Proyecto 14INV-457 – Programa de diagnóstico precoz del cáncer de próstata

Informe Técnico de Avance Núm. 7

RESULTADOS DEL DOSAJE DE PSA SÉRICO

1 Análisis de datos

El análisis de datos se realizó con Python 3.8 (Anaconda Distribution 2020-07, Anaconda, Inc., Austin, TX), usando las librerías *Pandas* y *Numpy* para el análisis estadístico, y las librerías *Matplotlib* y *Seaborn* para los gráficos. El reporte fue generado usando RStudio versión 1.3.1093 a través del paquete *Reticulate*. Los datos fueron analizados por el Investigador Principal del proyecto, Prof. Dr. Alcides Chaux.

- Fecha de cierre del periodo de análisis: 10 de marzo de 2019
- Número de resultados laboratoriales a la fecha: 294 resultados

```
library(reticulate)
use_condaenv("r-reticulate")

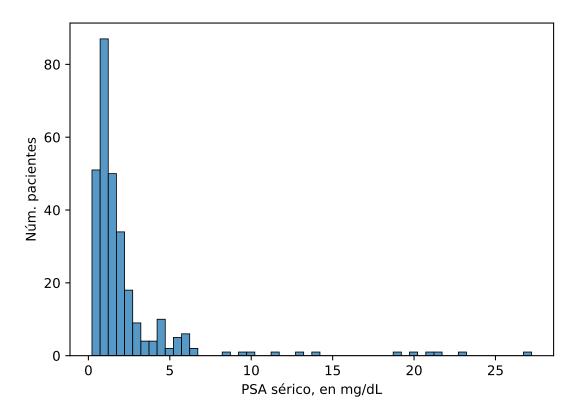
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
df = pd.read_pickle('ITA_7.pkl')
```

2 Antígeno prostático específico

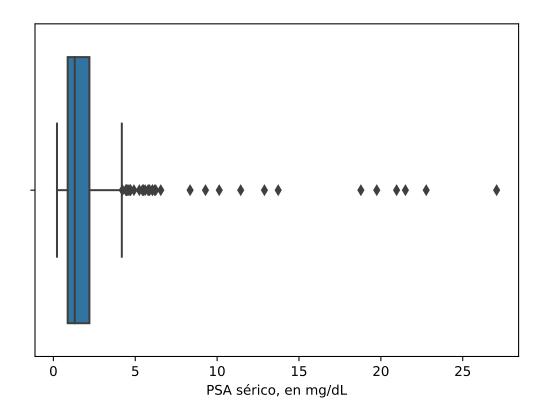
2.1 Valor sérico, en mg/dL

```
var = 'psa_valor'
df[var].describe().round(2)
            294.00
## count
## mean
              2.30
              3.41
## std
## min
              0.22
## 25%
              0.87
## 50%
              1.31
## 75%
              2.20
## max
             27.07
## Name: psa_valor, dtype: float64
```

```
sns.histplot(x=var, data=df, binwidth=0.5)
plt.xlabel('PSA sérico, en mg/dL')
plt.ylabel('Núm. pacientes')
plt.show()
```



```
sns.boxplot(x=var, data=df)
plt.xlabel('PSA sérico, en mg/dL')
plt.show()
```



2.2 Categoría diagnóstica

```
var = 'psa_categoria'
df[var].value_counts()
## En rango normal
                           267
## Ligeramente elevado
                            17
## Marcadamente elevado
## Name: psa_categoria, dtype: int64
df[var].value_counts(normalize=True).round(2)
## En rango normal
                           0.91
## Ligeramente elevado
                           0.06
                           0.03
## Marcadamente elevado
## Name: psa_categoria, dtype: float64
sns.countplot(x=var, data=df, edgecolor='black', order=df['psa_categoria'].value_counts(sort=False).ind
plt.xlabel('Categoría diagnóstica de PSA')
plt.ylabel('Núm. pacientes')
plt.show()
```

