Statistička analiza podataka - Projekt Analiza čimbenika rizika za srčane bolesti

Saprofiti

2025-01-26

```
suppressPackageStartupMessages(library(dplyr))
suppressPackageStartupMessages(library(ggplot2))
suppressPackageStartupMessages(library(magrittr))
suppressPackageStartupMessages(library(tidyr))
suppressPackageStartupMessages(library(readr))
suppressPackageStartupMessages(library(tidyverse))
suppressPackageStartupMessages(library(nortest))
```

Učitavanje podataka

```
data <- read_csv("heart.csv", show_col_types = FALSE)
```

DESKRIPTIVNA STATISTIKA i VIZUALIZACIJA

Prikaz prvih 6 redova

```
print(head(data), width = Inf)
```

```
## # A tibble: 6 x 12
##     Age Sex   ChestPainType RestingBP Cholesterol FastingBS RestingECG MaxHR
##   <dbl> <chr> <chr>              <dbl>       <dbl>     <dbl> <chr>      <dbl>
## 1    40 M     ATA                  140         289         0 Normal       172
## 2    49 F     NAP                  160         180         0 Normal       156
## 3    37 M     ATA                  130         283         0 ST            98
## 4    48 F     ASY                  138         214         0 Normal       108
## 5    54 M     NAP                  150         195         0 Normal       122
## 6    39 M     NAP                  120         339         0 Normal       170
##   ExerciseAngina Oldpeak ST_Slope HeartDisease
##   <chr>             <dbl> <chr>           <dbl>
## 1 N                   0   Up                  0
## 2 N                   1   Flat                1
## 3 N                   0   Up                  0
## 4 Y                   1.5 Flat                1
## 5 N                   0   Up                  0
## 6 N                   0   Up                  0
```

Opis podataka

```
dim(data)  # broj redaka, broj stupaca (broj primjera, broj varijabli)
```

```
## [1] 918  12
```

```
cat("Broj podataka: ", nrow(data), "\n")
```

```
## Broj podataka:  918
```

```
cat("Broj parametara: ", ncol(data), "\n")
```

```
## Broj parametara:  12
```

```
cat("Imena parametara:", str_wrap(paste(colnames(data), collapse = ", "), width = 70) , "\n")
```

```
## Imena parametara: Age, Sex, ChestPainType, RestingBP, Cholesterol, FastingBS,
## RestingECG, MaxHR, ExerciseAngina, Oldpeak, ST_Slope, HeartDisease
```

Skup se sastoji od podataka od 918 osoba. Svaki podatak sadrži informacije o 12 razmatranih parametara (varijabli).

Opis značajki

Age -> dob [godine]

Sex -> spol [M: muški, F: ženski]

ChestPainType -> vrsta boli u prsima [TA: tipična angina, ATA: atipična angina, NAP: neanginalna bol, ASY: asimptomatska]

RestingBP -> krvni tlak u mirovanju [mm Hg]

Cholesterol -> razina kolesterola [mm/dl]

FastingBS -> krvni šećer [1: ako > 120 mg/dl, 0: inače]

RestingECG -> rezultati elektrokardiograma u mirovanju [Normal: normalno, ST: ST-T abnormalnost, LVH: vjerojatna ventrikularna hipertrofija po Estesovom kriteriju]

MaxHR -> maksimalni broj otkucaja srca [vrijednost između 60 i 202]

ExerciseAngina -> angina tijekom vježbanja [Y: ima, N: nema]

Oldpeak -> ST pad tijekom vježbanja

ST_Slope -> nagib vrhunca ST segmenta tijekom vježbanja [Up: rastući, Flat: ravni, Down: padajući]

HeartDisease -> izlazna klasa [1: srčani bolesnik, 0: normalno]

ST segment ravni je dio elektrokardiograma između ventrikularne depolarizacije i repolarizacije. Obilježja ST segmenta koja mogu varirati su njegov nagib i elevacija. ST-T abnormalnost dodjeljuje se osobama na čijem je elektrokardiogramu T val konveksan ili kod kojih je ST segment eleviran ili smanjen za > 0.05mV.

Numeričke varijable su Age, RestingBP, Cholesterol, MaxHR i Oldpeak. Kategoričke varijable su ChestPainType, RestingBP, FastingBS, RestingECG, ExerciseAngine, ST_Slope te HeartDisease.

Čišćenje podataka

Monotone i konstantne vrijednosti

```
cat("Broj podataka ", nrow(data), "\n")
```

```
## Broj podataka  918
```

```
for (column in colnames(data)){
  cat("Column: ", column, "ima ", length(unique(data[[column]])), " jedinstvenih vrijednosti\n")
}
```

```
## Column:  Age ima  50  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  Sex ima  2  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  ChestPainType ima  4  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  RestingBP ima  67  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  Cholesterol ima  222  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  FastingBS ima  2  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  RestingECG ima  3  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  MaxHR ima  119  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  ExerciseAngina ima  2  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  Oldpeak ima  53  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  ST_Slope ima  3  jedinstvenih vrijednosti
## Column:  HeartDisease ima  2  jedinstvenih vrijednosti
```

Pošto je broj jedinstvenih vrijednosti za svaku značajku manji od broja redaka, možemo zaključiti da nema monotone vrijednosti (napomena: provjerili smo i ručno kako se ne bi dogodilo da zbog nedostajućih vrijednosti izgleda kao da nema monotonih vrijednosti).

Također, vidimo da nema ni konstantnih vrijednosti jer je broj jedinstvenih vrijednosti za svaku značajku veći od 1.

Nedostajuće vrijednosti

```
data %>% is.na() %>% colSums()
```

```
##            Age            Sex  ChestPainType      RestingBP    Cholesterol
##              0              0              0              0              0
##      FastingBS     RestingECG          MaxHR ExerciseAngina        Oldpeak
##              0              0              0              0              0
##       ST_Slope   HeartDisease
##              0              0
```

Nema nedostajućih vrijednosti, međutim, uočili smo veću količinu podataka koji su vrijednost razine kolesterola imali postavljenu na 0, te zato mijenjamo te vrijednosti medijanom preostalih podataka.

```
data$Cholesterol[data$Cholesterol == 0] <- median(data$Cholesterol[data$Cholesterol != 0])
```

Transformiranje kategoričkih značajki u numeričke

Mogli smo koristiti i "one-hot encoding" za neke značajke, no smatramo da ipak između svih značajki postoji neko uređenje te smo se zato odlučili za "label encoding" (npr. za značajku ChestPainType može biti TA -> ATA -> NAP -> ASY gdje određeni simptomi postaju manje karakteristični za anginu; ST_Slope također ima uređenje up -> flat -> down).

U analizi nismo koristili relativan odnos kategoričkih podataka, tako da odabir enkodiranja nije bio toliko važan.

```
oldCategoricalData <- data
data$Sex <- as.numeric(factor(data$Sex, levels = c("F", "M"), labels = c(0, 1))) - 1
data$ExerciseAngina <- as.numeric(factor(data$ExerciseAngina,
                          levels = c("N", "Y"), labels = c(0, 1))) - 1
data$ChestPainType <- as.numeric(factor(data$ChestPainType,
                          levels = c("TA", "ATA", "NAP", "ASY"), labels = c(0, 1, 2, 3)))
data$RestingECG <- as.numeric(factor(data$RestingECG,
                          levels = c("Normal", "ST", "LVH"), labels = c(0, 1, 2)))
data$ST_Slope <- as.numeric(factor(data$ST_Slope,
                          levels = c("Up", "Flat", "Down"), labels = c(0, 1, 2)))
```

Deskriptivna analiza numeričkih podataka

Sada kad smo očistili podatke, možemo nastaviti s deskriptivnom statistikom. Prvo ćemo izvući osnovne mjere centralne tendencije, kao što su minimum, maksimum, kvantili i srednja vrijednost, te mjere rasipanja za numeričke podatke te učestalost pojavljivanja po kategorijama za kategoričke.

```
data[-c(2,3,6,7,9,11,12)] %>% summary()
```

```
##       Age          RestingBP      Cholesterol        MaxHR
##  Min.   :28.00   Min.   :  0.0   Min.   : 85.0   Min.   : 60.0
##  1st Qu.:47.00   1st Qu.:120.0   1st Qu.:214.0   1st Qu.:120.0
##  Median :54.00   Median :130.0   Median :237.0   Median :138.0
##  Mean   :53.51   Mean   :132.4   Mean   :243.2   Mean   :136.8
##  3rd Qu.:60.00   3rd Qu.:140.0   3rd Qu.:267.0   3rd Qu.:156.0
##  Max.   :77.00   Max.   :200.0   Max.   :603.0   Max.   :202.0
##     Oldpeak
##  Min.   :-2.6000
##  1st Qu.: 0.0000
##  Median : 0.6000
##  Mean   : 0.8874
##  3rd Qu.: 1.5000
##  Max.   : 6.2000
```

Iz mjera centralnih tendencija vidimo da su godine i maksimalni broj otkucaja srca malo zakrivljene ulijevo dok su ostale kategorije malo zakrivljene u desno. Također bez računanja možemo primijetiti da zbog jako malog interkvartalnog područja krvni tlak u mirovanju i kolesterol sigurno imaju stršeće vrijednosti.

Izradit ćemo kovarijacijsku matricu za numeričke varijable - vrijednosti prikazuju kovarijance varijable u retku i stupcu, a na dijagonali se nalaze varijance pojedinih varijabli.

```
covMat <- cov(data[-c(2,3,6,7,9,11,12)])
covMat
```

```
##                    Age  RestingBP Cholesterol      MaxHR   Oldpeak
## Age          88.974254  44.427519   22.936698 -91.750920  2.601774
## RestingBP    44.427519 342.773903   83.575197 -52.857808  3.254307
## Cholesterol  22.936698  83.575197 2851.698472  -2.175748  3.104117
## MaxHR       -91.750920 -52.857808   -2.175748 648.228614 -4.363589
## Oldpeak       2.601774   3.254307    3.104117  -4.363589  1.137572
```

Izradit ćemo korelacijsku matricu za numeričke varijable - vrijednosti prikazuju koeficijente korelacije između pojedinih varijabli. To bi nam moglo biti zanimljivo za stjecanje nekog početnog dojma o međusobnim ovisnostima tih varijabli.

```
corrMat <- cor(data[-c(2,3,6,7,9,11,12)])
corrMat
```

```
##                     Age   RestingBP  Cholesterol        MaxHR     Oldpeak
## Age          1.00000000  0.25439936  0.045535165 -0.382044675  0.25861154
## RestingBP    0.25439936  1.00000000  0.084532114 -0.112134997  0.16480304
## Cholesterol  0.04553517  0.08453211  1.000000000 -0.001600268  0.05450005
## MaxHR       -0.38204468 -0.11213500 -0.001600268  1.000000000 -0.16069055
## Oldpeak      0.25861154  0.16480304  0.054500050 -0.160690550  1.00000000
```

Pearsonov koeficijent korelacije realan je broj između -1 i 1, gdje veća apsolutna vrijednost prikazuje veću linearnu zavisnost. Iz tablice se čini da varijable nisu toliko korelirane.

