

Tipología y Ciclo de vida del Dato: Práctica 2: Limpieza y validación de los datos

Autores: Inmaculada Pizarro Moreno y Enrique Fernández Morales

Enero 2023

Contents

Descripción del dataset	2
Importancia y objetivos de los análisis	3
Limpieza de los datos	3
Selección de los datos de interés	4
Ceros y elementos vacíos	5
Valores extremos	5
Normalización	6
Discretización de variable edad	7
Exportación de los datos preprocesados	8
Análisis de los datos	8
Selección de los grupos de datos a analizar	8
Análisis estadístico descriptivo	8
Análisis estadístico inferencial	11
Pruebas estadísticas	14
Correlación de variables	14
Contraste de hipótesis	16
Regresión	18
Conclusiones	20
Bibliografía	20

Descripción del dataset

En el siguiente ejercicio nos disponemos a analizar el conjunto de datos sugerido para la PRA2 de tipología y ciencia de vida del dato sobre ataques de corazón y variables asociadas a cada muestra.

El conjunto de datos objeto de análisis se ha obtenido a partir de este enlace en Kaggle: Kaggle dataset sobre ataques de corazón y está constituido por 14 características (columnas) que presentan 303 pacientes (filas o registros).

Entre los campos de este conjunto de datos, encontramos los siguientes:

- **age** Edad del paciente
- **sex** Sexo del paciente
 - Value 0: mujer
 - Value 1: hombre
- **cp** Tipo de dolor en el pecho
 - Value 0: angina típica
 - Value 1: angina atípica
 - Value 2: dolor no de angina
 - Value 3: asintomático
- **trtbps** Presión arterial en reposo (mm Hg)
- **chol** Colestrol en mg/dl obtenido a través del sensor BMI
- **fbs** Azúcar en sangre en ayunas > 120 mg/dl
 - Value 0: falso
 - Value 1: verdadero
- **restecg** Resultados electrocardiográficos en reposo
 - Value 0: normal
 - Value 1: tener anomalías en la onda ST-T (inversiones de la onda T y/o elevación o depresión del ST > 0,05 mV)
 - Value 2: que muestra hipertrofia ventricular izquierda probable o definitiva según los criterios de Estes
- **thalachh** Frecuencia cardíaca máxima alcanzada
- **exng** Angina inducida por el ejercicio
 - Value 0: no
 - Value 1: sí
- **oldpeak** Pico Anterior
- **slp** La pendiente del segmento ST de ejercicio máximo
 - Value 0: pendiente descendente
 - Value 1: plano
 - Value 1: pendiente ascendente
- **caa** Número de vasos principales (0-3)
- **thall** Talassemia: trastorno genético de la sangre que se caracteriza por una tasa de hemoglobina más baja de lo normal. Resultado de la prueba de esfuerzo con talio ~ (0,3)
 - Value 0: nada
 - Value 1: defecto fijo
 - Value 2: normal
 - Value 3: defecto reversible
- **output** Posibilidad de infarto
 - Value 0: menos posibilidades de infarto
 - Value 1: más posibilidades de infarto

Importancia y objetivos de los análisis

Mediante el análisis de este dataset sobre pacientes de corazón nos planteamos saber si alguna de las pruebas realizadas en ellos podría ser determinante en que la posibilidad de infarto sea mayor o menor para el paciente.

Este tipo de análisis es muy común en el sector de la salud y presenta grandes retos, teniendo beneficios enormes en la investigación de todo tipo de enfermedades y tratamientos. Como ejemplo tenemos este mismo caso que trataremos en esta práctica, donde el conocimiento que podemos extraer a la hora de tratar este tipo de datos puede ayudarnos a predecir infartos y salvar vidas.

Nos resulta también interesante saber qué variables se correlacionan entre ellas, de modo que podamos de algún modo no sólo saber la importancia de cada variable en el resultado sino la dependencia entre ellas, ya que podría ser útil a la hora de atacar el problema por algún camino médico, por ejemplo, el colesterol con respecto a los problemas de presión arterial o viceversa. Además, también nos interesa realizar otro tipo de pruebas estadísticas, como por ejemplo el contraste de hipótesis para comprobar las diferencias estadísticas significativas entre grupos de datos, y como por ejemplo realizar un modelo de regresión lineal para analizar la relación entre algunas variables.

Estos análisis nos permiten inferir propiedades sobre el resto de la población de pacientes de corazón.

Limpieza de los datos

El primer paso es cargar los datos para trabajar con ellos haciendo uso de la función `read.csv` de la librería `readr`.

```
pacientes <- read.csv('../dataset/heart.csv', header = TRUE, sep = ',')
```

Vemos qué clase tiene cada variable usando la función `sapply` que nos permite aplicar la función `class` sobre todo data frame.

```
# Tipo de dato asignado a cada campo
sapply(pacientes, function(x) class(x))

##      age      sex      cp      trtbps      chol      fbs      restecg      thalachh
## "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer" "integer"
##      exng      oldpeak      slp      caa      thall      output
## "integer" "numeric" "integer" "integer" "integer" "integer"
```

Comprobemos de nuevo las características y estadísticas de los datos originales.

```
glimpse(pacientes)

## Rows: 303
## Columns: 14
## $ age      <int> 63, 37, 41, 56, 57, 57, 56, 44, 52, 57, 54, 48, 49, 64, 58, 5~
## $ sex      <int> 1, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 0, 0, 0, 1, 0, 1~
## $ cp       <int> 3, 2, 1, 1, 0, 0, 1, 1, 2, 2, 0, 2, 1, 3, 3, 2, 2, 3, 0, 3, 0~
## $ trtbps   <int> 145, 130, 130, 120, 120, 140, 140, 120, 172, 150, 140, 130, 1~
## $ chol     <int> 233, 250, 204, 236, 354, 192, 294, 263, 199, 168, 239, 275, 2~
## $ fbs      <int> 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0~
## $ restecg  <int> 0, 1, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1~
## $ thalachh <int> 150, 187, 172, 178, 163, 148, 153, 173, 162, 174, 160, 139, 1~
## $ exng     <int> 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0~
## $ oldpeak  <dbl> 2.3, 3.5, 1.4, 0.8, 0.6, 0.4, 1.3, 0.0, 0.5, 1.6, 1.2, 0.2, 0~
## $ slp      <int> 0, 0, 2, 2, 2, 1, 1, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 1, 2, 0, 2, 2, 1~
## $ caa      <int> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 2, 0~
## $ thall    <int> 1, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 3, 3, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 3~
## $ output   <int> 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1~
```

Nos ha clasificado automáticamente todas las variables como integer o numeric. Sabemos por su descripción y valores posibles que varias de las variables son discretas y deberían ser factorizadas. Para ello usamos la función `lapply` y le pasamos la función `factor` a subset del dataframe de variables discretas.

```
#Para factorizar selecciono las columnas que creo se deben factorizar
col_disc = colnames(select(pacientes,contains(c("sex","cp","fbs","restecg","exng","slp",
                                                "caa","thall","output"))))

#Aplico la funcion factor y reviso la clase después
pacientes[col_disc] <- lapply(pacientes[col_disc], factor)
sapply(pacientes, class)
```

```
##      age      sex      cp      trtbps      chol      fbs      restecg      thalachh
## "integer" "factor" "factor" "integer" "integer" "factor" "factor" "integer"
##      exng      oldpeak      slp      caa      thall      output
## "factor" "numeric" "factor" "factor" "factor" "factor"
```

