Universitat Oberta de Catalunya

TIPOLOGIA Y CICLO DE VIDA DE LOS DATOS

PRACTICA 2.

Victor Manuel Vásquez Rivas - Francisco Javier Moreno Hernández

Mayo 2019

1 Descripción, limpieza y tratamiento en los datos

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

El data set que hemos seleccionado, llamado “heart-disease-uci”, o lo que es lo mismo, “enfermedades-corazon-uci”, se refiere a pacientes. Tenemos una lista de atributos con características de los pacientes, como son edad, sexo, colesterol en sangre, máximo ritmo cardíaco y otros indicadores médicos. La variable “target” indica si el paciente tiene enfermedad cardíaca o no y es la variable sobre la que querremos hacer predicciones.

Hemos encontrado el data set interesante porque aunque los datos en el csv son numéricos ya vemos de un principio que hay datos categóricos.

Por otra parte, la variable “target” parece que nos va a permitir realizar estudios de diferente tipo como son: clasificación de pacientes, regresiones para predecir el valor, etc.

```
diseases<-read.csv("input/heart.csv", sep=",",na.strings = "NA")
dim(diseases)
```

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

```
str(diseases)
```

```
## '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 ...
```

```
summary(diseases)
```

```
##       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
```

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

A continuación se describirán el significado de cada una de las variables del data set:

- age: edad en años.
- sex: 1 = masculino; 0 = femenino.
- cp: tipo de dolor de pecho.
- trestbps: presión arterial en reposo (en mm Hg al ingreso en el hospital).
- chol: suero colestoral en mg/dl.
- fbs: azúcar en la sangre en ayunas > 120 mg/dl (1 = verdadero; 0 = falso).
- restecg: resultados de electrocardiograma en reposo.
- thalach: maximo ritmo cardiaco alcanzado
- exang: angina inducida por el ejercicio (1 = sí; 0 = no)
- oldpeak: depresión del ST inducida por el ejercicio en relación con el descanso.
- slope: Pendiente maxima del segmento del ejercicio ST.
- ca: número de vasos principales (0-3) coloreados por fluoroscopia.
- thal: 3 = normal; 6 = defecto fijo; 7 = defecto reversible
- target: 1 o 0

Para la selección de los atributos, comenzaremos revisando las relaciones entre los distintos atributos y el atributo target el cual indica si existe o no un problema cardiaco, así diagnosticar si son representativos o pueden ser eliminados.

```
#Cargamos antes algunas librerías que utilizaremos
if(!require(ggplot2)){
    install.packages('ggplot2', repos='http://cran.us.r-project.org')
    library(ggplot2)
}
```

```
## Loading required package: ggplot2
```

```
if(!require(grid)){
    install.packages('grid', repos='http://cran.us.r-project.org')
    library(grid)
}
```

```
## Loading required package: grid
```

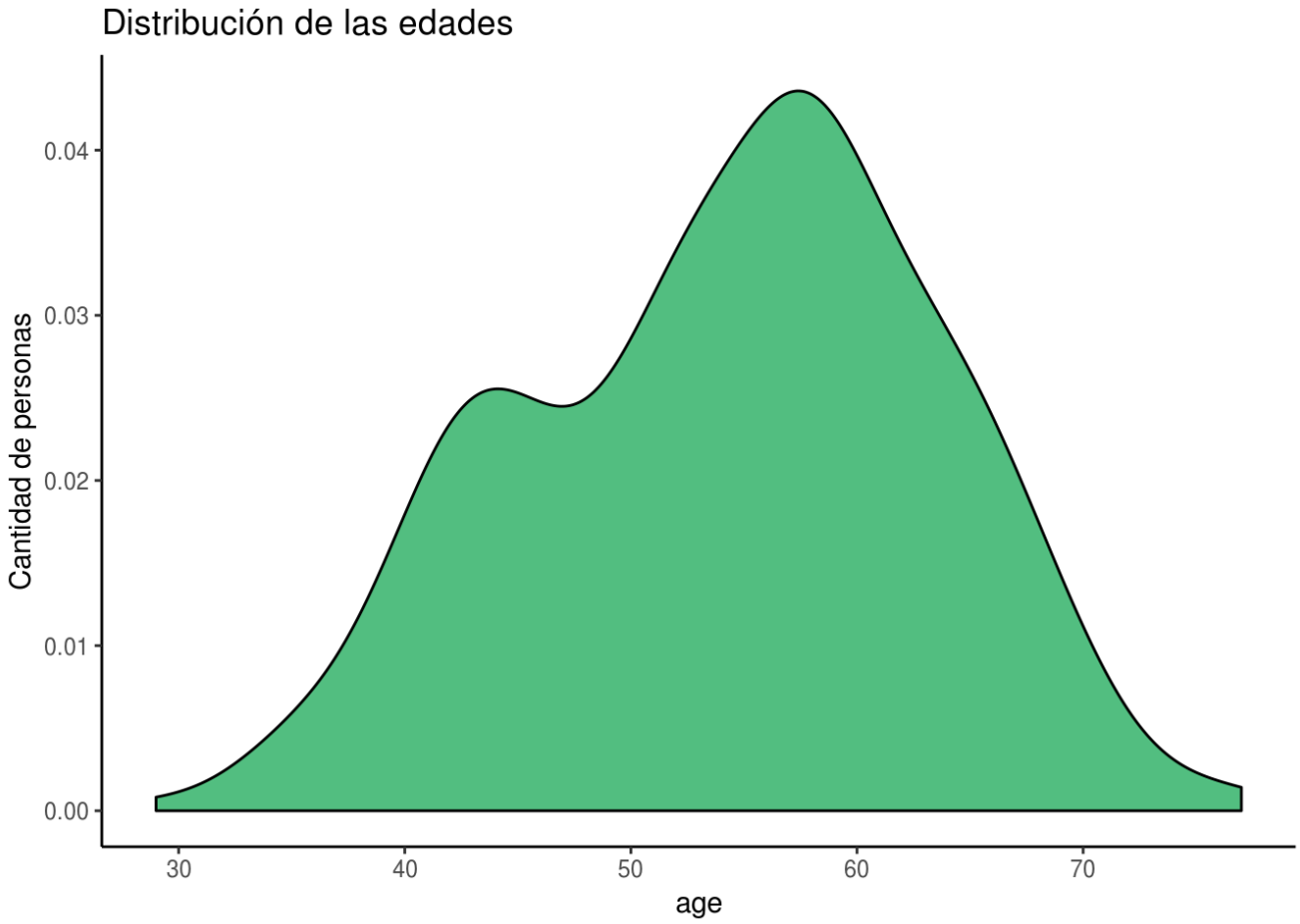
```
if(!require(gridExtra)){
    install.packages('gridExtra', repos='http://cran.us.r-project.org')
    library(gridExtra)
}
```

```
## Loading required package: gridExtra
```

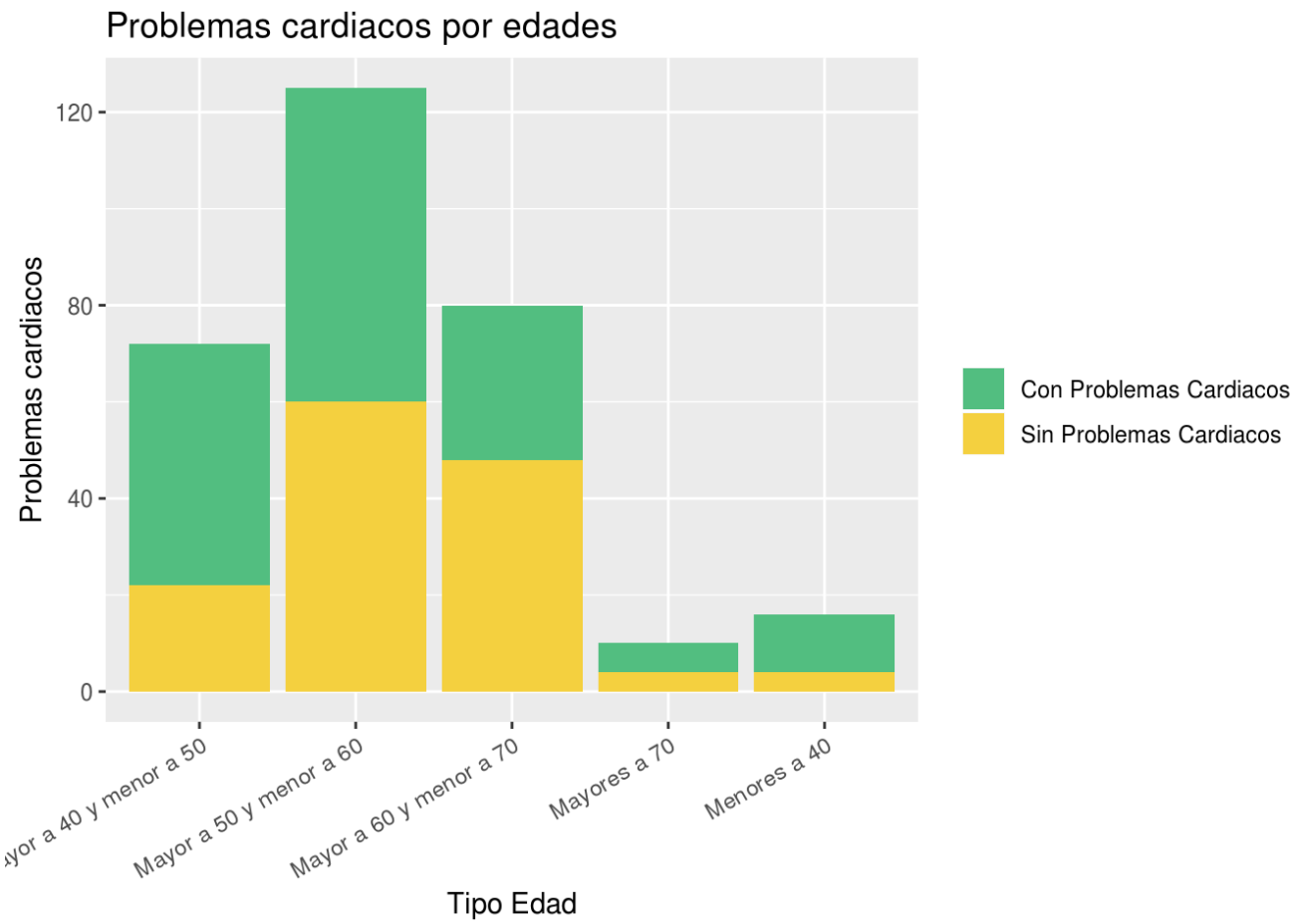
```
#Trasformaremos algunos datos para poder grafcar las variables y encontrar las de i
nterés

diseases$target.tipo[diseases$target == 0 ]="Sin Problemas Cardiacos"
diseases$target.tipo[diseases$target > 0 ]="Con Problemas Cardiacos"
diseases$age.tipo[diseases$age < 40 ]="Menores a 40"
diseases$age.tipo[diseases$age >= 40 & diseases$age < 50 ]="Mayor a 40 y menor a 5
0"
diseases$age.tipo[diseases$age >= 50 & diseases$age < 60 ]="Mayor a 50 y menor a 6
0"
diseases$age.tipo[diseases$age >= 60 & diseases$age < 70 ]="Mayor a 60 y menor a 7
0"
diseases$age.tipo[diseases$age >= 70 ]="Mayores a 70"
diseases$sex.tipo[diseases$sex == 0 ] = "Femenino"
diseases$sex.tipo[diseases$sex == 1 ] = "Masculino"
diseases$cp.tipo = as.factor(diseases$cp)
diseases$trestbps.tipo[diseases$trestbps < 100] = "Menor a 100"
diseases$trestbps.tipo[diseases$trestbps >= 100 & diseases$trestbps < 140] = "Mayor
a 100 y menor a 150"
diseases$trestbps.tipo[diseases$trestbps >= 140 & diseases$trestbps < 180] = "Mayor
a 140 y menor a 180"
diseases$trestbps.tipo[diseases$trestbps >= 180] = "Mayor a 180"
diseases$chol.tipo[diseases$chol < 200] = "Menor a 200"
diseases$chol.tipo[diseases$chol >= 200 & diseases$chol < 300] = "Mayor a 200 y men
or a 300"
diseases$chol.tipo[diseases$chol >= 300 & diseases$chol < 400] = "Mayor a 300 y men
or a 400"
diseases$chol.tipo[diseases$chol >= 400] = "Mayor a 400"
diseases$fbs.tipo = as.factor(diseases$fbs)
diseases$restecg.tipo = as.factor(diseases$restecg)
diseases$thalach.tipo[diseases$thalach < 100] = "Menor a 100"
diseases$thalach.tipo[diseases$thalach >= 100 & diseases$thalach  < 150] = "Mayor a
100 y menor a 150"
diseases$thalach.tipo[diseases$thalach >= 150 & diseases$thalach  < 200] = "Mayor a
150 y menor a 200"
diseases$thalach.tipo[diseases$thalach >= 200] = "Mayor a 100"
diseases$exang.tipo = as.factor(diseases$exang)
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak < 1] = "Menor a 1"
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak >= 1 & diseases$oldpeak < 2] = "Mayor a 1 y
 menor a 2"
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak >= 2 & diseases$oldpeak < 3] = "Mayor a 2 y
 menor a 3"
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak >= 3 & diseases$oldpeak < 4] = "Mayor a 3 y
 menor a 4"
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak >= 4 & diseases$oldpeak < 5] = "Mayor a 4 y
 menor a 5"
diseases$oldpeak.tipo[diseases$oldpeak >= 5] = "Mayor a 5"
diseases$slope.tipo = as.factor(diseases$slope)
diseases$ca.tipo = as.factor(diseases$ca)
```

```
diseases$thal.tipo = as.factor(diseases$thal)


# Distribución de las edades
ggplot(diseases,aes(x = age)) + geom_density(bins =30,fill ="#52BE80") + theme_bw()
+ theme_classic() +ggtitle("Distribución de las edades") +ylab("Cantidad de persona
s")
```

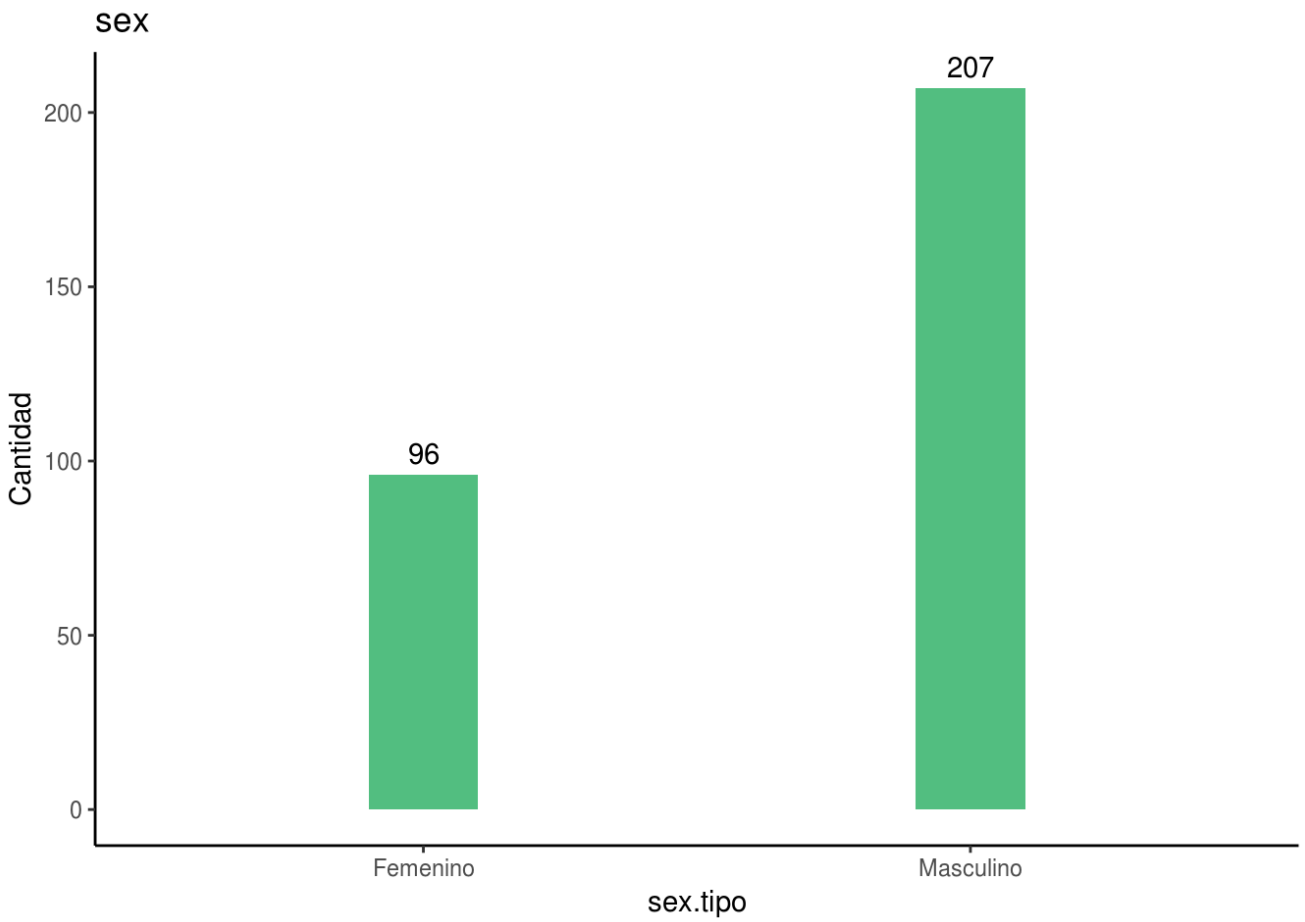
```
## Warning: Ignoring unknown parameters: bins
```



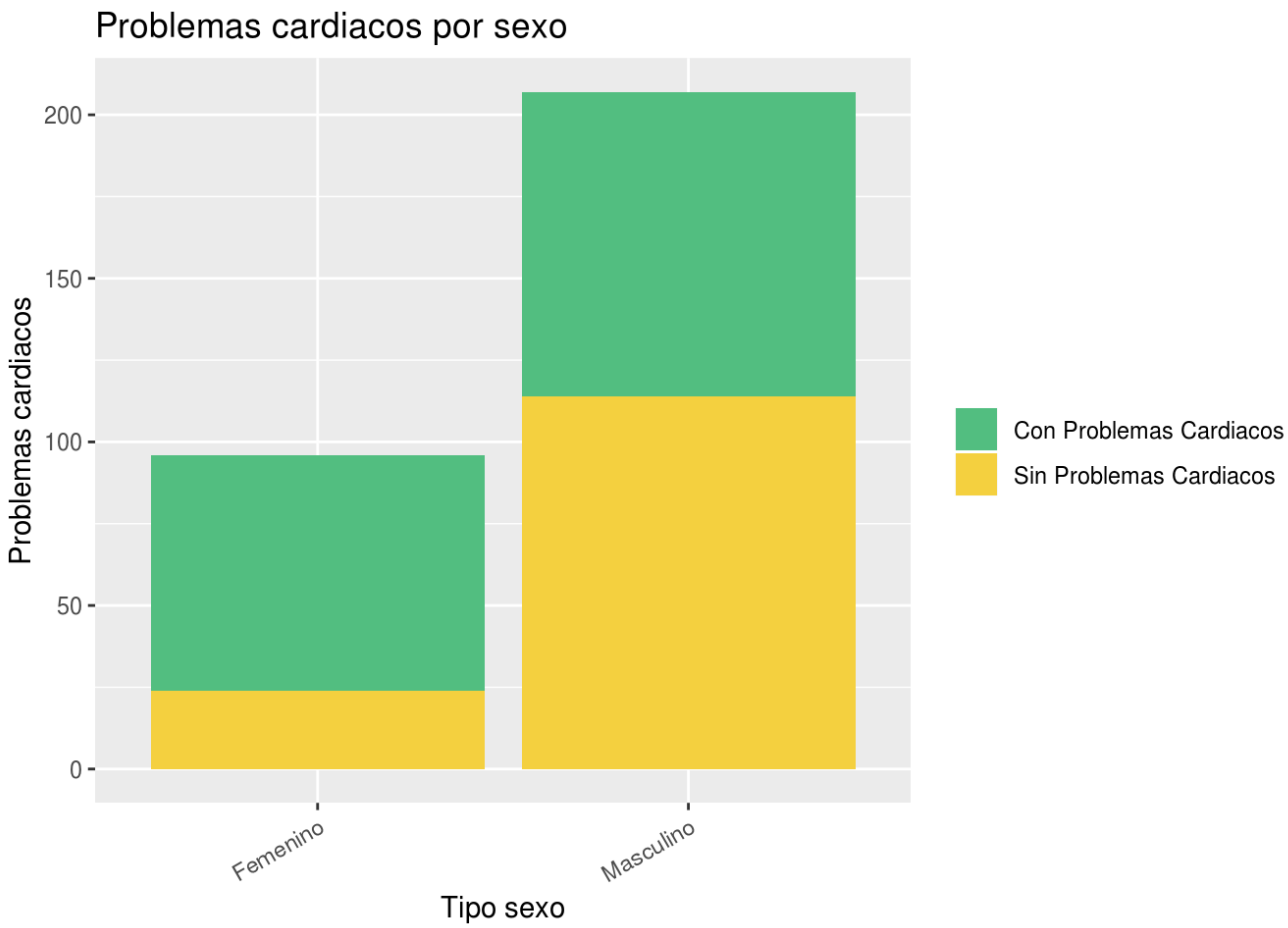

```
# Distribución de problemas cardiacos por edad
ggplot(diseases,aes(age.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo Edad", y=
"Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas car
diacos por edades")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + theme(axis.
text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```



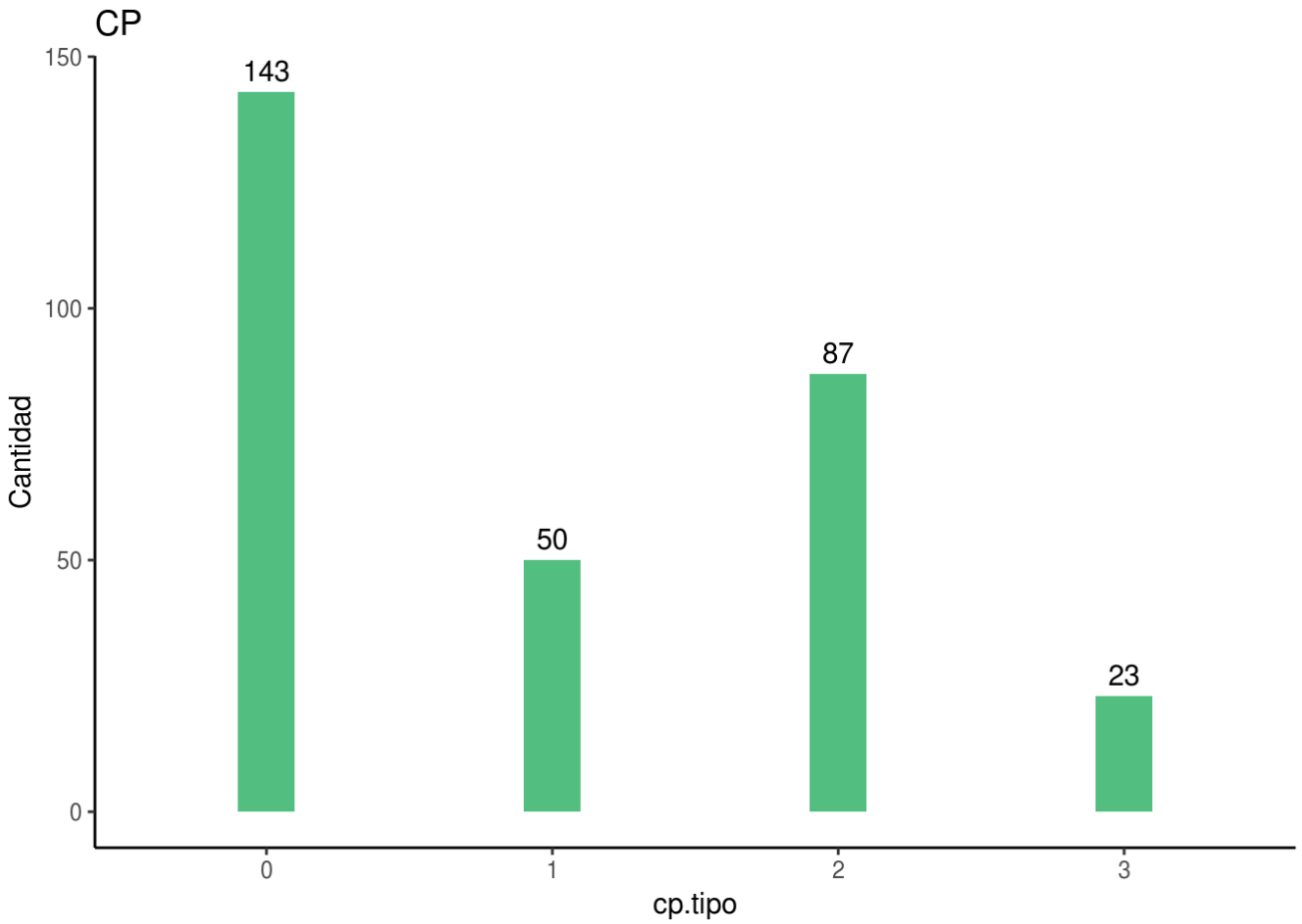

