

Predicción de Mortalidad Intrahospitalaria por Infarto Agudo de Miocardio mediante Aprendizaje Automático

Informe de Investigación

Basado en el Registro Cubano de Infarto Agudo de Miocardio

(RECUIMA)

Equipo 7

Integrante 1 email1@universidad.edu

Integrante 2 email2@universidad.edu

Integrante 3 email3@universidad.edu

Curso de Machine Learning

Universidad [NOMBRE]

25 de diciembre de 2025

Resumen

Contexto: El infarto agudo de miocardio (IAM) representa una de las principales causas de mortalidad cardiovascular a nivel mundial. La predicción temprana de la mortalidad intrahospitalaria permite optimizar la estratificación de riesgo y la asignación de recursos terapéuticos.

Objetivo: Desarrollar y validar modelos de aprendizaje automático para predecir la mortalidad intrahospitalaria en pacientes con IAM utilizando datos del Registro Cubano de Infarto Agudo de Miocardio (RECUIMA).

Métodos: Se analizaron [PLACEHOLDER: N] pacientes con diagnóstico de IAM registrados entre [PLACEHOLDER: período]. Se implementaron múltiples algoritmos de clasificación incluyendo Regresión Logística, Random Forest, XGBoost, y Redes Neuronales. El rendimiento se evaluó mediante validación cruzada estratificada y métricas de discriminación (AUROC, AUPRC), calibración y utilidad clínica.

Resultados: El modelo con mejor rendimiento fue [PLACEHOLDER: nombre del modelo], alcanzando un AUROC de [PLACEHOLDER: valor \pm IC95 %] en el conjunto de prueba. Las variables más predictivas identificadas mediante análisis SHAP fueron [PLACEHOLDER: top 5 variables]. El modelo superó el rendimiento de las escalas clásicas GRACE y TIMI en esta población.

Conclusiones: Los modelos de aprendizaje automático demuestran capacidad superior para predecir mortalidad intrahospitalaria por IAM en comparación con escalas tradicionales. La interpretabilidad mediante SHAP facilita la adopción clínica al identificar los factores de riesgo más relevantes.

Palabras clave: infarto agudo de miocardio, mortalidad intrahospitalaria, aprendizaje automático, predicción de riesgo, SHAP, XGBoost

Abstract

Background: Acute myocardial infarction (AMI) remains one of the leading causes of cardiovascular mortality worldwide. Early prediction of in-hospital mortality enables optimal risk stratification and therapeutic resource allocation.

Objective: To develop and validate machine learning models for predicting in-hospital mortality in AMI patients using data from the Cuban Registry of Acute Myocardial Infarction (RECUIMA).

Methods: We analyzed [PLACEHOLDER: N] patients diagnosed with AMI between [PLACEHOLDER: period]. Multiple classification algorithms were implemented, including Logistic Regression, Random Forest, XGBoost, and Neural Networks. Performance was evaluated using stratified cross-validation with discrimination metrics (AUROC, AUPRC), calibration, and clinical utility.

Results: The best-performing model was [PLACEHOLDER: model name], achieving an AUROC of [PLACEHOLDER: value \pm 95 %CI] on the test set. The most predictive variables identified through SHAP analysis were [PLACEHOLDER: top 5 variables]. The model outperformed traditional GRACE and TIMI scores in this population.

Conclusions: Machine learning models demonstrate superior capability for predicting in-hospital mortality from AMI compared to traditional scores. Interpretability through SHAP facilitates clinical adoption by identifying the most relevant risk factors.

Keywords: acute myocardial infarction, in-hospital mortality, machine learning, risk prediction, SHAP, XGBoost

Índice

1. Introducción	15
1.1. Contexto y Motivación	15
1.2. Escalas de Riesgo Tradicionales	15
1.3. Limitaciones de los Enfoques Tradicionales	16
1.4. Aprendizaje Automático en Predicción Clínica	16
1.5. Objetivos del Estudio	16
1.5.1. Objetivo General	16
1.5.2. Objetivos Específicos	17
1.6. Estructura del Informe	17
2. Estado del Arte	18
2.1. Modelos Clásicos de Predicción de Mortalidad en IAM	18
2.1.1. Escala GRACE	18
2.1.2. Escala TIMI	18
2.1.3. Otras Escalas Contemporáneas	19
2.2. Limitaciones de los Modelos Tradicionales	19
2.3. Aprendizaje Automático en Predicción Cardiovascular	20
2.3.1. Evolución Histórica	20
2.3.2. Estudios Relevantes	20
2.3.3. Comparación de Algoritmos	21
2.4. Predicción de Arritmias Ventriculares	21
2.5. Desafíos y Vacíos en la Literatura	21
2.6. Oportunidades de Investigación	22
2.7. Marco Teórico del Presente Estudio	22
3. Descripción del Conjunto de Datos	22
3.1. Fuente de Datos	22
3.2. Tamaño Muestral y Estructura	23
3.3. Categorización de Variables	23
3.3.1. Variables Demográficas y Administrativas	23
3.3.2. Antecedentes Patológicos	23
3.3.3. Presentación Clínica	24
3.3.4. Variables Electrocardiográficas	25
3.3.5. Biomarcadores de Laboratorio	25
3.3.6. Tratamientos y Procedimientos	26
3.3.7. Variables de Imagen	26
3.3.8. Complicaciones Intrahospitalarias	27

3.3.9. Variables Outcome	27
3.4. Consideraciones sobre Calidad de Datos	27
3.4.1. Datos Faltantes	27
3.4.2. Valores Atípicos Identificados	28
3.5. Resumen Descriptivo Preliminar	28
3.6. Consideraciones Éticas y de Privacidad	29
4. Metodología	29
4.1. Diseño del Estudio	29
4.2. Pipeline de Análisis	29
4.3. Preprocesamiento de Datos	30
4.3.1. Tratamiento de Datos Faltantes	30
4.3.2. Tratamiento de Valores Atípicos	31
4.3.3. Codificación de Variables Categóricas	31
4.3.4. Transformación y Normalización	31
4.4. Ingeniería de Características	31
4.4.1. Creación de Variables Derivadas	32
4.4.2. Selección de Características	32
4.5. División de Datos	32
4.6. Manejo del Desbalance de Clases	33
4.7. Algoritmos de Aprendizaje Automático	33
4.7.1. Modelos Evaluados	33
4.7.2. Optimización de Hiperparámetros	34
4.8. Métricas de Evaluación	34
4.8.1. Discriminación	34
4.8.2. Calibración	34
4.8.3. Utilidad Clínica	35
4.9. Análisis de Explicabilidad	35
4.9.1. Explicabilidad Global	35
4.9.2. Explicabilidad Local	35
4.10. Validación del Modelo	35
4.11. Herramientas Tecnológicas	36
4.12. Reproducibilidad	36
5. Análisis Exploratorio de Datos	36
5.1. Distribución de la Variable Objetivo	37
5.2. Análisis de Variables Demográficas	37
5.2.1. Distribución de Edad	37
5.2.2. Distribución por Sexo	38
5.3. Análisis de Antecedentes Patológicos	39

5.4. Análisis de Variables Clínicas de Presentación	39
5.4.1. Signos Vitales al Ingreso	40
5.4.2. Clasificación Killip al Ingreso	40
5.5. Análisis de Biomarcadores	41
5.5.1. Troponinas y Marcadores de Necrosis	41
5.5.2. Biomarcadores Renales y Metabólicos	41
5.5.3. Péptidos Natriuréticos	42
5.6. Análisis de Correlaciones	42
5.7. Análisis de Datos Faltantes	43
5.8. Análisis de Tratamientos y Procedimientos	43
5.9. Análisis Temporal	44
5.10. Resumen de Hallazgos del EDA	44
6. Preprocesamiento de Datos	45
6.1. Flujo de Preprocesamiento	45
6.2. Exclusión de Observaciones y Variables	45
6.2.1. Exclusiones Realizadas	45
6.2.2. Variables Excluidas	46
6.3. Imputación de Datos Faltantes	46
6.3.1. Análisis del Patrón de Missingness	46
6.3.2. Estrategias de Imputación Aplicadas	46
6.4. Tratamiento de Valores Atípicos	47
6.4.1. Detección de Outliers	47
6.4.2. Tratamiento Aplicado	47
6.5. Codificación de Variables Categóricas	47
6.5.1. Variables Binarias	48
6.5.2. Variables Nominales (One-Hot Encoding)	48
6.5.3. Variables Ordinales	48
6.6. Transformaciones de Variables Numéricas	48
6.6.1. Variables con Transformación Logarítmica	48
6.6.2. Normalización/Estandarización	49
6.7. Ingeniería de Características	49
6.7.1. Variables Derivadas Creadas	49
6.7.2. Interacciones y Términos No Lineales	49
6.8. Selección de Características	50
6.8.1. Filtrado Univariado	50
6.8.2. Importancia de Características (Feature Importance)	50
6.8.3. Conjunto Final de Variables	50
6.9. División de Datos	51

6.10. Resumen del Preprocesamiento	51
7. Modelado Predictivo	52
7.1. Estrategia General de Modelado	52
7.2. Modelos Baseline	52
7.2.1. Regresión Logística	52
7.2.2. Escala GRACE como Comparador	53
7.3. Algoritmos de Aprendizaje Automático Evaluados	53
7.3.1. Random Forest	53
7.3.2. XGBoost	54
7.3.3. LightGBM	54
7.3.4. Redes Neuronales	55
7.3.5. AutoML (si aplica)	55
7.4. Proceso de Optimización	55
7.4.1. Método de Búsqueda	56
7.4.2. Curvas de Aprendizaje	56
7.4.3. Curvas de Validación	57
7.5. Manejo del Desbalance de Clases	57
7.5.1. Técnicas Evaluadas	57
7.5.2. Técnica Seleccionada	57
7.6. Comparación de Modelos en Validación	58
7.7. Selección del Modelo Final	58
7.7.1. Criterios de Selección	58
7.7.2. Modelo Seleccionado	59
7.8. Calibración del Modelo	59
7.8.1. Método de Calibración	59
7.8.2. Curva de Calibración	59
7.9. Modelo de Ensamble (si aplica)	60
7.10. Almacenamiento y Versionado de Modelos	60
8. Resultados	60
8.1. Características de la Cohorte de Test	61
8.2. Métricas de Discriminación	61
8.2.1. Rendimiento Global	61
8.2.2. Curva ROC	62
8.2.3. Curva Precision-Recall	62
8.2.4. Matriz de Confusión	63
8.3. Métricas de Calibración	63
8.3.1. Curva de Calibración	64
8.3.2. Métricas de Calibración	64

8.4. Comparación con Modelos de Referencia	64
8.4.1. Tests de Significancia Estadística	65
8.5. Análisis de Utilidad Clínica	65
8.5.1. Decision Curve Analysis	65
8.5.2. Net Reclassification Index (NRI)	66
8.6. Análisis de Subgrupos	66
8.7. Análisis de Errores	67
8.7.1. Características de Falsos Negativos	67
8.8. Resumen de Resultados	67
9. Explicabilidad del Modelo	68
9.1. Importancia Global de Variables	68
9.1.1. Feature Importance Nativa	68
9.1.2. SHAP Summary Plot	68
9.1.3. SHAP Bar Plot	69
9.2. Efectos Parciales de Variables Individuales	69
9.2.1. SHAP Dependence Plots	70
9.2.2. Interpretación de Efectos	70
9.3. Interacciones entre Variables	71
9.3.1. SHAP Interaction Values	71
9.3.2. Interacciones Clínicamente Relevantes	71
9.4. Explicaciones Locales (Individuales)	72
9.4.1. SHAP Force Plots	72
9.4.2. SHAP Waterfall Plots	72
9.4.3. Ejemplos de Explicaciones Individuales	73
9.5. Análisis de Grupos de Riesgo	73
9.5.1. Estratificación por Probabilidad Predicha	73
9.5.2. Perfiles SHAP por Grupo	73
9.6. Validación Clínica de la Explicabilidad	74
9.7. Consistencia con Conocimiento Clínico	74
9.8. Implicaciones para la Práctica Clínica	74
9.9. Integración en la Herramienta Dashboard	75
10. Discusión	75
10.1. Resumen de Hallazgos Principales	75
10.2. Comparación con la Literatura	76
10.2.1. Rendimiento Comparativo	76
10.2.2. Variables Predictoras	76
10.3. Fortalezas del Estudio	77
10.4. Limitaciones del Estudio	78

10.4.1. Limitaciones Metodológicas	78
10.4.2. Limitaciones de los Datos	78
10.4.3. Limitaciones del Modelo	79
10.5. Implicaciones Clínicas	79
10.5.1. Potencial de Implementación	79
10.5.2. Beneficios Potenciales	80
10.5.3. Consideraciones de Implementación	80
10.6. Direcciones Futuras	80
10.6.1. Validación y Extensión	80
10.6.2. Mejoras del Modelo	81
10.6.3. Aspectos de Implementación	81
10.7. Consideraciones Éticas	82
11. Conclusiones	82
11.1. Conclusiones Principales	83
11.2. Respuesta a los Objetivos	83
11.2.1. Objetivo General	83
11.2.2. Objetivos Específicos	84
11.3. Contribuciones del Estudio	85
11.4. Mensaje Clave	85
11.5. Recomendaciones	85
11.5.1. Para Investigadores	85
11.5.2. Para Clínicos	86
11.5.3. Para Gestores de Salud	86
11.6. Reflexión Final	86
12. Limitaciones y Trabajo Futuro	87
12.1. Limitaciones del Estudio	87
12.1.1. Limitaciones del Diseño	87
12.1.2. Limitaciones de los Datos	87
12.1.3. Limitaciones del Modelo	88
12.1.4. Limitaciones de Validación	89
12.2. Sesgos Potenciales	89
12.3. Trabajo Futuro	89
12.3.1. Corto Plazo (6–12 meses)	89
12.3.2. Mediano Plazo (1–2 años)	90
12.3.3. Largo Plazo (2–5 años)	91
12.4. Consideraciones para Implementación	92
12.5. Propuesta de Colaboración	92

Contribuciones de los Autores	93
Declaración de Conflictos de Interés	93
Agradecimientos	93
Referencias Bibliográficas	94
A. Diccionario de Variables	95
A.1. Variables Incluidas en el Modelo Final	95
A.2. Variables Excluidas del Análisis	97
A.3. Transformaciones Aplicadas	97
B. Hiperparámetros y Configuración de Modelos	97
B.1. Configuración General	98
B.2. Regresión Logística	98
B.3. Random Forest	99
B.4. XGBoost	99
B.5. LightGBM	100
B.6. Red Neuronal (MLP)	101
B.7. Configuración de AutoML (si aplica)	101
B.8. Configuración de Calibración	102
B.9. Configuración de SHAP	102
B.10.Reproducibilidad	102
C. Código y Recursos	103
C.1. Estructura del Repositorio	103
C.2. Acceso al Código	104
C.3. Dependencias Principales	105
C.4. Instalación	105
C.5. Uso Básico	106
C.5.1. Entrenamiento de Modelos	106
C.5.2. Predicción con Modelo Entrenado	106
C.5.3. Ejecutar Dashboard	107
C.6. Notebooks de Referencia	107
C.7. Tests	107
C.8. Documentacion Tecnica	108
C.9. Licencia	108
C.10.Citacion	108
C.11.Contacto y Soporte	109

Lista de Acrónimos**110**

Índice de figuras

1.	Pipeline metodológico del estudio	30
2.	Distribución de la variable objetivo (mortalidad intrahospitalaria)	37
3.	Distribución de edad en la población de estudio	37
4.	Distribución por sexo y asociación con mortalidad	38
5.	Prevalencia de antecedentes patológicos personales	39
6.	Distribución de signos vitales al ingreso según outcome	40
7.	Distribución de clasificación Killip-Kimball y asociación con mortalidad	40
8.	Distribución de troponinas según outcome	41
9.	Distribución de marcadores renales y metabólicos	41
10.	Distribución de péptidos natriuréticos según outcome	42
11.	Matriz de correlaciones entre variables numéricas	42
12.	Patrón de datos faltantes	43
13.	Distribución de estrategias de reperfusión y tratamientos	43
14.	Distribución temporal de casos y mortalidad	44
15.	Pipeline de preprocesamiento de datos	45
16.	Análisis del mecanismo de datos faltantes	46
17.	Distribución de variables antes y después del tratamiento de outliers . .	47
18.	Importancia de características según modelos de ensemble	50
19.	Esquema de partición de datos	51
20.	Curvas de aprendizaje de los modelos principales	56
21.	Curvas de validación para hiperparámetros clave	57
22.	Distribución de AUROC en validación cruzada por modelo	58
23.	Curva de calibración del modelo final	59
24.	Curvas ROC comparativas en conjunto de test	62
25.	Curvas Precision-Recall comparativas	62
26.	Matriz de confusión del modelo final (umbral = [0.XXX])	63
27.	Curva de calibración del modelo final en conjunto de test	64
28.	Análisis de curva de decisión	65
29.	Rendimiento del modelo por subgrupos (Forest plot)	66
30.	Importancia de características según el modelo (gain/impurity)	68
31.	SHAP Summary Plot – Impacto global de variables	68
32.	Importancia media de variables según valores SHAP	69
33.	SHAP Dependence Plots para variables clave	70
34.	Matriz de interacciones SHAP	71
35.	SHAP Force Plot – Paciente de alto riesgo	72
36.	SHAP Force Plot – Paciente de bajo riesgo	72
37.	SHAP Waterfall Plots – Casos representativos	72