Selección de los datos de interés

La mayoría de los atributos parecen necesarios para analizar su impacto en la probabilidad de sufrir un infarto. Excepto quizás el número de vasos principales, que podríamos eliminar del conjunto de datos.

```
pacientes <- pacientes[,-12]
```

Antes de continuar procedemos a traducir los nombres de las columnas para simplificar la comprensión de la práctica, y volvemos a ver el resumen estadístico con la traducción y las variables factorizadas.

```
names(pacientes) <- c("edad","sexo","dolor_pecho","presion_arterial","colesterol",
                      "azucar","electro","frecuencia_cardiaca","angina_ejercicio",
                      "pico_anterior","pendiente","prueba_esfuerzo",
                      "posibilidad_infarto")
col_disc <- c("sexo", "dolor_pecho", "azucar","electro", "angina_ejercicio",
             "pendiente", "prueba_esfuerzo", "posibilidad_infarto")
str(pacientes)
```

```
## 'data.frame':    303 obs. of  13 variables:
## $ edad          : int  63 37 41 56 57 57 56 44 52 57 ...
## $ sexo          : Factor w/ 2 levels "0","1": 2 2 1 2 1 2 1 2 2 2 ...
## $ dolor_pecho   : Factor w/ 4 levels "0","1","2","3": 4 3 2 2 1 1 2 2 3 3 ...
## $ presion_arterial : int  145 130 130 120 120 140 140 120 172 150 ...
## $ colesterol    : int  233 250 204 236 354 192 294 263 199 168 ...
## $ azucar        : Factor w/ 2 levels "0","1": 2 1 1 1 1 1 1 1 2 1 ...
## $ electro       : Factor w/ 3 levels "0","1","2": 1 2 1 2 2 2 1 2 2 2 ...
## $ frecuencia_cardiaca: int  150 187 172 178 163 148 153 173 162 174 ...
## $ angina_ejercicio : Factor w/ 2 levels "0","1": 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 ...
## $ pico_anterior  : num  2.3 3.5 1.4 0.8 0.6 0.4 1.3 0 0.5 1.6 ...
## $ pendiente     : Factor w/ 3 levels "0","1","2": 1 1 3 3 3 2 2 3 3 3 ...
## $ prueba_esfuerzo : Factor w/ 4 levels "0","1","2","3": 2 3 3 3 3 2 3 4 4 3 ...
## $ posibilidad_infarto: Factor w/ 2 levels "0","1": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
```

Tenemos finalmente 12 atributos y 303 observaciones, las 8 variables factorizadas que son discretas son sexo, dolor_pecho, azucar, electro, angina_ejercicio, pendiente, prueba_esfuerzo y posibilidad de infarto, el resto son continuas.

Ceros y elementos vacíos

Procedemos a comprobar la existencia de valores ausentes en el dataset.

```
print('Porcentajes de valores ausentes en cada variable ordenado descendientemente')
```

```
## [1] "Porcentajes de valores ausentes en cada variable ordenado descendientemente"
```

```
sort(colMeans(is.na(pacientes) | pacientes==""), decreasing = TRUE)
```

```
##          edad          sexo      dolor_pecho  presion_arterial
##           0           0           0           0
##   colesterol      azucar      electro frecuencia_cardiaca
##           0           0           0           0
## angina_ejercicio pico_anterior pendiente prueba_esfuerzo
##           0           0           0           0
## posibilidad_infarto
##           0
```

```
cat(ifelse(any(!complete.cases(pacientes)), "Sí", "NO"), "hay valores ausentes")
```

```
## NO hay valores ausentes
```

Podemos comprobar como no había valores ausentes. En el caso de haber encontrado que una variable pocos registros con valores ausentes, hubiera bastado con utilizar técnicas de sustitución por un valor por defecto o bien el valor k-vecino más próximo (kNN imputation). En cambio, de haber tenido una variable muchos valores vacíos se podría haber descartado esta sin llegar a perder mucha información.

Valores extremos

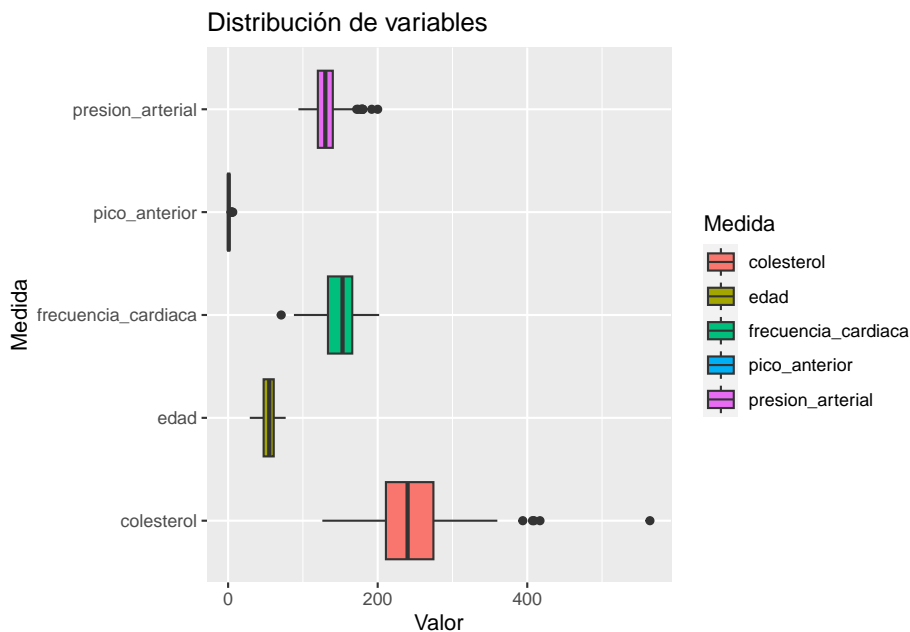
Veamos cuales son los valores outliers para cada variable continua:

```
pacientes_cat <- pacientes %>% select(col_disc)
col_numericas_cont <- colnames(select(pacientes, !contains(col_disc)))
pacientes_num_cont <- pacientes %>% select(all_of(col_numericas_cont))
pacientes_table <- as.data.frame(apply(pacientes_num_cont, 2, summary))
resultado <- lapply(pacientes_num_cont, function(x) boxplot.stats(x)$out)
resultado
```

```
## $edad
## integer(0)
##
## $presion_arterial
## [1] 172 178 180 180 200 174 192 178 180
##
## $colesterol
## [1] 417 564 394 407 409
##
## $frecuencia_cardiaca
## [1] 71
##
## $pico_anterior
## [1] 4.2 6.2 5.6 4.2 4.4
```

