

# SAP Projekt

Statistički Analizirani

2025-12-10

## Motivacija i opis problema

Moždani udar je hitno medicinsko stanje koje nastaje nakon poremećaja cirkulacije u mozgu. U Hrvatskoj je drugi najveći uzrok smrti te prvi najveći uzrok invaliditeta. Rizik od moždanog udara kod pojedine osobe može ovisiti o više faktora pa se u medicini koriste razni modeli za njegovu procjenu. Nije strana ni uporaba alata zasnovanih na umjernoj inteligenciji. Predikcija moždanog udara bitna je za pravovremenu identifikaciju rizika koje omogućava pravovremene mјere prevencije i osvještavanje populacije.

## Opis skupa podataka

Prikupljeni skup podataka sadrži kliničke podatke o pacijentima i informacije o moždanom udaru. Za svakog pacijenta navedena je vrijednost 12 značajki grupiranih u 4 kategorije: demografski podaci, zdravstveni podaci, fiziološki podaci i životne navike. Cilj je uočiti povezanost izmјerenih podataka i rizika od moždanog udara. Skup podataka sadržava 5,110 zapisa o pacijentima od kojih je njih 249 doživjelo moždani udar. Udio pacijenata koji su doživjeli moždani udar iznosi 4.87%

- id: jedinstveni identifikator pacijenta
- gender: spol pacijenta (Male, Female)
- age: dob pacijenta
- hypertension: oznaka koja daje informaciju o tome ima li pacijent visoki tlak (0, 1)
- heart\_disease: oznaka koja daje informaciju ima li pacijent neku srčanu bolest (0, 1)
- ever\_married: odgovara na pitanje je li pacijent ikad bio u braku (No, Yes) work\_type: tip zaposlenja (children, Govt\_job, Never\_worked, Private, Self-employed)
- Residence\_type: tip prebivališta u kojem živi pacijent (Rural, Urban)
- avg\_glucose\_lvl: prosječna razina glukoze u krvi (mg/dL)
- bmi: indeks tjelesne mase koji predstavlja odnos visine i težine pacijenta
- smoking\_status: opis pacijentovog odnosa s pušenjem cigareta (formerly smoked, never smoked, smokes, Unknown)
- stroke: oznaka koja daje informaciju je li pacijent doživio moždani udar (0, 1)