38.	Distribución de valores SHAP por grupo de riesgo	73
-----	--	----

Índice de tablas

1.	Variables incluidas en la escala GRACE	18
2.	Variables incluidas en la escala TIMI para IAM con elevación del ST	19
3.	Comparación de algoritmos de ML en predicción de mortalidad por IAM (revisión de literatura)	21
4.	Información general del conjunto de datos	22
5.	Resumen del tamaño muestral	23
6.	Variables demográficas y administrativas	23
7.	Variables de antecedentes patológicos personales	23
8.	Variables de presentación clínica al ingreso	24
9.	Variables electrocardiográficas	25
10.	Biomarcadores y pruebas de laboratorio	25
11.	Variables de tratamiento y procedimientos	26
12.	Variables de estudios de imagen	26
13.	Variables de complicaciones durante la hospitalización	27
14.	Variables de desenlace (outcome)	27
15.	Características del diseño del estudio	29
16.	Estrategias de imputación según tipo de variable y patrón de missingness	30
17.	Estrategias de codificación de variables categóricas	31
18.	Variables derivadas creadas	32
19.	Esquema de partición de datos	32
20.	Técnicas para manejo de desbalance de clases evaluadas	33
21.	Estrategia de optimización de hiperparámetros	34
22.	Métricas de discriminación	34
23.	Estrategia de validación	35
24.	Stack tecnológico utilizado	36
25.	Estadísticos descriptivos de edad	38
26.	Comparación de antecedentes patológicos entre grupos	39
27.	Mortalidad según clasificación Killip	41
28.	Variables con mayor porcentaje de datos faltantes	43
29.	Resumen de exclusiones de observaciones	45
30.	Variables excluidas del análisis	46
31.	Métodos de imputación por tipo de variable	46
32.	Outliers detectados por variable	47
33.	Codificación de variables binarias	48
34.	Variables con One-Hot Encoding	48

35.	Codificación de variables ordinales	48
36.	Variables transformadas logarítmicamente	48
37.	Métodos de escalado aplicados	49
38.	Nuevas variables creadas	49
39.	Resultados de pruebas de asociación univariada	50
40.	Resumen de variables incluidas en el modelo final	50
41.	Distribución de datos en cada partición	51
42.	Configuración del modelo de regresión logística	52
43.	Espacio de búsqueda de hiperparámetros – Random Forest	53
44.	Espacio de búsqueda de hiperparámetros – XGBoost	54
45.	Espacio de búsqueda de hiperparámetros – LightGBM	54
46.	Arquitectura y configuración – Red Neuronal	55
47.	Configuración de la búsqueda de hiperparámetros	56
48.	Comparación de técnicas de manejo de desbalance	57
49.	Rendimiento de modelos en validación cruzada	58
50.	Métodos de calibración evaluados	59
51.	Modelos almacenados	60
52.	Características basales del conjunto de test	61
53.	Métricas de discriminación del modelo final en conjunto de test	61
54.	Matriz de confusión – Valores numéricos	63
55.	Métricas de calibración	64
56.	Comparación del modelo final con benchmarks	64
57.	Comparación estadística de AUROCs (DeLong test)	65
58.	Índices de reclasificación respecto a modelo baseline	66
59.	Rendimiento del modelo por subgrupos	66
60.	Características de pacientes con falsos negativos	67
61.	Explicación de predicciones para casos representativos	73
62.	Características por tercil de riesgo predicho	73
63.	Consistencia de hallazgos SHAP con literatura clínica	74
64.	Comparación con estudios previos de ML en predicción de mortalidad por IAM	76
65.	Resumen de limitaciones metodológicas	87
66.	Análisis de sesgos potenciales	89
67.	Checklist para implementación clínica	92
68.	Diccionario de variables del modelo final	95
69.	Variables excluidas y motivo de exclusión	97
70.	Transformaciones aplicadas a cada variable	97
71.	Configuración general del proceso de modelado	98
72.	Hiperparámetros – Regresión Logística	98

73.	Hiperparámetros – Random Forest	99
74.	Hiperparámetros – XGBoost	99
75.	Hiperparámetros – LightGBM	100
76.	Hiperparámetros – Red Neuronal	101
77.	Configuración de AutoML	101
78.	Configuración de calibración de probabilidades	102
79.	Configuración de análisis SHAP	102
80.	Enlaces a recursos del proyecto	104
81.	Principales librerías Python utilizadas	105
82.	Notebooks disponibles	107

1 Introducción

1.1 Contexto y Motivación

El infarto agudo de miocardio (**Infarto Agudo de Miocardio (IAM)**) constituye una emergencia cardiovascular que representa una de las principales causas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial (Fox et al., 2006). Según la Organización Mundial de la Salud, las enfermedades cardiovasculares causan aproximadamente 17,9 millones de muertes anuales, de las cuales una proporción significativa corresponde a eventos coronarios agudos.

La identificación temprana de pacientes con alto riesgo de mortalidad intrahospitalaria resulta fundamental para:

- **Optimizar la estratificación de riesgo:** Clasificar pacientes según su probabilidad de eventos adversos.
- **Guiar decisiones terapéuticas:** Seleccionar estrategias de reperfusión y tratamiento farmacológico.
- **Asignar recursos:** Determinar niveles de monitorización y cuidados intensivos.
- **Informar al paciente y familia:** Comunicar pronóstico de manera fundamentada.

1.2 Escalas de Riesgo Tradicionales

Históricamente, la predicción de mortalidad en el **IAM** se ha basado en escalas clínicas derivadas de modelos de regresión logística:

- **Escala GRACE** (*Global Registry of Acute Coronary Events*): Desarrollada a partir de un registro multinacional, incorpora variables como edad, frecuencia cardíaca, presión arterial sistólica, creatinina sérica, clase Killip, elevación de biomarcadores cardíacos, desviación del segmento ST y parada cardiorrespiratoria (Fox et al., 2006).
- **Escala TIMI** (*Thrombolysis In Myocardial Infarction*): Derivada de ensayos clínicos, utiliza un conjunto reducido de variables fácilmente disponibles (Antman et al., 2000).
- **ACTION Registry-GWTG:** Incorpora datos contemporáneos incluyendo tratamientos de reperfusión (Morrow et al., 2013).

1.3 Limitaciones de los Enfoques Tradicionales

A pesar de su amplia validación, las escalas clásicas presentan limitaciones relevantes:

1. **Asunciones de linealidad:** Los modelos de regresión logística asumen relaciones lineales entre predictores y el logit de la probabilidad, lo cual puede no reflejar la complejidad biológica real.
2. **Interacciones no capturadas:** Las interacciones de alto orden entre variables (ej. edad \times función renal \times biomarcadores) no se modelan adecuadamente.
3. **Dependencia del contexto:** Escalas desarrolladas en poblaciones específicas pueden perder rendimiento en cohortes diferentes.
4. **Variables faltantes:** Muchas escalas requieren determinaciones analíticas que no siempre están disponibles en entornos con recursos limitados.

1.4 Aprendizaje Automático en Predicción Clínica

El [Machine Learning \(ML\)](#) ofrece un paradigma alternativo que permite:

- Capturar relaciones no lineales y de alta complejidad entre variables.
- Manejar grandes volúmenes de datos heterogéneos.
- Identificar patrones predictivos no evidentes mediante análisis convencional.
- Proporcionar interpretabilidad mediante técnicas de explicabilidad ([SHapley Additive exPlanations \(SHAP\)](#)).

Estudios recientes han demostrado que algoritmos como [Extreme Gradient Boosting \(XGBoost\)](#), [Random Forest \(RF\)](#) y redes neuronales pueden superar el rendimiento de escalas tradicionales en la predicción de mortalidad por [IAM](#) (Oliveira et al., 2023; Zhu et al., 2024).

1.5 Objetivos del Estudio

1.5.1 Objetivo General

Desarrollar y validar modelos de aprendizaje automático para predecir la mortalidad intrahospitalaria en pacientes con infarto agudo de miocardio utilizando datos del Registro Cubano de Infarto Agudo de Miocardio (RECUIMA).

1.5.2 Objetivos Específicos

1. Caracterizar el perfil clínico y demográfico de los pacientes con IAM en el registro RECUIMA.
2. Implementar y comparar múltiples algoritmos de clasificación:
 - Regresión Logística (baseline)
 - Random Forest
 - Gradient Boosting (XGBoost, LightGBM)
 - Redes Neuronales Artificiales
 - Modelos de ensamble
3. Evaluar el rendimiento predictivo mediante métricas de:
 - Discriminación (AUROC, AUPRC)
 - Calibración (curva de calibración, Brier score)
 - Utilidad clínica (curvas de decisión)
4. Comparar el rendimiento de los modelos de ML con las escalas GRACE y TIMI.
5. Identificar los predictores más importantes mediante análisis de explicabilidad SHAP.
6. Desarrollar una herramienta de predicción integrada en un dashboard interactivo.

1.6 Estructura del Informe

El presente informe se organiza siguiendo las recomendaciones de las guías TRI-POD+AI para el reporte transparente de modelos de predicción clínica:

- **Sección 2:** Estado del arte en predicción de mortalidad por IAM.
- **Sección 3:** Descripción detallada del dataset RECUIMA.
- **Sección 4:** Metodología de desarrollo y validación.
- **Sección 5:** Análisis exploratorio de datos.
- **Sección 6:** Preprocesamiento y preparación de datos.
- **Sección 7:** Desarrollo de modelos predictivos.
- **Sección 8:** Resultados y evaluación de rendimiento.

- **Sección 9:** Análisis de explicabilidad.
- **Sección 10:** Discusión de hallazgos.
- **Sección 11:** Conclusiones.
- **Sección 12:** Limitaciones y trabajo futuro.

2 Estado del Arte

2.1 Modelos Clásicos de Predicción de Mortalidad en IAM

Las escalas de riesgo clásicas constituyen la base sobre la que se ha desarrollado la predicción pronóstica en el IAM. Entre las más utilizadas destacan:

2.1.1 Escala GRACE

El *Global Registry of Acute Coronary Events* (Fox et al., 2006) representa el estándar de referencia actual para la estratificación de riesgo en síndromes coronarios agudos. La escala GRACE incorpora las siguientes variables:

Tabla 1. Variables incluidas en la escala GRACE

Variable	Tipo	Rango de puntos
Edad	Continua	0–100
Frecuencia cardíaca	Continua	0–46
Presión arterial sistólica	Continua	0–58
Creatinina sérica	Continua	0–28
Clase Killip	Categórica	0–59
Parada cardiorrespiratoria al ingreso	Binaria	0–39
Desviación del segmento ST	Binaria	0–28
Elevación de biomarcadores	Binaria	0–14

2.1.2 Escala TIMI

La escala *Thrombolysis In Myocardial Infarction* (Antman et al., 2000) ofrece una alternativa más sencilla, derivada de ensayos clínicos controlados:

Tabla 2. Variables incluidas en la escala TIMI para IAM con elevación del ST

Variable	Puntos
Edad ≥ 75 años	3
Edad 65–74 años	2
Diabetes, hipertensión o angina	1
PAS < 100 mmHg	3
FC > 100 lpm	2
Killip II–IV	2
Peso < 67 kg	1
Elevación ST anterior o BRIHH	1
Tiempo hasta reperfusión > 4 horas	1

2.1.3 Otras Escalas Contemporáneas

- **ACTION Registry-GWTG:** Incorpora datos contemporáneos incluyendo biomarcadores y tratamientos de reperfusión, mejorando la discriminación en poblaciones modernas (Morrow et al., 2013).
- **ProACS:** Desarrollada específicamente para poblaciones europeas, con énfasis en la presentación clínica inicial (Pinto et al., 2015).

2.2 Limitaciones de los Modelos Tradicionales

Los modelos basados en regresión logística presentan limitaciones inherentes:

1. **Asunciones de linealidad:** Relaciones lineales entre variables independientes y el logit del resultado.
2. **Interacciones predefinidas:** Requieren especificación explícita de términos de interacción.
3. **Distribuciones asimétricas:** Dificultad para manejar variables con distribuciones no gaussianas.
4. **Colinealidad:** Sensibilidad a correlaciones entre predictores.
5. **Falta de actualización:** Modelos estáticos que no se adaptan a cambios en la práctica clínica.

2.3 Aprendizaje Automático en Predicción Cardiovascular

2.3.1 Evolución Histórica

El uso de técnicas de ML en cardiología ha experimentado un crecimiento exponencial en la última década, impulsado por:

- Disponibilidad de grandes bases de datos clínicos (EHR, registros).
- Avances en capacidad computacional.
- Desarrollo de algoritmos más sofisticados.
- Técnicas de explicabilidad que facilitan la interpretación.

2.3.2 Estudios Relevantes

Punto Clave

Principales hallazgos en la literatura:

- Los modelos de gradient boosting (XGBoost, LightGBM) consistentemente superan a la regresión logística en predicción de mortalidad por IAM.
- El AUROC de modelos de ML típicamente oscila entre 0.85–0.93, comparado con 0.75–0.82 para escalas tradicionales.
- Variables como edad, presión arterial, función renal y biomarcadores cardíacos emergen consistentemente como los predictores más importantes.

Zhu et al. (2024) Estudio multicéntrico con más de 20,000 pacientes con IAM. El modelo XGBoost alcanzó un AUROC de 0.93, significativamente superior a GRACE (0.81) y TIMI (0.78). Los predictores más importantes fueron: edad, presión arterial sistólica, fracción de eyección, NT-proBNP y creatinina (Zhu et al., 2024).

Oliveira et al. (2023) Comparación sistemática de algoritmos (regresión logística penalizada, random forest, XGBoost, redes neuronales) en 5,000 pacientes. Los modelos basados en árboles mostraron mejor rendimiento global (AUROC = 0.89) y mejor calibración (Oliveira et al., 2023).

Wang et al. (2022) Integración de biomarcadores inflamatorios (proteína C reactiva, leucocitos) y función renal (filtrado glomerular estimado) en modelos de ML. La combinación de variables clínicas y analíticas mejoró significativamente la predicción (Wang et al., 2022).

2.3.3 Comparación de Algoritmos

Tabla 3. Comparación de algoritmos de ML en predicción de mortalidad por IAM (revisión de literatura)

Algoritmo	AUROC	Sensibilidad	Especificidad	Ventajas
Regresión Logística	0.75–0.82	0.65–0.75	0.70–0.80	Interpretable, baseline
Random Forest	0.82–0.88	0.70–0.82	0.75–0.85	Robusto, no lineal
XGBoost	0.85–0.93	0.75–0.88	0.80–0.90	Alto rendimiento
Redes Neuronales	0.80–0.90	0.70–0.85	0.75–0.88	Patrones complejos
Ensamblados	0.87–0.94	0.78–0.90	0.82–0.92	Combina fortalezas

2.4 Predicción de Arritmias Ventriculares

Las arritmias ventriculares (taquicardia y fibrilación ventricular) constituyen una causa principal de muerte súbita intrahospitalaria en pacientes con IAM. Los enfoques de ML se han centrado en:

- **Análisis de señales ECG:** Redes neuronales convolucionales (CNN) para detección de patrones arritmogénicos.
- **Variables clínicas tabulares:** Random Forest y XGBoost usando variables como intervalo QTc, bloqueo de rama, número de derivaciones afectadas.
- **Modelos híbridos:** Combinación de datos estructurados y señales electrocardiográficas.

2.5 Desafíos y Vacíos en la Literatura

1. **Validación externa limitada:** Mayoría de estudios validan en la misma cohorte de desarrollo.
2. **Desbalance de clases:** Mortalidad intrahospitalaria típicamente <10 %, generando sesgos hacia la clase mayoritaria.
3. **Interpretabilidad:** Modelos de caja negra dificultan la adopción clínica; técnicas SHAP y LIME mitigan este problema.
4. **Calibración:** Modelos con buena discriminación pero mala calibración pueden inducir decisiones erróneas.
5. **Heterogeneidad poblacional:** Modelos desarrollados en un contexto pueden no generalizar a otras poblaciones.
6. **Datos faltantes:** Estrategias de imputación pueden introducir sesgos.

