

Limpieza y análisis del *dataset TITANIC*

Ander Elkoraristizabal

Junio 2021

Contents

1. Descripción del dataset	1
2. Integración y selección de los datos de interés a analizar.	2
3. Limpieza de datos	3
3.1 Búsqueda de valores nulos encubiertos	3
3.2 Estudio de los valores extremos	6
3.3 Tratamiento de valores nulos	9
3.4 Tratamiento de variables cualitativas con demasiadas categorías	14
3.5 Resultado y exportación de datos limpios	15
4. Análisis de los datos	16
4.1 Planificación del análisis y selección de los grupos de datos a analizar	16
4.2 (Pregunta a) ¿Siguen las variables cuantitativas una distribución normal? ¿Se da la homogeneidad de varianzas entre supervivientes y no supervivientes?	16
4.3 Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos	18
5. Representación de los resultados	25
5 a) Representación de la no normalidad de los datos	25
5 b) Representación de las medias de las variables cuantitativas según la supervivencia	27
5 c) Representación de la correlación entre las variables numéricas	28
5 d) Representación del ratio de supervivencia según categoría de las variables cualitativas	29
5 e) Representación de la importancia de las variables en la predicción	30
6. Resolución del problema y conclusiones	31
7. Código	32

1. Descripción del dataset

El conjunto de datos que estudiaremos es el *Titanic dataset*. El objetivo primordial de este *dataset* es la creación de un modelo que prediga que pasajeros sobrevivieron al hundimiento del Titanic e indique cuales son las variables más importantes para la predicción.

Este *dataset* resulta especialmente atractivo por lo interesante del tema, la variedad en las variables y la cantidad de estudios y discusiones sobre él que podemos encontrar, incluso en la propia página de discusiones de la competición en Kaggle.

El conjunto de datos “completo” tal y como se incluye en Kaggle viene ya dividido en dos subconjuntos: uno de entrenamiento, denominado “train.csv” y otro de evaluación, denominado “test.csv”. Al conjunto de evaluación le falta la columna **Survived** que se debe predecir. Esto se debe a que sobre este segundo

conjunto está pensado para que efectuemos nuestras predicciones sobre él y subamos estas predicciones a la competición a la que pertenece. En consecuencia nosotros preprocesaremos de manera independiente ambos conjuntos (de forma que no se filtre información de evaluación a entrenamiento), pero sólo podremos utilizar el primer conjunto para analizar, aunque mantendremos la nomenclatura original (conjunto de entrenamiento y de evaluación).

La hoja de ruta es la siguiente:

- Limpiaremos ambos conjuntos de datos de manera independiente.
- Analizaremos las variables explicativas en el conjunto de entrenamiento y su nivel de relación con la variable a predecir, **Survived**.
- Crearemos un modelo de clasificación con el conjunto de entrenamiento, y usaremos la validación cruzada para evaluar su rendimiento.
- Obtendremos las variables más importantes para la predicción a partir de este último modelo.

El conjunto contiene 10 variables además de la variable respuesta **Survived**, con 891 registros en el conjunto de entrenamiento y 418 registros en el conjunto de evaluación.

A continuación mostramos el diccionario de datos:

Variable	Definición	Claves
survival	Variable binaria indicadora de la supervivencia.	1 = Sí, 0 = No.
pclass	Clase del billete de embarque.	1 = Primera clase, 2 = Segunda clase, 3 = Tercera clase
sex	Sexo.	
Age	Edad, en años.	
sibsp	Número de hermanos/esposas también en el Titanic.	
parch	Número de padres/hijos también en el Titanic.	
ticket	Código alfanumérico del billete.	
fare	Precio del billete.	
cabin	Código alfanumérico de cabina.	
embarked	Puerto de embarque.	C = Cherbourg, Q = Queenstown, S = Southampton

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

No necesitamos hacer integración ninguna, dado que como ya hemos comentado disponemos sólo de dos conjuntos de datos, uno de entrenamiento y otro de evaluación, y debemos tratarlos de manera independiente. Cargamos los datos:

```
# Entrenamiento
train_df <- read.csv("data/train.csv")
# Evaluación
test_df <- read.csv("data/test.csv")
```

Verificamos la unicidad de los atributos individuales de ambos conjuntos, es decir todos los atributos excepto el identificador. Como podemos ver todos los registros son únicos:

```
# Entrenamiento
any(duplicated(train_df[, -1]))
```

```
## [1] FALSE
```

```
# Evaluación
any(duplicated(test_df[, -1]))
```

```
## [1] FALSE
```

Respecto a la selección de datos:

- Como no nos interesa restringirnos a un grupo en particular mantendremos en este punto todos los registros.
- Nos quedaremos también todas las variables, dado que todas parece que puedan estar relacionadas con el objetivo, y eliminaremos las que no nos sean útiles más adelante en un proceso de selección de variables.

3. Limpieza de datos

3.1 Búsqueda de valores nulos encubiertos

Como primer punto de la limpieza de datos y de cara a identificar los valores desconocidos que pueda haber no identificados como tales (como NA), analizaremos la estructura del conjunto de datos, haremos las conversiones de variables necesarias y obtendremos una descripción preliminar de los datos.

La estructura de los datos de entrenamiento y de evaluación tal y como los lee R es como sigue:

```
# Entrenamiento
str(train_df)
```

```
## 'data.frame': 891 obs. of 12 variables:
## $ PassengerId: int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
## $ Survived : int 0 1 1 1 0 0 0 0 1 1 ...
## $ Pclass : int 3 1 3 1 3 3 1 3 3 2 ...
## $ Name : chr "Braund, Mr. Owen Harris" "Cumings, Mrs. John Bradley (Florence Briggs Thayer)"
## $ Sex : chr "male" "female" "female" "female" ...
## $ Age : num 22 38 26 35 35 NA 54 2 27 14 ...
## $ SibSp : int 1 1 0 1 0 0 0 3 0 1 ...
## $ Parch : int 0 0 0 0 0 0 0 1 2 0 ...
## $ Ticket : chr "A/5 21171" "PC 17599" "STON/O2. 3101282" "113803" ...
## $ Fare : num 7.25 71.28 7.92 53.1 8.05 ...
## $ Cabin : chr "" "C85" "" "C123" ...
## $ Embarked : chr "S" "C" "S" "S" ...
```

```
# Evaluación
str(test_df)
```

```
## 'data.frame': 418 obs. of 11 variables:
## $ PassengerId: int 892 893 894 895 896 897 898 899 900 901 ...
## $ Pclass : int 3 3 2 3 3 3 3 2 3 3 ...
## $ Name : chr "Kelly, Mr. James" "Wilkes, Mrs. James (Ellen Needs)" "Myles, Mr. Thomas Francis"
## $ Sex : chr "male" "female" "male" "male" ...
## $ Age : num 34.5 47 62 27 22 14 30 26 18 21 ...
## $ SibSp : int 0 1 0 0 1 0 0 1 0 2 ...
## $ Parch : int 0 0 0 0 1 0 0 1 0 0 ...
## $ Ticket : chr "330911" "363272" "240276" "315154" ...
```

```
## $ Fare      : num  7.83 7 9.69 8.66 12.29 ...
## $ Cabin     : chr   "" "" "" "" ...
## $ Embarked  : chr   "Q" "S" "Q" "S" ...
```

Como podemos ver hay muchas variables cuyo tipo debemos cambiar:

- Survived, Sex, Cabin (dado que mucha gente comparte cabina), y Embarked deberían ser factores.
- Ticket también debería ser un factor, dado que no es único, si no que hay pasajeros que comparten un mismo billete (y no es porque sean NA o ''):

```
table(duplicated(train_df['Ticket']))
```

```
##
## FALSE  TRUE
##   681   210
```

```
head(train_df[duplicated(train_df['Ticket']), c('Ticket')])
```

```
## [1] "349909"      "CA 2144"      "19950"      "11668"      "347082"
## [6] "S.O.C. 14879"
```

- Pclass debería ser un factor ordenado donde el nivel más bajo fuese 3 y el más alto 1.
- SibSp y Parch deberían ser enteros, si bien este cambio no suele impactar demasiado en los análisis.

Mantendremos PassengerId como número, siendo conscientes de que es en realidad la clave primaria de nuestros datos.

Hacemos las conversiones necesarias:

```
# Entrenamiento
train_df[, "Survived"] = factor(train_df[, "Survived"],
                                levels = c(0,1),
                                labels = c(FALSE, TRUE))
train_df[, c('Sex', 'Ticket', 'Cabin', 'Embarked')] =
  lapply(train_df[, c('Sex', 'Ticket', 'Cabin', 'Embarked')], factor)
train_df[, 'Pclass'] = factor(train_df[, 'Pclass'], ordered = TRUE, levels = c(3,2,1))
train_df[, c('SibSp', 'Parch')] = lapply(train_df[, c('SibSp', 'Parch')], as.integer)
# Evaluación
test_df[, c('Sex', 'Ticket', 'Cabin', 'Embarked')] =
  lapply(test_df[, c('Sex', 'Ticket', 'Cabin', 'Embarked')], factor)
test_df[, 'Pclass'] = factor(test_df[, 'Pclass'], ordered = TRUE, levels = c(3,2,1))
test_df[, c('SibSp', 'Parch')] = lapply(test_df[, c('SibSp', 'Parch')], as.integer)
```

Analizamos ahora por encima los datos que tenemos según su tipo.

Comenzamos por las variables numéricas:

```
# Entrenamiento
summary(Filter(is.numeric, train_df[, -1]))
```

```
##      Age      SibSp      Parch      Fare
## Min.   : 0.42   Min.   :0.000   Min.   :0.0000   Min.   : 0.00
## 1st Qu.:20.12   1st Qu.:0.000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.: 7.91
## Median :28.00   Median :0.000   Median :0.0000   Median :14.45
## Mean   :29.70   Mean   :0.523   Mean   :0.3816   Mean   :32.20
## 3rd Qu.:38.00   3rd Qu.:1.000   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:31.00
## Max.   :80.00   Max.   :8.000   Max.   :6.0000   Max.   :512.33
## NA's   :177
```

```
# Evaluación
summary(Filter(is.numeric, test_df[, -1]))
```

```
##      Age      SibSp      Parch      Fare
## Min.   : 0.17   Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   : 0.000
## 1st Qu.:21.00   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.: 7.896
## Median :27.00   Median :0.0000   Median :0.0000   Median : 14.454
## Mean   :30.27   Mean   :0.4474   Mean   :0.3923   Mean   : 35.627
## 3rd Qu.:39.00   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.: 31.500
## Max.   :76.00   Max.   :8.0000   Max.   :9.0000   Max.   :512.329
## NA's   :86                                     NA's   :1
```

Podemos ver que sólo a un registro perteneciente al conjunto de evaluación le falta información de **Fare**. Por otra parte también vemos que 263 registros (177 de entrenamiento y 86 de evaluación) no tienen la edad informada. Esto sí que es un posible problema que necesitaremos subsanar, debido a la cantidad de registros afectados y a que una posible política de supervivencia prioritaria aplicada durante el hundimiento del Titanic podría ser “Mujeres y niños primero”. Del resto de variables sólo la cantidad de ceros en **Parch** nos hace pensar que puedan ser valores desconocidos, pero teniendo en cuenta el significado de la variable parece normal.

