PREDICCIÓN DE ANEMIA

Presentado por:

Sebastián David Mendoza Alvarado- 2191969 Dilan Alessandro Corredor Díaz- 2191976 Juan Diego claro guerrero- 2192508

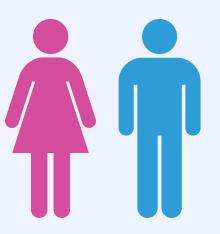


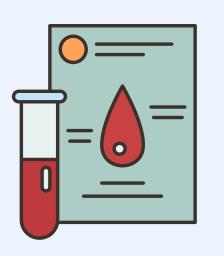
INFORMACIÓN GENERAL

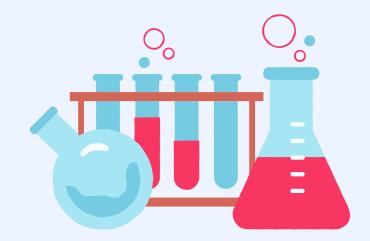
DATOS

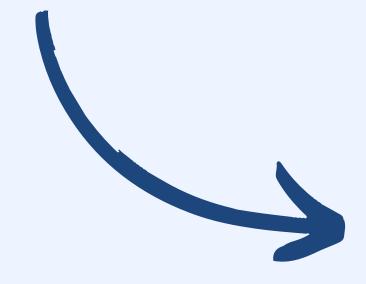
- Género
- Hemoglobina
- MCHC

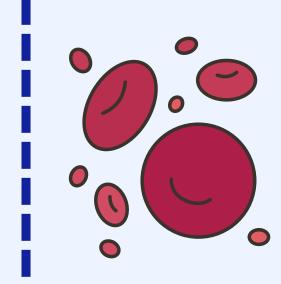
- MCV
- MCH
- Resultados











Detección correcta de la enfermedad

Anemia

DATA SET

Género: 0 - masculino, 1 - femenino



Hemoglobina:

Proteína en los glóbulos rojos que transporta oxígeno a los órganos y tejidos del cuerpo y transporta dióxido de carbono desde los órganos y tejidos de regreso a los pulmones.

MCH

Hemoglobina corpuscular media. Es la cantidad promedio en cada uno de sus glóbulos rojos de una proteína llamada hemoglobina, que transporta oxígeno por todo el cuerpo.



Concentración de hemoglobina corpuscular media. Es una medida de la concentración promedio de hemoglobina dentro de un solo glóbulo rojo.

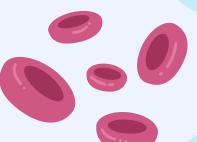
MCV

Volumen corpuscular medio. Un análisis de sangre MCV mide el tamaño promedio de sus glóbulos rojos.

Resultados:

0- no anémico, 1-anémico







EXPLORACIÓN DE LOS DATOS

MEDIA

```
data_anemia = pd.read_csv('anemia.csv')
genero = data_anemia.Gender
hemoglobina = data_anemia.Hemoglobin
mch = data_anemia.MCH
mchc= data_anemia.MCCV
resultado = data_anemia.Result

print('Genero:' + ' ' + str(np.mean(genero)))
print('hemoglobina:' + ' ' + str(np.mean(hemoglobina)))
print('MCH:' + ' ' + str(np.mean(mch)))
print('MCHC:' + ' ' + str(np.mean(mcc)))
print('MCV:' + ' ' + str(np.mean(mcv)))
print('MCV:' + ' ' + str(np.mean(mcv)))
print('Resultado:' + ' ' + str(np.mean(resultado)))
```

Genero: 0.5207600281491908

hemoglobina: 13.412737508796623

MCH: 22.90562983814215 MCHC: 30.251231527093594 MCV: 85.5237860661506

Resultado: 0.4363124560168895

MEDIANA

```
print('Genero:' + ' ' + str(np.median(genero)))
print('hemoglobina:' + ' ' + str(np.median(hemoglobina)))
print('MCH:' + ' ' + str(np.median(mch)))
print('MCHC:' + ' ' + str(np.median(mchc)))
print('MCV:' + ' ' + str(np.median(mcv)))
print('Resultado:' + ' ' + str(np.median(resultado)))
```

Genero: 1.0

hemoglobina: 13.2

MCH: 22.7 MCHC: 30.4 MCV: 85.3

Resultado: 0.0

MODA

```
import statistics as stat

print('Genero:' + ' ' + str(stat.mode(genero)))
print('hemoglobina:' + ' ' + str(stat.mode(hemoglobina)))
print('MCH:' + ' ' + str(stat.mode(mch)))
print('MCHC:' + ' ' + str(stat.mode(mchc)))
print('Resultado:' + ' ' + str(stat.mode(resultado)))
```