## Učitavanje i pregled podataka

```
data <- read.csv("data.csv")
head(data)
```

```
##      id gender age hypertension heart_disease ever_married    work_type
## 1  9046   Male  67              0              1        Yes      Private
## 2 51676 Female  61              0              0        Yes Self-employed
## 3 31112   Male  80              0              1        Yes      Private
```

```

## 4 60182 Female 49          0          0      Yes      Private
## 5 1665 Female 79          1          0      Yes Self-employed
## 6 56669  Male 81          0          0      Yes      Private
##   Residence_type avg_glucose_level bmi  smoking_status stroke
## 1       Urban           228.69 36.6 formerly smoked     1
## 2      Rural            202.21 N/A    never smoked     1
## 3      Rural            105.92 32.5    never smoked     1
## 4      Urban            171.23 34.4      smokes     1
## 5      Rural            174.12   24    never smoked     1
## 6      Urban            186.21   29 formerly smoked     1

str(data)

## 'data.frame': 5110 obs. of 12 variables:
## $ id          : int 9046 51676 31112 60182 1665 56669 53882 10434 27419 60491 ...
## $ gender      : chr "Male" "Female" "Male" "Female" ...
## $ age         : num 67 61 80 49 79 81 74 69 59 78 ...
## $ hypertension: int 0 0 0 0 1 0 1 0 0 0 ...
## $ heart_disease: int 1 0 1 0 0 0 1 0 0 0 ...
## $ ever_married: chr "Yes" "Yes" "Yes" "Yes" ...
## $ work_type   : chr "Private" "Self-employed" "Private" "Private" ...
## $ Residence_type: chr "Urban" "Rural" "Rural" "Urban" ...
## $ avg_glucose_level: num 229 202 106 171 174 ...
## $ bmi         : chr "36.6" "N/A" "32.5" "34.4" ...
## $ smoking_status: chr "formerly smoked" "never smoked" "never smoked" "smokes" ...
## $ stroke      : int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...

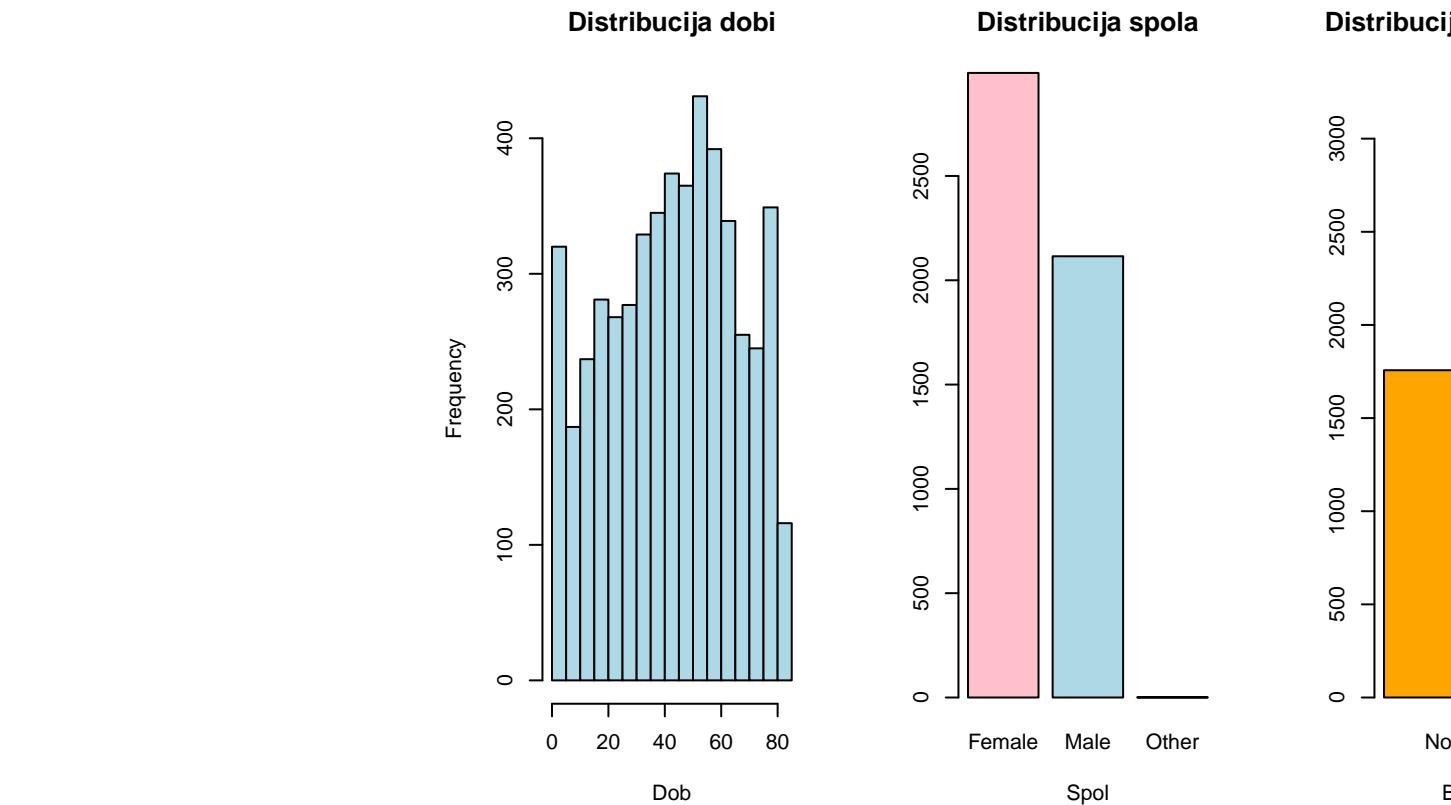
```

Iz generiranih prikaza moguće je vidjeti neke od vrijednosti koje poprimaju pojedini atributi vezani uz pacijenta, ali i tip podataka koji prikazuju. Primjetljivo je kako se atribut bmi vodi kao niz znakova iako semantički predstavlja decimalni broj. Pri izradi dijagrama i u budućim računima potrebno je pripaziti da se bmi ne prikaže kao kategorični atribut.

```

par(mfrow = c(1,3))
hist(data$age , main = "Distribucija dobi", xlab = "Dob", col = "lightblue", border = "black")
barplot(table(data$gender), main = "Distribucija spola", xlab = "Spol", col = c("pink","lightblue","black"))
barplot(table(data$ever_married), main = "Distribucija bracnog statusa", xlab = "Bracni status", col = c("pink","lightblue","black"))

