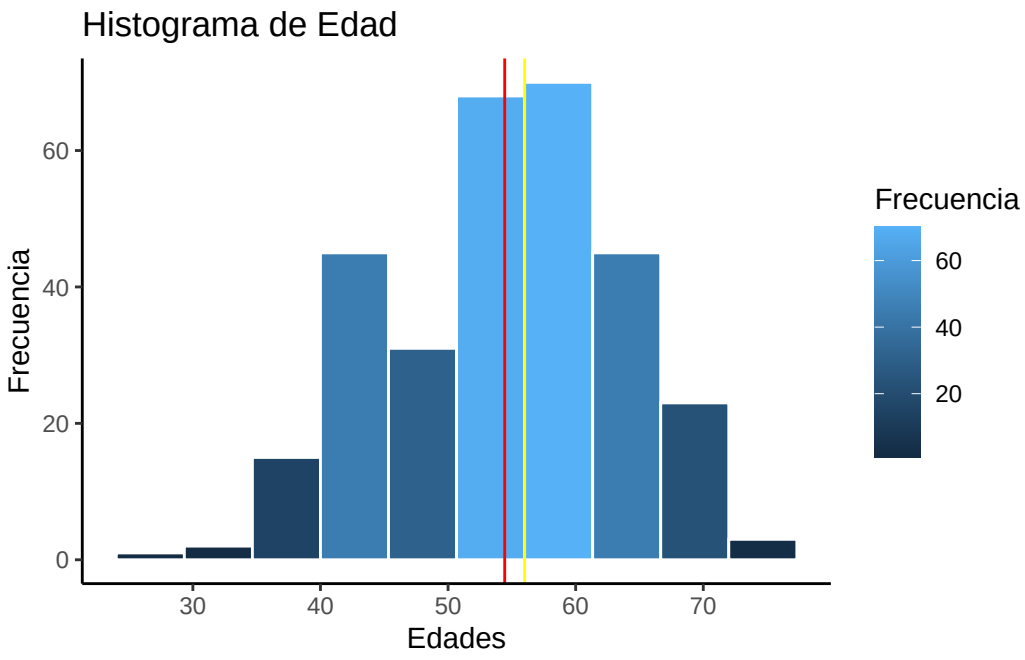
Se calcula la desviacion estandar de las variables especificadas.

```
z <- data.frame("Variables"= c("Edad","PresArtRep","Colesterol","FCardiaca","ST"),"Desv Es
knitr::kable(z)
```

Variables	Desv.Est
Edad	9.038662
PresArtRep	17.599748
Colesterol	51.776918
FCardiaca	22.875003
ST	1.161075

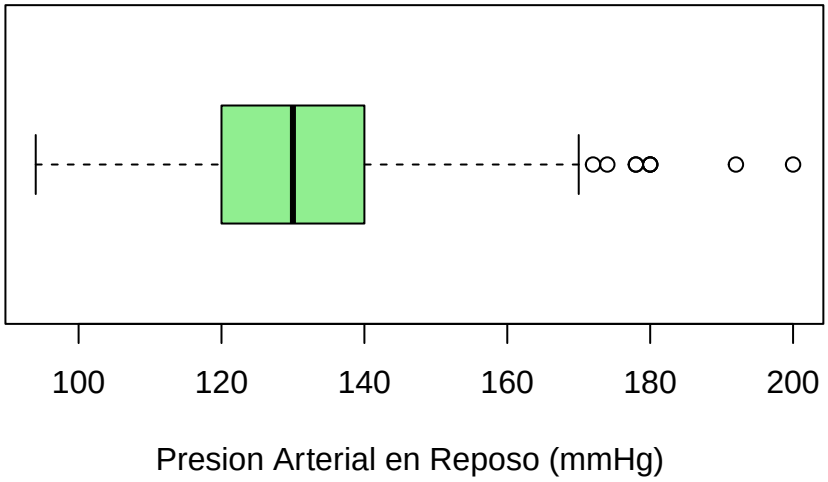
Se realiza un histograma para una de las variables cuantitativas.

```
ggplot(V.Cuantitativas, aes(Edad)) +
  geom_histogram(aes(fill=after_stat(count)), bins=10, color="white") +
  geom_vline(aes(xintercept=mean(Edad)), color="red") +
  geom_vline(aes(xintercept=median(Edad)), color= "yellow") +
  labs(title = "Histograma de Edad",
       x = "Edades",
       y = "Frecuencia") +
  scale_fill_continuous(name="Frecuencia") +
  theme_classic()
```