Učestalost pojavljivanja vrijednosti za kategoričke značajke

```
for (column in c(2, 3, 6, 7, 9, 11, 12)) {
  column_name <- colnames(oldCategoricalData)[column]
  column_values <- oldCategoricalData[[column]]
  cat("Column:", column_name, "ima vrijednosti:\n")
  print(table(column_values))
  cat("\n")
}
```

```
## Column: Sex ima vrijednosti:
## column_values
##   F   M
## 193 725
##
## Column: ChestPainType ima vrijednosti:
## column_values
## ASY ATA NAP  TA
## 496 173 203  46
##
## Column: FastingBS ima vrijednosti:
## column_values
##   0   1
```

```
## 704 214
##
## Column: RestingECG ima vrijednosti:
## column_values
##    LVH Normal     ST
##    188    552    178
##
## Column: ExerciseAngina ima vrijednosti:
## column_values
##   N   Y
## 547 371
##
## Column: ST_Slope ima vrijednosti:
## column_values
## Down Flat   Up
##   63  460  395
##
## Column: HeartDisease ima vrijednosti:
## column_values
##   0   1
## 410 508
```

Analiza numeričkih podataka u raznim kombinacijama

Analiza podataka ovisno o spolu

```
print(data %>% group_by(Sex) %>% summarise(
  NumOfPatients = n(),
  HeartDiseaseRatio = sum(HeartDisease)/n(),
  FastingBSRatio = sum(FastingBS)/n(),
  ExerciseAnginaRatio = sum(ExerciseAngina)/n(),
  Mean.Age = mean(Age),
  Mean.RestingBP = mean(RestingBP),
  Mean.Cholesterol = mean(Cholesterol),
  Mean.MaxHR = mean(MaxHR),
), width = Inf)
```

```
## # A tibble: 2 x 9
##     Sex NumOfPatients HeartDiseaseRatio FastingBSRatio ExerciseAnginaRatio
##   <dbl>         <int>             <dbl>          <dbl>               <dbl>
## 1     0           193             0.259          0.135               0.223
## 2     1           725             0.632          0.259               0.452
##   Mean.Age Mean.RestingBP Mean.Cholesterol Mean.MaxHR
##      <dbl>          <dbl>            <dbl>      <dbl>
## 1     52.5           132.             255.       146.
## 2     53.8           132.             240.       134.
```

Na prvu uočavamo razlike između srednjih vrijednosti najvećeg broja otkucaja srca (MaxHR) i količine kolesterola (Cholesterol) te, možda najvažnije, razliku u udjelu srčanih bolesnika među muškarcima i ženama.

To bi moglo motivirati pitanja o utjecaju spola na vrijednosti tih parametara.

Analiza ovisno o prisutnosti srčane bolesti

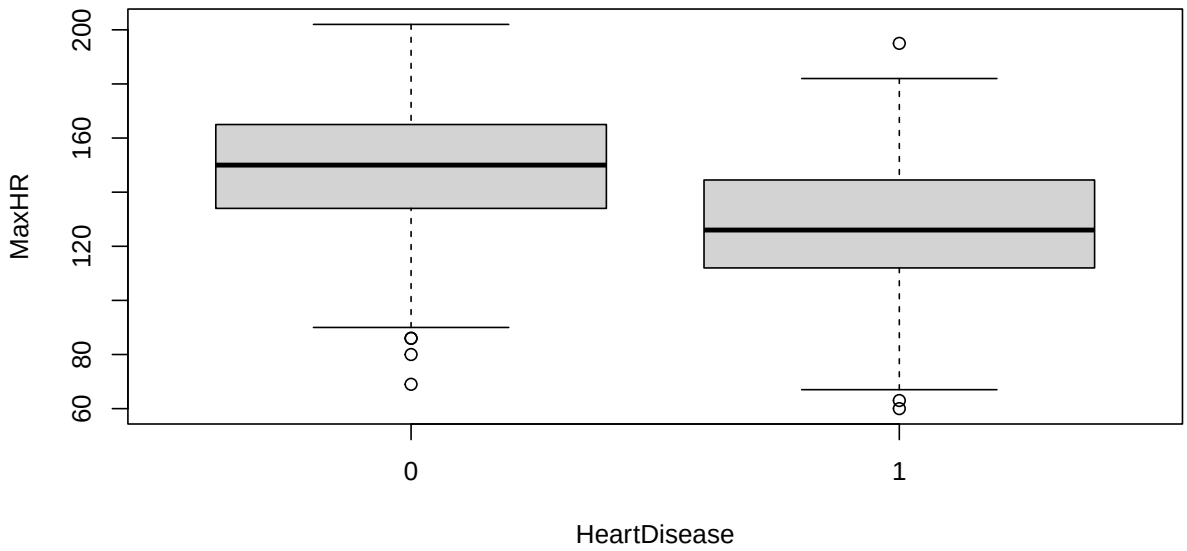
```
print(data %>% group_by(HeartDisease) %>% summarise(
  NumOfPatients = n(),
  FastingBSRatio = sum(FastingBS)/n(),
  ExerciseAnginaRatio = sum(ExerciseAngina)/n(),
  Mean.Age = mean(Age),
  Mean.RestingBP = mean(RestingBP),
  Mean.Cholesterol = mean(Cholesterol),
  Mean.MaxHR = mean(MaxHR),
), width = Inf)
```

```
## # A tibble: 2 x 8
##   HeartDisease NumOfPatients FastingBSRatio ExerciseAnginaRatio Mean.Age
##          <dbl>         <int>          <dbl>               <dbl>    <dbl>
## 1            0           410          0.107               0.134     50.6
## 2            1           508          0.335               0.622     55.9
##   Mean.RestingBP Mean.Cholesterol Mean.MaxHR
##            <dbl>            <dbl>      <dbl>
## 1           130.             239.       148.
## 2           134.             247.       128.
```

Ovdje konkretno vidimo izračunate mjere srednjih vrijednosti parametara za srčane bolesnike i one koji to nisu. Vidimo da se vrijednosti parametara Cholesterol i MaxHR razlikuju po grupama, kao i udio onih s povišenim šećerom i onih s vježbom induciranom anginom. To bi moglo motivirati pitanja može li se na temelju vrijednosti takvih parametara predvidjeti postojanje srčane bolesti.

Najbolje je to prvo analizirati boxplot dijagramima, paralelno za srčane bolesnike i zdrave pacijente.

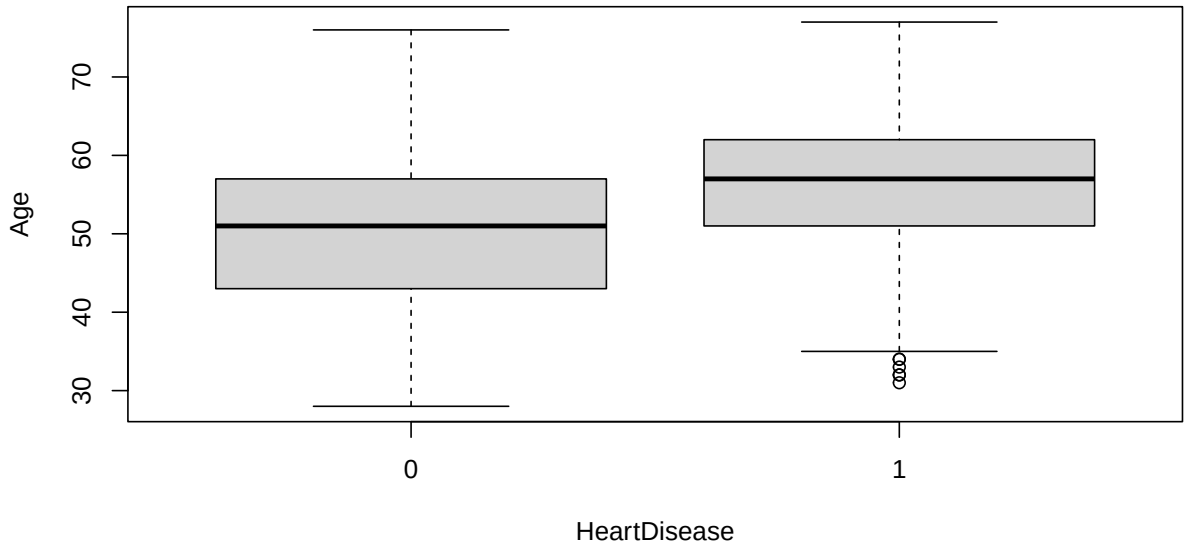
```
boxplot(MaxHR ~ HeartDisease, data = data)
```



Ovaj bi boxplot mogao sugerirati na razliku u vrijednosti MaxHR parametra ovisno o tome jeli pacijent

srčani bolesnik ili ne - vidimo da za srčane bolesnike vrijedi da su vrijednosti MaxHR-a niže te da medijan bude manji te čak izvan vrijednosti prvog kvartila u skupini srčanih nebolesnika.

```
boxplot(Age ~ HeartDisease, data = data)
```



Ponovno, ovaj boxplot mogao bi sugerirati razliku u dobi pacijenata srčanih bolesnika i nebolesnika - vidimo da za srčane bolesnike vrijedi da su veće dobi te da medijan bude veći te čak izvan vrijednosti trećeg kvartila u skupini srčanih nebolesnika.

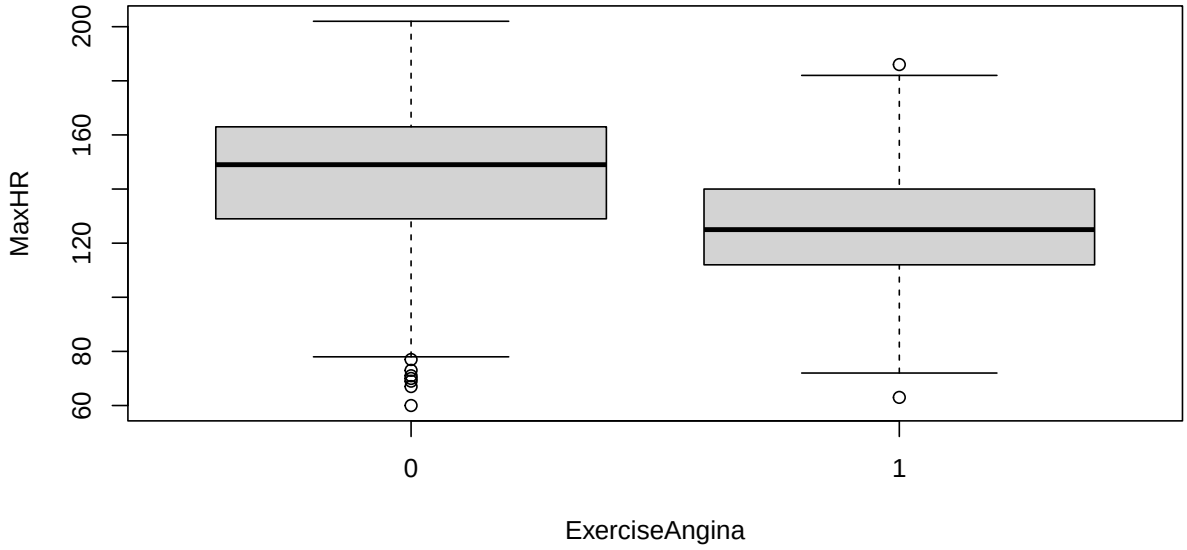
```
unNormalizedData <- data
```

ISTRAŽIVAČKA PITANJA

VAŽNA NAPOMENA: Alfa vrijednost određuje se prije provođenja statističkog testa; mi ćemo u svim testovima uzeti da je alfa = 0.05 odnosno 5%.

1. pitanje: Postoji li razlika u maksimalnom broju otkucaja srca između pacijenata s anginom i onih bez angine?

```
boxplot(MaxHR ~ ExerciseAngina, data=unNormalizedData)
```



Ovaj boxplot sugerira da bi mogla postojati razlika u najvećem broju otkucaja, obzirom da se medijan kategorije s anginom nalazi ispod vrijednosti prvog kvartila onih bez angine.

Kako bismo odgovorili na ovo pitanje trebamo koristiti T-test za dva uzorka.