2.6 Oportunidades de Investigación

- Desarrollo de modelos específicos para poblaciones latinoamericanas y caribeñas.
- Integración multimodal de datos clínicos, analíticos, electrocardiográficos e imagenológicos.
- Actualización dinámica del riesgo durante la hospitalización.
- Evaluación de impacto clínico mediante ensayos de implementación.
- Modelos federados que preserven la privacidad de datos.

2.7 Marco Teórico del Presente Estudio

El presente trabajo se fundamenta en:

1. **Teoría de aprendizaje estadístico:** Principios de generalización, sesgo-varianza, regularización.
2. **Medicina basada en evidencia:** Evaluación rigurosa de rendimiento predictivo.
3. **Explicabilidad de IA (*Explainable AI*):** Técnicas SHAP para interpretación de modelos complejos.
4. **Guías TRIPOD+AI:** Estándares para reporte transparente de modelos de predicción.

3 Descripción del Conjunto de Datos

3.1 Fuente de Datos

Tabla 4. Información general del conjunto de datos

Característica	Descripción
Nombre del registro	[Nombre del registro/base de datos]
Institución	[Hospital/Centro de origen]
País/Región	[País y región geográfica]
Período de recolección	[Fecha inicio] – [Fecha fin]
Población objetivo	Pacientes con diagnóstico de IAM
Criterios de inclusión	[Enumerar criterios de inclusión]
Criterios de exclusión	[Enumerar criterios de exclusión]

3.2 Tamaño Muestral y Estructura

Tabla 5. Resumen del tamaño muestral

Métrica	Valor
Número total de pacientes	[N total]
Variables totales (originales)	185
Eventos de interés (mortalidad)	[n eventos (%)]
Supervivientes	[n no eventos (%)]
Tasa de eventos	[X.XX %]

3.3 Categorización de Variables

El conjunto de datos contiene 185 variables organizadas en las siguientes categorías funcionales:

3.3.1 Variables Demográficas y Administrativas

Tabla 6. Variables demográficas y administrativas

Variable	Tipo	Descripción
EDAD	Numérica	Edad del paciente en años
SEXO	Categórica	Sexo biológico (Masculino/Femenino)
FECHA_INGRESO	Fecha	Fecha de admisión hospitalaria
FECHA_ALTA	Fecha	Fecha de alta o fallecimiento
ESTANCIA	Numérica	Días de estancia hospitalaria

3.3.2 Antecedentes Patológicos

Tabla 7. Variables de antecedentes patológicos personales

Variable	Tipo	Descripción	Valores posibles
APP_HTA	Binaria	Hipertensión arterial	Sí/No
APP_DM	Binaria	Diabetes mellitus	Sí/No
APP_DISLIPIDEMIA	Binaria	Dislipidemia	Sí/No
APP_TABAQUISMO	Categórica	Estado de tabaquismo	Activo/Exfumador

Tabla 7 – Continuación

Variable	Tipo	Descripción	Valores posibles
APP_OBESIDAD	Binaria	Obesidad ($IMC \geq 30$)	Sí/No
APP_IAM_PREVIO	Binaria	IAM previo	Sí/No
APP_ICP_PREVIO	Binaria	Angioplastia previa	Sí/No
APP_CABG_PREVIO	Binaria	Cirugía coronaria previa	Sí/No
APP_ERC	Binaria	Enfermedad renal crónica	Sí/No
APP_FA	Binaria	Fibrilación auricular	Sí/No
APP_ICTUS	Binaria	Ictus/ACV previo	Sí/No
APP_EAP	Binaria	Enfermedad arterial periférica	Sí/No
[Otras variables de antecedentes...]			

3.3.3 Presentación Clínica

Tabla 8. Variables de presentación clínica al ingreso

Variable	Tipo	Descripción	Unidad
PAS	Numérica	Presión arterial sistólica	mmHg
PAD	Numérica	Presión arterial diastólica	mmHg
FC	Numérica	Frecuencia cardíaca	lpm
FR	Numérica	Frecuencia respiratoria	rpm
SAT_O2	Numérica	Saturación de oxígeno	%
KILLIP	Categorica	Clasificación Killip-Kimball	I-IV
DOLOR_TIPICO	Binaria	Dolor torácico típico	Sí/No
TIEMPO_SINTOMAS	Numérica	Tiempo desde inicio de síntomas	horas

3.3.4 Variables Electrocardiográficas

Tabla 9. Variables electrocardiográficas

Variable	Tipo	Descripción
ECG_RITMO	Categórica	Ritmo cardíaco (sinusal, FA, etc.)
ECG_ELEVACION_ST	Binaria	Presencia de elevación del ST
ECG_N_DERIVACIONES_ST	Numérica	Número de derivaciones con elevación ST
ECG_LOCALIZACION	Categórica	Localización del IAM (anterior, inferior, etc.)
ECG_BRIHH	Binaria	Bloqueo de rama izquierda
ECG_QTc	Numérica	Intervalo QT corregido (ms)

3.3.5 Biomarcadores de Laboratorio

Tabla 10. Biomarcadores y pruebas de laboratorio

Variable	Tipo	Descripción	Unidad	Referencia
TROPONINA_I	Numérica	Troponina I cardíaca	ng/mL	<0.05
TROPONINA_T	Numérica	Troponina T cardíaca	ng/mL	<0.05
CK_MB	Numérica	Creatina quinasa MB	U/L	<25
BNP	Numérica	Péptido natriurético B	pg/mL	<100
NT_PROBNP	Numérica	NT-proBNP	pg/mL	<300
CREATININA	Numérica	Creatinina sérica	mg/dL	0.7-1.3
TFG_E	Numérica	Tasa filtrado glomerular estimada	mL/min/1.73m ²	>60
GLUCOSA	Numérica	Glucemia	mg/dL	70-100
HBA1C	Numérica	Hemoglobina glicosilada	%	<5.7
HEMOGLOBINA	Numérica	Hemoglobina	g/dL	12-16
LEUCOCITOS	Numérica	Recuento de leucocitos	×10 ⁹ /L	4-11
PLAQUETAS	Numérica	Recuento de plaquetas	×10 ⁹ /L	150-400
COLESTEROL_TOTAL	Numérica	Colesterol total	mg/dL	<200
LDL	Numérica	Colesterol LDL	mg/dL	<100
HDL	Numérica	Colesterol HDL	mg/dL	>40
TRIGLICERIDOS	Numérica	Triglicéridos	mg/dL	<150
PCR	Numérica	Proteína C reactiva	mg/L	<3

Tabla 10 – Continuación

Variable	Tipo	Descripción	Unidad	Re
[Otras variables de laboratorio...]				

3.3.6 Tratamientos y Procedimientos

Tabla 11. Variables de tratamiento y procedimientos

Variable	Tipo	Descripción
TTO_FIBRINOLISIS	Binaria	Fibrinólisis administrada
TTO_ICP_PRIMARIA	Binaria	Intervención coronaria percutánea primaria
TIEMPO_PUERTA_BALON	Numérica	Tiempo puerta-balón (minutos)
TTO_ASPIRINA	Binaria	Ácido acetilsalicílico
TTO_CLOPIDOGREL	Binaria	Clopidogrel
TTO_TICAGRELOR	Binaria	Ticagrelor
TTO_HEPARINA	Binaria	Heparina
TTO_BETABLOQUEANTE	Binaria	Betabloqueantes
TTO_IECA_ARA2	Binaria	IECA o ARA2
TTO_ESTATINA	Binaria	Estatinas
TTO_VENTILACION	Binaria	Ventilación mecánica
TTO_VASOACTIVOS	Binaria	Fármacos vasoactivos

3.3.7 Variables de Imagen

Tabla 12. Variables de estudios de imagen

Variable	Tipo	Descripción	Unidad
ECO_FEVI	Numérica	Fracción de eyección VI	%
ECO_ALTERACION_SEGMENTARIA	Binaria	Alteraciones de contractilidad	Sí/No
ECO_VALVULOPATIA	Binaria	Valvulopatía asociada	Sí/No
CORO_N_VASOS	Numérica	Número de vasos enfermos	0–3
CORO_TCI	Binaria	Enfermedad del tronco coronario izquierdo	Sí/No

3.3.8 Complicaciones Intrahospitalarias

Tabla 13. Variables de complicaciones durante la hospitalización

Variable	Tipo	Descripción
COMP_ARRITMIA_VENT	Binaria	Arritmia ventricular maligna (TV/FV)
COMP_BAV	Binaria	Bloqueo auriculoventricular
COMP_ICC	Binaria	Insuficiencia cardíaca congestiva
COMP_SHOCK	Binaria	Shock cardiogénico
COMP_REINFARTO	Binaria	Reinfarto intrahospitalario
COMP_SANGRADO	Binaria	Sangrado mayor (criterios BARC)
COMP_IRA	Binaria	Injuría renal aguda
COMP_ICTUS	Binaria	Ictus intrahospitalario

3.3.9 Variables Outcome

Tabla 14. Variables de desenlace (outcome)

Variable	Tipo	Descripción
MORTALIDAD_HOSP	Binaria	Variable objetivo principal: Mortalidad intrahospitalaria
CAUSA_MUERTE	Categorica	Causa de muerte (cardiogénica, arrítmica, etc.)
DESTINO_ALTA	Categorica	Destino al alta (domicilio, otro hospital, etc.)

3.4 Consideraciones sobre Calidad de Datos

3.4.1 Datos Faltantes

COMPLETAR

[COMPLETAR CON ANÁLISIS REAL]

Incluir aquí:

- Tabla o figura con porcentaje de datos faltantes por variable
- Identificación de patrones de missingness (MCAR, MAR, MNAR)
- Variables con >20 % de valores faltantes que requieren tratamiento especial

Ejemplo de presentación:

Variable	% Faltantes	Patrón estimado
-----	-----	-----
NT_PROBNP	35.2%	MAR
TIEMPO_PUERTA_BALON	28.7%	MNAR (no ICP)
ECO_FEVI	15.3%	MAR

3.4.2 Valores Atípicos Identificados

COMPLETAR

[COMPLETAR CON ANÁLISIS REAL]

Documentar:

- Variables con valores fuera de rangos fisiológicos
- Estrategia de manejo de outliers
- Número de observaciones afectadas

3.5 Resumen Descriptivo Preliminar

COMPLETAR

[INSERTAR TABLA RESUMEN]

Tabla con estadísticos descriptivos básicos:

- Variables numéricas: media ± DE, mediana [IQR], rango
- Variables categóricas: frecuencia (porcentaje)
- Comparación entre fallecidos vs. supervivientes (test t, U de Mann-Whitney, χ^2)

Formato sugerido:

Variable	Total (N=xxx)	Fallecidos (n=xx)	Supervivientes (n=xxx)	p-value
-----	-----	-----	-----	-----
Edad, años	xx.x ± xx.x	xx.x ± xx.x	xx.x ± xx.x	<0.001
Sexo masculino	xxx (xx.x%)	xx (xx.x%)	xxx (xx.x%)	0.002

3.6 Consideraciones Éticas y de Privacidad

- **Aprobación ética:** [Número/referencia del comité de ética] .
- **Consentimiento informado:** [Tipo de consentimiento obtenido] .
- **Anonimización:** Todos los datos fueron desidentificados según normativa [LOPD/RGPD/eq]
- **Almacenamiento:** Datos almacenados en servidores seguros con acceso restringido.

4 Metodología

Este estudio sigue las recomendaciones de las guías TRIPOD+AI (Transparent Reporting of a multivariable prediction model for Individual Prognosis Or Diagnosis with Artificial Intelligence) para el desarrollo y reporte de modelos de predicción clínica basados en aprendizaje automático (Steyerberg, 2019).

4.1 Diseño del Estudio

Tabla 15. Características del diseño del estudio

Aspecto	Descripción
Tipo de estudio	Estudio de desarrollo y validación de modelo predictivo
Enfoque analítico	Supervisado (clasificación binaria)
Variable objetivo	Mortalidad intrahospitalaria
Horizonte de predicción	Durante la hospitalización índice
Marco temporal	Retrospectivo
Validación	[Interna/Externa/Temporal]

4.2 Pipeline de Análisis

El flujo de trabajo completo se presenta en la Figura 1:

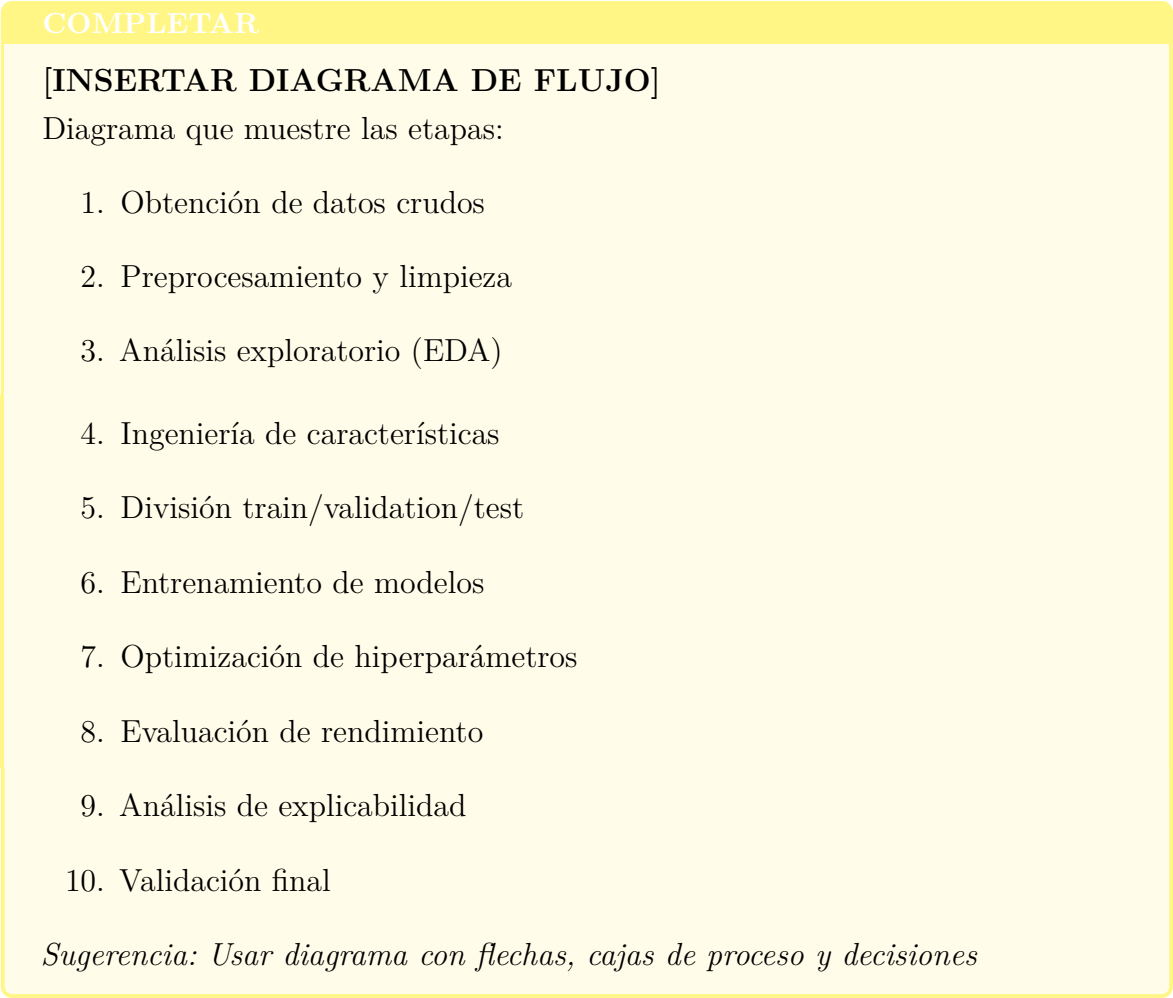


Figura 1. Pipeline metodológico del estudio

4.3 Preprocesamiento de Datos

4.3.1 Tratamiento de Datos Faltantes

Tabla 16. Estrategias de imputación según tipo de variable y patrón de missingness

Tipo de variable	Estrategia	Justificación
Numéricas (MAR)	[KNN/MICE/Mediana]	[Justificar]
Numéricas (MNAR)	[Indicador + imputación]	Preservar información de missingness
Categóricas	[Moda/Categoría “Desconocido”]	[Justificar]

Variables excluidas por exceso de datos faltantes ($> [XX] \%$):

COMPLETAR**[LISTAR VARIABLES EXCLUIDAS]**

- Variable_1 (XX % faltantes)
- Variable_2 (XX % faltantes)
- ...

4.3.2 Tratamiento de Valores Atípicos

- Detección: Método [IQR/Z-score/Isolation Forest] .
- Manejo: [Winsorización al percentil 1-99 / Exclusión / Transformación] .
- Variables afectadas: [Listar variables con outliers tratados] .

