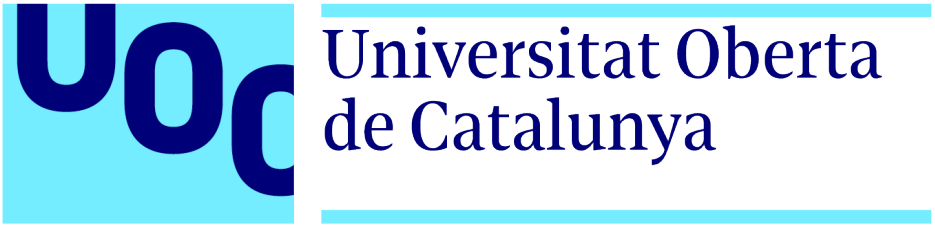


M2.851 Tipología y ciclo de vida de los datos (aula 2)

Semestre 2022.2, PRA 02

Angel A. Urbina & Almudena Caballero Manzanas

6 de junio 2022

Contribuciones Proyecto

Contribuciones	Firma	(Si/No)
Investigación previa	Almudena Caballero	SI
Investigación previa	Angel A. Urbina	SI
Redacción de las respuestas	Almudena Caballero	SI
Redacción de las respuestas	Angel A. Urbina	SI
Desarrollo código	Almudena Caballero	SI
Desarrollo código	Angel A. Urbina	SI

Carga de Librerias

Descarga datos desde GitHub

```
# Directorio de trabajo actual
Directorio <- getwd()

# Lectura de Datos
library(readr)
heart<-read.csv("https://raw.githubusercontent.com/UOCACM/PAC2/main/DATASET/heart.csv")

# Visualización Datos descargados
kable(head(heart, 3)) %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

age	sex	cp	trestbps	chol	fbs	restecg	thalach	exang	oldpeak	slope	ca	thal	target
63	1	3	145	233	1	0	150	0	2.3	0	0	1	1
37	1	2	130	250	0	1	187	0	3.5	0	0	2	1
41	0	1	130	204	0	0	172	0	1.4	2	0	2	1

Práctica 2 (25% nota final)

Presentación

En esta práctica se elabora un caso práctico orientado a aprender a identificar los datos relevantes para un proyecto analítico y usar las herramientas de integración, limpieza, validación y análisis de las mismas.

Para hacer esta práctica tendréis que trabajar en grupos de 2 personas. Tendréis que entregar un solo archivo con el enlace al repositorio Git donde se encuentren las soluciones, incluyendo los nombres de los componentes del equipo. Podéis utilizar la Wiki de Github para describir vuestro equipo y los diferentes archivos que corresponden a vuestra entrega. Cada miembro del equipo tendrá que contribuir con su usuario Github.

Aunque no se trata del mismo enunciado ni de soluciones que obtuvieron la máxima nota, los siguientes ejemplos de ediciones anteriores os pueden servir como guía:

- Ejemplo: https://github.com/Bengis/nba-gap-cleaning
- Ejemplo complejo (archivo adjunto).

Además, se debe entregar un vídeo explicativo de la práctica, donde ambos integrantes del equipo expliquen con sus propias palabras el desarrollo de la práctica, basándose en las preguntas del enunciado para justificar y explicar el código desarrollado. Este vídeo se deberá entregar a través de un enlace a Google Drive que se deberá proporcionar junto con enlace al repositorio Git.

Competencias

En esta práctica se desarrollan las siguientes competencias del Máster de Data Science:

- Capacidad de analizar un problema en el nivel de abstracción adecuado a cada situación y aplicar las habilidades y conocimientos adquiridos para abordarlo y resolverlo.
- Capacidad para aplicar las técnicas específicas de tratamiento de datos (integración, transformación, limpieza y validación) para su posterior análisis.

Objetivos

Los objetivos concretos de esta práctica son:

- Aprender a aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios o multidisciplinares.
- Saber identificar los datos relevantes y los tratamientos necesarios (integración, limpieza y validación) para llevar a cabo un proyecto analítico.
- Aprender a analizar los datos adecuadamente para abordar la información contenida en los datos.

- Identificar la mejor representación de los resultados para aportar conclusiones sobre el problema planteado en el proceso analítico.
- Actuar con los principios éticos y legales relacionados con la manipulación de datos en función del ámbito de aplicación.
- Desarrollar las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que tendrá que ser en gran medida autodirigido o autónomo.
- Desarrollar la capacidad de búsqueda, gestión y uso de información y recursos en el ámbito de la ciencia de datos.

Descripción de la Práctica a realizar

El objetivo de esta actividad será el tratamiento de un dataset, que puede ser el creado en la práctica 1 o bien cualquier dataset libre disponible en Kaggle (https://www.kaggle.com).

Algunos ejemplos de dataset con los que podéis trabajar son:

- Red Wine Quality (https://www.kaggle.com/uciml/red-wine-quality-cortez-et-al-2009)
- Titanic: Machine Learning from Disaster (https://www.kaggle.com/c/titanic)

El último ejemplo corresponde a una competición activa de Kaggle de manera que, opcionalmente, podéis aprovechar el trabajo realizado durante la práctica para entrar en esta competición.

Importante: si se elige un dataset diferente de los propuestos es importante que este contenga una amplia variedad de datos numéricos y categóricos para poder realizar un análisis más rico y poder responder a las diferentes preguntas planteadas en el enunciado de la práctica.

Siguiendo las principales etapas de un proyecto analítico, las diferentes tareas a realizar (y justificar) son las siguientes:

1. Descripción del dataset. (Puntuación 0.5 ptos)

Verificamos la estructura del juego de datos principal. Vemos el número de columnas que tenemos y ejemplos de los contenidos de las filas, así como un primer análisis de los valores (mínimo, máximo, media, mediana, ...) de cada una de las variables.

```
# Estructura de los datos
structure <- str(heart)
```

```
## 'data.frame':    303 obs. of  14 variables:
##  $ age     : int  63 37 41 56 57 57 56 44 52 57 ...
##  $ sex     : int  1 1 0 1 0 1 0 1 1 1 ...
##  $ cp      : int  3 2 1 1 0 0 1 1 2 2 ...
##  $ trestbps: int  145 130 130 120 120 140 140 120 172 150 ...
##  $ chol    : int  233 250 204 236 354 192 294 263 199 168 ...
##  $ fbs     : int  1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 ...
##  $ restecg : int  0 1 0 1 1 1 0 1 1 1 ...
##  $ thalach : int  150 187 172 178 163 148 153 173 162 174 ...
##  $ exang   : int  0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 ...
##  $ oldpeak : num  2.3 3.5 1.4 0.8 0.6 0.4 1.3 0 0.5 1.6 ...
##  $ slope   : int  0 0 2 2 2 1 1 2 2 2 ...
```

```
##  $ ca      : int  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
##  $ thal    : int  1 2 2 2 2 1 2 3 3 2 ...
##  $ target  : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Tipos de Datos

```
sapply(heart, class)
```

```
##       age       sex        cp  trestbps      chol       fbs   restecg   thalach
## "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer"
##     exang   oldpeak     slope        ca      thal    target
## "integer" "numeric" "integer" "integer" "integer" "integer"
```