```
# Distribución por sexo
ggplot(diseases,aes(x =sex.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_te
xt(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic()
+ylab("Cantidad") + ggtitle("sex")
```



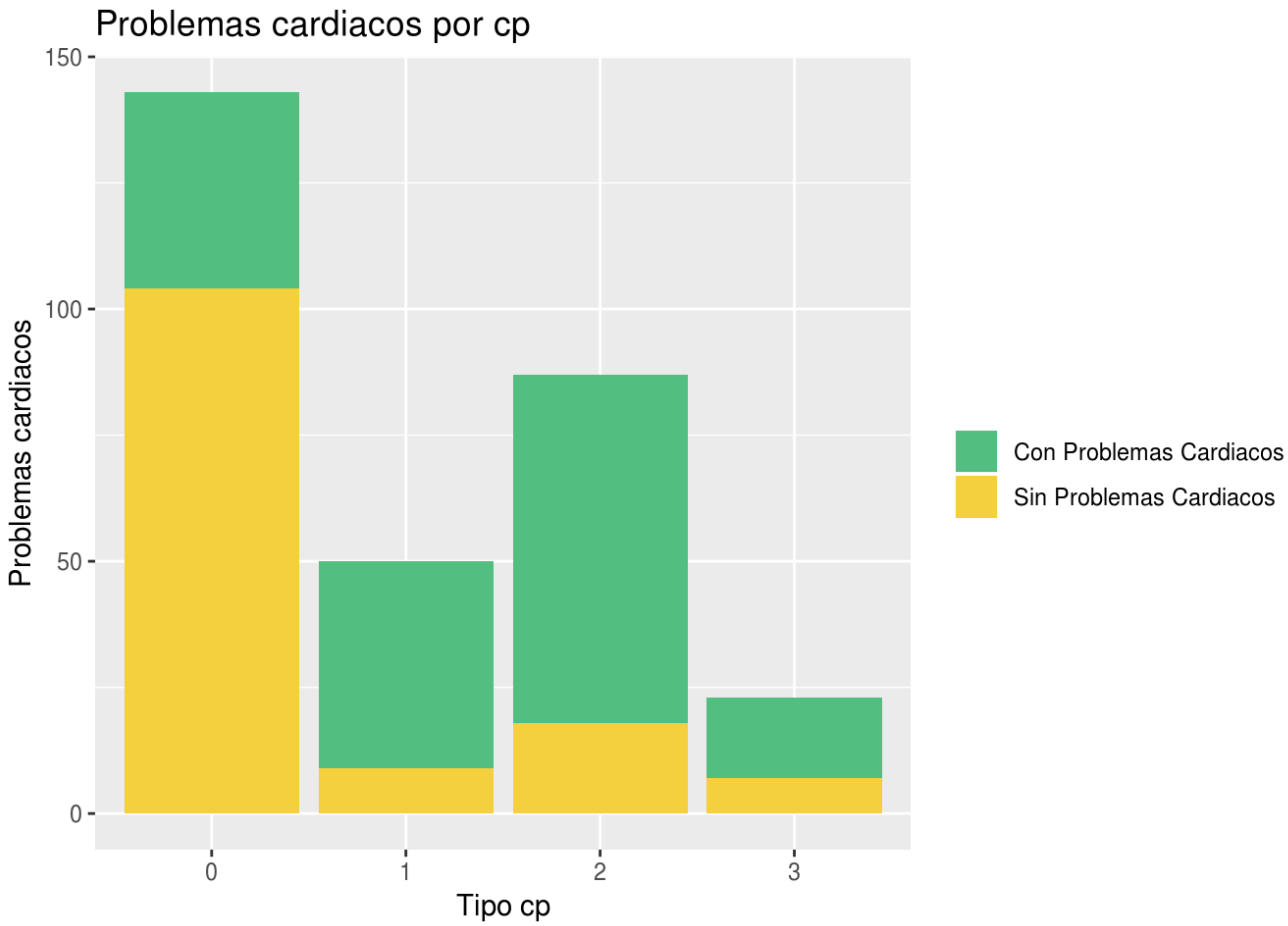

```
# Distribución de problemas cardiacos por sexo
ggplot(diseases,aes(sex.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo sexo", y=
"Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas car
diacos por sexo")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + theme(axis.te
xt.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```




```
# Distribución por CP
ggplot(diseases,aes(x =cp.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_tex
t(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic()
 +ylab("Cantidad") + ggtitle("CP")
```

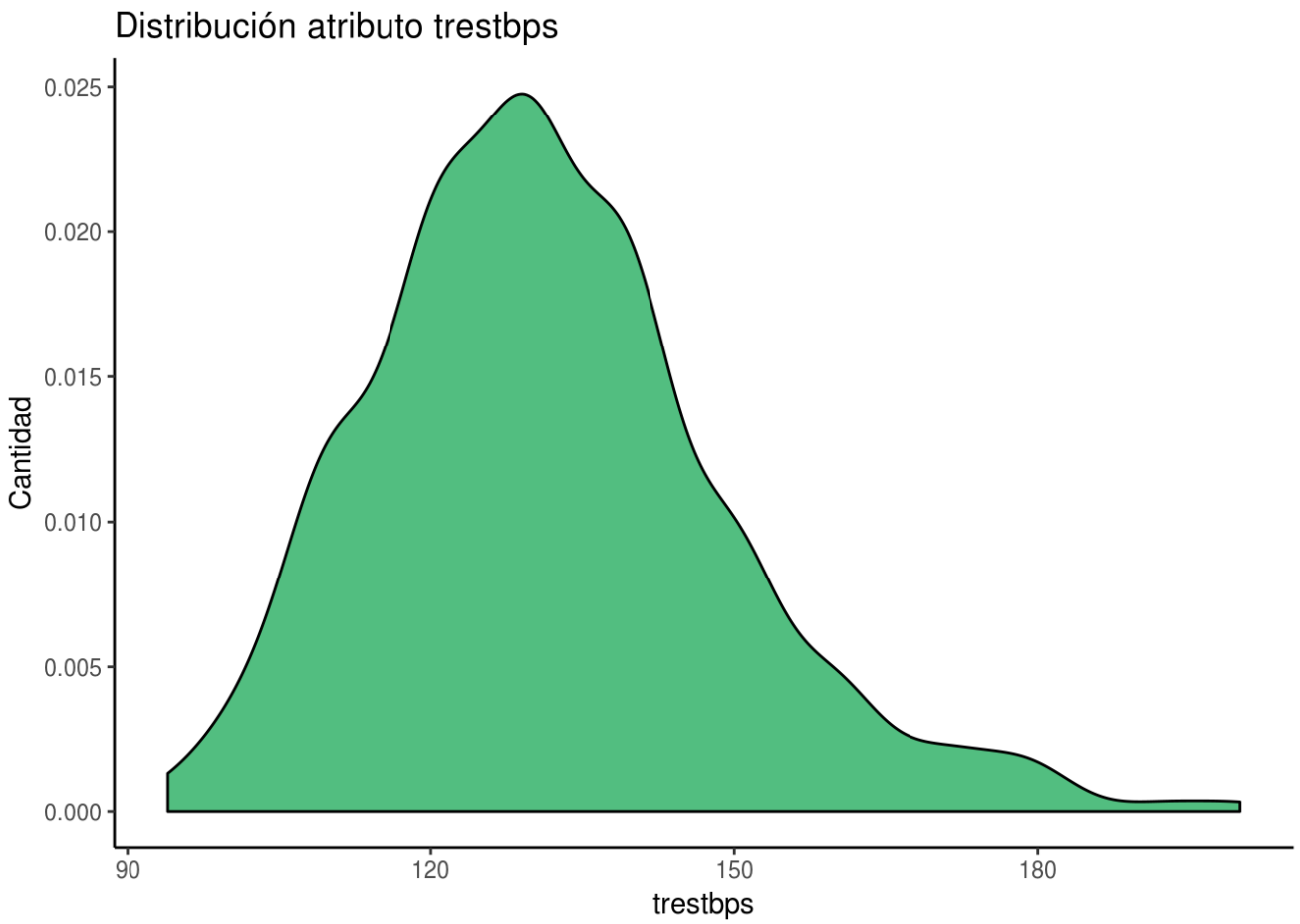



```
# Distribución de problemas cardiacos por CP
#Esta es una variable importante en donde podemos ver que si el tipo de CP es 0 exi
sten menos probabilidades que tenga un problema cardiaco.
ggplot(diseases,aes(cp.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo cp", y="Pro
blemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas cardiac
os por cp")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```

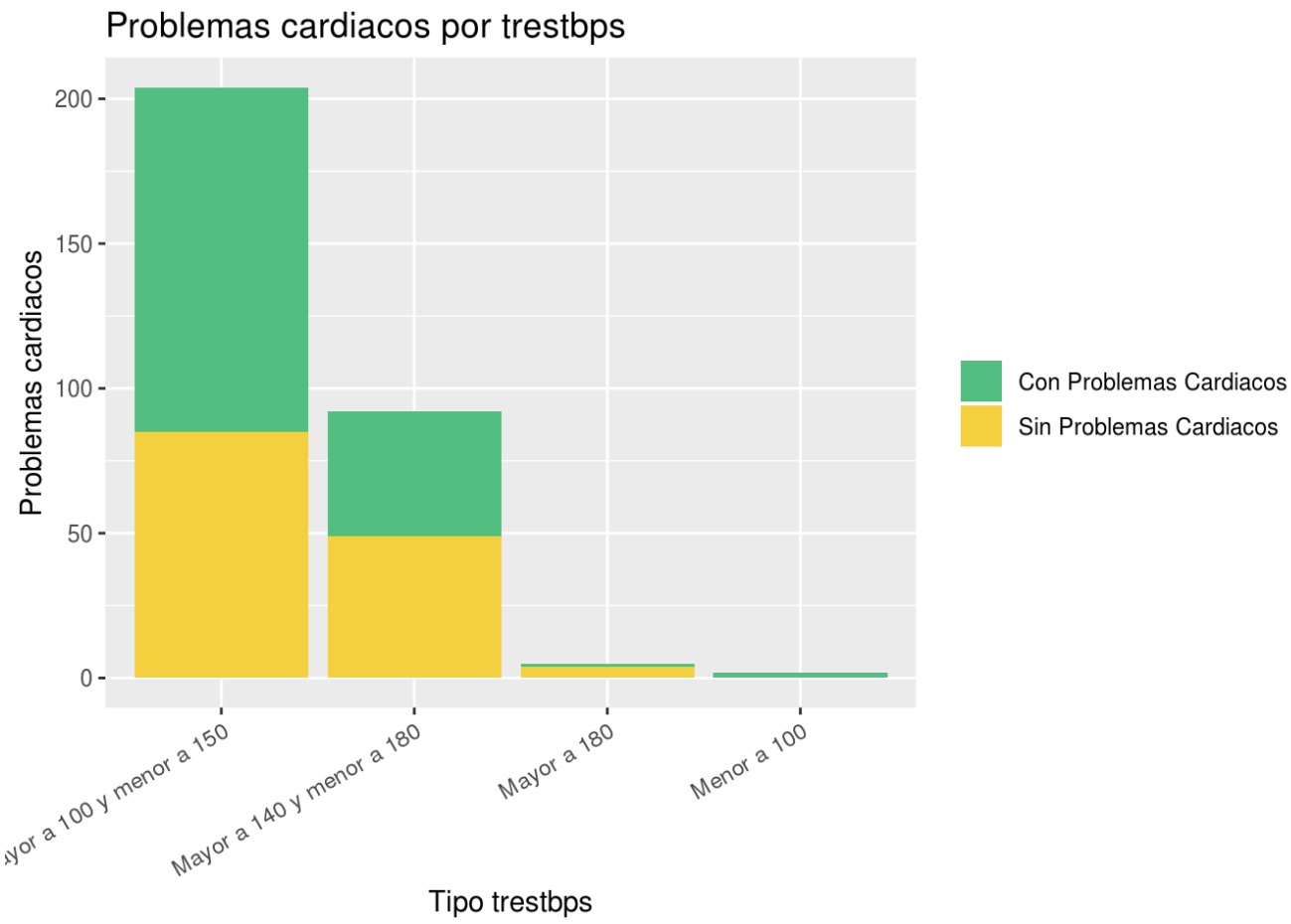



```
# Distribución por trestbps
ggplot(diseases,aes(x = trestbps)) + geom_density(bins =30,fill ="#52BE80") + theme
_bw() + theme_classic() +ggtitle("Distribución atributo trestbps")  + ylab("Cantida
d")
```

```
## Warning: Ignoring unknown parameters: bins
```

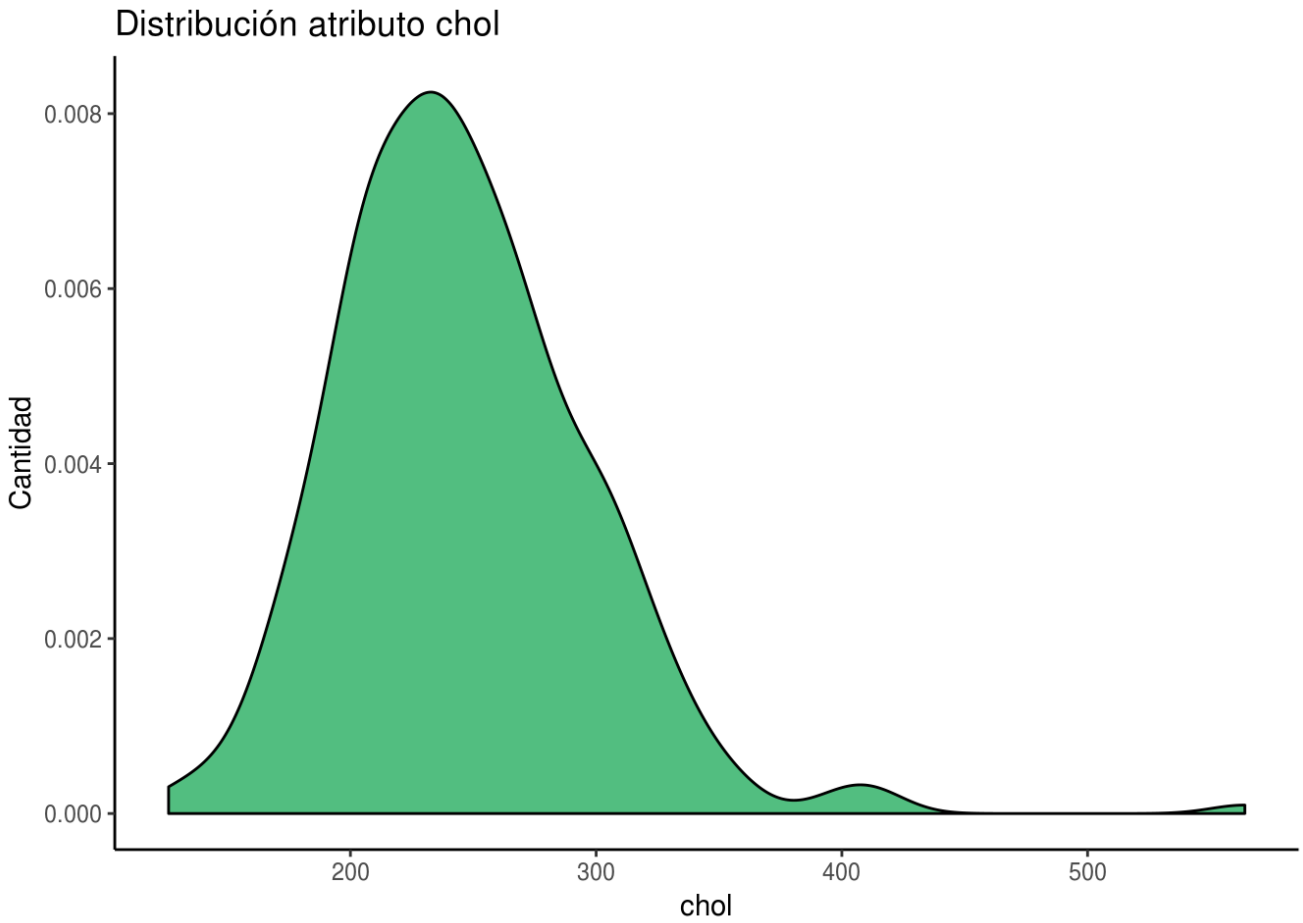



```
# Distribución de problemas cardiacos por trestbps
ggplot(diseases,aes(trestbps.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo trest
bps", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Probl
emas cardiacos por trestbps")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + t
heme(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```

