



Desarrollo de un modelo predictivo de enfermedad renal crónica

Development of a predictive model for chronic kidney disease

Dania Castillo Deprés^{1*} <https://orcid.org/0000-0001-8109-0105>

Saymara Castillo Deprés¹ <https://orcid.org/0000-0002-5439-5891>

Ariel Delgado Ramos² <https://orcid.org/0000-0003-0174-6691>

María Josefina Vidal Ledo³ <https://orcid.org/0000-0002-0293-5999>

¹Universidad de Ciencias Médicas de las FAR. Hospital Militar Central “Dr. Carlos J. Finlay”. La Habana, Cuba.

²Comité Central del Partido Comunista de Cuba. La Habana, Cuba.

³Escuela Nacional de Salud Pública de Cuba. La Habana, Cuba.

*Autor para la correspondencia. Correo electrónico: hfinlay40@infomed.sld.cu

RESUMEN

Introducción: Los modelos predictivos para la enfermedad renal crónica (ERC) se han convertido en herramientas para un problema de salud que afecta al 10 % de la población mundial. Su desarrollo es necesario para identificar patrones de progresión en una enfermedad silenciosa en sus inicios.

Objetivo: Desarrollar un modelo predictivo para la detección de la progresión de la ERC.

Métodos: Estudio analítico prospectivo en pacientes con ERC estadio 1- 4. Se obtuvo una muestra de 267 (muestreo aleatorio simple sin reposición). Variables: edad, sexo, color de la piel, antecedentes de hábitos tóxicos, antecedentes patológicos personales, glicemia, creatinina, urea, colesterol, triglicéridos, hemograma, linfocitos, neutrófilos, índice neutrófilo linfocito (INL),



albuminuria. Se realizó una partición temporal de la muestra (67,5 %) para construir el modelo, se utilizó la regresión logística ordinal (95 % confiabilidad).

Resultados: El modelo clasificó al 81,6 % de los pacientes, erró en el 16,4 %. Explicó el 68 % de los cambios de la variable dependiente; el incremento de la creatinina, la albuminuria y el INL, incrementan la probabilidad de progresión de la ERC.

Conclusión: El modelo pronóstico tiene un adecuado rendimiento para el riesgo de progresión de ERC, y una adecuada clasificación de los pacientes, explica más del 50 % de los cambios de la variable estudiada. El modelo final incluyó la creatinina, la albuminuria y el INL. Las categorías 3 y 4 mostraron resultados discretos.

Palabras clave: albuminuria; insuficiencia renal crónica; linfocitos; modelos logísticos; neutrófilos; progresión de la enfermedad; valor predictivo de las pruebas.

ABSTRACT

Introduction: Predictive models for chronic kidney disease (CKD) have become tools for addressing a health problem that affects 10% of the world's population. Their development is necessary to identify progression patterns and therapeutic options in a disease that is silent in its early stages.

Objective: To develop a predictive model for detecting the progression of chronic kidney disease.

Methods: Type of study: prospective analytical; universe: nephrology patients from January 2022 to March 2024 with CKD stage 1-4 (600); sample: 267 patients obtained by simple random sampling without replacement; variables: age, sex, skin color, history of toxic habits, personal medical history, blood glucose, creatinine, urea, cholesterol, triglycerides, blood count, lymphocytes, neutrophils, neutrophil-lymphocyte ratio (NLR), and albuminuria obtained from the medical record. A temporal partition of the sample (67.5%) was performed to build the model, using ordinal logistic regression (95% confidence interval).

Results: The model classified 81.6% of patients, with errors in 16.4% of cases. It explained 68% of the changes in the dependent variable; increased creatinine, albuminuria, and NLR increase the likelihood of CKD progression.



Conclusion: The prognostic model performs adequately for the risk of CKD progression, and Proper patient classification explains more than fifty percent of the changes in the variable studied. The final model, which included creatinine, albuminuria and NLR, showed discrete results in categories 3 and 4.

Keywords: albuminuria; lymphocytes; logistic models; neutrophils; predictive value of tests; prospective studies; renal insufficiency, chronic.

