

BAC AGUDA

CASAS RUIZ CARO, JHAHANDRA JIMENA
ROJAS ONTON , CHRISTIAN ADRIAN
RAGAS ASENJO, SERGIO HENRY
ROBLES SEVILLANO, STEFANNY LILIANA
SAICO ACHAMIZO, KAREN ANDREA

Instalar y cargar los paquetes

```
{r}
install.packages("mice")
install.packages("ggmice")
install.packages("gtsummary")
install.packages("rio")
install.packages("here")
```

trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-arm64/contrib/4.4/mice_3.18.0.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 1814082 bytes (1.7 MB)
=====

downloaded 1.7 MB

The downloaded binary packages are in
/var/folders/k6/yq3v17l94cj1d5_pvf9_d18r0000gn/T//Rtmp2Ae8e downloaded_packages
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-arm64/contrib/4.4/ggmice_0.1.0.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 1659007 bytes (1.6 MB)
=====

downloaded 1.6 MB

The downloaded binary packages are in
/var/folders/k6/yq3v17l94cj1d5_pvf9_d18r0000gn/T//Rtmp2Ae8e downloaded_packages
Error in install.packages : Updating loaded packages
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-arm64/contrib/4.4/rio_1.2.3.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 614951 bytes (600 KB)
=====

downloaded 600 KB

The downloaded binary packages are in
/var/folders/k6/yq3v17l94cj1d5_pvf9_d18r0000gn/T//Rtmp2Ae8e downloaded_packages

Chunk 27 Quarto

```

{r}
library(mice)
library(tidyverse)
library(here)
library(rio)
library(ggmice)
library(gtsummary)

Attaching package: 'mice'

The following object is masked from 'package:stats':
  filter

The following objects are masked from 'package:base':
  cbind, rbind

— Attaching core tidyverse packages
tidyverse 2.0.0 —
✓ dplyr    1.1.4    ✓ readr    2.1.5
✓forcats  1.0.0    ✓ stringr  1.5.1
✓ ggplot2  3.5.2    ✓ tibble   3.2.1
✓ lubridate 1.9.4    ✓ tidyr    1.3.1
✓ purrr    1.0.4    — Conflicts

tidyverse_conflicts() —
✖ dplyr::filter() masks mice::filter(), stats::filter()
✖ dplyr::lag()   masks stats::lag()
ℹ Use the conflicted package to force all conflicts to become errors
here() starts at
/Users/christianrojas/Downloads
Some optional R packages were not installed and therefore some file formats are not supported.
Check file support with show_unsupported_formats()

Attaching package: 'namice'

```

Chunk 27

Quarto

Importar la base de datos

```
{r}
df <- import("bac_aguda.csv")
```

```
{r}
head(df)
```

Description: df [6 × 22]

numero_c...	a.	mes	e...	raza	sexo	leucocitos_sangre
<int>	<in	<fctr>	<dbl>	<fctr>	<fctr>	<dbl>
1	1	7... Enero	4.0	Ne...	2	6.5
2	2	7... Diciembre	1.0	Ne...	Femen...	3.7
3	3	7... Marzo	0.8	Ne...	Femen...	NA
4	4	7... Agosto	5...	Ne...	Femen...	7.5
5	5	N.. NA	NA	NA	NA	NA
6	6	N.. NA	NA	NA	NA	NA

6 rows | 1–8 of 22 columns

Instalar y carga...
Importar la bas...
Corregir variab...
Convertir varia...
Seleccionar var...
(Untitled)

Corregir variable dependiente (binaria)

```
{r}
df$meningitis_bacteriana_aguda <- case_when(
  df$meningitis_bacteriana_aguda == "Presente" ~ 1,
  df$meningitis_bacteriana_aguda == "Ausente" ~ 0,
  TRUE ~ NA_real_
)
```

Chunk 27

Quarto

Corregir variable dependiente (binaria)

```
{r}
df$meningitis_bacteriana_aguda <- case_when(
  df$meningitis_bacteriana_aguda == "Presente" ~ 1,
  df$meningitis_bacteriana_aguda == "Ausente" ~ 0,
  TRUE ~ NA_real_
)
```