- El promedio de edad entre pacientes resulto de 54 años, con una mediana de 56 años (cercana al valor de la media, pero mayor), la línea roja refleja el valor de la media y la amarilla el valor de la mediana, también se puede observar que los datos tienen más concentración en las edades entre 50 a 60 años.

```
boxplot(V.Cuantitativas$PresArtRep, xlab = "Presion Arterial en Reposo (mmHg) ",col =
```

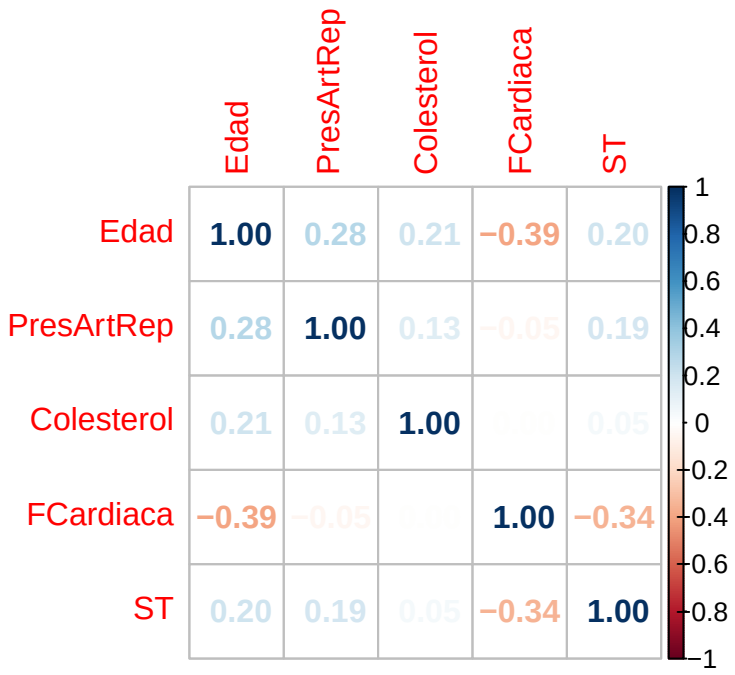


- El 25% de los pacientes presentaron una frecuencia menor o igual a 133.5, el 50% de ellos una frecuencia menor o igual a 153, y el 75% una frecuencia menor o igual a 166. Los datos tienen un comportamiento asimétrico positivo, y hay existencia de valores atípicos.

Analisis Bivariante

Se realiza una correlacion de las variables almacenadas en "V.Cuantitativas"

```
Cor <- cor(V.Cuantitativas)
corrplot(Cor, method="number")
```



- En la grafica se oberva esta correlacion, variando entre los colores rojo y azul, diferenciando de esta manera cuando la correlacion entre variables se hace cada vez más fuerte. En este caso las variables son muy débiles, ninguna supera el 0.5 para concluir que existe al menos una correlacion moderada o fuerte entre las variables.

Se realiza una matriz de varianzas y covarianzas.

```
Covarianza <- cov(V.Cuantitativas)
knitr::kable(Covarianza)
```

	Edad	PresArtRep	Colesterol	FCardiaca	ST
Edad	81.69742	45.328678	97.787489	-81.423065	2.138850
PresArtRep	45.32868	309.751120	118.573340	-18.258005	3.865638
Colesterol	97.78749	118.573340	2680.849190	-4.064652	2.799282
FCardiaca	-81.42307	-18.258005	-4.064652	523.265775	-9.112209
ST	2.13885	3.865638	2.799282	-9.112209	1.348095

Se realiza la comprobacion de que las variables sean independientes.

```
chi <- chisq.test(table(Datos$FCardiaca,
                        Datos$Colesterol))
```

```
Warning in chisq.test(table(Datos$FCardiaca, Datos$Colesterol)): Chi-squared
approximation may be incorrect
```

Se realiza la matriz de diagramas de dispoersion.

```r
pairs(V.Cuantitativas[,1:5], pch = 19,  cex = 0.5,
      col = "Green",
            lower.panel=NULL)
```