Estudiamos también los factores:

```
# Entrenamiento
summary(Filter(is.factor, train_df))
```

```
##   Survived   Pclass      Sex      Ticket      Cabin      Embarked
## FALSE:549    3:491   female:314  1601      : 7      :687      : 2
## TRUE :342    2:184    male :577  347082   : 7   B96 B98      : 4   C:168
##                               1:216    CA. 2343: 7   C23 C25 C27: 4   Q: 77
##                               3101295 : 6   G6      : 4   S:644
##                               347088 : 6   C22 C26      : 3
##                               CA 2144 : 6   D      : 3
##                               (Other) :852 (Other)      :186
```

```
# Evaluación
summary(Filter(is.factor, test_df))
```

```
##   Pclass      Sex      Ticket      Cabin      Embarked
## 3:218   female:152   PC 17608: 5      :327      C:102
## 2: 93    male :266   113503 : 4   B57 B59 B63 B66: 3   Q: 46
## 1:107      CA. 2343: 4   A34      : 2   S:270
## 16966    : 3   B45      : 2
## 220845   : 3   C101      : 2
## 347077   : 3   C116      : 2
## (Other) :396   (Other)      : 80
```

Vemos valores NA encubiertos en las variables **Cabin** y **Embarked** que convertimos en NA, tras lo cual eliminamos el nivel que les corresponde:

```
# Entrenamiento
## Cabin
train_df[train_df['Cabin']=='', 'Cabin'] = NA
train_df[, 'Cabin'] = droplevels(train_df[, 'Cabin'])
## Embarked
train_df[train_df['Embarked']=='', 'Embarked'] = NA
train_df[, 'Embarked'] = droplevels(train_df[, 'Embarked'])
```

```
# Evaluación, variable `Cabin` sólo:
test_df[test_df['Cabin']=='', 'Cabin'] = NA
test_df[, 'Cabin'] = droplevels(test_df[, 'Cabin'])
```

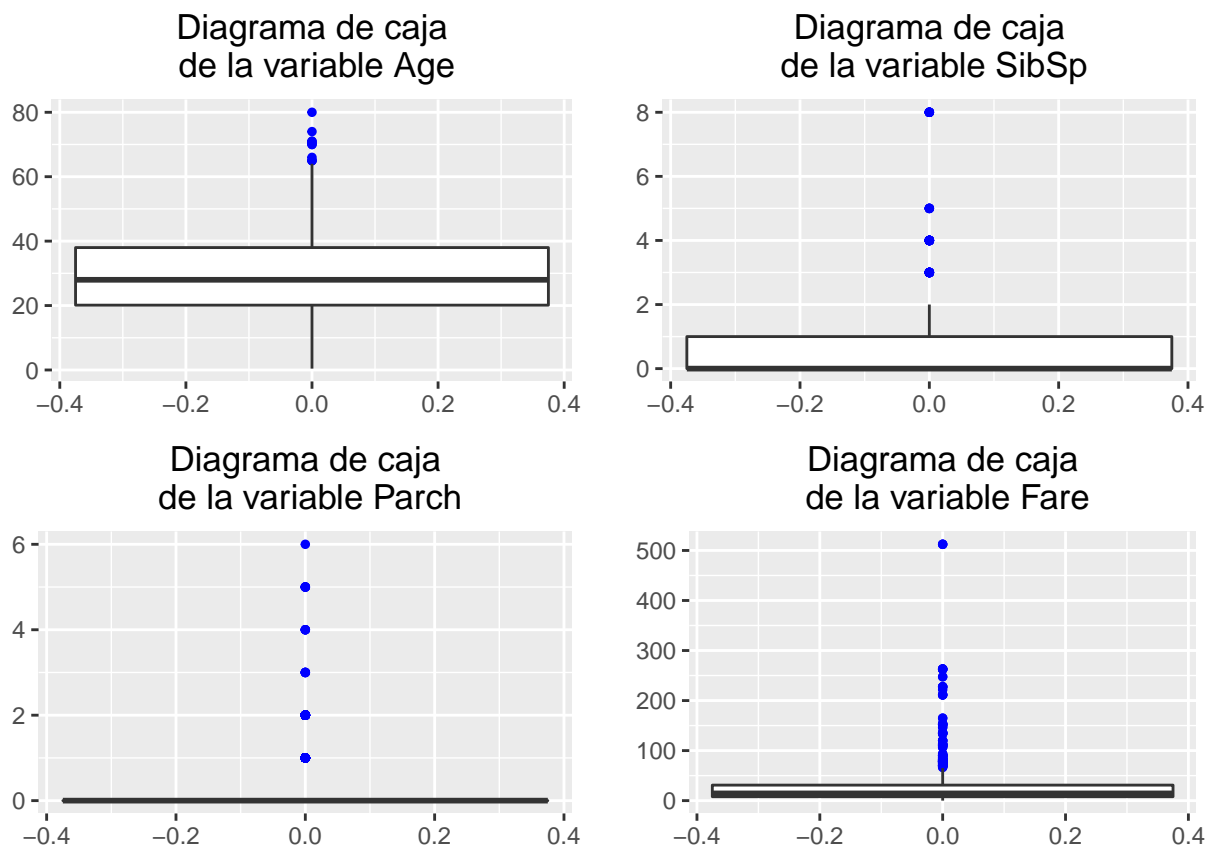
3.2 Estudio de los valores extremos

Estudiamos ahora los posibles valores extremos que pueda haber en cada subconjunto de datos de manera independiente. Realizamos para ello un diagrama de caja de cada una de las variables numéricas con la librería `ggplot2`. Definimos primero la función a utilizar para cada una de las variables y ambos conjuntos por separado:

```
library(ggplot2)
PrettyBoxplot= function(var, df){
  bp = ggplot(df, aes(y = get(var))) +
    geom_boxplot(outlier.colour="blue", outlier.size = 1) +
    ggtitle(paste("Diagrama de caja\n de la variable", var)) + ylab("") +
    theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
  return(bp)
}
```

Los diagramas de caja de las variables numéricas en el conjunto de entrenamiento son los que siguen:

```
gridExtra::grid.arrange(grobs = lapply(colnames(Filter(is.numeric, train_df[, -1])),
                                       df = train_df, PrettyBoxplot))
```



Los diagramas de caja de las variables numéricas en el conjunto de evaluación son los que siguen:

```
gridExtra::grid.arrange(grobs = lapply(colnames(Filter(is.numeric, test_df[, -1])),
                                       df = test_df, PrettyBoxplot))
```

Diagrama de caja de la variable Age

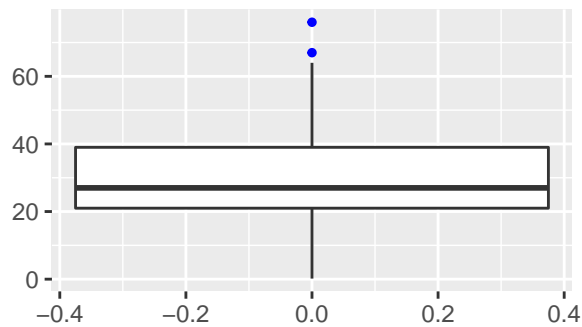


Diagrama de caja de la variable SibSp

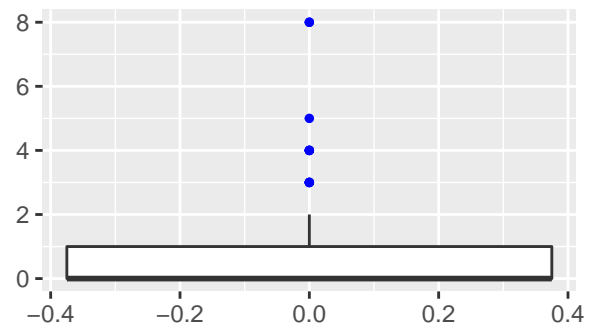


Diagrama de caja de la variable Parch

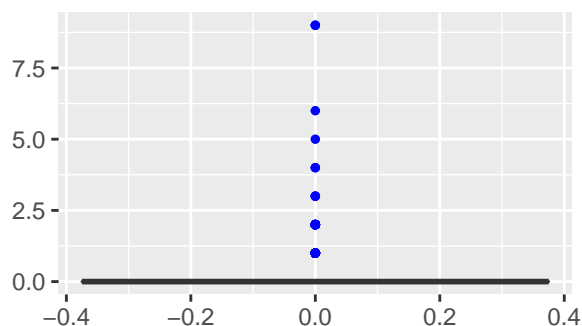
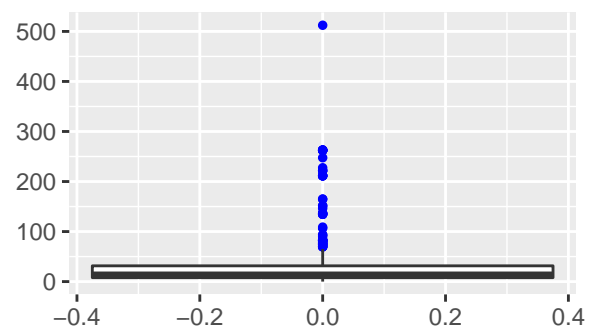


Diagrama de caja de la variable Fare



Variable Age

Los diagramas de caja de la variable **Age** muestran que hubo personas de edad avanzada en el Titanic, pero no muestran ningún valor que pudiese considerarse extremo.

Variable SibSp

Los diagramas de caja de la variable **SibSp** muestran que tanto para el conjunto de entrenamiento como para el de evaluación el 75% de los embarcados en el Titanic venían solos o acompañados de un sólo hermano o hermana. Como consecuencia todos los valores más grandes que 3 son numéricamente valores extremos. Para identificar si realmente son valores erróneos que debemos tratar podemos estudiar cuanta gente con más de 3 hermanos comparte el mismo apellido, esta vez sí teniendo en cuenta tanto entrenamiento como evaluación:

```
# Obtenemos los registros con valores extremos de cada conjunto:
ManySiblingsTrain = train_df[train_df['SibSp']>3, ]
ManySiblingsTest = test_df[test_df['SibSp']>3, ]
# Y los unimos en una sola tabla, eliminando para ello la variable `Survived`:
ManySiblings = rbind(ManySiblingsTrain[, -2], ManySiblingsTest)
# Obtenemos el apellido:
ManySiblings[, 'Surname'] = sapply(ManySiblings[, 'Name'],
                                   function(x){strsplit(x, ",")[1][1]})
# Obtenemos la tabla conjunta:
table(ManySiblings[,c('SibSp', 'Surname')])
```

```
##      Surname
## SibSp Andersson Asplund Goodwin Panula Rice Sage
##      4         7         5         0         5         5         0
##      5         0         0         6         0         0         0
```

```
##      8      0      0      0      0      0      9
```