Convertir variables categóricas a factor

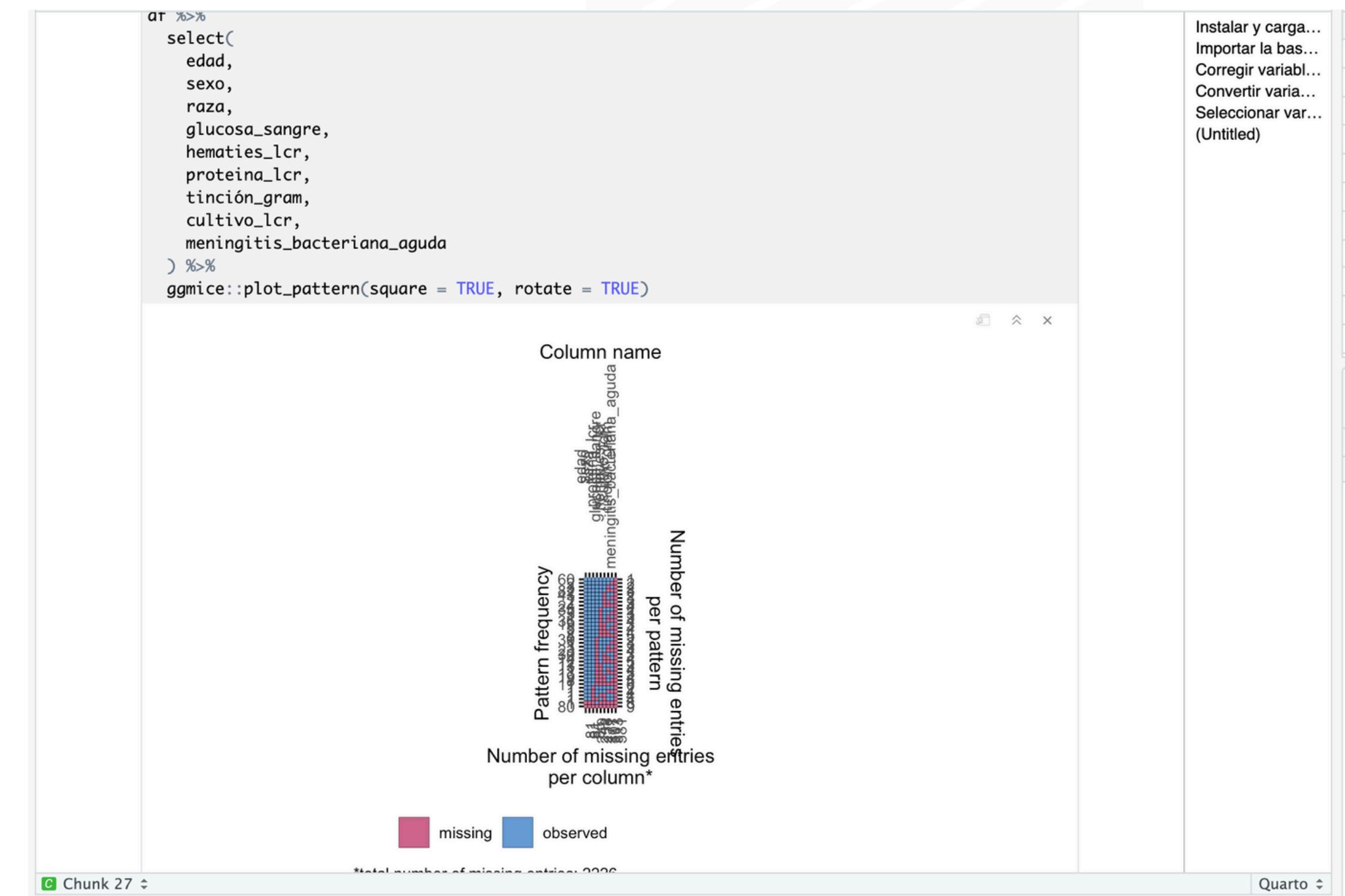
```
{r}
df$raza <- as.factor(df$raza)
df$sexo <- as.factor(df$sexo)
df$mes <- as.factor(df$mes)
df$conjunto <- as.factor(df$conjunto)
```

