

[Centro de Información de COVID \(CIC\): Charlas Científicas Relámpago](#)

[Transcripción de una presentación de Ioannis Paschalidis \(Boston University\), April 24, 2023](#)



Título: [Modelos predictivos de gravedad COVID-19 y resultados de pacientes](#)

[Ioannis Paschalidis CIC Perfil](#)

NSF Award #: [2200052](#)

[Grabación de YouTube con diapositivas](#)

[Primavera 2023 CIC Webinar Información](#)

Transcript Editor: [Karem Coca](#) and [Lylybell Teran](#)

Transcripción

Diapositiva 1

Ioannis Paschalidis:

Muchas gracias y gracias por invitarme a formar parte de esta emocionante tarde con un gran grupo de oradores. Hablaré sobre los modelos predictivos de gravedad de COVID-19 y los resultados de los pacientes que hemos desarrollado en la Universidad de Boston.

Diapositiva 2

Solo para darle un poco de contexto - hemos estado trabajando durante bastante tiempo antes de la pandemia en una variedad de modelos que predicen enfermedades y eventos clave importantes, por ejemplo, hospitalizaciones, y también modelos que prescriben tratamientos. Así que cuando comenzó la pandemia, nos movilizamos, como el resto de la comunidad científica, y también movilizamos una red relativamente grande de colaboradores para obtener acceso a una variedad de diferentes conjuntos de datos.

Puedes ver en esta diapositiva los diferentes conjuntos de datos que teníamos. Conjuntos de datos que eran locales de Massachusetts - de dos redes de hospitales diferentes en Massachusetts. Uno era de la red Mass General Brigham, de cinco hospitales diferentes de unos 2.500 casos y luego otra cohorte relativamente grande del Centro Médico de Boston de unos 7.000 casos. También recibimos algunos casos de Wuhan, China, que fue el origen, obviamente, de la

epidemia. Y finalmente pudimos obtener acceso a algunos grandes conjuntos de datos nacionales - así que un conjunto de datos de Brasil y otro conjunto de datos de México.

En esta breve presentación me centraré más en el trabajo más reciente que considero el conjunto de datos - la serie de pacientes del Centro Médico de Boston. Boston Medical Center es el hospital de enseñanza afiliado con BU Medical School y también es un hospital safetynet. Como verán, esto tiene algunas implicaciones interesantes en los hallazgos que pudimos obtener.

Diapositiva 3

Así que obtuvimos acceso a toda la cohorte de BMC 2020 de unos 7.000 pacientes. Esos eran pacientes que dieron positivo para COVID-19. Solo algunas estadísticas aproximadas - alrededor del 20 por ciento fueron admitidos. De los admitidos, aproximadamente 23 fueron admitidos en la UCI. De los admitidos en la UCI, alrededor del 60 o 58.7 por ciento fueron intubados. De los intubados, alrededor del 70 por ciento lamentablemente no lo lograron. Teníamos mucha información sobre estos pacientes, incluyendo datos demográficos, sus signos vitales durante la estancia en el hospital, informes de radiología, su historia clínica, cualquier síntoma, cualquier resultado de laboratorio, cualquier medicamento, e incluso información sobre el estado de depresión, código postal, y también teníamos información sobre la ocupación del hospital en el momento en que cada uno de estos pacientes fueron vistos. También contamos con información sobre determinantes sociales de la salud. BMC ejecuta un programa llamado el Programa Thrive que todos los que tienen un encuentro con el hospital reciben una encuesta donde les preguntamos acerca de las necesidades en una variedad de áreas diferentes, incluyendo vivienda, comida, transporte, ayuda con el cuidado, medicamentos, ayudando a obtener acceso a medicamentos y pagando medicamentos, educación y empleo. Mucha de la información estaba en formato tabular que es manejada más fácilmente por métodos de aprendizaje automático de IA, pero también había bastante información, particularmente informes de radiología y otros informes durante la estancia en el hospital, que eran solo narrativas - informes de médicos. Tuvimos que usar un poco de procesamiento del lenguaje natural para extraer conclusiones apropiadas del texto. Desarrollamos un conjunto de robustos modelos interpretables que pueden predecir la hospitalización, el ingreso en la UCI, la ventilación mecánica y la muerte. Les mostraré algunos ejemplos. No seré exhaustivo, de nuevo en el interés del tiempo.