También lo podemos visualizar en boxplots. Donde vemos claramente la representación de los outliers anteriores como puntos fuera de los bigotes del boxplot en `presion_arterial` (6), `pico_anterior` (4), `frecuencia_cariaca` (1), `colesterol` (4). No hay outliers en `edad`.

```
pacientes %>%
  pivot_longer(cols = col_numericas_cont,
               names_to = "Medida",
               values_to = "Valor") %>%
  ggplot() +
  geom_boxplot(aes(x = Medida, y = `Valor`, fill = Medida)) +
  ggtitle("Distribución de variables") +
  coord_flip()
```



Los valores de colesterol y presión arterial son claramente muy altos, por lo que es posible que sean errores. Aun así, ya que estamos viendo la relación de estos valores altos o fuera de la norma y su influencia en la probabilidad de infarto, no los eliminaremos de la muestra original. En consecuencia vamos a crear otro dataframe sin estos outliers para eventualmente probar su efecto en los siguientes análisis.

```
#Upper level colesterol
upc_manual <- 400
#Upper level presion arterial
upp_manual <- 150
#Eliminacion registros con outliers en colesterol y presión
pacientes_sinout <- filter(pacientes, pacientes$colesterol <= upc_manual)
pacientes_sinout <- filter(pacientes, pacientes$presion_arterial <= upp_manual)
```

Normalización

Podríamos normalizar y pasar los valores a la misma escala para mejorar el rendimiento de un posible modelo o visualizar los boxplot más fácilmente, pero perderíamos interpretación de los datos. Así que decidimos no normalizar las variables continuas. Un método hubiera sido por el máximo como se ve a continuación.

```
#Para normalizar sólo puedo usar las columnas numéricas que filtro
# Definimos la función de normalización por el máximo
```

```

nor <-function(x) { (x -min(x))/(max(x)-min(x))}
# Guardamos un nuevo dataset normalizado de variables numéricas para usar en kmeans
pacientes_num_cont_nor <- as.data.frame(lapply(pacientes_num_cont, nor))

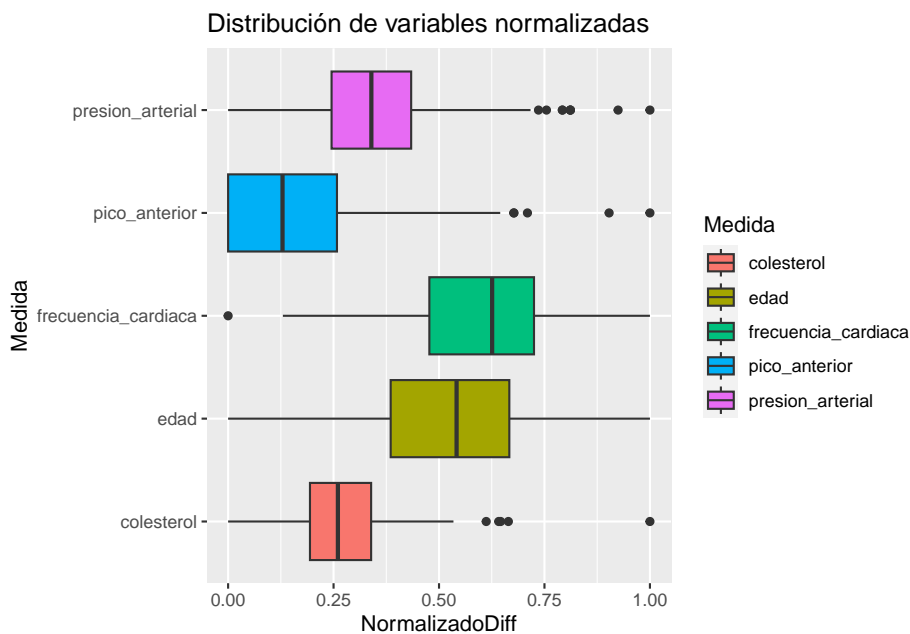
```

Veamos como queda la distribución de las variables numéricas del dataset normalizado. Cuando se usan los boxplot en conjunto para identificar outliers la visualización es mejor si están todas las variables normalizadas.

```

pacientes_num_cont_nor %>%
  pivot_longer(cols = col_numericas_cont,
               names_to = "Medida",
               values_to = "NormalizadoDiff") %>%
  ggplot() +
  geom_boxplot(aes(x = Medida, y = `NormalizadoDiff`, fill = Medida)) +
  ggtitle("Distribución de variables normalizadas") +
  coord_flip()

```



Discretización de variable edad

Categorizamos la variable edad en rangos para poder hacer el estudio estadístico por grupos con ella y vemos su distribución usando la función table.

```

pacientes["rango_edad"] <- cut(pacientes$edad, breaks = c(0,45,55,65,100),
                              labels = c("Grupo1:<=45", "Grupo2:46-55",
                                           "Grupo3:56-65", "Grupo3:>65"))
table(pacientes$rango_edad)

```

```

##
## Grupo1:<=45 Grupo2:46-55 Grupo3:56-65 Grupo3:>65
##          64          88          118          33

```

Los hemos categorizado en los siguientes grupos: Grupo1:<=45, Grupo2:46-55, Grupo3:56-65 y Grupo3:>65.

Exportación de los datos preprocesados

Una vez que hemos acometido sobre el conjunto de datos inicial los procedimientos de integración, validación y limpieza anteriores, procedemos a guardar estos en un nuevo fichero denominado heart_clean.csv.csv:

```
write.csv(pacientes, "../dataset/heart_clean.csv")
```

Análisis de los datos

Selección de los grupos de datos a analizar

Vamos a seleccionar los grupos dentro de nuestro conjunto de datos que pueden resultar interesantes para analizar y/o comparar. Para esto, utilizaremos la nueva variable discretizada: rango de edad y también usaremos el sexo.

```
# Agrupación por rango de edad: "Grupo1:<=45", "Grupo2:46-55", "Grupo3:56-65",  
#"Grupo3:>65"  
pacientes.grupoh45 <- pacientes[pacientes$rango_edad == "Grupo1:<=45",]  
pacientes.grupoh55 <- pacientes[pacientes$rango_edad == "Grupo2:46-55",]  
pacientes.grupoh65 <- pacientes[pacientes$rango_edad == "Grupo3:56-65",]  
pacientes.grupom65 <- pacientes[pacientes$rango_edad == "Grupo3:>65",]  
# Agrupación por sexo  
pacientes.hombres <- pacientes[pacientes$sexo == 1,]  
pacientes.mujeres <- pacientes[pacientes$sexo == 0,]
```