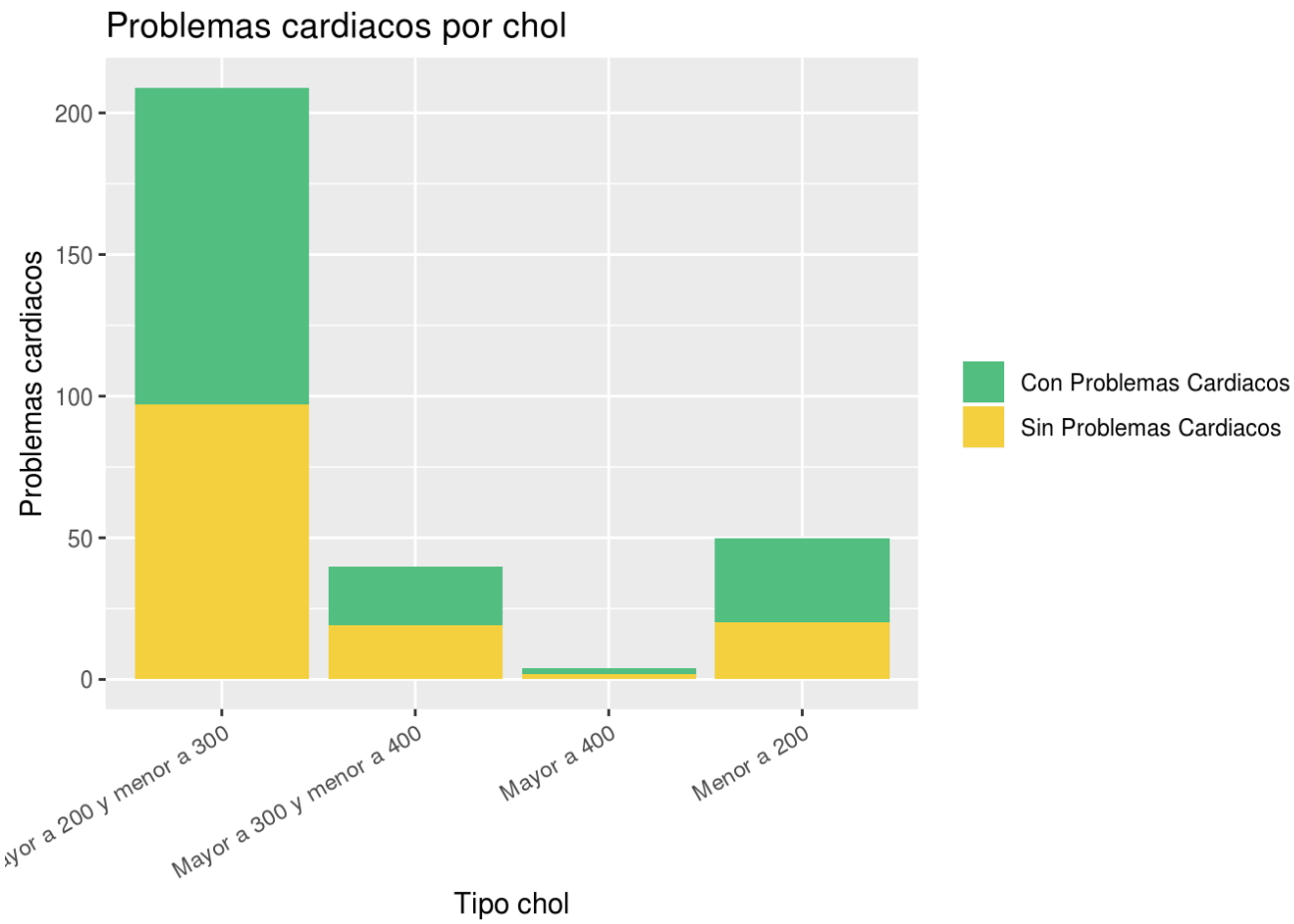



```
# Distribución chol
ggplot(diseases,aes(x = chol)) + geom_density(bins =30,fill ="#52BE80") + theme_bw
() + theme_classic() +ggtitle("Distribución atributo chol")  + ylab("Cantidad")
```

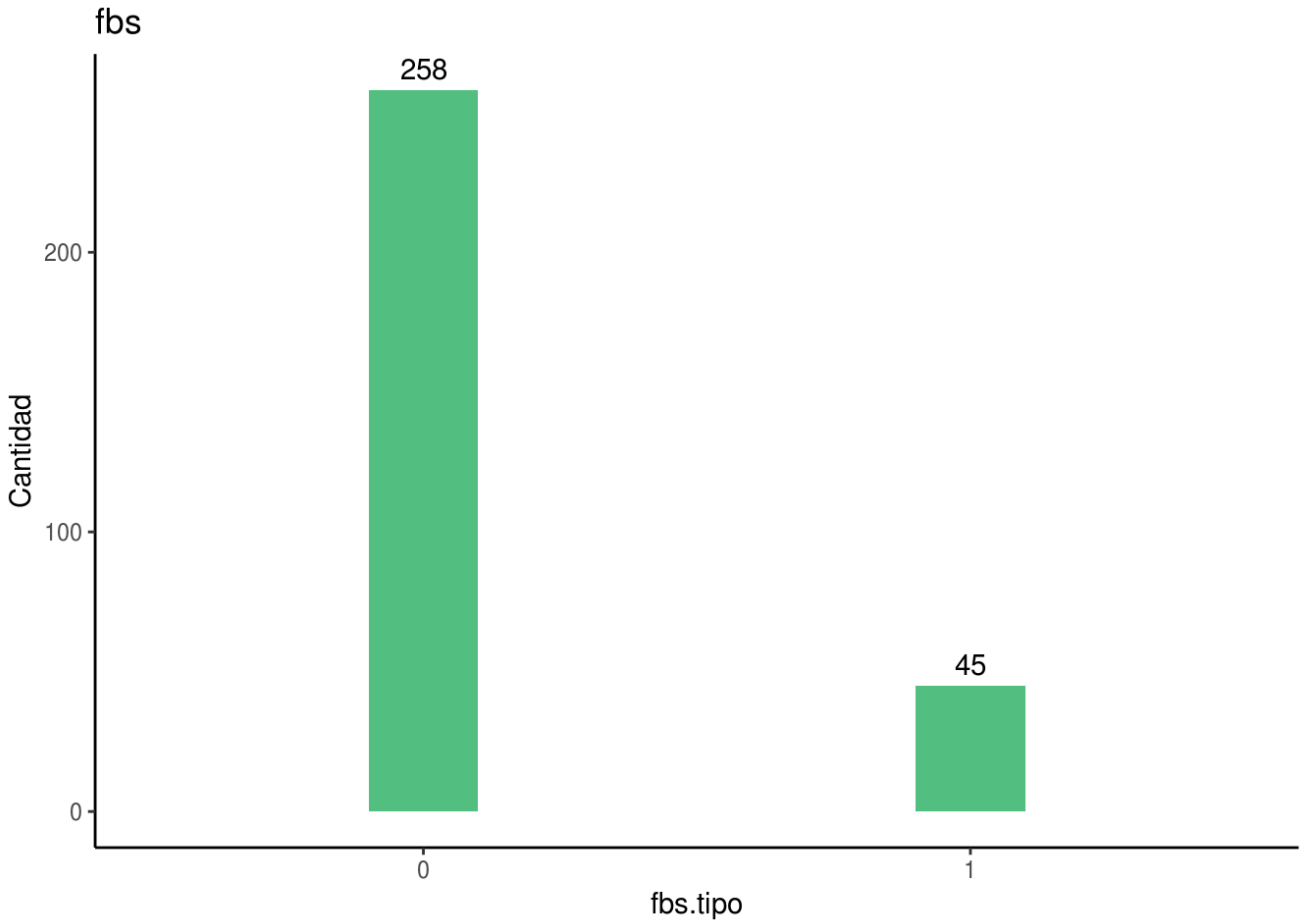
```
## Warning: Ignoring unknown parameters: bins
```



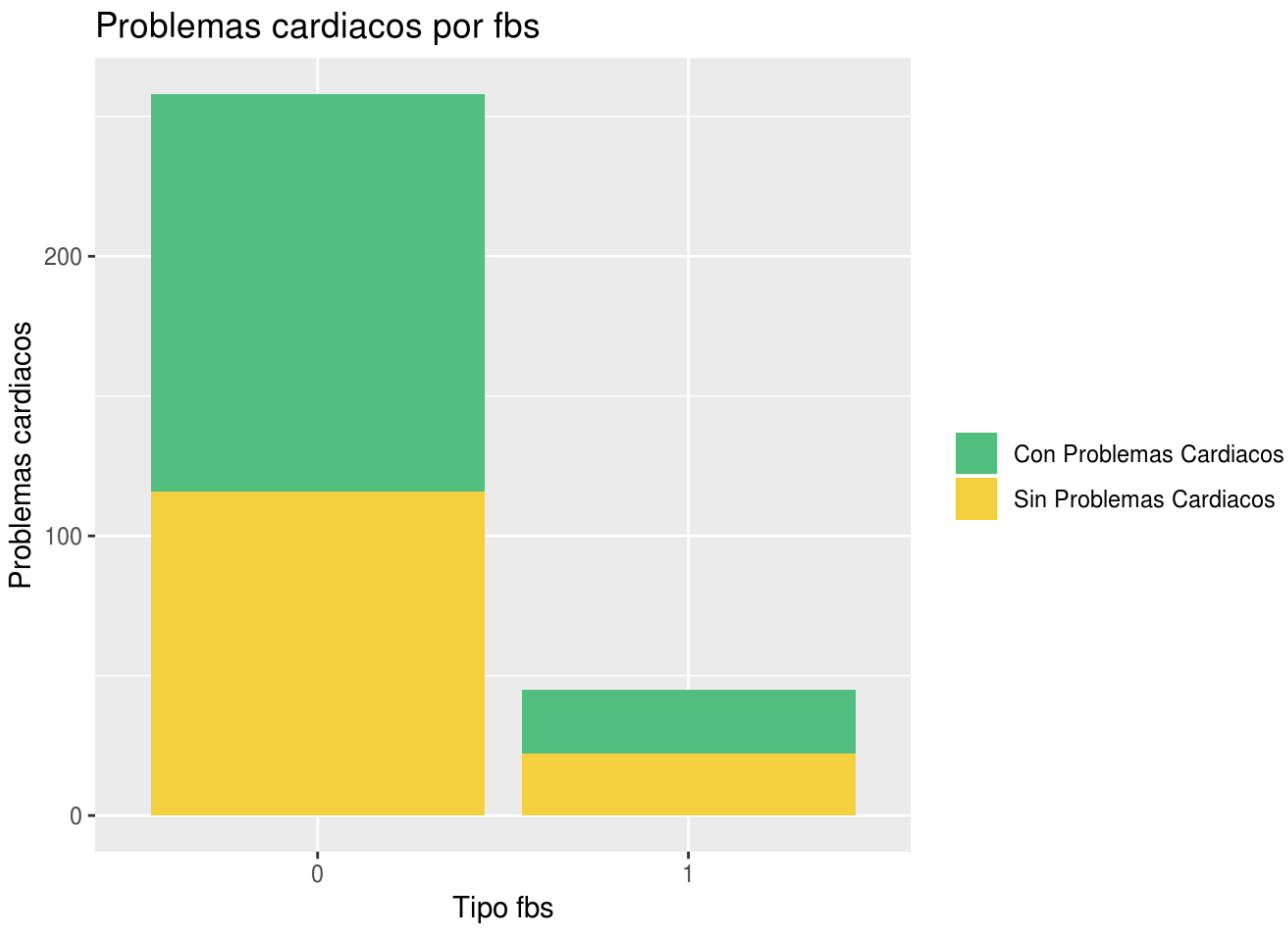

```
# Distribución de problemas cardiacos por Chol
ggplot(diseases,aes(chol.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo chol", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas cardiacos por chol")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + theme(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```



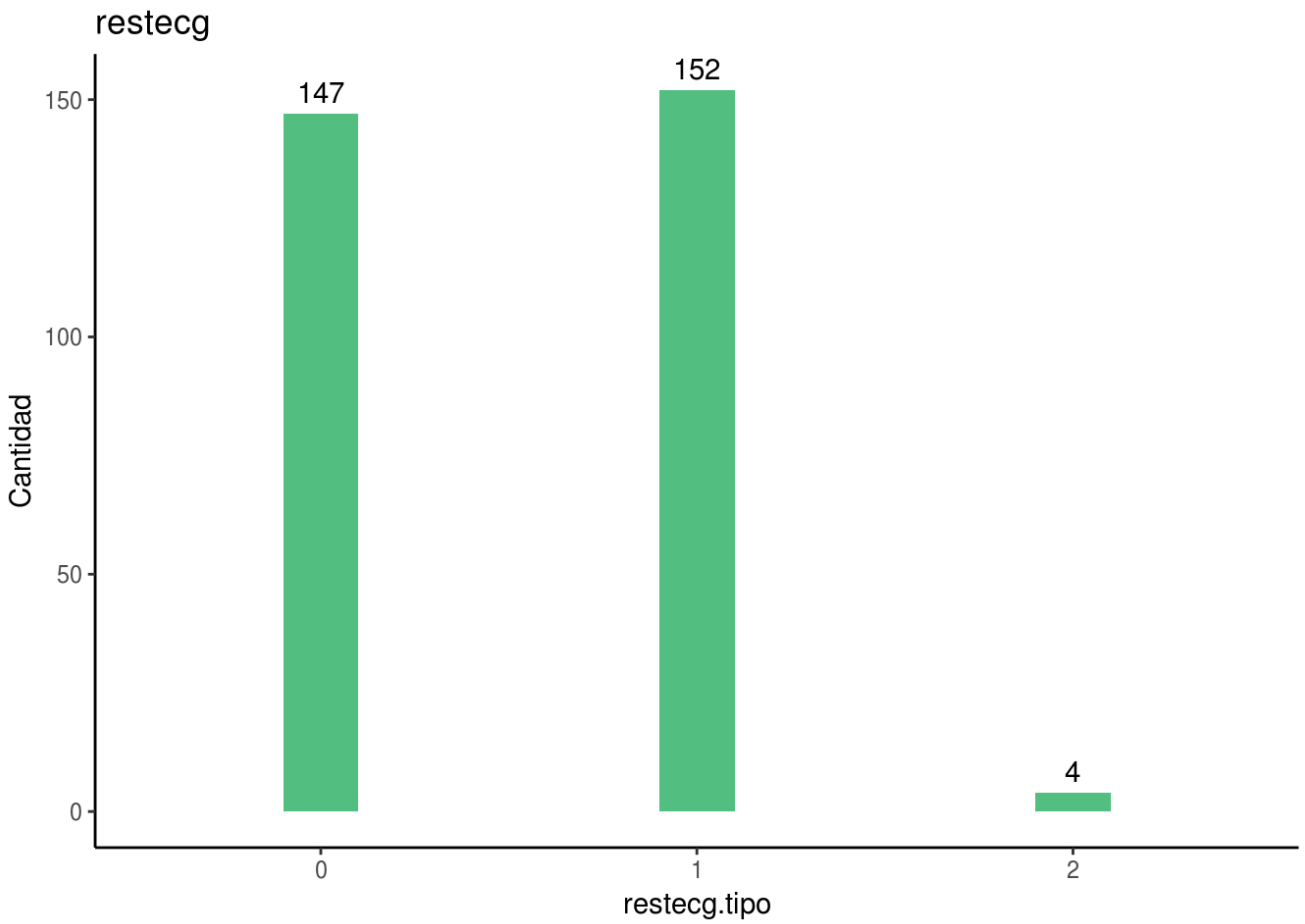

```
# Distribución fbs
ggplot(diseases,aes(x =fbs.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_te
xt(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic()
+ylab("Cantidad") + ggtitle("fbs")
```



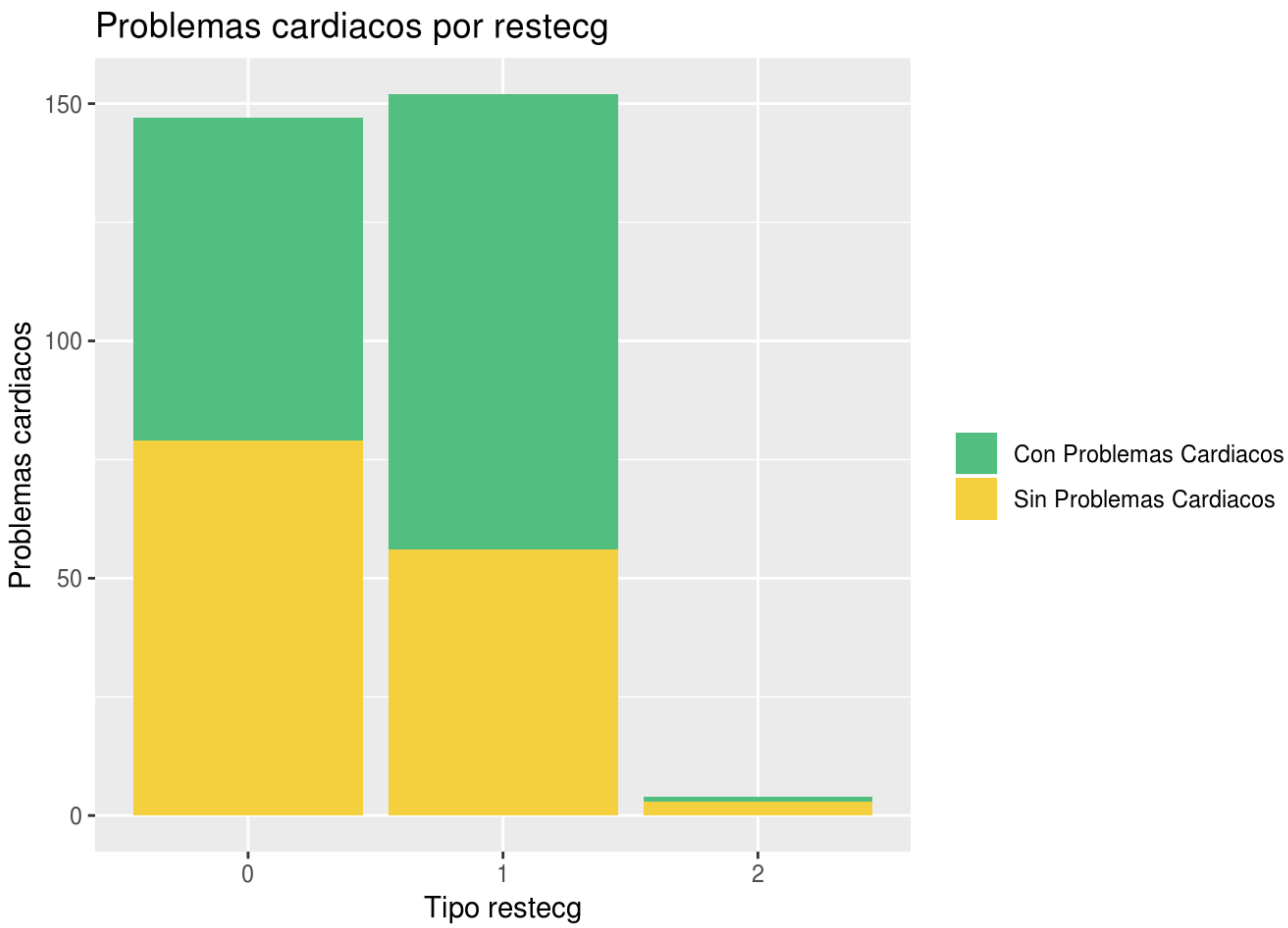

```
# Distribución de problemas cardiacos por fbs
ggplot(diseases,aes(fbs.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo fbs", y="P
roblemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas cardi
acos por fbs")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```




```
# Distribución restecg
ggplot(diseases,aes(x =restecg.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geo
m_text(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_class
ic() +ylab("Cantidad") + ggtitle("restecg")
```