▼ {r}

```
colSums(is.na(df))
```

	numero_caso	año	mes
edad	0	72	81
81			
raza		sexo	leucocitos_sangre
neutrofilos_sangre_pct	85	81	141
146			
células_banda_sangre_pct		glucosa_sangre	glucosa_lcr
proteína_lcr	153	258	129
249			
hematies_lcr		leucocitos_lcr	neutrofilos_lcr_pct
linfocitos_lcr_pct			

Chunk 27 Quarto



```

{r}
df_imp <- df %>% select(numero_caso, conjunto, año, raza, hematies_lcr,
meningitis_bacteriana_aguda)

{r}
tabla_glucosa <- df %>%
  select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre,
    hematies_lcr,
    proteina_lcr,
    meningitis_bacteriana_aguda
  ) %>%
  mutate(missing = factor(
    is.na(glucosa_sangre),
    levels = c(FALSE, TRUE),
    labels = c("Sin valores perdidos", "Con valores perdidos")
  )) %>%
 tbl_summary(
  by = missing,
  statistic = list(
    all_continuous() ~ "{mean} ({sd})",
    all_categorical() ~ "{n} ({p}{%})"
  ) %>%
  modify_header(label = "***Variable***",
                all_stat_cols() ~ "**{level}**<br>N = {n} ({style_percent(p, digits=1)}%)") %>%
  modify_caption("Características según si falta glucosa_sangre") %>%
  bold_labels()

tabla_hematies <- df %>%
  select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre
  )

```

Chunk 27 Quarto

```
{r}
tabla
```

Características según si falta glucosa_sangre				
Variable	Glucosa sangre		Hemacias LCR	
	Sin valores perdidos N = 323 (55.6%) ¹	Con valores perdidos N = 258 (44.4%) ¹	Sin valores perdidos N = 310 (53.4%) ¹	Con valores perdidos N = 271 (46.6%) ¹
edad	15 (20)	11 (18)	16 (21)	10 (17)
Unknown	0	81	0	81
sexo				
2	144 (45%)	77 (44%)	142 (46%)	79 (42%)
Femenino	179 (55%)	100 (56%)	168 (54%)	111 (58%)
Unknown	0	81	0	81
raza				

- Instalar y carga...
- Importar la bas...
- Corregir variabl...
- Convertir varia...
- Seleccionar var...

(Untitled)

```
{r}
input_data <- df %>%
  dplyr::select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre,
```

Chunk 27
Quarto

The screenshot shows a RStudio interface with three code chunks and their corresponding outputs.

Top Chunk:

```
{r}
input_data <- df %>%
  dplyr::select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre,
    proteina_lcr,
    hematies_lcr,
    meningitis_bacteriana_aguda
  ) %>%
  mutate(meningitis_bacteriana_aguda = as.factor(meningitis_bacteriana_aguda))
```

Middle Chunk:

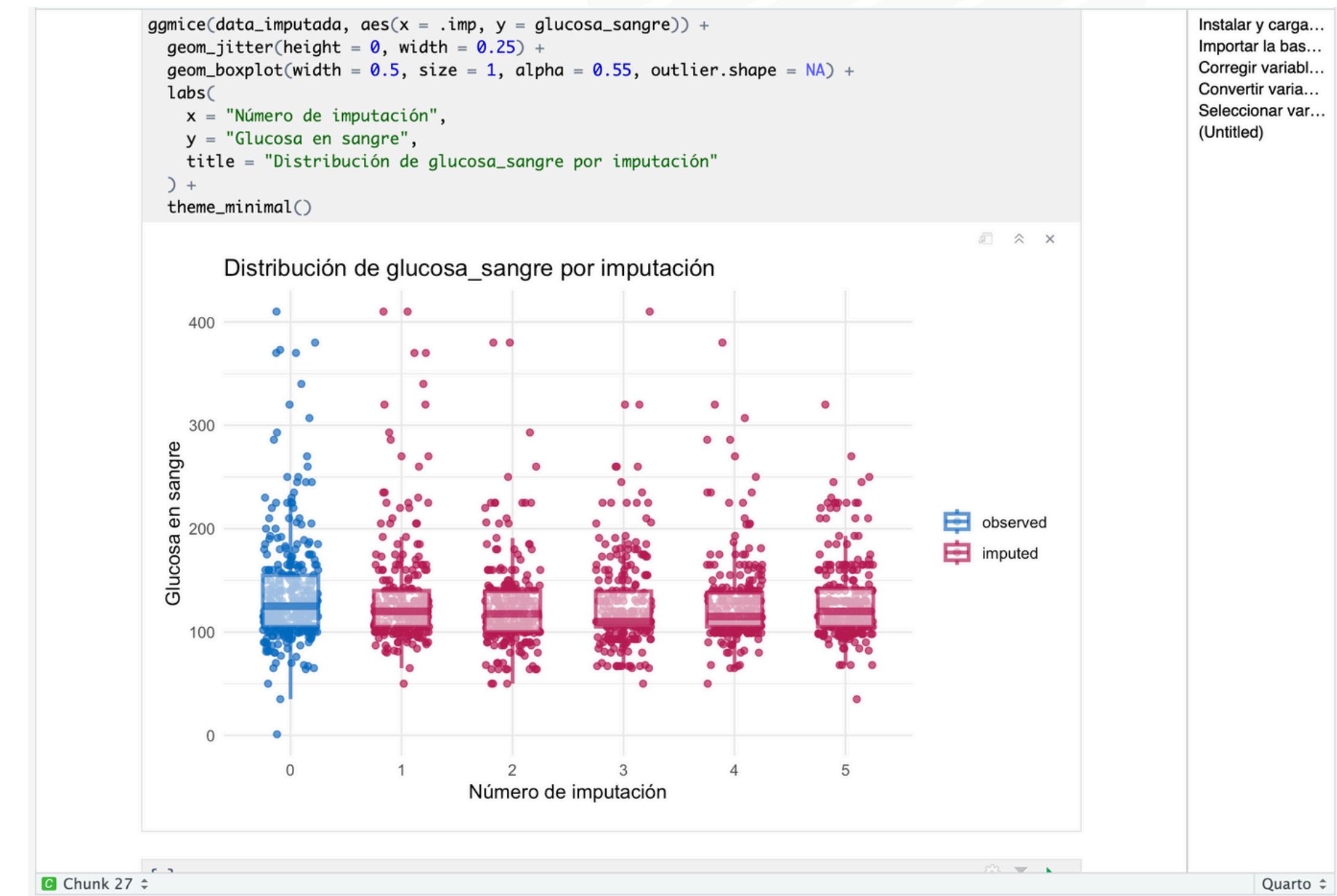
```
{r}
names(input_data)
```

[1]	"edad"	"sexo"	"raza"
[5]	"glucosa_sangre"		
	"proteina_lcr"	"hematies_lcr"	"meningitis_bacteriana_aguda"

Bottom Chunk:

```
{r}
input_data <- df %>%
  select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre,
    proteina_lcr,
    hematies_lcr,
    meningitis_bacteriana_aguda
  ) %>%
  mutate(meningitis_bacteriana_aguda = as.factor(meningitis_bacteriana_aguda))
```

At the bottom of the interface, there are two tabs: "Chunk 27" and "Quarto".



```
{r}
input_data <- df %>%
  select(
    edad,
    sexo,
    raza,
    glucosa_sangre,
    proteina_lcr,
    hematies_lcr,
    meningitis_bacteriana_aguda
  ) %>%
  mutate(meningitis_bacteriana_aguda = as.factor(meningitis_bacteriana_aguda))
```

```
{r}
input_data
```