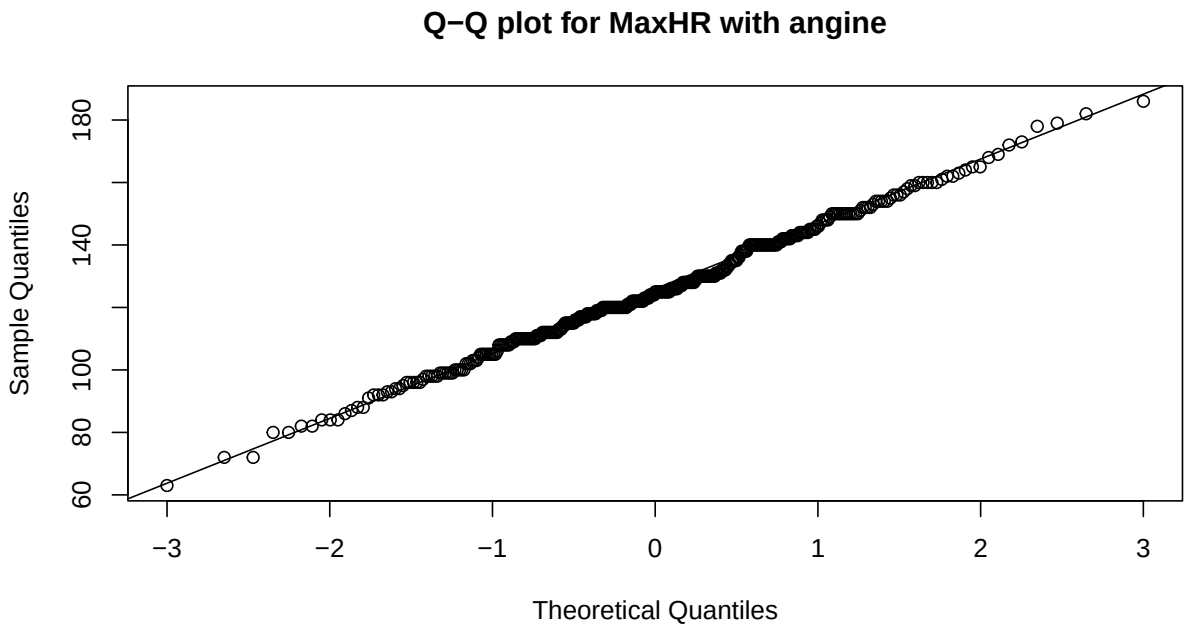
Znamo da T-test ima neke osnovne pretpostavke koje moramo provjeriti, a moramo provjeriti i jesu li varijance podataka jednake ili različite.

Prvo ćemo pogledati jesu li podatci uzorkovani iz normalne razdiobe, a nakon toga provesti F-test kako bismo utvrdili jesu li varijance jednake ili različite.

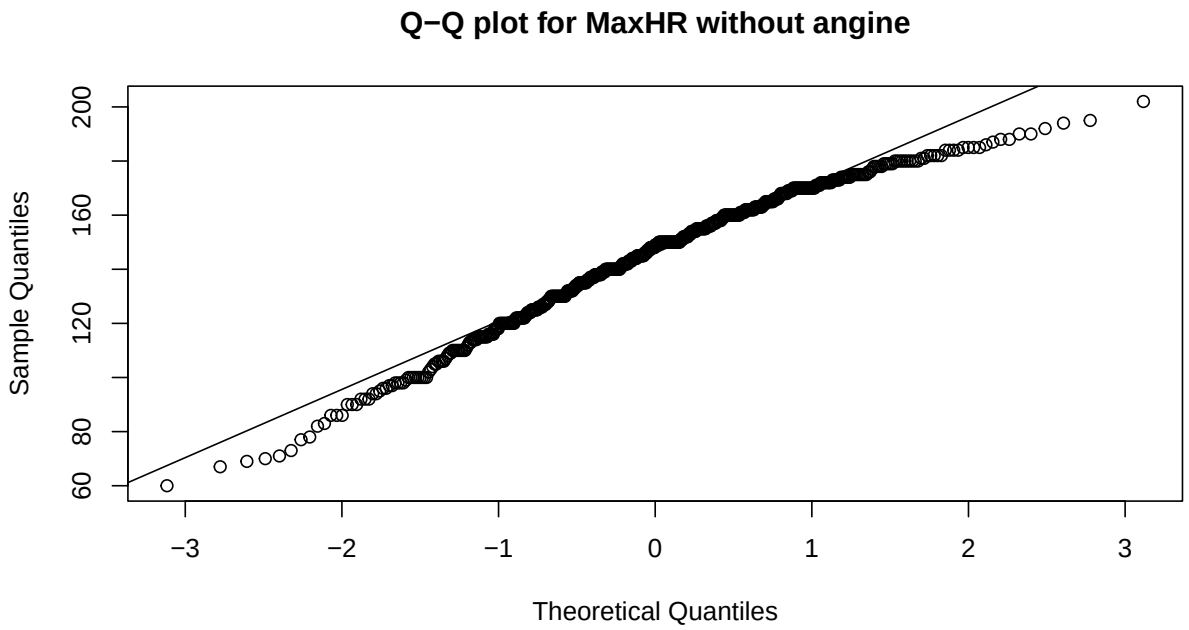
```
withAngine <- data[data$ExerciseAngina == 1,]
withoutAngine <- data[data$ExerciseAngina == 0,]

cat("Broj pacijenata s anginom:", nrow(withAngine),
    "\nBroj pacijenata bez angine:", nrow(withoutAngine))
```

```
## Broj pacijenata s anginom: 371
## Broj pacijenata bez angine: 547
```

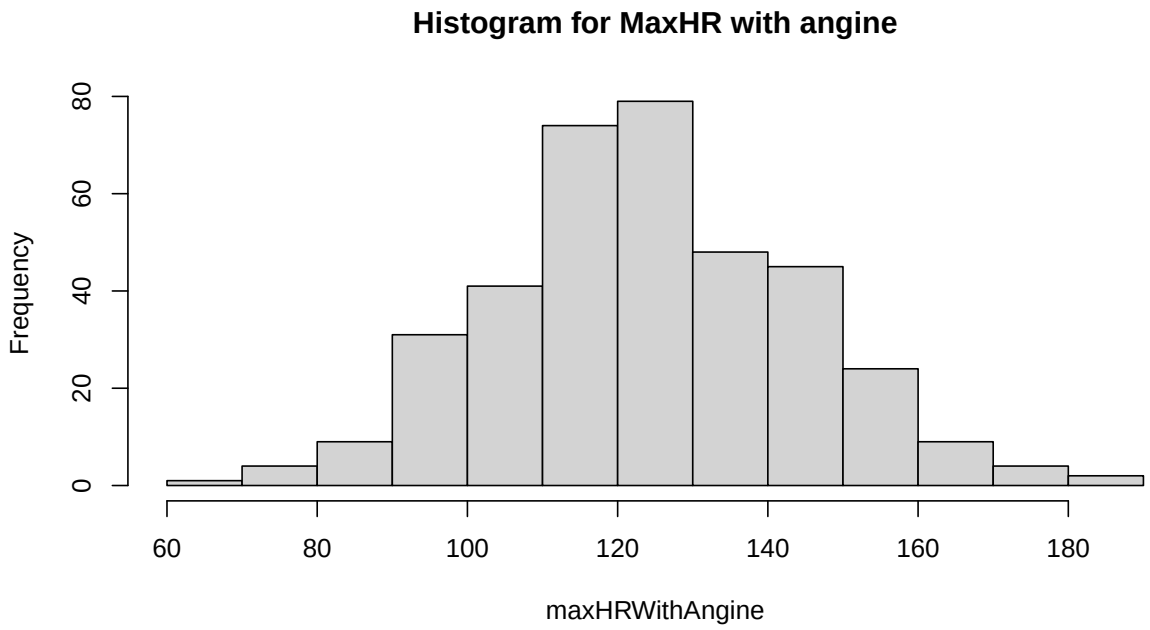
```
maxHRWithAngine <- withAngine$MaxHR
maxHRWithoutAngine <- withoutAngine$MaxHR

# crtamo Q-Q plot kako bismo vidjeli odgovaraju li podatci normalnoj raspodjeli
qqnorm(maxHRWithAngine, main = "Q-Q plot for MaxHR with angine")
qqline(maxHRWithAngine)
```



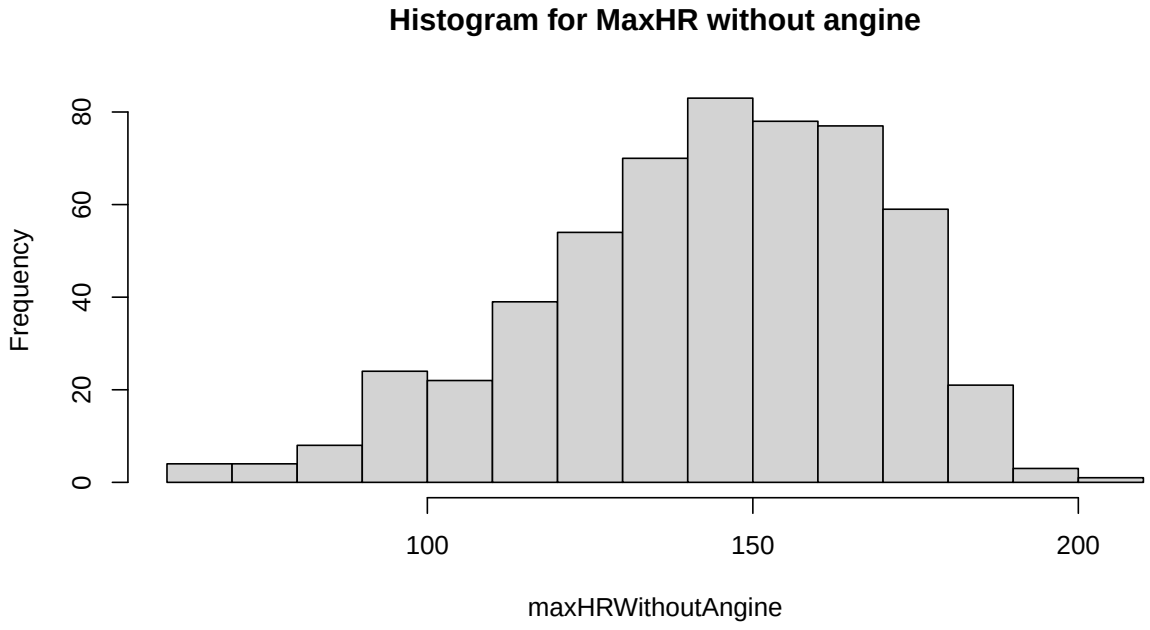

```r
qqnorm(maxHRWithoutAngine , main = "Q-Q plot for MaxHR without angine")
qqline(maxHRWithoutAngine)
```




```r
# isto radimo s histogramima
hist(maxHRWithAngine, main = "Histogram for MaxHR with angine")
```




```
hist(maxHRWithoutAngine, main = "Histogram for MaxHR without angine")
```



Iz grafova možemo zaključiti da se za osobe s anginom značajka MaxHR ravna po normalnoj razdiobi, dok se za osobe bez angine sredina ravna po normalnoj raspodjeli, no repovi su različiti od normalne raspodjele.

Dodatno, histogram za osobe bez angine pokazuje da su podatci malo pomaknuti od sredine. Možemo provesti Lillieforsov test kako bi provjerili odgovaraju li podatci normalnoj razdiobi.

Pretpostavku nezavisnosti podataka temeljimo na činjenici da su podatci preuzeti iz različitih skupina odnosno od različitih ljudi.

Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) test normalnosti podataka: Provest ćemo Lilliefors test kako bismo provjerili odgovaraju li podatci normalnoj razdiobi. Za provođenje testa mora biti zadovoljen uvjet da su podatci nezavisni.

Hipoteza H0: Podatci su uzorkovani iz normalne razdiobe.

Hipoteza H1: Podatci nisu uzorkovani iz normalne razdiobe.

```
lillie.test(maxHRWithoutAngine)
```

```
##
##  Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
##
## data:  maxHRWithoutAngine
## D = 0.075696, p-value = 6.45e-08
```

```
lillie.test(maxHRWithAngine)
```

```
##
##  Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
##
## data:  maxHRWithAngine
## D = 0.054536, p-value = 0.009992
```

Iz rezultata testa možemo vidjeti da je p-vrijednost manja od alfa = 5%. Test nam ukazuje da postoje statistički značajne razlike između podataka i normalne razdiobe. No kako nam prethodni grafovi pokazuju da su podatci približno normalno raspoređeni i kako je T-test dosta robustan na normalnost podataka, možemo pretpostaviti da su podatci uzorkovani iz normalne razdiobe i nastaviti s T-testom.

Nastavljamo s F-testom kako bismo utvrdili jesu li varijance obaju skupova podataka jednake ili različite.

Ako imamo dva nezavisna slučajna uzorka (već ranije smo ovo pretpostavili), koji dolaze iz normalnih (ranije provjereno) distribucija s varijancama σ_1^2 i σ_2^2, tada slučajna varijabla

$$F = \frac{S_{X_1}^2/\sigma_1^2}{S_{X_2}^2/\sigma_2^2}$$

ima Fisherovu distribuciju s $(n_1 - 1, n_2 - 1)$ stupnjeva slobode.