Análisis estadístico descriptivo

Tal y como hemos tenido que hacer con anterioridad para realizar el análisis de outliers en la fase de limpieza de datos, vemos a continuación los datos estadísticos descriptivos de nuestro dataset de pacientes resultante así como los resúmenes estadísticos de los grupos de dataset que hemos creado para poder compararlos.

```
summary(pacientes)
```

```
##      edad      sexo  dolor_pecho presion_arterial  colesterol  azucar  
## Min.   :29.00  0: 96   0:143      Min.    : 94.0    Min.    :126.0  0:258  
## 1st Qu.:47.50  1:207  1: 50      1st Qu.:120.0  1st Qu.:211.0  1: 45  
## Median :55.00      2: 87      Median :130.0  Median :240.0  
## Mean   :54.37      3: 23      Mean   :131.6  Mean   :246.3  
## 3rd Qu.:61.00      3rd Qu.:140.0  3rd Qu.:274.5  
## Max.   :77.00      Max.   :200.0  Max.   :564.0  
## electro frecuencia_cardiaca angina_ejercicio pico_anterior pendiente  
## 0:147 Min.    : 71.0      0:204      Min.    : 0.00  0: 21  
## 1:152 1st Qu.:133.5      1: 99      1st Qu.: 0.00  1:140  
## 2: 4  Median :153.0      Median : 0.80  2:142  
##      Mean   :149.6      Mean   : 1.04  
##      3rd Qu.:166.0      3rd Qu.: 1.60  
##      Max.   :202.0      Max.   : 6.20  
## prueba_esfuerzo posibilidad_infarto      rango_edad  
## 0: 2      0:138      Grupo1:<=45 : 64  
## 1: 18      1:165      Grupo2:46-55: 88  
## 2:166      Grupo3:56-65:118  
## 3:117      Grupo3:>65 : 33  
##  
##
```


La función summary nos ha dado todos los datos estadísticos necesarios como mínimo, máximo, media, mediana, cuartiles para las variables numéricas continuas y la distribución de las categóricas. Las visualizaciones ya realizadas en la primera fase con boxplot nos daban la misma información de manera visual.

Como ya comentamos hay outliers, ausencia de distribución normal y también una distribución desequilibrada en las variables categóricas.

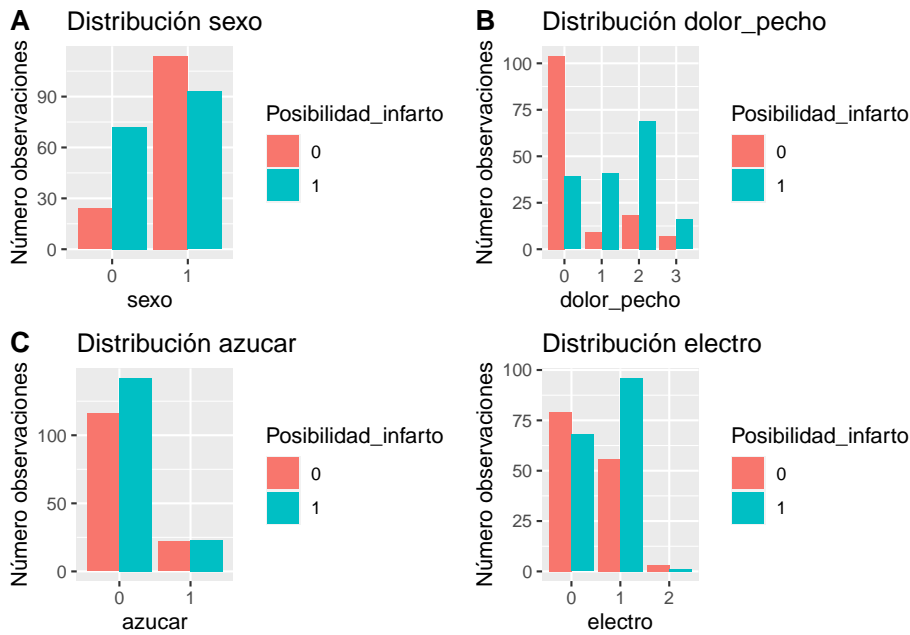
Un análisis visual bivariable usando los rangos de edad y sexo como el que mostramos aquí nos da también de forma más fácil de interpretar el análisis estadístico descriptivo de algunas variables por parejas.

```
#hacemos de forma automática las tablas para todas las variables categóricas
tbcat <- sapply(pacientes_cat, inherits, "numeric")
tbcat
```

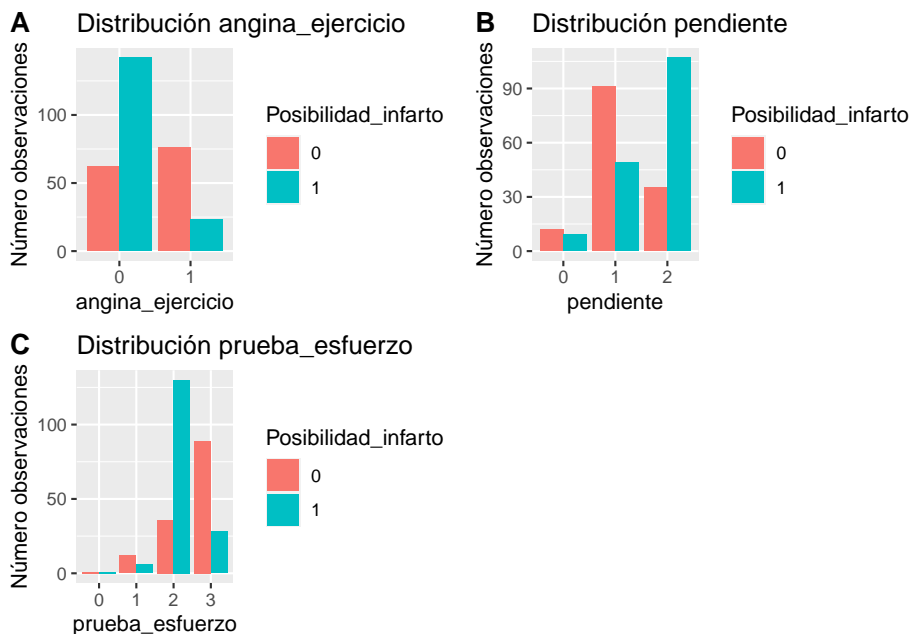
```
##          sexo          dolor_pecho          azucar          electro
##          FALSE          FALSE          FALSE          FALSE
##  angina_ejercicio          pendiente  prueba_esfuerzo posibilidad_infarto
##          FALSE          FALSE          FALSE          FALSE
```

```
#creamos lista con todas las tablas de contingencia para cada variable con
#la objetivo
contg <- lapply(pacientes_cat[!tbcat][-8], table, pacientes_cat[!tbcat][[8]])
#parseamos cada elemento de la lista (una tabla con una variable y la variable
#objetivo) para poder hacer el plot
Distribucion <- function(y) {
  contg[y]
  col <- names(contg[y])
  list_to_df <- as.data.frame(contg[y])
  names(list_to_df) <- c(col,"Posibilidad_infarto","Freq")
  col2 <- "Posibilidad_infarto"
  col3 <- "Freq"
  gp <- ggplot(list_to_df, aes_string(fill=col2, y=col3, x=col)) +
    geom_bar(position='dodge', stat='identity') +
    labs(title = paste("Distribución",col), x= col, y= "Número observaciones")
  return(gp)
}
figure <- ggarrange(Distribucion(1), Distribucion(2), Distribucion(3),
  Distribucion(4), Distribucion(5), Distribucion(6),
  Distribucion(7),
  labels = c("A", "B", "C"),
  ncol = 2, nrow = 2)
figure
```

```
## $'1'
```



```
##
## $'2'
```



```
##
## attr(,"class")
## [1] "list"      "ggarrange"
```

Como nos han mostrado las gráficas anteriores, en estas podemos comprobar las siguientes conclusiones:

- Las mujeres tienen proporcionalmente mas riesgo de sufrir un infarto que los hombres.
- Los pacientes con dolores en el pecho de tipo angina típica muestran poca probabilidad de sufrir un infarto, y los dolores que no son de angina o las anginas atípicas muestran un riesgo alto de posible infarto.
- El azúcar en sangre en ayunas no nos indica mucha diferencia en el riesgo de infarto.