```



Prikaz demografskih podataka

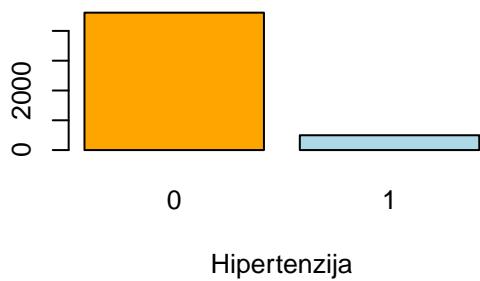
**Prikaz zdravstvenih podataka** Kao što je prethodno navedeno, potrebno je pripremiti atribut bmi.

```
bmi<-data$bmi

bmi[bmi == "N/A"] <- NA
bmi <- as.numeric(bmi)

par(mfrow = c(2,2))
barplot(table(data$hypertension), main = "Distribucija hipertenzije", xlab = "Hipertenzija", col = c("orange","lightblue"))
barplot(table(data$heart_disease), main = "Distribucija srcanih bolesti", xlab = "Srcane bolesti", col = c("red","lightblue"))
hist(data$avg_glucose_level , main = "Distribucija kolicine glukoze u krvi", xlab = "Kolicina glukoze u krvi", col = "lightblue")
hist(bmi , main = "Distribucija indeksa BMI", xlab = "BMI", col = "lightblue", border = "black")
```

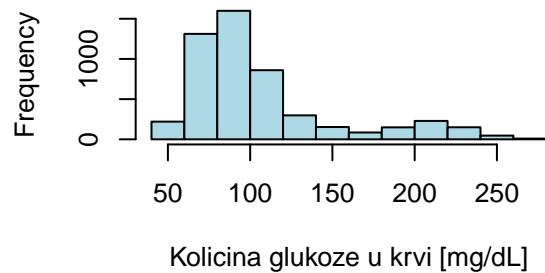
### Distribucija hipertenzije



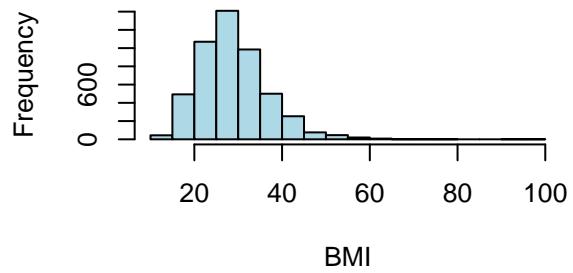
### Distribucija srcanih bolesti



### Distribucija kolicine glukoze u krvi

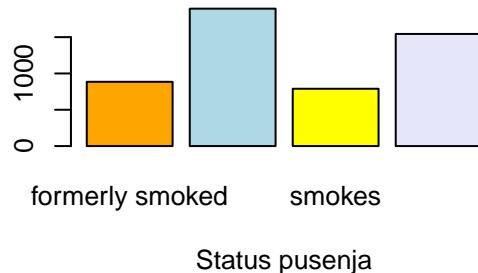


### Distribucija indeksa BMI

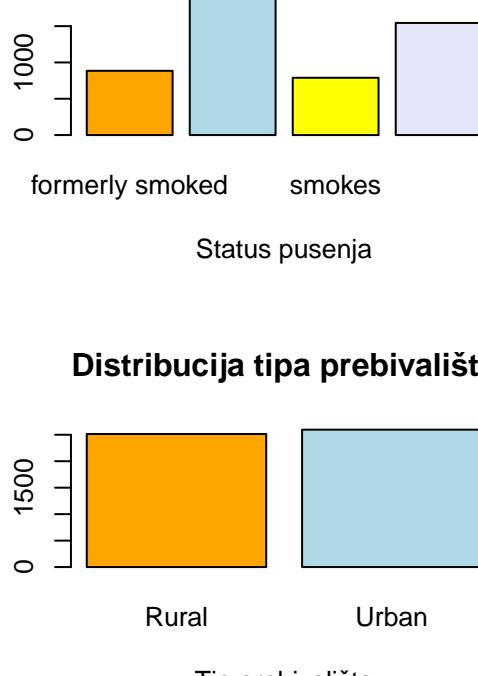


```
par(mfrow = c(2,2))
barplot(table(data$smoking_status), main = "Distribucija statusa pusenja", xlab = "Status pusenja", col = c("orange", "lightblue"))
barplot(table(data$work_type), main = "Distribucija tipa zaposlenja", xlab = "Tip zaposlenja", col = c("orange", "lightblue"))
barplot(table(data$Residence_type), main = "Distribucija tipa prebivališta", xlab = "Tip prebivališta", col = c("orange", "lightblue"))
```