Diapositiva 4

En primer lugar, lo que hicimos es para cada paciente que construimos una línea de tiempo desde el momento en que éramos conscientes de la prueba del paciente positivo y tener información sobre este paciente hasta el punto del evento de interés si eso era, Digamos, una admisión en la UCI o ventilación mecánica. Aquí está el resultado del interés, y luego mirando atrás en el tiempo, creamos estos cubos de datos. Dejamos caer cualquier información que estaba disponible justo antes del momento del evento de interés porque queríamos modelos que pudieran predecir lo que sucederá en el futuro. Quizás incluso un estudiante de primer año pueda identificar a un

paciente que se dirige a la UCI, así que queríamos que los modelos hicieran esa predicción con información anterior. Verán que obtuvimos diferentes versiones de los modelos que tenían diferentes cortes en términos de la información que el modelo utilizó para hacer la predicción. Otra razón por la que creamos estos cubos de tiempo es que queríamos capturar la evolución dinámica del progreso del paciente mientras estaba en el hospital, por ejemplo, la evolución dinámica de los signos vitales. Entendimos que esto era bastante importante. Así que en lugar de solo mirar la instantánea de los signos vitales, digamos en algún momento específico y usar esa información para hacer una predicción, los valores exactos son importantes, pero las tendencias también son importantes. Los médicos, cuando miran a los pacientes, miran las tendencias de los signos vitales en el paciente. Así que desarrollamos un modelo que usaba algunas metodologías de aprendizaje profundo bastante sofisticadas, incluyendo el tipo de redes LSTM y una arquitectura de transformador que tomaba como entrada los signos vitales - seis señales vitales en diferentes puntos en el tiempo - y producía una puntuación. Esa puntuación capturó la evolución dinámica de los signos vitales y esa puntuación vital se utilizó en un modelo de conjunto que estaba tratando de hacer una predicción para el resultado de interés.

Diapositiva 5

Por ejemplo, las predicciones de hospitalización. Pueden ver que son bastante precisas. Algunos de los mejores modelos le dan un 92 por ciento - esto es en el área bajo la curva. Se puede pensar en esto como una medida de la precisión del modelo. Lo mejor es 100 por ciento, una suposición aleatoria le dará 50 por ciento. Así que 92 por ciento es bastante buen rendimiento. Se puede ver aquí que de algunos modelos lineales que desarrollamos también encontramos algunos de los factores que fueron importantes para hacer la predicción de hospitalización. En azul, se ven algunas de las variables que están asociadas con algunas condiciones de salud anteriores que, por ejemplo, están altamente correlacionadas con la hospitalización. También verá que la ocupación del hospital, si era alta, redujo la probabilidad de que el paciente vaya a ser hospitalizado. Además, verá dos determinantes sociales de la salud: la necesidad de alimentos y la necesidad de transporte. Ambos estaban contribuyendo a una decisión de hospitalización. Los pacientes con esas necesidades tenían más probabilidades de ser hospitalizados. Quisiera destacar el papel de estos determinantes sociales de la salud. Esto es algo que también vimos en otros conjuntos de datos, particularmente en el conjunto de datos de Brasil, que era un conjunto de datos nacional y encontramos que los factores sociodemográficos estaban afectando las decisiones de hospitalización.

