RESULTADOS DE LAS BIOPSIAS DE PRÓSTATA

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

Informe técnico de avance núm. 9

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. 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 2020
- Número de biopsias a la fecha: 7 pacientes

```
In [1]: import numpy as np
import pandas as pd

from matplotlib import pyplot as plt
import seaborn as sns
sns.set_theme(rc={'figure.figsize':[12,8]})

In [2]: df = pd.read_pickle('../../Datos/ITA_9.pkl')

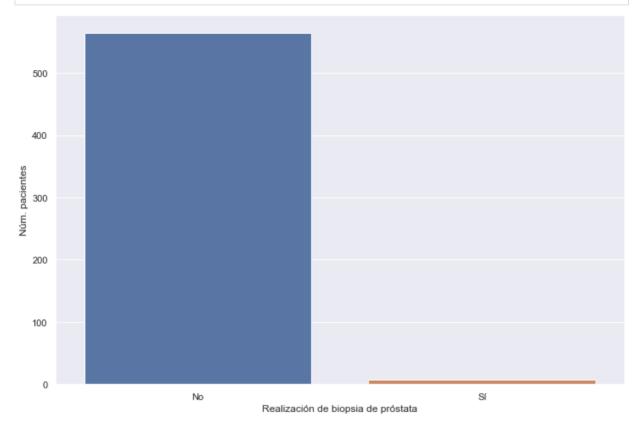
In [3]: df.shape

Out[3]: (571, 37)
```

Biopsia de próstata

Realización de biopsia de próstata

```
plt.ylabel('Núm. pacientes')
plt.show()
```



Categoría diagnóstica

```
In [7]:
          df['bx_categoria'] = df['bx_categoria'].astype('category')
          df['bx_categoria'].cat.reorder_categories(
              ['Proceso inflamatorio/hiperplásico', 'Proceso preneoplásico', 'Proceso neo
              ordered=True,
              inplace=True
          )
 In [8]:
          df['bx_categoria'].value_counts(sort=False)
Out[8]: Proceso inflamatorio/hiperplásico
         Proceso preneoplásico
                                               1
         Proceso neoplásico maligno
                                               2
         Name: bx categoria, dtype: int64
 In [9]:
          df['bx_categoria'].value_counts(sort=False, normalize=True).round(2)
Out[9]: Proceso inflamatorio/hiperplásico
                                               0.57
         Proceso preneoplásico
                                               0.14
         Proceso neoplásico maligno
                                               0.29
         Name: bx_categoria, dtype: float64
In [10]:
          sns.countplot(x='bx_categoria', data=df)
          plt.xlabel('Categoría diagnóstica de biopsia de próstata')
          plt.ylabel('Núm. pacientes')
          plt.show()
```