Resumen estadistico Datos

```
summary(heart)
```

```
##       age             sex               cp           trestbps
##  Min.   :29.00   Min.   :0.0000   Min.   :0.000   Min.   : 94.0
##  1st Qu.:47.50   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.000   1st Qu.:120.0
##  Median :55.00   Median :1.0000   Median :1.000   Median :130.0
##  Mean   :54.37   Mean   :0.6832   Mean   :0.967   Mean   :131.6
##  3rd Qu.:61.00   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:2.000   3rd Qu.:140.0
##  Max.   :77.00   Max.   :1.0000   Max.   :3.000   Max.   :200.0
##       chol            fbs            restecg          thalach
##  Min.   :126.0   Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   : 71.0
##  1st Qu.:211.0   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:133.5
##  Median :240.0   Median :0.0000   Median :1.0000   Median :153.0
##  Mean   :246.3   Mean   :0.1485   Mean   :0.5281   Mean   :149.6
##  3rd Qu.:274.5   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:166.0
##  Max.   :564.0   Max.   :1.0000   Max.   :2.0000   Max.   :202.0
##      exang           oldpeak         slope             ca
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.00   Min.   :0.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.00   1st Qu.:1.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :0.0000   Median :0.80   Median :1.000   Median :0.0000
##  Mean   :0.3267   Mean   :1.04   Mean   :1.399   Mean   :0.7294
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.60   3rd Qu.:2.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :6.20   Max.   :2.000   Max.   :4.0000
##       thal           target
##  Min.   :0.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:2.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :2.000   Median :1.0000
##  Mean   :2.314   Mean   :0.5446
##  3rd Qu.:3.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :3.000   Max.   :1.0000
```

Tamaño Datos

```
dim(heart)
```

```
## [1] 303  14
```

Resumen Datos

Nuestro DataSet esta originalmente en:

https://www.kaggle.com/datasets/zhaoyingzhu/heartcsv

Son de caracter publico

Vemos que tenemos **14** variables y **303** registros

Revisamos la descripción de las variables contenidas en el fichero y si los tipos de variables se corresponden con las que hemos cargado. Las organizamos lógicamente para darles sentido y construimos un pequeño diccionario de datos utilizando la documentación auxiliar.

- **age** col_double(), [Edad Paciente]
- **sex** col_double(), [Sexo Paciente] 0 = female 1 = male
- **cp** col_double(), [Tipo de Dolor de Pecho] 1='typical angina' 2 = 'atypical angina' 3 = 'non-anginal pain' 4 = 'asymptomatic'
- **trestbps** col_double(), [resting_blood_pressure]
- **chol** col_double(), [cholesterol]
- **fbs** col_double(), [fasting_blood_sugar] 0='lower than 120mg/ml' 1='greater than 120mg/ml'
- **restecg** col_double(), [rest_ecg] 0 ='normal' 1 ='ST-T wave abnormality' 2 ='left ventiricular hypertrophy'
- **thalach** col_double(), [max_heart_rate_achieved]
- **exang** col_double(), [exercise_induced_angina] 0 = 'no' 1 = 'yes'
- **oldpeak** col_double(), [st_depression]
- **slope** col_double(), [st_slope] 1 = 'upsloping' 2 = 'flat' 3 = 'downsloping'
- **ca** col_double(), [num_major_vessels]
- **thal** col_double(), [thalassemia] 1 = 'normal' 2 = 'fixed defect' 3 = 'reversable defect'
- **target** col_double() [target] Yes No

Resumen DataSet

- **Numero de variables** 15
- **Numero de observaciones** 303
- **Celdas perdidas** 6 (0.1%)
- **Filas duplicadas** 0 (0.0%)

1.1.¿Por qué es importante y qué pregunta/problema pretende responder?

Este Data set recopila un conjunto de datos clinicos cuyo objetivo es permitir intentar identificar posibles factores que afectan a la presencia de infartos en personas.

Es importante ya que se trata de un conjunto de datos reales que nos permitir construir modelos para la predicción de este tipo de situaciones que son una de las causas mas frecuentes de fallecimientos en las personas.

2. Integración y selección de los datos de interés a analizar. (Puntuación 0.5 ptos)

Puede ser el resultado de adicionar diferentes datasets o una subselección útil de los datos originales, en base al objetivo que se quiera conseguir.

Procedemos a construir vectores que nos permitan mejorar la identificación de las variables

```
sex <- c('female',
         'male')
cp <- c('typical angina',
         'atypical angina',
         'non-anginal pain',
         'asymptomatic')
fbs <- c('lower than 120mg/ml',
         'greater than 120mg/ml')
rest_ecg <- c( 'normal',
               'ST-T wave abnormality',
               'left ventiricular hypertrophy')
exercise_induced_angina <- c( 'yes',
                              'no')
st_slope <- c('upsloping',
              'flat',
              'downsloping')
thalassemia <- c('normal',
                 'fixed defect',
                 'reversable defect')
infarto <- c('Yes',
             'No')
```

Construcción Dataset Factorizado

```
# Cambio valores
Heart_fact <- heart %>%
    mutate(sex = case_when(sex == 0 ~ 'female',
                           sex == 1  ~ 'male'),
          cp = case_when(cp == 0 ~ 'typical angina',
                         cp == 1 ~ 'atypical angina',
                         cp == 2 ~ 'non-anginal pain',
                         cp == 3 ~ 'asymptomatic'
                         ),
         fbs = case_when(fbs == 0 ~ 'lower than 120mg/ml',
                          fbs == 1 ~ 'greater than 120mg/ml'
                         ),
         restecg = case_when(restecg == 0 ~ 'normal',
                             restecg == 1 ~ 'ST-T wave abnormality',
                             restecg == 2 ~ 'left ventiricular hypertrophy'
           ),
         exang = case_when(exang == 0 ~ 'no',
                           exang == 1 ~ 'yes'
                         ),
```

age	sex	cp	trestbps	chol	fbs	restecg	thalach	exang
63	male	asymptomatic	145	233	greater than 120mg/ml	normal	150	no
37	male	non-anginal pain	130	250	lower than 120mg/ml	ST-T wave abnormality	187	no
41	female	atypical angina	130	204	lower than 120mg/ml	normal	172	no

```
         target = case_when(target == 0 ~ FALSE,
                            target == 1 ~ TRUE
                          ),
         slope = case_when(slope == 0 ~ 'upsloping',
                           slope == 1 ~ 'flat',
                           slope == 2 ~ 'downsloping'
                          ),
        ca = case_when(ca == 0 ~ '0',
                       ca == 1 ~ '1',
                       ca == 2 ~ '2',
                       ca == 3 ~ '3',
                       ca == 4 ~ '4'
                          ),
        thal = case_when(thal == 1 ~ 'normal',
                         thal == 2 ~ 'fixed defect',
                         thal == 3 ~ 'reversable defect',
                         thal == 0 ~ 'Sin Datos'
                        ))


# Factorización
Heart_fact <- Heart_fact %>%
  mutate(sex = relevel(as.factor(sex), 'female', 'male'),
         cp = relevel(as.factor(cp), 'typical angina', 'atypical angina', 'non-anginal pain', 'asymptoma
         fbs = relevel(as.factor(fbs), 'lower than 120mg/ml', 'greater than 120mg/ml'),
         restecg = relevel(as.factor(restecg), 'normal', 'ST-T wave abnormality', 'left ventiricular hyp
         exang = relevel(as.factor(exang), 'no', 'yes'),
         slope = relevel(as.factor(slope), 'upsloping', 'flat', 'downsloping'),
         thal = relevel(as.factor(thal), 'normal', 'fixed defect', 'reversable defect', 'Sin Datos'),
         ca = relevel(as.factor(ca), '0', '1', '2', '3', '4'),
         target= relevel(as.factor(target), TRUE, FALSE)
  )

# Visualización Primeros 3 datos de Heart_fact
kable(head(Heart_fact, 3)) %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

Grabacion Datos PREPROCESADOS