Genero: 1

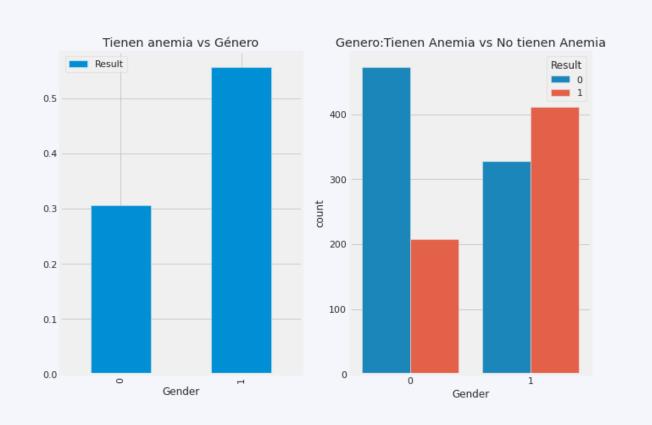
hemoglobina: 11.5

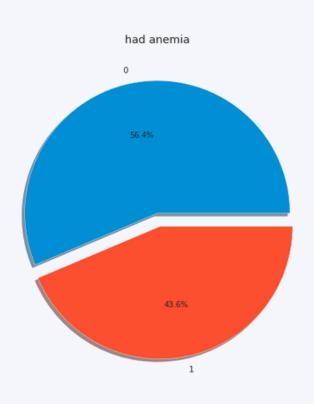
MCH: 24.3

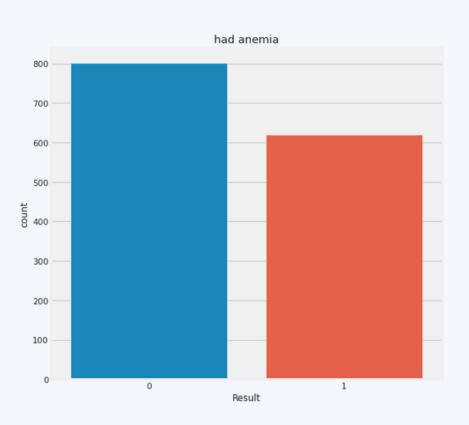
MCHC: 32.2

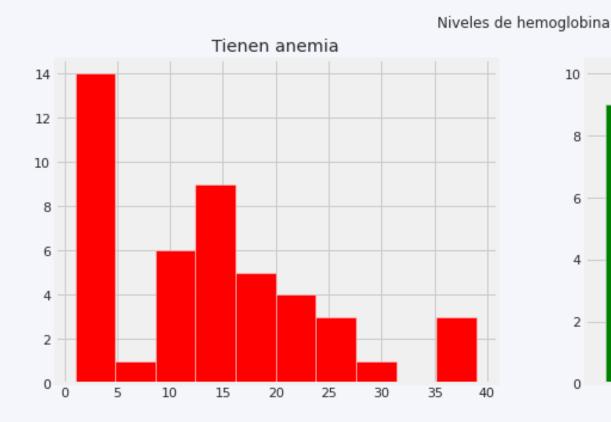
Resultado: 0

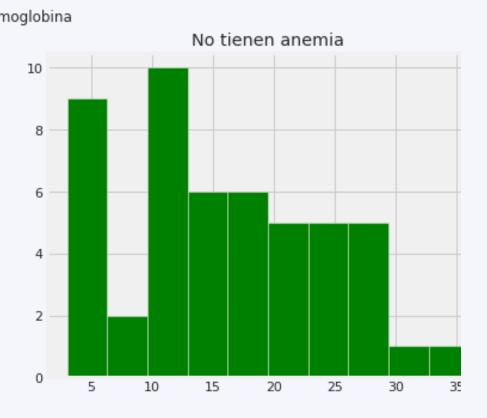
GRÁFICOS MUESTRALES











CLASIFICACIÓN DE COMPONENTES TENIENDO EN CUENTA CIERTOS VALORES

```
GAUSSIANNB -
```

```
model=GaussianNB()
model.fit(train_X,train_Y)
prediction6=model.predict(test_X)
print('La precisión de GausianNB es:', metrics.accuracy_score(prediction6,test_Y))
```

```
model=DecisionTreeClassifier()
model.fit(train_X,train_Y)
prediction4=model.predict(test_X)
print('La precisión del árbol de decisión es',metrics.accuracy_score(prediction4,test_Y))
```



RANDOM FOREST CLASSIFIER (RFC)

