

# Predicción del grado de vulnerabilidad por COVID-19 en E.E.U.U.

(Caso: Dataset Covid - 19)

## Contexto inicial

#### Situación COVID-19

20.000

Fuente: COVID Tracking Project

Mayo

Junio

BBG





#### **Problemática**

El gobierno de EEUU se ve desbordado por una pandemia <u>fuera de control</u>.



Ubicaci	ión	Total de casos ↓	Casos nuevos (1 día*)	Casos nuevos (últimos 60 días)	Casos por 1 millón de personas	Muertes
Д @	Todos los países	105,945,462	476,185	~~	13,625	2,312,845
Φ 🖪	Estados Unidos	26,957,001	105,027	~	81,798	462,037
4 📮	India	10,826,363	12,059		7,957	154,996
4 6	Brasil	9,447,165		~	44,702	230,034
<del>ф</del> 🖁	Reino Unido	3,929,835	18,262	^	59,153	112,092
n 🔚	Rusia	3,907,653	16,379		26,629	75,010

El COVID-19 representa la enfermedad #1 que causa más muertes en EEUU actualmente.

- No hay recursos (de toda índole) para apoyar en todos los estados a la vez.
- Penetración de la idea de pandemia en la sociedad. (<u>ideología</u>)









## **Hipótesis**

#### **Hipótesis**

Crear un modelo de predicción que nos permita determinar qué factores conllevan un mayor grado de vulnerabilidad midiendo la tasa de causalidad de ciertos eventos (necesidad de internamiento en hospital, ingreso a UCI, fallecimiento).



Un modelo de forecasting, basándonos en factores temporales (estacionalidad del tiempo, medidas preventivas del gobierno) y sociales (edad, sexo, raza) disponibles nos puede permitir realizar proyecciones a corto plazo (semanal, 1M, 3M), lo cual permite tomar acciones de planificacion por parte del sector sanitario.

Mediante tecnicas de clusterizacion, encontrar patrones que inciden en la letalidad de la enfermedad (edad, sexo, raza, enfermedades preexistentes, ingreso a UCI) para la predicción del riesgo de muerte en el paciente.



## **Antecedentes**

Antecedente	País	Conclusión	Similitud		
Adquisición de conocimiento sobre la letalidad de la COVID-19 mediante técnicas de inteligencia artificial.	lidad de la COVID-19 mediante técnicas (Estudio de		Se asemeja al estudio del caso de EEUU porque los rasgos como enfermedades preexistentes, también desencadenaron decesos en gran parte de los casos.		
Un modelo basado en aprendizaje automático para la predicción de supervivencia en pacientes con infección grave por COVID- 19	China (Estudio con pacientes de Wuhan)	De los pacientes de la muestra de 404 pacientes infectados, se usaron herramientas de aprendizaje automático capturado a través del uso de biomarcadores predictivos de gravedad de enfermedad. De esa forma se distinguió de forma rápida los casos que requerían atención más inmediata y se planificó la capacidad logística de los hospitales.	Se asemeja al estudio del caso de EEUU porque los rasgos de letalidad nos pueden proporcionar información importante para la planificación y poder dimensionar la cantidad de camas y respiradores en los hospitales.		

## Exploración de datos



## Presentación del dataset

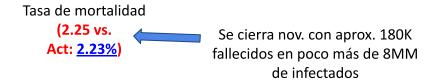


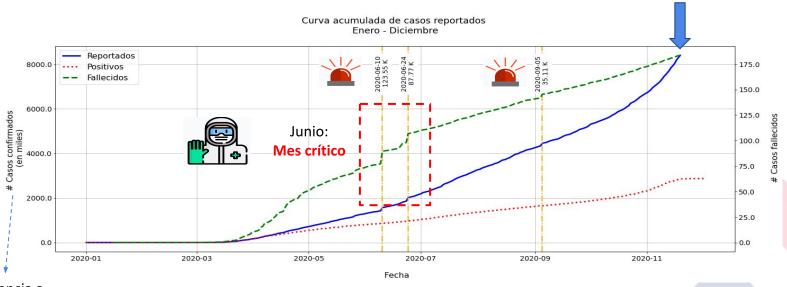
Variable	Significado
cdc_report_dt	Fecha en que se informó el CDC (Center for Disease Control and Prevention)
pos_spec_dt	Fecha de la primera recolección de muestras positivas
onset_dt	¿Cuál fue la fecha de inicio?
current_status	¿Cuál es el estado actual de esta persona?
sex	Género
age_group	Categorías de grupos por edad
race and ethnicity (combined)	Perfil demográfico
hosp_yn	¿Fue hospitalizado el paciente?
icu_yn	¿El paciente fue ingresado en una unidad de cuidados intensivos (UCI)?
death_yn	¿Murió el paciente como consecuencia de esta enfermedad?
medcond_yn	¿Tenían alguna condición médica subyacente y / o conductas de riesgo?