Hipoteza H0: Varijance su jednake.

Hipoteza H1: Varijance su različite.

```
var(maxHRWithoutAngine)
```

```
## [1] 655.8826
```

```
var(maxHRWithAngine)
```

```
## [1] 418.2429
```

```
var.test(maxHRWithAngine, maxHRWithoutAngine)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  maxHRWithAngine and maxHRWithoutAngine
## F = 0.63768, num df = 370, denom df = 546, p-value = 3.641e-06
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.5298767 0.7700287
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.6376795
```

Vidimo kako je p-vrijednost značajno manja od alfa = 5% pa zaključujemo da su varijance različite; radi toga koristimo T-test za dva uzorka s različitim varijancama. Nakon što smo provjerili sve uvjete za T-test, možemo ga provesti.

Hipoteza H0: Nema razlike u maksimalnom broju otkucaja srca između pacijenata s anginom i onih bez angine.

Hipoteza H1: Postoji razlika u maksimalnom broju otkucaja srca između pacijenata s anginom i onih bez angine.

```
t.test(maxHRWithAngine, maxHRWithoutAngine, var.equal = FALSE)
```

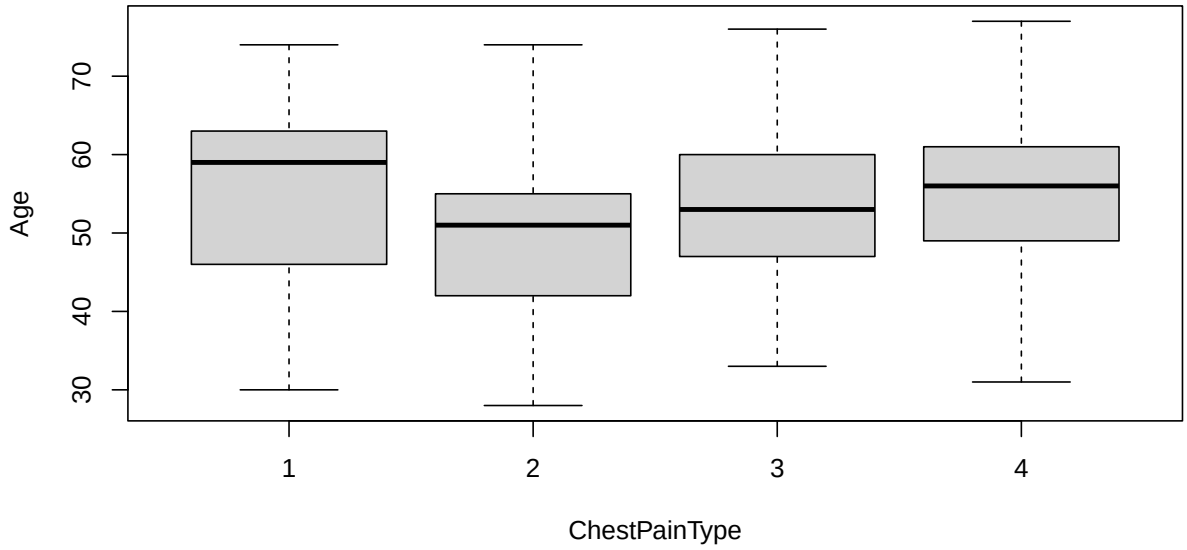
```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  maxHRWithAngine and maxHRWithoutAngine
## t = -12.594, df = 891.9, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -22.20183 -16.21483
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  125.3639  144.5722
```

Iz rezultata vidimo kako je p-vrijednost značajno manja od alfa = 5% pa zaključujemo da postoji razlika u maksimalnom broju otkucaja srca između pacijenata s anginom i onih bez angine, što odgovara našim intuitivnim pretpostavkama nakon vizualizacije podataka.

2. pitanje: Postoji li značajna razlika u starosti pacijenata s obzirom na različite vrste boli u prsima?

Kako bismo dobili neku početnu intuiciju, radimo boxplot prikaz.

```
boxplot(Age ~ ChestPainType, data = unNormalizedData)
```



Vidimo da postoje razlike u medijanima pojedinih grupa. Računamo uzoračku sredinu i varijancu pojedinih grupa.

```
print(unNormalizedData %>% group_by(ChestPainType) %>% summarise(
  NumOfPatients = n(),
  Mean.Age = mean(Age),
  Med.Age = median(Age),
  Std.Age = sd(Age),
  Var.Age = var(Age)
), width = Inf)
```

```
## # A tibble: 4 x 6
##   ChestPainType NumOfPatients Mean.Age Med.Age Std.Age Var.Age
##           <dbl>         <int>    <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
## 1             1            46     54.8      59   11.4    131.
## 2             2           173     49.2      51    9.26    85.7
## 3             3           203     53.3      53    9.61    92.3
## 4             4           496     55.0      56    8.76    76.8
```

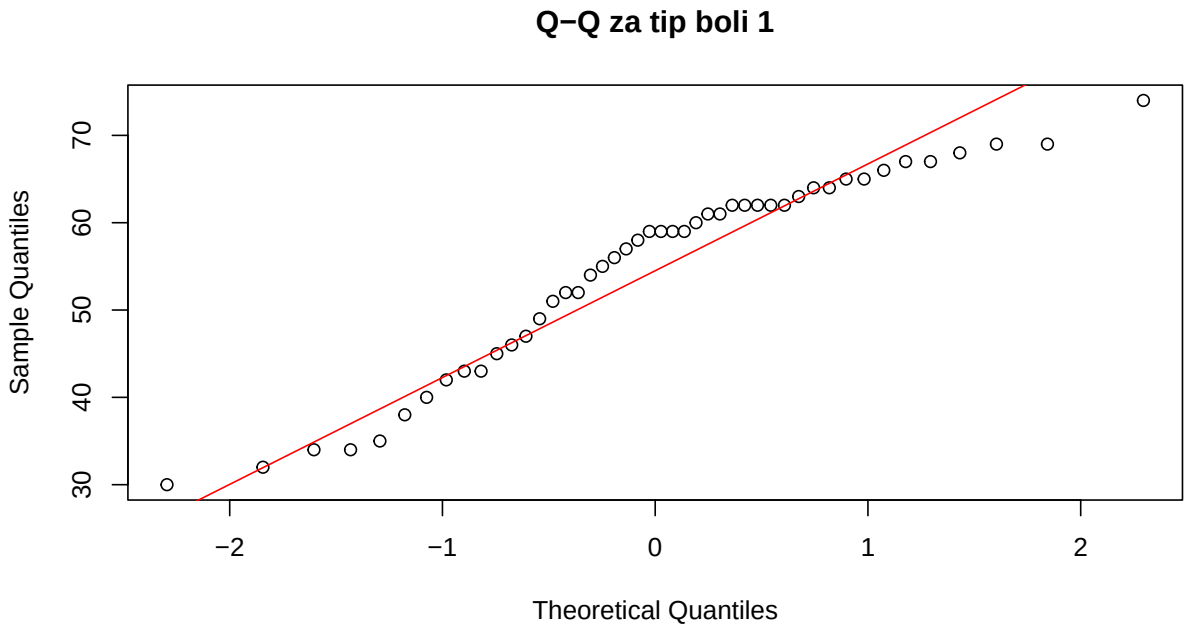
U prvoj je kategoriji 46 pacijenata, u drugoj 173, u trećoj 203 te u zadnjoj 496 pacijenata. Uočavamo i razliku između varijanci po kategorijama.

Test kojim bismo ispitali jednakost ovih sredina jest ANOVA (analiza varijanci). Pretpostavke tog testa su nezavisnost, normalnost populacija grupa, kao i jednakost njihovih varijanci. Nezavisnost pretpostavljamo iz činjenice da svaki podatak dolazi od druge osobe.

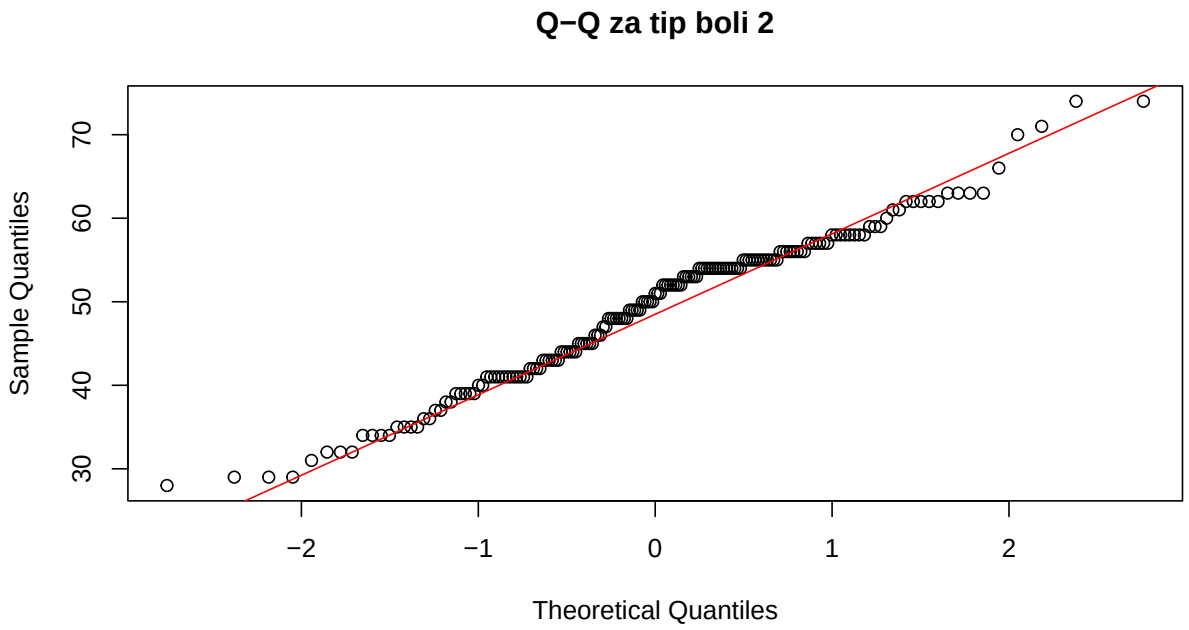
Kako bismo provjerili normalnost podataka iz pojedinih grupa, vizualiziramo ih histogramima i Q-Q plotovima.

```
useddata <- unNormalizedData
agePainType1 <- useddata[useddata$ChestPainType == 1,]$Age
agePainType2 <- useddata[useddata$ChestPainType == 2,]$Age
```

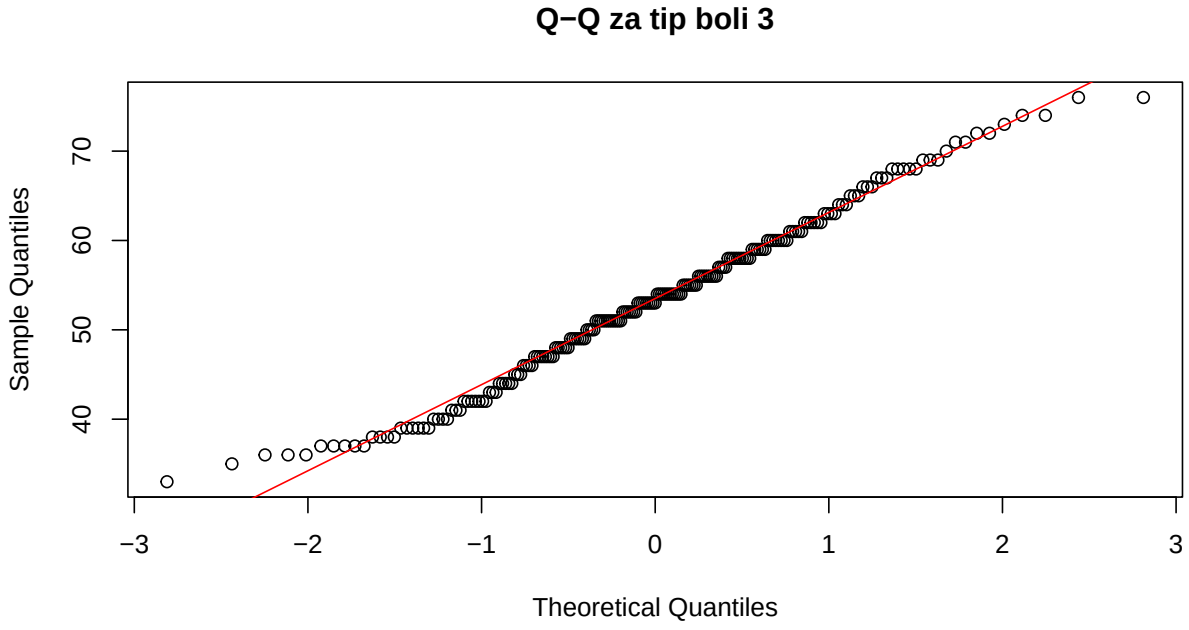
```
agePainType3 <- useddata[useddata$ChestPainType == 3,]$Age
agePainType4 <- useddata[useddata$ChestPainType == 4,]$Age


{qqnorm(agePainType1, main = "Q-Q za tip boli 1")
 qqline(agePainType1, col = "red")}
```