```
# Punto y coma como separador y coma como separador decimal sin indices
write.csv2(Heart_fact, "heart_PROCESADO.csv", row.names = FALSE)
```

	x
age	0
sex	0
cp	0
trestbps	0
chol	0
fbs	0
restecg	0
thalach	0
exang	0
oldpeak	0
slope	0
ca	0
thal	0
target	0

3. Limpieza de los datos. (Puntuación 2 ptos)

3.1. ¿Los datos contienen ceros o elementos vacíos?

Comprobacion presencia de NA

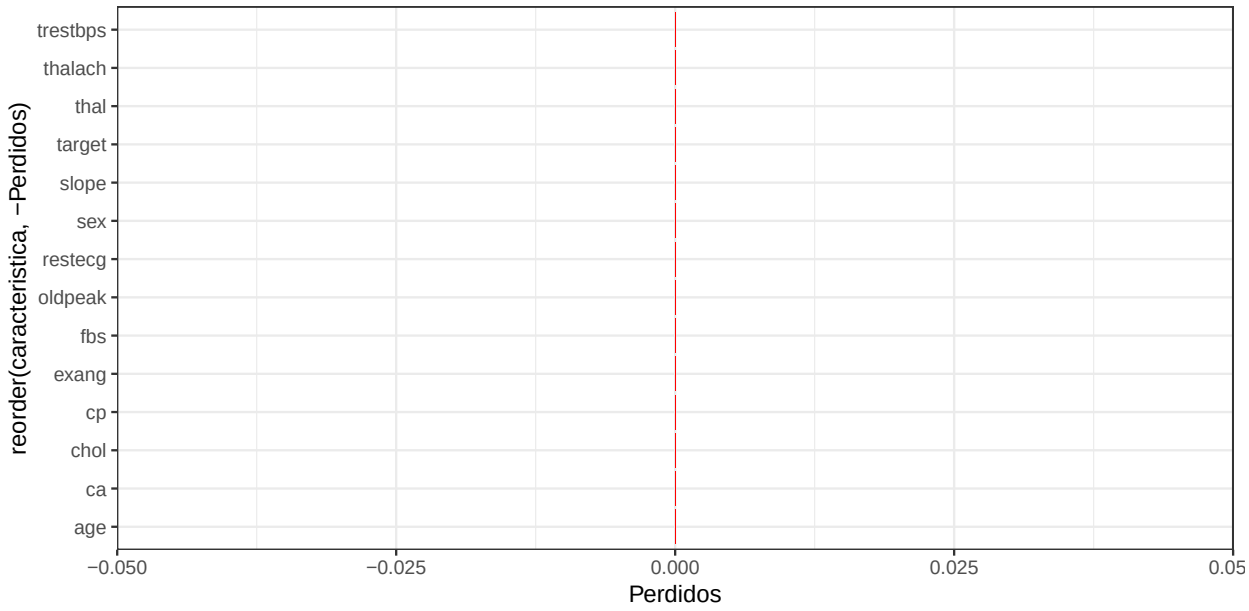
```
datosNA <- colSums(is.na(Heart_fact))

# Visualización Datos
kable(datosNA) %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

No hay valores NA

Tabla resumen Valores perdidos

```
missing_values <- Heart_fact %>% summarize_each(funs(sum(is.na(.))/n()))

missing_values <- gather(missing_values, key="caracteristica", value="Perdidos")
missing_values %>%
  ggplot(aes(x=reorder(caracteristica,-Perdidos),y=Perdidos)) +
  geom_bar(stat="identity",fill="red")+
  coord_flip()+theme_bw()
```

x
age
trestbps
chol
thalach
oldpeak



No hay valores perdidos

Gestiona cada uno de estos casos.

Se trata de una fuente de datos que no contiene valores NA ni valores perdidos ya que procede de datos de una investigacion clinica. (Asumimos que por tanto que a los valores publicados Kaggle que hemos cogido ya se han realizado los pasos indicados de limpieza)

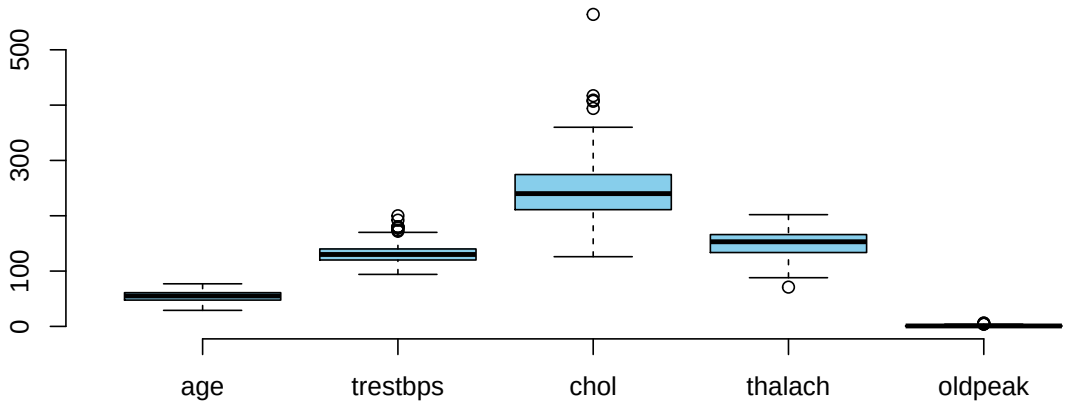
3.2. Identifica y gestiona los valores extremos.

Primero identificamos las columnas numericas

```
Numericos <- Heart_fact %>%
  dplyr::select(where(is.numeric))

# Visualización Nombre columnas
kable(names(Numericos)) %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

Dibujamos Boxplots

```
g_caja<-boxplot(Numericos, col="skyblue", frame.plot=F)
```



Identificacion valores extremos

Variable **Age**