4.3.3 Codificación de Variables Categóricas**Tabla 17.** Estrategias de codificación de variables categóricas

Tipo	Codificación	Variables
Binarias	0/1	[Listar]
Nominales (baja cardinalidad)	One-Hot Encoding	[Listar]
Nominales (alta cardinalidad)	Target Encoding	[Listar]
Ordinales	Ordinal Encoding	[Listar (ej. Killip I→IV)]

4.3.4 Transformación y Normalización

- Variables sesgadas: Transformación [log/Box-Cox/Yeo-Johnson] .
- Normalización: [StandardScaler/MinMaxScaler/RobustScaler] .
- Variables aplicadas: [Listar variables transformadas] .

4.4 Ingeniería de Características

4.4.1 Creación de Variables Derivadas

Tabla 18. Variables derivadas creadas

Variable nueva	Fórmula/Definición	Justificación clínica
[VARIABLE_1]	[Fórmula]	[Justificación]
[VARIABLE_2]	[Fórmula]	[Justificación]
[SCORE_GRACE_CALC]	Cálculo según fórmula original	Comparación con baseline

4.4.2 Selección de Características

Métodos aplicados:

1. **Filtrado:** Correlación con variable objetivo, test χ^2 /ANOVA.
2. **Embedded:** Importancia de características en RF y XGBoost.
3. **Wrapper:** [RFE/Boruta/Forward-Backward selection] .

COMPLETAR

[INSERTAR RESULTADO DE SELECCIÓN]

Número de variables seleccionadas: XX de 185 originales.

Variables finales incluidas en el modelo:

1. Variable_1
2. Variable_2
3. ...

4.5 División de Datos

Tabla 19. Esquema de partición de datos

Conjunto	Porcentaje	N pacientes	Uso
Entrenamiento	[70 %]	[N]	Ajuste de modelos
Validación	[15 %]	[N]	Optimización de hiperparámetros
Test	[15 %]	[N]	Evaluación final

- **Estratificación:** Por variable objetivo (mortalidad) para mantener proporción de eventos.
- **Semilla aleatoria:** [42/123/...] para reproducibilidad.

4.6 Manejo del Desbalance de Clases

Dado que la mortalidad intrahospitalaria por IAM típicamente oscila entre 5–10 %, se implementaron las siguientes estrategias:

Tabla 20. Técnicas para manejo de desbalance de clases evaluadas

Técnica	Descripción	Aplicada
Class weights	Ponderación inversa a frecuencia de clase	[Sí/No]
SMOTE	Synthetic Minority Over-sampling	[Sí/No]
ADASYN	Adaptive Synthetic Sampling	[Sí/No]
Random Undersampling	Submuestreo de clase mayoritaria	[Sí/No]
Threshold adjustment	Ajuste del umbral de decisión	[Sí/No]

4.7 Algoritmos de Aprendizaje Automático

4.7.1 Modelos Evaluados

1. **Regresión Logística Penalizada** (Regresión Logística (LR)): Modelo baseline lineal con regularización [L1/L2/ElasticNet] .
2. **Random Forest (RF)**: Ensamble de árboles de decisión con bagging y selección aleatoria de características.
3. **XGBoost**: Gradient boosting optimizado con regularización y manejo de missings.
4. **LightGBM**: Gradient boosting basado en histogramas para eficiencia computacional.
5. **Redes Neuronales** (Red Neuronal (NN)): [Arquitectura MLP/TabNet especificada en]
6. [AutoML (AutoKeras/Auto-sklearn)] : Búsqueda automatizada de arquitecturas y hiperparámetros.

4.7.2 Optimización de Hiperparámetros

Tabla 21. Estrategia de optimización de hiperparámetros

Aspecto	Configuración
Método de búsqueda	[Grid Search/Random Search/Bayesian Optimization]
Validación cruzada	[5-fold/10-fold] estratificada
Métrica de optimización	[AUROC/F1-Score/Brier Score]
Early stopping	[Sí, N iteraciones sin mejora]

El espacio de búsqueda de hiperparámetros se detalla en el Apéndice B.

4.8 Métricas de Evaluación

4.8.1 Discriminación

Tabla 22. Métricas de discriminación

Métrica	Descripción
Área Bajo la Curva ROC (AUROC)	Área bajo la curva ROC. Probabilidad de que el modelo asigne mayor riesgo a un caso positivo que a uno negativo.
AUPRC	Área bajo la curva Precision-Recall. Más informativa con clases desbalanceadas.
Sensibilidad	Tasa de verdaderos positivos (recall).
Especificidad	Tasa de verdaderos negativos.
Precisión	Valor predictivo positivo.
F1-Score	Media armónica de precisión y recall.

4.8.2 Calibración

- **Curva de calibración:** Probabilidades predichas vs. frecuencias observadas por deciles.
- **Brier Score:** $BS = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (p_i - y_i)^2$, donde menor es mejor.
- **Test de Hosmer-Lemeshow:** Bondad de ajuste de probabilidades calibradas.
- **Calibration slope e intercept:** Regresión logística de outcomes sobre probabilidades predichas.

4.8.3 Utilidad Clínica

- **Decision Curve Analysis:** Beneficio neto a diferentes umbrales de probabilidad.
- **Net Reclassification Index (NRI):** Mejora en reclasificación respecto a modelo baseline.
- **Integrated Discrimination Index (IDI):** Mejora en separación de probabilidades.

4.9 Análisis de Explicabilidad

Para garantizar la interpretabilidad clínica del modelo, se aplicaron las siguientes técnicas:

4.9.1 Explicabilidad Global

- **Feature Importance:** Importancia permutacional y basada en ganancia (para modelos de árboles).
- **SHAP Summary Plot:** Distribución del impacto de cada variable en las predicciones.
- **Partial Dependence Plots:** Efecto marginal de variables individuales.

4.9.2 Explicabilidad Local

- **SHAP Force Plots:** Explicación de predicciones individuales.
- **SHAP Waterfall Plots:** Contribución acumulativa de variables por caso.

4.10 Validación del Modelo

Tabla 23. Estrategia de validación

Tipo de validación	Descripción
Validación interna	Validación cruzada [K] -fold en conjunto de entrenamiento
Validación temporal	[Si aplica: datos de período posterior]
Validación externa	[Si aplica: datos de otra institución]
Análisis de sensibilidad	Estabilidad ante diferentes imputaciones/particiones

4.11 Herramientas Tecnológicas

Tabla 24. Stack tecnológico utilizado

Componente	Herramienta/Versión
Lenguaje de programación	Python 3.x
Manipulación de datos	pandas, numpy
Visualización	matplotlib, seaborn, plotly
Aprendizaje automático	scikit-learn, XGBoost, LightGBM
Redes neuronales	[TensorFlow/PyTorch/AutoKeras]
Explicabilidad	SHAP, eli5
Tracking de experimentos	MLflow
Interfaz de usuario	Streamlit
Control de versiones	Git, GitHub
Documentación	MkDocs

4.12 Reproducibilidad

Para garantizar la reproducibilidad del estudio:

- Todo el código fuente está disponible en [\[enlace a repositorio\]](#).
- Se fijaron semillas aleatorias en todos los procesos estocásticos.
- Las dependencias están especificadas en archivos `requirements.txt` y `environment.yml`.
- Los modelos entrenados se guardaron en formato serializado (`.joblib`).
- Se utilizó MLflow para el tracking de experimentos y versiones de modelos.

5 Análisis Exploratorio de Datos

El Análisis Exploratorio de Datos (EDA) constituye una fase fundamental para comprender la estructura, calidad y distribución de los datos antes del modelado predictivo.

5.1 Distribución de la Variable Objetivo

COMPLETAR

[INSERTAR GRÁFICO DE BARRAS]

Gráfico de barras mostrando:

- Número de supervivientes vs. fallecidos
- Porcentajes correspondientes
- Destacar el desbalance de clases

Código sugerido: `plt.bar(['Supervivientes', 'Fallecidos'], [n_surv, n_fall])`

Figura 2. Distribución de la variable objetivo (mortalidad intrahospitalaria)

Punto Clave

Hallazgo clave: La tasa de mortalidad intrahospitalaria fue del [X.XX %] (n= [XX] de [N] pacientes), confirmando el desbalance de clases característico de este tipo de estudios.

5.2 Análisis de Variables Demográficas

5.2.1 Distribución de Edad

COMPLETAR

[INSERTAR HISTOGRAMA/BOXPLOT DE EDAD]

Panel con:

- Histograma de edad con curva de densidad
- Boxplot comparando edad entre fallecidos y supervivientes
- Estadísticos: media, mediana, DE, rango

Figura 3. Distribución de edad en la población de estudio

Tabla 25. Estadísticos descriptivos de edad

Grupo	N	Media ± DE	Mediana [IQR]	Rango
Total	[N]	[XX.X ± XX.X]	[XX [XX–XX]]	[XX–XX]
Supervivientes	[n]	[XX.X ± XX.X]	[XX [XX–XX]]	[XX–XX]
Fallecidos	[n]	[XX.X ± XX.X]	[XX [XX–XX]]	[XX–XX]
<i>p</i> -valor (test <i>t</i> /Mann-Whitney): [<i>p</i> = X.XXX]				

5.2.2 Distribución por Sexo

COMPLETAR

[INSERTAR GRÁFICO DE BARRAS AGRUPADAS]

Gráfico mostrando:

- Distribución de sexo en toda la cohorte
- Distribución de sexo según outcome
- Porcentajes y frecuencias

Figura 4. Distribución por sexo y asociación con mortalidad

5.3 Análisis de Antecedentes Patológicos

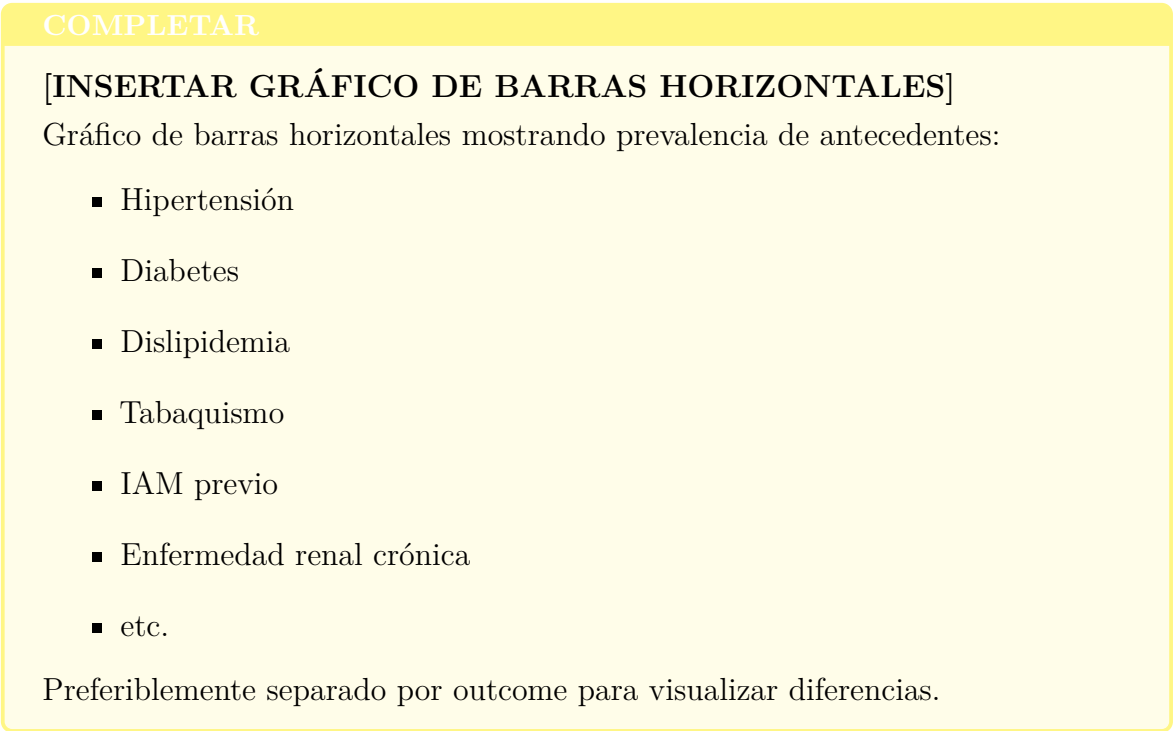


Figura 5. Prevalencia de antecedentes patológicos personales

Tabla 26. Comparación de antecedentes patológicos entre grupos

Antecedente	Supervivientes n(%)	Fallecidos n(%)	p-valor
Hipertensión	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Diabetes mellitus	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Dislipidemia	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Tabaquismo activo	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
IAM previo	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
ICP previa	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
ERC	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Fibrilación auricular	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]

5.4 Análisis de Variables Clínicas de Presentación

5.4.1 Signos Vitales al Ingreso

COMPLETAR

[INSERTAR GRID DE BOXPLOTS]

Panel 2x3 o similar con boxplots comparativos (supervivientes vs. fallecidos):

- Presión arterial sistólica
- Presión arterial diastólica
- Frecuencia cardíaca
- Frecuencia respiratoria
- Saturación de oxígeno
- Temperatura (si disponible)

Figura 6. Distribución de signos vitales al ingreso según outcome

5.4.2 Clasificación Killip al Ingreso

COMPLETAR

[INSERTAR GRÁFICO DE BARRAS APILADAS]

Distribución de clases Killip I–IV:

- En toda la cohorte
- Estratificada por outcome
- Mostrar gradiente de mortalidad por clase Killip

Figura 7. Distribución de clasificación Killip-Kimball y asociación con mortalidad

Tabla 27. Mortalidad según clasificación Killip

Clase Killip	N pacientes	Fallecidos	Mortalidad (%)	IC 95 %
I (sin IC)	[N]	[n]	[X.X %]	[[X.X–X.X]]
II (IC leve)	[N]	[n]	[X.X %]	[[X.X–X.X]]
III (EAP)	[N]	[n]	[X.X %]	[[X.X–X.X]]
IV (Shock)	[N]	[n]	[X.X %]	[[X.X–X.X]]

5.5 Análisis de Biomarcadores

5.5.1 Troponinas y Marcadores de Necrosis

COMPLETAR

[INSERTAR BOXPLOTS DE TROPONINAS]

Comparación de niveles de:

- Troponina I o T
- CK-MB

Entre supervivientes y fallecidos (usar escala logarítmica si hay valores extremos).

Figura 8. Distribución de troponinas según outcome

5.5.2 Biomarcadores Renales y Metabólicos

COMPLETAR

[INSERTAR PANEL DE DISTRIBUCIONES]

Variables a mostrar:

- Creatinina
- TFG estimada
- Glucemia
- HbA1c (si disponible)

Figura 9. Distribución de marcadores renales y metabólicos

5.5.3 Péptidos Natriuréticos

[INSERTAR BOXPLOT/VIOLINPLOT]

Figura 10. Distribución de péptidos natriuréticos según outcome BNP o NT-proBNP comparando grupos. Mostrar transformación logarítmica si es necesario.

5.6 Análisis de Correlaciones

COMPLETAR

[INSERTAR HEATMAP DE CORRELACIONES]

Mapa de calor mostrando correlaciones de Pearson/Spearman entre variables numéricas principales (seleccionar 20–30 variables más relevantes).