Como podemos ver en todos los grupos excepto en el de los apellidados Andersson hay $n + 1$ hermanos, donde n es el número de hermanos indicados por cada uno de los hermanos. Consideramos por lo tanto que todos estos valores, aunque extremos, son correctos. Estudiamos con más detalle la familia la familia Andersson:

```
ManySiblings[ManySiblings['Surname']=='Andersson',]
```

```
##      PassengerId Pclass      Name      Sex Age SibSp
## 69           69      3  Andersson, Miss. Erna Alexandra female  17      4
## 120          120      3  Andersson, Miss. Ellis Anna Maria female   2      4
## 542          542      3  Andersson, Miss. Ingeborg Constanzia female   9      4
## 543          543      3  Andersson, Miss. Sigrid Elisabeth female  11      4
## 814          814      3  Andersson, Miss. Ebba Iris Alfrida female   6      4
## 851          851      3  Andersson, Master. Sigvard Harald Elias   male   4      4
## 215         1106      3  Andersson, Miss. Ida Augusta Margareta female  38      4
##      Parch  Ticket   Fare Cabin Embarked  Surname
## 69         2 3101281  7.925  <NA>         S Andersson
## 120         2 347082 31.275  <NA>         S Andersson
## 542         2 347082 31.275  <NA>         S Andersson
## 543         2 347082 31.275  <NA>         S Andersson
## 814         2 347082 31.275  <NA>         S Andersson
## 851         2 347082 31.275  <NA>         S Andersson
## 215         2 347091  7.775  <NA>         S Andersson
```

Como podemos ver hay dos registros que destacan por edad y por billete, los registros 69 y 1106, y que además corresponden a mujeres no están casadas, como indica el título 'Miss.'. Consideramos por lo tanto que el atributo SibSp de estos dos registros es erróneo, y lo convertimos a NA (teniendo en cuenta a que conjunto corresponde cada uno):

```
train_df[train_df[, 'PassengerId']==69, 'SibSp'] = NA
test_df[test_df[, 'PassengerId']==1106, 'SibSp'] = NA
```

Variable Parch

Los diagramas de caja de la variable Parch muestran que numéricamente todos los valores no cero son valores extremos en ambos conjuntos, tanto entrenamiento como evaluación. Estudiamos más en detalle aquellos registros con más de 4 descendientes en el Titanic, y vemos si lo podemos corresponder con las familias de hermanos recién identificadas:

```
# Obtenemos los registros con valores extremos de cada conjunto:
ManyDescendantsTrain = train_df[train_df['Parch']>4,]
ManyDescendantsTest = test_df[test_df['Parch']>4, ]
# Y los unimos en una sola tabla, eliminando para ello la variable `Survived`:
ManyDescendants = rbind(ManyDescendantsTrain[, -2], ManyDescendantsTest)
# Obtenemos el apellido
ManyDescendants[, 'Surname'] = sapply(ManyDescendants[, 'Name'],
                                     function(x){strsplit(x, ",")[[1]][1]})
# Obtenemos la tabla:
table(ManyDescendants[,c('Parch', 'Surname')])
```

```
##      Surname
## Parch Andersson Asplund Goodwin Panula Rice Sage
##      5         2         2         0         1         1         0
##      6         0         0         2         0         0         0
##      9         0         0         0         0         0         2
```


Como podemos ver se corresponde con las familias identificadas previamente, una vez corregidas los dos registros ‘Andersson’ erróneos, por lo que no son realmente valores extremos.

Variable Fare

En los diagramas de caja de la variable **Fare** vemos que hay muchos valores que numéricamente son valores extremos. En este caso nos limitamos a verificar que todos los registros con tarifa muy elevada son de primera clase:

```
# Entrenamiento
all(train_df[train_df['Fare']>200,'Pclass'] == 1)

## [1] TRUE

# Evaluación
all(na.omit(test_df[test_df['Fare']>200,'Pclass'] == 1))

## [1] TRUE
```

Hemos utilizado la función `na.omit()` en el conjunto de evaluación debido al registro con **Fare** desconocido que ya conocemos. Vemos que obviado este valor todos los registros corresponden efectivamente a personas que viajaron en primera clase, por lo que damos los valores de **Fare** por válidos.

3.3 Tratamiento de valores nulos

Recapitulando tenemos que tratar

- 263 valores perdidos en la variable **Age**, 177 de entrenamiento y 86 de evaluación,
- 2 valores perdidos en la variable **SibSp**, uno de entrenamiento y otro de evaluación,
- 1 valor perdido en la variable **Fare** en el conjunto de evaluación,
- 1014 valores perdidos en la variable **Cabin**, 687 de entrenamiento y 327 de evaluación, y
- 2 valores perdidos en la variable **Embarked** en el conjunto de entrenamiento.

Es importante notar que todas las medidas que tomemos en este apartado para tratar los valores perdidos deberán tener en cuenta a que subconjunto pertenece cada registro. El motivo es que de lo contrario podríamos estar filtrando información sobre datos de evaluación al modelo, si por ejemplo utilizásemos el conjunto completo para imputar un valor en un registro de entrenamiento.

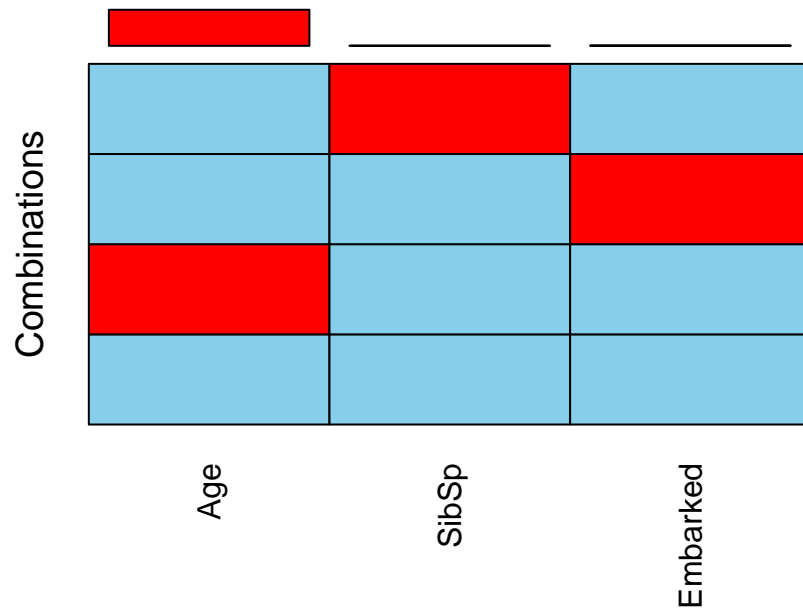
Variable Cabin

El caso de la variable **Cabin** es el más claro: tanto la variedad de la variable como la cantidad de registros perdidos (casi 3/4) nos obligan a eliminarla de ambos subconjuntos:

```
train_df = train_df[, colnames(train_df) != 'Cabin']
test_df = test_df[, colnames(test_df) != 'Cabin']
```

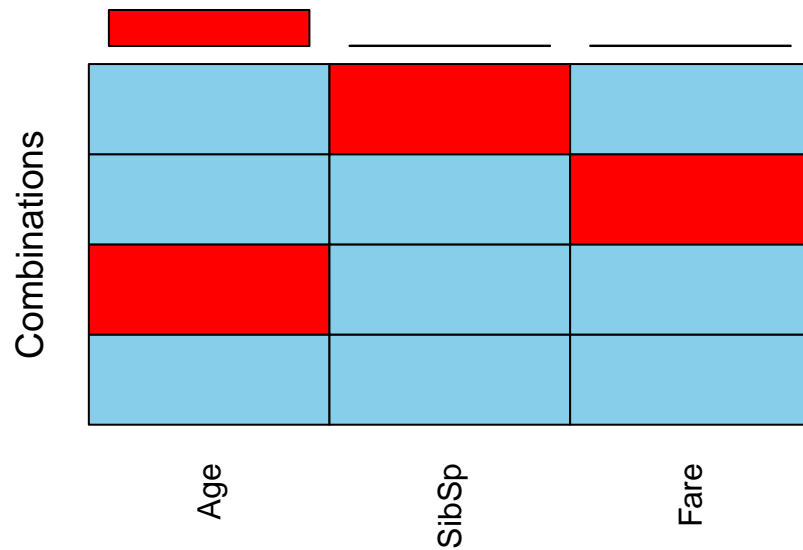
Hecho esto resulta interesante estudiar las posibles combinaciones de valores desconocidos, dado que esto dificultara las posibles imputaciones que queramos hacer. Afortunadamente no hay registros con más de un NA:

```
# Entrenamiento
VIM::aggr(Filter(anyNA, train_df[,-2]), combine = TRUE, bars = FALSE)
```



Evaluación

```
VIM::aggr(Filter(anyNA, test_df[, -2]), combine = TRUE, bars = FALSE)
```



Variable Embarked

Observemos los registros:

```
train_df[is.na(train_df['Embarked']),]
```

```
##      PassengerId Survived Pclass                                Name
## 62             62      TRUE      1                                Icard, Miss. Amelie
## 830            830      TRUE      1 Stone, Mrs. George Nelson (Martha Evelyn)
##      Sex Age SibSp Parch Ticket Fare Embarked
## 62 female  38     0     0 113572  80    <NA>
## 830 female  62     0     0 113572  80    <NA>
```

Vemos que compartían billete, pero nadie más lo compartía con ellas:

```
train_df[train_df['Ticket'] == 113572,]
```

```
##      PassengerId Survived Pclass                                Name
## 62              62      TRUE      1                        Icard, Miss. Amelie
## 830             830      TRUE      1 Stone, Mrs. George Nelson (Martha Evelyn)
##              Sex Age SibSp Parch Ticket Fare Embarked
## 62  female   38      0      0 113572   80      <NA>
## 830 female   62      0      0 113572   80      <NA>
```

Como no tenían familia a bordo tampoco parece que utilizar sus apellidos vaya a ser una buena opción, por lo que decidimos descartar ambos registros:

```
train_df = train_df[-c(62, 830),]
```

Variable Fare

Observemos el registro:

```
test_df[is.na(test_df['Fare']),]
```

```
##      PassengerId Pclass                                Name Sex Age SibSp Parch Ticket Fare
## 153            1044      3 Storey, Mr. Thomas male 60.5      0      0   3701   NA
##      Embarked
## 153          S
```

Como el registro pertenece a la tercera clase y no tiene familia embarcada le inputamos la media de tarifas de este subgrupo dentro del subconjunto de evaluación:

```
test_df[is.na(test_df['Fare']), 'Fare'] =
  mean(test_df[test_df['Pclass'] == 3 & test_df['SibSp'] == 0 & test_df['Parch'] == 0,
        'Fare'], na.rm = TRUE)
```

Variable Age

Finalmente llegamos a la variable más complicada, Age. El número de registros sin edad informada hace inviable eliminarlos todos, por lo que lo más sensato parece tratar de inputarles valores, que nos permite a su vez seguir usando la variable. Utilizaremos para ello una estrategia parecida a la utilizada en este tutorial de Kaggle, inputando los valores de Age estratificando los registros según su título (aún por obtener). El "Título" lo extraemos del nombre usando expresiones regulares (*Regex*), y convertimos a factor:

```
# Entrenamiento
train_df[, 'Title'] =
  sapply(train_df[, 'Name'], function(x){trimws(strsplit(x, "[,.] ")[[1]][2])})
train_df[, 'Title'] = factor(train_df[, 'Title'])
# Evaluación
test_df[, 'Title'] =
  sapply(test_df[, 'Name'], function(x){trimws(strsplit(x, "[,.] ")[[1]][2])})
test_df[, 'Title'] = factor(test_df[, 'Title'])
```