```
out <- boxplot.stats(Numericos$age)$out
# valores
out
```

```
## integer(0)
```

```
out_ind <- which(Numericos$age %in% c(out))
# indices
out_ind
```

```
## integer(0)
```

No hay outliers de Age

Variable **trestbps**

```
out <- boxplot.stats(Numericos$trestbps)$out
# valores
out
```

```
## [1] 172 178 180 180 200 174 192 178 180
```

```
out_ind <- which(Numericos$trestbps %in% c(out))
# valores
out_ind
```

```
## [1]   9 102 111 204 224 242 249 261 267
```

Variable **chol**

```
out <- boxplot.stats(Numericos$chol)$out
# valores
out
```

```
## [1] 417 564 394 407 409
```

```
out_ind <- which(Numericos$chol %in% c(out))
# valores
out_ind
```

```
## [1]  29  86  97 221 247
```

Variable **thalach**

```
out <- boxplot.stats(Numericos$thalach)$out
# valores
out
```

```
## [1] 71
```

```
out_ind <- which(Numericos$thalach %in% c(out))
# valores
out_ind
```

```
## [1] 273
```

Variable **oldpeak**

```
out <- boxplot.stats(Numericos$oldpeak)$out
# valores
out
```

```
## [1] 4.2 6.2 5.6 4.2 4.4
```

```
out_ind <- which(Numericos$oldpeak %in% c(out))
# valores
out_ind
```

```
## [1] 102 205 222 251 292
```

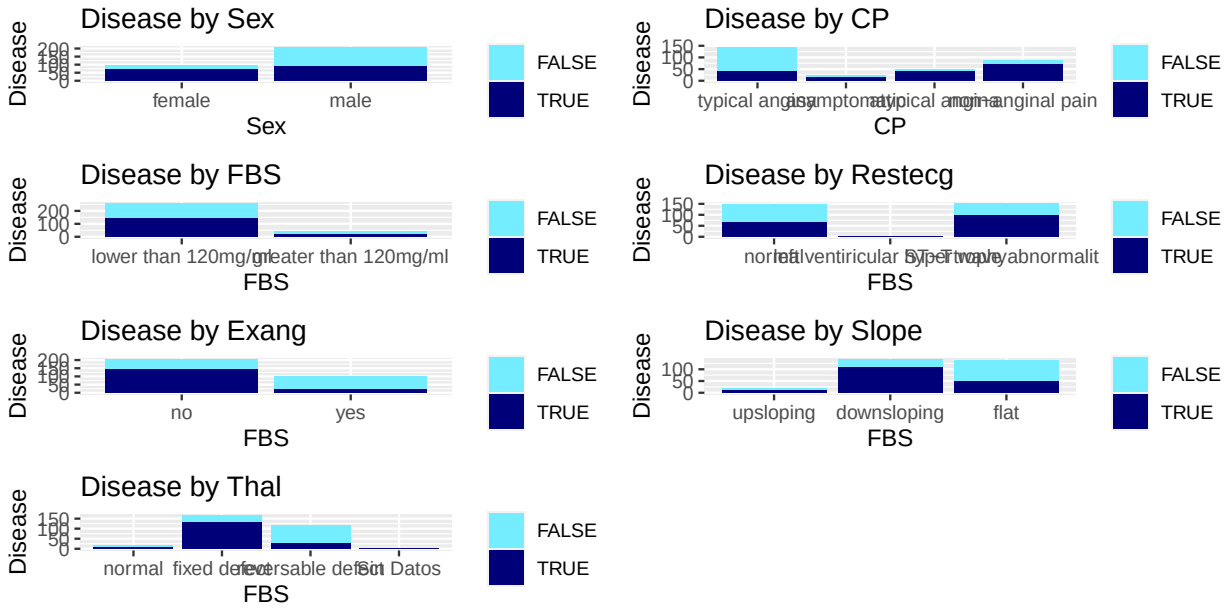
4. Análisis de los datos. (Puntuación 2.5 ptos)

4.1. Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar

(p. e., si se van a comparar grupos de datos, ¿cuáles son estos grupos y qué tipo de análisis se van a aplicar?)

Nuestro objetivo es determinar la probabilidad de sufrir una enfermedad cardiaca. Para ello, veamos en primer lugar, la relación de algunas de las variables con dicha probabilidad.

```
grid.newpage()

plotbySex<-ggplot(Heart_fact,aes(sex,fill=target))+geom_bar() +labs(x="Sex", y="Disease")+ guides(fill=g
plotbycp<-ggplot(Heart_fact,aes(cp,fill=target))+geom_bar() +labs(x="CP", y="Disease")+ guides(fill=gui
plotbyfbs<-ggplot(Heart_fact,aes(fbs,fill=target))+geom_bar() +labs(x="FBS", y="Disease")+ guides(fill=g
plotbyreste<-ggplot(Heart_fact,aes(restecg,fill=target))+geom_bar() +labs(x="FBS", y="Disease")+ guides
plotbyexang<-ggplot(Heart_fact,aes(exang,fill=target))+geom_bar() +labs(x="FBS", y="Disease")+ guides(f
plotbyrslope<-ggplot(Heart_fact,aes(slope,fill=target))+geom_bar() +labs(x="FBS", y="Disease")+ guides(
plotbythal<-ggplot(Heart_fact,aes(thal,fill=target))+geom_bar() +labs(x="FBS", y="Disease")+ guides(fil

grid.arrange(plotbySex,plotbycp,plotbyfbs,plotbyreste,plotbyexang,plotbyrslope,plotbythal,ncol=2)
```

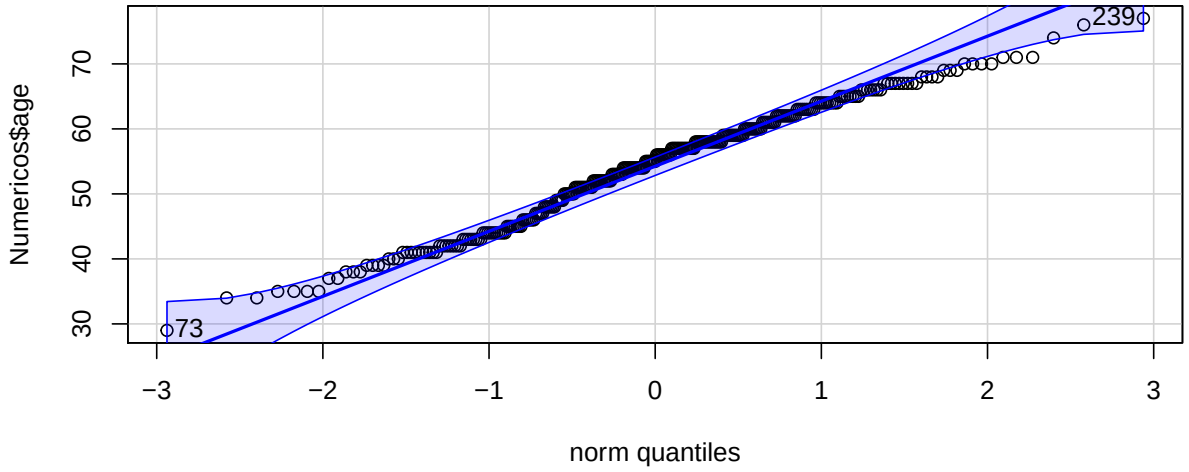


4.2. Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza.

Revisamos si las variables numéricas están normalizadas con el test de Shapiro-Wilk

Variable **age**

```
library(car)
qqPlot(Numericos$age)
```



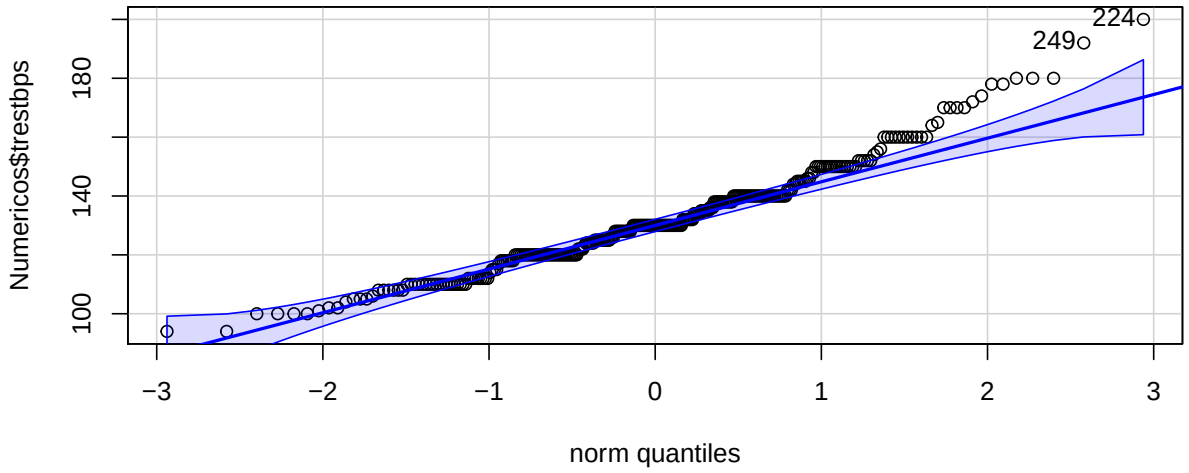