Incluir:

- Escala de colores divergente (azul-blanco-rojo)
- Valores de correlación en celdas
- Clustering jerárquico opcional

Figura 11. Matriz de correlaciones entre variables numéricas

Punto Clave

Correlaciones relevantes identificadas:

- [Variable_1 vs. Variable_2: $r = X.XX$]
- [Variable_3 vs. Variable_4: $r = X.XX$]
- Nota sobre multicolinealidad si aplica

5.7 Análisis de Datos Faltantes

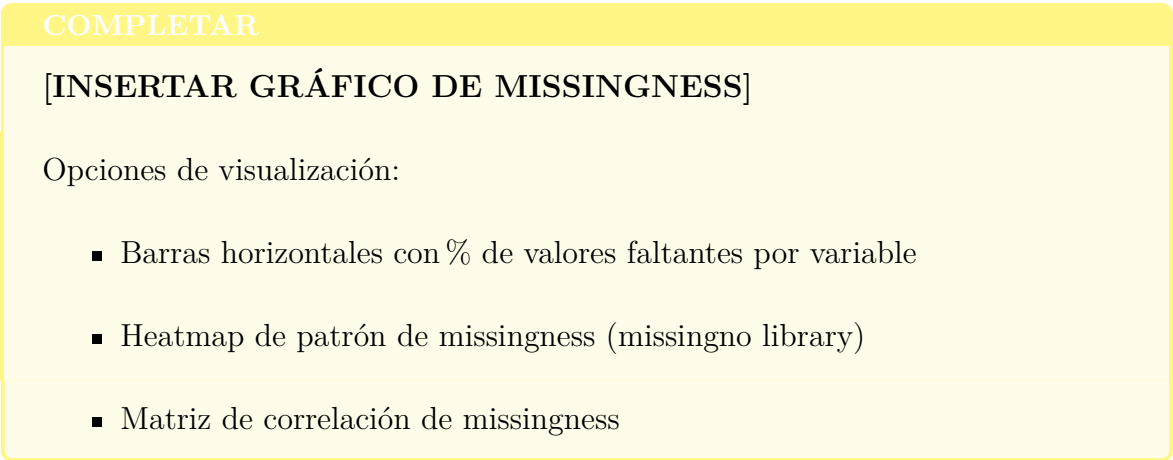


Figura 12. Patrón de datos faltantes

Tabla 28. Variables con mayor porcentaje de datos faltantes

Variable	% Faltantes	Posible causa
[Variable_1]	[XX.X %]	[Motivo]
[Variable_2]	[XX.X %]	[Motivo]
[Variable_3]	[XX.X %]	[Motivo]
[Variable_4]	[XX.X %]	[Motivo]
[Variable_5]	[XX.X %]	[Motivo]

5.8 Análisis de Tratamientos y Procedimientos

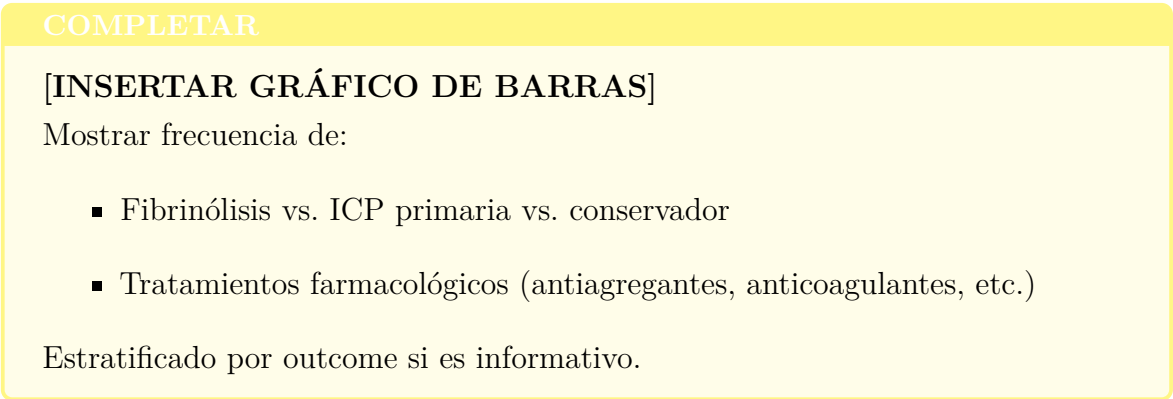


Figura 13. Distribución de estrategias de reperfusión y tratamientos

5.9 Análisis Temporal

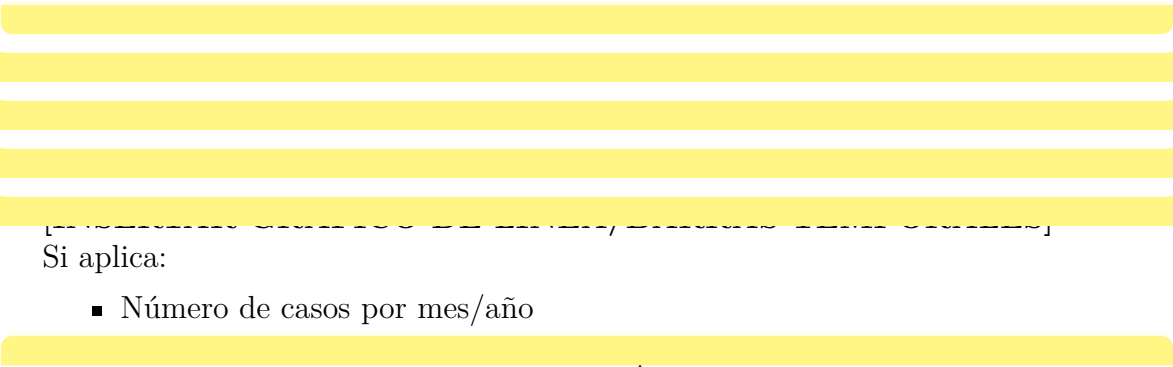


Figura 14. Distribución temporal de casos y mortalidad

- Cambios en prácticas de tratamiento

5.10 Resumen de Hallazgos del EDA

Punto Clave

Principales hallazgos del análisis exploratorio:

- Desbalance de clases:** Mortalidad del [X %] , confirmando necesidad de técnicas de balanceo.
- Variables con asociación univariada significativa:**
 - [Edad]
 - [Clasificación Killip]
 - [Creatinina/TFG]
 - [Otras...]
- Datos faltantes:** [N] variables con >20 % de datos faltantes, principalmente [categoría de variables] .
- Multicolinealidad:** Identificada entre [pares de variables] .
- Valores atípicos:** Detectados en [variables] , tratados mediante [estrategia] .

6 Preprocesamiento de Datos

Esta sección detalla los procedimientos aplicados para preparar los datos crudos para el modelado predictivo.

6.1 Flujo de Preprocesamiento

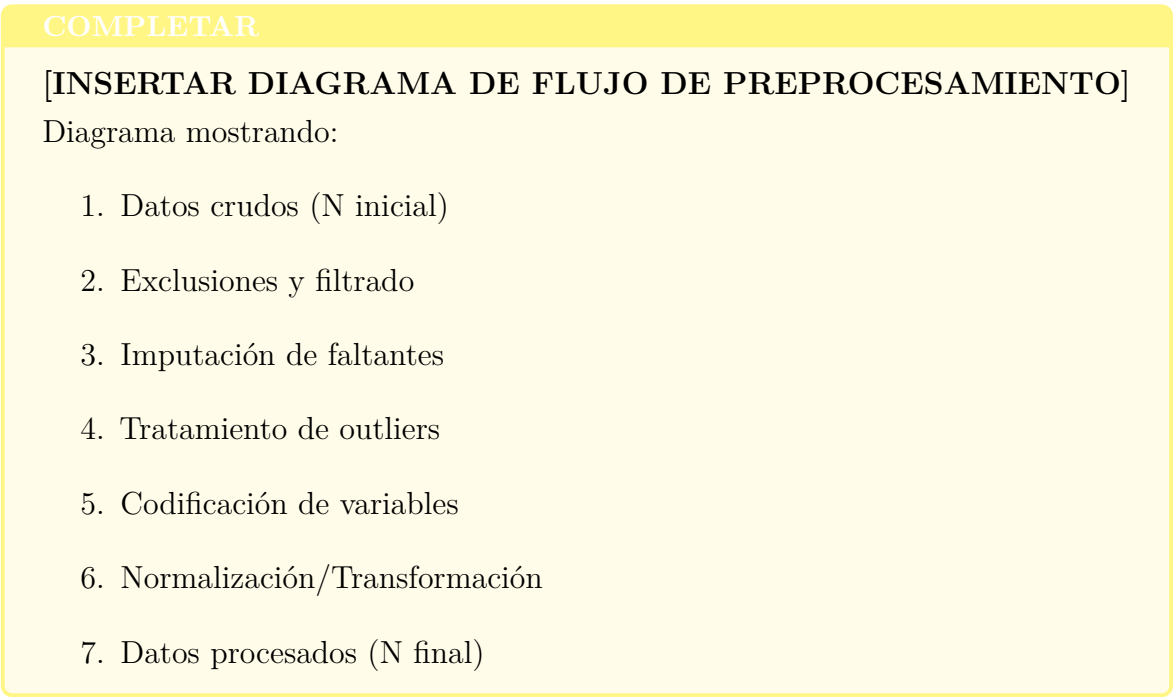


Figura 15. Pipeline de preprocesamiento de datos

6.2 Exclusión de Observaciones y Variables

6.2.1 Exclusiones Realizadas

Tabla 29. Resumen de exclusiones de observaciones

Motivo de exclusión	N excluidos	N restante
Registros iniciales	–	[N total]
Duplicados	[n]	[N]
Diagnóstico no confirmado de IAM	[n]	[N]
Datos de outcome faltantes	[n]	[N]
> [X] % variables faltantes	[n]	[N]
Muestra final de análisis	–	[N final]

6.2.2 Variables Excluidas

Tabla 30. Variables excluidas del análisis

Variable	% Faltantes	Motivo de exclusión
[Variable_1]	[XX %]	Exceso de datos faltantes
[Variable_2]	[XX %]	Exceso de datos faltantes
[Variable_3]	–	Información post-outcome (data leakage)
[Variable_4]	–	Identificador único (no predictivo)
[Variable_5]	–	Redundante con Variable_X

6.3 Imputación de Datos Faltantes

6.3.1 Análisis del Patrón de Missingness

COMPLETAR

[INSERTAR ANÁLISIS DE PATRÓN DE MISSINGNESS]

Mostrar:

- Test de Little (MCAR)
- Correlación de indicadores de missingness
- Conclusión sobre mecanismo predominante (MCAR/MAR/MNAR)

Figura 16. Análisis del mecanismo de datos faltantes

6.3.2 Estrategias de Imputación Aplicadas

Tabla 31. Métodos de imputación por tipo de variable

Tipo	Método	Parámetros	Variables
Numéricas continuas	[KNN Imputer]	[k=5]	[Lista]
Numéricas con sesgo	[Mediana]	–	[Lista]
Categorías	[Moda]	–	[Lista]
Categorías especiales	[“Desconocido”]	–	[Lista]

COMPLETAR

[OPCIONAL: VALIDACIÓN DE IMPUTACIÓN]

Incluir si se realizó:

- Comparación de distribuciones pre/post imputación
- Análisis de sensibilidad con diferentes métodos
- Métricas de calidad de imputación

6.4 Tratamiento de Valores Atípicos

6.4.1 Detección de Outliers

Tabla 32. Outliers detectados por variable

Variable	Método	N outliers	Límite inf.	Límite sup.
[Edad]	[IQR]	[n]	[X]	[X]
[PAS]	[IQR]	[n]	[X]	[X]
[Creatinina]	[IQR]	[n]	[X]	[X]
[Troponina]	[Z-score]	[n]	[X]	[X]

6.4.2 Tratamiento Aplicado

- Estrategia general: [Winsorización/Capping/Exclusión/Transformación]
- Percentiles de corte: [1 %–99 % / 5 %–95 %]
- Justificación clínica: [Describir si se consultó con expertos clínicos]

COMPLETAR

[INSERTAR COMPARACIÓN ANTES/DESPUÉS]

Panel de boxplots mostrando distribución de variables con outliers antes y después del tratamiento.

Figura 17. Distribución de variables antes y después del tratamiento de outliers

6.5 Codificación de Variables Categóricas

6.5.1 Variables Binarias

Tabla 33. Codificación de variables binarias

Variable	Categoría 0	Categoría 1	N en cat. 1
SEXO	Femenino	Masculino	[n (%)]
APP_HTA	No	Sí	[n (%)]
APP_DM	No	Sí	[n (%)]
[...]			

6.5.2 Variables Nominales (One-Hot Encoding)

Tabla 34. Variables con One-Hot Encoding

Variable original	Categorías	Variables dummy creadas
[ECG_LOCALIZACION]	[Anterior, Inferior, Lateral]	[LOC_anterior, LOC_inferior]
[ECG_RITMO]	[Sinusal, FA, Flutter]	[RITMO_sinusal, RITMO_FA, RITMO_flutter]

6.5.3 Variables Ordinales

Tabla 35. Codificación de variables ordinales

Variable	Categorías (orden)	Valores asignados
KILLIP	I < II < III < IV	1, 2, 3, 4
[TABAQUISMO]	[Nunca < Ex < Activo]	[0, 1, 2]

6.6 Transformaciones de Variables Numéricas

6.6.1 Variables con Transformación Logarítmica

Tabla 36. Variables transformadas logarítmicamente

Variable	Skewness original	Skewness post-log	Justificación
[TROPONINA]	[X.XX]	[X.XX]	Alta asimetría positiva
[NT_PROBNP]	[X.XX]	[X.XX]	Distribución log-normal
[CREATININA]	[X.XX]	[X.XX]	Cola derecha extendida

6.6.2 Normalización/Estandarización

Tabla 37. Métodos de escalado aplicados

Método	Fórmula	Variables aplicadas
StandardScaler	$z = \frac{x-\mu}{\sigma}$	[Variables para modelos lineales/NN]
MinMaxScaler	$x' = \frac{x-x_{min}}{x_{max}-x_{min}}$	[Variables para NN (opcional)]
RobustScaler	$z = \frac{x-Q_2}{Q_3-Q_1}$	[Variables con outliers residuales]

Punto Clave

Nota importante: Los parámetros de escalado (media, desviación estándar, etc.) se calcularon **únicamente** en el conjunto de entrenamiento y se aplicaron a los conjuntos de validación y test para evitar fuga de información.

6.7 Ingeniería de Características

6.7.1 Variables Derivadas Creadas

Tabla 38. Nuevas variables creadas

Variable	Fórmula/Definición	Justificación
[IMC]	$\frac{\text{peso (kg)}}{\text{altura (m)}^2}$	Indicador de obesidad
[PAM]	$\frac{\text{PAS}+2\times\text{PAD}}{3}$	Presión arterial media
[PP]	PAS – PAD	Presión de pulso (rigidez arterial)
[SHOCK_INDEX]	$\frac{\text{FC}}{\text{PAS}}$	Índice de shock
[ANEMIA]	Hb < 12 (M) / < 13 (H)	Indicador binario de anemia
[ERC_STAGE]	Según TFG: G1–G5	Estadio de enfermedad renal

6.7.2 Interacciones y Términos No Lineales

COMPLETAR

[COMPLETAR SI SE CREARON INTERACCIONES]

Describir:

- Interacciones basadas en conocimiento clínico
- Términos polinómicos (si aplica)
- Justificación de cada interacción

6.8 Selección de Características

6.8.1 Filtrado Univariado

Tabla 39. Resultados de pruebas de asociación univariada

Variable	Test	Estadístico	p-valor
[EDAD]	t-test	[t = X.XX]	[<0.001]
[KILLIP]	χ^2	[χ^2 = X.XX]	[<0.001]
[CREATININA]	Mann-Whitney	[U = XXXX]	[<0.001]
... (mostrar variables más significativas)			

6.8.2 Importancia de Características (Feature Importance)

COMPLETAR

[INSERTAR GRÁFICO DE FEATURE IMPORTANCE]

Gráfico de barras horizontales mostrando importancia de las top 20–30 variables según:

- Random Forest (importancia por impureza o permutación)
- XGBoost (gain, cover, o frequency)

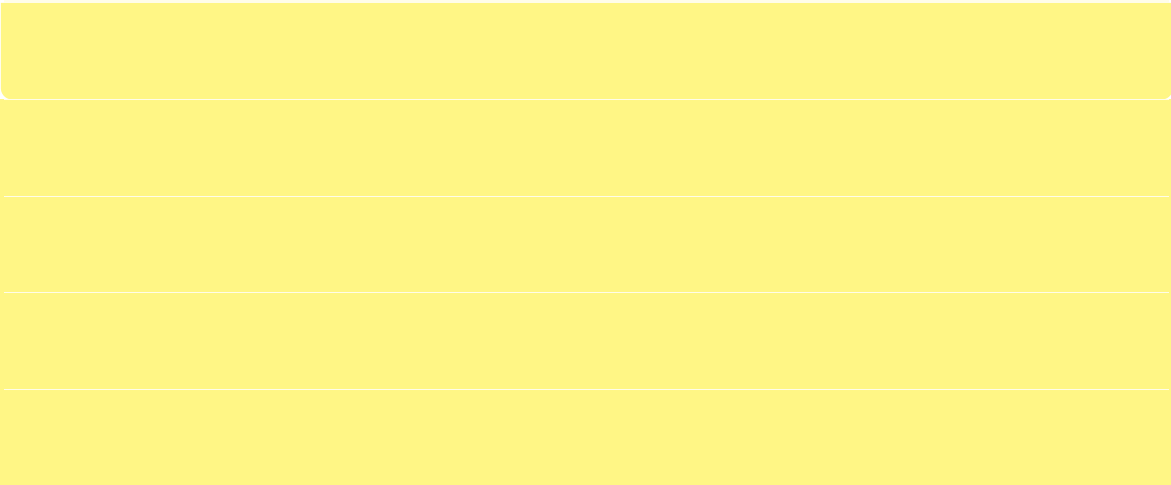
Figura 18. Importancia de características según modelos de ensemble

6.8.3 Conjunto Final de Variables

Tabla 40. Resumen de variables incluidas en el modelo final

Categoría	N variables
Demográficas	[X]
Antecedentes	[X]
Presentación clínica	[X]
Electrocardiograma	[X]
Biomarcadores	[X]
Tratamientos	[X]
Variables derivadas	[X]
Total variables finales	[XX]

6.9 División de Datos



- N total → Train (70 %) + Validation (15 %) + Test (15 %)



Figura 19. Esquema de partición de datos

- Mostrar distribución de clases en cada partición

Tabla 41. Distribución de datos en cada partición

Conjunto	N total	Eventos (n)	No eventos (n)	Tasa eventos
Entrenamiento	[N]	[n]	[n]	[X.X %]
Validación	[N]	[n]	[n]	[X.X %]
Test	[N]	[n]	[n]	[X.X %]
Total	[N]	[n]	[n]	[X.X %]

6.10 Resumen del Preprocesamiento

Punto Clave

Resumen de transformaciones aplicadas:

1. Observaciones: De [N inicial] a [N final] tras exclusiones.
2. Variables: De [185 originales] a [XX finales] .

3. **Imputación:** [X] variables imputadas mediante [método(s)] .