- Los resultados electrocardiográficos en reposo de tener anomalías en la onda ST-T indican posibilidad de infarto.
- Como las anginas producidas por el ejercicio son poco probables de posible infarto, pero las anginas sin origen en el ejercicio si que indican un posible infarto.
- La pendiente del segmento ST de ejercicio máximo plano indica que es poco probable un infarto, pero cuando es pendiente ascendente indica una alta posibilidad de infarto.
- El resultado de la prueba de esfuerzo con talio $\sim (0,3)$ siendo defecto reversible indica poca posibilidad de infarto, pero cuando es normal indica una alta posibilidad de infarto.

Análisis estadístico inferencial

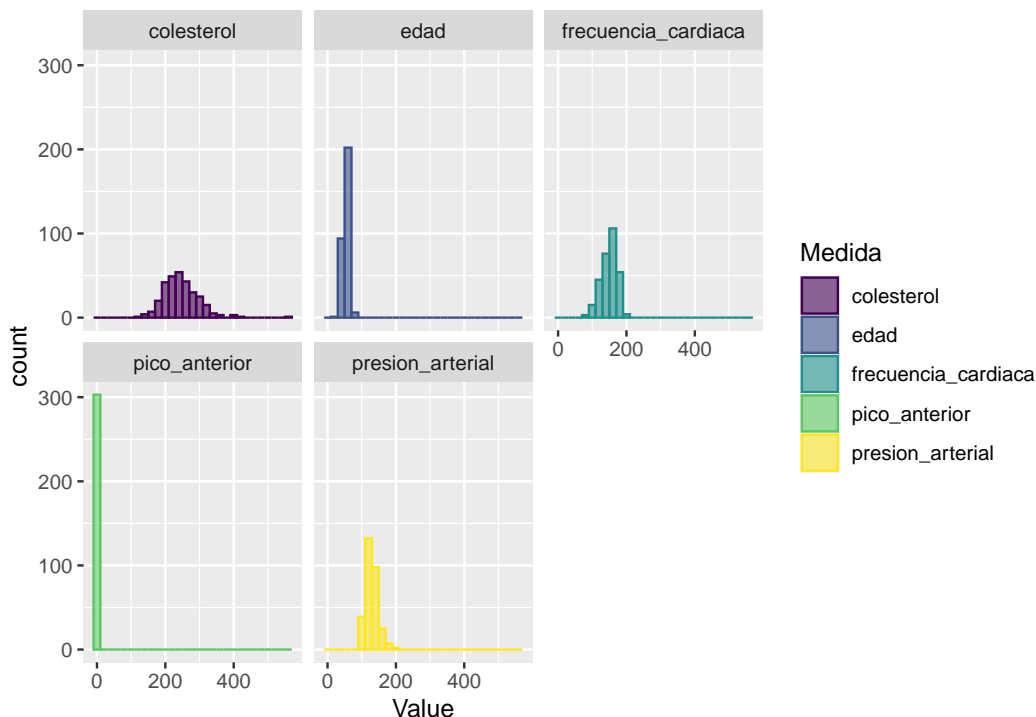
En este tipo de análisis pretenderemos modelar o inferir cómo es esa población de pacientes de corazón, asumiendo un grado de error en las estimaciones por el hecho de disponer de una muestra reducida de los datos.

Comprobación de la normalidad y homogeneidad de la varianza

Vamos a ver la distribución de los valores de las variables continuas.

```
#creamos visualizaciones de histogramas
pacientes_num_cont %>%
  pivot_longer(cols = col_numericas_cont,
               names_to = "Medida",
               values_to = "Value") %>%
  ggplot(aes(x=Value, color=Medida, fill=Medida)) +
  geom_histogram(alpha=0.6, binwidth = 20) +
  scale_fill_viridis(discrete=TRUE) +
  scale_color_viridis(discrete=TRUE) +

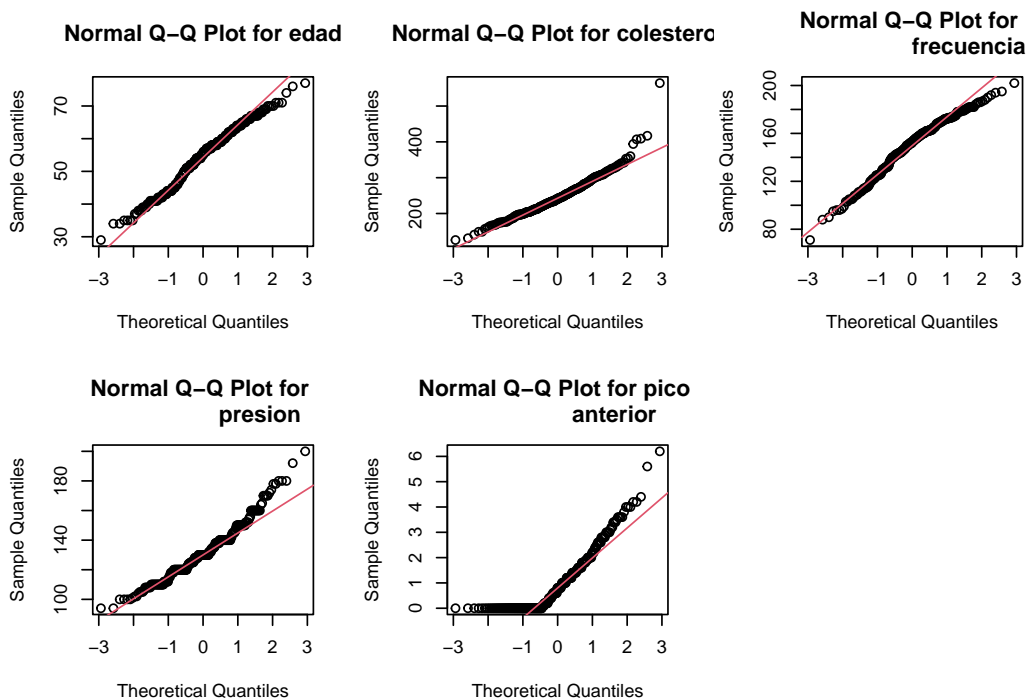
  facet_wrap(~Medida)
```



Por los histogramas vemos que nuestros valores no tienen una distribución normal. De las variables continuas, excepto colesterol, las otras cuatro variables presentan la cola hacia la derecha que denota una asimetría positiva.