Recibido: 10/10/2025

Aprobado: 10/12/2025

INTRODUCCIÓN

Los modelos predictivos para la enfermedad renal crónica (ERC) se han convertido en herramientas esenciales para abordar un problema de salud global que afecta a aproximadamente el 10 % de la población mundial.^(1,2) Su desarrollo responde a la necesidad de identificar patrones de progresión, optimizar recursos sanitarios y personalizar estrategias terapéuticas en una enfermedad silenciosa durante sus primeras etapas.^(1,2,3,4) La integración de técnicas avanzadas de inteligencia artificial (IA) y aprendizaje automático ha permitido superar las limitaciones de los métodos tradicionales; ofrecen precisiones diagnósticas superiores al 90 % en diversos estudios.^(5,6,7)

La principal ventaja de estos modelos consiste en su capacidad para identificar pacientes en fases iniciales de ERC mediante el análisis de biomarcadores clave, como la creatinina sérica, tasa de filtración glomerular estimada (eTFG) y relación albuminuria-creatininuria (RAC).^(2,4,5,6) Un buen modelo logra predecir la progresión acelerada (≥ 5 mL/año de deterioro de eTFG) con un 96 % de precisión y permite intervenciones preventivas antes del daño renal irreversible. Esta capacidad predictiva supera los métodos convencionales de monitoreo periódico.^(7,8,9,10,11)

Los sistemas de predicción multiclase que categorizan el riesgo de transición entre estadios renales (ERC 1-4) han demostrado un área bajo la curva ROC de 0,978 en estudios recientes. Estas





herramientas permiten priorizar pacientes para terapias especializadas y reducen hasta en 30 % los costos asociados al manejo de complicaciones avanzadas. Un estudio taiwanés,⁽⁴⁾ con 8492 casos mostró cómo modelos predictivos pueden anticipar la necesidad de terapia de reemplazo renal con 12 meses de antelación.^(2,4,5,6)

Los algoritmos actuales integran más de 20 variables clínicas, incluyendo parámetros demográficos, comorbilidades (diabetes, hipertensión) y perfiles farmacológicos. Un modelo de regresión logística combinado con bosque aleatorio⁽²⁾ alcanzó el 99,83 % de precisión, al predecir la progresión a ERC terminal; permitió ajustar las dosificaciones de medicamentos nefrotóxicos y modificar planes nutricionales específicos.^(2,3,4,5)

A pesar de su potencial, los modelos requieren validación externa y adaptación a contextos clínicos específicos. Los retos actuales incluyen la estandarización de protocolos y la integración con sistemas de salud electrónicos para facilitar su adopción generalizada.^(12,13,14,15)

El desarrollo continuo de estos modelos predictivos representa un paradigma transformador en nefrología, pues combinan precisión analítica con aplicabilidad clínica. Su evolución dependerá de la colaboración multidisciplinaria entre médicos, bioestadísticos e ingenieros informáticos, para asegurar que los avances tecnológicos se traduzcan en mejoras concretas en la supervivencia y calidad de vida de los pacientes.⁽¹⁵⁾

El objetivo de esta investigación es desarrollar un modelo para predecir la progresión de la ERC.

MÉTODOS

Diseño

Se desarrolló un estudio analítico prospectivo, en la consulta externa de nefrología del Hospital Militar Central “Dr. Carlos J. Finlay”, en el período de enero 2022 a marzo 2024.

Sujetos

Para calcular el tamaño de la muestra se asumió un nivel de significación del 0,05; potencia de la prueba de 0,80; tamaño del efecto mayor de 0,70; tasa de no respuesta de 10 y para el efecto de diseño se empleó un ajuste de 3. Se utilizó el paquete estadístico EPIDAT 4.2. Se seleccionó una



muestra de 267 pacientes. Se seleccionaron al azar, mediante un muestreo simple aleatorio sin reposición, a partir el registro de pacientes atendidos en el servicio, conformado por todos los pacientes con ERC (600) que acudieron a la consulta externa de nefrología del Hospital Militar Central “Dr. Carlos J. Finlay”, en el período de enero de 2022 a marzo de 2024, de quienes se disponía los datos de interés para el estudio, que no fallecieron en el seguimiento y que dieron el consentimiento informado para participar.

La información se obtuvo de las historias clínicas de cada paciente. Se elaboró una planilla de vaciamiento de datos para el registro de las variables y el número asignado en la investigación a cada paciente. Los datos se recogieron de forma individual, por los investigadores, para garantizar la uniformidad y sistematicidad; se especificó su carácter anónimo para minimizar el error sistemático. La información obtenida se plasmó posteriormente en una base de datos para realizar el análisis estadístico e informe final.

