

Nuevo Modelo de Predicción en Osteoartritis de Progresión Estructural Rápida de Rodilla mediante Machine Learning.



María Fernanda González-Hernández¹, Ignacio Rego-Pérez¹, Isabel Rodríguez-Valle¹, Jorge Vázquez-García¹, Vanesa Balboa-Barreiro², Sara Relaño¹, María C. de Andrés¹, Lucía Lourido¹, Valentina Calamia¹, Rocío Paz-González¹, Patricia Quaranta¹, Patricia Fernández-Puente¹, Nicola Veronese³, Cristina Ruiz-Romero¹, Natividad Oreiro¹ & Francisco J. Blanco¹

1. Servicio de Reumatología. Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña (INIBIC). Complejo Hospitalario Universitario de A Coruña (CHUAC), Sergas. Universidade da Coruña (UDC). As Xubias, 15006. A Coruña, España
2. Unidad de Epidemiología Clínica y Bioestadística. Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña (INIBIC). Complejo Hospitalario Universitario de A Coruña (CHUAC), Sergas. Universidade da Coruña (UDC). As Xubias, 15006. A Coruña, España
3. Unidad Geriátrica, Departamento de Medicina Interna y Geriatria, University of Palermo, Vía del Vespro, 141, 90127, Palermo, Italia.

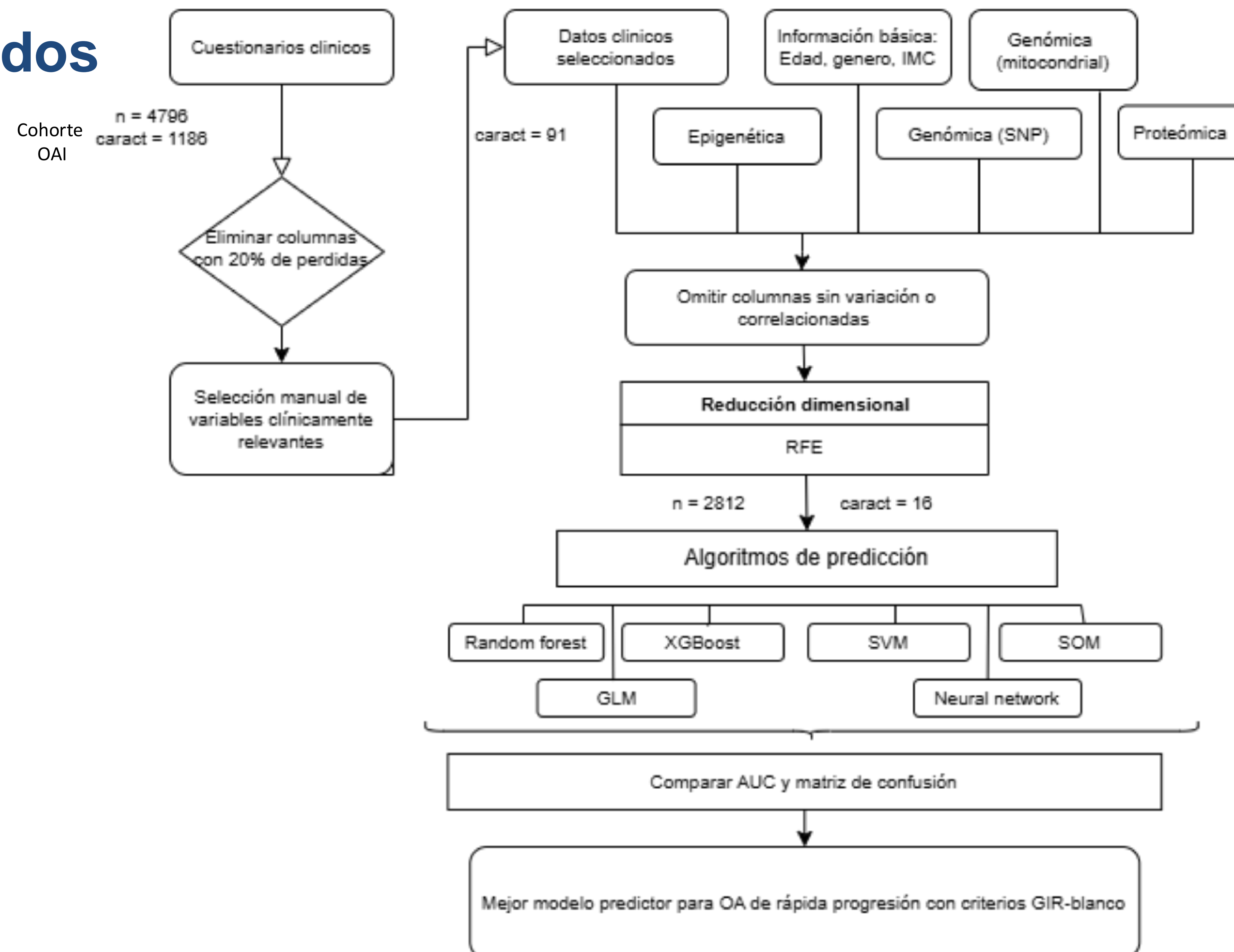
Introducción

- La osteoartritis de progresión estructural rápida (RPOA), es definida con los criterios GIR-blanco como un aumento en la puntuación de Kellgren-Lawrence (KL) de ≤ 1 a ≥ 3 , de KL 2 a 4, o la realización de un reemplazo articular durante un seguimiento de 48 meses.
- La imitada eficacia de los tratamientos en osteoartritis (OA) podría deberse a la dificultad para identificar pacientes con alto riesgo tanto de dolor como de progresión estructural.
- El aprendizaje automático permite construir modelos predictivos precisos, interpretables y automatizables.