Con la función `qqnorm` podemos hacer un Q-Q plot para ver si la variable tiene una distribución normal. Si se aleja de la línea roja, como es el caso, querrá decir que no lo es.

```
op <- par(mfrow=c(2,3))
normal1 <- qqnorm(pacientes$edad, main = "Normal Q-Q Plot for edad");qqline(
  pacientes$edad, col = 2)
normal2 <- qqnorm(pacientes$colesterol, main = "Normal Q-Q Plot for colesterol");
qqline(pacientes$colesterol, col = 2)
normal3 <- qqnorm(pacientes$frecuencia_cardiaca, main = "Normal Q-Q Plot for
  frecuencia");qqline(pacientes$frecuencia_cardiaca, col = 2)
normal4 <- qqnorm(pacientes$presion_arterial, main = "Normal Q-Q Plot for
  presion");qqline(pacientes$presion_arterial, col = 2)
normal5 <- qqnorm(pacientes$pico_anterior, main = "Normal Q-Q Plot for pico
  anterior");qqline(pacientes$pico_anterior, col = 2)
par(op)
```



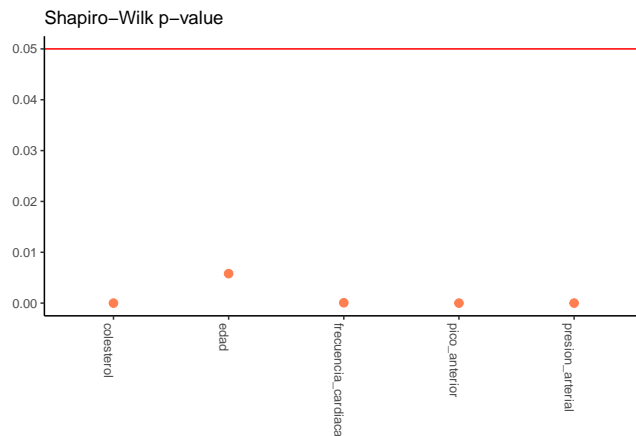
También vamos a **comprobar la normalidad** con los test estadísticos de **Shapiro-Wilk** considerado uno de los métodos más potentes para contrastar la normalidad. Asumiremos como **hipótesis nula que la población está distribuida normalmente**, si el p-valor es menor al nivel de significancia $\alpha = 0,05$, generalmente, entonces la hipótesis nula es rechazada y se concluye que los datos no cuentan con una distribución normal.

Representamos en un plot los valores p-value y la línea roja correspondiente al valor límite $\alpha = 0,05$.

```
shapiro_list <- lapply(pacientes_num_cont, shapiro.test)
shdf <- ldply(sapply(shapiro_list, '[', 'p.value'), data.frame)
shdf %>% arrange(desc(X..i..))
```

```
##           .id      X..i..
## 1          edad 5.798359e-03
## 2 frecuencia_cardiaca 6.620819e-05
## 3   presion_arterial 1.458097e-06
## 4      colesterol 5.364848e-09
## 5      pico_anterior 8.183378e-17
```

```
names(shdf) <- c("Variable","Valor")
shdf$id <- "ShapiroPValue"
pcpv = ggplot(shdf, aes(x=Variable, y=Valor)) +
  geom_line(size=1, colour = "coral") +
  geom_point(size=2.5, colour = "coral") + geom_hline(aes(yintercept = 0.05),
                                                         colour="red") +
  ylab("") + xlab("") + ggtitle("Shapiro-Wilk p-value") +
  theme_classic() + theme(axis.text.x=element_text(angle = -90, hjust = 0))
print(pcpv)
```



Veamos si el test de **Anderson-Darling** nos da el mismo resultado, esta vez mostramos una lista de las variables que no cumplen la hipótesis nula y por tanto no tienen distribución normal.

```
alpha = 0.05
col.names = colnames(pacientes)
for (i in 1:ncol(pacientes)) {
  if (i == 1) cat("Variables que no siguen una distribución normal:\n")
  if (is.integer(pacientes[,i]) | is.numeric(pacientes[,i])) {
    p_val = ad.test(pacientes[,i])$p.value
    if (p_val < alpha) {
      cat("\n", col.names[i], " con p-value:", p_val)
      # Format output
      if (i < ncol(pacientes) - 1) cat(", ")
      if (i %% 3 == 0) cat("\n")
    }
  }
}
```

```
## Variables que no siguen una distribución normal:
##
## edad con p-value: 0.0006570291,
## presion_arterial con p-value: 1.672518e-06,
## colesterol con p-value: 0.0001977844,
## frecuencia_cardiaca con p-value: 6.940807e-06,
## pico_anterior con p-value: 3.7e-24,
```

Ahora vamos a estudiar la homogeneidad de varianzas o **homocedasticidad** mediante la aplicación del test **Fligner-Killeen** ya que como hemos comprobado los datos no cumplen con la condición de normalidad. Sino se hubiera podido usar el test de Levene. En ambas pruebas, la **hipótesis nula asume igualdad de varianzas en los diferentes grupos de datos**, por lo que p-valores inferiores al nivel de significancia indicarán heterocedasticidad.

Vamos a analizar la homocedasticidad con todas las variables en los grupos de posibilidad_infarto diferentes.

```
alpha = 0.05
col.names = colnames(pacientes)
for (i in 1:ncol(pacientes)) {
  if (i == 1) cat("Variables que cumplen heterocedasticidad para
                 posible infarto:\n")
  if (is.integer(pacientes[,i]) | is.numeric(pacientes[,i])) {
    p_val = fligner.test(pacientes[,i] ~ posibilidad_infarto,
                        data = pacientes)$p.value
    if (p_val < alpha) {
      cat("\n", col.names[i], " con p-value:", p_val)
      # Format output
      if (i < ncol(pacientes) - 1) cat(", ")
      if (i %% 3 == 0) cat("\n")
    }
  }
}
```

```
## Variables que cumplen heterocedasticidad para
##           posible infarto:
##
## edad con p-value: 0.006898429,
## frecuencia_cardiaca con p-value: 0.02023875,
## pico_anterior con p-value: 1.777207e-08,
```

Para edad, frecuencia cardiaca, pico anterior vemos que no obtenemos un p-valor superior a 0,05, y no podemos aceptar la hipótesis de que las varianzas de ambas muestras son homogéneas.

