



<https://www.revclinesp.es>

1565 - ANA POSITIVOS: ¿PUEDE LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL AYUDARTE A DECIDIR A QUIÉN NO SEGUIR?

Julia Carmona González, Cecilia Millán Malnero, Rubén Díaz Díaz, Claudia Solar Chamarro, Pelayo Morán Miranda, María Alonso Fuego, Elena Vaquero López y Rubén Coto Hernández

Medicina Interna, Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo, España.

Resumen

Objetivos: Con frecuencia se remiten para valoración en las Unidades de Enfermedades Autoinmunes Sistémicas, pacientes en los que han sido detectados anticuerpos antinucleares (ANA) de forma poco justificada por síntomas inespecíficos o directamente sin indicación. La elevada frecuencia de ANA en población sana deriva en que la mayoría no desarrollará enfermedad relacionada, generando incertidumbre y sobrecarga asistencial. Nos planteamos si la inteligencia artificial (IA) podría ayudarnos a identificar quien no precisa seguimiento por su bajo riesgo. Para ello usamos XGBoost, un algoritmo de *machine learning* basado en árboles de decisión que aprenden a predecir un resultado en base a patrones en los datos.

Métodos: Estudio retrospectivo de 125 pacientes derivados a una Unidad de EAS entre 2017 y 2019 por ANA positivos. Recogimos como variable dependiente el diagnóstico de EAS a los 5 años, así como otras variables disponibles en la primera visita: edad, sexo, título y patrón de ANA, presencia de otros autoanticuerpos y afectación de órgano diana. Se entrenó un modelo de predicción tipo XGBoost con división entrenamiento/validación 70/30 y corrección por desbalance de clases. Se evaluó rendimiento mediante AUC-ROC, sensibilidad, especificidad y precisión.

Resultados: El modelo XGBoost alcanzó una AUC de 0,74, con una exactitud del 87%. La sensibilidad fue del 25%, la especificidad del 87% y la precisión para EAS del 33%. Las variables que más contribuyeron al modelo fueron: la presencia de otros autoanticuerpos (32%), la edad (26%), el título de ANA (22%) y el patrón de IFI (12%). Los títulos más altos ($1/320$) se asociaron a mayor riesgo, mientras que títulos bajos ($1/80$ o $1/160$) tuvieron menor probabilidad de EAS. En cuanto a los patrones, el nucleolar mostró asociación con riesgo aumentado, mientras que el patrón homogéneo se comportó como marcador de bajo riesgo.

Discusión: Mediante el uso del algoritmo XGBoost, podemos identificar perfiles de bajo riesgo entre pacientes con ANA usando variables sencillas y disponibles en la primera visita, como el título de ANA o el patrón de inmunofluorescencia indirecta. Estas sirven al modelo para ajustar el riesgo, reflejando algo ya conocido, que no todos los ANA positivos tienen la misma relevancia. Además, la presencia de autoanticuerpos específicos y la edad también modulan el perfil de riesgo. Su elevada especificidad cumple el objetivo de ser una herramienta útil para apoyar la decisión del clínico que tiene baja sospecha de EAS y facilitar su decisión de no realizar seguimiento, aunque la baja sensibilidad no permita diagnosticar todos los casos. Lógicamente los resultados deben interpretarse con cautela dadas las limitaciones del estudio, como el pequeño tamaño muestral o ser solo unicéntrico.

Conclusiones: Este estudio exploratorio sugiere que los modelos predictivos de IA pueden ser útiles para apoyar la toma de decisiones clínicas en pacientes con ANA positivos. Usando variables básicas y accesibles, el modelo es capaz de clasificar razonablemente un perfil de muy bajo riesgo, lo que unido al juicio clínico experto, no sustituyéndolo, podría ayudar a optimizar los recursos en EAS.