Objetivo

- Desarrollar un modelo predictivo para la rápida progresión estructural de la osteoartritis mediante la integración de varias técnicas de aprendizaje automático y el uso de datos clínicos, genómicos, proteómicos y epigenéticos para predecir la progresión estructural a lo largo del tiempo en cohortes prospectivas.

Métodos



Resultados

- El análisis GWAS en la cohorte OAI identificó cinco SNP significativamente asociados: rs34968734 (CPNE4), rs143480123 (NPCC), rs151232509 (CTD-2015G9.2), rs117288372 (RP11-324L3.1) y rs149600528 (ZNF823).
- A través de la técnica de Eliminación de Características Recursivas (RFE) y preprocesamiento, se redujeron miles de variables a 16 con mayor relevancia, generando una base de 2812 individuos, incluyendo 240 con progresión rápida. Se aplicaron distintos algoritmos de aprendizaje automático, identificando 16 variables predictivas (**Figura 1**).
- El modelo con mejor desempeño fue GLMnet, con un AUC de 0.760 en entrenamiento y 0.67 en test (**Figura 2**).

Figura 1. Importancia de variables en modelo GLMnet

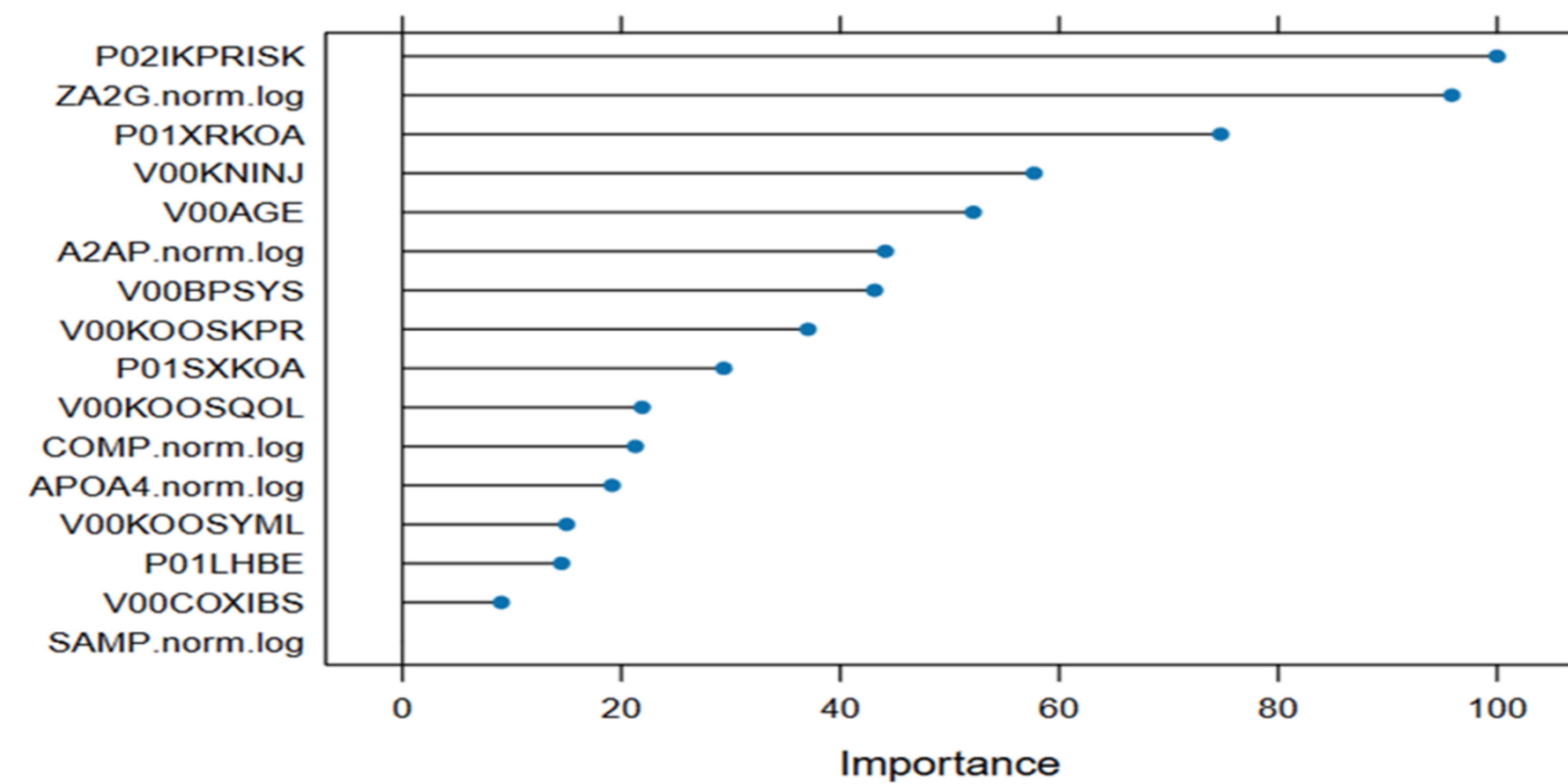
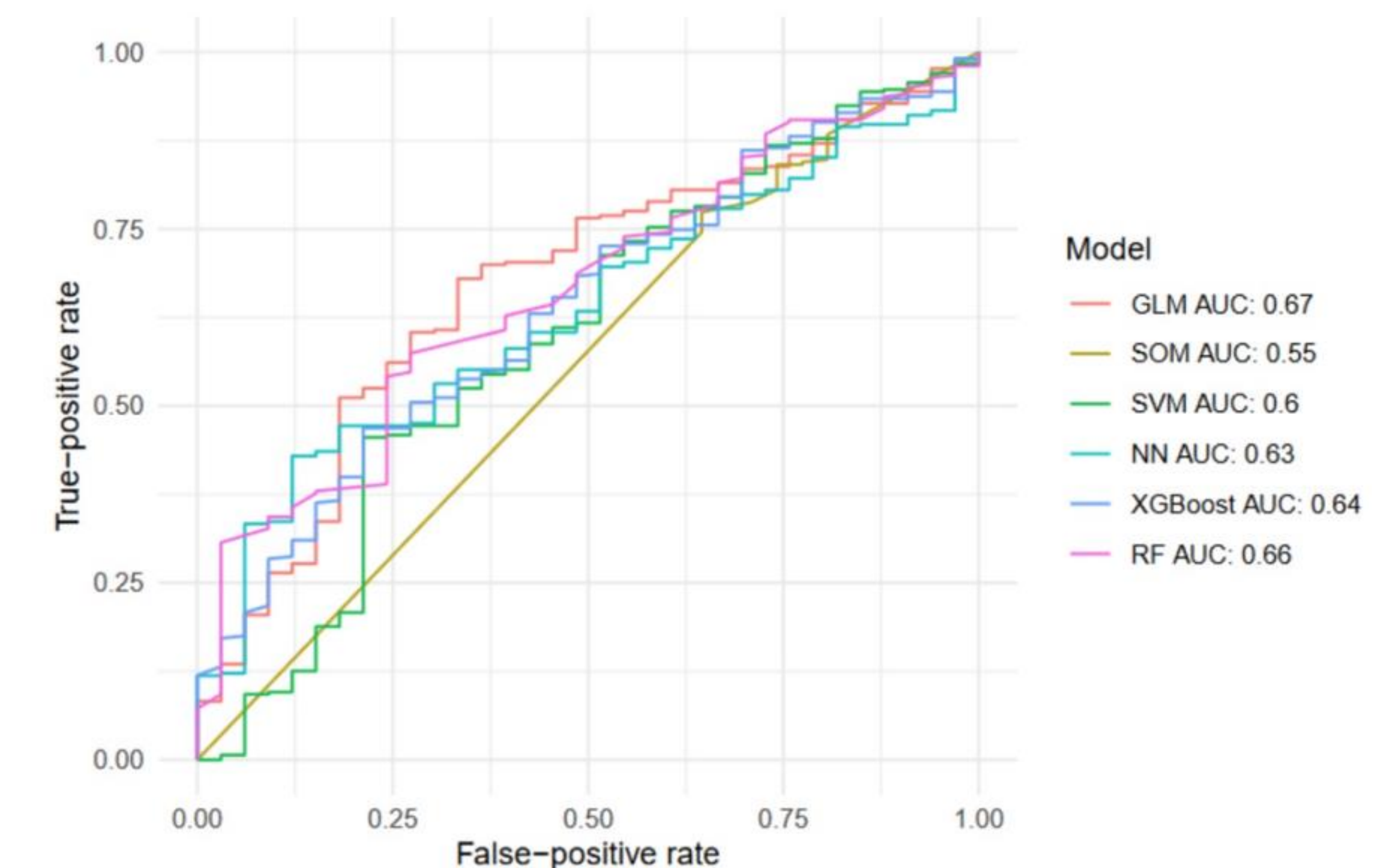


Figura 2. Comparación del curvas ROC entre los diferentes modelos.



Conclusiones

- Esta herramienta podría ser clave para la identificación temprana de pacientes con alto riesgo de progresión estructural rápida en artrosis, permitiendo intervenciones oportunas que mejoren los resultados clínicos y la eficacia de los tratamientos tempranos. Aunque el modelo muestra resultados prometedores, su validación en cohortes externas es necesaria para confirmar su robustez.