```
## [1]  73 239
```

```
shapiro.test(Numericos$age)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Numericos$age
## W = 0.98637, p-value = 0.005798
```

Variable **trestbps**

```
qqPlot(Numericos$trestbps)
```



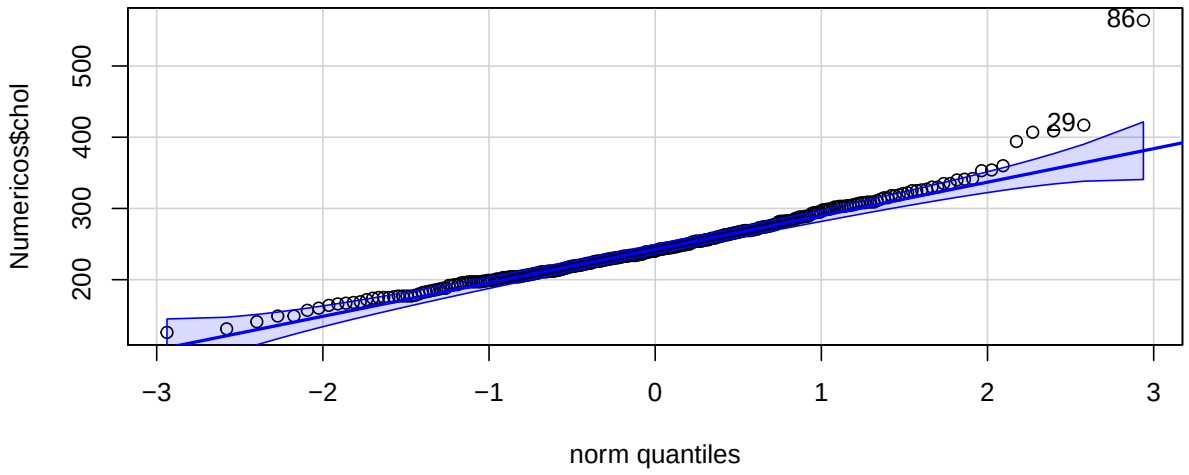
```
## [1] 224 249
```

```
shapiro.test(Numericos$trestbps)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Numericos$trestbps
## W = 0.96592, p-value = 1.458e-06
```

Variable **chol**

```
qqPlot(Numericos$chol)
```



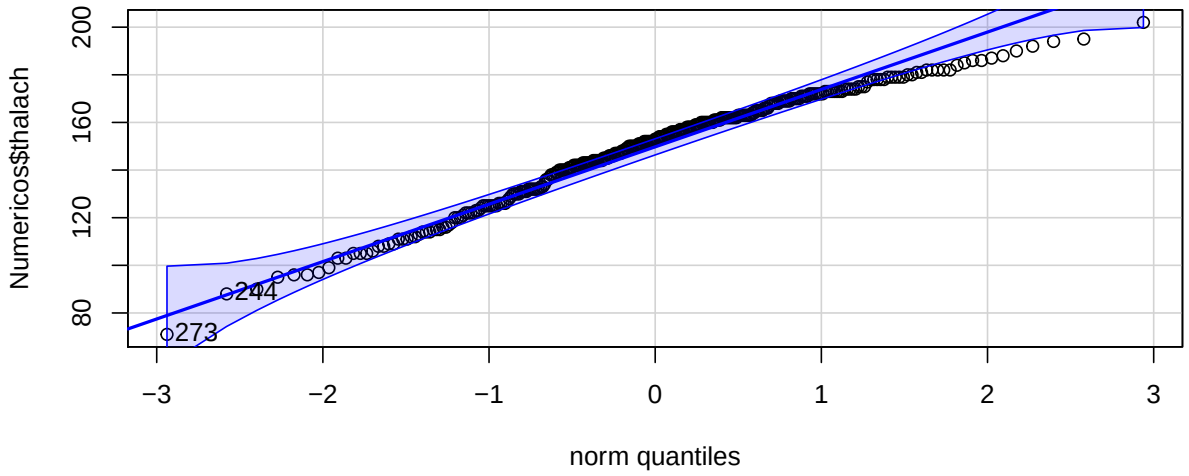

```
## [1] 86 29
```

```
shapiro.test(Numericos$chol)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Numericos$chol
## W = 0.94688, p-value = 5.365e-09
```

Variable **thalach**

```
qqPlot(Numericos$thalach)
```



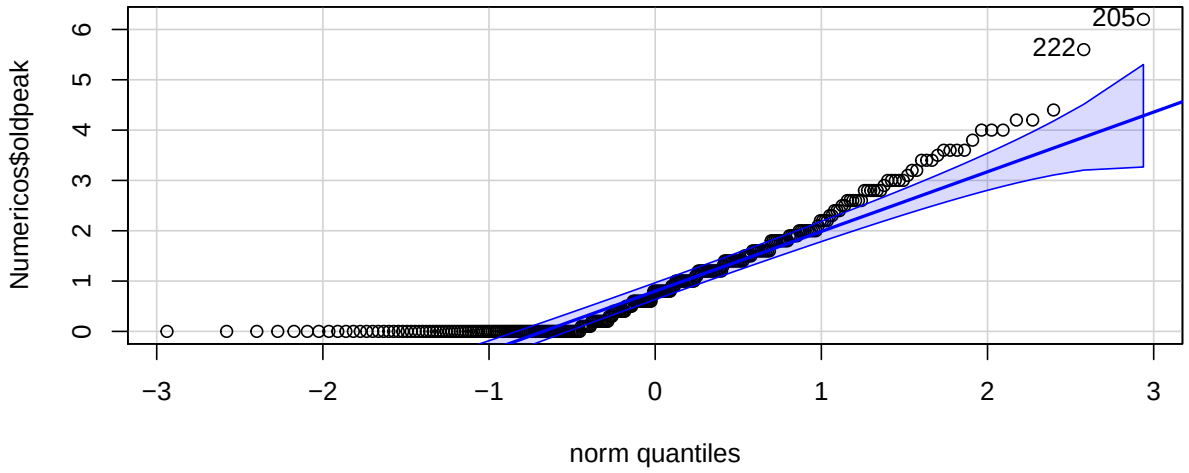

```
## [1] 273 244
```

```
shapiro.test(Numericos$thalach)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Numericos$thalach
## W = 0.97632, p-value = 6.621e-05
```

Variable **oldpeak**