El código que tenemos encima divide el nombre de cada registro en 3, dividiendo tanto por coma como por punto y elimina los espacios a ambos extremos. La distribución de títulos en los registros con edad informada y aquellos en los que no es como sigue, de manera diferenciada entre entrenamiento y evaluación:

```
# Entrenamiento, registros con edad informada:
table(droplevels(train_df[!is.na(train_df['Age']), 'Title']))
```

```
##
##      Capt      Col      Don      Dr      Jonkheer      Lady
```

```
##           1           2           1           6           1           1
##      Major      Master      Miss      Mlle      Mme      Mr
##           2          36         145          2          1       398
##      Mrs       Ms       Rev      Sir the Countess
##       107         1         6         1         1
```

```
# Entrenamiento, registros sin edad informada:
table(droplevels(train_df[is.na(train_df['Age']), 'Title']))
```

```
##
##      Dr Master      Miss      Mr      Mrs
##       1         4       36      119      17
```

```
# Evaluación, registros con edad informada:
table(droplevels(test_df[!is.na(test_df['Age']), 'Title']))
```

```
##
##      Col      Dona      Dr Master      Miss      Mr      Mrs      Rev
##       2         1         1         17        64      183       62       2
```

```
# Evaluación, registros sin edad informada:
table(droplevels(test_df[is.na(test_df['Age']), 'Title']))
```

```
##
## Master      Miss      Mr      Mrs      Ms
##       4        14       57       10       1
```

Como vemos los títulos de aquellos registros sin edad informada son suficientemente comunes como para ser utilizados en la imputación. La excepción es el registro con título “Ms” del conjunto de evaluación. Tampoco podemos vincularla al una sola categoría de las más pobladas, si no que podría pertenecer tanto a la categoría “Miss” como “Mrs”, por lo que le asignaremos la edad media de la unión de estas categorías. Este caso especial lo tratamos aparte, para no tener que hacer una excepción en el tratamiento general. Corresponde al PassengerId= 980, como podemos ver a continuación:

```
test_df[is.na(test_df['Age']) & test_df['Title'] == 'Ms',]
```

```
##      PassengerId Pclass      Name      Sex Age SibSp Parch Ticket
## 89           980         3 O'Donoghue, Ms. Bridget female  NA     0     0 364856
##      Fare Embarked Title
## 89 7.75         Q      Ms
```

Le asignamos el valor acordado de manera manual:

```
test_df[test_df['PassengerId'] == 980, 'Age'] =
  mean(test_df[!is.na(test_df['Age']) & (test_df[, 'Title'] %in% c("Mrs", "Miss")), 'Age'])
```

Para imputar los valores definimos la siguiente función, que a partir de su PassengerID y el subconjunto al que pertenece le asigna a cada registro la media de edad en este subconjunto del resto de registros de su mismo título:

```
InputeAge = function(PassId, df){
  ToInpute = mean(
    # Filtramos que tengan un valor definido de edad:
    df[!is.na(df['Age'])
    # Filtramos que tengan el mismo título:
    & df['Title'] == as.character(df[df['PassengerId']==PassId, 'Title']),
    'Age'])
  return(ToInpute)
}
```

```
# Entrenamiento:
train_df[is.na(train_df['Age']), 'Age'] =
  sapply(FUN = ImputeAge, X = train_df[is.na(train_df['Age']), 'PassengerId'],
         df = train_df)
# Evaluación:
test_df[is.na(test_df['Age']), 'Age'] =
  sapply(FUN = ImputeAge, X = test_df[is.na(test_df['Age']), 'PassengerId'],
         df = test_df)
```

Variable SibSp

Finalmente tratamos los dos valores con SibSp sin informar debido a que los hemos considerado valores erróneos en el paso previo de detección de valores extremos. Los registros a tratar son los siguientes:

```
train_df[is.na(train_df['SibSp']), ]

##      PassengerId Survived Pclass                                Name      Sex Age SibSp
## 69              69      TRUE         3 Andersson, Miss. Erna Alexandra female  17    NA
##      Parch Ticket  Fare Embarked Title
## 69         2 3101281 7.925          S Miss

test_df[is.na(test_df['SibSp']), ]

##      PassengerId Pclass                                Name      Sex Age SibSp
## 215             1106         3 Andersson, Miss. Ida Augusta Margareta female  38    NA
##      Parch Ticket  Fare Embarked Title
## 215         2 347091 7.775          S Miss
```

Como podemos ver cada uno pertenece a un subconjunto. Para inputarles valores utilizaremos el algoritmo de los k vecinos más cercanos (implementado en la función `kNN()` de la librería `VIM`) y los atributos `Pclass`, `Age` y `Parch`. La argumentación es que el número de hermanos suele depender de una combinación de la edad y la clase social, representada por la clase del billete. Realizamos la imputación asegurándonos de que no hay filtrado de información de evaluación a entrenamiento:

```
# Entrenamiento
train_inputado = VIM::kNN(train_df,
                          dist_var = c("Pclass", "Age"),
                          variable = 'SibSp')
train_df[train_df['PassengerId']==69, 'SibSp'] =
  train_inputado[train_inputado['PassengerId']==69, 'SibSp']
# Evaluación
test_inputado = VIM::kNN(test_df,
                          dist_var = c("Pclass", "Age"),
                          variable = 'SibSp')
test_df[test_df['PassengerId']==1106, 'SibSp'] =
  test_inputado[test_inputado['PassengerId']==1106, 'SibSp']
```

Los valores inputados son los siguientes, en ambos casos cero como vemos:

```
train_df[train_df['PassengerId']==69,]

##      PassengerId Survived Pclass                                Name      Sex Age SibSp
## 69              69      TRUE         3 Andersson, Miss. Erna Alexandra female  17     0
##      Parch Ticket  Fare Embarked Title
## 69         2 3101281 7.925          S Miss

test_df[test_df['PassengerId']==1106,]
```

```
##      PassengerId Pclass                                Name      Sex Age SibSp
## 215          1106          3 Andersson, Miss. Ida Augusta Margareta female  38      0
##      Parch Ticket   Fare Embarked Title
## 215         2 347091 7.775          S   Miss
```

3.4 Tratamiento de variables cualitativas con demasiadas categorías

Ahora que hemos concluido la revisión de los valores extremos y los valores desconocidos nos centramos en las categorías de las variables cualitativas. La siguiente tabla muestra el número de categorías de cada variable cualitativa en cada uno de los subconjuntos:

```
# Entrenamiento
sapply(train_df[, !names(train_df) %in% names(Filter(is.numeric, train_df))],
       function(x){length(unique(x))})
```

```
## Survived   Pclass      Name      Sex   Ticket Embarked   Title
##         2         3      889         2      680         3      17
```

```
# Evaluación
sapply(test_df[, !names(test_df) %in% names(Filter(is.numeric, test_df))],
       function(x){length(unique(x))})
```

```
##   Pclass      Name      Sex   Ticket Embarked   Title
##     3      418         2      363         3         9
```

Como podemos ver el número de categorías de las variables **Name** y **Ticket** las hace prácticamente inutilizables. En el caso de la variable **Name** además la información más valiosa que aporta, el título, lo hemos recogido ya en la variable **Title**. Por otra parte, viendo la variedad presente en la variable **Ticket** no parece que vayamos a poder extraerle mucha información. Decidimos por lo tanto descartar estas variables:

```
# Entrenamiento
train_df = train_df[, !names(train_df) %in% c("Name", "Ticket")]
# Evaluación
test_df = test_df[, !names(test_df) %in% c("Name", "Ticket")]
```

La única otra variable relativamente dispersa que queda es precisamente la variable **Title**. Está formada por como mínimo 17 grupos diferentes, pero muchos de ellos corresponden en realidad a grupos sociales similares. Lo podemos ver en las siguientes tablas detallando los distintos niveles y el número de registros en cada uno por conjunto:

```
# Entrenamiento
table(train_df['Title'])
```

```
##
##      Capt      Col      Don      Dr      Jonkheer      Lady
##         1         2         1         7         1         1
##      Major      Master      Miss      Mlle      Mme      Mr
##         2         40        181         2         1        517
##      Mrs      Ms      Rev      Sir the Countess
##       124         1         6         1         1
```

```
# Evaluación
table(test_df['Title'])
```

```
##
##      Col      Dona      Dr Master      Miss      Mr      Mrs      Ms      Rev
##         2         1         1      21      78      240      72         1         2
```

Podemos incluir las categorías más pequeñas en las más grandes categorías como sigue:

- Fundimos los registros con título “Capt”, “Col”, “Don”, “Dr”, “Jonkheer”, “Major”, “Rev” y “Sir” en la categoría “Mr”, dado que todos se refieren a hombres adultos.
- Fundimos los registros con título “Dona”, “Mme” y “the Countess” en la categoría “Mrs”, dado que todos hacen referencia a mujeres casadas.
- Fundimos los registros con título “Lady”, “Ms” y “Mlle” en la categoría “Miss”, dado que todos hacen referencia a mujeres sin casar.

Lo hacemos mediante el siguiente código:

```
# Entrenamiento
train_df[train_df[, 'Title'] %in%
          c("Capt", "Col", "Don", "Dr", "Jonkheer", "Major", "Rev", "Sir"), 'Title'] = "Mr"
train_df[train_df[, 'Title'] %in%
          c("Dona", "Mme", "the Countess"), 'Title'] = "Mrs"
train_df[train_df[, 'Title'] %in%
          c("Lady", "Ms", "Mlle"), 'Title'] = "Miss"

# Evaluación
test_df[test_df[, 'Title'] %in%
         c("Capt", "Col", "Don", "Dr", "Jonkheer", "Major", "Rev", "Sir"), 'Title'] = "Mr"
test_df[test_df[, 'Title'] %in%
         c("Dona", "Mme", "the Countess"), 'Title'] = "Mrs"
test_df[test_df[, 'Title'] %in%
         c("Lady", "Ms", "Mlle"), 'Title'] = "Miss"
```

Eliminamos de la variable Title las categorías ahora sin usar y volvemos a mostrar la tabla con la cantidad de registros en cada:

```
# Entrenamiento
train_df[, 'Title'] = droplevels(train_df[, 'Title'])
table(train_df[, 'Title'])
```

```
##
## Master    Miss     Mr    Mrs
##      40    185    538    126
```

```
# Evaluación
test_df[, 'Title'] = droplevels(test_df[, 'Title'])
table(test_df[, 'Title'])
```

```
##
## Master    Miss     Mr    Mrs
##      21     79    245     73
```

Como podemos ver ahora la variable consta sólo de 4 categorías y todas ellas están suficientemente pobladas. Es importante notar que si bien este método reduce la información que la variable puede ofrecer, también evita que registros pertenecientes a categorías poco pobladas tengan una predicción poco segura, al estar basada en tan pocos registros.

También es interesante ver que la variable Title condensa ahora dos informaciones: el sexo y la edad.

3.5 Resultado y exportación de datos limpios

Vemos como no queda ningún registro con valores desconocidos en los datos:

```
# NA's en conjunto de entrenamiento:
sum(sapply(train_df, is.na))
```

```
## [1] 0
```

```
# NA's en conjunto de evaluación:
sum(sapply(test_df, is.na))
```

```
## [1] 0
```

También exportamos los datos ya integrados, validados y limpiados a dos nuevos ficheros: “train_clean.csv” y “test_clean.csv”:

```
write.csv(train_df, "data/train_clean.csv", row.names = FALSE)
write.csv(test_df, "data/test_clean.csv", row.names = FALSE)
```

4. Análisis de los datos

Recordemos que a partir de este apartado sólo utilizaremos el conjunto de entrenamiento, guardado en la tabla `train_df`.