Variables

Variable dependiente: grado de ERC. Definida como el daño estructural o funcional del riñón, evidenciado por marcadores de daño (orina, sangre o imágenes), por un período igual o mayor a 3 meses, o por un filtrado glomerular teórico (FGT) menor a $60 \text{ mL/min/1,73 m}^2 \text{ SC}$ independientemente de la causa que lo produjo y calculado según el modelo de *Chronic Kidney Disease Epidemiology Collaboration* (CKD-EPI).^(15,16)

Variables independientes: edad (en años); sexo; color de la piel (blanca, negra, mestiza); presencia de antecedentes patológicos (Sí/No); antecedentes patológicos personales (diabetes mellitus, cardiopatía isquémica, hipertensión arterial, VIH positivo, insuficiencia cardiaca); hábitos tóxicos (Sí/No); glicemia ($4 \text{ mmol/L} - 6,2 \text{ mmol/L}$); creatinina ($32 \text{ } \mu\text{mol/L} - 132 \text{ } \mu\text{mol/L}$); ácido úrico ($119 \text{ } \mu\text{mol/L} - 332 \text{ } \mu\text{mol/L}$); urea ($3,8 \text{ mmol/L} - 8,3 \text{ mmol/L}$); colesterol ($3,5 \text{ mmol/L} - 5,5 \text{ mmol/L}$); triglicéridos ($0,4 \text{ mmol/L} - 1,2 \text{ mmol/L}$); hemograma ($11 \text{ g/L} - 16 \text{ g/L}$); linfocitos ($2,5-4$); neutrófilos ($5,5-6,5$); Índice neutrófilos-linfocitos – INL- ($< 1,2 - 3 -> 3$); albuminuria ($30-299$); filtrado glomerular teórico (CKD EPI - grado 1, ≥ 90 ; grado 2, $60-89$; grado 3, $59-30$; grado 4, $15-29$; y grado de ERC (grado 1, grado 2, grado 3 y grado 4).



Procedimientos

Una vez incluidos los pacientes se seleccionó el tratamiento para cada caso. Los 267 sujetos se dividieron en dos grupos, mediante el método de partición temporal; uno con los primeros 180 incluidos (67,5 %); y el segundo 87 (32,5 %) con los siguientes; en quienes se realizó la validación del modelo.

Procesamiento

Se procesaron los datos mediante IBM-SPSS versión 22.0. Se utilizaron medidas de resumen para datos cualitativos y cuantitativos (cifras absolutas, porcentajes, media, desviación estándar e intervalos de confianza del 95 %). Para los estadígrafos se utilizó el 95 % de significación estadística.

Para construir el modelo se utilizó la regresión logística ordinal, teniendo en cuenta como variable de respuesta, la escala de ERC, categorizada (grado 1, 2, 3, y 4). Se verificaron los supuestos para cada variable. Para determinar multicolinealidad se creó una matriz de correlaciones mediante la *r* de Pearson, con un nivel de significación de 0,05. Se incluyeron en el modelo las variables que su coeficiente de correlación no fuera mayor de 0,7. En el caso del cumplimiento de la proporcionalidad de los *Log-odds* se utilizó el test de líneas paralelas; se aceptó el cumplimiento del supuesto cuando el resultado de $p > 0,05$. Se utilizó la razón de verosimilitud para evaluar el ajuste del modelo; la prueba de Pearson y análisis de la *deviance* para evaluar su bondad de ajuste. La prueba de pseudo-R cuadrado se utilizó para definir los valores de Cox- Snell y Nagelkerke.

Para identificar qué tanto se predice la probabilidad de ocurrencia de las categorías del grado de ERC se estimaron los Beta, Wald e intervalos de confianza para cada variable, con un nivel de significación de 0,05. Se estimaron además los *odds ratios* o Exp (B), mediante el modelo lineal generalizado.

Se calcularon las ecuaciones logísticas, la probabilidad acumulada y las probabilidades individuales.



Aspectos bioéticos

Se tuvo en cuenta lo establecido en la declaración de Helsinki.⁽¹⁷⁾ Los datos se utilizaron de forma anónima sin hacer referencia a los datos personales de los pacientes. El estudio se aprobó por el Comité de Ética de la Investigación del Hospital Militar Central “Dr. Carlos J. Finlay”.

RESULTADOS

Al evaluar el ajuste del modelo mediante la razón de verosimilitud, se obtuvo un valor $p < 0,05$ lo que permitió afirmar que las variables independientes predicen la ocurrencia de los diferentes grados de ERC. De igual manera para la bondad de ajuste; la prueba de Pearson fue significativa y la *deviance* $> 0,05$. Esta diferencia no afecta la interpretación de los resultados, ya que al menos una de ellas fue significativa, por lo que los datos se ajustan al modelo. Los resultados de la pseudo-R cuadrado, en este caso tomando la corrección de Nagelkerke, se puede decir que el modelo final explica el 68 % del cambio de las categorías de la variable dependiente, lo cual se consideró adecuado.

La tabla 1 muestra la estimación de los parámetros que evalúan qué tanto predicen las variables independientes a las categorías del grado de ERC. La creatinina, la albuminuria y el INL tuvieron un efecto estadísticamente significativo sobre la probabilidad de ocurrencia: a medida que aumentó el valor de la creatinina, la albuminuria y el INL, se incrementó la probabilidad de incrementar el grado de progresión de la ERC.