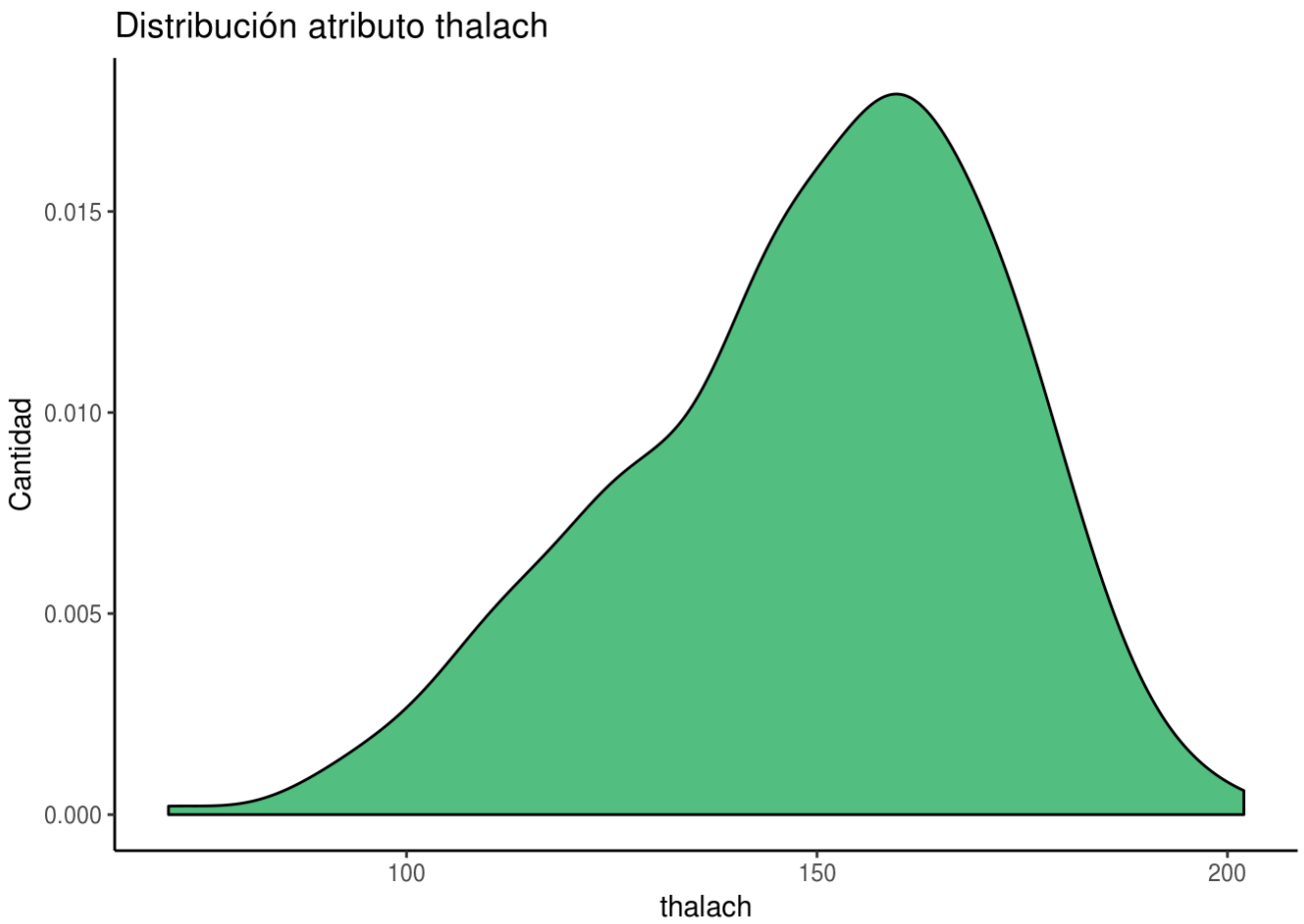



```
# Distribución de problemas cardiacos por restecg
ggplot(diseases,aes(restecg.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo restec
g", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problem
as cardiacos por restecg")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```

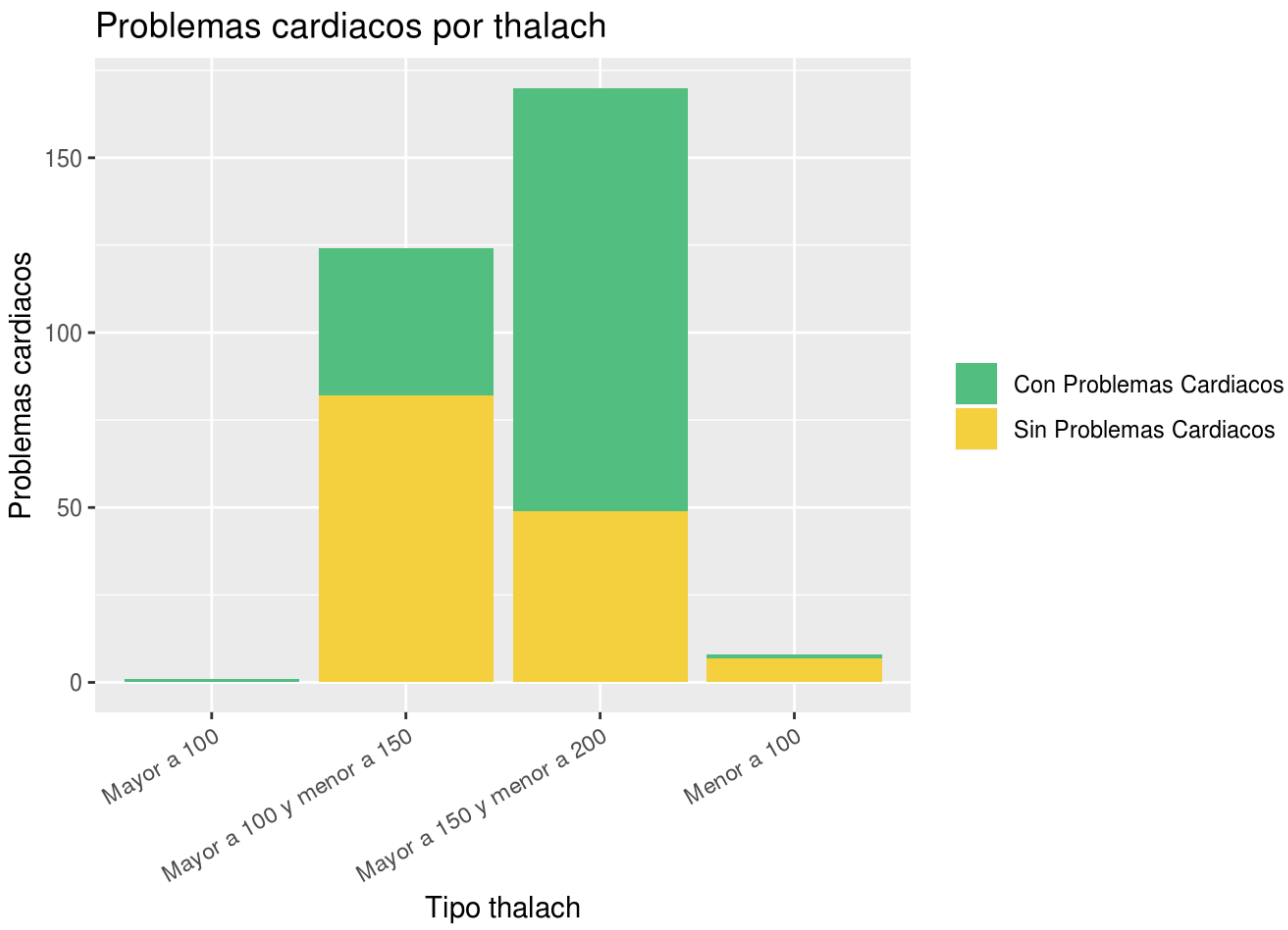



```
# Distribución thalach
ggplot(diseases,aes(x = thalach)) + geom_density(bins =30,fill ="#52BE80") + theme_
bw() + theme_classic() +ggtitle("Distribución atributo thalach")  + ylab("Cantidad"
)
```

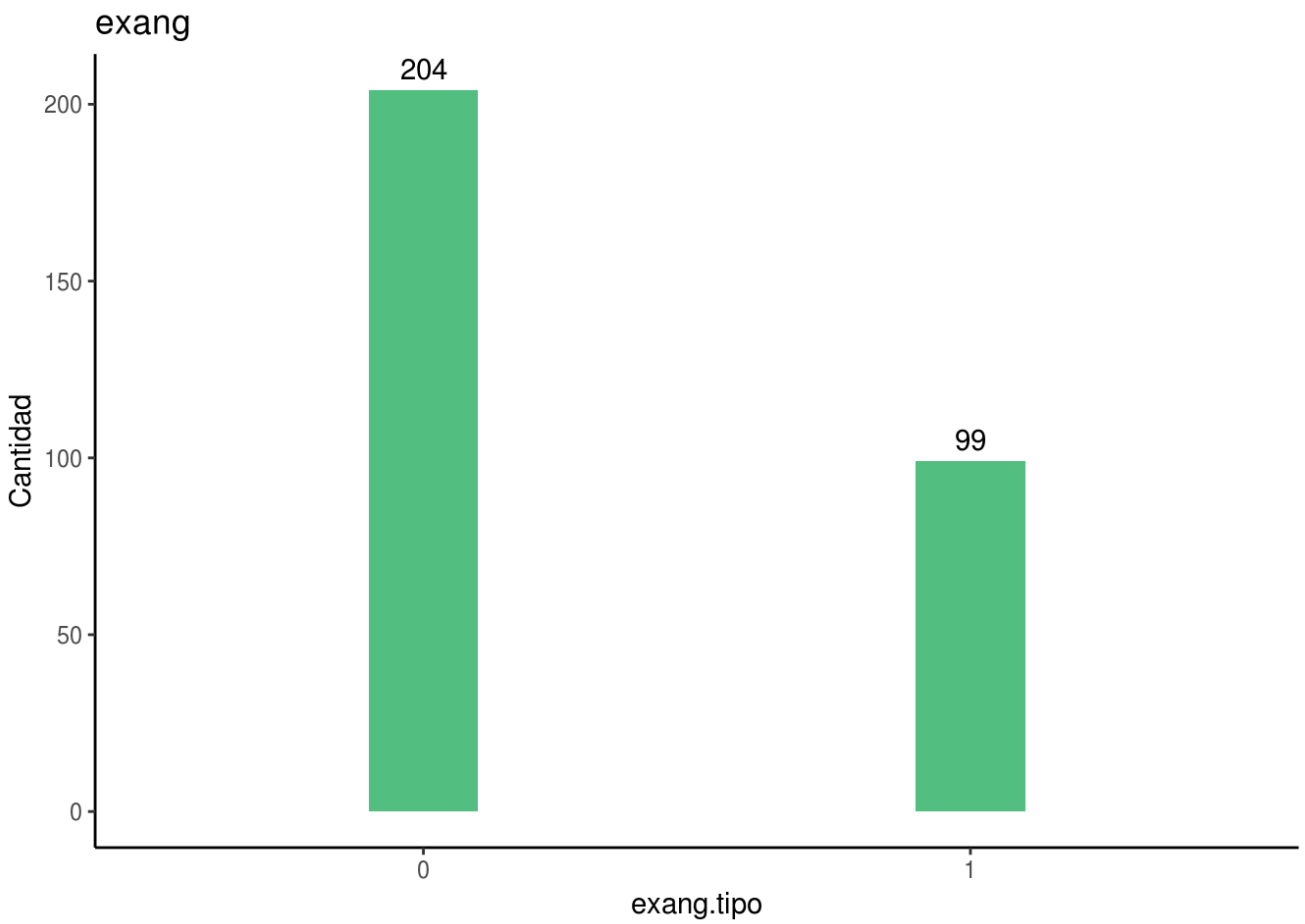
```
## Warning: Ignoring unknown parameters: bins
```



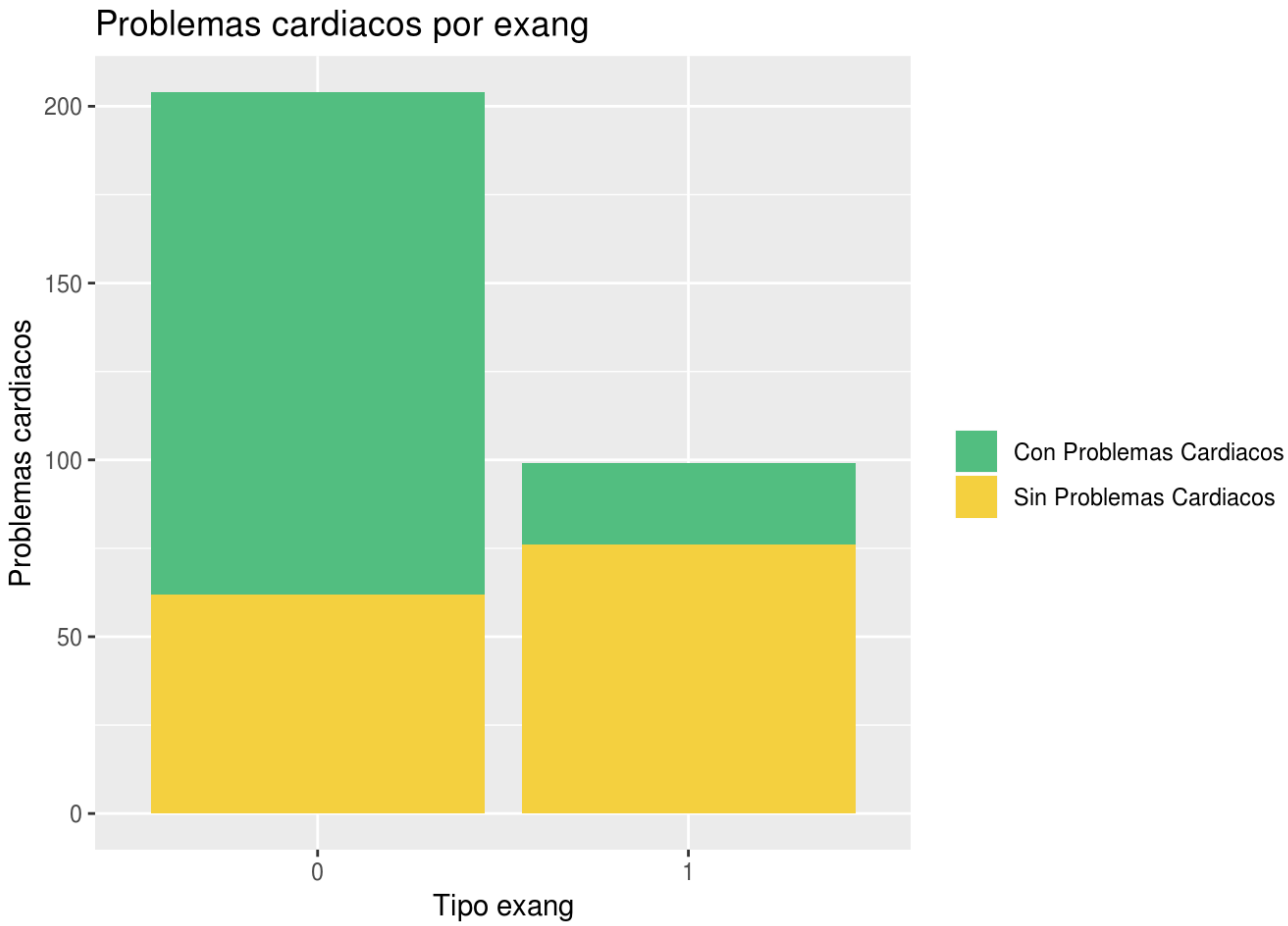

```
# Distribución de problemas cardiacos por thalach
ggplot(diseases,aes(thalach.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo thalac
h", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problem
as cardiacos por thalach")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + them
e(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```




```
# Distribución exang
ggplot(diseases,aes(x =exang.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_
text(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic
() +ylab("Cantidad") + ggtitle("exang")
```

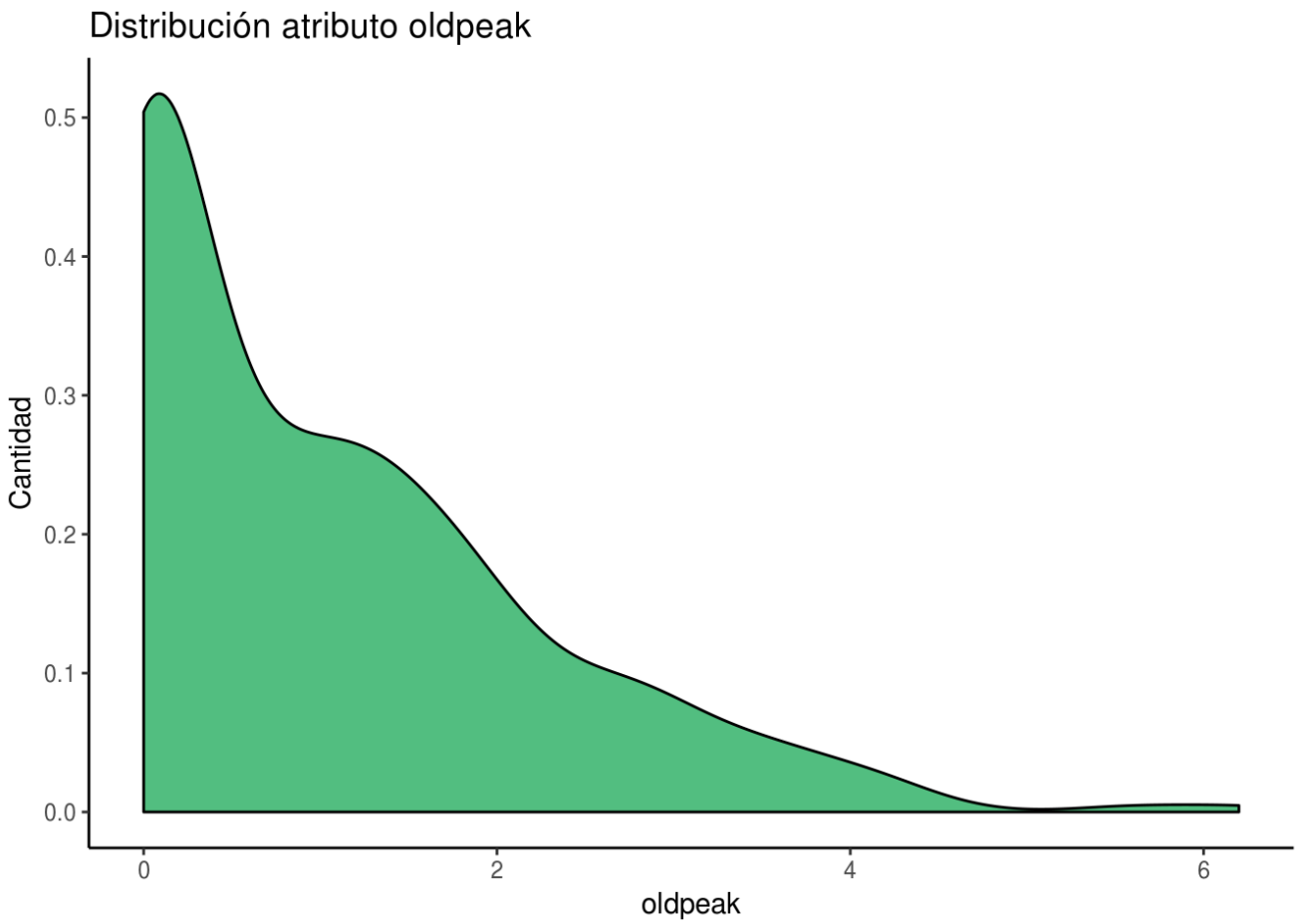



```
# Distribución de problemas cardiacos por exang
ggplot(diseases,aes(exang.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo exang",
 y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas
 cardiacos por exang")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```

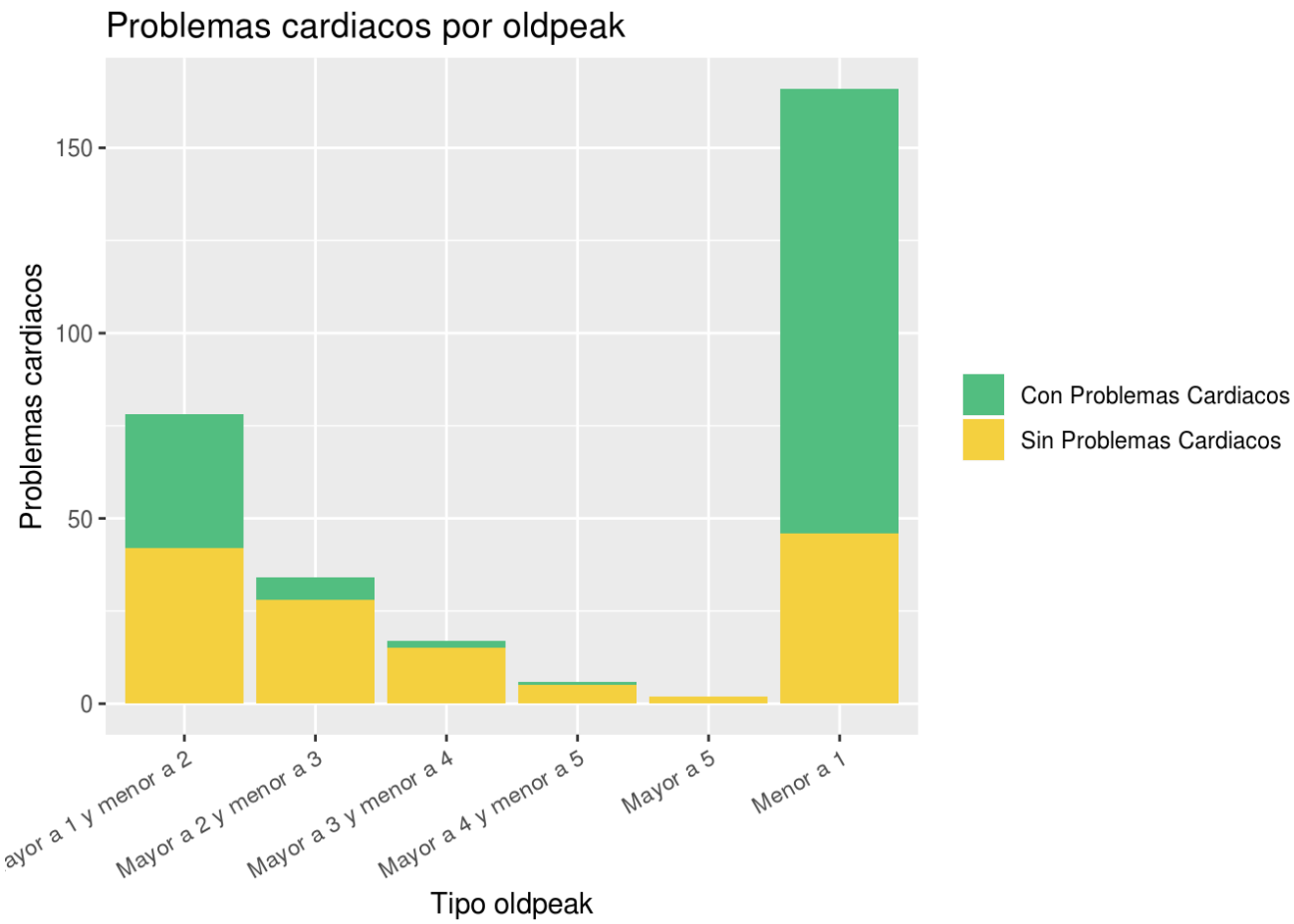