```
qqPlot(Numericos$oldpeak)
```



```
## [1] 205 222
```

```
shapiro.test(Numericos$oldpeak)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  Numericos$oldpeak
## W = 0.84418, p-value < 2.2e-16
```

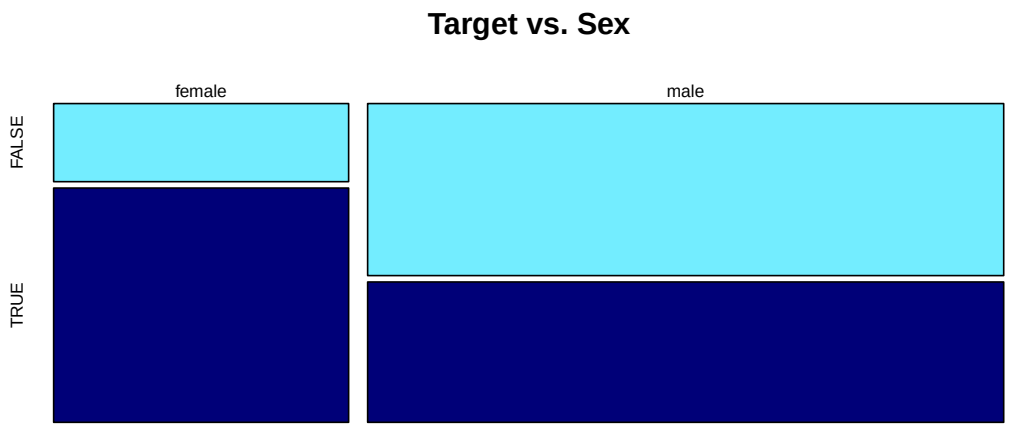
Puesto que en todos los casos el p-valor es inferior a 0.05 podemos rechazar la hipótesis nula y concluir que **las variables no siguen una distribución normal.**

4.3. Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos.

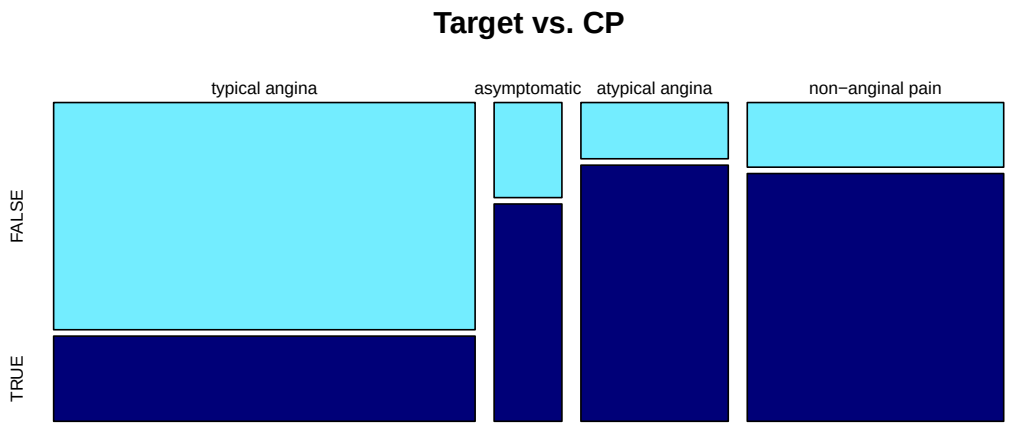
En función de los datos y el objetivo del estudio, aplicar pruebas de contraste de hipótesis, correlaciones, regresiones, etc. Aplicar al menos tres métodos de análisis diferentes.

Veamos a continuación cómo se distribuye el target según las diferentes variables

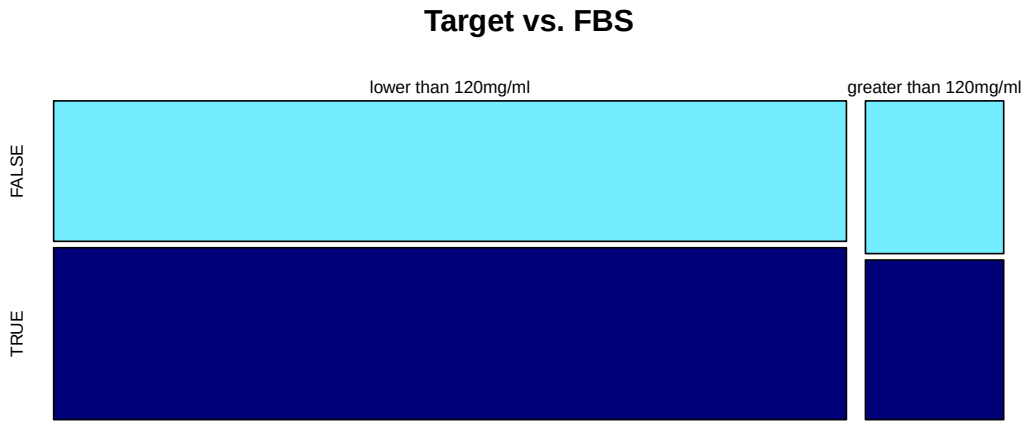
```
tabla_sex <- table(Heart_fact$sex,Heart_fact$target)
tabla_cp <- table(Heart_fact$cp,Heart_fact$target)
tabla_fbs <- table(Heart_fact$fbs,Heart_fact$target)
tabla_restecg <- table(Heart_fact$restecg,Heart_fact$target)
tabla_slope <- table(Heart_fact$slope,Heart_fact$target)
tabla_thal <- table(Heart_fact$thal,Heart_fact$target)


grid.newpage()
plot(tabla_sex, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. Sex")
```



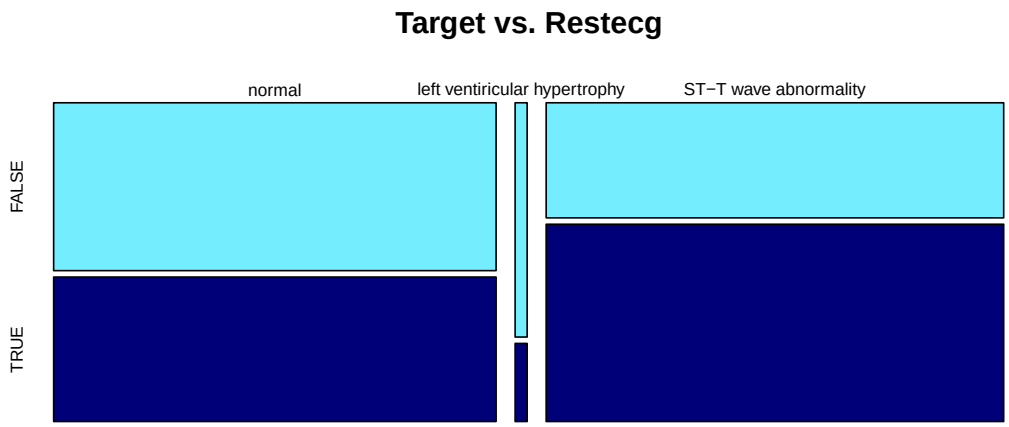
```
plot(tabla_cp, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. CP")
```



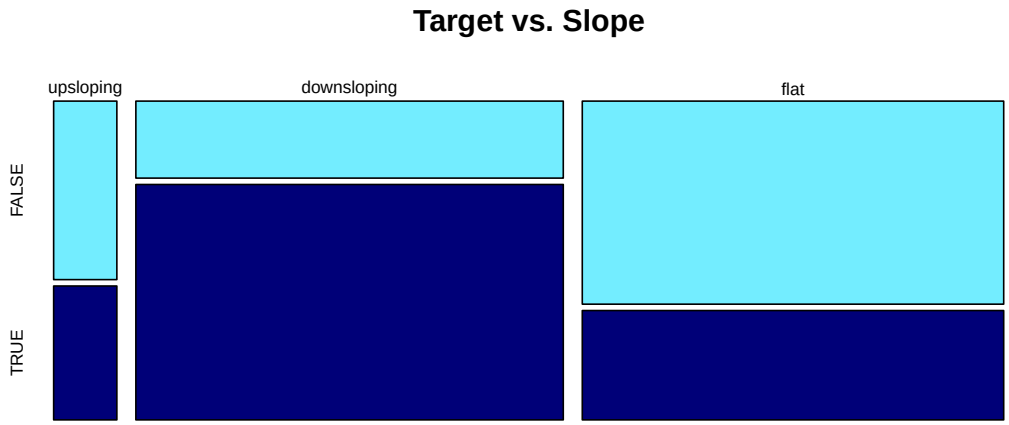

