马的疝病数据集分析报告

1. 问题描述

疝病是描述马胃肠痛的术语，这种病不一定源自马的胃肠问题，其他问题也可能引发马疝病。所给数据集是医院检测的一些指标。

2. 数据说明

共 368 个样本，27 个特征。其中数值属性有 7 个：rectal temperature，pulse，respiratory rate，nasogastric reflux PH，packed cell volume，total protein，abdomcentesis total protein；

3. 数据分析过程

3.1 数据摘要

- 对标称属性，给出每个可能取值的频数：

surgerynan

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	214	58.2	58.2	58.2
	2	152	41.3	41.3	99.5
	nan	2	.5	.5	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

Age

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	340	92.4	92.4	92.4
	9	28	7.6	7.6	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

（注：以下省略，详见上传的数据完整版）

- 数值属性，给出最大、最小、均值、中位数、四分位数及缺失值的个数：

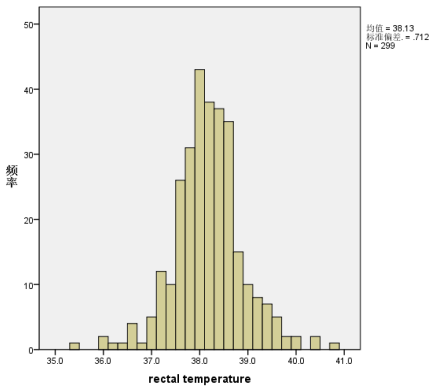
		rectal temperature	pulse	respiratory rate	nasogastric reflux PH
N	有效	299	342	297	69
	缺失	69	26	71	299
均值		38.134	70.76	30.52	4.962

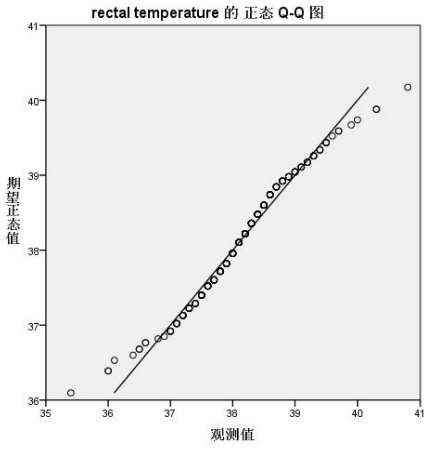
中位数		38.100	60.00	28.00	5.400
最小值		35.4	30	8	1.0
最大值		40.8	184	96	8.5
百分位数	25	37.800	48.00	18.00	3.250
	50	38.100	60.00	28.00	5.400
	75	38.500	88.00	36.00	6.500

packed cell volume	total protein	abdomcentesis total protein
331	325	133
37	43	235
45.66	24.771	2.948
44.00	7.500	2.100
4	3.3	.1
75	89.0	10.1
37.00	6.500	1.900
44.00	7.500	2.100
52.00	58.000	3.900

3.2 数据的可视化

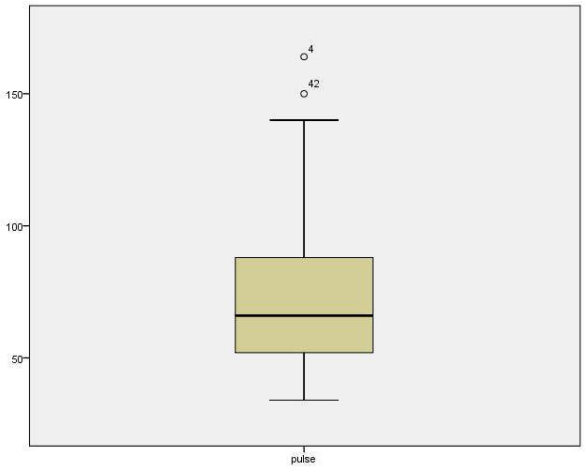
针对数值属性：绘制直方图，用 qq 图检验其分布是否为正态分布（以“rectal temperature”属性为例）：