```
# Distribución oldpeak
ggplot(diseases,aes(x = oldpeak)) + geom_density(bins =30,fill ="#52BE80") + theme_
bw() + theme_classic() +ggtitle("Distribución atributo oldpeak")  + ylab("Cantidad"
)
```

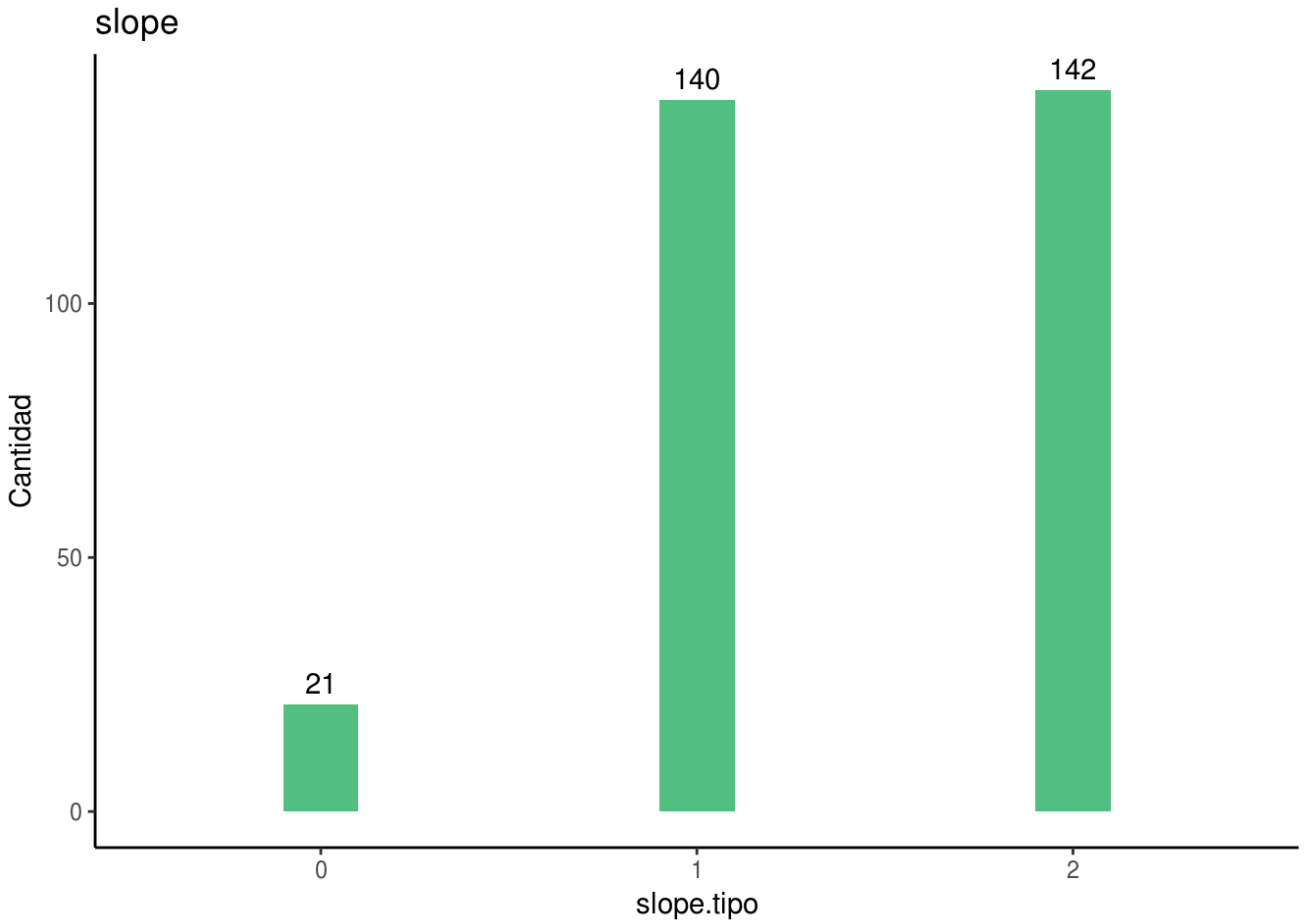
```
## Warning: Ignoring unknown parameters: bins
```



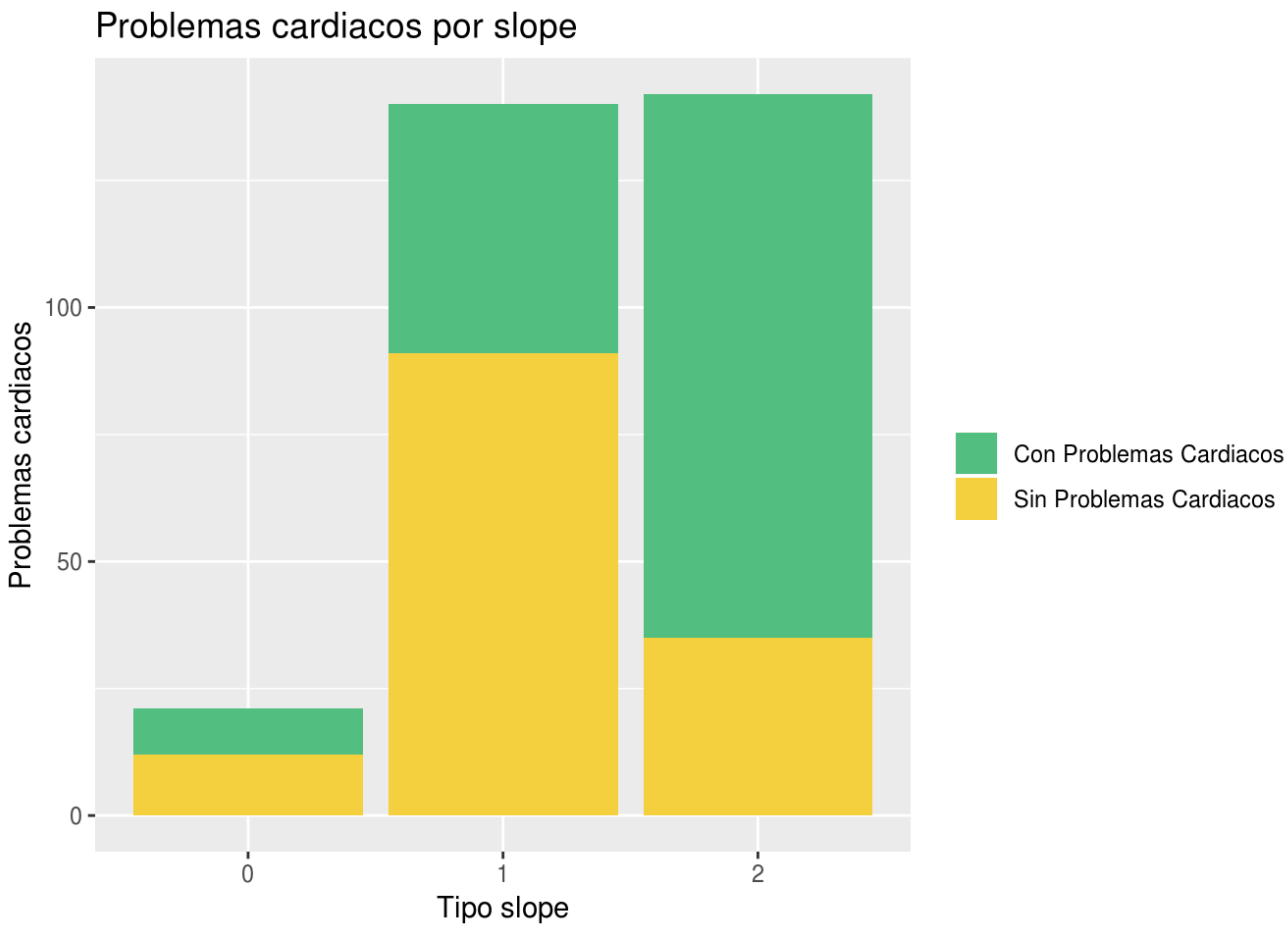

```
# Distribución de problemas cardiacos por oldpeak
ggplot(diseases,aes(oldpeak.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo oldpea
k", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problem
as cardiacos por oldpeak")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F")) + them
e(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```



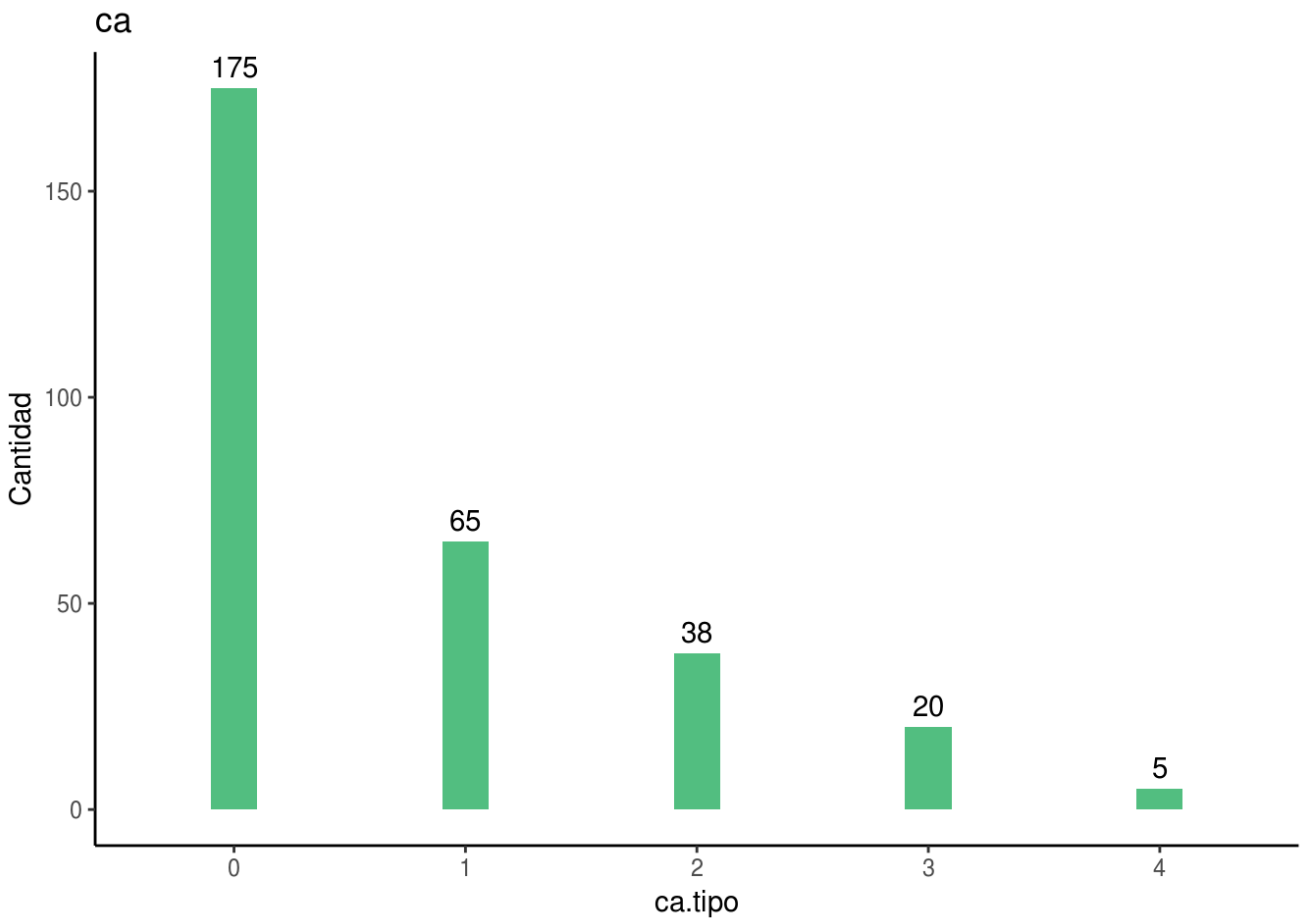

```
# Distribución slope
ggplot(diseases,aes(x =slope.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_
text(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic
() +ylab("Cantidad") + ggtitle("slope")
```



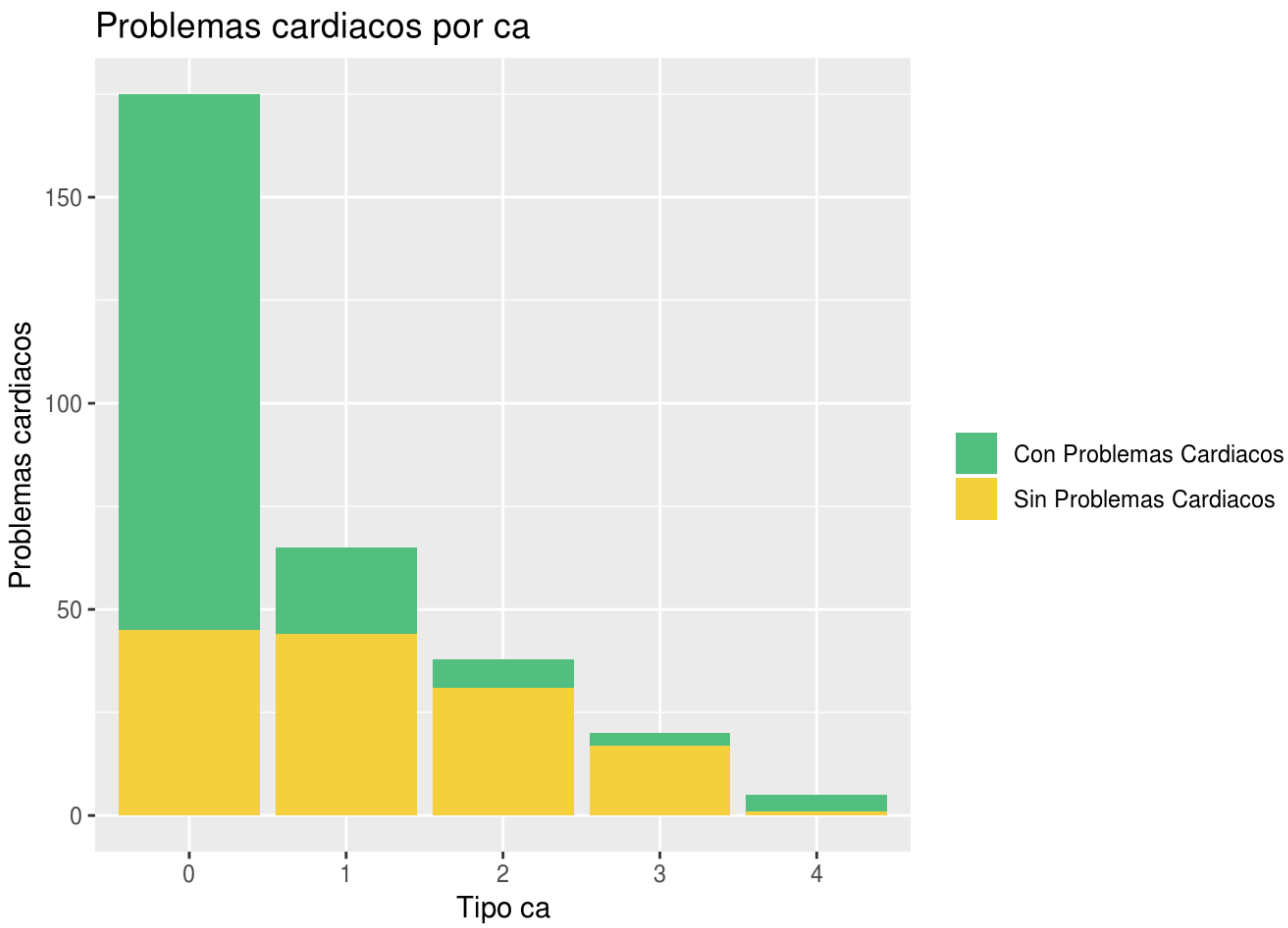

```
# Distribución de problemas cardiacos por slope
ggplot(diseases,aes(slope.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo slope",
 y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas
 cardiacos por slope")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```



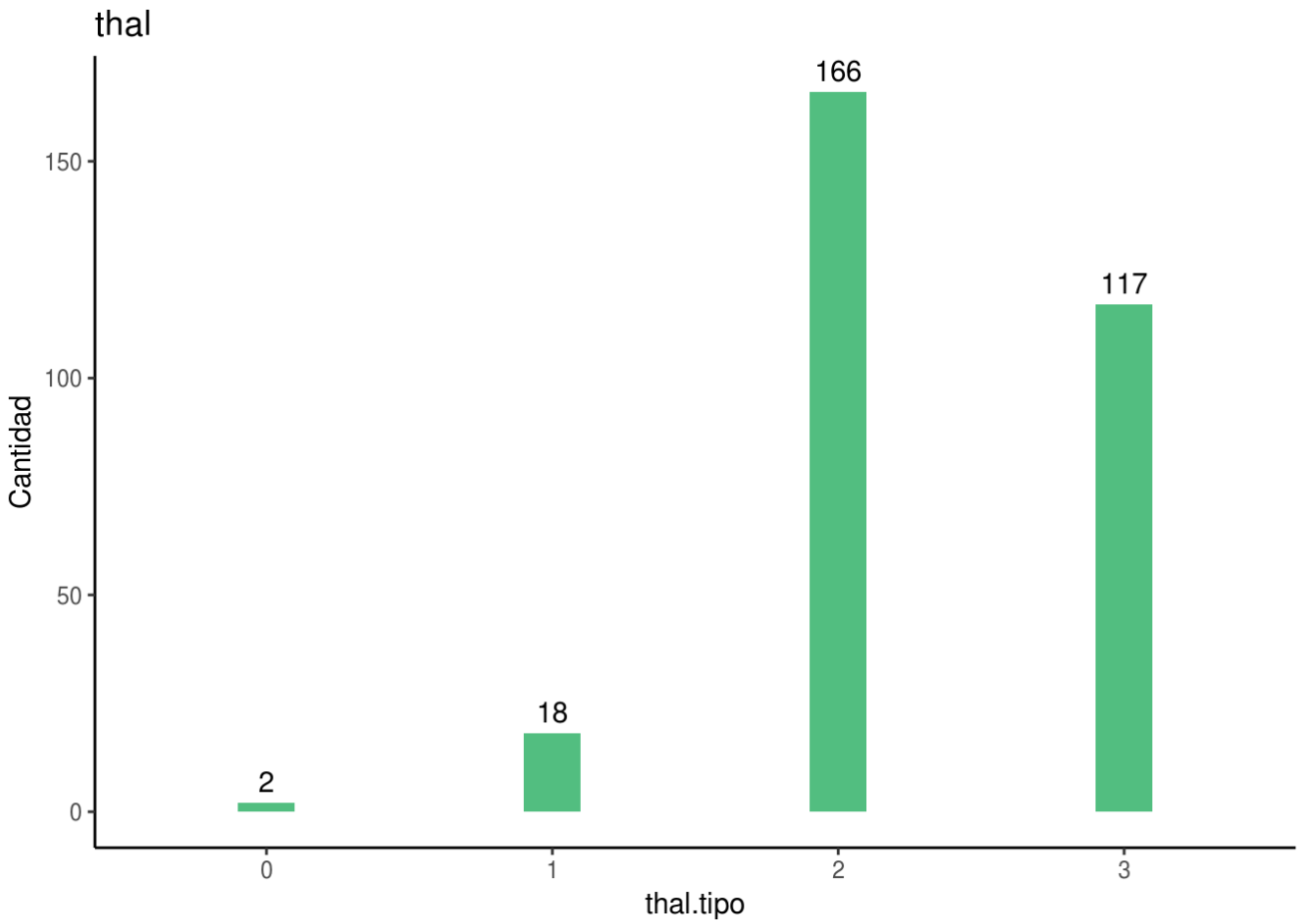

```
# Distribución ca
ggplot(diseases,aes(x =ca.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_tex
t(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic()
 +ylab("Cantidad") + ggtitle("ca")
```



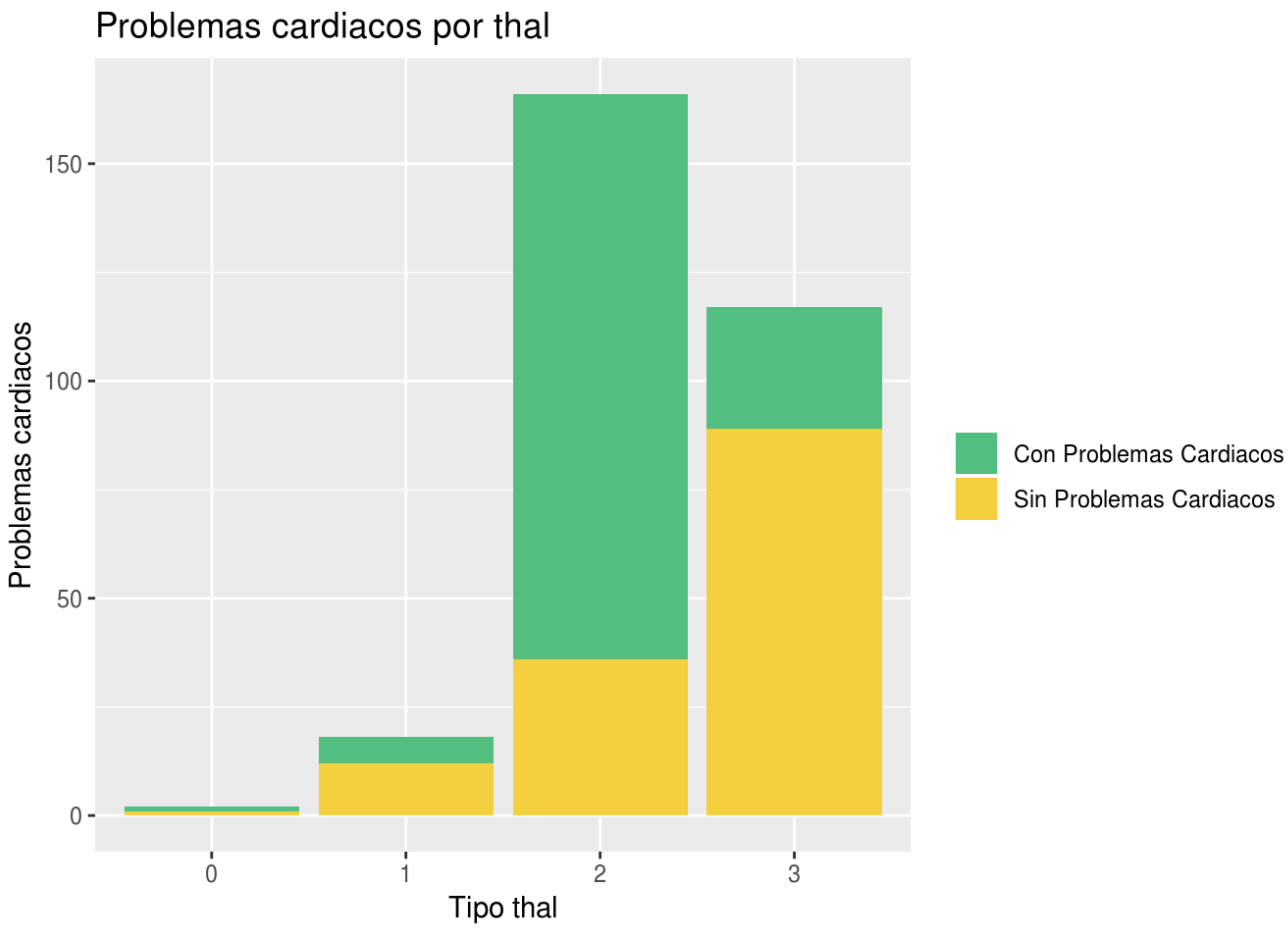

```
# Distribución de problemas cardiacos por ca
# Podemos observar que con valores en cero mayor es la probabilidad de tener proble
mas cardiacos
ggplot(diseases,aes(ca.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo ca", y="Pro
blemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas cardiac
os por ca")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```




```
# Distribución thal
ggplot(diseases,aes(x =thal.tipo)) + geom_bar(width = 0.2,fill ="#52BE80") + geom_t
ext(stat = 'count',aes(label =..count..),vjust =-0.5) + theme_bw() + theme_classic
() +ylab("Cantidad") + ggtitle("thal")
```




```
# Distribución de problemas cardiacos por thal
ggplot(diseases,aes(thal.tipo,fill=target.tipo))+geom_bar() +labs(x="Tipo thal", y="Problemas cardiacos")+ guides(fill=guide_legend(title=""))+ ggtitle("Problemas cardiacos por thal")+ scale_fill_manual(values=c("#52BE80","#F4D03F"))
```



La variable “thal” presenta inconcistencia en su definición versua los datos descritos anteriormente, por lo que no se utilizará en el modelo.

```
diseases$thal = NULL
diseases$thal.tipo = NULL
```

Como podemos observar, el resto de las variables pueden tener relación en el diagnostico de un problema cardiaco y pueden ser combinadas entre ellas en modelos predictivo.