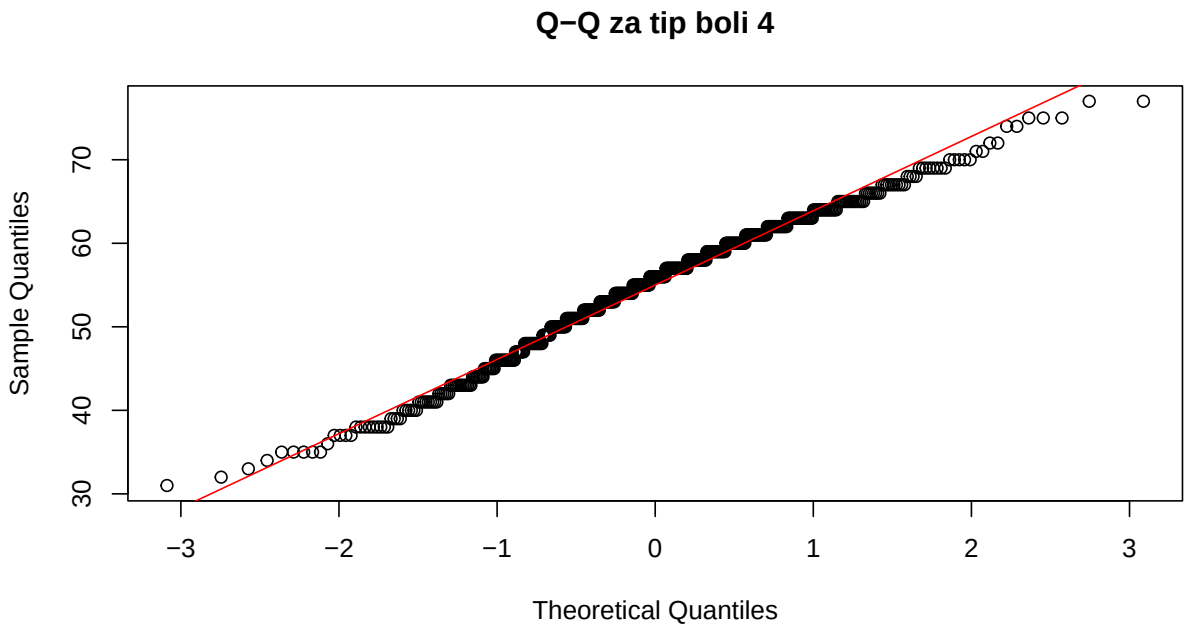

```
{qqnorm(agePainType2, main = "Q-Q za tip boli 2")
 qqline(agePainType2, col = "red")}
```



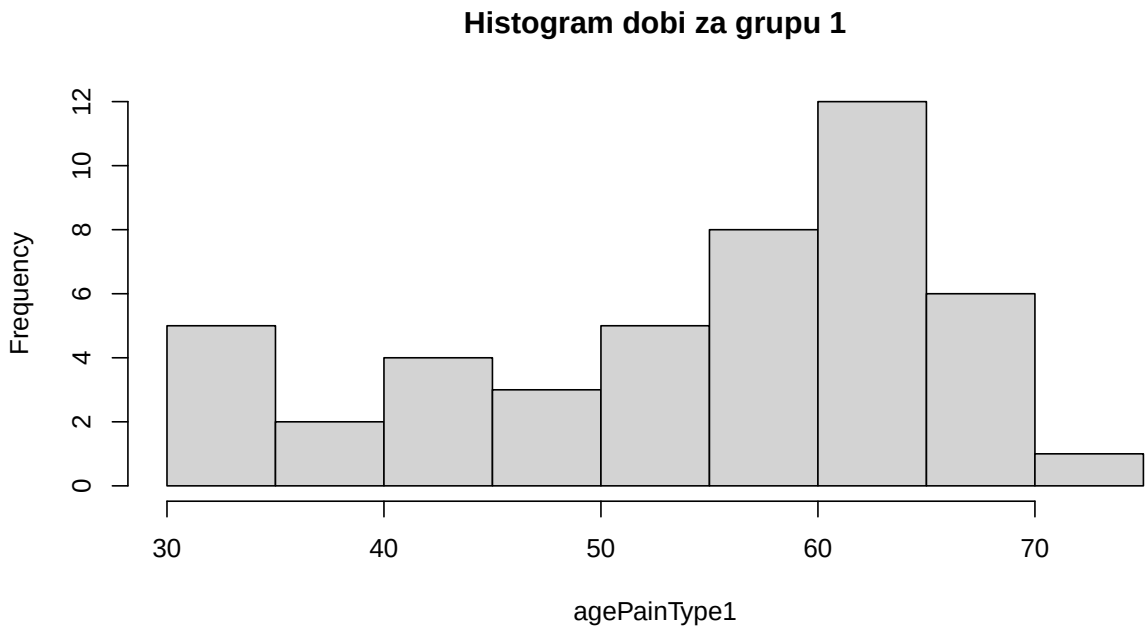

```
{qqnorm(agePainType3, main = "Q-Q za tip boli 3")
 qqline(agePainType3, col = "red")}
```



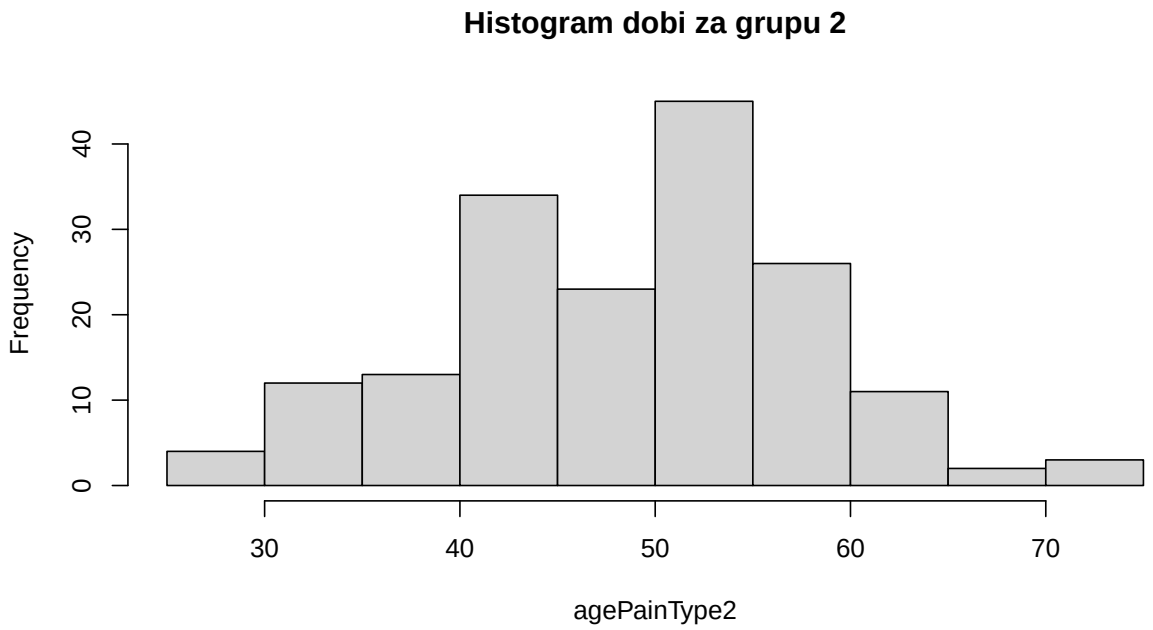

```
{qqnorm(agePainType4, main = "Q-Q za tip boli 4")
 qqline(agePainType4, col = "red")}
```



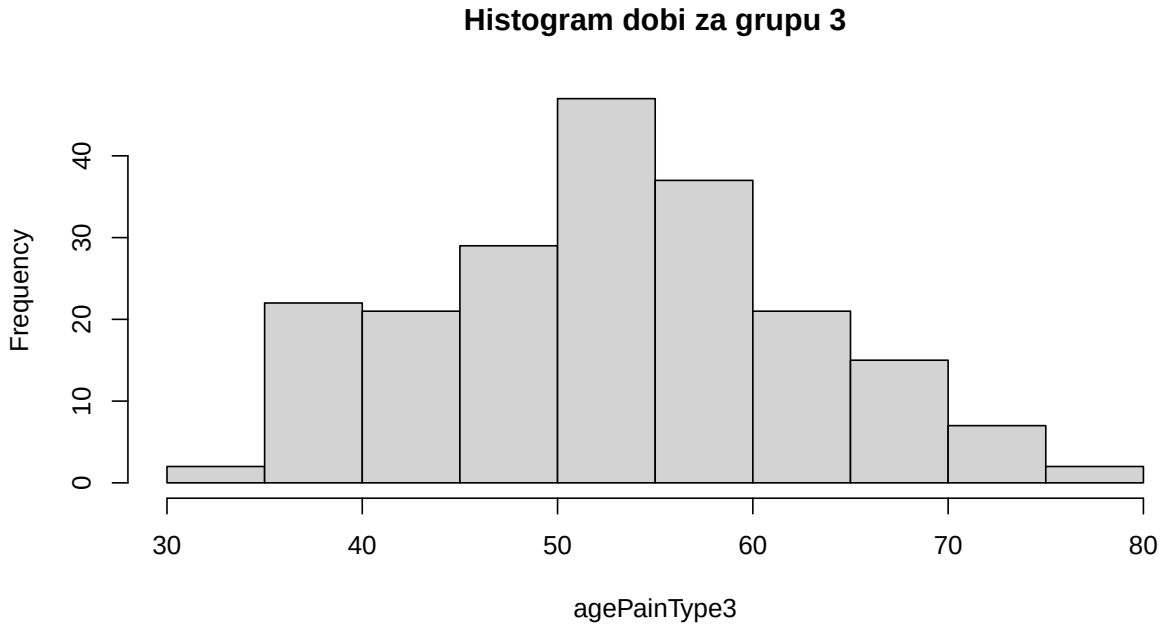

```
hist(agePainType1, main = "Histogram dobi za grupu 1")
```



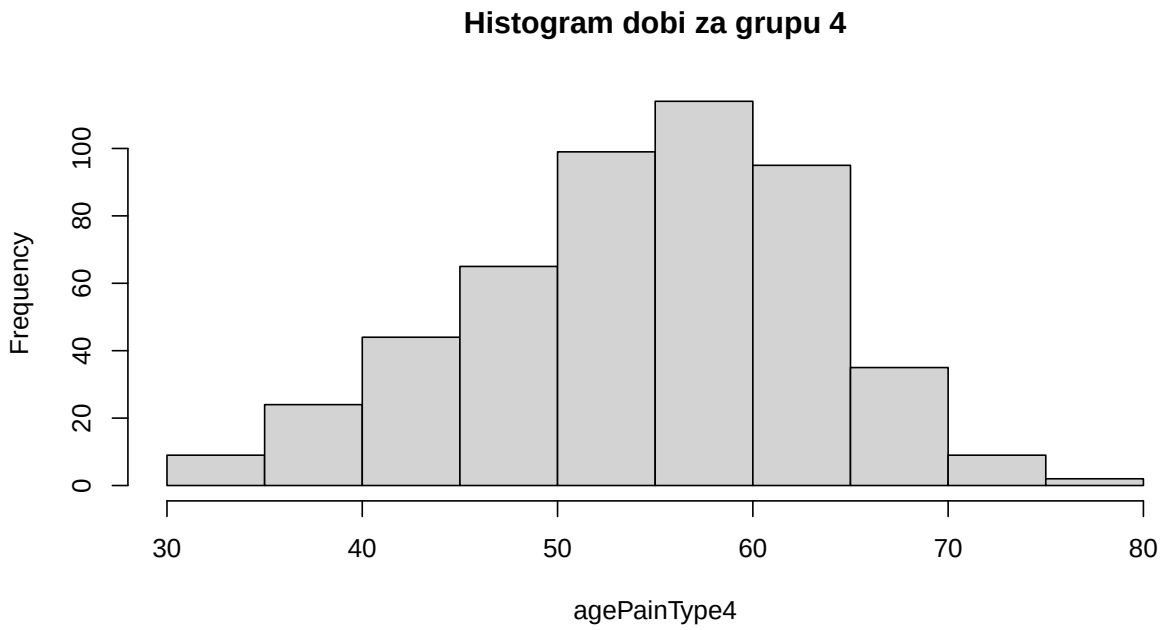

```
hist(agePainType2, main = "Histogram dobi za grupu 2")
```




```
hist(agePainType3, main = "Histogram dobi za grupu 3")
```




```
hist(agePainType4, main = "Histogram dobi za grupu 4")
```



Najslabiju pripadnost normalnoj distribuciji pokazuju grafovi grupe 1. Pokušali smo razne transformacije dobi (npr. x^n), međutim nismo uspjeli istovremeno postići bolje rezultate na svim grupama. Budući da su ostali grafovi zadovoljavajući, pretpostavljamo normalnost i nastavimo s analizom ovakvih podataka.