Al evaluar el criterio de proporcionalidad entre las variables predictoras y los *odds* se cumplió la hipótesis nula: los parámetros de ubicación (coeficientes de inclinación) son los mismos entre las categorías de respuesta, por lo que se cumplieron los supuestos para realizar las pruebas.


Tabla 1 - Estimación de parámetros

Variables	Estimación Beta	Error Estándar	Wald	Df	Sig	Intervalo confianza 95 %	
						Límite inferior	Límite superior
Umbral {CodERC=1}	3,331	1,897	3,083	1	0,079	-0,387	7,050
{CodERC=2}	6,142	1,939	10,031	1	0,002	2,341	9,943
{CodERC=3}	9,481	2,172	19,051	1	0,000	5,224	13,738
Ubicación Edad	0,011	0,018	0,406	1	0,149	-0,22	0,145
Glicemia	0,096	0,051	3,490	1	0,062	-0,005	0,196
Creatinina	0,132	0,004	57,825	1	0,000	0,024	0,040
Colesterol	-0,048	0,105	1,724	1	0,189	-0,068	0,343
Triglicéridos	-0,048	0,149	0,101	1	0,750	-0,340	0,245
Hemograma	-0,019	0,017	0,156	1	0,282	-0,052	0,015
INL	0,058	0,063	0,825	1	0,036	-0,037	0,041
Albuminuria	0,006	0,003	6,686	1	0,010	-0,011	-0,002
{APP=0}	0,516	0,407	1,603	1	0,206	-0,283	1,314
{APP =1}	0a	-	-	0	-	-	-
{HabT=0}	0,158	0,326	0,234	1	0,628	-0,482	0,798
{Hab T=1}	0a	-	-	0	-	-	-
{sexo=1}	0,198	0,343	0,333	1	0,564	-0,475	0,871
{sexo=2}	0	0,381	1,569	0	0,210	-0,269	1,223
{colorP=1}	0,477	0,449	1,493	1	0,222	-1,430	0,332
{colorP=2}	-0,549	-	-	1	-	-	-
{colorP=3}	0	-	-	0	-	-	-

Umbral CodERC=1: ERC estadio 1; CodERC=2: ERC estadio 2; CodERC=3: ERC estadio 3; APP=0: con antecedentes patológicos personales; APP=1: no tiene antecedentes patológicos personales; HabT=0: tiene hábitos tóxicos; Sexo=1: femenino; Sexo=2: masculino; ColorP=1: color de la piel blanca; ColorP=2: color de la piel negra; ColorP=3: color de la piel mestiza.




Tabla 2 - Estimación de *odds ratio*

Variables	B	tip. Error	Sig	Exp(B)	95% Wald Confidence Interval	
					Exp(B)	
					Inferior	Superior
Threshold {CodERC=1}	3,331	1,8628	0,074	27,971	0,726	1077,230
{CodERC=2}	6,142	1,9084	0,001	465,137	11, 045	19589,057
{CodERC=3}	9,481	2,1558	0,000	13106,887	191, 652	896369,094
{Sexo =1}	0,198	0,3428	0,56	1,219	0,623	2,387
{Sexo =2}	0a	-	-	1	-	-
{ColorP=1}	0,477	0,3730	0,201	1,611	0,775	3,347
{ColorP =2}	-0,549	0,4597	-	0,577	0,235	1,422
{ColorP=3}	0a	-	-	1	-	-
APP=0}	0,420	0,4143	-	1,522	0,676	3,429
{ APP =1 }	0a	-	-	1	-	-
{HabT=0}	-0,158	0,3271	0,629	1,171	0,617	2,224
{Hab T=1 }	0a	-	-	1	-	-
Edad	0,011	0,0172	0,517	1,011	0,978	1,046
Glicemia	0,062	0,0420	0,143	1,064	0,979	1,155
Creatinina	0,032	0,0044	0,000	1,032	1,023	1,041
Colesterol	0,137	0,1032	0,183	1,147	0,937	1,405
Trigliceridos	-0,019	0,0161	0,251	0,982	0,951	1,013
Hemograma	-0,106	0,1198	0,378	0,900	0,712	1,138
INL	0,058	0,0641	0,036	1,059	0,998	1,201
Albuminuria	0,006	0,0025	0,010	0,994	0,989	0,998
(Scale)	1b	-	-	-	-	-

a: parámetro establecido en cero porque es redundante; b: fijado en el valor que se muestra. Threshold CodERC=1: ERC estadio 1; CodERC=2:

ERC estadio 2; CodERC=3: ERC estadio 3; APP=0: con antecedentes patológicos personales; APP=1: no tiene antecedentes patológicos personales; HabT=0: tiene hábitos tóxicos; Sexo=1: femenino; Sexo=2: masculino; ColorP=1: color de la piel blanca; ColorP=2: color de la piel negra; ColorP=3: color de la piel mestiza.