4.1 Planificación del análisis y selección de los grupos de datos a analizar

Planteamos las siguientes preguntas a responder:

- ¿Siguen las variables cuantitativas una distribución normal? ¿Se da la homogeneidad de varianzas entre supervivientes y no supervivientes?
- Si dividimos la muestra en supervivientes y no supervivientes, ¿hay diferencia en la media de las variables numéricas?
- ¿Hay correlación entre las variables numéricas?
- ¿En cuales de los factores varía de forma significativa el ratio de supervivencia según la categoría?
- Entrenamos un modelo que prediga la supervivencia en base al resto de variables. ¿Cómo de bueno es el modelo obtenido? ¿Cuales son las variables más importantes a la hora de predecir la supervivencia?

Dado que para responder a estas preguntas utilizaremos todas las variables en el conjunto de datos no hace falta que seleccionemos variables; por otra parte dado que en las preguntas b) y d) distinguimos según supervivientes y no supervivientes sí que resulta interesante filtrar el conjunto de datos en función del valor de la variable `Survived`:

```
DidSurvive = train_df[train_df[, 'Survived'] == TRUE,]
DidNotSurvive = train_df[train_df[, 'Survived'] == FALSE,]
```

4.2 (Pregunta a) ¿Siguen las variables cuantitativas una distribución normal? ¿Se da la homogeneidad de varianzas entre supervivientes y no supervivientes?

Comprobamos la normalidad de las variables numéricas en el conjunto de datos: las variables `Age`, `SibSp`, `Parch` y `Fare`. Como el tamaño muestral es mayor que 50 utilizaremos el test de Kolmogorov-Smirnov. Usaremos también un valor $\alpha = 0.05$ para decidir si aceptar o rechazar la hipótesis nula. Los resultados son los siguientes:

```
# Age
ks.test(train_df[, 'Age'], pnorm, mean(train_df[, 'Age']), sd(train_df[, 'Age']))

##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  train_df[, "Age"]
## D = 0.10129, p-value = 2.395e-08
## alternative hypothesis: two-sided
```



```
# SibSp
ks.test(train_df[, 'SibSp'], pnorm, mean(train_df[, 'SibSp']), sd(train_df[, 'SibSp']))
```

```
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: train_df[, "SibSp"]
## D = 0.36484, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
# Parch
ks.test(train_df[, 'Parch'], pnorm, mean(train_df[, 'Parch']), sd(train_df[, 'Parch']))
```

```
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: train_df[, "Parch"]
## D = 0.44268, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
# Fare
ks.test(train_df[, 'Fare'], pnorm, mean(train_df[, 'Fare']), sd(train_df[, 'Fare']))
```

```
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: train_df[, "Fare"]
## D = 0.28257, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

El resultado es claro: como los p-valores son todos menores que $\alpha = 0.05$ concluimos que ninguna de nuestras variables sigue una distribución normal.

Como ninguna de las variables ha resultado normal utilizamos el test de Fligner-Killeen, adecuado en estos casos, para determinar la homocedasticidad según los grupos definidos por la variable respuesta **Survived**. Los resultados son los siguientes:

```
# Age
fligner.test(Age~Survived, data = train_df)
```

```
##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: Age by Survived
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 6.3622, df = 1, p-value = 0.01166
```

```
# SibSp
fligner.test(SibSp~Survived, data = train_df)
```

```
##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: SibSp by Survived
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 1.0677, df = 1, p-value = 0.3015
```

```
# Parch
fligner.test(Parch~Survived, data = train_df)
```

```
##
```

```
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: Parch by Survived
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 11.57, df = 1, p-value = 0.0006704
```

```
# Fare
fligner.test(Fare~Survived, data = train_df)
```

```
##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: Fare by Survived
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 94.7, df = 1, p-value < 2.2e-16
```

En este test las conclusiones ya no son uniformes: para $\alpha = 0.05$ los p-valores obtenidos nos indican que en las variable Age, Parch y Fare no hay uniformidad de varianzas, pero en la variable SibSp sí.

4.3 Aplicación de pruebas estadísticas para comparar los grupos de datos

Pregunta b) Si dividimos la muestra en supervivientes y no supervivientes, ¿hay diferencia en la media de las variables numéricas?

A pesar de que como hemos visto las variables numéricas en nuestro conjunto de datos no son normales aún pueden ser útiles a la hora de predecir la supervivencia. Una pregunta que cabe hacerse en este sentido es si hay diferencia en estas variables entre la muestra formada por supervivientes y la muestra formada por no supervivientes.

Es necesario comentar que aunque las variables no sigan una distribución normal el tener una muestra mayor que 30 junto con el Teorema del Límite Central nos permiten utilizar el Test de la t de Student. Lo aplicamos a continuación teniendo en cuenta los resultados de los test de homocedasticidad del anterior apartado:

```
# Age
t.test(DidSurvive[, 'Age'], DidNotSurvive[, 'Age'])
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: DidSurvive[, "Age"] and DidNotSurvive[, "Age"]
## t = -2.7605, df = 664.36, p-value = 0.00593
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -4.4034058 -0.7429019
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 28.11087 30.68402
```

```
# SibSp
t.test(DidSurvive[, 'SibSp'], DidNotSurvive[, 'SibSp'], var.equal = TRUE)
```

```
##
## Two Sample t-test
##
## data: DidSurvive[, "SibSp"] and DidNotSurvive[, "SibSp"]
## t = -1.1755, df = 887, p-value = 0.2401
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.23766939 0.05961303
## sample estimates:
```

```
## mean of x mean of y
## 0.4647059 0.5537341

# Parch
t.test(DidSurvive[, 'Parch'], DidNotSurvive[, 'Parch'])

##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: DidSurvive[, "Parch"] and DidNotSurvive[, "Parch"]
## t = 2.5219, df = 752.59, p-value = 0.01188
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 0.0305685 0.2453449
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 0.4676471 0.3296903

# Fare
t.test(DidSurvive[, 'Fare'], DidNotSurvive[, 'Fare'])

##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: DidSurvive[, "Fare"] and DidNotSurvive[, "Fare"]
## t = 6.7597, df = 433.18, p-value = 4.483e-11
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 18.50519 33.67804
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 48.20950 22.11789
```

Una vez más vemos que para $\alpha = 0.05$ los resultados son claros: mientras que en las variables **Age**, **Parch** y **Fare** si hay una diferencia significativa en la media entre aquellos que sobrevivieron y aquellos que no, en la variable **SibSp** el test arroja que no hay una diferencia significativa.

Es importante notar que si bien hemos visto que en la variable **SibSpno** se nota una diferencia significativa en la media dependiendo de la supervivencia, esto no quiere decir que por ejemplo un árbol de decisión vaya a considerar esta variable inútil con toda certeza: es posible que sí que sea útil al interaccionar con el resto de variables.

Pregunta c) ¿Hay correlación entre las variables numéricas?

De cara a la posibilidad de obtener un modelo logístico en la pregunta e) resulta también de interés estudiar la correlación entre las variables numéricas del conjunto.

Calculamos primero la correlación entre las variables numéricas del conjunto. Usamos la correlación de Spearman, debido a la no normalidad de nuestras variables:

```
cor(Filter(is.numeric, train_df[,-1]), method = "spearman")

##           Age      SibSp      Parch      Fare
## Age      1.0000000 -0.1682600 -0.2421005 0.1081318
## SibSp    -0.1682600  1.0000000  0.4442208 0.4541662
## Parch    -0.2421005  0.4442208  1.0000000 0.4131056
## Fare      0.1081318  0.4541662  0.4131056 1.0000000
```

Como podemos ver hay una correlación moderada pero definitivamente significativa entre las variables SibSp, Parch y Fare. La variable Age está también correlacionada con las otras 3, pero en menor medida. En consecuencia usamos el test para la correlación entre variables para verificar si la correlación de la variable Age con cada una de las otras variables es estadísticamente significativa:

```
# Age vs. Parch
cor.test(train_df[, "Age"], train_df[, "SibSp"])

##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: train_df[, "Age"] and train_df[, "SibSp"]
## t = -8.1778, df = 887, p-value = 9.959e-16
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.3248774 -0.2025573
## sample estimates:
## cor
## -0.2647821
```

```
# Age vs. Parch
cor.test(train_df[, "Age"], train_df[, "Parch"])

##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: train_df[, "Age"] and train_df[, "Parch"]
## t = -5.9489, df = 887, p-value = 3.882e-09
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.2582992 -0.1318210
## sample estimates:
## cor
## -0.1958745
```

```
# Age vs. Parch
cor.test(train_df[, "Age"], train_df[, "Fare"])

##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: train_df[, "Age"] and train_df[, "Fare"]
## t = 2.6359, df = 887, p-value = 0.008537
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 0.02254084 0.15302569
## sample estimates:
## cor
## 0.08816146
```

Como podemos ver todos los p-valores son inferiores a $\alpha = 0.05$, por lo que podemos concluir que todas las variables están significativamente correlacionadas entre sí.

Pregunta d) ¿En cuales de los factores varía de forma significativa el ratio de supervivencia según la categoría?

Estudiamos ahora si hay diferencias significativas de supervivencia entre distintas categorías de los factores. Utilizamos para ello un test de igualdad de proporciones, de supervivientes en nuestro caso.

Realizamos el test de proporciones para cada uno de los factores en el conjunto de datos: `Pclass`, `Age`, `Embarked` y `Fare`. Una forma de realizar este test es, tal y como explican en este enlace, pasando dos vectores a la función `prop.test()`: uno con la cantidad de supervivientes en cada categoría y otro con la cantidad total, sin distinción.

Dado que el proceso es ligeramente más complejo definimos primero la función `ApplyPropTest` que obtiene los dos vectores necesarios e imprime el test, y la aplicamos después a las variables `Pclass`, `Age`, `Embarked` y `Fare`:

```
ApplyPropTest = function(var){
  case.vector = as.vector(table(DidSurvive[, var]))
  total.cases = as.vector(table(train_df[,var]))
  cat(paste("Test for equality of proportions of variable", var, ":\n"))
  print(prop.test(case.vector, total.cases))
}
```

```
ApplyPropTest('Pclass')
```

```
## Test for equality of proportions of variable Pclass :
##
## 3-sample test for equality of proportions without continuity
##  correction
##
## data:  case.vector out of total.cases
## X-squared = 100.98, df = 2, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two.sided
## sample estimates:
##      prop 1      prop 2      prop 3
## 0.2423625 0.4728261 0.6261682
```

```
ApplyPropTest('Sex')
```

```
## Test for equality of proportions of variable Sex :
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  case.vector out of total.cases
## X-squared = 258.43, df = 1, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  0.4908118 0.6121411
## sample estimates:
##      prop 1      prop 2
## 0.7403846 0.1889081
```

```
ApplyPropTest('Embarked')
```

```
## Test for equality of proportions of variable Embarked :
##
## 3-sample test for equality of proportions without continuity
##  correction
##
```

