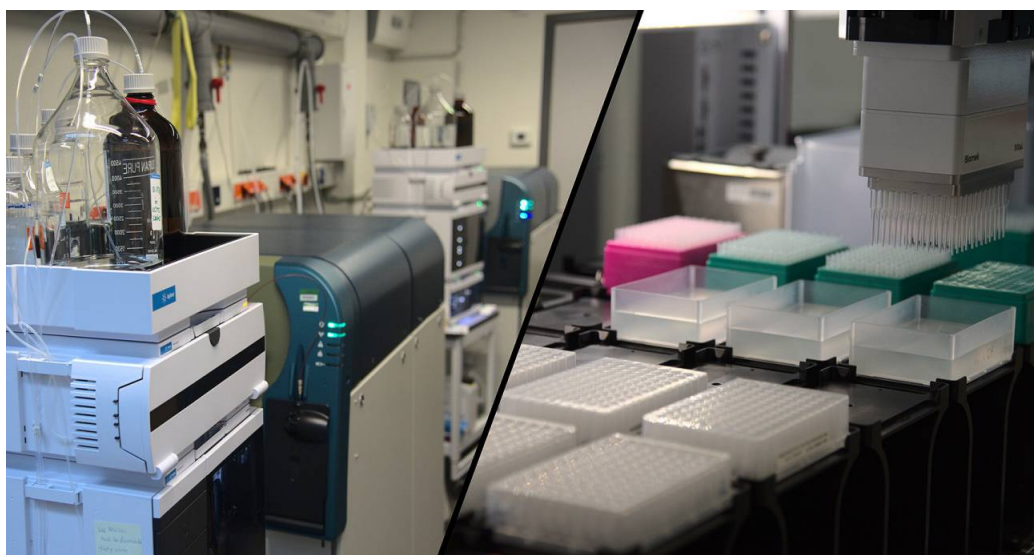


Inteligencia artificial para predecir la supervivencia de pacientes covid en la UCI

Investigadores europeos han desarrollado un modelo de aprendizaje automático que, partiendo de los niveles en sangre de 14 proteínas, es capaz de pronosticar si una persona en estado grave a causa del coronavirus saldrá o no con vida de la unidad de cuidados intensivos. En una prueba con 24 pacientes críticos ha acertado la evolución de 23.

SINC

19/1/2022 08:00 CEST



Instalación central de proteómica del hospital universitario Charité en Berlín. / Johannes Hartl, Charité

Sistemas sanitarios de todo el mundo se esfuerzan para atender al gran número de **pacientes graves con covid** que necesitan atención médica especial, sobre todo, si se les identifica como de alto riesgo.

En las **unidades de cuidados intensivos** se suelen utilizar escalas o herramientas de pronóstico, como [SOFA](#) o [APACHE II](#), para predecir la evolución de los enfermos basándose en diversos parámetros, pero su fiabilidad es limitada en el caso de la covid-19.

Los niveles de 14 proteínas en la sangre de un paciente grave por covid se pueden analizar, con

un modelo de aprendizaje automático, para predecir si saldrá vivo o muerto de la unidad de cuidados intensivos

Ahora, científicos europeos han demostrado que las **muestras de sangre** de un paciente gravemente enfermo a causa de esta enfermedad, en concreto las proteínas de su plasma sanguíneo, se pueden analizar con un **modelo de aprendizaje automático** para predecir con semanas de antelación si la persona sobrevivirá o no. Los resultados los publican en la revista de acceso abierto [PLOS Digital Health](#).

“Nuestro estudio muestra que una combinación de marcadores proteómicos, combinados en un modelo de predicción de riesgo basado en **inteligencia artificial**, puede predecir bastante bien la probabilidad de que un paciente individual muera o sobreviva a la covid”, afirma el coautor **Florian Kurth** del hospital universitario Charité en Berlín (Alemania).

“Además –añade–, la predicción del riesgo proteómica fue mucho mejor que el pronóstico derivado de las puntuaciones de evaluación de riesgo que se usan habitualmente en la asistencia clínica”.