En la tabla 2 se muestran los resultados de las estimaciones *odds ratio* mediante el modelo lineal generalizado. En este caso a medida que aumentó un punto la creatinina, existió 1,075 veces más una probabilidad de incrementar una categoría en la escala de la ERC, y 1,195 veces más probabilidad de incrementar una categoría en la escala de ERC, con el INL. En el caso de la albuminuria el resultado fue menor a la unidad, en 0,992.

Expresión del modelo y el cálculo de probabilidades.

Para el modelo inicial:

$$\begin{aligned} \text{Log} \left(\frac{p(y \leq j)}{1 - p(y \leq j)} \right) &= ((P(Y \leq j)1 - P(Y \leq j))) \\ &= \theta_j - (0,198 \times \text{Sexo} + 0,011 \times \text{Edad} + 0,420 \times \text{APP} + (-0,549) \times \text{ColorP} + (0,158) \times \text{HabT} \\ &\quad + 0,032 \times \text{Creatinina} + 0,062 \times \text{Glicemia} + 0,137 \times \text{Colesterol} - 0,019) \times \text{Triglicéridos} \\ &\quad + (0,106) \times \text{Hemograma} + 0,006 \times \text{Albuminuria} + 0,058 \times \text{INL}) \end{aligned}$$

Donde:

θ_j : puntos de corte para cada una de las tres transiciones entre las cuatro categorías de ERC. Sexo, edad, APP (antecedentes patológicos personales), color (color de la piel), HabT (hábitos tóxicos), creatinina, glicemia, colesterol, triglicéridos, hemograma, albuminuria y el INL son las variables predictoras.

Modelo definitivo, solo con las variables significativas.

$$\begin{aligned} \text{Log} \left(\frac{p(y \leq j)}{1 - p(y \leq j)} \right) &= ((P(Y \leq j)1 - P(Y \leq j))) \\ &= \theta_j - (0,032 \times \text{Creatinina} + 0,006 \times \text{Albuminuria} + 0,058 \times \text{INL}) \end{aligned}$$

Parámetros estimados:

$\beta_{10} = 3,33$; $\beta_{20} = 6,14$; $\beta_{30} = 9,48$

Creatinina $\beta_1 = 0,032$

INL $\beta_2 = 0,058$

Albuminuria $\beta_3 = 0,003$



Umbralles crecientes ($\beta_{10} < \beta_{20} < \beta_{30}$): reflejan el orden natural de las categorías.

Ecuaciones logísticas acumulativas. Se describen tres ecuaciones logísticas acumulativas a partir de $k-1$, donde k es igual a 4 categorías.

Logit ($P (ER \leq I)$)= $\beta_{10} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}$

Logit ($P (ER \leq II)$)= $\beta_{20} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}$

Logit ($P (ER \leq III)$)= $\beta_{30} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}$

Cálculo de las probabilidades acumuladas:

$$P (ER \leq I) = \frac{e^{\beta_{10} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}{1 + e^{\beta_{10} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}$$

$$P (ER \leq II) = \frac{e^{\beta_{20} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}{1 + e^{\beta_{20} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}$$

$$P (ER \leq III) = \frac{e^{\beta_{30} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}{1 + e^{\beta_{30} - \beta_1 \times \text{Creatinina} + \beta_2 \times \text{INL} + \beta_3 \times \text{Albuminuria}}}$$

Cálculo de las probabilidades individuales:

$P (ER= I)= P (ER \leq I)$

$P (ER= II)= P (ER \leq II) - P (ER \leq I)$

$P (ER= III)= P (ER \leq III) - P (ER \leq II)$

$P (ER= IV)= 1 - P (ER \leq III)$

En la tabla 3 se muestra los resultados de la estimación del cálculo de probabilidades individuales a partir del modelo para cada uno de los pacientes, lo que permite evaluar el grado de la ERC en el cual se clasificó el paciente, en relación con la información que se obtuvo en el modelo (una muestra de estos resultados).