1.3 Limpieza de los datos.

1.3.1 ¿Los datos contienen ceros o elementos vacíos? ¿Cómo gestionarías cada uno de estos casos?

Primero revisaremos si existen valores NA en el data set, si existiesen les realizaremos el tratamiento correspondiente.

```
# Con la sentencia complete.cases revisamos que cada fila este completa devolviendo TRUE, si alguna fila tuviese NA devolvería FALSE. Guardaremos los valores en un vector para luego revisarlo.
vectorNA <-complete.cases(diseases)
# Revisamos si existe alguna fila con algún valor en NA
vectorNA[FALSE]
```

```
## logical(0)
```

```
# Otra forma de revisar la existencia de NA es la siguiente.
sapply(diseases, function(x) sum(is.na(x)))
```

```
##           age           sex            cp      trestbps          chol 
##             0             0             0             0             0 
##           fbs       restecg       thalach         exang       oldpeak 
##             0             0             0             0             0 
##         slope            ca        target   target.tipo      age.tipo 
##             0             0             0             0             0 
##      sex.tipo       cp.tipo trestbps.tipo     chol.tipo      fbs.tipo 
##             0             0             0             0             0 
##  restecg.tipo  thalach.tipo    exang.tipo  oldpeak.tipo    slope.tipo 
##             0             0             0             0             0 
##       ca.tipo 
##             0
```

Como podemos ver, no existe ninguna fila con valores vacios. Si hubiesen existido podriamos gestionarlos, dependiendo el caso, eliminando el registro o ingresando alguna media de tendencia central.

```
# Si hubiesemos necesitado eliminar los registros que alguna columna tuviese NA, se
ría con la siguiente instrucción
diseases <- na.omit(diseases)
```

```
# Si alguna columna tuviese NA y su distribución de datos fuese uniforme, utilizari
amos la media para reemplazar el datos faltante.
# Por ejemplo, veremos el caso para la columna trestbps (datos de la presión arteri
al del paciente en reposo), en donde, con la siguiente instrucción reemplazaríamos
 los NA con la media
mean(diseases$age[!is.na(diseases$age)])
```

```
## [1] 54.36634
```

```
diseases$age[is.na(diseases$age)] <-  mean(diseases$age[!is.na(diseases$age)])
```

```
# Si alguna columna tuviese NA y su distribución de datos estuviese sesgada, utiliz
ariamos la mediana para reemplazar el datos faltante.
# Por ejemplo, veremos el caso para la columna trestbps (datos de la presión arteri
al del paciente en reposo), en donde, con la siguiente instrucción reemplazaríamos
 los NA con la mediana
median(diseases$trestbps[!is.na(diseases$trestbps)])
```

```
## [1] 130
```

```
diseases$trestbps[is.na(diseases$trestbps)] <-  median(diseases$trestbps[!is.na(dis
eases$trestbps)])
```

Como podemos observar en el punto 2, al momento de analizar los datos de interés, se mostró la distribución de cada una de las columnas, en donde se logra validar que no existe valores en cero los cuales no aporten la realidad del dato. Por ejemplo, para la variable sex, el valor en cero tiene el significado para las personas de sexo femenino, en cambio si hubiese existido para la variable thalach (maximo ritmo cardiaco alcanzado) algún registro con valor en cero, no hubiese tenido sentido ese valor, el cual hubiesemos tenido que reemplazarlos por algún valor a convenir. Muchas veces tiene más sentido cambiar ese valor cero en NA, ya que en cero nos puede arruinar alguna medida como puede ser la media, en cambio con NA no la podemos considerar para el cálculo de la media.

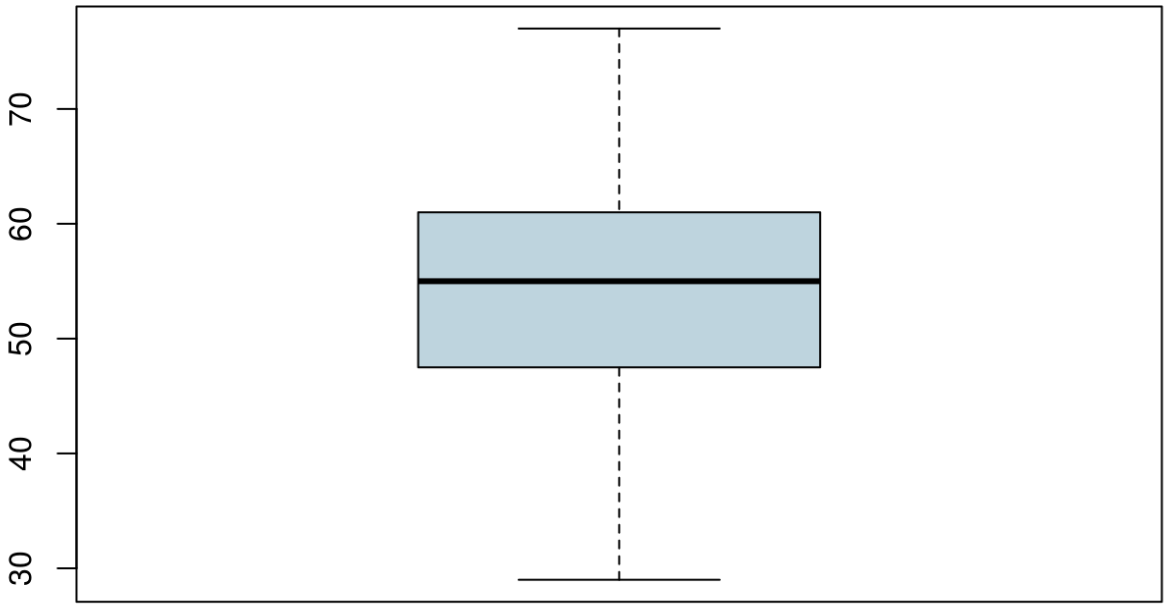
```
# Para transformar los valores cero en NA, utilizamos la siguiente instrucción
diseases$thalach[diseases$thalach == 0] <- NA
```

Después de transformarla en NA, podemos reemplazarla por alguna medida de tendencia central con alguna técnica descrita anteriormente.

1.3.2 Identificación y tratamiento de valores extremos.

A continuación identificaremos los valores extremos (outliers) de aquellas variables que sus datos puedan ser atípicos en relación con el resto.

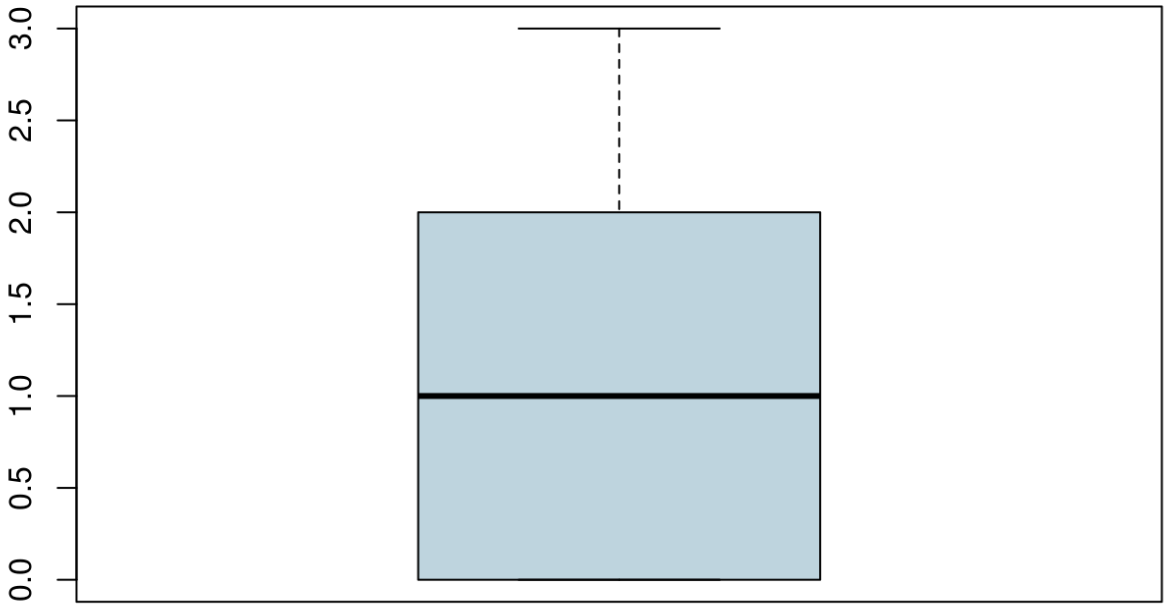
```
# Variable AGE, no se visualiza valores extremos
boxplot(diseases$age, col ="#bed4de")
```




```
boxplot.stats(diseases$age)$out
```

```
## numeric(0)
```

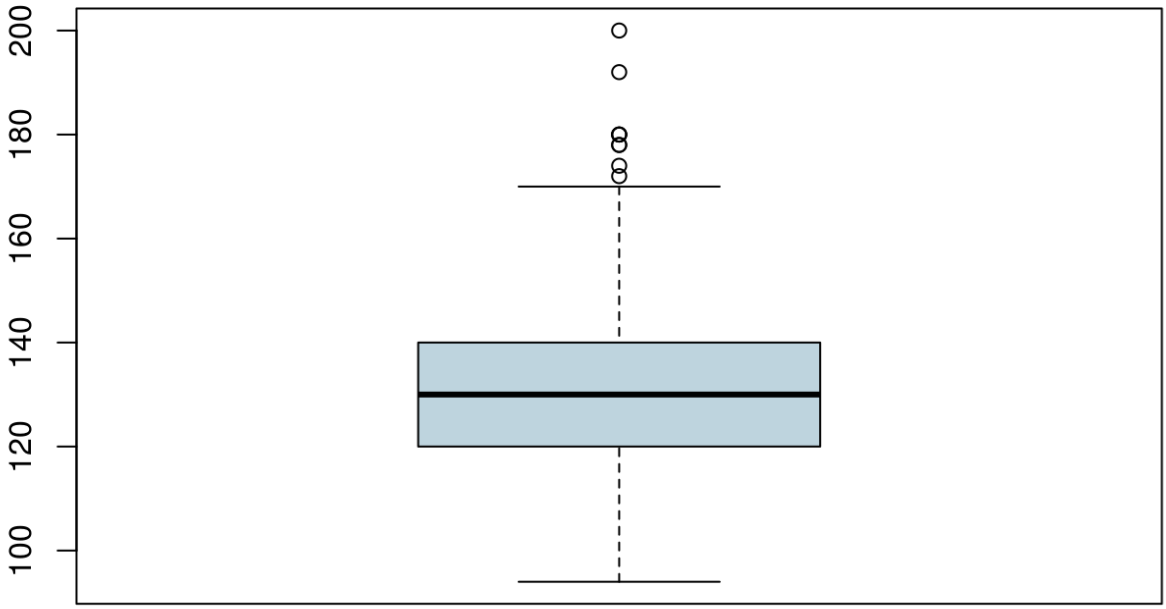
```
# Variable CP, no se visualiza valores extremos
boxplot(diseases$cp, col ="#bed4de")
```




```
boxplot.stats(diseases$cp)$out
```

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

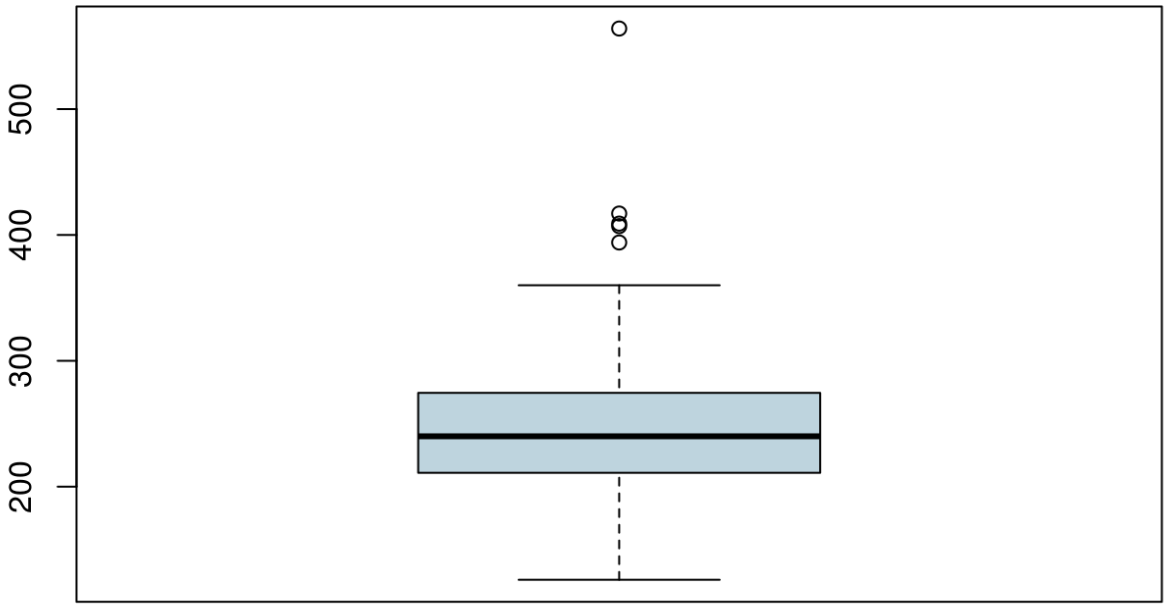
```
# Variable trestbps. Podemos ver que existen valores extremos.
boxplot(diseases$trestbps, col ="#bed4de")
```




```
# Aquí podemos ver valores que salen de lo común, a continuación los imprimiremos a
quellos valores
boxplot.stats(diseases$trestbps)$out
```

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

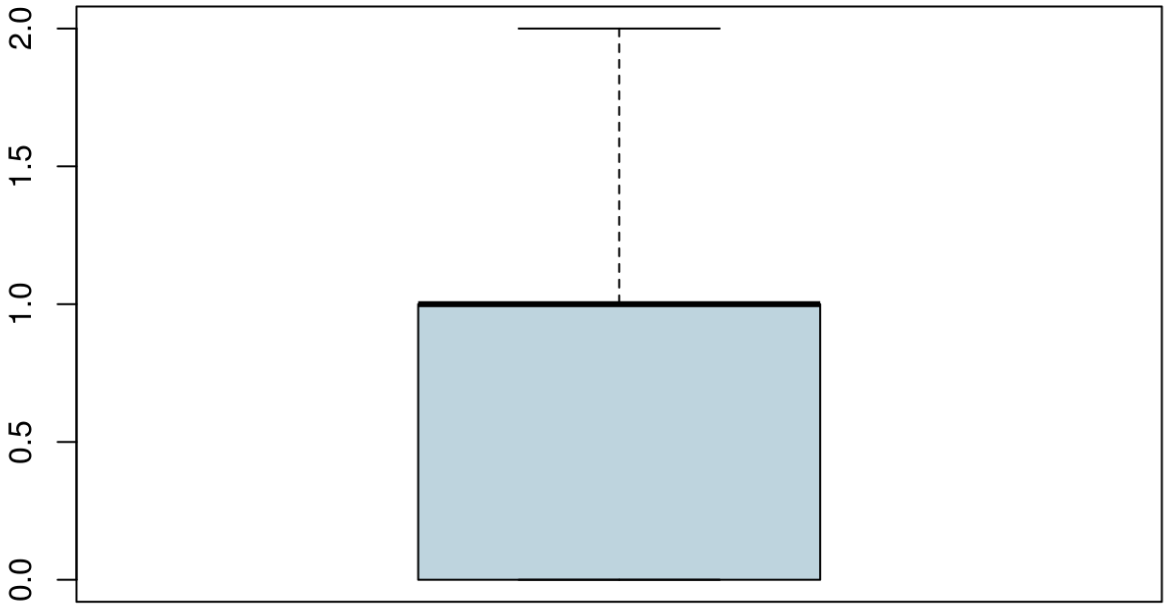
```
# Variable chol. Podemos ver que existen valores extremos.
boxplot(diseases$chol, col ="#bed4de")
```




```
# Imprimimos aquellos valores atípicos
boxplot.stats(diseases$chol)$out
```

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

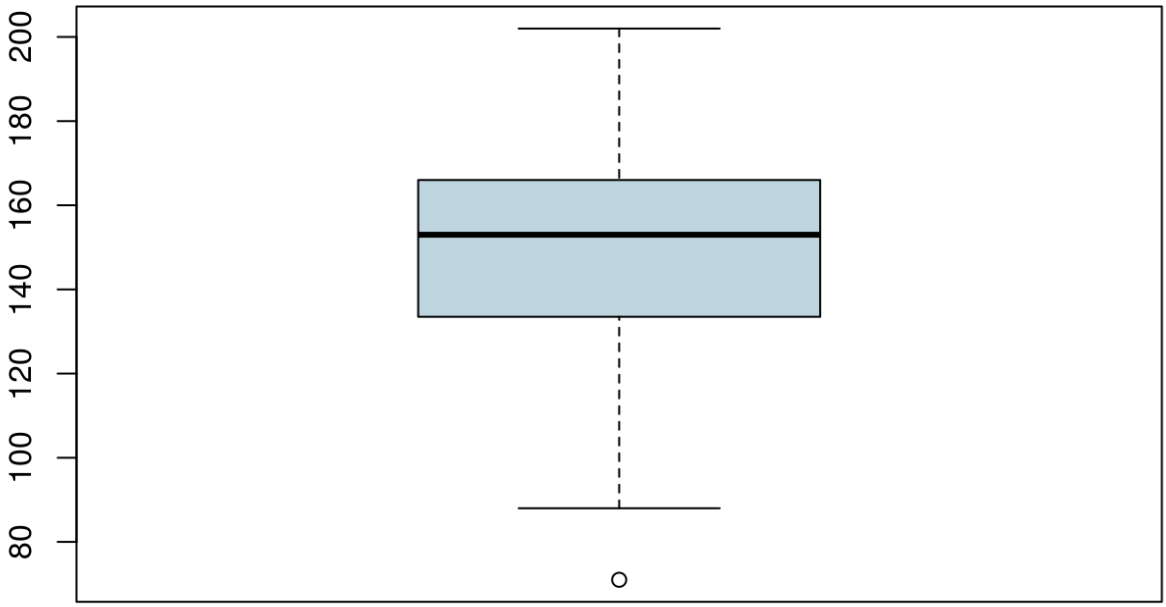
```
# Variable restecg, no se visualiza valores extremos
boxplot(diseases$restecg, col ="#bed4de")
```




```
boxplot.stats(diseases$restecg)$out
```

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

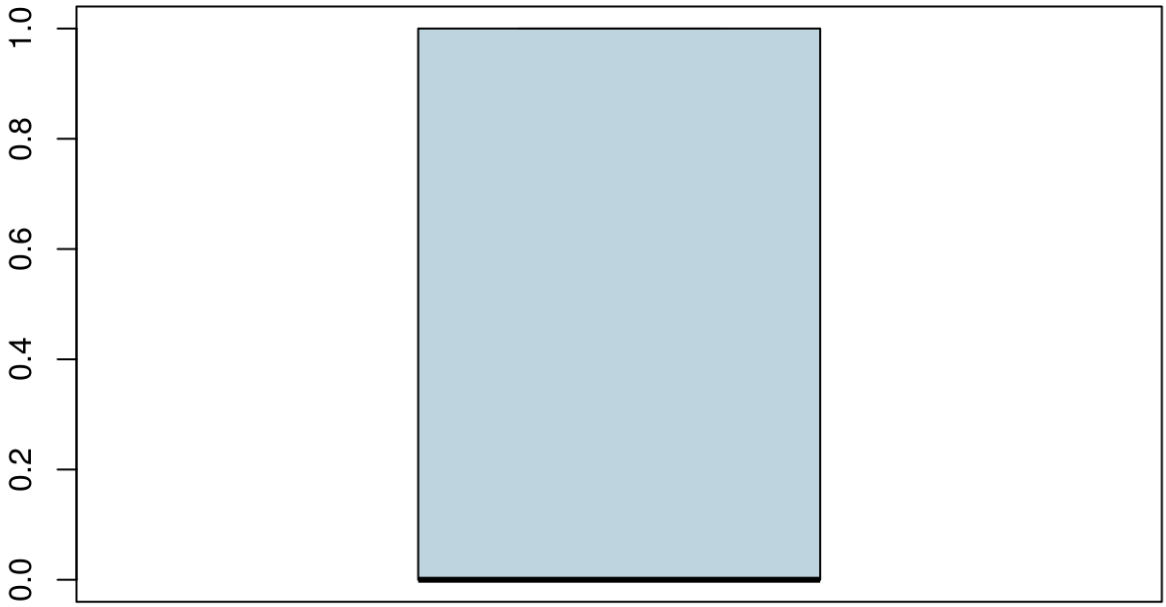
```
# Variable thalach. Podemos ver que existen valores extremos.
boxplot(diseases$thalach, col ="#bed4de")
```




```
# Imprimimos aquellos valores atípicos
boxplot.stats(diseases$thalach)$out
```