4. **Outliers:** [X] variables con outliers tratados.

5. **Transformaciones:** [X] variables transformadas logarítmicamente.

6. **Codificación:** [X] variables dummy creadas.

7. **Variables nuevas:** [X] variables derivadas añadidas.

7 Modelado Predictivo

Esta sección describe el proceso de desarrollo, entrenamiento y optimización de los modelos de aprendizaje automático para la predicción de mortalidad intrahospitalaria.

7.1 Estrategia General de Modelado

1. Entrenamiento de modelos baseline (regresión logística).

2. Evaluación de múltiples algoritmos de ML.

3. Optimización de hiperparámetros mediante búsqueda sistemática.

4. Selección del mejor modelo según métricas predefinidas.

5. Calibración de probabilidades.

6. Validación final en conjunto de test.

7.2 Modelos Baseline

7.2.1 Regresión Logística

Como modelo baseline, se entrenó una regresión logística con regularización:

Tabla 42. Configuración del modelo de regresión logística

Parámetro	Valor
Regularización	[L2 (Ridge) / L1 (Lasso) / ElasticNet]
Parámetro C	[Valor optimizado]
Solver	[lbfgs / saga / liblinear]
Class weight	[balanced / None]
Max iter	[1000]

7.2.2 Escala GRACE como Comparador

COMPLETAR

[SI SE CALCULÓ SCORE GRACE]

Describir:

- Variables utilizadas para calcular score GRACE
- Rendimiento predictivo del score GRACE en la cohorte
- Comparación como benchmark para modelos ML

7.3 Algoritmos de Aprendizaje Automático Evaluados

7.3.1 Random Forest

Tabla 43. Espacio de búsqueda de hiperparámetros – Random Forest

Hiperparámetro	Rango explorado	Valor óptimo
n_estimators	[[100, 200, 500, 1000]]	[XXX]
max_depth	[[None, 5, 10, 15, 20]]	[XX]
min_samples_split	[[2, 5, 10, 20]]	[XX]
min_samples_leaf	[[1, 2, 4, 8]]	[XX]
max_features	[[sqrt, log2, 0.3, 0.5]]	[XXXX]
class_weight	[[balanced, balanced_subsample]]	[XXXX]

7.3.2 XGBoost

Tabla 44. Espacio de búsqueda de hiperparámetros – XGBoost

Hiperparámetro	Rango explorado	Valor óptimo
n_estimators	[[100, 200, 500, 1000]]	[XXX]
max_depth	[[3, 4, 5, 6, 7, 8]]	[XX]
learning_rate	[[0.01, 0.05, 0.1, 0.2]]	[X.XX]
subsample	[[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]]	[X.X]
colsample_bytree	[[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]]	[X.X]
min_child_weight	[[1, 3, 5, 7]]	[XX]
gamma	[[0, 0.1, 0.2, 0.3]]	[X.X]
reg_alpha (L1)	[[0, 0.01, 0.1, 1]]	[X.XX]
reg_lambda (L2)	[[0, 0.01, 0.1, 1]]	[X.XX]
scale_pos_weight	[[1, ratio_clases]]	[X.X]

7.3.3 LightGBM

Tabla 45. Espacio de búsqueda de hiperparámetros – LightGBM

Hiperparámetro	Rango explorado	Valor óptimo
n_estimators	[[100, 200, 500, 1000]]	[XXX]
max_depth	[[−1, 5, 10, 15, 20]]	[XX]
learning_rate	[[0.01, 0.05, 0.1, 0.2]]	[X.XX]
num_leaves	[[31, 50, 100, 150]]	[XXX]
min_child_samples	[[20, 50, 100]]	[XX]
subsample	[[0.6, 0.8, 1.0]]	[X.X]
colsample_bytree	[[0.6, 0.8, 1.0]]	[X.X]
reg_alpha	[[0, 0.01, 0.1]]	[X.XX]
reg_lambda	[[0, 0.01, 0.1]]	[X.XX]

7.3.4 Redes Neuronales

Tabla 46. Arquitectura y configuración – Red Neuronal

Componente	Configuración
Arquitectura	[MLP / TabNet]
Capas ocultas	[[128, 64, 32] / [256, 128, 64]]
Función de activación	[ReLU / GELU / SiLU]
Dropout	[0.2 / 0.3 / 0.5]
Batch normalization	[Sí / No]
Optimizador	[Adam / AdamW]
Learning rate	[0.001 / schedule]
Batch size	[32 / 64 / 128]
Épocas máximas	[100 / 200]
Early stopping	[patience = 10/20]

7.3.5 AutoML (si aplica)

COMPLETAR

[COMPLETAR SI SE USÓ AUTOML]

Describir:

- Framework utilizado (AutoKeras, Auto-sklearn, H2O AutoML)
- Tiempo de búsqueda permitido
- Mejor arquitectura/pipeline encontrado
- Comparación con modelos manuales

7.4 Proceso de Optimización

7.4.1 Método de Búsqueda

Tabla 47. Configuración de la búsqueda de hiperparámetros

Aspecto	Configuración
Método	[RandomizedSearchCV / GridSearchCV / Optuna / Hyperopt]
N iteraciones (si random)	[100 / 200]
Validación cruzada	[5-fold / 10-fold] estratificada
Métrica de optimización	[roc_auc / average_precision / f1]
Scoring adicional	[[recall, precision, brier_score]]
n_jobs	[-1 (todos los cores)]

7.4.2 Curvas de Aprendizaje

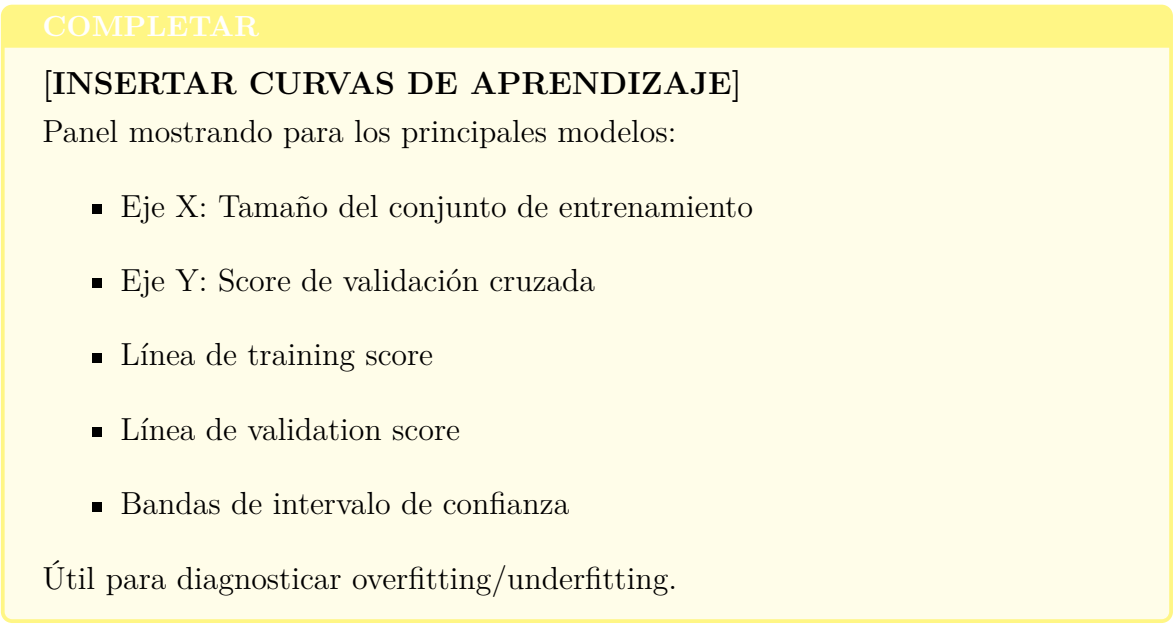


Figura 20. Curvas de aprendizaje de los modelos principales

7.4.3 Curvas de Validación

COMPLETAR

[INSERTAR CURVAS DE VALIDACIÓN]

Mostrar cómo varía el rendimiento al modificar hiperparámetros clave:

- XGBoost: learning_rate, max_depth
- RF: n_estimators, max_depth
- NN: número de neuronas, dropout

Figura 21. Curvas de validación para hiperparámetros clave

7.5 Manejo del Desbalance de Clases

7.5.1 Técnicas Evaluadas

Tabla 48. Comparación de técnicas de manejo de desbalance

Técnica	AUROC (CV)	AUPRC (CV)	F1 (CV)
Sin balanceo	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
Class weights	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
SMOTE	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
ADASYN	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
Random undersampling	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
SMOTE + Tomek links	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]

7.5.2 Técnica Seleccionada

Punto Clave

Se seleccionó [técnica] basándose en:

- Mayor [AUPRC / F1 / sensibilidad]
- Mejor calibración de probabilidades
- Estabilidad en validación cruzada

7.6 Comparación de Modelos en Validación

Tabla 49. Rendimiento de modelos en validación cruzada

Modelo	AUROC (media ± DE)	AUPRC (media ± DE)	F1 (media ± DE)	Brier Score (media ± DE)
Reg. Logística	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
Random Forest	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
XGBoost	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
LightGBM	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
Red Neuronal	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
[AutoML]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]	[0.XX ± 0.XX]
GRACE score	[0.XX]	[0.XX]	—	—

COMPLETAR

[INSERTAR BOXPLOT COMPARATIVO]
Boxplot mostrando distribución de AUROC en las K folds para cada modelo, permitiendo visualizar variabilidad.

Figura 22. Distribución de AUROC en validación cruzada por modelo

7.7 Selección del Modelo Final

7.7.1 Criterios de Selección

- El modelo final se seleccionó basándose en:
- 1. **Discriminación:** Mayor AUROC y AUPRC.
 - 2. **Calibración:** Menor Brier Score, buena calibración visual.
 - 3. **Estabilidad:** Menor varianza entre folds de CV.
 - 4. **Interpretabilidad:** Posibilidad de explicación con SHAP.
 - 5. **Parsimonia:** Preferencia por modelos más simples a igual rendimiento.

7.7.2 Modelo Seleccionado

Punto Clave

Modelo final seleccionado: [XGBoost / Random Forest / LightGBM / Ensemble]

Justificación:

- AUROC en CV: [0.XX ± 0.XX]
- AUPRC en CV: [0.XX ± 0.XX]
- Mejor [calibración / estabilidad / interpretabilidad]
- Supera a GRACE score en [XX puntos porcentuales]

7.8 Calibración del Modelo

7.8.1 Método de Calibración

Tabla 50. Métodos de calibración evaluados

Método	Descripción	Brier Score
Sin calibración	Probabilidades raw del modelo	[0.XXX]
Platt Scaling	Regresión logística sobre outputs	[0.XXX]
Isotonic Regression	Regresión isotónica	[0.XXX]

7.8.2 Curva de Calibración

COMPLETAR

[INSERTAR CURVA DE CALIBRACIÓN]

Gráfico mostrando:

- Eje X: Probabilidad predicha (por deciles)
- Eje Y: Frecuencia observada de eventos
- Línea diagonal (calibración perfecta)
- Curva del modelo antes y después de calibración
- Histograma de probabilidades predichas en parte inferior

Figura 23. Curva de calibración del modelo final

7.9 Modelo de Ensamble (si aplica)

COMPLETAR

[COMPLETAR SI SE CREÓ UN ENSEMBLE]

Describir:

- Tipo de ensemble: Voting / Stacking / Blending
- Modelos base incluidos
- Pesos de cada modelo (si voting ponderado)
- Meta-learner (si stacking)
- Mejora respecto a modelos individuales

7.10 Almacenamiento y Versionado de Modelos

Tabla 51. Modelos almacenados

Modelo	Archivo	Formato	MLflow Run ID
[Mejor modelo]	[best_model.joblib]	joblib	[XXXXXXXXXX]
[Modelo calibrado]	[calibrated_model.joblib]	joblib	[XXXXXXXXXX]
[Preprocesador]	[preprocessor.joblib]	joblib	[XXXXXXXXXX]

8 Resultados

Esta sección presenta los resultados de la evaluación del modelo final en el conjunto de test, que permaneció completamente reservado durante el desarrollo.

8.1 Características de la Cohorte de Test

Tabla 52. Características basales del conjunto de test

Variable	Supervivientes (n = [XX])	Fallecidos (n = [XX])	p-valor
Edad, años (media ± DE)	[XX.X ± XX.X]	[XX.X ± XX.X]	[X.XXX]
Sexo masculino, n (%)	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Hipertensión, n (%)	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Diabetes, n (%)	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]
Killip III-IV, n (%)	[n (XX.X %)]	[n (XX.X %)]	[X.XXX]

8.2 Métricas de Discriminación

8.2.1 Rendimiento Global

Tabla 53. Métricas de discriminación del modelo final en conjunto de test

Métrica	Valor	IC 95 %
AUROC	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
AUPRC	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
Al umbral óptimo (Youden): [0.XXX]		
Sensibilidad	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
Especificidad	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
VPP (Precisión)	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
VPN	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
F1-Score	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
Accuracy	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]

Punto Clave

Resultado principal: El modelo [nombre del modelo] alcanzó un AUROC de [0.XXX] (IC 95 %: [0.XXX–0.XXX]) en el conjunto de test independiente, superando al score GRACE ([0.XXX]) en [XX] puntos porcentuales.

8.2.2 Curva ROC

COMPLETAR

[INSERTAR CURVA ROC]

Gráfico con:

- Curva ROC del modelo final
- Curva ROC del modelo baseline (regresión logística)
- Curva ROC del score GRACE (si calculado)
- Línea diagonal de referencia ($AUC = 0.5$)
- Leyenda con AUC de cada modelo
- Intervalo de confianza sombreado (bootstrap)
- Punto óptimo marcado (umbral de Youden)

Figura 24. Curvas ROC comparativas en conjunto de test

8.2.3 Curva Precision-Recall

COMPLETAR

[INSERTAR CURVA PRECISION-RECALL]

Gráfico mostrando:

- Curva PR del modelo final
- Curva PR del baseline
- Línea de referencia (prevalencia de eventos)
- AUPRC en leyenda

Esta curva es especialmente relevante dado el desbalance de clases.

Figura 25. Curvas Precision-Recall comparativas

8.2.4 Matriz de Confusión

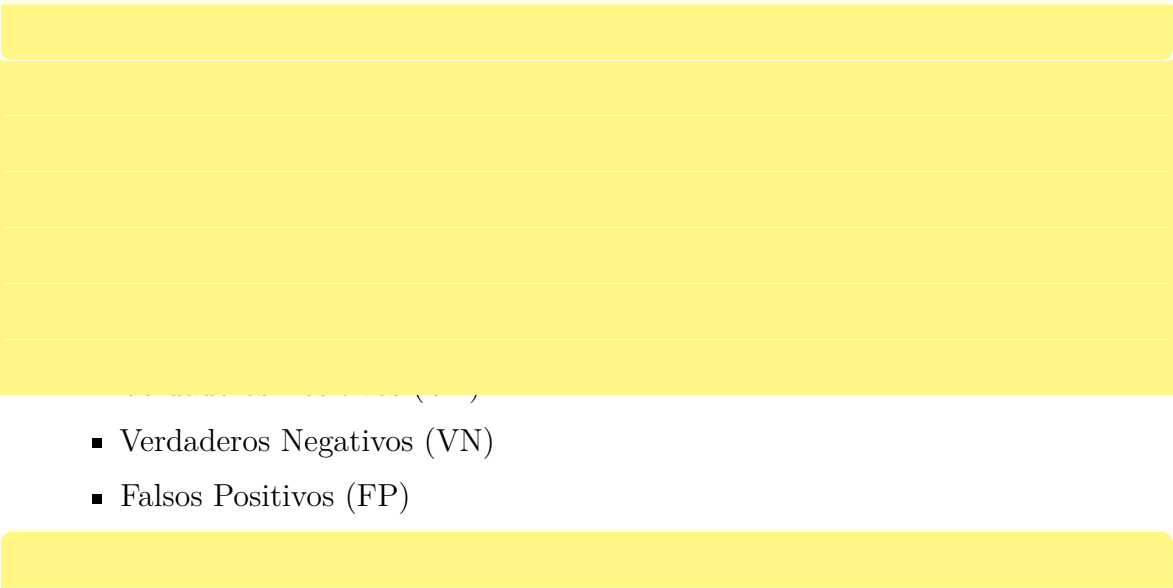


Figura 26. Matriz de confusión del modelo final (umbral = 0.XXX)
Mostrar valores absolutos y porcentajes. Al umbral óptimo seleccionado.