（由于数据点分布非常贴合正态分布，可认为其服从正态分布）

- 绘制盒图，对离群值进行识别

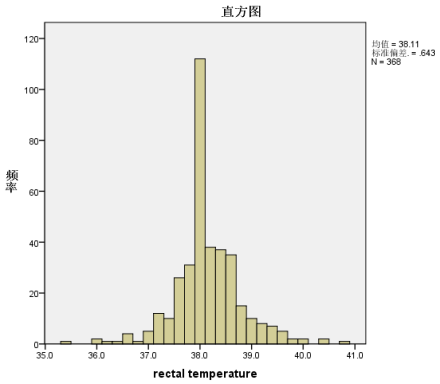


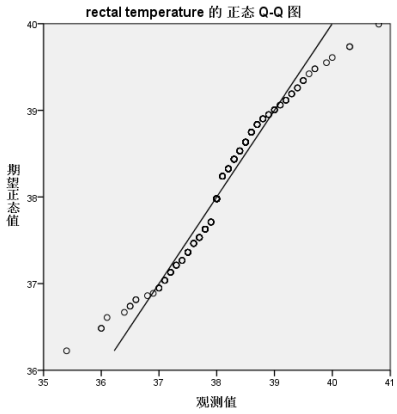
（其中可看出离群点有两个，对应数据的标号为 4 和 42）

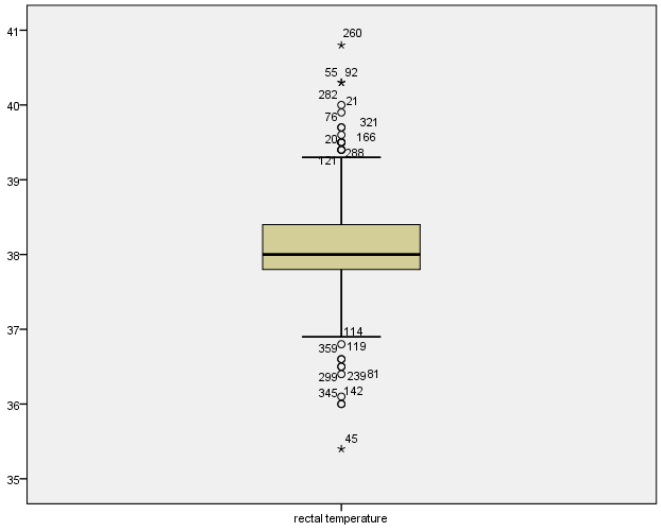
3.3 数据缺失的处理

数据集中有 30%的值是缺失的，分别使用下列四种策略对缺失值进行处理:

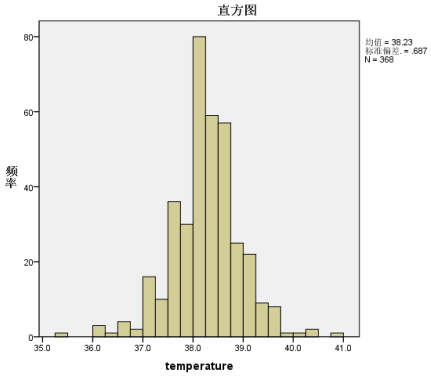
- 将缺失部分剔除（SPSS 处理的时候默认忽略空值，即为上方所示图）
- 用最高频率值来填补缺失值（仍然以“rectal temperature”属性为例）