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

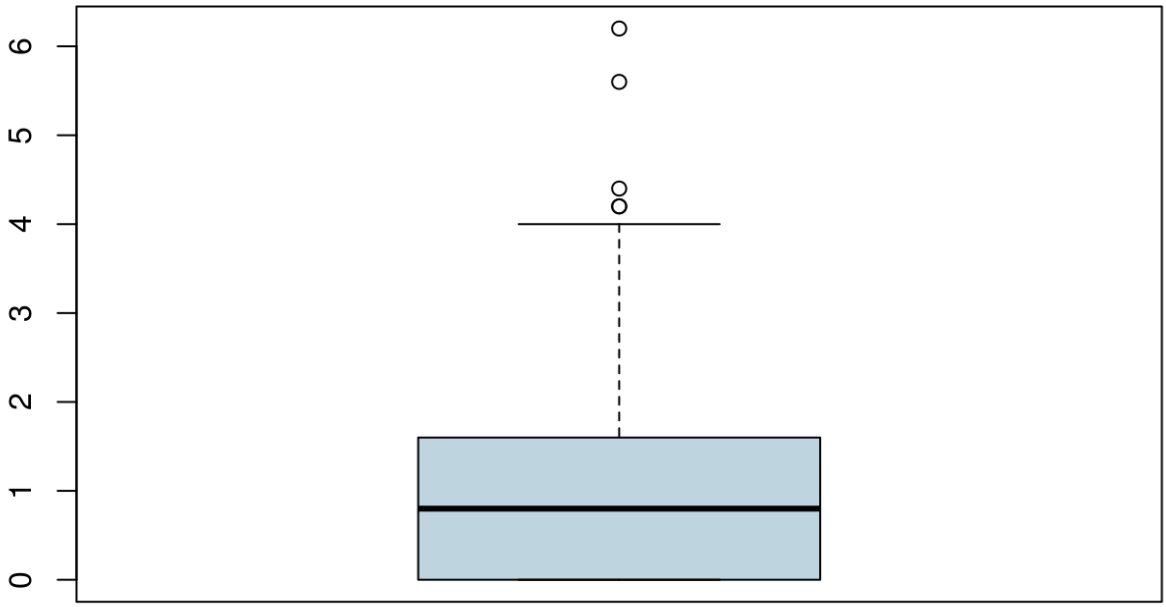
```
# Variable exang, no se visualiza valores extremos
boxplot(diseases$exang, col ="#bed4de")
```




```
boxplot.stats(diseases$exang)$out
```

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

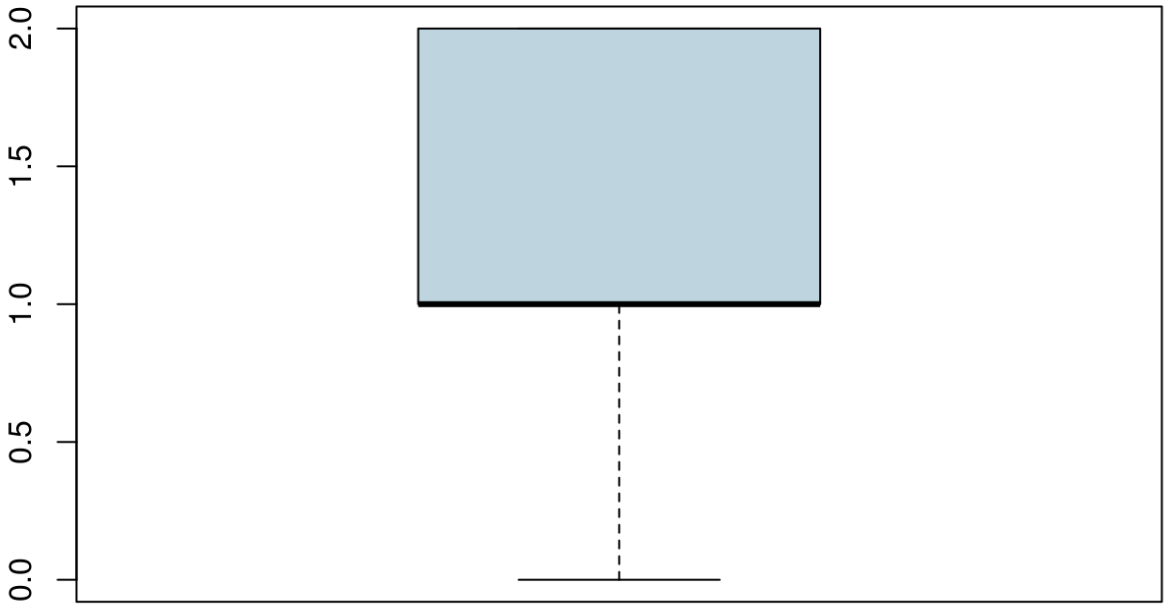
```
# Variable oldpeak. Podemos ver que existen valores extremos.
boxplot(diseases$oldpeak, col ="#bed4de")
```




```
# Imprimimos aquellos valores atípicos
boxplot.stats(diseases$oldpeak)$out
```

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

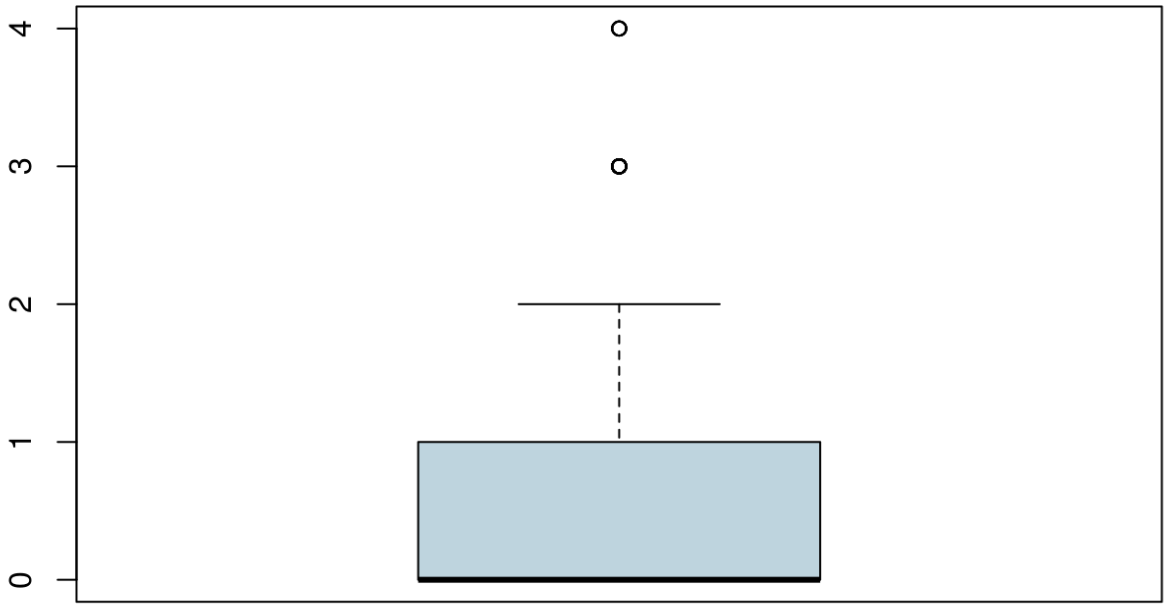
```
# Variable slope, no se visualiza valores extremos
boxplot(diseases$slope, col ="#bed4de")
```




```
boxplot.stats(diseases$slope)$out
```

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

```
# Variable ca. Podemos ver que existen valores extremos.
boxplot(diseases$ca, col ="#bed4de")
```




```
# Imprimimos aquellos valores atípicos
boxplot.stats(diseases$ca)$out
```

```
##  [1] 3 4 3 3 4 4 4 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 4 3 3 3 3
```

Las variables con valores extremos son trestbps, chol, thalach, oldpeak, ca. Estos serán analizados a continuación para ver que realizar con ellos.

- trestbps: Esta variable indica la presión arterial en reposo. Los valores extremos que arroja va desde 172 a 200, con un total de 9 registros. Se revisó la distribución que se describe en el punto 2 y no representan anomalías, ya que se pueden dar estos casos.
- chol: Esta variable indica niveles de colesterol. Los valores que arroja va desde 394 a 564, con un total de 5 registros. Estos valores se escapan considerablemente con el resto de los demás datos. Se eliminarán.
- thalach: Esta variable indica máximos niveles de ritmo cardiaco alcanzado. El valor extremo arrojado es 71, en donde aparece solo una vez en el data set. Este valor es por bajo lo normal, pero dentro de lo esperado para validar si un paciente presenta problemas cardiacos, por lo que no se eliminará.
- oldpeak: Representa la depresión del degmento ST. Los valores que arroja va desde 4.2 a 6.2, con un total de 5 registros. Al revisar estos valores en la distribución de los datos que fueron representados en el punto 2, se escapan del resto de los demás datos, además estos datos extremos se encuentran sesgados en la representación de aquellos pacientes sin problemas cardiacos. Se eliminarán del data set.
- ca: Representa el número de vasos principales coloreados por fluoroscopia. Estos valores extremos que encontramos no representa alteraciones en la realidad o valores que nos vaya a distorcionar nuestros modelos predictivos, por lo que no se eliminarán.

```
#Eliminamos los valores extremos.
diseases = diseases[diseases$oldpeak < min(boxplot.stats(diseases$oldpeak)$out),]
diseases = diseases[diseases$chol < min(boxplot.stats(diseases$chol)$out),]
```

Finalmente quedamos con 293 registros de 303 iniciales.

2 Análisis y pruebas estadísticas

2.1 Análisis de los datos.

2.1.1 Selección de los grupos de datos que se quieren analizar/comparar (planificación de los análisis a aplicar).

La selección de datos finalmente quedará en los siguiente:

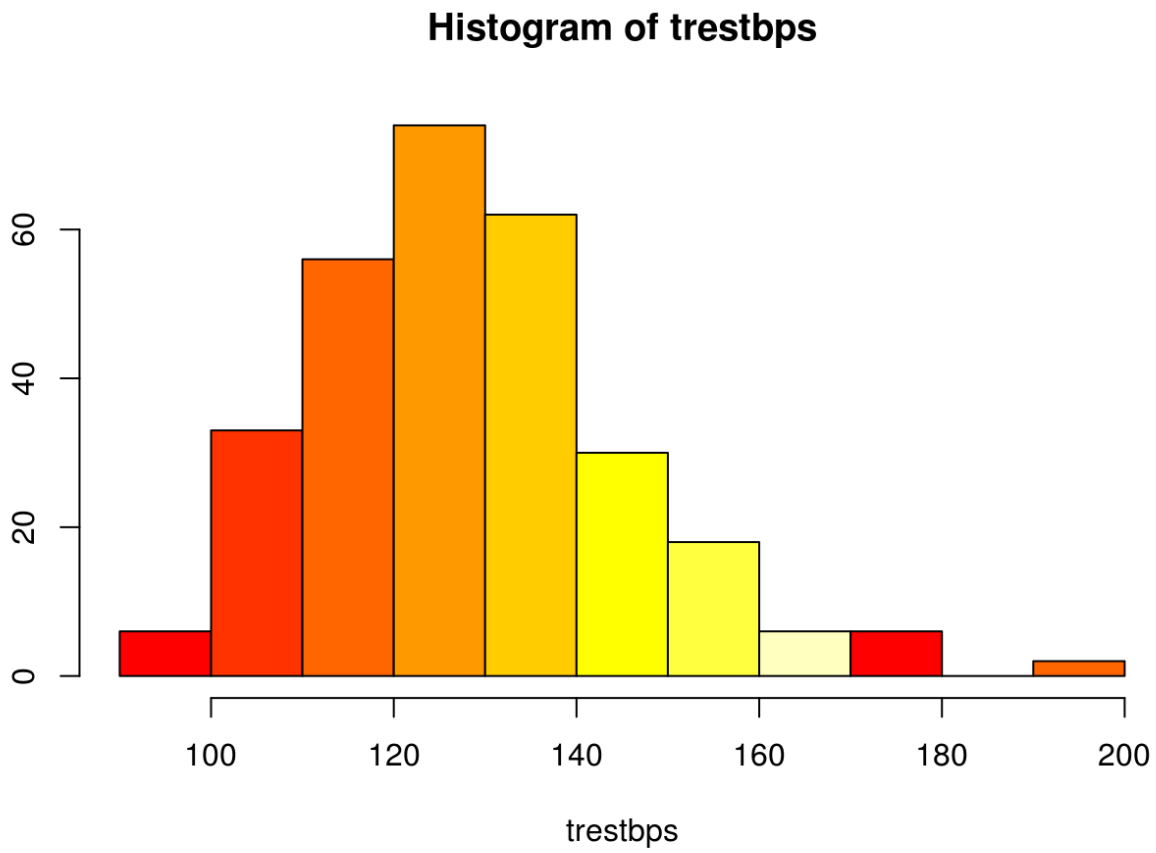
```
str(diseases)
```

```
## 'data.frame':    293 obs. of  26 variables:
##  $ age          : num  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 ...
##  $ target       : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
##  $ target.tipo  : chr  "Con Problemas Cardiacos" "Con Problemas Cardiacos" "Con
Problemas Cardiacos" "Con Problemas Cardiacos" ...
##  $ age.tipo     : chr  "Mayor a 60 y menor a 70" "Menores a 40" "Mayor a 40 y me
nor a 50" "Mayor a 50 y menor a 60" ...
##  $ sex.tipo     : chr  "Masculino" "Masculino" "Femenino" "Masculino" ...
##  $ cp.tipo      : Factor w/ 4 levels "0","1","2","3": 4 3 2 2 1 1 2 2 3 3 ...
##  $ trestbps.tipo: chr  "Mayor a 140 y menor a 180" "Mayor a 100 y menor a 150"
"Mayor a 100 y menor a 150" "Mayor a 100 y menor a 150" ...
##  $ chol.tipo    : chr  "Mayor a 200 y menor a 300" "Mayor a 200 y menor a 300"
"Mayor a 200 y menor a 300" "Mayor a 200 y menor a 300" ...
##  $ fbs.tipo     : Factor w/ 2 levels "0","1": 2 1 1 1 1 1 1 1 2 1 ...
##  $ restecg.tipo : Factor w/ 3 levels "0","1","2": 1 2 1 2 2 2 1 2 2 2 ...
##  $ thalach.tipo : chr  "Mayor a 150 y menor a 200" "Mayor a 150 y menor a 200"
"Mayor a 150 y menor a 200" "Mayor a 150 y menor a 200" ...
##  $ exang.tipo   : Factor w/ 2 levels "0","1": 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 ...
##  $ oldpeak.tipo : chr  "Mayor a 2 y menor a 3" "Mayor a 3 y menor a 4" "Mayor a
1 y menor a 2" "Menor a 1" ...
##  $ slope.tipo   : Factor w/ 3 levels "0","1","2": 1 1 3 3 3 2 2 3 3 3 ...
##  $ ca.tipo      : Factor w/ 5 levels "0","1","2","3",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

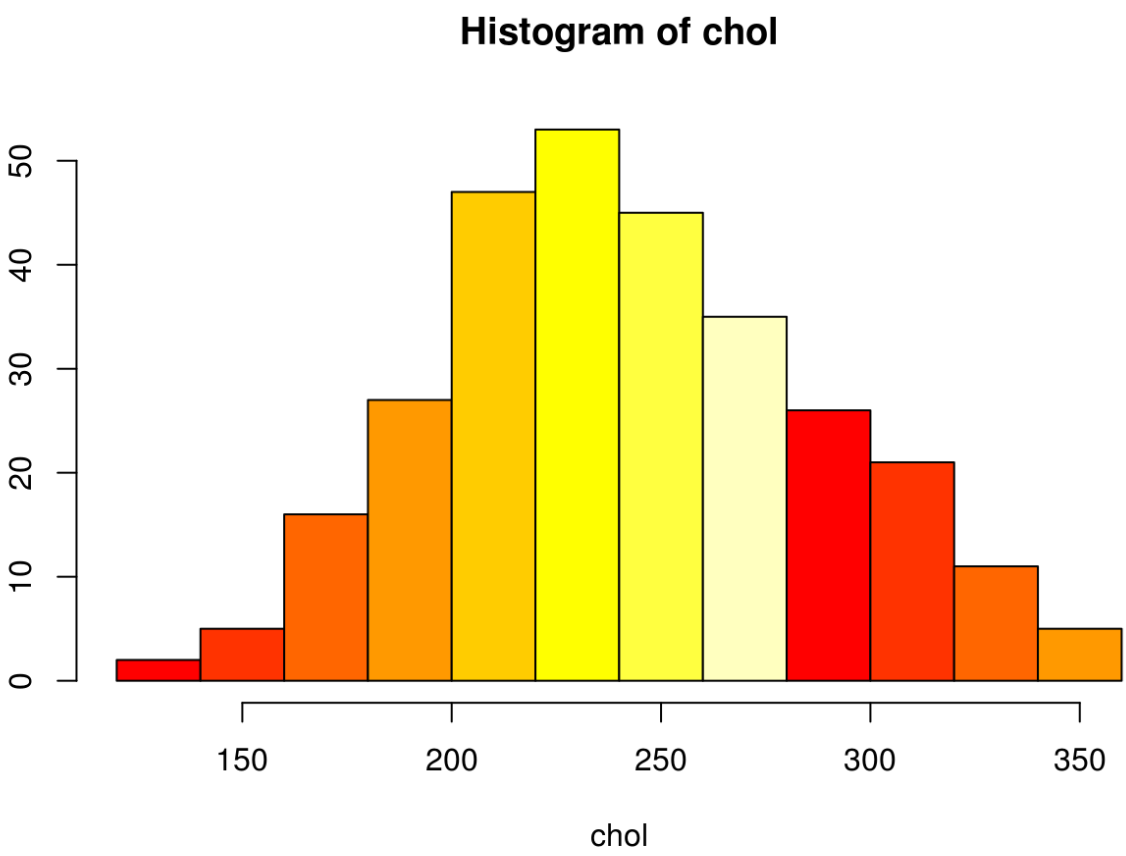
2.1.2 Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza.

Vamos a probar la normlalidad de los datos mediante el test Shapiro–Wilk. seleccionamos las variables a las que aplica comprobar la normalidad, que son las variables cuantitativas. Visualizamos unos gráficos en columna, que nos ayudará a intuir su distribución.

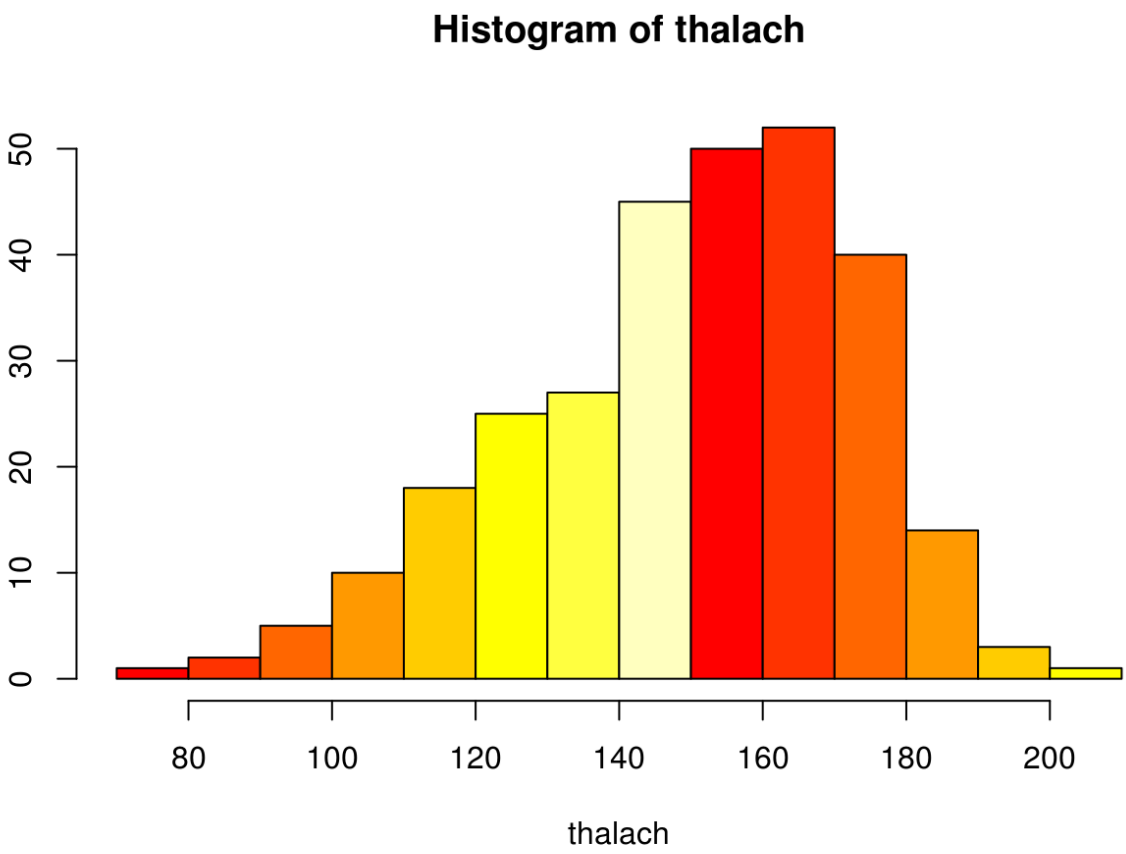
```
trestbps<-diseases$trestbps
chol<-diseases$chol
thalach<-diseases$thalach
oldpeak<-diseases$oldpeak