Tabla 54. Matriz de confusión – Valores numéricos

Real	Predicho		Total
	Superviviente	Fallecido	
Superviviente	[VN = XXX]	[FP = XX]	[XXX]
Fallecido	[FN = XX]	[VP = XX]	[XX]
Total	[XXX]	[XX]	[N]

8.3 Métricas de Calibración

8.3.1 Curva de Calibración

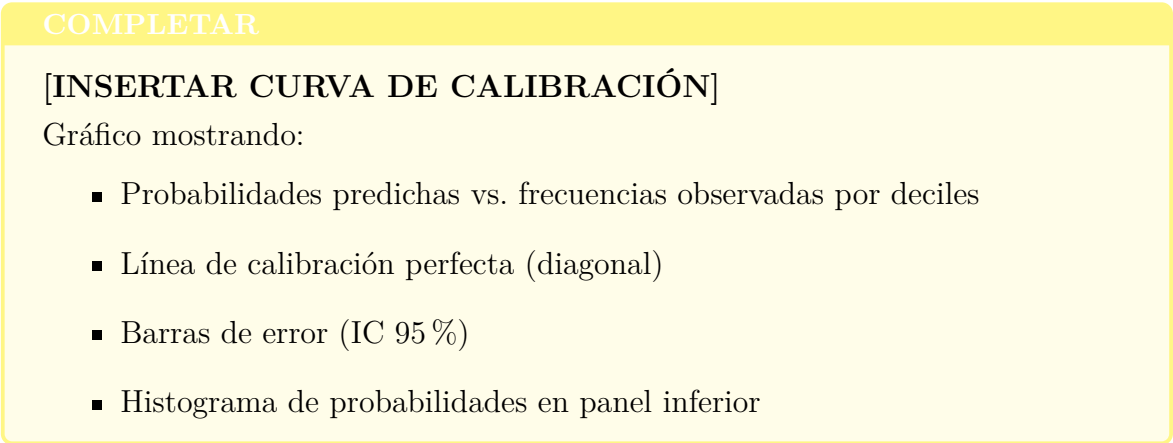


Figura 27. Curva de calibración del modelo final en conjunto de test

8.3.2 Métricas de Calibración

Tabla 55. Métricas de calibración

Métrica	Valor
Brier Score	[0.XXX]
Brier Skill Score	[0.XXX]
Calibration slope	[X.XX]
Calibration intercept	[X.XX]
Hosmer-Lemeshow χ^2 (p-valor)	[X.XX (p = X.XXX)]
Expected Calibration Error (ECE)	[0.XXX]

8.4 Comparación con Modelos de Referencia

Tabla 56. Comparación del modelo final con benchmarks

Modelo	AUROC	AUPRC	Sensibilidad	Especificidad
Score GRACE	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
Reg. Logística	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
Random Forest	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]
Modelo final	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]	[0.XXX]

8.4.1 Tests de Significancia Estadística

Tabla 57. Comparación estadística de AUROCs (DeLong test)

Comparación	Δ AUROC	IC 95 %	p-valor
Modelo final vs. GRACE	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]	[<0.001]
Modelo final vs. Reg. Log.	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]	[X.XXX]

8.5 Análisis de Utilidad Clínica

8.5.1 Decision Curve Analysis

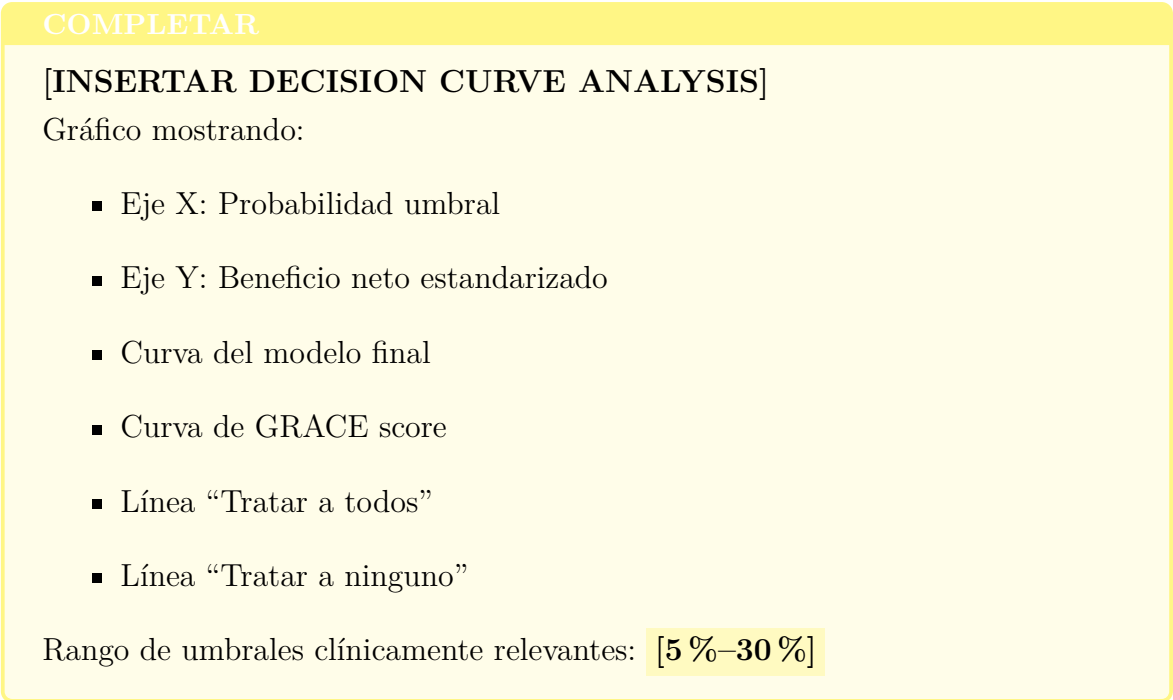


Figura 28. Análisis de curva de decisión

Punto Clave

El modelo muestra beneficio neto positivo sobre las estrategias de “tratar a todos” o “tratar a ninguno” en el rango de umbrales de probabilidad de [X % a XX %] , correspondiente al rango de utilidad clínica relevante.

8.5.2 Net Reclassification Index (NRI)

Tabla 58. Índices de reclasificación respecto a modelo baseline

Índice	Valor	IC 95 %
NRI (eventos)	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
NRI (no eventos)	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
NRI total	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
IDI	[+0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]

8.6 Análisis de Subgrupos

Tabla 59. Rendimiento del modelo por subgrupos

Subgrupo	N	AUROC	IC 95 %
<i>Por sexo</i>			
Masculino	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
Femenino	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
<i>Por edad</i>			
<65 años	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
65–79 años	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
≥80 años	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
<i>Por tipo de IAM</i>			
IAMCEST	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
IAMSEST	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
<i>Por Killip</i>			
Killip I-II	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]
Killip III-IV	[n]	[0.XXX]	[[0.XXX – 0.XXX]]

COMPLETAR

[INSERTAR FOREST PLOT DE SUBGRUPOS]
Forest plot mostrando AUROC con IC 95 % para cada subgrupo, facilitando la comparación visual.

Figura 29. Rendimiento del modelo por subgrupos (Forest plot)

8.7 Análisis de Errores

8.7.1 Características de Falsos Negativos

Tabla 60. Características de pacientes con falsos negativos

Variable	FN (n= [XX])	VP (n= [XX])
Edad, años	[XX.X ± XX.X]	[XX.X ± XX.X]
Killip III-IV, %	[XX.X %]	[XX.X %]
Creatinina, mg/dL	[X.XX ± X.XX]	[X.XX ± X.XX]
FEVI, %	[XX.X ± XX.X]	[XX.X ± XX.X]

COMPLETAR

[ANÁLISIS CUALITATIVO DE ERRORES]

Describir:

- Patrones identificados en falsos negativos
- Posibles explicaciones clínicas
- Casos extremos o atípicos

8.8 Resumen de Resultados

Punto Clave

Resumen de resultados principales:

- Discriminación:** El modelo [nombre] alcanzó un AUROC de [0.XXX] , superando significativamente al score GRACE (p [<0.001]).
- Calibración:** El modelo mostró buena calibración con Brier Score de [0.XXX] y calibration slope de [X.XX] .
- Utilidad clínica:** El Decision Curve Analysis demostró beneficio neto en el rango de umbrales [X %-XX %] .
- Generalización:** El rendimiento fue consistente entre subgrupos de [sexo/edad/tipo IAM] .
- Puntos de mejora:** Se identificaron [XX] falsos negativos, principalmente en pacientes con [característica] .

9 Explicabilidad del Modelo

La interpretabilidad del modelo es fundamental para su adopción clínica. Esta sección presenta los análisis de explicabilidad realizados mediante técnicas de *Explainable AI* (XAI), principalmente valores SHAP.

9.1 Importancia Global de Variables

9.1.1 Feature Importance Nativa

COMPLETAR

[INSERTAR GRÁFICO DE FEATURE IMPORTANCE]

Gráfico de barras horizontales mostrando las top 20 variables más importantes según:

- Gain (para XGBoost/LightGBM)
- Impurity importance (para Random Forest)

Ordenado de mayor a menor importancia.

Figura 30. Importancia de características según el modelo (gain/impurity)

9.1.2 SHAP Summary Plot

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP SUMMARY PLOT]

SHAP summary plot (beeswarm) mostrando:

- Top 20 variables en eje Y (ordenadas por importancia SHAP)
- Valores SHAP en eje X
- Color: valor de la variable (azul = bajo, rojo = alto)
- Cada punto = un paciente

Este gráfico muestra tanto la importancia como la dirección del efecto.

Figura 31. SHAP Summary Plot – Impacto global de variables

Punto Clave

Variables más influyentes según SHAP (top 10):

1. [Variable__1] : [Interpretación clínica]
2. [Variable__2] : [Interpretación clínica]
3. [Variable__3] : [Interpretación clínica]
4. [Variable__4] : [Interpretación clínica]
5. [Variable__5] : [Interpretación clínica]
6. [Variable__6] : [Interpretación clínica]
7. [Variable__7] : [Interpretación clínica]
8. [Variable__8] : [Interpretación clínica]
9. [Variable__9] : [Interpretación clínica]
10. [Variable__10] : [Interpretación clínica]

9.1.3 SHAP Bar Plot

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP BAR PLOT]

Gráfico de barras mostrando el valor SHAP medio absoluto para las top 15-20 variables.

Figura 32. Importancia media de variables según valores SHAP

9.2 Efectos Parciales de Variables Individuales

9.2.1 SHAP Dependence Plots

COMPLETAR

[INSERTAR GRID DE SHAP DEPENDENCE PLOTS]

Panel de 6-9 gráficos (2x3 o 3x3) para las variables más importantes:

- Eje X: Valor de la variable
- Eje Y: Valor SHAP
- Color: Variable de interacción más relevante

Variables sugeridas:

1. Edad
2. Presión arterial sistólica
3. Frecuencia cardíaca
4. Creatinina / TFG
5. Troponina
6. Killip class
7. FEVI
8. Glucemia

Figura 33. SHAP Dependence Plots para variables clave

9.2.2 Interpretación de Efectos

Edad

COMPLETAR

Describir:

- Forma de la relación (lineal, no lineal, umbral)
- Punto de inflexión si existe
- Consistencia con literatura clínica

Ejemplo: “La edad muestra un efecto no lineal con aumento del riesgo más pronunciado a partir de los 75 años, consistente con la literatura sobre fragilidad

en pacientes con IAM.”

Presión Arterial Sistólica

COMPLETAR

Describir la relación PAS-riesgo, incluyendo el efecto de hipotensión y posible efecto en J.

Función Renal (Creatinina/TFG)

COMPLETAR

Describir el impacto de la función renal en el riesgo predicho.

Clasificación Killip

COMPLETAR

Describir el gradiente de riesgo según clasificación Killip.

9.3 Interacciones entre Variables

9.3.1 SHAP Interaction Values

COMPLETAR

[INSERTAR HEATMAP DE INTERACCIONES SHAP]

Mapa de calor mostrando la magnitud de las interacciones entre las top 10-15 variables.

Figura 34. Matriz de interacciones SHAP

9.3.2 Interacciones Clínicamente Relevantes

COMPLETAR

Describir las interacciones más importantes:

- **Edad × Killip:** [Descripción del efecto sinérgico]
- **Diabetes × TFG:** [Descripción]
- **PAS × FC:** [Descripción (ej. shock index)]

9.4 Explicaciones Locales (Individuales)

9.4.1 SHAP Force Plots

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP FORCE PLOT – CASO ALTO RIESGO]

Force plot para un paciente con alta probabilidad de mortalidad mostrando:

- Valor base (probabilidad media)
- Factores que aumentan el riesgo (rojo)
- Factores que disminuyen el riesgo (azul)
- Probabilidad final predicha

Figura 35. SHAP Force Plot – Paciente de alto riesgo

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP FORCE PLOT – CASO BAJO RIESGO]

Force plot para un paciente con baja probabilidad de mortalidad.

Figura 36. SHAP Force Plot – Paciente de bajo riesgo

9.4.2 SHAP Waterfall Plots

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP WATERFALL PLOTS]

Panel con 2-3 waterfall plots para casos representativos:

- Caso de alto riesgo correctamente clasificado (VP)
- Caso de bajo riesgo correctamente clasificado (VN)
- Caso de error (FN o FP) – análisis de por qué falló

Figura 37. SHAP Waterfall Plots – Casos representativos

9.4.3 Ejemplos de Explicaciones Individuales

Tabla 61. Explicación de predicciones para casos representativos

Caso	Prob. predicha	Outcome real	Principales factores
Paciente A	[0.XX (Alto)]	Fallecido	[Edad 82, Killip IV, Creatinina 3.2]
Paciente B	[0.XX (Bajo)]	Superviviente	[Edad 55, Killip I, FEVI 50 %]
Paciente C	[0.XX (Intermedio)]	Superviviente	[Edad 70, Diabetes, FEVI 35 %]

9.5 Análisis de Grupos de Riesgo

9.5.1 Estratificación por Probabilidad Predicha

Tabla 62. Características por tercil de riesgo predicho

Variable	Bajo riesgo (< [XX] %)	Riesgo medio ([XX] – [XX] %)	Alto riesgo (> [XX] %)
N pacientes	[n]	[n]	[n]
Mortalidad observada	[X.X %]	[X.X %]	[XX.X %]
Edad media	[XX.X]	[XX.X]	[XX.X]
Killip III-IV	[X.X %]	[XX.X %]	[XX.X %]
SHAP medio (top 5 vars)	[-X.XX]	[X.XX]	[+X.XX]

9.5.2 Perfiles SHAP por Grupo

COMPLETAR

[INSERTAR SHAP PROFILES POR GRUPO]

Panel mostrando distribución de valores SHAP para las top 10 variables, separado por grupo de riesgo (bajo/medio/alto).

Figura 38. Distribución de valores SHAP por grupo de riesgo

9.6 Validación Clínica de la Explicabilidad

COMPLETAR

[COMPLETAR SI SE REALIZÓ VALIDACIÓN CON EXPERTOS]

Describir:

- Número de expertos clínicos consultados
- Casos revisados
- Concordancia con juicio clínico
- Feedback sobre utilidad de las explicaciones
- Sugerencias de mejora

9.7 Consistencia con Conocimiento Clínico

Tabla 63. Consistencia de hallazgos SHAP con literatura clínica

Variable	Efecto SHAP	Evidencia clínica
Edad avanzada	↑ riesgo	Consistente: mayor fragilidad, comorbilidades
Killip alto	↑ riesgo	Consistente: insuficiencia cardíaca
TFG baja	↑ riesgo	Consistente: síndrome cardiorrenal
PAS baja	↑ riesgo	Consistente: hipoperfusión, shock
FEVI baja	↑ riesgo	Consistente: disfunción ventricular
[Variable]	[Efecto]	[Interpretación]

9.8 Implicaciones para la Práctica Clínica

Punto Clave

Puntos clave para la interpretación clínica:

1. **Factores modificables:** Las variables [X, Y, Z] son potencialmente modificables y podrían ser objetivos terapéuticos.

2. **Identificación de pacientes vulnerables:** El modelo identifica pacientes con combinaciones de factores de alto riesgo que podrían beneficiarse de monitorización intensiva.
3. **Explicaciones individualizadas:** Las explicaciones SHAP permiten comunicar al equipo clínico los principales factores de riesgo de cada paciente.
4. **Limitaciones:** El modelo captura asociaciones, no causalidad. Los factores identificados no necesariamente son objetivos de intervención.