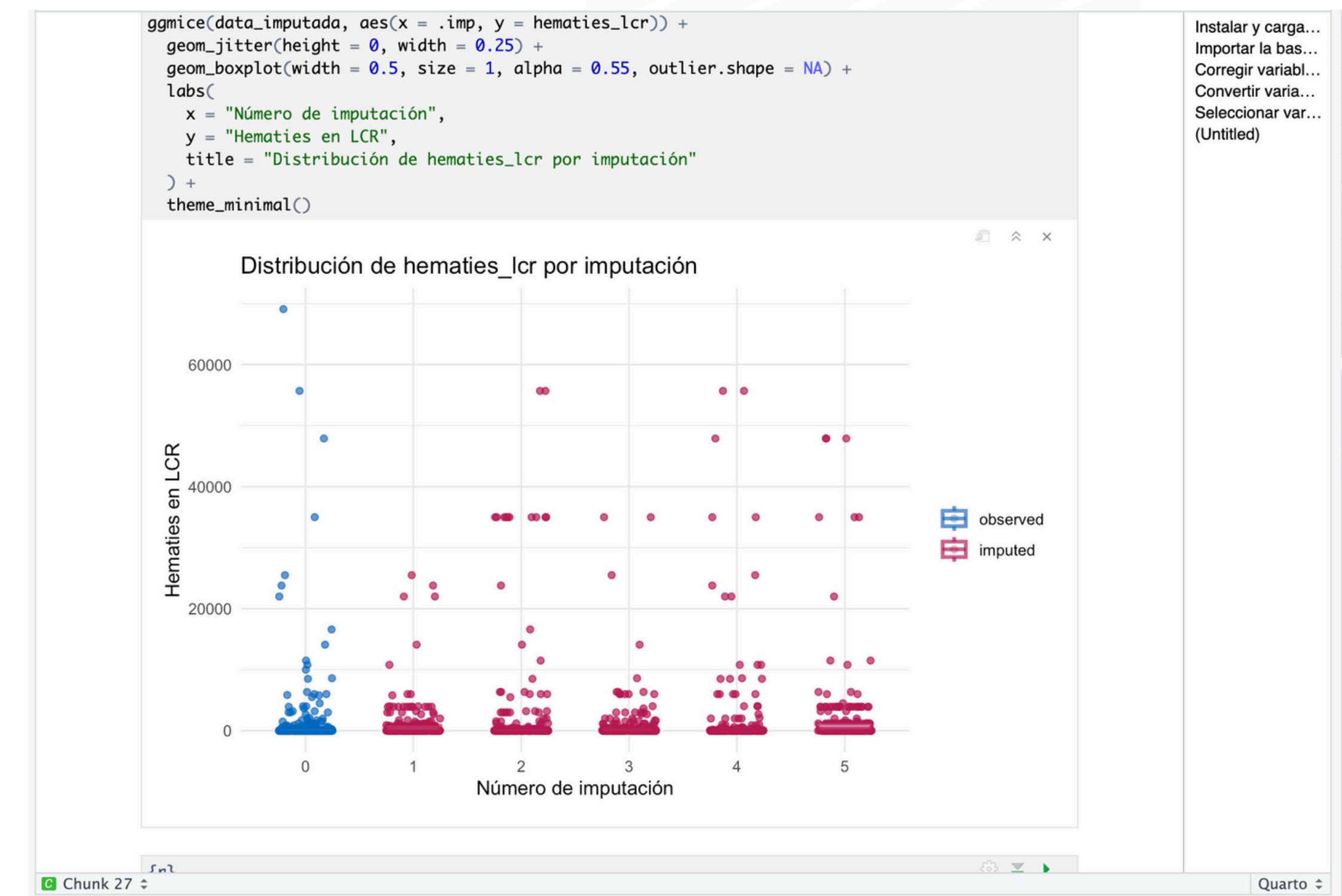
Description: df [581 x 7]

	edad <dbl>	sexo <fctr>	raza <fctr>	glucosa_sangre <int>	proteina_lcr <int>	hematies_lcr <int>
1	4.000000000	2	Negro	165	304	440
2	1.000000000	Femen...	Negro	150	NA	450
3	0.799999995	Femen...	Negro	183	NA	0
4	54.00000...	Femen...	Negro	NA	43	27
5	NA	NA	NA	NA	NA	NA
6	NA	NA	NA	NA	NA	NA
7	0.500000000	Femen...	Negro	NA	NA	NA
8	0.099999996	Femen...	Negro	95	NA	NA
9	NA	NA	NA	NA	NA	NA
1...	11.00000...	2	Bla...	NA	175	NA