```
plot(tabla_fbs, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. FBS")
```



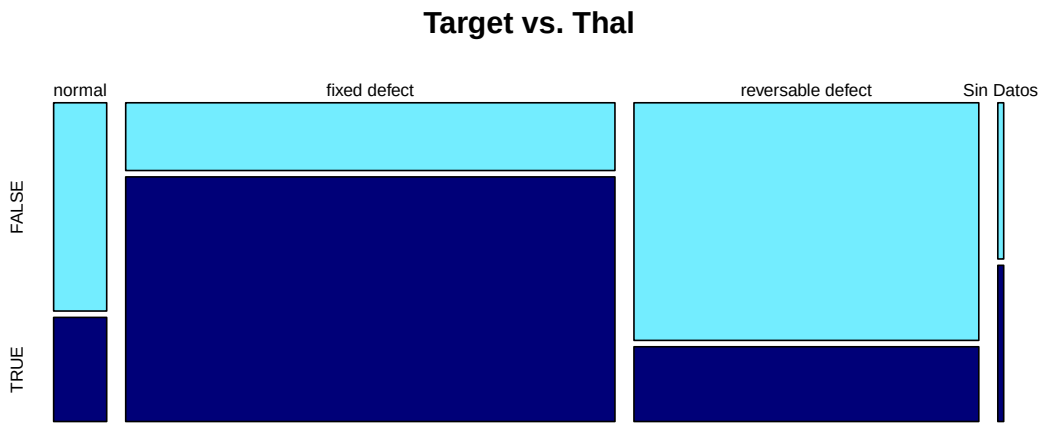

```
plot(tabla_restecg, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. Restecg")
```




```
plot(tabla_slope, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. Slope")
```




```
plot(tabla_thal, col = c("#73EDFF","#000078"), main = "Target vs. Thal")
```



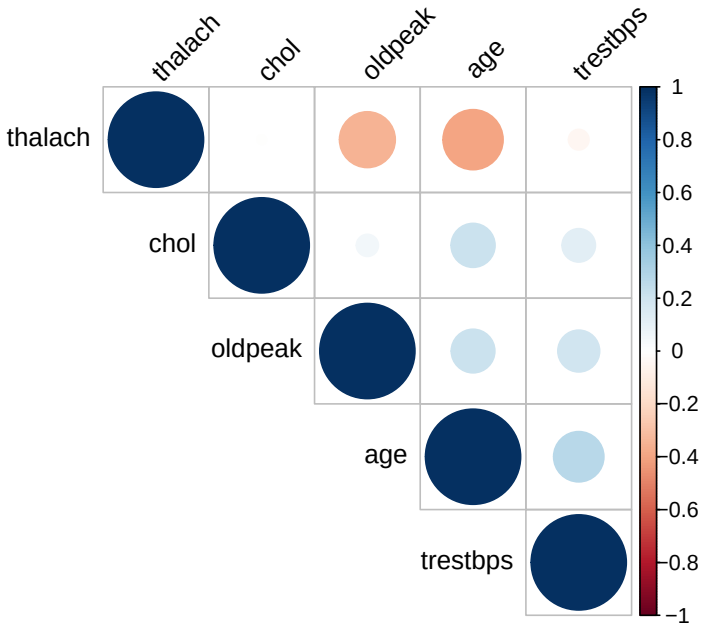
Vemos que en algunas de las variables, la distribución es considerablemente diferente. Así, por género, observamos que las mujeres tienen mayor probabilidad de sufrir enfermedades coronarias. Ocurre algo similar con la variable Thal, en la que el valor 'fixed defect' tiene un porcentaje mayor que el resto. Nos planteamos ahora estudiar la correlación entre algunas variables. Como vimos en el apartado anterior, nuestras variables no se ajustan a una distribución normal por lo que aplicaremos la correlación de Spearman.

Visualización de correlaciones entre variables numericas

```
library(corrplot)

M<-cor(Numericos)
head(round(M,2))
```

```
##             age trestbps  chol thalach oldpeak
## age        1.00     0.28  0.21   -0.40    0.21
## trestbps   0.28     1.00  0.12   -0.05    0.19
## chol       0.21     0.12  1.00   -0.01    0.05
## thalach   -0.40    -0.05 -0.01    1.00   -0.34
## oldpeak    0.21     0.19  0.05   -0.34    1.00
```

```
corrplot(M, type="upper", order="hclust", tl.col="black", tl.srt=45)
```




```
cor.test(Heart_fact$chol,Heart_fact$trestbps,method="spearman")
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  Heart_fact$chol and Heart_fact$trestbps
## S = 4049526, p-value = 0.02761
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.1265616
```

```
cor.test(Heart_fact$oldpeak,Heart_fact$trestbps,method="spearman")
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  Heart_fact$oldpeak and Heart_fact$trestbps
## S = 3921077, p-value = 0.007138
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## 0.1542667
```

No se aprecia correlación significativa entre los pares de variables estudiados.

Regresion Logistica (con dos variables)

Veamos ahora la regresión logística teniendo en cuenta las dos variables anteriores en los que los porcentajes de enfermedad eran considerablemente diferentes según los valores, sex y thal:

```
chol_trest <- glm(target ~ sex + thal, data = Heart_fact,
              family=binomial(logit))
summary(chol_trest)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = target ~ sex + thal, family = binomial(logit),
##     data = Heart_fact)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.8939  -0.7129   0.6033   0.7807   1.7287
##
## Coefficients:
##                        Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)             -0.1481     0.5836  -0.254  0.79963
## sexmale                 -0.5796     0.3190  -1.817  0.06925 .
## thalfixed defect         1.7596     0.5461   3.222  0.00127 **
## thalreversable defect   -0.5124     0.5472  -0.936  0.34904
## thalSin Datos            0.4379     1.5208   0.288  0.77339
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## Residual deviance: 324.75  on 298  degrees of freedom
## AIC: 334.75
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Observamos que, a excepción del valor 'fixed defect' de la variable thal, los valores no son significativos.

El valor AIC es 334.75, si comparasemos varios modelos, deberemos considerar aquel con un valor AIC inferior.

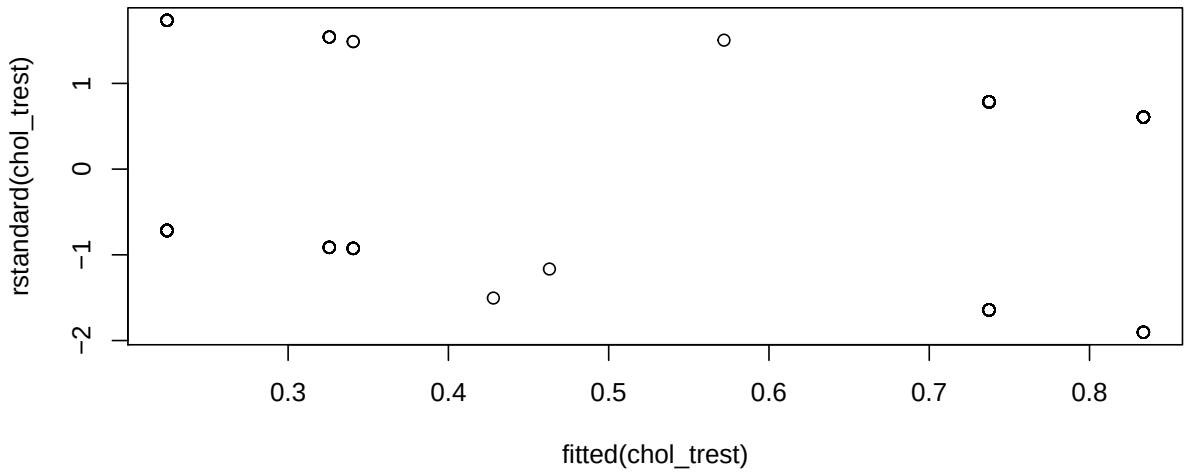
Analisis de varianza variables

```
library(car)

Anova(chol_trest, type="II", test="Wald")
```

```
## Analysis of Deviance Table (Type II tests)
##
## Response: target
##      Df   Chisq Pr(>Chisq)
## sex   1  3.3007    0.06925 .
## thal  3 59.6293  7.054e-13 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Dibujo de residuos del modelo