Kako bismo ispitali jednakost varijanci po grupama, koristimo Bartlettov test.

Hipoteza H0: Varijance po svim grupama su jednake.

Hipoteza H1: Barem jedan par grupa nema jednake varijance.

```
bartlett.test(Age ~ ChestPainType, unNormalizedData)
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  Age by ChestPainType
## Bartlett's K-squared = 8.0402, df = 3, p-value = 0.04519
```

Na razini značajnosti od 5% odbacili bismo nultu hipotezu, odnosno podaci sugeriraju da varijance po grupama nisu iste. Međutim, ANOVA test relativno je robustan na nejednakost varijanci (kada su grupe podjednakih veličina, što nije baš kod nas slučaj, ali svejedno nastavljamo).

Konačno, vršimo ANOVA test, sa sljedećim hipotezama.

Hipoteza H0: Ne postoji razlika u starosti pacijenata po grupama.

Hipoteza H1: Postoji razlika u starosti pacijenata po grupama.

```
anova <- aov(Age ~ factor(ChestPainType), data=unNormalizedData)
summary(anova)
```

```
##                        Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## factor(ChestPainType)   3   4280  1426.8   16.87 1.14e-10 ***
```

```
## Residuals             914  77309    84.6
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Vidimo da bismo na razini značajnosti od alfa = 5% odbacili nultu hipotezu, odnosno podaci sugeriraju da postoji razlika u starosti ovisno o vrsti boli u prsima.

Korištenje parametarskog ANOVA testa gdje su pretpostavke normalnosti i jednakosti varijanci prekršene može dovesti do krive interpretacije rezultata. Dolazi do povećanja pogreške prvog reda, odnosno, vjerojatnije je da ćemo dobiti da postoje značajne razlike u sredinama, što je se moguće dogodilo i ovdje. Najveći je problem nesrazmjer u veličinama pojedinih grupa te bi najbolje bilo prikupiti još podataka o dobi grupe 1.

Puno nas toga odvraća od parametarskog ANOVA testa, pa se odlučujemo i za provedbu njegove neparametarske alternative koja ne zahtijeva te pretpostavke - Kruskal-Wallisova testa. Taj je test manje snage od parametarskog, ali ne zahtijeva pretpostavku normalnosti, što je prikladnije za ovaj slučaj.

Uvjet za primjenjivost Kruskal-Wallisovog testa jest da je veličina svakog uzorka (grupe) barem 5, što kod nas vrijedi.

Hipoteza H0: Medijani po svim grupama su jednaki.

Hipoteza H1: Medijani za barem jedan par grupa se razlikuju.

```
kruskal.test(Age ~ ChestPainType, data=unNormalizedData)
```

```
##
##  Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  Age by ChestPainType
## Kruskal-Wallis chi-squared = 48.599, df = 3, p-value = 1.588e-10
```

Vidimo da je p-vrijednost ponovno jako malena, što znači da odbacujemo nultu hipotezu, odnosno, podaci sugeriraju da ipak postoji razlika u starosti ovisno o tipu boli u prsima.

3. pitanje: Možemo li predvidjeti prisutnost srčane bolesti na temelju maksimalnog broja otkucaja srca i starosti?

Za pronalazak odgovora na treće pitanje koristimo logističku regresiju. Linearna regresija nije dobar izbor jer je problem klasifikacijski.

Linearna regresija loše klasificira jer funkcija pogreške kažnjava i točno klasificirane primjere koji su daleko od granice odluke te zbog toga stršeće vrijednosti mogu značajno utjecati na pomak granice odluke (čak i kada su točno klasificirane). Također, linearna regresija nam vraća vrijednosti izvan intervala [0, 1].

Za logističku regresiju trebamo provjeriti nekoliko pretpostavki:

1. Ne smije biti multikolinearnosti u podatcima
2. Podatci moraju biti nezavisni (ulazi su nezavisne varijable dok je izlaz y zavisna varijabla)
3. Nema nedostajućih vrijednosti i klase imaju balansiran broj primjera (u našem slučaju oba uvjeta su ispunjena, provjera je napravljena u fazi čišćenja podataka)

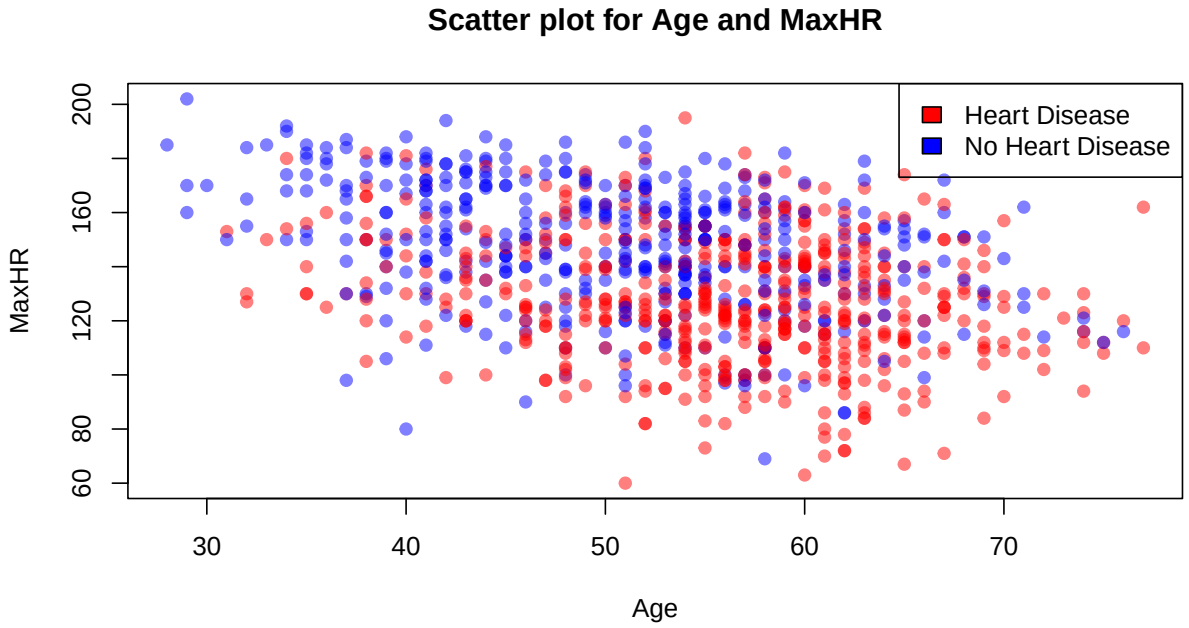
Kako bismo mogli rezultate logističke regresije interpretirati kao vjerojatnost moraju biti zadovoljene i navedene pretpostavke:

1. Primjeri iz obe klase normalno su distribuirani oko srednje, prototipne vrijednosti (tj. izglednost je Gaussova gustoća vjerojatnosti)
2. Postoji linearna zavisnost između izvora šuma koja je u obe klase identična (tj. kovarijacijska matrica je dijeljena); onda izlaz logističke regresije doista odgovara aposteriornoj vjerojatnosti oznake y za primjer x.

Ako ove pretpostavke ne vrijede, onda nemamo teorijski model uz kojeg bi izlaz logističke regresije odgovarao aposeriornoj vjerojatnosti. Međutim, u praksi se time previše ne zamaramo, tj. izlaz logističke regresije tumačimo kao vjerojatnost neovisno o tome koliko podatci doista odgovaraju navedenim pretpostavkama. Stoga navedene dvije pretpostavke nećemo detaljno provjeravati; one služe kao teorijska podloga.

Prije provedbe logističke regresije poželjno je vizualizirati podatke kako bismo dobili bolji uvid u njih. U našem slučaju možemo koristiti graf raspršenja jer imamo samo dvije varijable.

```
colors <- ifelse(oldCategoricalData$HeartDisease == 1, rgb(1,0,0,0.5), rgb(0,0,1,0.5))
plot(oldCategoricalData$Age, oldCategoricalData$MaxHR, col = colors,
     main = "Scatter plot for Age and MaxHR", xlab = "Age", ylab = "MaxHR",
     pch = 19)
legend("topright", legend = c("Heart Disease", "No Heart Disease"), fill = c("red", "blue"))
```



Iz grafa je vidljivo kako su srčane bolesti rjeđe kod mlađih ljudi koji imaju veći maksimalan broj otkucaja srca, dok stariji ljudi s manjim maksimalnim brojem otkucaja srca češće imaju srčane bolesti.

Provjera pretpostavki logističke regresije

Funkcijom cor tražimo korelaciju između naših dviju varijabli.

```
suppressPackageStartupMessages(library(ggcorrplot))

predictor <- data.frame(data$Age, data$MaxHR)
cor(predictor)
```

```
##              data.Age data.MaxHR
## data.Age    1.0000000 -0.3820447
## data.MaxHR -0.3820447  1.0000000
```

Dobili smo korelaciju od -0.38 što je relativno slaba korelacija, pa možemo nastaviti s provođenjem logističke regresije.

```
logisticModel <- glm(HeartDisease ~ MaxHR + Age, data = data, family = binomial)
summary(logisticModel)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = HeartDisease ~ MaxHR + Age, family = binomial,
##     data = data)
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  2.666240   0.738178   3.612 0.000304 ***
## MaxHR       -0.032387   0.003420  -9.469  < 2e-16 ***
## Age          0.037807   0.008494   4.451 8.55e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 1262.1  on 917  degrees of freedom
## Residual deviance: 1082.6  on 915  degrees of freedom
## AIC: 1088.6
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 3
```

Nakon što smo proveli logističku regresiju možemo analizirati dobivene rezultate.

Vidimo kako je koeficijent MaxHR negativan što sugerira da se s povećanjem maksimalnog broja otkucaja srca smanjuje vjerojatnost imanja srčane bolesti.

Koeficijent uz Age je pozitivan što sugerira da starije osobe s većom vjerojatnošću imaju srčanu bolest.

Dobiveni rezultati slažu se s vizualizacijom podataka koju smo napravili ranije.

P-vrijednosti su male: 2 * 10^-16 za MaxHR i 8.55 * 10^-6 za Age, iz čega možemo zaključiti kako oba koeficijenta imaju statistički značajan utjecaj.

Dodat ćemo matricu zabune da pomogne u interpretaciji točnosti modela.