```
## data: case.vector out of total.cases
## X-squared = 26.489, df = 2, p-value = 1.77e-06
## alternative hypothesis: two.sided
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2   prop 3
## 0.5535714 0.3896104 0.3369565
```

```
ApplyPropTest('Title')
```

```
## Test for equality of proportions of variable Title :
##
## 4-sample test for equality of proportions without continuity
## correction
##
## data: case.vector out of total.cases
## X-squared = 287.81, df = 3, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two.sided
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2   prop 3   prop 4
## 0.5750000 0.7027027 0.1617100 0.7936508
```

Como podemos ver la respuesta es unánime: en todos los factores debemos rechazar la hipótesis nula de igualdad de proporciones. Concluimos por lo tanto que en todos los factores el ratio de supervivencia varía dependiendo de la categoría.

Pregunta e) Entrenamos un modelo que prediga la supervivencia en base al resto de variables. ¿Cómo de bueno es el modelo obtenido? ¿Cuales son las variables más importantes a la hora de predecir la supervivencia?

Para responder a esta pregunta recopilamos las conclusiones obtenidas hasta ahora:

- Hemos visto que ninguna de nuestras variables numéricas sigue una distribución normal, y también que todas ellas están significativamente correlacionadas. Esto las hace poco adecuadas para un modelo logístico, que asume ambas condiciones.
- Hemos visto que las variables **Age**, **Fare** y **Parch** tienen una media significativamente diferente cuando comparamos a supervivientes y no supervivientes. Con la variable **SibSp** en cambio esto no pasa, lo cual no quita que no sean predictivas si las hacemos interactuar con otras variables.
- Hemos visto que la proporción de supervivientes entre las distintas categorías de cada una de las variables cualitativas es significativamente diferente.

Las primeras dos conclusiones sugieren claramente que un modelo logístico puede no funcionar bien. La segunda además nos indica en particular que debemos utilizar algún modelo que tenga en cuenta interacciones de variables. La solución más intuitiva es utilizar un árbol de decisión para intentar predecir la supervivencia en función del resto de variables incluidas en el conjunto de datos, como mínimo en un primer modelo.

Como no disponemos de un conjunto de entrenamiento extenso ni de un conjunto de evaluación informado utilizamos la validación cruzada para obtener múltiples árboles y estimar el rendimiento del árbol de decisión que después entrenamos con toda la muestra. Como la proporción de supervivientes es apenas un 0.38% necesitamos además hacer un muestreo estratificado. Utilizamos para ello la librería **Caret** y árboles de decisión **C5.0** obtenidos de la librería **C50**:

```
library(caret)
set.seed(5)
# La función train() requiere modificar los niveles de la variable `Survived`:
Survived =
  factor(train_df[, "Survived"], levels = c(FALSE, TRUE), labels = c("Died", "Survived"))
```

```

# Número de pliegues:
folds = 5
# Índices del muestreo estratificado:
cvIndex = createFolds(Survived, k = folds, returnTrain = T)
# Especificamos que se haga una validación cruzada con k = folds,
# que devuelva también la probabilidad de cada clase y la función resumen a utilizar:
ctrl = trainControl(index = cvIndex,
                    method = 'cv',
                    number = folds,
                    summaryFunction = twoClassSummary,
                    classProbs = T,
                    savePredictions = T)
# Especificamos también que los modelos sean árboles (no reglas),
# que se aplique podado y que no haya "boosting":
tuneGrid = expand.grid(.winnow = TRUE, .trials=1, .model="tree")
# Entremos el modelo:
C5fit = train(x = train_df[,-(1:2)], y = Survived,
             tuneGrid = tuneGrid, trControl = ctrl,
             method = "C5.0", metric = "ROC")

```

Estudiemos las medidas de rendimiento obtenidas mediante la validación cruzada:

```

# Imprimimos los resultados de la validación cruzada:
print(C5fit)

## C5.0
##
## 889 samples
##   8 predictor
##   2 classes: 'Died', 'Survived'
##
## No pre-processing
## Resampling: Cross-Validated (5 fold)
## Summary of sample sizes: 711, 711, 711, 711, 712
## Resampling results:
##
##   ROC      Sens      Spec
## 0.8281687 0.9053545 0.65
##
## Tuning parameter 'trials' was held constant at a value of 1
## Tuning
## parameter 'model' was held constant at a value of tree
## Tuning
## parameter 'winnow' was held constant at a value of TRUE

```

Vemos que obtenemos una área bajo la curva ROC de 0.83, una sensibilidad de 0.9 y un especificidad de 0.65. La conclusión que podemos sacar del valor AUC es que hemos obtenido un modelo con buena capacidad predictiva. Además de eso que la sensibilidad sea considerablemente más elevada que la especificidad nos indica que acierta más al identificar a los supervivientes que a aquellos que murieron.

Como los modelos obtenidos son buenos podemos entrenar un nuevo modelo con toda la muestra de entrenamiento, que el proceso de validación cruzada indica que será bueno también, y tomar las variables más utilizadas por este modelo como las más predictivas. La propia función `train()` crea un modelo final con todo el conjunto de entrenamiento, y la función `varImp()` nos devuelve la proporción de registros afectados por cada una de las variables en este modelo (como indicador de su importancia):

```
# Imprimimos las variables más importantes:
varImp(C5fit)
```

```
## C5.0 variable importance
##
##           Overall
## Title       100.00
## SibSp        39.48
## Pclass       39.48
## Age          15.41
## Embarked     14.06
## Fare         0.00
## Sex          0.00
## Parch        0.00
```

Como podemos ver la variable más determinante es **Title**, seguida en mucha menor medida por **SibSp** y **Pclass**, y con la ayuda también de las variables **Age** y **Embarked**. Las variables **Fare**, **Parch** y **Sex** no se han mostrado apenas relevantes: su importancia no ha superado el mínimo para considerarse positiva, en parte debido al *pruning* (podado de ramificaciones) que hemos aplicado. Aún así debemos tener en cuenta en nuestro análisis de resultados que la variable **Title** contiene información del sexo y la edad, y lo mismo ocurre con la variable **Pclass**, que resume (grosso modo) la información de la variable **Fare**.

El modelo final obtenido entrenando con todo conjunto de entrenamiento es el siguiente:

```
# Imprimimos la información del modelo final:
cat(C5fit$finalModel$output)
```

```
##
## C5.0 [Release 2.07 GPL Edition]      Mon Jun  7 22:11:49 2021
## -----
##
## Class specified by attribute `outcome'
##
## Read 889 cases (9 attributes) from undefined.data
##
## 2 attributes winnowed
## Estimated importance of remaining attributes:
##
##      84% Sex
##      21% SibSp
##       9% Title
##       8% Pclass
##       6% Age
##      <1% Embarked
##
## Decision tree:
##
## Title = Mr: Died (538/87)
## Title in {Master, Miss, Mrs}:
## :...SibSp > 2:
##   :...Pclass = 3: Died (35/3)
##   :   Pclass in [2-1]: Survived (3)
##   SibSp <= 2:
##   :...Pclass in [2-1]: Survived (176/9)
##   :   Pclass = 3:
##   :   :...Age > 38: Died (12/1)
```



```
##           Age <= 38:
##           :...Embarked in {C,Q}: Survived (58/15)
##           Embarked = S:
##           :...Title = Miss: Died (41/18)
##           Title in {Master,Mrs}: Survived (26/8)
##
##
## Evaluation on training data (889 cases):
##
##           Decision Tree
##           -----
##           Size      Errors
##
##           8  141(15.9%)  <<
##
##           (a)   (b)   <-classified as
##           ----  ----
##           517   32   (a): class Died
##           109   231  (b): class Survived
##
##
## Attribute usage:
##
## 100.00% Title
## 39.48% Pclass
## 39.48% SibSp
## 15.41% Age
## 14.06% Embarked
##
##
## Time: 0.0 secs
```

Es interesante observar que la primera división podría verse también como combinación de sexo y edad: indica que los hombres adultos murieron en su gran mayoría.

5. Representación de los resultados

5 a) Representación de la no normalidad de los datos

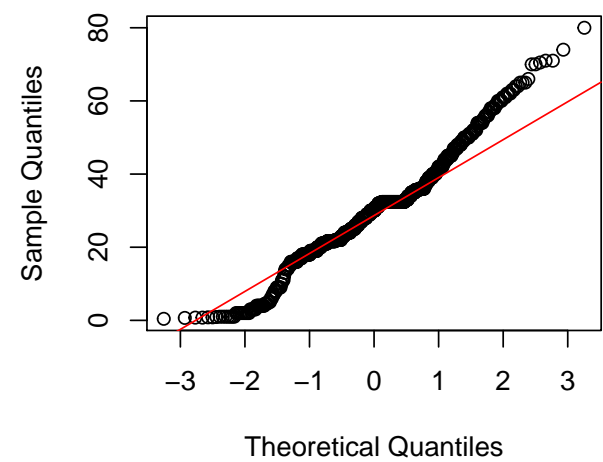
Para representar de manera gráfica la no normalidad de los datos dibujamos gráficas de tipo cuantil-cuantil (para la distribución normal en este caso) y histogramas para cada una de las variables numéricas:

```
# Fijamos la disposición de gráficas a 2 por fila:
par(mfrow = c(1,2))
# Iteramos sobre las variables numéricas
for(var in colnames(Filter(is.numeric, train_df[, -1]))) {
  # Añadimos los puntos:
  qqnorm(train_df[, var],
    main = paste("Gráfica Q-Q vs. distribución\n normal de la variable",
      var))

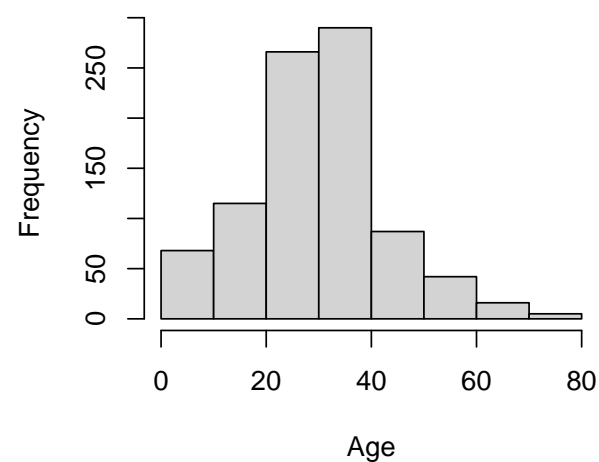
  # Añadimos la línea:
  qqline(train_df[, var], col="red")
  # Añadimos el histograma:
  hist(train_df[, var],
```