Pruebas estadísticas

Correlación de variables

En el caso de nuestras variables para analizar la correlación entre ellas, al no pasar los test de normalidad ni homocedasticidad, debemos usar la correlación de Spearman, que aparece como alternativa no paramétrica. Además para variables categóricas con escala ordinal el método Spearman también es el indicado. Obtendremos valores entre -1 y 1 siendo los extremos la correlación negativa o positiva perfectas. Probemos entre presión y frecuencia cardíaca.

```
#correlación método pearson
cor.test(pacientes$presion_arterial, pacientes$frecuencia_cardiaca)

##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: pacientes$presion_arterial and pacientes$frecuencia_cardiaca
## t = -0.81106, df = 301, p-value = 0.418
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.15854155 0.06632933
## sample estimates:
## cor
## -0.04669773
```

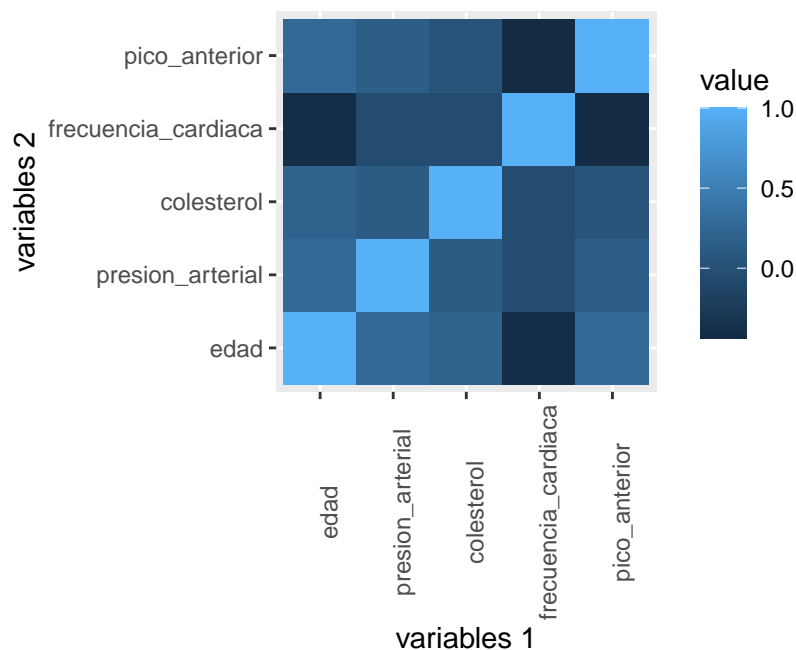
```
#correlación método spearman
cor.test(pacientes$presion_arterial,pacientes$frecuencia_cardiaca,
         method="spearman")
```

```
##
## Spearman's rank correlation rho
##
## data:  pacientes$presion_arterial and pacientes$frecuencia_cardiaca
## S = 4823645, p-value = 0.4835
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## -0.04040735
```

En ambos casos el p-valor no es significativo y el coeficiente de correlación es negativo y superior a 0.04, siendo más optimista el test pearson, aunque el que debe usarse con estos datos es el de Spearman.

Visualicemos un heatmap a ver si coincide con los datos anteriores.

```
if(!require('reshape2')) install.packages('reshape2'); library('reshape2')
qplot(x=Var1, y=Var2, data=melt(cor(pacientes_num_cont,
                                   method = "spearman")), fill=value,
      geom="tile",xlab = "variables 1",ylab = "variables 2") +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90)) +
  coord_fixed()
```



En el gráfico (azul claro) se aprecia una correlación leve entre presión arterial y edad, o colesterol y edad o pico_anterior y edad. Veamos los tests:

```
#correlación método spearman
cor.test(pacientes$presion_arterial,pacientes$edad, method="spearman")
```

```
##
```

```
## Spearman's rank correlation rho
##
## data:  pacientes$presion_arterial and pacientes$edad
## S = 3312098, p-value = 4.262e-07
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## 0.2856168
```

```
cor.test(pacientes$colesterol,pacientes$edad, method="spearman")
```

```
##
## Spearman's rank correlation rho
##
## data:  pacientes$colesterol and pacientes$edad
## S = 3728581, p-value = 0.0006099
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## 0.195786
```

```
cor.test(pacientes$pico_anterior,pacientes$edad, method="spearman")
```

```
##
## Spearman's rank correlation rho
##
## data:  pacientes$pico_anterior and pacientes$edad
## S = 3392424, p-value = 2.159e-06
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## 0.2682912
```

Efectivamente con edad están más correlacionadas aunque muy levemente con coeficiente de correlación 0.26 versus 0.04 anterior.

Contraste de hipótesis

Comparación entre dos grupos de datos

En nuestro dataset de pacientes, puesto que no se cumple la normalidad y homocedasticidad en las variables continuas y como hemos comprobado con los tests paramétricos, para ver que las distribuciones de los grupos de datos que hemos seleccionado anteriormente son las mismas, se deberán aplicar pruebas no paramétricas como **Wilcoxon** (cuando se comparen datos dependientes) o **Mann-Whitney** (cuando los grupos de datos sean independientes).

Vamos a utilizar la función `wilcox.test()` para realizar las pruebas de Wilcoxon y Mann-Whitney y comparar las distribuciones de todas las variables numéricas continuas y la variable dependiente `posibilidad_infarto`. Solo si el p-valor resultante de la prueba es menor al nivel de significancia se rechazará la hipótesis nula y se concluirá que existen diferencias estadísticamente significativas entre los grupos de datos analizados.

```
alpha = 0.05
col.names = colnames(pacientes)
for (i in 1:ncol(pacientes)) {
  if (i == 1) cat("Variables con las que se ven diferencias estadísticamente
```



```

                significativas para posible infarto:\n")
if (is.integer(pacientes[,i]) | is.numeric(pacientes[,i])) {
  p_val = wilcox.test(pacientes[,i] ~ posibilidad_infarto,
                      data = pacientes)$p.value
  if (p_val < alpha) {
    cat("\n",col.names[i]," con p-value:", p_val)
    # Format output
    if (i < ncol(pacientes) - 1) cat(", ")
    if (i %% 3 == 0) cat("\n")
  }
}
}
}

```

```

## Variables con las que se ven diferencias estadísticamente
##                significativas para posible infarto:
##
## edad    con p-value: 3.43851e-05,
## presion_arterial con p-value: 0.03465245,
## colesterol con p-value: 0.03571518,
## frecuencia_cardiaca con p-value: 9.796555e-14,
## pico_anterior con p-value: 2.406979e-13,

```

En este caso, sí se observan diferencias estadísticamente significativas en la todas las variables numéricas entre posibilidad mayor o menor de infarto.

Puesto que tenemos tantas variables categóricas, vamos a ver si existen diferencias significativas en cada variable categórica y los grupos definidos por la variable categórica posibilidad_infarto. Para ello hay que aplicar el test de χ^2 en R, mediante la función `chisq.test()`.

```

chiq_list <- lapply(contg, chisq.test)
chdf <- ldply (sapply(chiq_list, '[', 'p.value'), data.frame)
chdf %>% arrange(desc(X..i..))