### Distribucija statusa pusenja



### Distribucija tipa prebivališta



#### Prikaz podataka o životnim navikama

Postoji li statistički značajna razlika u prosječnoj razini glukoze između pacijenata sa i bez moždanog udara?

```
data_stroke <- data[data$stroke == 1, ]$avg_glucose_level
data_no_stroke <- data[data$stroke == 0, ]$avg_glucose_level
summary(data_stroke)

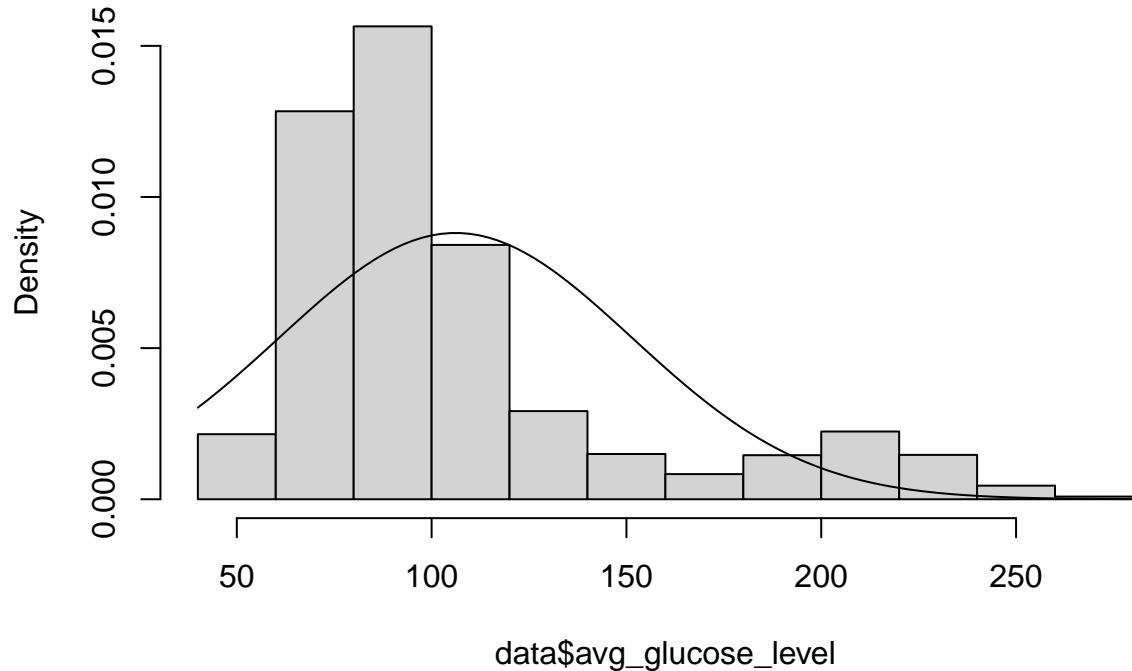
##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
##    56.11    79.79  105.22   132.54  196.71   271.74

summary(data_no_stroke)

##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
##    55.12    77.12   91.47   104.80  112.83   267.76

hist(data$avg_glucose_level, freq = FALSE)
curve(dnorm(x, mean(data$avg_glucose_level), sd(data$avg_glucose_level)), add = TRUE)
```

## Histogram of data\$avg\_glucose\_level



```
set.seed(67)

B <- 10000

boot_diff <- numeric(B)

for (i in 1:B) {
  boot_data_stroke <- sample(data_stroke, replace = TRUE)
  boot_data_no_stroke <- sample(data_no_stroke, replace = TRUE)
  boot_diff[i] <- mean(boot_data_stroke) - mean(boot_data_no_stroke)
}

# Observed mean difference
obs_diff <- mean(data_stroke) - mean(data_no_stroke)

# 95% bootstrap confidence interval
ci <- quantile(boot_diff, c(0.025, 0.975))

list(
  observed_mean_difference = obs_diff,
  ci_95 = ci
)

## $observed_mean_difference
## [1] 27.74923
##
```

```
## $ci_95  
##      2.5%    97.5%  
## 19.94809 35.74191
```