1-10 of 581 rows | 1-7 of 7 columns Previous 1 2 3 4 5 6 ... 59 Next

Chunk 27

Quarto



```

prop <- prop.table(tabla, margin = 2)

# Convertir a data frame para mejor visualización
prop_df <- as.data.frame(prop)

# Agregar columna con porcentaje redondeado
prop_df$porcentaje <- round(prop_df$Freq * 100, 2)

# Mostrar resultados
print(prop_df)

```

Description: df [0 x 3]

0 rows

```

{r}
data_imputada_l <- data_imputada_l %>%
  mutate(imputed = .imp > 0,
         imputed = factor(imputed,
                           levels = c(FALSE, TRUE),
                           labels = c("Observado", "Imputado")))

# Tabla con proporciones (formato matriz)
prop.table(table(data_imputada_l$meningitis_bacteriana_aguda,
                 data_imputada_l$imputed),
           margin = 2)

```

Observado Imputado

```

{r}
# Ver niveles de sexo
table(data_imputada_l$sexo, useNA = "ifany")

```

Chunk 27

Quarto

```
table(data_imputada_l$sexo, useNA = "ifany")
# Ver niveles de raza
table(data_imputada_l$raza, useNA = "ifany")
```

2 Femenino	
1300	1605

Blanco	Negro
1216	1689

```
{r}
data_imputada_l <- data_imputada_l %>%
  mutate(
    sexo = factor(sexo),
    raza = factor(raza)
  )
```

```
{r}
library(dplyr)
library(gtsummary)

# Verificar niveles de variables categóricas
table(data_imputada_l$sexo, useNA = "ifany")
table(data_imputada_l$raza, useNA = "ifany")

# Convertir a factores solo si tienen más de un nivel
data_imputada_l <- data_imputada_l %>%
  mutate(
    sexo = factor(sexo),
    raza = factor(raza)
  )
```

Chunk 27 ▾ Quarto ▾

```
# Mostrar tabla
tabla_multi
```

	2 Femenino	
1300	1605	
Blanco	Negro	
1216	1689	

Error in model.matrix.default(mt, mf, contrasts) :
 variable 1 has no levels

Instalar y carga...
 Importar la bas...
 Corregir variabl...
 Convertir varia...
 Seleccionar var...
 (Untitled)

```
{r}
tabla_multi
```

Characteristic	OR ajustado	95% CI	p valor
Raza	—	—	—
Blanco	—	—	—
Negro	0.96	0.64, 1.43	0.8
Hematies en LCR	1.00	1.00, 1.00	0.7
Año	0.93	0.88, 0.99	0.028

Abbreviations: CI = Confidence Interval, OR = Odds Ratio

Chunk 27
Quarto

RESULTADOS:

En el modelo de regresión logística múltiple para predecir meningitis bacteriana aguda, se incluyeron como predictores: raza, hematíes en LCR y año.

Variable	OR ajustado	IC 95%	p valor
Raza			
- Negro (vs Blanco)	96	0.64 – 1.43	80
Hematíes en LCR	100	1.00 – 1.00	70
Año	93	0.88 – 0.99	28

Conclusión:

En este modelo, la variable “año” fue el único predictor significativamente asociado con el diagnóstico de meningitis bacteriana aguda ($p = 0.028$). El OR ajustado de 0.93 (IC 95%: 0.88–0.99) indica que, por cada año adicional, la probabilidad de presentar meningitis bacteriana aguda disminuye en un 7%, lo que podría sugerir una reducción en los casos a lo largo del tiempo. Por otro lado, ni la raza ni los hematíes en LCR mostraron asociaciones estadísticamente significativas con el desenlace ($p > 0.05$), aunque podrían explorarse en modelos ampliados o estratificados si hay interés clínico.

**Muchas
Gracias**