

PILAS Tutorial

Sofía Meléndez Cartagena

7/20/2021

Introducción

Paquetes necesarios

- PilasPack: Paquete generado por el equipo de trabajo de PILAS se puede bajar aquí:
 - `devtools::install_github("ComplejoC/PILASPack/PilasPack")`
- Tidyverse
 - Necesario para graficar y crear un proceso de conductos en R
- Lubridate
 - Utilizado para manipular fechas
- httr
 - Utilizado para interactuar con el API de Bioportal
- jsonlite
 - Utilizado para transformar los tokens del API

Adquisición de datos

Estamos en proceso de arreglar la función de adquisición de datos en el paquete, asta nuevo aviso se utiliza este código:

```
## Download Prep

start_of_month=list("01/01/2021", "02/01/2021", "03/01/2021", "04/01/2021", "05/01/2021")
names(start_of_month)=c("January2021", "February2021", "March2021", "April2021", "May2021")

end_of_month=list("01/31/2021", "02/28/2021", "03/31/2021", "04/30/2021", "05/31/2021")
names(end_of_month)=c("January2021", "February2021", "March2021", "April2021", "May2021")

paste("/?", "startDate=", start_of_month[4], "&", "endDate=", end_of_month[4], "sep=")
## Download Data

l=length(start_of_month)

base_url="https://bioportal.salud.gov.pr/api/administration/reports/unique-tests"
```

```

Datos_all_list=list()

for (i in 1:l){

  print(Sys.time())

  #produce the url
  url_req=paste("/?", "createdAtStartDate=", start_of_month[i], "&",
                "createdAtEndDate=", end_of_month[i], "sep=")
  url=paste(base_url, url_req, sep="")

  data <- list(
    email="",
    password = "",
    reCaptchaResponseToken="N/A")

  res = POST("https://bioportal.salud.gov.pr/api/authentication/login/",
             body= data, encode='json', content_type('application/json'))

  token = fromJSON(rawToChar(res$content))

  datos = GET(url,
              content_type('application/json'),
              add_headers(authorization = paste('Bearer', token$token),
                          'Accept-Enconding'="br"))

  datos = fromJSON(rawToChar(datos$content), flatten = TRUE)

  ## Copias de base de datos ##
  Datos<-datos

  #store the data in a list

  Datos_all_list[[i]]<-Datos

  names(Datos_all_list)<-names(start_of_month)[c(1:i)]

  print(names(start_of_month[i]))
}

## Concatenate
Datos_all<-do.call("rbind", Datos_all_list)

```

Hagase ajuste de los meses de interes así como sea necesario para su analisis. El espacio para email y password deben ser rellenados con su informacion de bioportal.

Preprocesamiento

Utilizando las funciones de PilaPack se va transformar las variables de fechas a formato de fecha y además se va calcular los rezagos, que en nuestra tabla se llamarán:

- TatReportSample
 - La diferencia entre la fecha que el resultado es reportado en el laboratorio y la fecha en la que se tomó la muestra
- TatUploadReport
 - La diferencia entre la fecha que el resultado es reportado al bioportal y el resultado reportado en el laboratorio
- TatUploadSample
 - La diferencia entre la fecha que el resultado es reportado al bioportal y la fecha en la que se tomó la muestra

Tat es corto para Turn Around Time.

Ejemplares del preproceso donde Datos_all son los datos tal cual fueron bajados de Bioportal:

```
All_test <- testApiToDates(DataFrame = Datos_all)
head(All_test)
```

Esta función anterior transforma las columnas de fechas al formato de fecha

```
All_test <- testApiCalculateTurnaround(All_test)
head(All_test)
```

Esta función anterior calcula los rezagos y añade tres columnas a la tabla con esos valores

```
All_test <- testApiMonthAsColumn(All_test)
head(All_test)
```

Esta función anterior extrae el mes en el que las diferentes fechas claves ocurrieron y las añade al final de la tabla. Esta última función es opcional en el proceso.

Errores comunes y que hacer con ellos

Análisis comunes

Volumen

Rezago

Campos Vacíos

Relación laboratorio-laboratorio