## Evolución del COVID en data

Se observa un crecimiento lineal del # de fallecidos (desde julio), mientras que los reportados crecen en curva. Además, la cantidad de positivos no sigue la tendencia (reducción de # exámenes realizados en últ. meses).





Referencia a reportados y positivos



## ¿Que pasó en junio?





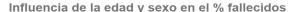


Posible evolución del pico de casos por confirmar de laboratorio de mayo a junio.

Seguido de marzo (a diferente volumen), es el mes con mayor % de pacientes con comorbilidades.

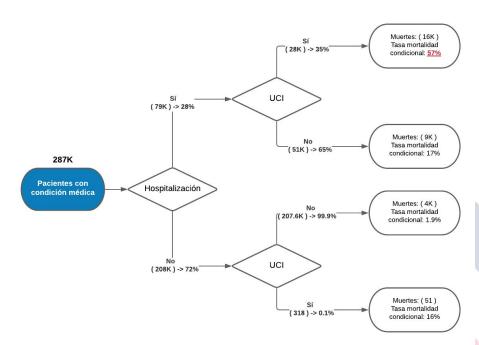


## Condiciones de vulnerabilidad





Se observa un aumento en la brecha de las curvas por sexo del % de fallecidos a medida que pasamos los 50 años de edad, llegando a una diferencia máxima de 10% (80 a más).



## Modelamiento



Tratamiento de las variables categóricas, para que puedan participar en el entrenamiento.



```
data['current_status']=LB_Encode.fit_transform(data['current_status'])
data['sex']=LB_Encode.fit_transform(data['sex'])
data['age_group']=LB_Encode.fit_transform(data['age_group'])
data['Race']=LB_Encode.fit_transform(data['Race'])
data['hosp_yn']=LB_Encode.fit_transform(data['hosp_yn'])
data['icu_yn']=LB_Encode.fit_transform(data['icu_yn'])
data['death_yn']=LB_Encode.fit_transform(data['death_yn'])
data['medcond_yn']=LB_Encode.fit_transform(data['medcond_yn'])
```



Eliminar las variables que no aportan al modelo como las fechas.



	current_status	sex	age_group	hosp_yn	icu_yn	death_yn	medcond_yn	Race
0	0	1	1	1	2	1	1	2
1	0	1	1	1	1	1	1	2
2	0	1	1	1	1	1	1	2
3	0	1	1	0	0	1	0	2
4	0	1	1	1	1	1	3	2



Se separaron los datos para 'X' e 'y'

Se realizó un análisis de componente principal

```
y = data_.pop('death_yn')
X = data_
                + Markdown
   + Code
from sklearn.preprocessing import scale
#Scaling the values
X.iloc[:,:] = scale(X.iloc[:,:])
import numpy as np
from sklearn.decomposition import PCA
hpc = PCA(n_components=7).fit(X.iloc[:,:])
hpc
PCA(n_components=7)
```



Se puede apreciar que los 5 primeros componentes en conjunto representan el 86%

Consideraremos esas variables para el modelo.

```
var1=np.cumsum(np.round(hpc.explained_variance_ratio_, decimals=4)*100)
var1
array([ 29.68, 45.39, 59.72, 73.59, 86.21, 95.22, 100. ])
   + Code
                + Markdown
hpc = PCA(n_components=5).fit(X.iloc[:,:])
hpc
PCA(n_components=5)
```



Se entrena el modelo con el hpc

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
x_train, x_test, y_train, y_test = train_test_split(hpc,y,test_size=0.33, random_state = 0)
```

```
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
rf = RandomForestClassifier()
rf.fit(x_train, y_train)
prediction=rf.predict(x_test)
from sklearn.metrics import confusion_matrix,classification_report,accuracy_score
print(confusion_matrix(y_test,prediction))
print(accuracy_score(y_test,prediction))
print(classification_report(y_test,prediction))
```

```
[[167342
          2997]
   5452
          5344]]
0.953355232285312
                          recall f1-score
             precision
                                            support
        0.0
                                     0.98
                                             170339
                  0.97
                            0.98
        1.0
                  0.64
                            0.49
                                     0.56
                                              10796
                                     0.95
                                             181135
    accuracy
  macro avq
                  0.80
                            0.74
                                     0.77
                                             181135
weighted avg
                  0.95
                            0.95
                                     0.95
                                             181135
```



