Problemas propuestos de Regresión Logística

Francisco Javier Mercader Martínez

Problema 1

El fichero **processed.cleveland.data**, continene los datos correspondientes a un estudio sobre enfermedad cardíaca por *Cleveland Clinic Foundation*.

El fichero contiene un total de 14 columnas, correspondientes a las siguientes variables: *age, sex, cp, trestbps, chol, fbs, restecg, thalach, exang, oldpeak, slope, ca, tal* y *num*. La variable "num" toma valores 0, 1, 2, 3 y 4, indicando el tipo de anomalía cardíaca. El valor 0 indica ausencia de enfermedad, mientras que el resto de valores indican algún tipo de anomalía. Para la descripción detallada de cada variable, puede consultarse el fichero **heart-disease.names**.

Se desea realizar un análisis de Regresión Logística con el fin de predecir la presencia (o no) de enfermedad cardíaca en función del resto de variables (predictores). Se pide:

1) Importar los datos del fichero **processed.cleveland.data** y poner el nombre de cada variable como se indica en el enunciado. Sustituir la variable "num" por una nueva variable llamada "disease" que valga 0 si no hay enfermedad y que valga 1 cuando haya anomalía cardiaca.

```
mydata <- read.table("../../data/processed.cleveland.data", sep = ",",
                     col.names = c("age", "sex", "cp", "trestbps", "chol", "fbs",
                                   "restecg", "thalach", "exang", "olpeak", "slope",
                                   "ca", "tal", "num"))

# Crear la nueva variable 'disease'
mydata$disease <- ifelse(mydata$num > 0, 1, 0)
mydata <- subset(mydata, select = -num)
```

De esta forma elimino la columna `num` para que `disease` la sustituya

2) Eliminar todas las filas que tengan algún valor perdido. **Importante:** confirmar primero si todas las variables son de tipo numérico para identificar adecuadamente los valores perdidos.

```
summary(mydata)
```

```
##       age             sex               cp           trestbps
##  Min.   :29.00   Min.   :0.0000   Min.   :1.000   Min.   : 94.0
##  1st Qu.:48.00   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:3.000   1st Qu.:120.0
##  Median :56.00   Median :1.0000   Median :3.000   Median :130.0
##  Mean   :54.44   Mean   :0.6799   Mean   :3.158   Mean   :131.7
##  3rd Qu.:61.00   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:4.000   3rd Qu.:140.0
##  Max.   :77.00   Max.   :1.0000   Max.   :4.000   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 :241.0   Median :0.0000   Median :1.0000   Median :153.0
##  Mean   :246.7   Mean   :0.1485   Mean   :0.9901   Mean   :149.6
##  3rd Qu.:275.0   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:2.0000   3rd Qu.:166.0
```

```
##  Max.   :564.0   Max.   :1.0000   Max.   :2.0000   Max.   :202.0
##      exang            olpeak          slope            ca
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.00   Min.   :1.000   Length:303
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.00   1st Qu.:1.000   Class :character
##  Median :0.0000   Median :0.80   Median :2.000   Mode  :character
##  Mean   :0.3267   Mean   :1.04   Mean   :1.601
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.60   3rd Qu.:2.000
##  Max.   :1.0000   Max.   :6.20   Max.   :3.000
##      tal               disease
##  Length:303         Min.   :0.0000
##  Class :character   1st Qu.:0.0000
##  Mode  :character   Median :0.0000
##                     Mean   :0.4587
##                     3rd Qu.:1.0000
##                     Max.   :1.0000
```

```
# Las columnas ca y tal son de tipo chr
mydata$ca <- as.numeric(mydata$ca)
```

```
## Warning: NAs introducidos por coerción
```

```
mydata$tal <- as.numeric(mydata$tal)
```

```
## Warning: NAs introducidos por coerción
```

```
# Como nos da el aviso de que hay valores NA's, vamos a eliminar las filas que
# los contienen

mydata <- na.omit(mydata)

# El DataFrame orginal tenía 303 filas y ahora hay 297.
summary(mydata)
```

```
##       age             sex               cp           trestbps
##  Min.   :29.00   Min.   :0.0000   Min.   :1.000   Min.   : 94.0
##  1st Qu.:48.00   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:3.000   1st Qu.:120.0
##  Median :56.00   Median :1.0000   Median :3.000   Median :130.0
##  Mean   :54.54   Mean   :0.6768   Mean   :3.158   Mean   :131.7
##  3rd Qu.:61.00   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:4.000   3rd Qu.:140.0
##  Max.   :77.00   Max.   :1.0000   Max.   :4.000   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.:133.0
##  Median :243.0   Median :0.0000   Median :1.0000   Median :153.0
##  Mean   :247.4   Mean   :0.1448   Mean   :0.9966   Mean   :149.6
##  3rd Qu.:276.0   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:2.0000   3rd Qu.:166.0
##  Max.   :564.0   Max.   :1.0000   Max.   :2.0000   Max.   :202.0
##      exang            olpeak          slope             ca
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.000   Min.   :1.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.000   1st Qu.:1.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :0.0000   Median :0.800   Median :2.000   Median :0.0000
##  Mean   :0.3266   Mean   :1.056   Mean   :1.603   Mean   :0.6768
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.600   3rd Qu.:2.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :6.200   Max.   :3.000   Max.   :3.0000
##       tal           disease
```

```
##  Min.   :3.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:3.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :3.000   Median :0.0000
##  Mean   :4.731   Mean   :0.4613
##  3rd Qu.:7.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :7.000   Max.   :1.0000
```

