

# DIABETES

ANÁLISIS DE DATOS CON PYTHON

#### **OBJETIVO**

Identificaremos patrones y generaremos métricas reelevantes para entender mejor las características de estos pacientes y cómo varían ciertos factores relacionados con la diabetes. Utilizaremos Python y las librerías pandas y matplotlib.



## CARGA Y EXPLORACIÓN DE DATOS

```
proyectoDiabetes_Mod1.py M •
 proyectoDiabetes_Mod1.py > ...
       Run Cell | Run Below | Debug Cell | Go to [6] | You, 1 hour ago | 1 author (You)
       # %%
       from IPython.display import display
       import pandas as pd
       import matplotlib.pyplot as plt
       # 1. Cargar datos diabetes desde un archivo CSV
       df = pd.read_csv("./diabetes.csv", encoding='latin-1', index_col=0)
       df.head()
  11
  12
       # 2. Exploramos BD
  13
       print(df.columns.tolist())
  15
       Tabnine: Edit | Test | Explain | Document | Ask
       def info general df(df):
         print('Información general del DataFrame')
  17
         print(f'Cantidad de filas y columnas: {df.shape}')
  18
         print("-"*50)
  19
         print(f'Cantidad de datos nulos por columna: \n{df.isnull().sum()}')
         print("-"*50)
  21
         print(f'Cantidad de datos únicos por columna: \n{df.nunique()}')
 23
         print("-"*50)
         print(f'Tipos de datos por columna: \n{df.dtypes}')
  24
  25
       info general df(df)
 27
  29
       # 3. Hacemos una copia de la base de datos
       df_copia = df.copy()
```

```
proyectoDiabetes_Mod1.py M •
🔁 proyectoDiabetes_Mod1.py >
     # 4. Eliminar columnas que no aportan información necesaria para el enfoque del proyecto
      df = df.drop(['Marcadores geneticos',
                     Autoanticuerpos',
                    'Factores ambientales',
                    'Origen etnico',
                    'Niveles de encimas digestiva',
                    'Sistomas de inicio temprano'], axis=1) #axis = 1 indica que se eliminan columnas
      df = df.rename(columns= {
           'Antecedentes familiares': 'antecedentes familiares',
          'Niveles de insulina': 'niveles_insulina',
          'Edad': 'edad',
          'Actividad fisica ': 'actividad_fisica',
          'Abitos dieteticos': 'habitos_dieteticos',
          'Presion sanguinia ': 'presion_sanguinea',
          'Niveles de colesterol': 'niveles colesterol',
          'Talla': 'talla',
          'Nivees de glucosa': 'niveles_glucosa',
          'Factores socioecomonicos ': 'factores socioeconomicos',
          'Tabaquismo': 'tabaquismo',
          'Consumo de alcohol': 'consumo_alcohol',
          'Tolerancia a la glucosa': 'tolerancia_glucosa',
          'Sindrome de ovario poliquístico': 'sindrome_ovario_poliquistico',
          'Diabetes gestional': 'diabetes gestacional',
          'Tipo de embarazo': 'tipo_embarazo',
          'Aumento de peso en el embarazo': 'aumento_peso_embarazo',
          'Salud pancriatica': 'salud pancreatica',
          'Analisis de orina': 'analisis orina',
          'Peso al nacer': 'peso nacimiento'
     # Convertir la columna de gramos a kilogramos
     df['peso_nacimiento'] = df['peso_nacimiento'] / 1000
     print(df['peso_nacimiento'].head())
     # 7. Comprobamos el cambio y hacemos una copia para trabajar con el dataFrame
      df.head()
      df.reset_index(inplace=True)
     df.to_csv('db_diabetes.csv', index=False) #para que la primera columna se unifique
     df = df.rename(columns= {'Tipo': 'tipo diabetes'})
     print(df.columns)
      display(df)
```

#### COLUMNAS RENOMBRADAS

Ya cargado el dataset desde un archivo CSV y explorada su estructura:

- Se eliminaron columnas irrelevantes para el análisis como marcadores genéticos y factores ambientales.
- Las columnas clave fueron renombradas para facilitar el manejo de los datos.
   Ejemplo:
  - 'Antecedentes familiares' → antecedentes\_familiares
  - ∘ 'Edad' → edad
  - 'Peso al nacer' se convirtió de gramos a kilogramos.