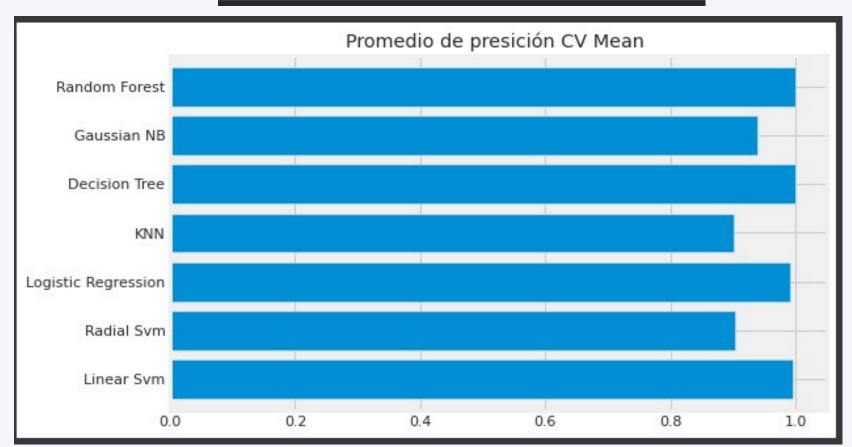
```
model=RandomForestClassifier(n_estimators=100)
model.fit(train_X,train_Y)
prediction7=model.predict(test_X)
print('La precisión de los Random Forests es',metrics.accuracy_score(prediction7,test_Y))
```

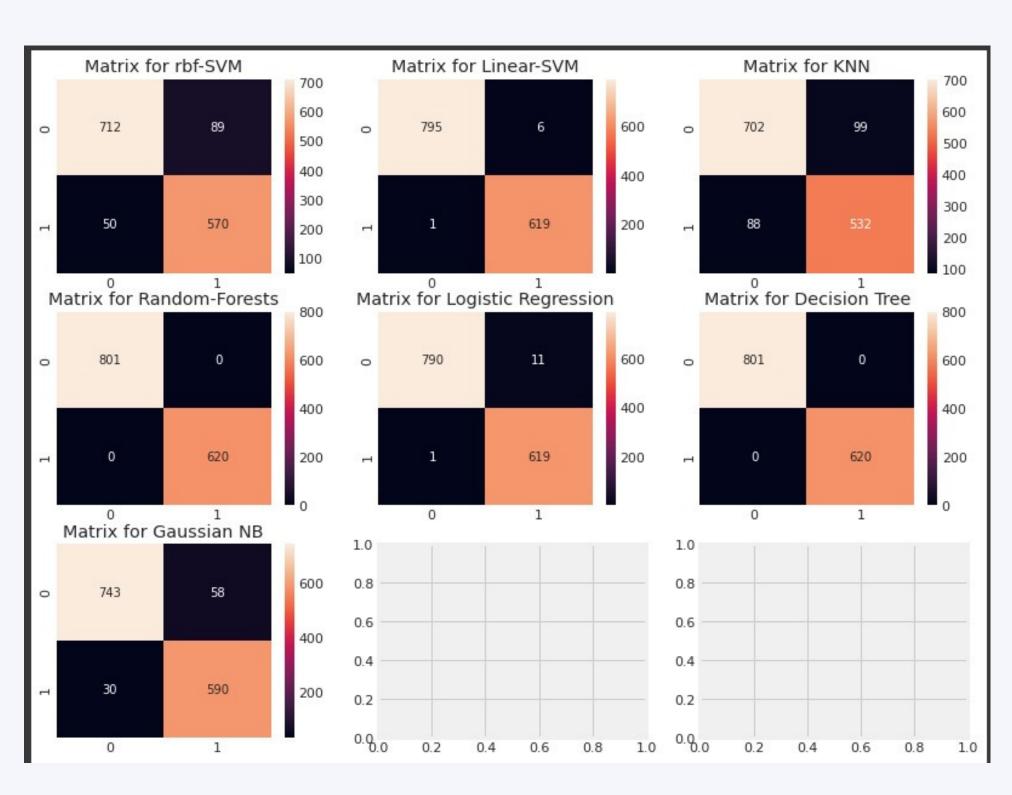
```
model=svm.SVC(kernel='linear',C=0.1,gamma=0.1)
model.fit(train_X,train_Y)
prediction2=model.predict(test_X)
print('La precisión para SVM lineal es',metrics.accuracy_score(prediction2,test_Y))
```



VALIDACIÓN Y COMPARACIÓN DE LOS METÓDOS DE CLASIFICACIÓN

0.994366	0.008213
	0.000213
0.902191	0.019214
0.991554	0.007586
0.900079	0.028450
1.000000	0.000000
0.938782	0.023560
1.000000	0.000000
	0.991554 0.900079 1.000000 0.938782





GRACIAS