3) Pasar a tipo factor las variables que por naturaleza sean de tipo categórico.

```
mydata$sex <- as.factor(mydata$sex)
mydata$fbs <- as.factor(mydata$fbs)
mydata$exang <- as.factor(mydata$exang)
mydata$disease <- as.factor(mydata$disease)
```

4) Dividir el conjunto de datos en entrenamiento y prueba (70% entrenamiento, 30% prueba). Tomar semilla 123.

```
library(caTools)

set.seed(123)

split <- sample.split(mydata$disease, SplitRatio = 0.7)

# Conjunto de entrenamiento
train_data <- subset(mydata, split == TRUE)

# Conjunto de test
test_data <- subset(mydata, split == FALSE)
```

5) Con los datos de entrenamiento, obtener el modelo ajustado de Regresión Logística usando todos los predictores. ¿Son todos los predictores significativos?

```
modelo_ajustado <- glm(disease ~ ., data = train_data, family = "binomial")
summary(modelo_ajustado)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = disease ~ ., family = "binomial", data = train_data)
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -7.971802   3.481717  -2.290 0.022043 *
## age         -0.021535   0.030711  -0.701 0.483175
## sex1         1.032931   0.619496   1.667 0.095440 .
## cp           0.879473   0.246117   3.573 0.000352 ***
## trestbps     0.022726   0.012669   1.794 0.072846 .
## chol         0.004629   0.004528   1.022 0.306573
## fbs1        -1.015074   0.685242  -1.481 0.138517
## restecg      0.131747   0.228000   0.578 0.563375
## thalach     -0.016290   0.012481  -1.305 0.191819
## exang1       1.394518   0.509005   2.740 0.006150 **
## olpeak       0.199241   0.267522   0.745 0.456413
## slope        0.581427   0.458175   1.269 0.204439
## ca           1.131167   0.311410   3.632 0.000281 ***
## tal          0.322145   0.123885   2.600 0.009313 **
## ---
```

```
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 287.12  on 207  degrees of freedom
## Residual deviance: 138.63  on 194  degrees of freedom
## AIC: 166.63
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Los predictores con un valor p pequeño (generalmente menor a 0.05) son considerados significativos. En este caso, los predictores significativos son:

- (Intercept)
- cp
- exang1
- ca
- tal

Estos predictores tienen un valor p menor a 0.05, lo que indica que hay una fuerte evidencia de que estos predictores tienen un efecto significativo en la variable de respuesta `disease`.

6) Obtener las predicciones para los datos del conjunto de prueba, es decir, la probabilidad predicha de padecer cardíaca para cada individuo del conjunto de testeo.

```
predictions <- predict(modelo_ajustado, newdata = test_data, type = "response")
predictions
```

```
##          4          6          8         14         17         18         26
## 0.34893535 0.02278467 0.28723231 0.10297714 0.23293333 0.24688767 0.05759789
##         31         33         34         35         37         40         43
## 0.07036064 0.12215276 0.58771304 0.24808972 0.94367812 0.35342295 0.18896880
##         46         51         52         53         54         56         59
## 0.66448604 0.02082296 0.34553883 0.49235927 0.03197073 0.98707158 0.59148777
##         64         66         67         72         74         90         94
## 0.01396034 0.99580876 0.25181826 0.76896489 0.80424216 0.05687044 0.02240736
##         97        102        103        108        118        120        122
## 0.95468208 0.01351296 0.26553558 0.70885182 0.08609493 0.93846688 0.99219822
##        126        127        128        129        130        132        134
## 0.02980775 0.99683843 0.96985953 0.02651056 0.04265816 0.65516576 0.51163510
##        138        139        142        152        155        156        161
## 0.71635547 0.92290473 0.26850677 0.21608609 0.96896446 0.98210957 0.02452786
##        163        164        175        178        179        190        194
## 0.04182684 0.15740948 0.96601353 0.97849105 0.40245394 0.97506230 0.86618648
##        195        196        198        199        200        204        211
## 0.09316698 0.95192115 0.53911457 0.01332241 0.06568729 0.20241060 0.02585124
##        213        214        218        228        229        230        232
## 0.23436954 0.94248761 0.53190674 0.10317672 0.88378520 0.70912146 0.91630418
##        236        239        241        243        249        251        253
## 0.98674772 0.02994631 0.03168760 0.08189462 0.86326256 0.82030866 0.97340735
##        254        261        265        266        268        274        275
## 0.04900710 0.16995412 0.94100651 0.95418009 0.44248885 0.08818604 0.11818867
##        276        299        300        301        302
## 0.22314803 0.14187489 0.91103186 0.96164053 0.06273943
```

7) Veamos ahora el problema de Regresión Logística como un problema de clasificiación. Usando las predicciones del apartado anterior y tomando como punto de corte la probabilidad de 0.5, obtener la

clase predicha para los individuos del conjunto de prueba. Medir la eficiencia del modelo calculando la matriz de confusión, accuracy, sensibilidad y especificidad.