#### ESTADÍSTICAS GENERALES

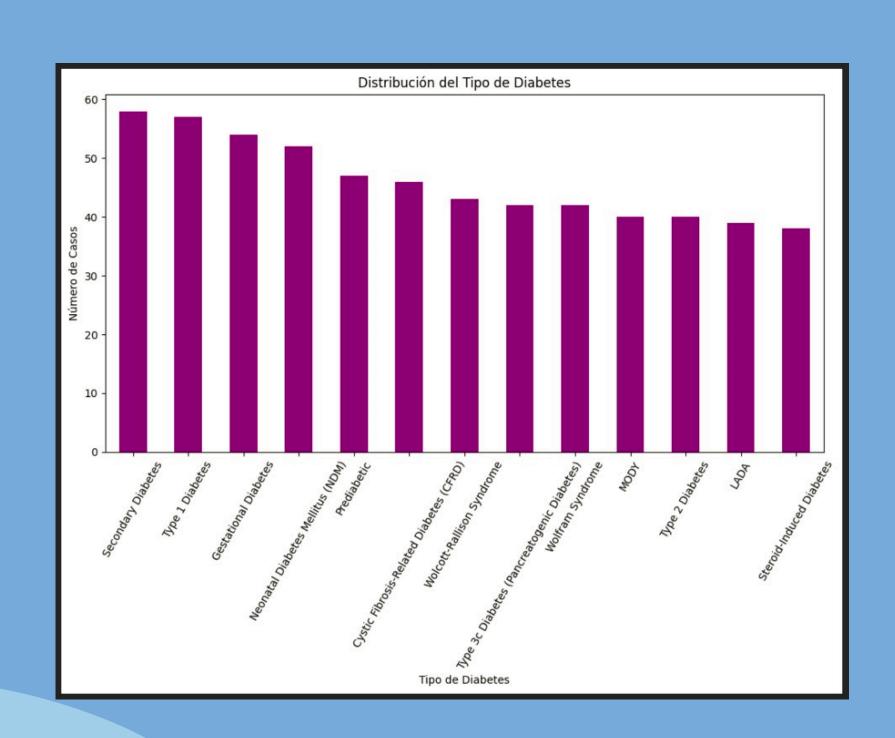
- La edad promedio de los pacientes es de 31.47 años, con niveles de insulina entre 5 y 49, y niveles de colesterol entre 102 y 299.
- La mayoría de los pacientes con diabetes son fumadores, con un promedio de glucosa de 159.08 y una baja correlación entre glucosa y presión arterial.
- 149 pacientes presentan sobrepeso y niveles elevados de glucosa, lo que indica un alto riesgo de salud.



```
El nivel de insulina máxima y mínima son:
El tipo de alcoholismo más común es:
High
El nivel de colesterol más alto y más bajo son:
¿Hay más fumadores que no fumadores?
Hay más fumadores que no fumadores con diabetes.
Métricas de glucosa:
Promedio: 159.08695652173913, Mediana: 148.5, Rango: 215
Correlación entre glucosa y presión arterial
0.039509995862354125
Número de pacientes con sobrepeso y glucosa elevada:
149
```