```
# matrica zabune
confusionMatrix <- table(data$HeartDisease, predict(logisticModel, type = "response") > 0.5)
rownames(confusionMatrix) <- c("FALSE", "TRUE")
confusionMatrix
```

```
##
##         FALSE TRUE
##   FALSE   246  164
##   TRUE    122  386
```

Iz nje računamo:

```
accuracy = sum(diag(confusionMatrix)) / sum(confusionMatrix)
precision = confusionMatrix[2,2] / sum(confusionMatrix[,2])
recall = confusionMatrix[2,2] / sum(confusionMatrix[2,])
specificity = confusionMatrix[1,1] / sum(confusionMatrix[,1])

cat("Točnost: ", accuracy, "\n")
```

```
## Točnost:  0.6884532
```

```
cat("Preciznost: ", precision, "\n")
```

```
## Preciznost:  0.7018182
```

```
cat("Odziv: ", recall, "\n")
```

```
## Odziv:  0.7598425
```

```
cat("Specifičnost: ", specificity, "\n")
```

```
## Specifičnost:  0.6684783
```

Međutim, te mjere ovise o realnom broju iz intervala <0, 1> koji smo postavili za graničnu vrijednost izlaza iz logističke regresije za dvije kategorije (u našem slučaju je to 0.5). Možemo promatrati i vrijednost pseudo-Rsquared, koja nam daje informaciju koliko je naš procijenjeni model blizu null modelu (tj. modelu koji koristi samo slobodni član) i ne ovisi o odabranome pragu.

```
Rsq = 1 - logisticModel$deviance/logisticModel$null.deviance
Rsq
```

```
## [1] 0.1422405
```

Vidimo da je model s ovim regresorima malo prikladniji našim podacima od null modela.

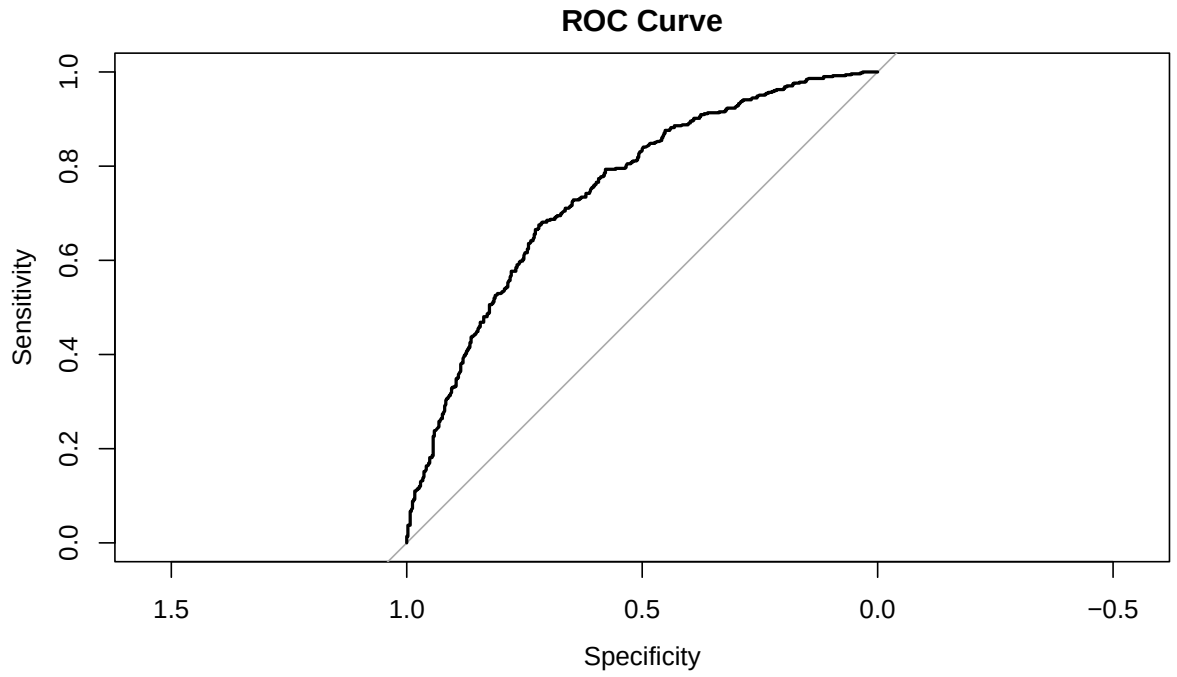
Predikcija

```
suppressPackageStartupMessages(library(pROC))
# Predikcije
predictions <- predict(logisticModel, type = "response")
# ROC krivulja
roc_curve <- roc(data$HeartDisease, predictions)
```

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

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

```r
plot(roc_curve, main = "ROC Curve")
```




```r
# AUC vrijednost
auc(roc_curve)
```

```
## Area under the curve: 0.7467
```

Tzv. "area under the curve" predstavlja površinu ispod ROC krivulje. Znamo kako je ROC krivulja jednostavno pravac pod kutem od 45 stupnjeva ako je predikcija potpuno slučajna. Što je veća površina ispod grafa, bolja je sposobnost predikcije. Idealno je AUC jednak 1.

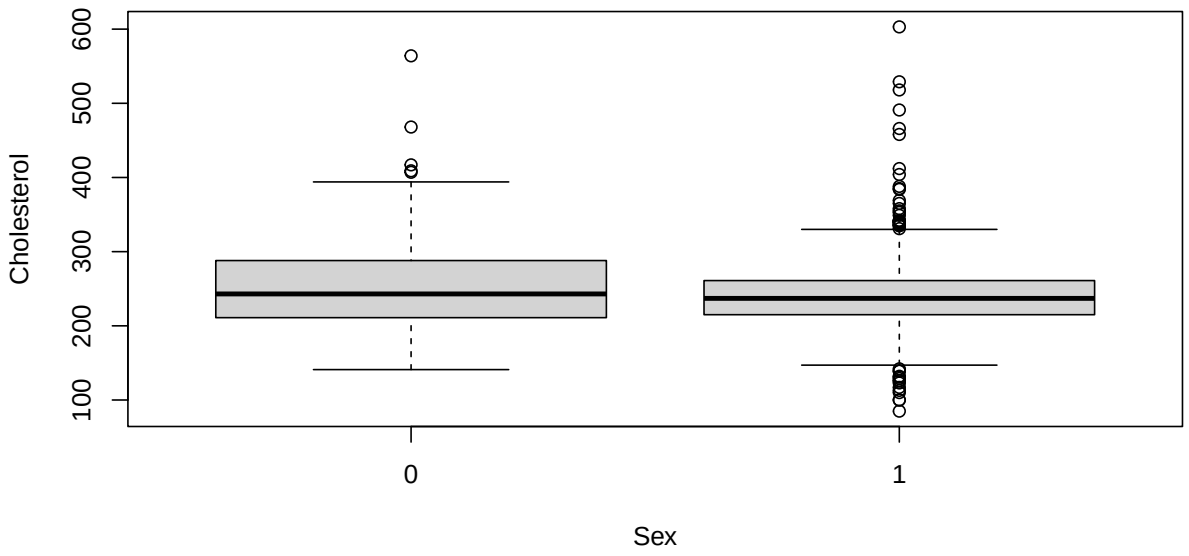
Za naš slučaj AUC je 0.7467, iz čega zaključujemo kako naš model ima dobru sposobnost predikcije. Poboljšanje rezultata eventualno bismo mogli postići tako da bismo u predikciju dodali još relevatnih značajki.

4. pitanje: Postoji li razlika u razini kolesterola između muškaraca i žena?

```r
male <- data[data$Sex == 1,]
female <- data[data$Sex == 0,]

cat("Broj žena: ", nrow(female),
    "\nBroj muškaraca: ", nrow(male))
```

```
## Broj žena:  193
## Broj muškaraca:  725
```

```r
boxplot(Cholesterol ~ Sex, data = data)
```

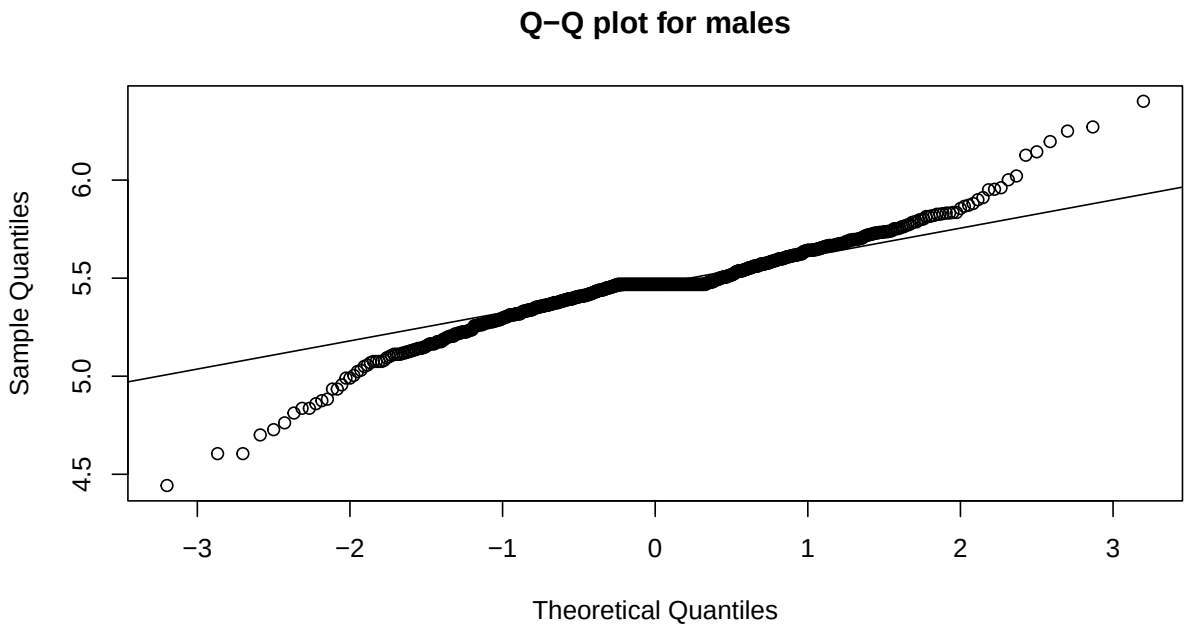


Ovaj boxplot prikazuje da nema velike razlike u medijanima razine kolesterola po spolu, međutim, primjećujemo velik broj stršećih vrijednosti među muškarcima.

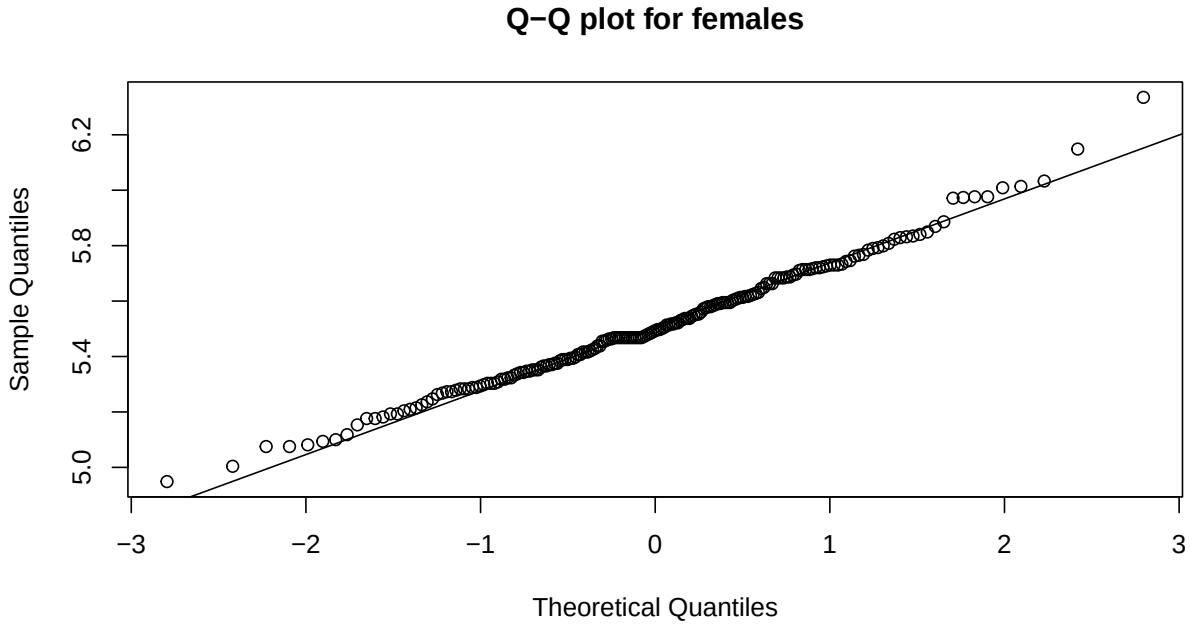
Kao i u prvom istraživačkom pitanju koristimo T-test za dva uzorka.

Opet ćemo prvo provjeriti normalnost podataka i nakon toga varijanci pomoću F-testa. Opet pretpostavljamo nezavisnost podataka jer su podatci uzeti iz različitih skupina.

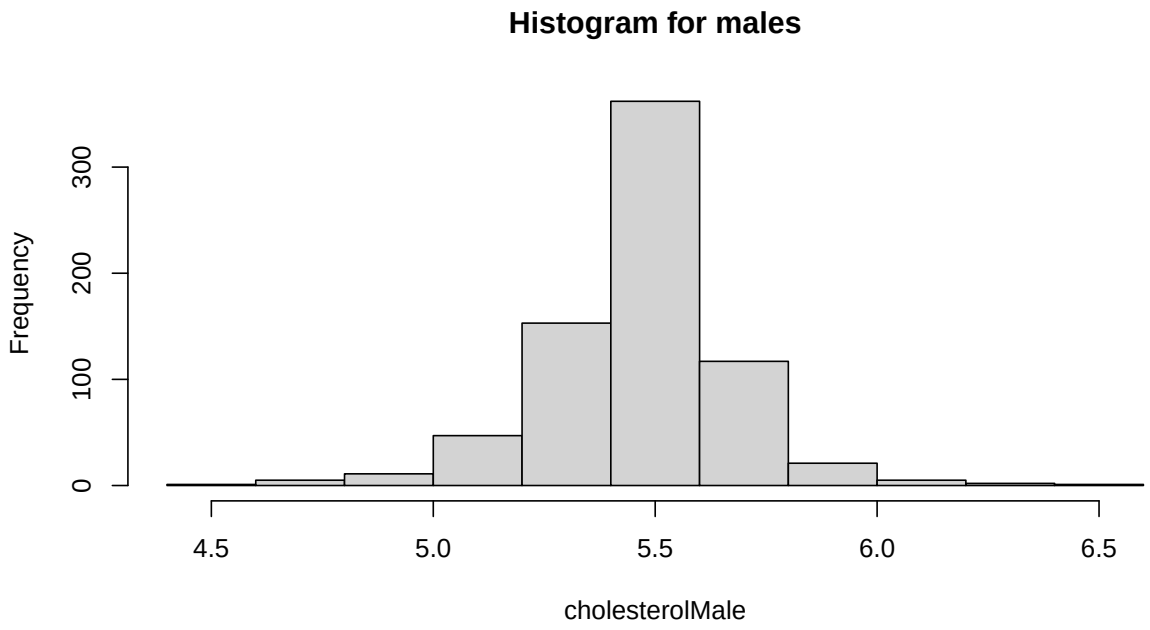
```r
# crtamo Q-Q plot da vidimo odgovaraju li podatci normalnoj raspodjeli
cholesterolMale <- log(male$Cholesterol)
cholesterolFemale <- log(female$Cholesterol)