```

```

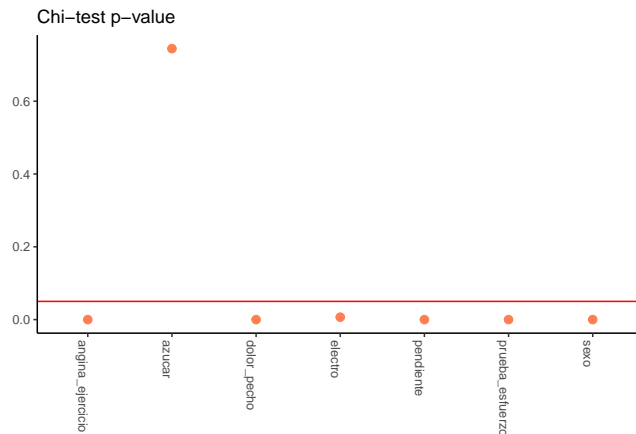
##          .id      X..i..
## 1      azucar 7.444281e-01
## 2      electro 6.660599e-03
## 3        sexo 1.876778e-06
## 4    pendiente 4.830682e-11
## 5 angina_ejercicio 7.454409e-14
## 6    dolor_pecho 1.334304e-17
## 7 prueba_esfuerzo 2.233351e-18

```

```

names(chdf) <- c("Variable","Valor")
chdf$id <- "ChiTestPValue"
pcpv2 = ggplot(chdf, aes(x=Variable, y=Valor)) +
  geom_line(size=1, colour = "coral") +
  geom_point(size=2.5, colour = "coral") + geom_hline(aes(yintercept = 0.05),
                                                         colour="red") +
  ylab("") + xlab("") + ggtitle("Chi-test p-value") +
  theme_classic() + theme(axis.text.x=element_text(angle = -90, hjust = 0))
print(pcpv2)

```



Como podemos comprobar, en este caso sólo aceptamos **la hipótesis 0**, es decir que no hay diferencias estadísticas significativas para los diferentes grupos, para el azúcar.

Regresión

Tras haber visto la correlación entre algunas variables numéricas, vamos a analizar con un modelo de regresión lineal la relación entre alguna de ellas: presión arterial y edad, y entre edad y frecuencia cardíaca, así como entre frecuencia cardíaca y presión arterial.

```
m1 <- lm(presion_arterial~edad,data=pacientes)
cat("R-squared modelo 1: ",summary(m1)$adj.r.squared)
```

```
## R-squared modelo 1: 0.07497393
```

```
m2 <- lm(frecuencia_cardiaca~edad,data=pacientes)
cat("R-squared modelo 2: ",summary(m2)$adj.r.squared)
```

```
## R-squared modelo 2: 0.1560251
```

```
m3 <- lm(presion_arterial~frecuencia_cardiaca,data=pacientes)
cat("R-squared modelo 3: ",summary(m3)$adj.r.squared)
```

```
## R-squared modelo 3: -0.001134337
```

Siendo el coeficiente de determinación (R-squared) una medida de calidad del modelo que toma valores entre 0 y 1, se comprueba cómo se correlacionan muy débilmente las variables seleccionadas, y en el caso de `presion_arterial` y `frecuencia_cardiaca` la correlación es negativa.

Podemos usar la regresión logística para analizar la regresión usando la variable dicotómica `posibilidad_infarto` en función de las demás variables predictoras.

```
m4<- glm(posibilidad_infarto ~ colesterol+presion_arterial,data=pacientes,
family="binomial")
cat("AIC para modelo 4: ",m4$aic)
```

```
## AIC para modelo 4: 415.7983
```

Este modelo nos proporciona un AIC (criterio de información de Akaike) de 415.8. Probemos introduciendo la edad.

```
m5 <- glm(posibilidad_infarto ~ colesterol+presion_arterial+edad,data=pacientes,
          family="binomial")
cat("AIC para modelo 5: ",m5$aic)
```

```
## AIC para modelo 5: 407.2541
```

Este modelo nos proporciona un AIC (criterio de información de Akaike) de 407.25. Por lo que el modelo anterior (m4) es mejor.

Vamos a usarlo para intentar predecir la variable posibilidad_infarto en nuevos datos.

```
nuevo_paciente <- data.frame(
  colesterol = 220,
  presion_arterial = 100
)
# Predecir el precio
predict(m4, nuevo_paciente)
```

```
##          1
## 0.7598769
```

Parece que el nuevo paciente está más cerca de tener más posibilidades de infarto que de tener menos con un resultado de 0.76.

Conclusiones

En esta práctica hemos analizado el dataset de Kaggle dataset sobre ataques de corazón, donde nos hemos planteado si alguno de los valores de pruebas realizadas en ellos podría ser determinante en que la posibilidad de infarto sea mayor o menor para el paciente.

Para ello primero hemos realizado tareas de limpieza de datos, tales como convertir las variables a sus respectivos tipos, filtrar que variables nos interesa utilizar e incluso limpiar el dataset de valores nulos. En el caso de los valores extremos hemos decidido diverger el dataset en uno donde los incluye, para así poder estudiar todos los casos, y otro donde los excluye, para poder trabajar con datos más generalizados. Además, hemos comprobado como quedarían los valores numéricos si se normalizaban y hemos discretizado la variable edad, para poder trabajar con ella de forma más eficiente.

A continuación hemos realizado un análisis estadístico descriptivo, donde las conclusiones han sido las siguientes: Hay mayor posibilidad de infarto en mujeres y en pacientes con dolores que no son de angina o las anginas atípicas con respecto a los otros. El azúcar no tiene importancia significativa en el riesgo de infarto. Otros indicios de posibilidad de infarto alta son: tener anomalías en la onda ST-T en el electrocardiograma, las anginas de origen distinto al ejercicio, una pendiente ascendente y una prueba de esfuerzo con talio $\sim (0,3)$ normal.

También hemos realizado un análisis estadístico inferencial, y hemos podido comprobar que ninguna de las variables numéricas ha pasado el test de distribución normal, en cuanto a homocedasticidad sólo tenemos en presión arterial y colesterol, por ello los test analíticos realizados han sido no paramétricos.

Para finalizar, hemos realizado tres tipos de pruebas estadísticas al conjunto de datos para poder conocer nuestras muestras, saber cuanta información proveen con respecto a la población.

Las pruebas han sido buscar correlación de variables, el contraste de distintas hipótesis (diferencias estadísticamente significativas entre grupos o variables) y generar un modelo de regresión para predecir si un paciente tiene riesgo a tener un infarto. Las conclusiones que hemos sacado en base a los resultados obtenidos han sido las siguientes:

- El análisis de correlación y la regresión lineal nos ha permitido averiguar que no hay correlación fuerte entre las variables ni con la variable objetivo.
- El contraste de hipótesis nos ha permitido conocer que, menos la variable de nivel de azúcar en sangre, con todas las variables rechazaríamos la hipótesis nula. Dicho de otro modo, estas variables ejercen una mayor influencia sobre la posibilidad de infarto que el azúcar.
- El modelo de regresión logística obtenido parece no tener calidad aunque hemos podido utilizarlo para predecir la posibilidad de infarto en un nuevo paciente.

Contribuciones	Firma
Investigación previa	Enrique, Inma
Redacción de las respuestas	Enrique, Inma
Desarrollo del código	Enrique, Inma
Participación en el vídeo	Enrique, Inma

Bibliografía

- Descripción de variables dataset: <https://www.kaggle.com/datasets/rashikrahmanpritom/heart-attack-analysis-prediction-dataset/discussion/329925>
- Test for homogeneity of variances: <https://biostats.w.uib.no/test-for-homogeneity-of-variances-levenes-test/>
- Data science concepts you need to know! Part 1: <https://towardsdatascience.com/introduction-to-statistics-e9d72d818745>
- Introducción a la limpieza y análisis de los datos: Calvo M, Subirats L, Pérez D (2019). Introducción a la limpieza y análisis de los datos. Editorial UOC.