```
plot(fitted(chol_trest),
     rstandard(chol_trest))
```



Correlación Logistica con más valores

Si incorporamos más variables a dicha regresión obtenemos:

```
reg <- glm(target ~ sex + thal + chol + fbs + restecg + exang + slope + cp, data = Heart_fact,
              family=binomial(logit))
summary(reg)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = target ~ sex + thal + chol + fbs + restecg + exang +
##     slope + cp, family = binomial(logit), data = Heart_fact)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5392  -0.5206   0.2008   0.5458   2.4488
##
## Coefficients:
##                                    Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)                         1.022043   1.224730   0.835 0.403996
## sexmale                            -1.320573   0.437816  -3.016 0.002559 **
## thalfixed defect                    0.561489   0.651207   0.862 0.388563
## thalreversable defect              -1.069788   0.642116  -1.666 0.095706 .
## thalSin Datos                      -0.624182   2.726777  -0.229 0.818940
## chol                               -0.003689   0.003388  -1.089 0.276106
## fbsgreater than 120mg/ml           -0.195468   0.478330  -0.409 0.682800
```

```
## restecgleft ventiricular hypertrophy -1.135568   1.644606  -0.690 0.489892
## restecgST-T wave abnormality          0.605265   0.341735   1.771 0.076535 .
## exangyes                             -0.822805   0.378263  -2.175 0.029614 *
## slopedownsloping                      1.010243   0.655763   1.541 0.123424
## slopeflat                            -0.390958   0.633141  -0.617 0.536911
## cpasymptomatic                        2.057281   0.615630   3.342 0.000833 ***
## cpatypical angina                     1.509028   0.497977   3.030 0.002443 **
## cpnon-anginal pain                    1.868119   0.425702   4.388 1.14e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 417.64  on 302  degrees of freedom
## Residual deviance: 238.75  on 288  degrees of freedom
## AIC: 268.75
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Observamos que con la inclusión de más variables obtenemos mejores modelos ya que el nuevo AIC toma como valor 268.75

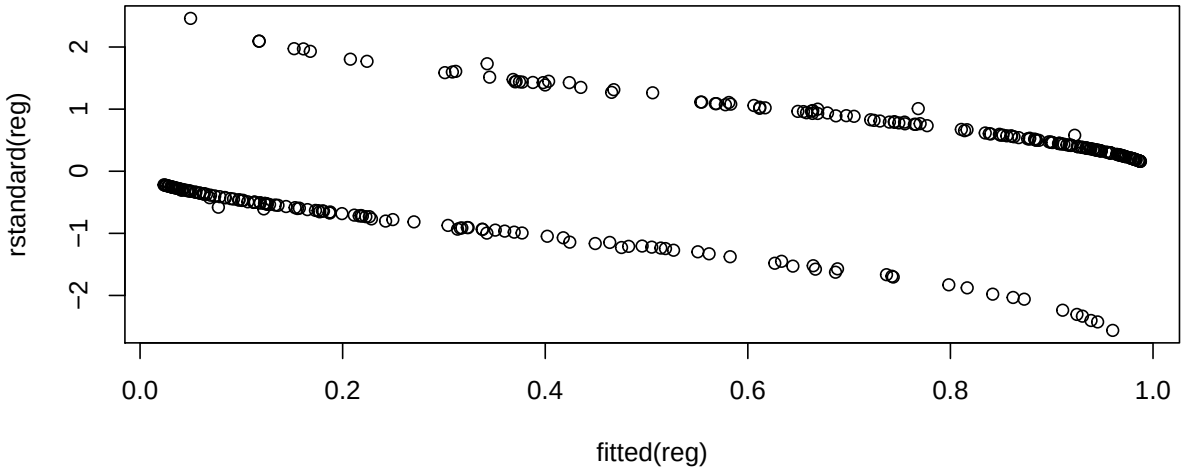
Analisis de varianza variables

```
library(car)

Anova(reg, type="II", test="Wald")
```

```
## Analysis of Deviance Table (Type II tests)
##
## Response: target
##         Df   Chisq Pr(>Chisq)
## sex      1  9.0979  0.0025590 **
## thal     3 19.9098  0.0001772 ***
## chol     1  1.1862  0.2761059
## fbs      1  0.1670  0.6827996
## restecg  2  3.8537  0.1456084
## exang    1  4.7316  0.0296139 *
## slope    2 14.3427  0.0007683 ***
## cp       3 25.8617   1.02e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Dibujo de residuos del modelo

```
plot(fitted(reg),
     rstandard(reg))
```



Analisis posibles diferencias significativas entre thai y genero

Continuamos con el estudio de las variables sex y thal, y nos planteamos si hay diferencias significativas entre los valores de la variables thal y el género. Para ello aplicamos el test chi cuadrado:

```
rel <- table(Heart_fact$sex,Heart_fact$thal)
print(rel)
```

```
##
##          normal fixed defect reversable defect Sin Datos
##   female      1           79                15         1
##   male       17           87               102         1
```

```
chisq.test(rel)
```

```
##
##  Pearson's Chi-squared test
##
## data:  rel
## X-squared = 44.626, df = 3, p-value = 1.111e-09
```

Vemos que efectivamente **hombres y mujeres tienen diferente distribución de la variable thal**

5 Representación de los resultados a partir de tablas y gráficas. (Puntuación 2 ptos)

Este apartado se puede responder a lo largo de la práctica, sin necesidad de concentrar todas las representaciones en este punto de la práctica.

A lo largo del documento hemos ido representado los resultados de cada apartado.

6 Resolución del problema. (Puntuación 0.5 ptos)

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

A partir del dataset considerado, **hemos tratado los datos y hecho un estudio de cada una de las variables**. A su vez, **hemos relacionado cada una de éstas con la probabilidad de sufrir alguna enfermedad coronaria** obteniendo datos interesantes con las variables sex y thal.

Hemos visto que **la variable thal se distribuye de manera diferente según el género** y que **el valor 'fixed defect' toma un caracter significativo** por lo que podría considerarse una variable importante a la hora de establecer futuras predicciones.

AL ser un DataSet muy centrado en la problemática de problemas coronarios puede servir de base para los analisis propuestos. SIn embargo seria interesante poder disponer de muestras con mayor tamaño para poder permitir estudios concretos sobre el impacto de los diferentes factores.

7 Código: (Puntuación 2 ptos)

Hay que adjuntar el código, preferiblemente en R, con el que se ha realizado la limpieza, análisis y representación de los datos.

El codigo R y los comentarios sobre el se encuentran en los documento pdf y html adjuntos.