qqnorm(cholesterolMale, main = "Q-Q plot for males")
qqline(cholesterolMale)
```



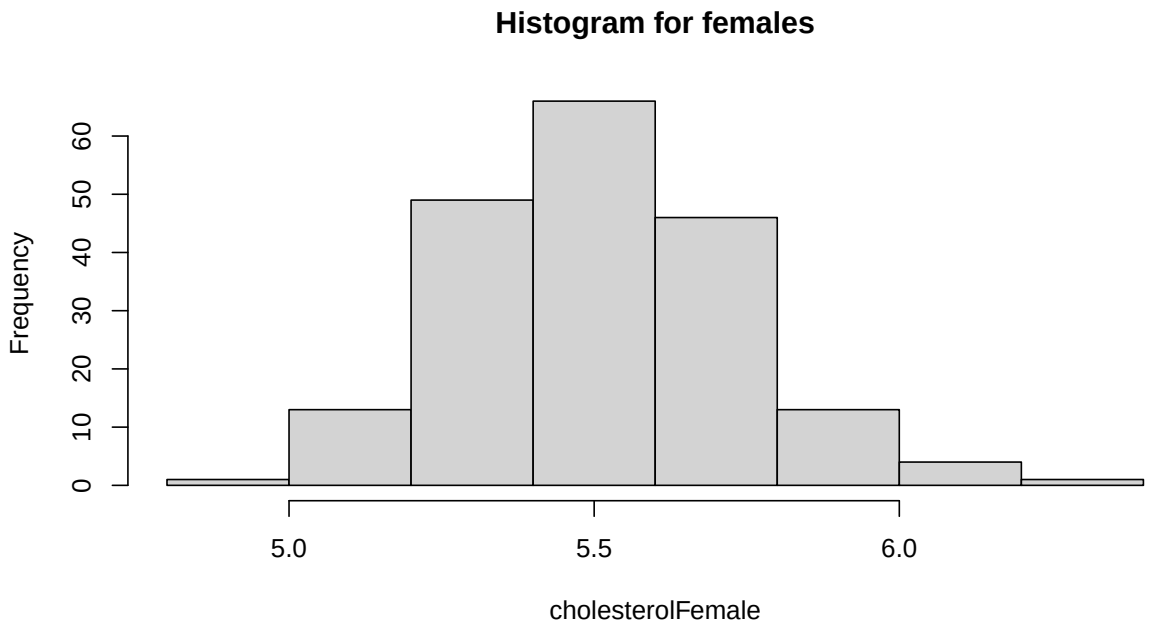

```r
qqnorm(cholesterolFemale , main = "Q-Q plot for females")
qqline(cholesterolFemale)
```




```r
# histogrami

hist(cholesterolMale, main = "Histogram for males")
```




```
hist(cholesterolFemale, main = "Histogram for females")
```



Koristeći logaritamsku funkciju za transformaciju dobivamo bolje poklapanje s normalnom. Vidimo kako se podatci (Q-Q plot za muškarce) ne ravnaju savršeno po normalnoj razdiobi na repovima, ali iz histograma je sličnost dovoljno velika da bi mogli nastaviti s provođenjem testa (mala odstupanja od normalne razdiobe neće utjecati na rezultate zato što je T-test robusan na normalnost podataka i dovoljno dobro funkcionira za "zvonolike" distribucije).

Nakon što smo utvrdili nezavisnost i normalnost podataka, provodimo F-test kako bismo utvrdili jesu li

varijance jednake ili različite. Sav tekst i pretpostavke iz prvog zadatka vezane za F-test možemo prenijeti i na ovaj zadatak. Sada ćemo radi jednostavnosti samo napisati hipoteze (nezavisnost i normalnost smo provjerili i pretpostavili).

Hipoteza H0: Varijance su jednake (omjer varijanci je 1).

Hipoteza H1: Varijance su različite.

```
var(cholesterolMale)
```

```
## [1] 0.04269296
```

```
var(cholesterolFemale)
```

```
## [1] 0.05115543
```

```
var.test(cholesterolMale, cholesterolFemale)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  cholesterolMale and cholesterolFemale
## F = 0.83457, num df = 724, denom df = 192, p-value = 0.1044
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.6611057 1.0379219
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.8345733
```

Vidimo kako je p-vrijednost veća od alfa = 5% pa ne možemo odbaciti hipotezu da su varijance jednake. Zato koristimo T-test s jednakim i nepoznatim varijancama.

Hipoteze za T-test:

H0: Nema razlike u maksimalnom broju otkucaja srca između muškaraca i žena.

H1: Postoji razlika u maksimalnom broju otkucaja srca između muškaraca i žena.

```
t.test(cholesterolMale, cholesterolFemale, var.equal = TRUE)
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  cholesterolMale and cholesterolFemale
## t = -3.1513, df = 916, p-value = 0.001678
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.08734506 -0.02030357
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  5.460091  5.513915
```

Iz rezultata vidimo kako je p-vrijednost manja od alfa = 5% pa zaključujemo da postoji razlika u razinama kolesterola između muškaraca i žena. To je iznenađujuć rezultat, obzirom da se iz boxplota činilo da su medijani jednaki, a sličnu intuiciju dobivamo i iz histograma. Međutim, korištenje parametarskih testova gdje su prekršene pretpostavke (npr. normalnosti) dovodi do povećanja pogreške prvog reda, odnosno vjerojatnije je da ćemo odbaciti nultu hipotezu i dobiti netočnu reprezentaciju rezultata. Također, iz boxplota smo uočili mnogo stršećih vrijednosti, na koje je aritmetička sredina jako osjetljiva. Zato bi bilo bolje testirati medijane, mjeru centralne tendencije koja je otpornija na stršeće vrijednosti. Postoji neparametarska inačica T-testa za nezavisne uzorke - Mann-Whitney-Wilcoxonov test. On pretpostavlja da su distribucije istog oblika, do na translaciju, i testira je li vrijednost te translacije 0 (odnosno, jesu li medijani isti). Međutim, u našem slučaju on nije primjenjiv jer iz vizualizacije podataka vidimo kako distribucije nisu istog oblika.

5. pitanje: Postoji li razlika u udjelima pojavnosti srčanih bolesti među spolovima?

Kako bismo provjerili postoji li razlika u udjelu srčanih bolesnika među muškarcima i ženama, radimo test homogenosti. Njegova je nulta hipoteza da su podaci po kategorijama nezavisni, a alternativna da to nije tako.

```
data_copy = data.frame(data);
tracemem(data)==tracemem(data_copy);
```

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

```
untracemem(data_copy);
```

Računamo opažene i očekivane frekvencije te na njima provodimo chi-kvadrat test. To je neparametarski test, čija je pretpostavka da su očekivane frekvencije svakog para razreda barem 5. Očekivane vrijednosti dobivamo kao umnožak marginalnih vrijednosti (jer pod nultom hipotezom pretpostavljamo nezavisnost).

```
tbl_heart_disease = table(data_copy$Sex,
            data_copy$HeartDisease)
added_margins_tbl_heart_disease = addmargins(tbl_heart_disease)

cat("Opažene frekvencije:")
```

```
## Opažene frekvencije:
```

```
print(added_margins_tbl_heart_disease)
```

```
##
##         0   1 Sum
##   0   143  50 193
##   1   267 458 725
##   Sum 410 508 918
```

```
for (col_names in colnames(added_margins_tbl_heart_disease)){
  for (row_names in rownames(added_margins_tbl_heart_disease)){
    if (!(row_names == 'Sum' | col_names == 'Sum') ){
      cat('Očekivane frekvencije za razred ',col_names,'-',row_names,': ',
          (added_margins_tbl_heart_disease[row_names,'Sum']
```

```
           * added_margins_tbl_heart_disease['Sum',col_names])
          / added_margins_tbl_heart_disease['Sum','Sum'],'\n')
    }
  }
}
```

```
## Očekivane frekvencije za razred  0 - 0 :  86.19826
## Očekivane frekvencije za razred  0 - 1 :  323.8017
## Očekivane frekvencije za razred  1 - 0 :  106.8017
## Očekivane frekvencije za razred  1 - 1 :  401.1983
```

Pretpostavke su zadovoljene pa nastavljamo s testom.

Hipoteza H0: Očekivane vrijednosti jednake su opaženima (o_ij = e_ij za i, j iz {0, 1}^2).

Hipoteza H1: Za neki par očekivanih i opaženih vrijednosti vrijedi da nisu jednaki.

```
chisq.test(tbl_heart_disease, correct=F)
```

```
##
##  Pearson's Chi-squared test
##
## data:  tbl_heart_disease
## X-squared = 85.646, df = 1, p-value < 2.2e-16
```

Vidimo da je p-vrijednost manja od alfa = 5% što znači da odbacujemo nultu hipotezu u korist alternativne, koja tvrdi da za neki par očekivanih i opaženih vrijednosti vrijedi da nisu jednake, odnosno da postoji zavisnost između pojave srčanih bolesti i spola.