```
main = paste("Histograma de la variable", var),
xlab = var)
}
```

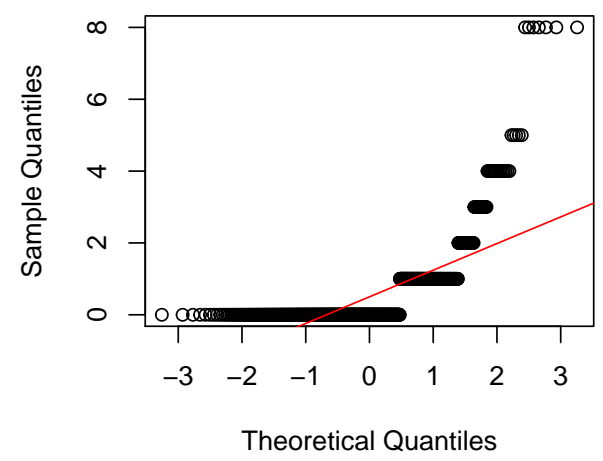
Gráfica Q-Q vs. distribución normal de la variable Age



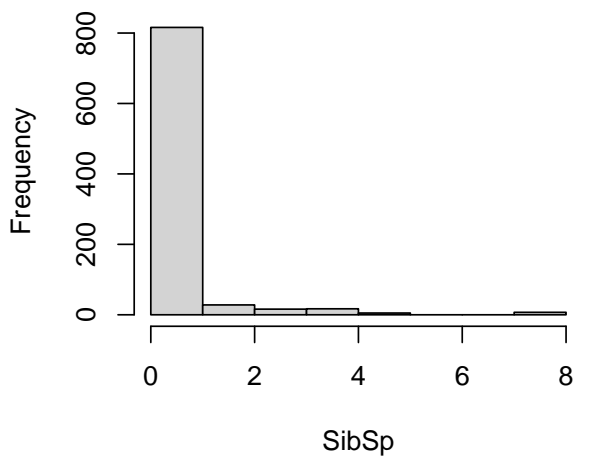
Histograma de la variable Age

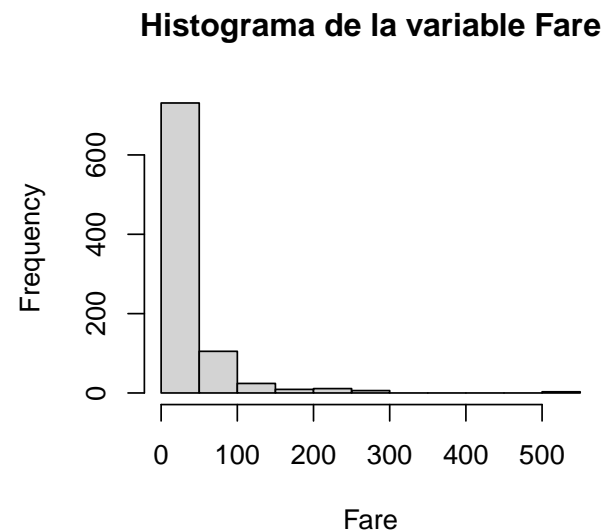
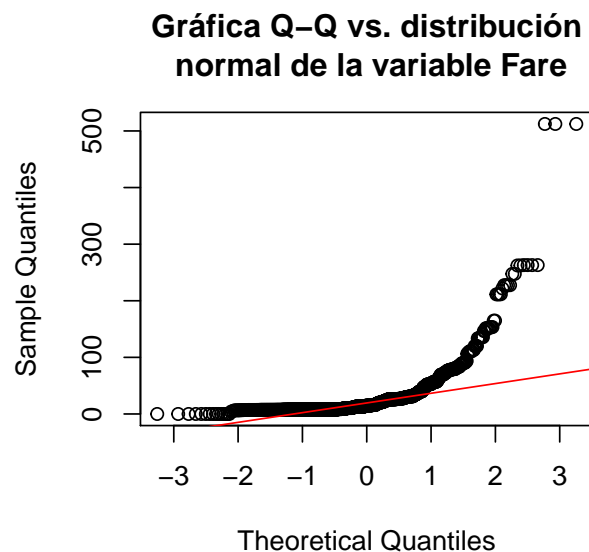
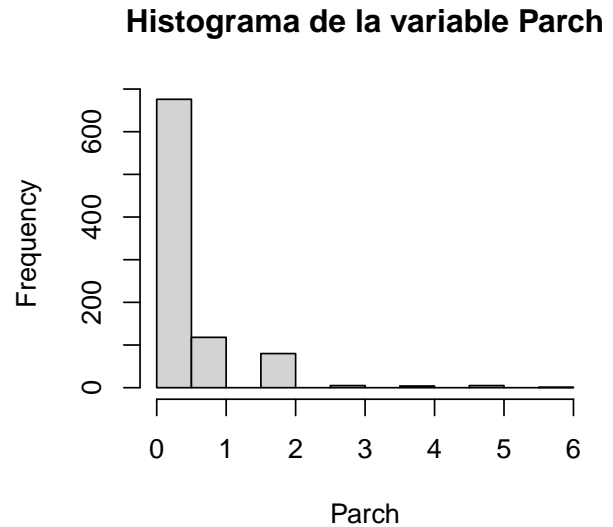
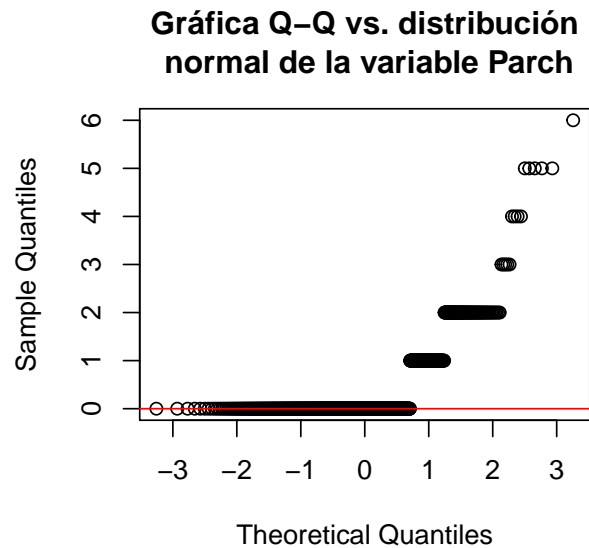


Gráfica Q-Q vs. distribución normal de la variable SibSp



Histograma de la variable SibSp





Observando estas gráficas es claro porque los tests han rechazado que estas variables sigan una distribución normal.

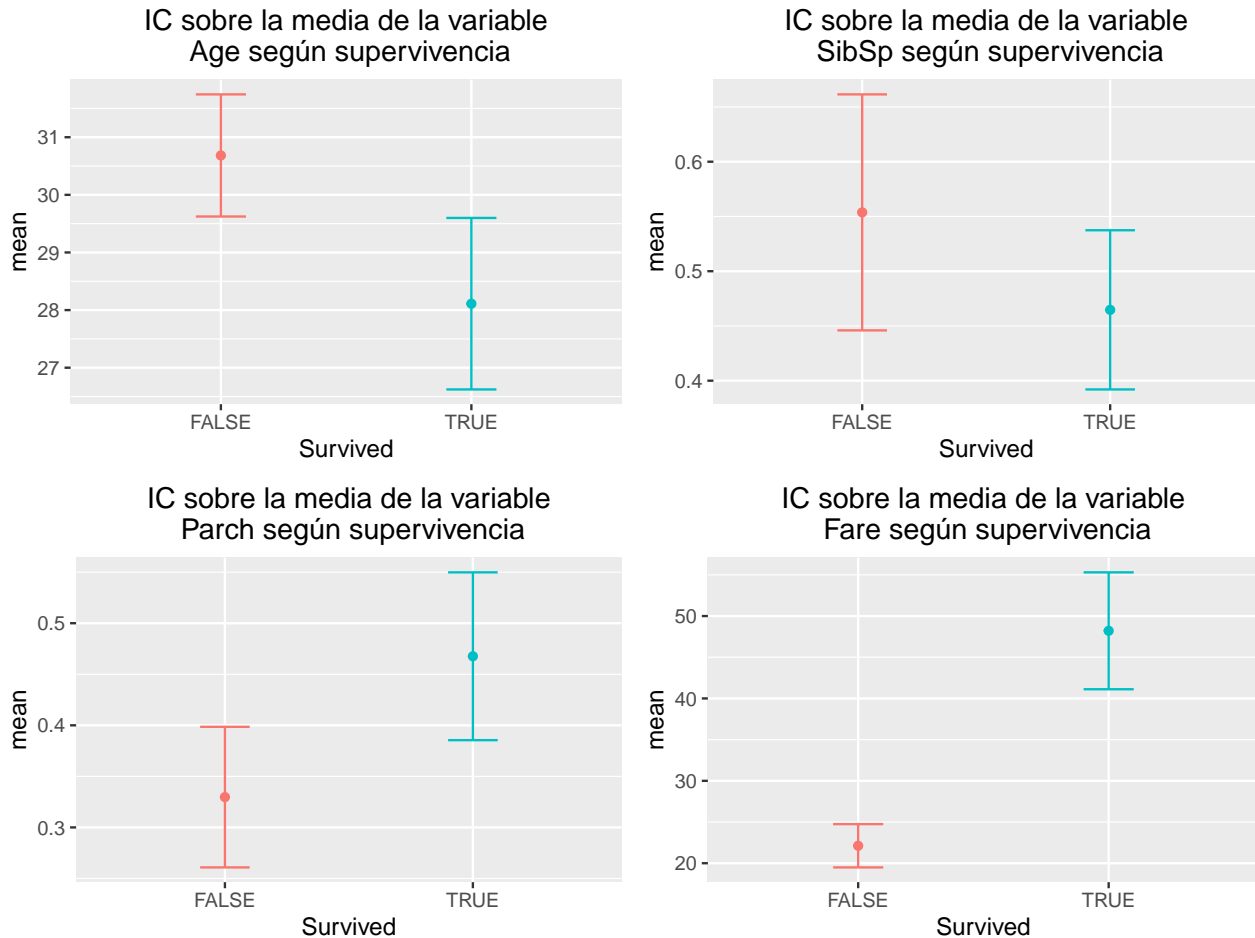
5 b) Representación de las medias de las variables cuantitativas según la supervivencia

Podemos representar de manera gráfica el Test de la t de Student dibujando los intervalos de confianza sobre la media de cada variable numérica según la supervivencia:

```
library(dplyr)

MeanPlot = function(var){
  # Obtenemos un nuevo dataframe con la media y la desviación estándar
  aux_df = train_df %>% group_by(Survived) %>% dplyr::summarise(
    n = n(),
    mean = mean(get(var)),
    sd = sd(get(var)))
}
```

```
# Dibujamos el gráfico:
ggplot(aux_df, aes(x=Survived, y=mean, group=Survived, color=Survived)) +
  geom_point() + geom_errorbar(aes(ymin=mean-1.96*sd/sqrt(n), ymax=mean+1.96*sd/sqrt(n)),
                                width=.2, position=position_dodge(0.05)) +
  ggtitle(paste("IC sobre la media de la variable", var, "según supervivencia")) +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5), legend.position="none") +
  scale_fill_manual(values = c("red3", "green2"))
}
gridExtra::grid.arrange(grobs = lapply(colnames(Filter(is.numeric, train_df[,-1])), MeanPlot))
```

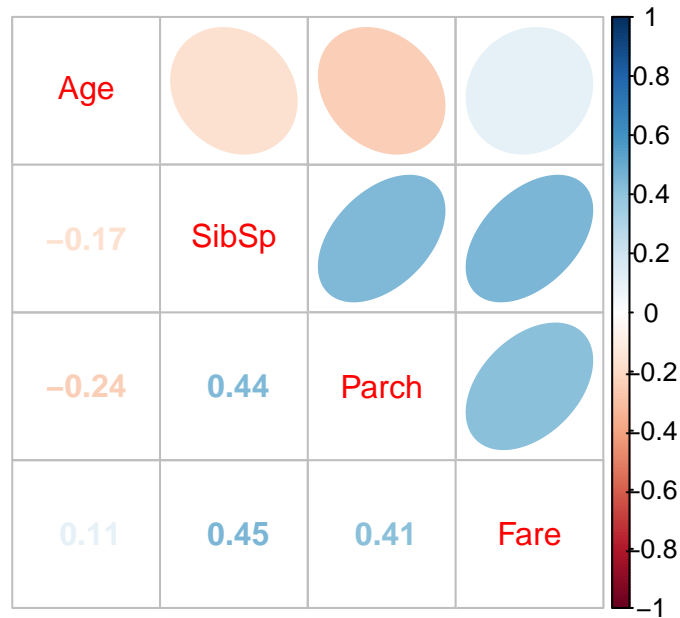


Tal y como podemos observar en todas las variables excepto **SibSp** la media es claramente diferente, tanto que los intervalos de confianza apenas se solapan (o ni se tocan, en la variable **Fare**). En la variable **SibSp** en cambio podemos ver que ambas medias de los dos grupos caen en el intervalo de confianza del otro grupo, razón por la cual el test concluye que la diferencia de medias no es significativa.

5 c) Representación de la correlación entre las variables numéricas

Representamos la correlación entre las variables numéricas del conjunto de datos tanto de forma numérica como con una representación elipsoidal usando la librería **corrplot**:

```
corrplot::corrplot.mixed(
  cor(Filter(is.numeric, train_df[,-1]), method = "spearman"),
  lower = "number", upper = "ellipse")
```

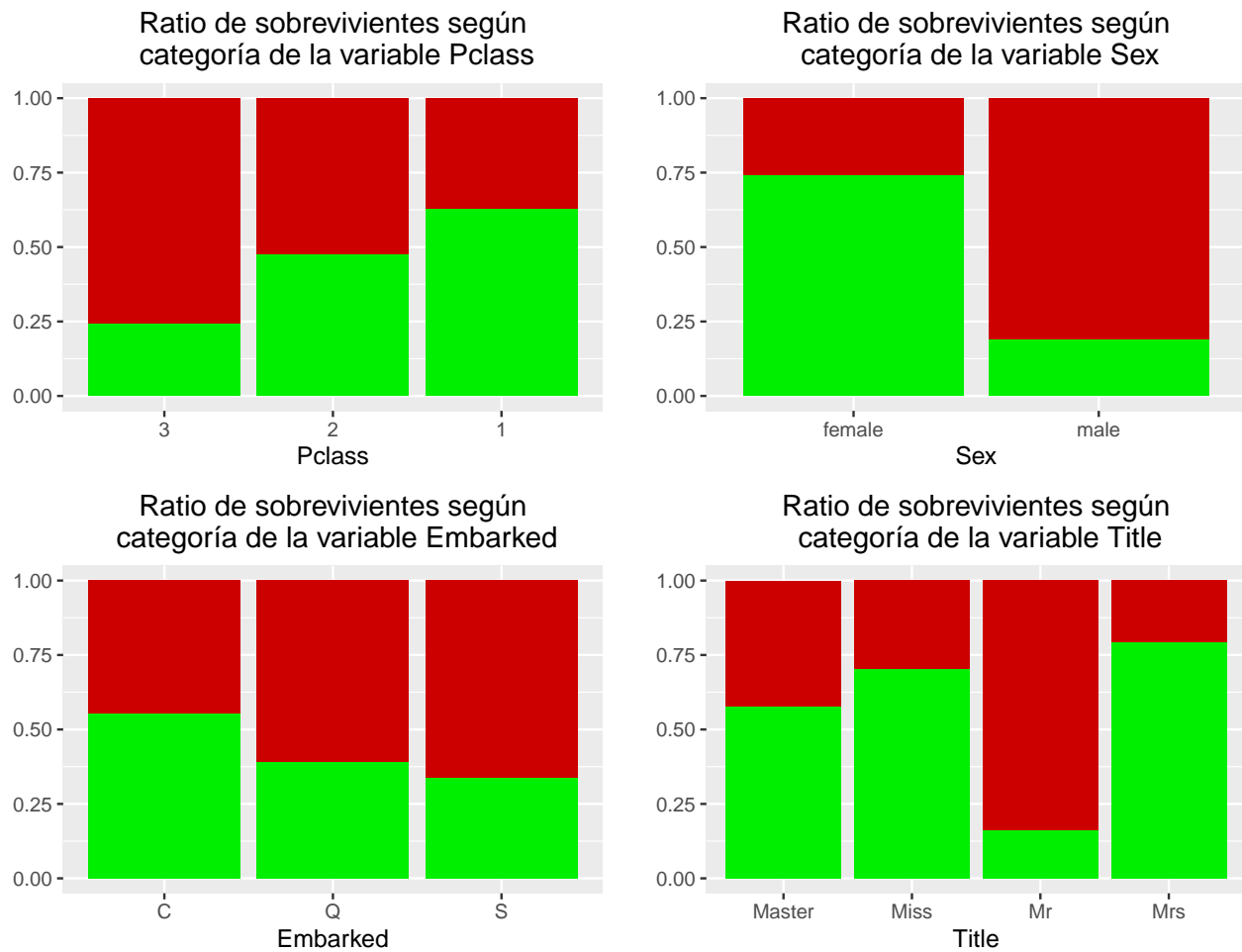


5 d) Representación del ratio de supervivencia según categoría de las variables cualitativas

A continuación representamos el ratio de supervivencia según la categoría de cada una de las variables cualitativas estudiadas:

```
FillPlots= function(var1){
  bp = ggplot(data=train_df, aes(x=get(var1), fill=Survived)) + geom_bar(position = "fill") +
    ggtitle(paste("Ratio de sobrevivientes según\n categoría de la variable", var1)) +
    ylab("") + xlab(var1) +
    theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5), legend.position="none") +
    scale_fill_manual(values = c("red3", "green2"))
  return(bp)
}

gridExtra::grid.arrange(grobs = lapply(colnames(Filter(is.factor, train_df[,-(1:2)])), FillPlots))
```

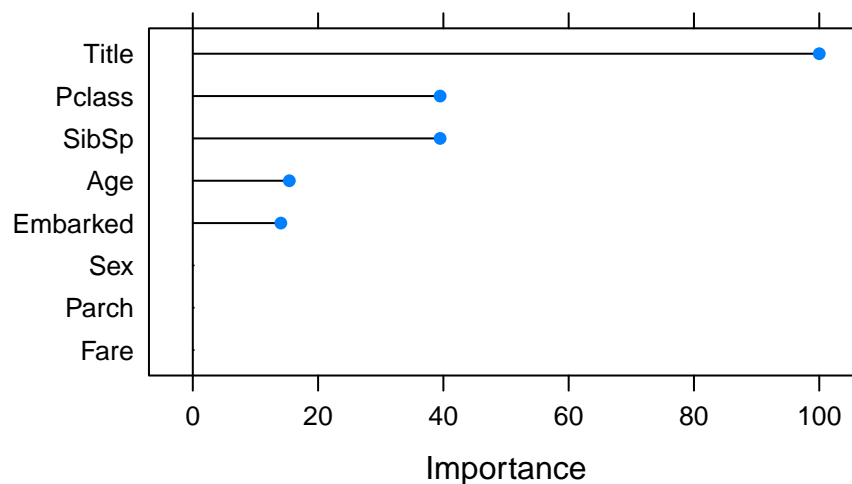


Vemos que efectivamente hay diferencias significativas en todas las variables.

5 e) Representación de la importancia de las variables en la predicción

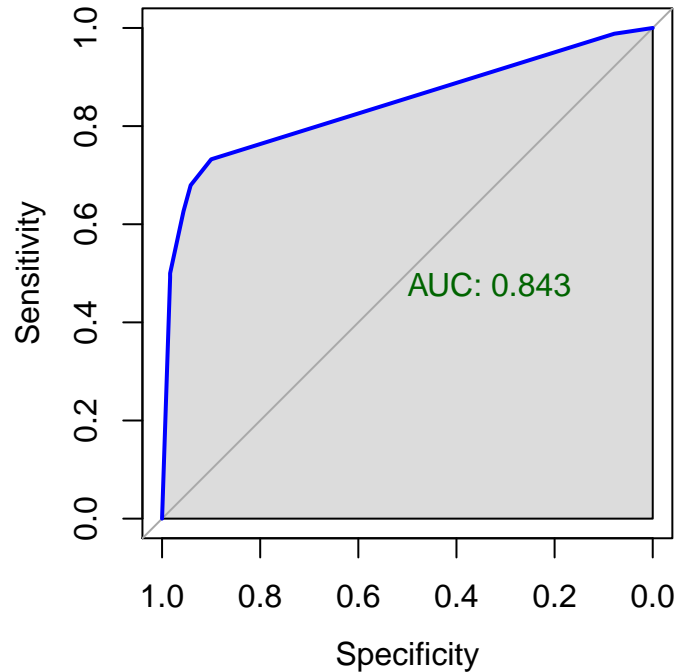
Finalmente representamos las variables más importantes encontradas mediante validación cruzada de árboles de decisión:

```
plot(varImp(C5fit))
```



Representamos también la curva ROC del modelo final con toda la muestra de entrenamiento:

```
pROC::plot.roc(as.numeric(train_df$Survived)-1,
               predict(C5fit$finalModel, train_df, type="prob")[,2],
               col = "blue", print.auc.col = "darkgreen",
               print.auc = TRUE, identity = TRUE, auc.polygon=TRUE)
```



Nota: si bien aquí sería interesante dibujar el árbol obtenido mediante el código `plot(C5fit$finalModel)`, parece haber algún nuevo tipo de incompatibilidad entre las librerías C50 y `partykit` impidiéndolo.

6. Resolución del problema y conclusiones

Hemos extraído las siguientes conclusiones del análisis:

- Hemos visto que las variables numéricas no siguen una distribución normal, y además estaban correlacionadas. Por otra parte hemos encontrado diferencias significativas en la media de las submuestras de supervivientes y no supervivientes, lo cual nos indicaba que podía ser interesante utilizarlas en la predicción.
- Hemos visto que había diferencias significativas en la proporción de supervivientes entre las diferentes categorías de las variables categóricas.
- Hemos realizado una estimación del AUC en evaluación utilizando validación cruzada obteniendo un valor de 0.83. Hemos entrenado también un árbol de decisión C5.0 sobre la muestra de entrenamiento completa y obtenido un AUC de 0.84.
- Como el valor del AUC del modelo final es bueno hemos asumido que las variables más importantes a la hora de predecir la supervivencia en el dataset Titanic son las que este modelo ha encontrado más importantes: `Title`, `SibSp`, `Pclass`, `Age` y `Embarked`.

Concluimos por lo tanto que hemos cumplido de forma satisfactoria los objetivos marcados.

7. Código

El fichero RMarkdown (.rmd) origen de este documento está disponible para descarga en el siguiente enlace de Github:

https://github.com/ander-elkoroaristizabal/Titanic/blob/main/source/Titanic_analysis.Rmd

Este documento está disponible en 3 formatos:

- Formato Markdown, que puede leerse directamente en Github.
- Formato pdf.
- Formato html.

Los datos finales analizados están en la carpeta **data** del repositorio, más concretamente el siguiente enlace:

https://github.com/ander-elkoroaristizabal/Titanic/blob/main/data/train_clean.csv