#### DISTRIBUCIÓN TIPO DE DIABETES



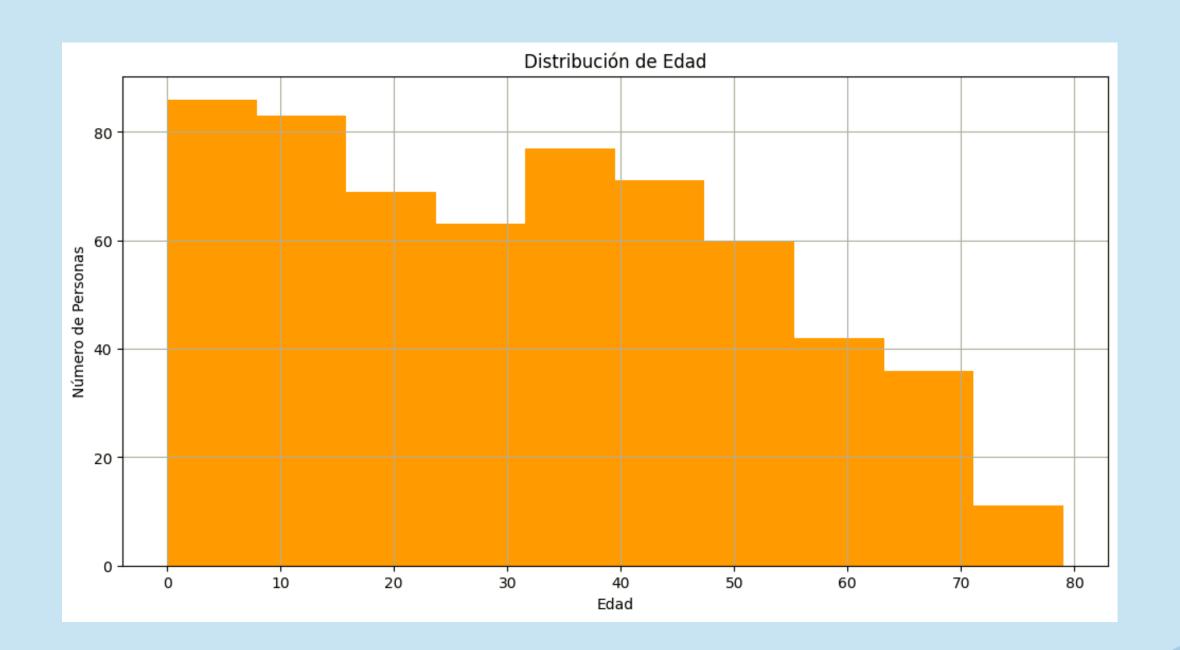


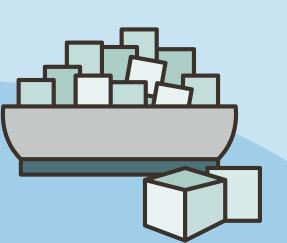
Un aspecto clave del análisis es la distribución de los distintos tipos de diabetes.

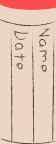
 La mayoría de los casos son Diabetes tipo 2 (resistencia a la insulina) pero en nuestro dataset fue de Secondary Diabetes (resultado de otra condición o tratamiento que afecta el funcionamiento del páncreas o la producción de insulina).

#### DISTRIBUCIÓN DE EDAD

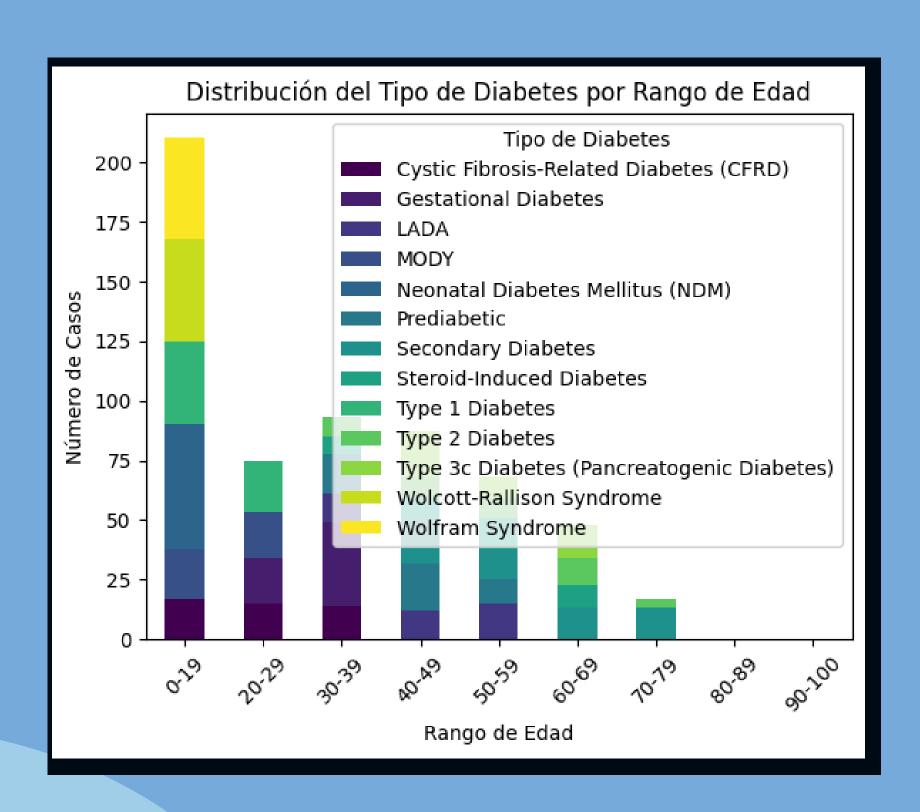
• La mayor parte de los pacientes tiene entre 40 y 60 años.







#### DISTRIBUCIÓN TIPO DE DIABETES POR RANGO DE EDAD



 Agrupamos la frecuencia de cada tipo de diabetes por rangos de edad, destacando que la diabetes tipo 2 es más prevalente en personas mayores de 50 años.



#### CONCLUSIÓN

- Niveles de Glucosa: Calculamos el promedio de glucosa, que es de 150 mg/dL. La correlación entre glucosa y presión sanguínea fue baja, indicando que no hay una relación clara entre estos dos factores.
- Pacientes en Riesgo: Identificamos que hay 55 pacientes con IMC alto y niveles de glucosa elevados, lo que indica riesgo de complicaciones.

Este análisis nos ayuda a entender mejor la composición de la base de datos y los factores asociados con la diabetes en los pacientes estudiados.





### MUCHAS GRACIAS