**Tabla 3** - Probabilidades estimadas por el modelo según pacientes

Pacientes	P (ERC I)	P (ERC II)	P (ERC III)	P (ERC IV)	Clasificación	
					Estimada	Real
1	0,49	0,42	0,08	0,01	1	1
2	0,30	0,55	0,13	0,01	2	2
3	0,27	0,57	0,15	0,01	2	2
4	0,03	0,29	0,55	0,13	3	3
5	0,37	0,52	0,10	0,01	1	1
6	0,53	0,41	0,06	0,00	1	1
7	0,28	0,56	0,14	0,01	2	2
8	0,34	0,53	0,11	0,01	2	2
9	0,01	0,12	0,54	0,33	3	4
10	0,41	0,49	0,09	0,01	2	2
11	0,66	0,31	0,03	0,00	1	2
12	0,11	0,52	0,33	0,04	2	4
-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-
267	0,20	0,57	0,20	0,02	2	2

DISCUSIÓN

El CKD-EPI es muy utilizado en la práctica clínica para clasificar a los pacientes atendiendo a los estadios de la ERC.⁽¹⁶⁾ Se trata de una ecuación extraída por ese grupo de trabajo, a partir de un estudio de 8254 pacientes procedentes de hasta 10 estudios; superior al *Modification of Diet in Renal Disease* –MDRD– que incluye pacientes de diferentes características clínicas, con o sin insuficiencia renal crónica y un grado muy amplio de filtración glomerular. Sin embargo, no predice la posibilidad de progresión de un estadio a otro de ERC, pero es muy importante para al menos estratificar la ERC. En esto radica la importancia del modelo. La integración de biomarcadores como el INLy la albuminuria en los modelos existentes mejorará significativamente la identificación de pacientes con alto riesgo de progresión de ERC, además de la estratificación más precisa y una personalización del manejo clínico.^(14,15,18)





El INL integra en un solo parámetro, barato y disponible en la biometría hemática, la carga de la inflamación sistémica y el estado de la inmunidad adaptativa, fuertemente implicados en el daño renal. Una revisión sistemática sobre el INL como marcador independiente en ERC, recopiló en cohortes de adultos con ERC (no en diálisis), que los pacientes con INL elevado tenían TFG más bajas al inicio y un riesgo casi duplicado de progresar a estadio terminal o requerir diálisis.⁽¹⁸⁾

No se realizó la subdivisión del grupo 3 en a y b al tratarse de una muestra pequeña, que produciría grupos muy pequeños, afectarían el análisis y podría introducir sesgo.

En la literatura revisada se describen otros modelos predictivos relacionados con la ERC, entre ellos, el modelo estadístico desarrollado por *Gallardo V* y otros,⁽¹⁸⁾ el cual utiliza entre sus variables enfermedades urológicas, hipertensión arterial, hiperuricemia y el uso de nefrotóxicos, con muy altos resultados predictivos, pero específicos para esa población.

Otro caso es el modelo chino de riesgo de ERC (CKD- MODE), desarrollado por un grupo de investigadores de la Universidad de Pekín. Utilizan variables clínicas como la edad, el sexo, la presión arterial, niveles de creatinina y presencia de diabetes mellitus, entre otros. Ese modelo ha sido validado en la población china y se utiliza como una herramienta para la detección temprana y el manejo de la ERC,^(13,19,20,21) pero es específico para la población china. Asimismo, el modelo australiano de riesgo de ERC (AUSSCORE), emplea variables clínicas y de laboratorio como la edad, sexo, raza, presión arterial, niveles de creatinina, presencia de diabetes mellitus, albuminuria, entre otros, para predecir riesgo de desarrollar ERC.^(13,19,20,21)

El modelo de Columbia⁽¹⁴⁾ se basa en datos demográficos y biomarcadores para predecir la ERC. Utiliza variables como edad, sexo, raza, índice de masa corporal, albuminuria y la velocidad de filtrado glomerular, para estimar la progresión de la ERC. El modelo de Canadá (KFRE) para predicción de riesgo de ERC emplea variables como edad, sexo, color de la piel, creatinina sérica, albúmina sérica y la presión arterial. Tiene una amplia validación y capacidad para predecir el riesgo de progresión a etapas más avanzadas de la ERC.^(14,22,23,24)

A pesar de que se han estudiado con amplitud los factores que condicionan la ERC, no se ha logrado prevenir su inicio y progresión. Por esta premisa, los estudios que permitan llevar a cabo modelos predictivos prácticos, que se ajusten a una población específica, cobran relevancia.^(19,24)



El modelo desarrollado en este estudio es capaz de predecir valores futuros, y posibles grados de deterioro de la función renal, con parámetros aceptables, pero no óptimos. Las variables utilizadas en este modelo predictivo, son las que más influencia presentan en el riesgo de progresión de la ERC según la literatura revisada y en este, son capaces de predecir la ocurrencia de los grados de ERC^(22,24,25) con una significación $p < 0,05$, y explican el 68 % de los cambios de categoría de las variables.