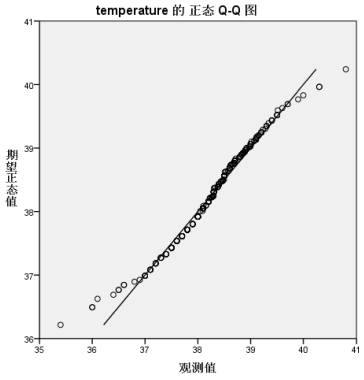


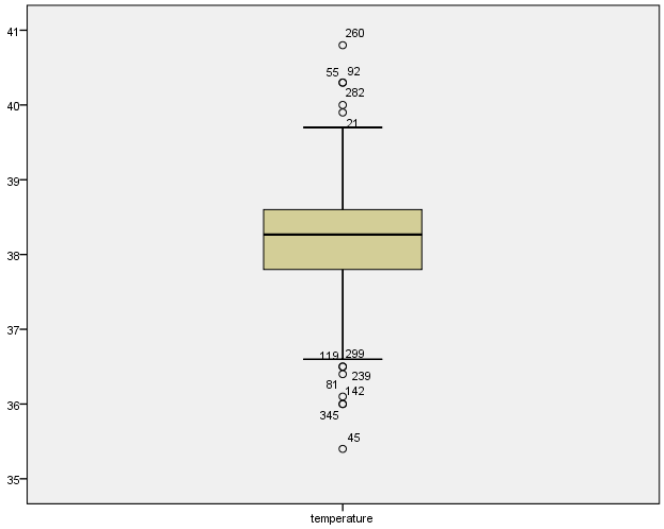




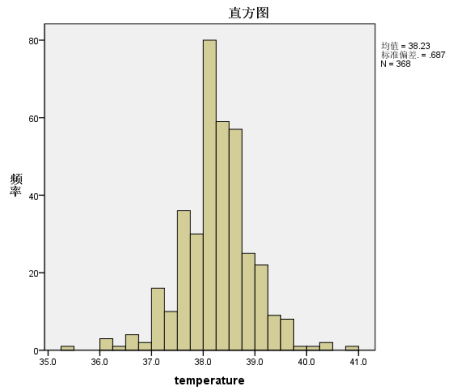
- 通过属性的相关关系来填补缺失值

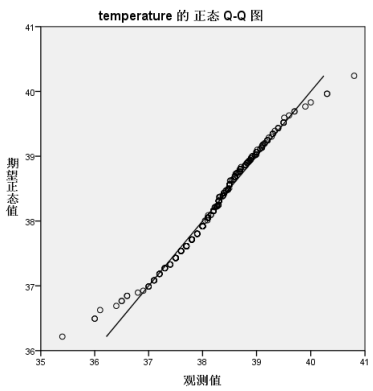


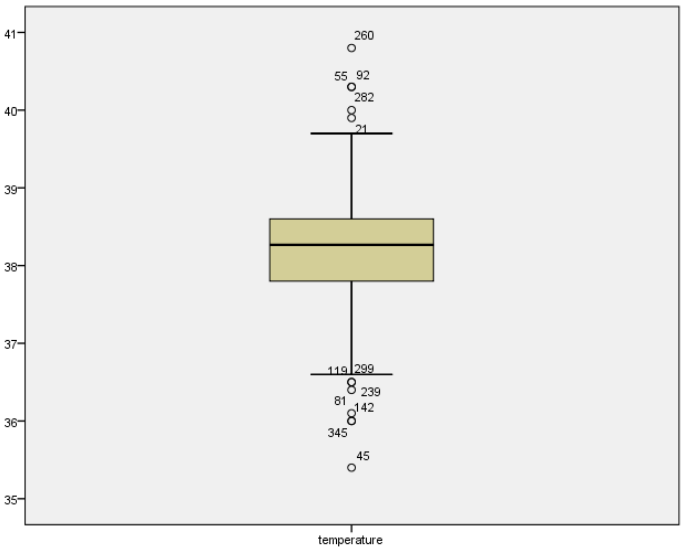




- 通过数据对象之间的相似性来填补缺失值


直方图
均值 = 38.23
标准偏差 = .687
N = 368
频率
temperature


temperature 的 正态 Q-Q 图
期望正态值
观测值


260
55
92
282
21
119
299
81
239
142
345
45
temperature