Lo que también encontramos es que el modelo - el modelo ingenuo que uno es capaz de producir - es en realidad bastante sesgado. Se puede ver aquí cómo el modelo se realiza a partir de muestras de individuos negros y blancos. La tasa de falsos positivos del modelo para los individuos negros era el doble que el modelo para - la tasa de falsos positivos para los individuos blancos - a pesar de que estábamos controlando para la raza, estábamos controlando para socio-factores demográficos, estábamos controlando para los determinantes sociales de la salud. A pesar de eso, el modelo estaba mucho más ansioso por hacer la predicción de que el individuo negro iba a ser hospitalizado en comparación con un individuo blanco. En consecuencia, era más

probable hacer una predicción negativa falsa para un individuo blanco en comparación con un individuo negro, lo que sugiere que son aparentemente características ocultas en los datos que no son visibles para nosotros, quizás reflejando sesgo estructural y otros factores que hacen que el modelo haga esa predicción sesgada. Hay formas y las hemos abordado en un artículo que publicamos sobre cómo se pueden corregir estos factores y producir modelos que no tienen este tipo de sesgo.

Diapositiva 6

Estos son algunos resultados en la predicción de la UCI - predicción de un ingreso en la UCI -aproximadamente la mediana de brecha entre un ingreso al hospital y el ingreso a la UCI, al menos en nuestro conjunto de datos, fue de aproximadamente cuatro horas. Usaremos diferentes cortes. Si utiliza la información más reciente, obtendrá modelos bastante precisos con AUC del orden del 93-95 por ciento. Si usted comienza a cortar la información que iba a utilizar tan 12 horas de antelación el rendimiento del modelo cae a aproximadamente 86 por ciento. 24 horas de antelación, el rendimiento del modelo cae a aproximadamente el 80 por ciento. Lo que me gustaría destacar es que comparamos estos modelos que desarrollamos con algunos modelos estándar que predicen las admisiones en la UCI, hay algunos modelos de sepsis conocidos, NEWS, qSOFA, se llaman, y estos son bastante inexactos en este caso, indicando que los modelos estándar para la predicción de la UCI, al menos en los casos COVID, no pueden predecir una admisión en la UCI. Esto indica una firma bastante única de la enfermedad. Aquí, se encuentran algunas de las variables que estaban nuevamente altamente correlacionadas con el resultado con una admisión en la UCI. Lo que nos resultó interesante fue que esta partitura vital que producimos que capturó la evolución dinámica de los signos vitales cuenta casi toda la historia. Hay algunas otras variables o algunas variables de laboratorio (LDH, CRP) que han sido identificadas por otros estudios que también están contribuyendo, pero si uno solo toma la evolución dinámica de los signos vitales, eso prácticamente cuenta la historia de admisión en la UCI.

Diapositiva 7

Finalmente hemos producido una serie de calculadoras que hemos puesto a disposición en la web. Esto, según tengo entendido, fue utilizado por nuestros colegas y colaboradores del Hospital General de Masas en las primeras etapas de la epidemia. Era muy fácil introducir algunas de las variables clave y obtener una predicción, por ejemplo, para un ingreso en la UCI, o para una necesidad de intubación mecánica de un paciente, y encontramos que, ya sabes, nos desafiaron a encontrar casos - cuál es el modelo que me dice que el clínico muy experimentado no puede predecir potencialmente mirando apenas al paciente. Aquí hay algunos casos, y hay muchos otros, donde los pacientes fueron admitidos, fueron estables durante un par de días, nada en su perspectiva clínica sugería que la condición de este paciente iba a deteriorarse, pero luego el modelo fue capaz de al ingreso - basado en algunos resultados especiales de laboratorio,

predecir que el paciente iba a necesitar la atención de la UCI. Se trata de dos casos con los detalles de esos casos.

Diapositiva 8

Eso me lleva a una conclusión. Por supuesto, solo estoy presentando. Ha habido muchas personas que han contribuido a este trabajo y me gustaría darles las gracias, incluyendo a los estudiantes de mi grupo, pero también a nuestros colaboradores en el Mass General Brigham Boston Medical Center y algunas de las otras áreas donde hemos podido obtener datos. Muchas gracias por su atención y esperamos con interés las preguntas al final de la sesión.