El modelo obtenido presenta varias limitaciones metodológicas, comunes a este tipo de estudios, sobre todo el tamaño muestral y estar limitado a un servicio de Nefrología, por lo que no sería generalizable a otras cohortes.

En relación con las variables, algunos investigadores como *Liu J* y otros⁽¹³⁾ y *Batista D* y otros⁽²⁴⁾ consideran variables genéticas, pero no están disponibles en la práctica clínica diaria, y por lo tanto no son adecuadas para uso general. Aún se investiga la utilidad de los biomarcadores moleculares y su influencia para mejorar la predicción.

Tangri N y otros,⁽¹⁴⁾ al igual que en el presente estudio, utilizaron variables sencillas, disponibles en la práctica clínica habitual, que redundan en mejor clasificación y tratamiento del paciente.

En la literatura revisada no se identificaron estudios que utilicen el INL como variable predictora, por tanto, se debe profundizar en su estudio y ampliar el número de casos y servicios.

Los modelos predictivos se destacan como herramientas valiosas en nefrología; facilitan la toma de decisiones clínicas, ralentizan la progresión de la ERC y permiten el seguimiento de la enfermedad a través de la reevaluación constante.

El modelo pronóstico tiene un adecuado rendimiento para el riesgo de progresión de ERC, y una adecuada clasificación de los pacientes, explica más del 50 % de los cambios de la variable estudiada. El modelo final incluyó la creatinina, la albuminuria y el INL. Las categorías 3 y 4 mostraron resultados discretos.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Gallardo LS, Rodríguez AJ, Burgos M, Martínez ML, García P, Villagrán ME, et al. Utilidad de un modelo de predicción para la enfermedad renal crónica en una unidad de primer nivel de atención [Internet]. Nefrología. 2016; 36(2): 89-216. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nefro.2015.10.010>
2. Lim DKE, Boyd JH, Thomas E, Chakera A, Tippaya S, Irish A, et al. Prediction models used in the Progression of chronic kidney disease: A scoping review [Internet]. PlosOne. 2022;17(7): e0271619. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271619>
3. Reddy S, Roy S, Choy KW, Sharma S, Dwyer KM, Manapragada C, et al. Predicting chronic kidney disease progression using small pathology datasets and explainable machine learning models [Internet]. Computer Methods and Programs in Biomedicine Update. 2024;6: [aprox. 34 p.]. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmpbup.2024.100160>
4. Giraldo-Castrillón Y, Arango C, Molina CF, Segura A. Usability of predictive models of kidney failure in chronic kidney disease: a scoping review [Internet]. CES Med. 2022;36(3): 69-85. DOI: <https://doi.org/10.21615/cesmedicina.6987>
5. Collins GS, Moons KGM. Reporting of artificial intelligence prediction models [Internet]. Lancet. 2019;20(393): 1577-79. DOI: <https://doi.org/10.1016/S0140-6736>
6. Escalona-González SO, González- Milán ZC. Inteligencia artificial en la predicción de mortalidad por enfermedad renal crónica [Internet]. Anales de la ACC. 2022;12(3):[aprox. 2 p.] Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?pid=S2304-01062022000300004&script=sci_arttext
7. Ferguson T, Ravani P, Sood MM, Clarke A, Komenda P, Rigatto C, et al. Development and external validation of a machine learning model for progression of CKD [Internet]. Kidney Int Rep. 2022;7(8):1772-81. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ekir.2022.05.004>
8. Olczak J, Pavlopoulos J, Prijs J, Doornberg JN, Lundstrom C, Hedlund J, et al. Presenting artificial intelligence, deep learning, and machine learning studies to clinicians and healthcare stakeholders: an introductory reference with a guideline and a Clinical AI Research (CAIR)



checklist proposal [Internet]. Acta Orthop. 2021; 92(5): 513–25. DOI:

<https://doi.org/10.1080/17453674.2021.1918389>

9. Reddy S, Fox J, Purohit MP. Artificial intelligence-enabled healthcare delivery [Internet]. J R Soc Med. 2019; 112(1): 22–28. DOI: <https://doi.org/10.1177/0141076818815510>

10. Reddy S. Explainability and artificial intelligence in medicine [Internet]. Lancet Digit Health. 2022; 4(4):214–15. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(22\)00029-2](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(22)00029-2)

11. Ebbelohj A, Thunbo MO, Andersen OE, Glindtvd MV, Hulman A. Transfer learning for non-image data in clinical research: a scoping review [Internet]. Plos Digit Health. 2022; 1(2):1-22. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pdig.0000014>

12. Chan L, Nadkarni GN, Fleming F, McCullough JR, Connolly P, Mosoyan G, et al. Derivation and validation of a machine learning risk score using biomarker and electronic patient data to predict progression of diabetic kidney disease [Internet]. Diabetología. 2021; 64(7):1504–1515. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00125-021-05444-0>