```
predic_grupos <- ifelse(predictions > 0.5, 1, 0)

matriz_confusion <- table(test_data$disease, predic_grupos)

VP <- matriz_confusion[2, 2]
FN <- matriz_confusion[2, 1]
VN <- matriz_confusion[1, 1]
FP <- matriz_confusion[1, 2]

sensibilidad <- VP/(VP+FN)
especificidad <- VN/(VN+FP)
accuracy <- (VP/VN)/(VP+FP+VN+FN)
paste("Accuracy =", accuracy)
```

```
## [1] "Accuracy = 0.00870786516853933"
```

```
paste("Sensibilidad =", sensibilidad)
```

```
## [1] "Sensibilidad = 0.75609756097561"
```

```
paste("Especificidad =", especificidad)
```

```
## [1] "Especificidad = 0.833333333333333"
```

8) Para los datos del conjunto de prueba, obtener la curva ROC del método de clasificación, calcular el AUC (área bajo la curva) e interpretar el resultado.

```
library("pROC")
```

```
## Type 'citation("pROC")' for a citation.
```

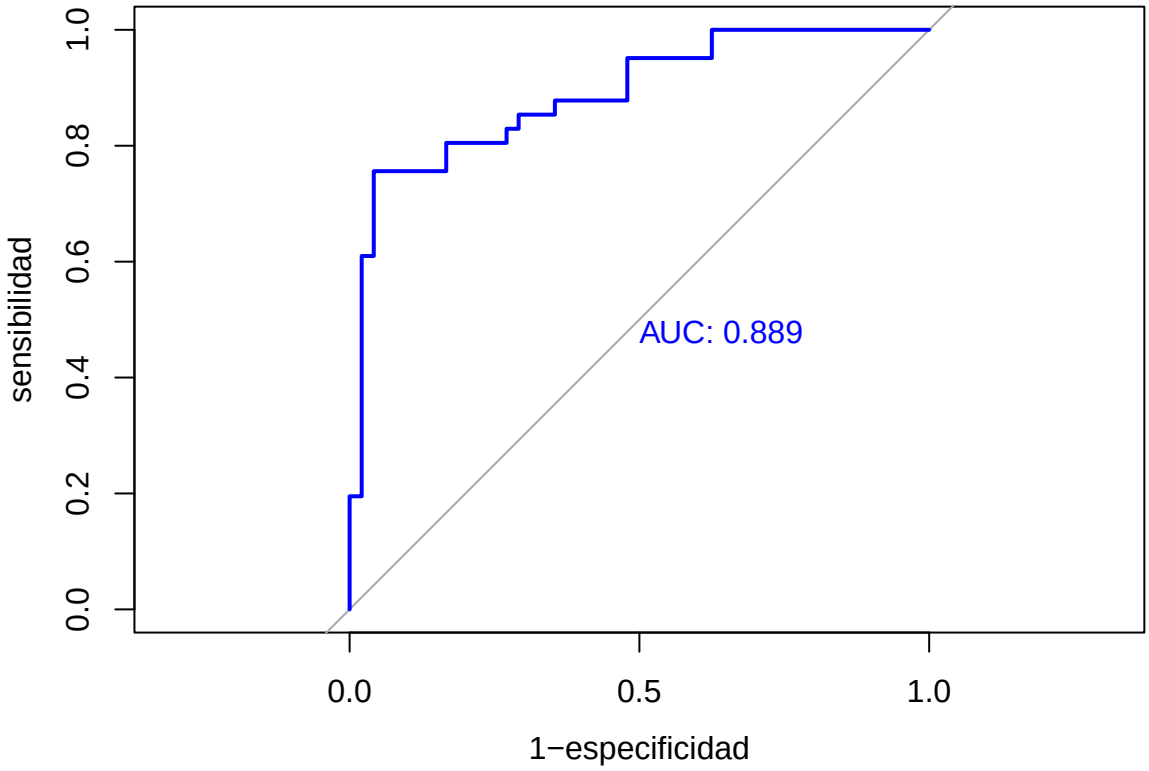
```
##
## Attaching package: 'pROC'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     cov, smooth, var
```

```
roc(test_data$disease, predictions, plot = TRUE,
    legacy.axes = TRUE, percent = FALSE,
    xlab = "1-especificidad", ylab = "sensibilidad",
    col = "blue", lwd = 2, print.auc = TRUE)
```

```
## Setting levels: control = 0, case = 1
```

```
## Setting direction: controls < cases
```




```
##
## Call:
## roc.default(response = test_data$disease, predictor = predictions,     percent = FALSE, plot = TRUE,
##
## Data: predictions in 48 controls (test_data$disease 0) < 41 cases (test_data$disease 1).
## Area under the curve: 0.8892
```

9) Repetir el análisis (apartado 5 y siguientes) pero aplicando primero los métodos de selección de regresores, con el fin de proponer un modelo más parsimonioso.