hist(trestbps,ylab=names("trestbps"),col=heat.colors(8))
```



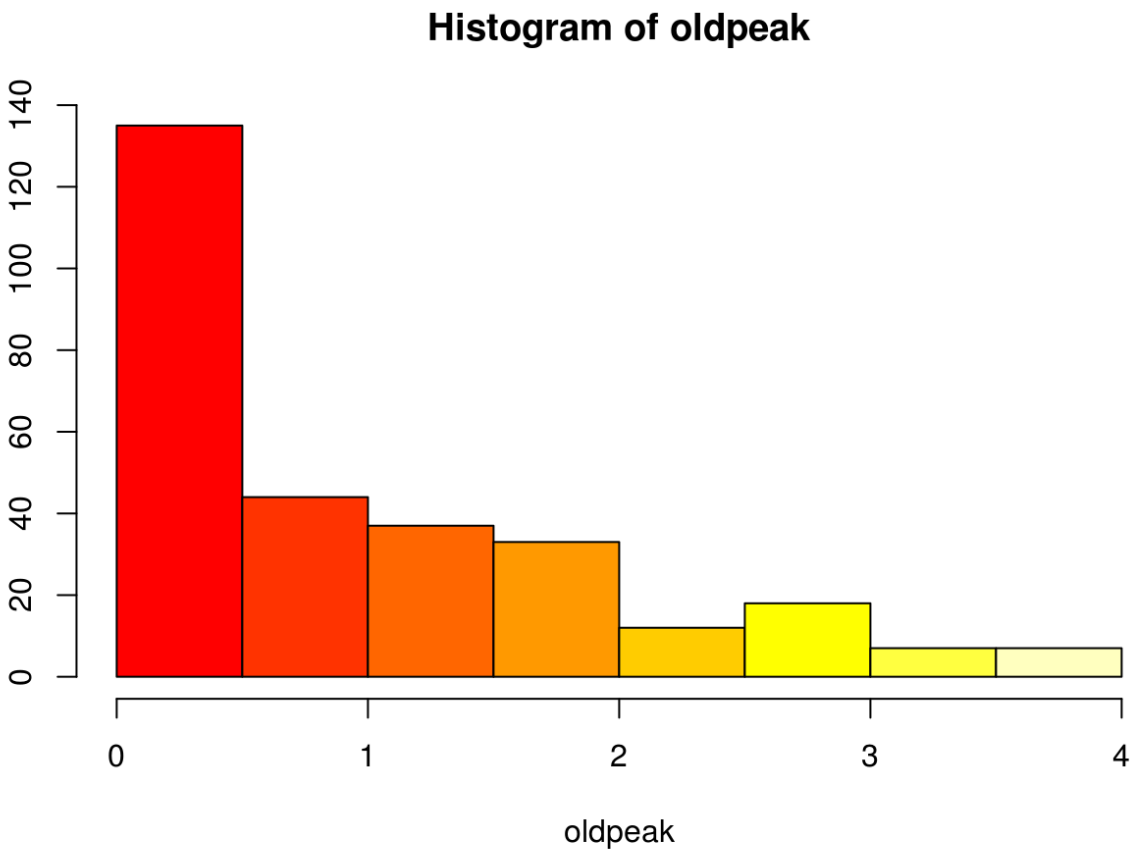

```
hist(chol,ylab=names("chol"),col=heat.colors(8))
```




```
hist(thalach,ylab=names("thalach"),col=heat.colors(8))
```




```
hist(oldpeak,ylab=names("oldpeak"),col=heat.colors(8))
```




```
shapiro.test(trestbps)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  trestbps
## W = 0.965, p-value = 1.571e-06
```

```
shapiro.test(chol)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  chol
## W = 0.99284, p-value = 0.1734
```

```
shapiro.test(thalach)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  thalach
## W = 0.97526, p-value = 5.946e-05
```

```
shapiro.test(oldpeak)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  oldpeak
## W = 0.85349, p-value = 5.343e-16
```

Como todos los valores del pvalue son muy pequeños podemos determinar que no tienen una distribución normal (se rechaza la hipótesis nula y por lo tanto asumimos que no hay normalidad en los datos).

2.1.3 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.

A continuación se presentarán tres modelos para el análisis de datos, Árbol de Clasificación, Regresión Logística y Naive Bayes.

Árbol de Clasificación

Vamos a aplicar un árbol de de decisión. Para ello pasamos a factor nuestra variable target. Utilizaremos las 12 primeras variables (las no transformada). Separaremos el dataset en datos de training y datos de testing. Una vez creado el modelo veremos su precisión.

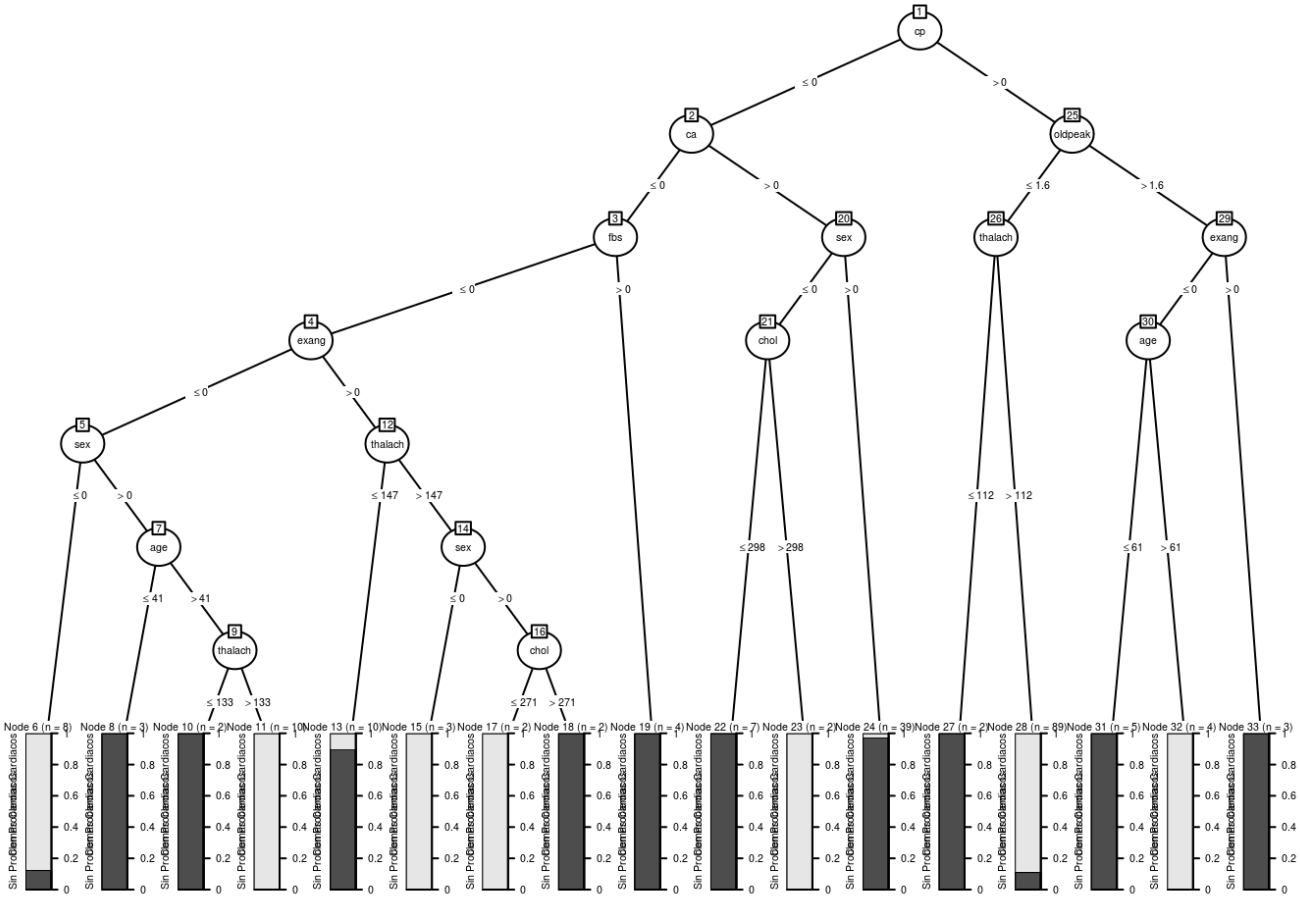
```
#Pasamos a factor para crear el arbol
diseases$target.tipo = as.factor(diseases$target.tipo)
y <- diseases[,14] #target tipo
X <- diseases[,1:12]
indexes = sample(1:nrow(diseases), size=floor((2/3)*nrow(diseases)))
trainX<-X[indexes,]
trainy<-y[indexes]
testX<-X[-indexes,]
testy<-y[-indexes]
#Primero visualizamos las reglas
modelClasif <- C50::C5.0(trainX, trainy,rules=TRUE )
summary(modelClasif)
```

```
##
## Call:
## C5.0.default(x = trainX, y = trainy, rules = TRUE)
##
##
## C5.0 [Release 2.07 GPL Edition]      Tue May 28 22:15:02 2019
## -------------------------------
##
## Class specified by attribute `outcome'
##
## Read 195 cases (13 attributes) from undefined.data
##
## Rules:
##
## Rule 1: (10, lift 1.6)
##  age > 41
##  sex > 0
##  cp <= 0
##  thalach > 133
##  exang <= 0
##  ca <= 0
##  ->  class Con Problemas Cardiacos  [0.917]
##
## Rule 2: (103/20, lift 1.4)
##  cp > 0
##  ->  class Con Problemas Cardiacos  [0.800]
##
## Rule 3: (58/15, lift 1.3)
##  sex <= 0
##  ->  class Con Problemas Cardiacos  [0.733]
##
## Rule 4: (41/1, lift 2.2)
##  cp <= 0
##  chol <= 298
##  ca > 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.953]
##
## Rule 5: (39/1, lift 2.2)
##  sex > 0
##  cp <= 0
##  ca > 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.951]
##
## Rule 6: (14, lift 2.1)
##  sex > 0
##  chol > 271
##  exang > 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.938]
##
```

```
## Rule 7: (13, lift 2.1)
##  cp <= 0
##  fbs > 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.933]
##
## Rule 8: (40/2, lift 2.1)
##  cp <= 0
##  thalach <= 147
##  exang > 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.929]
##
## Rule 9: (26/1, lift 2.1)
##  age <= 61
##  oldpeak > 1.6
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.929]
##
## Rule 10: (17/1, lift 2.0)
##  thalach <= 112
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.895]
##
## Rule 11: (6, lift 2.0)
##  age <= 41
##  sex > 0
##  cp <= 0
##  ->  class Sin Problemas Cardiacos  [0.875]
##
## Default class: Con Problemas Cardiacos
##
##
## Evaluation on training data (195 cases):
##
##          Rules
##    ----------------
##      No      Errors
##
##      11   15( 7.7%)   <<
##
##
##     (a)   (b)    <-classified as
##    ----  ----
##     106     3    (a): class Con Problemas Cardiacos
##      12    74    (b): class Sin Problemas Cardiacos
##
##
##  Attribute usage:
##
##   90.77% cp
##   59.49% sex
##   28.72% thalach
```

```
##   28.72% ca
##   27.18% exang
##   25.13% chol
##   21.03% age
##   13.33% oldpeak
##    6.67% fbs
##
##
## Time: 0.0 secs
```

```
modelClasif <- C50::C5.0(trainX, trainy)
plot(modelClasif,gp = gpar(fontsize = 4))
```




```
predicted_model <- predict( modelClasif, testX, type="class" )
print(sprintf("La precisión del árbol es: %.4f %%",100*sum(predicted_model == test
y) / length(predicted_model)))
```

```
## [1] "La precisión del árbol es: 75.5102 %"
```

Vemos la precisión obtenida. Podríamos utilizar el modelo para realizar predicciones para realizar predicciones.

Por otra parte podemos destacar algunas reglas importante que se visualizan como son:

-el 92% de los individus que cumplen trestbps <= 146 (presión arterial en reposo),oldpeak <= 0.7 (depresión del ST inducida por el ejercicio en relación con el descanso) y ca <= 0 (número de vasos principales coloreados por fluoroscopia) tienen problemas cardíacos.

-el 89% de los individus con cp <= 0 (con dolor en el pecho),trestbps <= 115 (se refiere a presión arterial) y ca <= 0 (número de vasos principales coloreados por fluoroscopia) tienen problema cardíacos.

Modelo de regresión logística

```
#Preparamos los datos en un data set de entrenamiento y otro de test
set.seed(99)
dataRL <- diseases[,1:13]
train.index <-sample(1:nrow(dataRL), size=floor((2/3)*nrow(dataRL)))
train.data <- dataRL[train.index,]
test.data <- dataRL[-train.index,]


# Creamos el modelo de regresión logistica
modeloRL <- glm(target~.,data =train.data,family =binomial)
summary(modeloRL)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = target ~ ., family = binomial, data = train.data)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.4320  -0.3886   0.1733   0.6125   2.1909
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  4.862049   3.112209   1.562 0.118229
## age          0.008092   0.028256   0.286 0.774579
## sex         -2.330506   0.590774  -3.945 7.99e-05 ***
## cp           0.858964   0.241446   3.558 0.000374 ***
## trestbps    -0.026528   0.013759  -1.928 0.053842 .
## chol        -0.018379   0.006375  -2.883 0.003941 **
## fbs         -0.236495   0.701134  -0.337 0.735889
## restecg      0.142187   0.451666   0.315 0.752909
## thalach      0.032014   0.013587   2.356 0.018458 *
## exang       -1.495371   0.526089  -2.842 0.004477 **
## oldpeak     -0.698412   0.292205  -2.390 0.016842 *
## slope        0.298538   0.477539   0.625 0.531867
## ca          -0.656412   0.229686  -2.858 0.004265 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 266.00  on 194  degrees of freedom
## Residual deviance: 135.45  on 182  degrees of freedom
## AIC: 161.45
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

```
# Agregamos a cada columna del nuestros datos de test la probabilidad y predicción
test.data[, "PROB_SUCCESS"] <- predict(modeloRL, newdata = test.data, type="respons
e")
test.data[, "PREDICCION"] <- ifelse(test.data[, "PROB_SUCCESS"]>=0.5, 1, 0) # si la
s probabilidades supera el 50% indicamos 1, sino 0 (predicción a la variable targe
t)
head(test.data) # mostramos una muestra de la predicción
```

```
##    age sex cp trestbps chol fbs restecg thalach exang oldpeak slope ca
## 5   57   0  0      120  354   0       1     163     1     0.6     2  0
## 7   56   0  1      140  294   0       0     153     0     1.3     1  0
## 8   44   1  1      120  263   0       1     173     0     0.0     2  0
## 9   52   1  2      172  199   1       1     162     0     0.5     2  0
## 14  64   1  3      110  211   0       0     144     1     1.8     1  0
## 17  58   0  2      120  340   0       1     172     0     0.0     2  0
##    target PROB_SUCCESS PREDICCION
## 5       1    0.4199119          0
## 7       1    0.7934009          1
## 8       1    0.8815506          1
## 9       1    0.8569101          1
## 14      1    0.7283605          1
## 17      1    0.9794220          1
```

```
# Nos indica la precisión del modelo
print(sprintf("La precisión del árbol es: %.4f %%",100*mean(test.data$PREDICCION==t
est.data$target)))
```

```
## [1] "La precisión del árbol es: 80.6122 %"
```

```
# Mostramos la matriz de confusión con los datos obtenidos en el test
table(test.data[,"target"], test.data[,"PREDICCION"], dnn=c("Actual","Predicho"))
```

```
##       Predicho
## Actual  0  1
##      0 37 12
##      1  7 42
```

```
# Exportamos los datos de la predicción
write.csv(test.data, file="output/RegresionLogistica.csv")
```

Algoritmo Naive Bayes

```
# Instalamos la librería necesaria
if(!require(e1071)){
    install.packages('e1071', repos='http://cran.us.r-project.org')
    library(e1071)
}
```

```
## Loading required package: e1071
```

```r
# Copiamos el data set para utilizarlo en el algoritmo
dataNV <- diseases[,c("age.tipo","cp.tipo","trestbps.tipo","chol.tipo","restecg.tip
o","exang.tipo","oldpeak.tipo","slope.tipo","ca.tipo","target")]
dataNV$target <- as.factor(dataNV$target)

# Creamos nuestros datos para el modelo y test
trainNV.index <-sample(1:nrow(dataNV), size=floor((2/3)*nrow(dataNV)))
trainNV.data <- dataNV[trainNV.index,]
testNV.data <- dataNV[-trainNV.index,]

# Ejecutamos el algoritmo
mod <- naiveBayes(target~ ., data = trainNV.data)
summary(mod)
```

```
##           Length Class  Mode
## apriori   2      table  numeric
## tables    9      -none- list
## levels    2      -none- character
## isnumeric 9      -none- logical
## call      4      -none- call
```

```r
# Guardamos los valores predichos en el data set de test para luego compararlos
testNV.data[, "PREDICCION"] <- predict(mod, testNV.data)

# Vemos una muestra de las predicciones
head(testNV.data)
```

```
##                   age.tipo cp.tipo             trestbps.tipo
## 2             Menores a 40       2 Mayor a 100 y menor a 150
## 3  Mayor a 40 y menor a 50       1 Mayor a 100 y menor a 150
## 6  Mayor a 50 y menor a 60       0 Mayor a 140 y menor a 180
## 10 Mayor a 50 y menor a 60       2 Mayor a 140 y menor a 180
## 11 Mayor a 50 y menor a 60       0 Mayor a 140 y menor a 180
## 16 Mayor a 50 y menor a 60       2 Mayor a 100 y menor a 150
##                     chol.tipo restecg.tipo exang.tipo          oldpeak.tipo
## 2  Mayor a 200 y menor a 300            1          0 Mayor a 3 y menor a 4
## 3  Mayor a 200 y menor a 300            0          0 Mayor a 1 y menor a 2
## 6                Menor a 200            1          0             Menor a 1
## 10               Menor a 200            1          0 Mayor a 1 y menor a 2
## 11 Mayor a 200 y menor a 300            1          0 Mayor a 1 y menor a 2
## 16 Mayor a 200 y menor a 300            1          0 Mayor a 1 y menor a 2
##    slope.tipo ca.tipo target PREDICCION
## 2           0       0      1          0
## 3           2       0      1          1
## 6           1       0      1          1
## 10          2       0      1          1
## 11          2       0      1          1
## 16          1       0      1          1
```

```
# Nos indica la precisión del modelo
print(sprintf("La precisión del árbol es: %.4f %%",100*mean(testNV.data$PREDICCION==
=testNV.data$target)))
```

```
## [1] "La precisión del árbol es: 79.5918 %"
```

```
# Vemos una tabla de confusión y comparamos los datos predecidos con los reales
table(testNV.data$target, testNV.data$PREDICCION, dnn = c("Actual", "Predicha"))
```

```
##       Predicha
## Actual  0  1
##      0 35 10
##      1 10 43
```

```
# Exportamos los datos de la predicción
write.csv(test.data, file="output/NaiveBayes.csv")
```

2.2 Representación de los resultados a partir de tablas y gráficas.

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

Lo que se quería con este estudio era por una parte detectar características de los pacientes que infuyen en que se parezca la enfermedad cardíaca o no. Por otra parte poder predecir de una manera precisa si los individuos con unas características concretas sufren la enfermedad en un porcentaje alto.

El primer punto lo hemos conseguido responder con el análisis de los datos visuales y con la ayuda de algun análisis como la creación del árbol de clasificación que nos ha dado tambien una reglas. Por ejemplo, vemos que por diferenciando por sexo las mujeres tienen un más problemas cardíacos en porcentaje y que a menos oldpeak la probabilidad de sufrir la enfermedad es mayor. Las reglas obtenidas mediante el modelo C5.0 nos ha dado la información, como la siguiente:

-individus que cumplen trestbps <= 146 (presión arterial en reposo),oldpeak <= 0.7 (depresión del ST inducida por el ejercicio en relación con el descanso) y ca <= 0 (número de vasos principales coloreados por fluoroscopia) tienen problemas cardíacos en un 92 %

El segundo objetivo, el de obtener un modelo de predicción también ha sido conseguido. Se ha obtenido un modelo de regresión logística con más del 80% de precisión para predecir si una persona parece la enfermedad o no.

Evidentemente, si se necesitara profundizar en algun aspecto se tendría que hacer una revisión para ajustar los modelos o buscar otros que se adecuen a las necesidades.

Para resolver las problemáticas hemos tenido que realizar las tareas habituales en un proyecto de datamining como son la limpieza y transformación de datos, la visualización y la generación de modelos.

2.4 Código: Hay que adjuntar el código, preferiblemente en R, con el que se ha realizado la limpieza, análisis y representación de los datos. Si lo preferís, también podéis trabajar en Python.

El código lo pueden encontrar en https://github.com/fmorenono/practica2 (https://github.com/fmorenono/practica2)

2.5 Referencias

El Data Set seleccionado está disponible en : https://www.kaggle.com/ronitf/heart-disease-uci (https://www.kaggle.com/ronitf/heart-disease-uci)