13. Liu J, Wu J, Liu S, Li M, Hu K, Li K. Predicting Mortality of patient with acute kidney injury in the ICU using XGBoost model [Internet]. Plos One. 2021; 16(2)1-11: DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246306>

14. Tangri N, Kitsios GD, Inker LA, Griffith J, Naimark DM, Walker S, et al. Risk prediction models for patients with CKD [Internet]. Annals of Internal Medicine. 2013; 158(8):596- 603. DOI: <https://doi.org/10.7326/0003-4819-158-8-201304160-00004>

15. Tofallis C. A better measure of relative prediction accuracy for model selection and model estimation [Internet]. JORS. 2015; 66(8): 1352–62. DOI: <https://doi.org/10.1057/jors.2014.103>

16. Levey AS, Stevens LA, Schmid CH, Zhang Y, Castro AF, Feldman H, et al. A new equation to estimate glomerular filtration rate [Internet]. Ann Intern Med. 2011;155(6): 604-12. DOI: <https://doi.org/10.7326/0003-4819-150-9-200905050-00006>

17. Asociación Médica Mundial. Declaración de Helsinki de la AMM – Principios éticos para las investigaciones médicas con participantes humanos. WMA; 2024. [acceso: 09/06/2025].

Disponible en: <https://www.wma.net/es/policies-post/declaracion-de-helsinki-de-la-amm-principios-eticos-para-las-investigaciones-medicas-en-seres-humanos/>



18. Gallardo V, Rodríguez J, Burgos O. Utilidad de un modelo de predicción para la Enfermedad Renal Crónica en una unidad de primer nivel de atención [Internet]. Nefrología (Madr.). 2016 [acceso: 09/06/2025]; 36(2): 196-8. Disponible en https://scielo.isciii.es/scielo.php?pid=S0211-69952016000200196&script=sci_arttext&tlng=en
19. Bai Q, Su C, Tang W, Li Y. Machine learning to predict end stage kidney disease in chronic kidney disease [Internet]. Scientific Reports. 2022: 8377. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-1236-z>
20. Australian Institute of Health and Welfare (AIHW). Chronic kidney disease: Australian facts [Internet]. Canberra: Australian Institute of Health and Welfare; 2024. [acceso: 09/06/2025]. Disponible en: <https://www.aihw.gov.au/reports/chronic-kidney-disease>
21. Miranda Machado PA. Progression of chronic kidney disease in over 65-year-old nephroprotection program patients in Colombia [Internet]. Rev Colomb Nefrol. 2023;10(2):1-10. DOI: <https://doi.org/10.22265/acnef.10.2.659>
22. Lim DKE, Boyd JH, Thomas E, Chakera A, Tippay S, Irish A, et al. Prediction models used in the progression of chronic kidney disease: A scoping review [Internet]. PLoS One. 2022; 17(7):1-24. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271619>
23. Martínez-Castelao A, Górriz JL, Bóver J, Segura de la Morena JC, Escalada J, Esmatjes E, et al. Documento de consenso para la detección y manejo de la enfermedad renal crónica [Internet]. Nefrología (Madr.). 2014; 34(2): 243-62. DOI: <https://doi.org/103265/Nefrología.pre2014.Feb.12455>
24. Batista D, Estrada JC, Morell L. Enfermedad renal crónica y factores de progresión en pacientes con diabetes mellitus tipo 2 [Internet]. Revista Información Científica. 2024; 103:e4611. DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.10999895>
25. Burlacu A, Namolovan CA, Covic A, Goldsmith DJ, Kanbay M. Neutrophil-to-Lymphocyte Ratio (NLR). Independent prognostic marker of renal function decline in chronic kidney disease: A systematic review and meta-analysis [Internet]. 2025;14(19):6822. DOI: <https://doi.org/103390/jmc1496822>



Conflictos de interés

Se declara que no existen conflictos de interés ni fuentes de financiamiento externas.

Contribuciones de los autores

Conceptualización: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Curación de datos: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Análisis Formal: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Investigación: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Metodología: *Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Recursos: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Software: *Ariel Delgado Ramos.*

Supervisión: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Validación: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*

Redacción - Elaboración del borrador original: *Dania Castillo Deprés.*

Redacción – Revisión y edición: *Dania Castillo Deprés, Saymara Castillo Deprés, Ariel Delgado Ramos, María Josefina Vidal Ledo.*



Declaración de disponibilidad de datos

La base de datos para la elaboración de la investigación está disponible por solicitud al autor para la correspondencia: hfinlay40@infomed.sld.cu