Búsqueda de proteínas sanguíneas clave

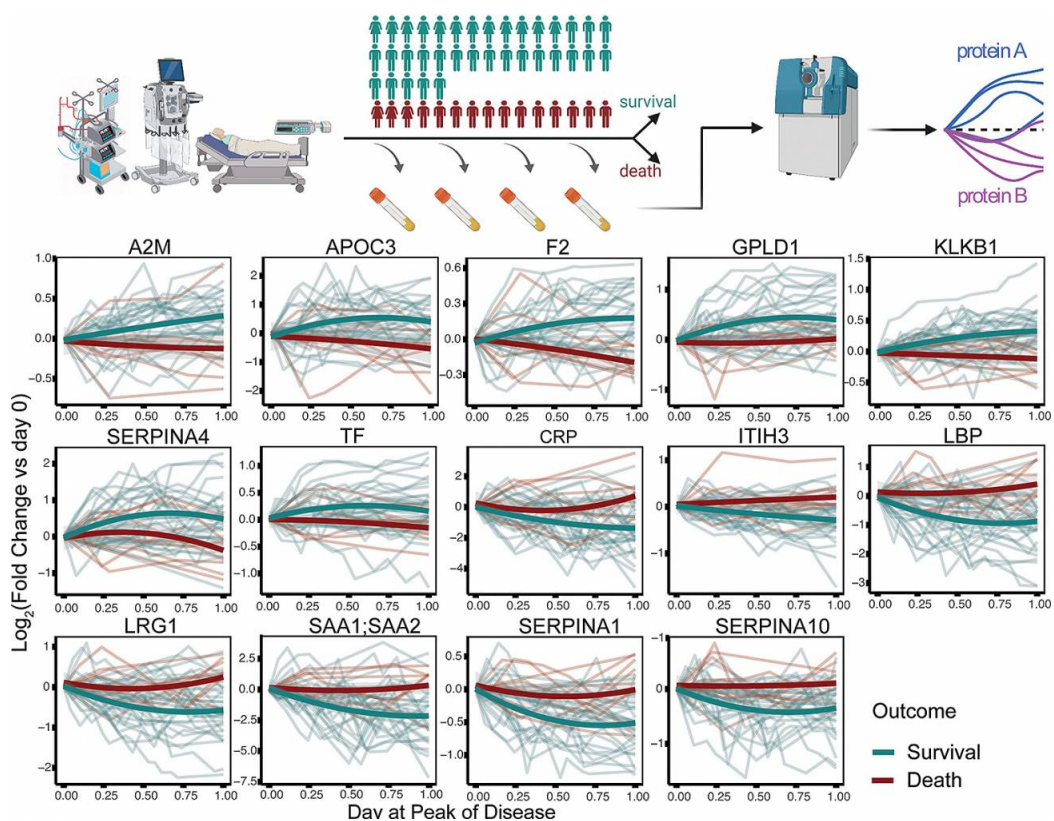
Para realizar la investigación, los autores comenzaron estudiando los niveles de **321 proteínas** en muestras de sangre tomadas en 349 momentos o puntos temporales en **50 pacientes** con covid-19 en estado crítico que estaban siendo tratados, con ventilación mecánica, en dos **centros sanitarios de Alemania y Austria**.

Después se utilizó el **aprendizaje automático** para encontrar **asociaciones entre las proteínas medidas y la supervivencia** de las personas enfermas. De la cohorte o grupo de ensayo analizado, murieron 15 pacientes y el tiempo medio desde el ingreso hasta su fallecimiento fue de 28 días. En el caso de los que sobrevivieron, el periodo medio de hospitalización fue de 63 días.

“ Las proteínas con mayor relevancia en el modelo de predicción pertenecen a los sistemas de coagulación y de complemento, y se sabe que ambos son especialmente importantes para la fisiopatología y la gravedad de la covid-19 ”

Florian Kurth (Charité)

Con los análisis de sangre los investigadores identificaron **14 proteínas** (como alfa-2 macroglobulina, APOC3, GPLD1, varias serpinas...), cuyas medidas cambiaron a lo largo del tiempo y se movían en las gráficas en direcciones opuestas según los pacientes sobrevivían o no en cuidados intensivos.



El estudio del proteoma en la sangre de 50 pacientes graves con covid permitió identificar 14 proteínas que evolucionaron de forma diferente entre los supervivientes y los que murieron. / V. Demichev et al./PLOS Digital Health

“Curiosamente, los niveles plasmáticos de todas esas proteínas se habían visto alteradas por la enfermedad anteriormente, dependiendo de la gravedad, lo que nos hace confiar en nuestros hallazgos”, apunta Kurth,

quien explica: “Las proteínas con mayor relevancia en el modelo de predicción pertenecen al sistema de coagulación y a la llamada cascada o [sistema de complemento](#) (un componente de la respuesta inmunitaria). Se sabe que ambos son especialmente importantes para la fisiopatología y la gravedad de la covid-19”.

Predicción de la supervivencia

A continuación, el equipo desarrolló su **modelo de aprendizaje automático** para predecir la supervivencia a partir de una única medición temporal de las proteínas relevantes, y lo probó en Austria con **24 pacientes en estado crítico** a causa del coronavirus.

En un grupo de 24 pacientes críticos, el modelo logró predecir correctamente a 18 de los 19 pacientes que sobrevivieron y 5 de las 5 personas que murieron

Para este grupo, el modelo demostró un **alto poder predictivo**, logrando predecir correctamente a 18 de los 19 pacientes que sobrevivieron y cinco de las cinco personas que murieron.

Los investigadores concluyen que los análisis de proteínas en sangre, una vez que se validen en **cohortes más amplias**, pueden ser útiles tanto para identificar a los pacientes con mayor riesgo de mortalidad como para entender mejor la enfermedad y comprobar si un determinado **tratamiento** cambia la predicción al ser aplicado en casos individuales.

“Ahora queremos ver si podemos **transferir esta metodología** desde instalaciones de investigación **a un entorno cotidiano**, a un laboratorio estándar de mediciones clínicas, además de evaluar el método en grupos más grandes de pacientes, y posiblemente también para otras enfermedades”, adelanta Kurth.

Referencia:

Demichev V. et al. "A proteomic survival predictor for COVID-19 patients in intensive care". [PLOS Digit Health](#), 2022.

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

COVID-19 | CORONAVIRUS | SANGRE | PROTEÍNAS | MACHINE LEARNING |
INTELIGENCIA ARTIFICIAL | APRENDIZAJE AUTOMÁTICO |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)