9.9 Integración en la Herramienta Dashboard

COMPLETAR

[DESCRIBIR IMPLEMENTACIÓN EN DASHBOARD]

Describir cómo se integran las explicaciones en la interfaz de usuario:

- Visualización de SHAP force plot para cada predicción
- Identificación de factores de riesgo principales
- Comparación con población de referencia
- Generación de reportes explicativos

Referencias al Manual de Usuario y Documentación Técnica.

10 Discusión

10.1 Resumen de Hallazgos Principales

COMPLETAR

Este estudio desarrolló y validó un modelo de aprendizaje automático para la predicción de mortalidad intrahospitalaria en pacientes con IAM. Los principales hallazgos fueron:

1. El modelo [XGBoost/RF/Ensemble] alcanzó un AUROC de [0.XXX] (IC 95 %: [0.XXX–0.XXX]), superior al score GRACE ([0.XXX], $p < 0.001$).
2. Las variables más predictivas fueron [edad, clasificación Killip, función renal, troponi] consistentes con el conocimiento fisiopatológico.

3. El modelo mostró buena calibración (Brier Score = **[0.XXX]**) y utilidad clínica demostrada mediante Decision Curve Analysis.

4. El análisis SHAP reveló relaciones no lineales e interacciones entre variables que los modelos tradicionales no capturan.

10.2 Comparación con la Literatura

10.2.1 Rendimiento Comparativo

Tabla 64. Comparación con estudios previos de ML en predicción de mortalidad por IAM

Estudio	N	Modelo	AUROC	Validación
Zhu et al. 2024	20,000	XGBoost	0.93	Externa
Oliveira et al. 2023	5,000	Ensemble	0.89	Interna
Wang et al. 2022	8,500	Random Forest	0.87	Temporal
Presente estudio	[N]	[Modelo]	[0.XX]	[Tipo]

COMPLETAR

[DISCUTIR COMPARACIÓN]

Analizar:

■ Similitudes y diferencias con estudios previos

■ Posibles explicaciones de diferencias en rendimiento

■ Características específicas de la población estudiada

■ Ventajas/limitaciones del enfoque utilizado

10.2.2 Variables Predictoras

COMPLETAR

[DISCUTIR VARIABLES IDENTIFICADAS]

Comparar las variables más importantes con literatura previa:

■ Variables consistentes con escalas clásicas (GRACE, TIMI)

■ Variables adicionales identificadas por ML

■ Variables esperadas que no resultaron importantes

- Posibles explicaciones fisiopatológicas

10.3 Fortalezas del Estudio

1. Metodología rigurosa:

COMPLETAR

Describir aspectos metodológicos sólidos:

- Seguimiento de guías TRIPOD+AI
- Separación estricta de conjuntos train/validation/test
- Validación cruzada estratificada
- Múltiples métricas de evaluación

2. Análisis de explicabilidad:

COMPLETAR

El uso de técnicas SHAP permite interpretar las predicciones del modelo, facilitando la confianza clínica y la identificación de factores de riesgo modificables.

3. Comparación con benchmarks establecidos:

COMPLETAR

La comparación directa con el score GRACE proporciona contexto clínico relevante para la adopción del modelo.

4. Evaluación de utilidad clínica:

COMPLETAR

El análisis de curva de decisión va más allá de métricas estadísticas para evaluar el beneficio práctico del modelo.

5. Reproducibilidad:

COMPLETAR

El código fuente, pipelines y modelos están documentados y disponibles para replicación.

10.4 Limitaciones del Estudio

10.4.1 Limitaciones Metodológicas

1. Diseño retrospectivo:

COMPLETAR

Los datos fueron recolectados retrospectivamente, lo que puede introducir sesgos de selección y de información.

2. Centro único:

Si aplica

El modelo fue desarrollado con datos de un solo centro/región, lo que puede limitar la generalización a otras poblaciones.

3. Validación interna:

Si aplica

La validación se realizó mediante división interna de datos. Se requiere validación externa en cohortes independientes.

4. Datos faltantes:

COMPLETAR

Algunas variables presentaron alto porcentaje de datos faltantes, requiriendo imputación que puede introducir sesgos.

10.4.2 Limitaciones de los Datos

1. Periodo temporal:

COMPLETAR

Los datos corresponden al período [fechas], y los patrones de práctica clínica pueden haber cambiado desde entonces.

2. Variables no disponibles:

COMPLETAR

Algunas variables potencialmente relevantes (ej. [biomarcadores específicos, datos genéticos, ECG continuo]) no estaban disponibles en el dataset.

3. Definición del outcome:

COMPLETAR

La mortalidad intrahospitalaria no captura eventos post-alta que pueden ser clínicamente relevantes.

10.4.3 Limitaciones del Modelo

1. Interpretabilidad vs. rendimiento:

COMPLETAR

Aunque las técnicas SHAP mejoran la interpretabilidad, los modelos de ensemble siguen siendo más complejos que la regresión logística tradicional.

2. Causalidad:

COMPLETAR

El modelo identifica asociaciones predictivas, no relaciones causales. La intervención sobre variables identificadas no garantiza mejora en outcomes.

3. Drift temporal:

COMPLETAR

El rendimiento del modelo puede degradarse con el tiempo si cambian las características de la población o las prácticas clínicas.

10.5 Implicaciones Clínicas

10.5.1 Potencial de Implementación

COMPLETAR

[DISCUTIR APLICABILIDAD CLÍNICA]

- Escenarios de uso: triaje, monitorización, decisiones de tratamiento
- Integración con flujos de trabajo existentes
- Recursos necesarios para implementación
- Aceptabilidad por parte del personal clínico

10.5.2 Beneficios Potenciales

1. Identificación temprana de alto riesgo:

COMPLETAR

Permite identificar pacientes que requieren monitorización intensiva o intervenciones agresivas.

2. Optimización de recursos:

COMPLETAR

La estratificación de riesgo puede guiar la asignación de camas en UCI/UCO.

3. Comunicación con pacientes/familias:

COMPLETAR

Proporciona información pronóstica objetiva para la toma de decisiones compartida.

4. Apoyo a la decisión:

COMPLETAR

Complementa (no reemplaza) el juicio clínico con información cuantitativa.

10.5.3 Consideraciones de Implementación

COMPLETAR

[DISCUTIR BARRERAS Y FACILITADORES]

- Integración con sistemas de historia clínica electrónica
- Entrenamiento del personal
- Validación local antes de implementación
- Monitorización continua del rendimiento
- Aspectos regulatorios (certificación de software médico)

10.6 Direcciones Futuras

10.6.1 Validación y Extensión

1. Validación externa:

COMPLETAR

Evaluar el modelo en cohortes independientes de otras instituciones/países.

2. Validación temporal prospectiva:**COMPLETAR**

Implementar el modelo en tiempo real y evaluar rendimiento prospectivo.

3. Estudio de impacto:**COMPLETAR**

Ensayo clínico evaluando si el uso del modelo mejora los outcomes de los pacientes.

10.6.2 Mejoras del Modelo**1. Incorporación de nuevas variables:****COMPLETAR**

Explorar la adición de biomarcadores emergentes, datos de imagen, o señales de ECG continuo.

2. Predicción dinámica:**COMPLETAR**

Desarrollar modelos que actualicen el riesgo a medida que evoluciona el paciente durante la hospitalización.

3. Outcomes adicionales:**COMPLETAR**

Extender a predicción de arritmias ventriculares, shock cardiogénico, rein-fartos.

4. Aprendizaje federado:**COMPLETAR**

Desarrollar modelos multicéntricos preservando la privacidad de datos.

10.6.3 Aspectos de Implementación**1. Integración tecnológica:**

COMPLETAR

Desarrollar APIs para integración con sistemas hospitalarios.

2. Interfaz de usuario:**COMPLETAR**

Refinar el dashboard basándose en feedback de usuarios clínicos.

3. Mantenimiento del modelo:**COMPLETAR**

Establecer procesos para re-entrenamiento y monitorización de drift.

10.7 Consideraciones Éticas

COMPLETAR**[DISCUTIR ASPECTOS ÉTICOS]**

- **Equidad:** El modelo debe ser evaluado por subgrupos para evitar sesgos discriminatorios.
- **Transparencia:** Las explicaciones deben ser comunicables a pacientes y familias.
- **Autonomía:** El modelo es una herramienta de apoyo, no un sustituto del juicio clínico.
- **Privacidad:** Los datos deben ser manejados según normativas de protección de datos.
- **Responsabilidad:** Definir responsabilidades cuando las predicciones del modelo influyan en decisiones clínicas.

11 Conclusiones

11.1 Conclusiones Principales

COMPLETAR

[REDACTAR CONCLUSIONES BASADAS EN RESULTADOS]

Este estudio demuestra que:

1. **Viabilidad:** Es factible desarrollar un modelo de aprendizaje automático para predecir la mortalidad intrahospitalaria en pacientes con IAM utilizando variables clínicas y de laboratorio disponibles rutinariamente.
2. **Rendimiento superior:** El modelo [nombre] alcanzó un rendimiento predictivo (AUROC = [0.XXX]) significativamente superior al score GRACE tradicional (AUROC = [0.XXX]), con una mejora de [XX] puntos porcentuales.
3. **Calibración adecuada:** El modelo muestra buena calibración, lo que permite utilizar las probabilidades predichas directamente para la toma de decisiones clínicas.
4. **Interpretabilidad:** Las técnicas de explicabilidad (SHAP) permiten comprender las predicciones del modelo, identificando que las variables más influyentes son [lista de variables], consistentes con el conocimiento fisiopatológico.
5. **Utilidad clínica:** El análisis de curva de decisión demuestra beneficio neto del modelo en el rango de umbrales de probabilidad clínicamente relevantes.

11.2 Respuesta a los Objetivos

11.2.1 Objetivo General

COMPLETAR

Objetivo: Desarrollar y validar un modelo de aprendizaje automático para la predicción de mortalidad intrahospitalaria en pacientes con infarto agudo de miocardio.

Conclusión: Se cumplió el objetivo general. Se desarrolló un modelo de [tipo] con rendimiento [AUROC], validado mediante [tipo de validación], que supera a los modelos tradicionales de estratificación de riesgo.

11.2.2 Objetivos Específicos

1. Caracterizar el dataset:

COMPLETAR

Conclusión: Se analizó un dataset de [N] pacientes con [X] variables, identificando una tasa de mortalidad del [X %] y patrones de datos faltantes que fueron tratados mediante [método] .

2. Realizar análisis exploratorio:

COMPLETAR

Conclusión: El EDA reveló diferencias significativas entre fallecidos y supervivientes en variables como [edad, Killip, creatinina] , orientando la selección de predictores.

3. Desarrollar y optimizar modelos:

COMPLETAR

Conclusión: Se evaluaron [X] algoritmos, siendo [modelo] el de mejor rendimiento tras optimización de hiperparámetros mediante [método] .

4. Comparar con escalas tradicionales:

COMPLETAR

Conclusión: El modelo de ML superó significativamente al score GRACE (p [<0.001]), demostrando el valor añadido de los algoritmos de aprendizaje automático.

5. Analizar explicabilidad:

COMPLETAR

Conclusión: Las técnicas SHAP revelaron que las variables más predictivas son [lista] , con relaciones no lineales e interacciones que los modelos lineales no capturan.

6. Desarrollar herramienta de aplicación:

COMPLETAR

Conclusión: Se implementó un dashboard interactivo en Streamlit que permite realizar predicciones individuales con explicaciones SHAP para uso clínico.

11.3 Contribuciones del Estudio

COMPLETAR

[DESTACAR CONTRIBUCIONES ORIGINALES]

Las principales contribuciones de este trabajo son:

- 1. **Científica:** Demostración de la superioridad de modelos de ML sobre escalas tradicionales en una población [específica/latina/del país] .
- 2. **Metodológica:** Aplicación rigurosa de guías TRIPOD+AI para el desarrollo y reporte de modelos predictivos clínicos.
- 3. **Práctica:** Desarrollo de una herramienta de predicción interpretable lista para validación clínica.
- 4. **Educativa:** Documentación completa del proceso de desarrollo de modelos de ML en salud, útil para futuros proyectos similares.

11.4 Mensaje Clave

Punto Clave

Conclusión principal:

Los modelos de aprendizaje automático, específicamente [tipo de modelo] , representan una mejora significativa sobre las escalas de riesgo tradicionales para la predicción de mortalidad intrahospitalaria en pacientes con infarto agudo de miocardio. La combinación de alto rendimiento predictivo con técnicas de explicabilidad facilita su potencial adopción en la práctica clínica, contribuyendo a una medicina más personalizada y basada en datos.

11.5 Recomendaciones

11.5.1 Para Investigadores

- 1. Realizar validación externa del modelo en cohortes independientes.
- 2. Explorar la extensión del modelo a otros outcomes (arritmias, reingresos).

3. Investigar la incorporación de datos multimodales (imágenes, señales).
4. Desarrollar modelos de predicción dinámica durante la hospitalización.

11.5.2 Para Clínicos

1. Considerar el modelo como complemento, no sustituto, del juicio clínico.
2. Utilizar las explicaciones SHAP para identificar factores de riesgo modificables.
3. Validar localmente el modelo antes de su implementación rutinaria.
4. Participar en estudios de evaluación de impacto clínico.

11.5.3 Para Gestores de Salud

1. Evaluar la integración de herramientas de ML en sistemas de información hospitalarios.
2. Considerar la inversión en infraestructura de datos para habilitar el uso de IA clínica.
3. Establecer procesos de gobernanza para la implementación de algoritmos predictivos.
4. Facilitar la colaboración multicéntrica para validación y mejora de modelos.

11.6 Reflexión Final

COMPLETAR

[REFLEXIÓN DE CIERRE]

Este estudio representa un paso hacia la integración de la inteligencia artificial en la cardiología de urgencias. Aunque los resultados son prometedores, el camino hacia la implementación clínica requiere validación rigurosa, colaboración multidisciplinaria y un compromiso continuo con la transparencia y la ética en el desarrollo de algoritmos de salud.

La predicción de riesgo no es un fin en sí mismo, sino una herramienta para mejorar la atención al paciente. El verdadero valor de estos modelos se materializará cuando contribuyan a salvar vidas mediante una mejor identificación de pacientes vulnerables y una optimización de los recursos sanitarios.

12 Limitaciones y Trabajo Futuro

12.1 Limitaciones del Estudio

12.1.1 Limitaciones del Diseño

Tabla 65. Resumen de limitaciones metodológicas

Limitación	Descripción	Impacto potencial
Diseño retrospectivo	[Los datos fueron recolectados de una sola fuente]	[Posible sesgo de selección e información]
Centro único	[Datos de una sola institución]	[Limitación en generalización externa]
Periodo temporal	[Datos de [periodo], práctico]	[Posible drift temporal] y evolución de la enfermedad
Validación interna	[Solo validación por división]	[Optimismo en estimaciones de rendimiento]

12.1.2 Limitaciones de los Datos

1. Datos faltantes:

COMPLETAR

- [X] variables con >20 % de datos faltantes
- Imputación puede introducir sesgos
- Patrón de missingness posiblemente MNAR en algunas variables

2. Calidad de datos:

COMPLETAR

- Errores de transcripción posibles en registros clínicos
- Variabilidad en protocolos de laboratorio
- Inconsistencias en definiciones de variables

3. Variables no disponibles:

COMPLETAR

- Biomarcadores emergentes (ej. [coceptina, GDF-15])
- Datos genéticos/farmacogenómicos
- Variables socioeconómicas

- Señales de ECG continuo
- Datos de imagen (ecocardiografía cuantitativa)

4. Definición del outcome:

COMPLETAR

- Mortalidad intrahospitalaria no captura eventos post-alta
- Duración de estancia variable afecta la ventana de observación
- Causa de muerte no siempre documentada

12.1.3 Limitaciones del Modelo

1. Complejidad vs. interpretabilidad:

COMPLETAR

Aunque SHAP mejora la interpretabilidad, los modelos de ensemble son inherentemente más complejos que la regresión logística, lo que puede dificultar la adopción clínica.

2. Predicción estática:

COMPLETAR

El modelo realiza predicción en un punto temporal (ingreso), sin actualización dinámica durante la evolución del paciente.

3. Umbral de decisión:

COMPLETAR

La selección del umbral óptimo depende del contexto clínico específico y los costos de errores de clasificación, que no fueron formalmente evaluados.

4. Asunción de estacionariedad:

COMPLETAR

El modelo asume que las relaciones entre variables y outcome se mantienen estables, lo cual puede no ser cierto ante cambios en tratamientos o características poblacionales.

12.1.4 Limitaciones de Validación

1. Ausencia de validación externa:

COMPLETAR

El modelo no ha sido validado en cohortes de otras instituciones, regiones o países.

2. Ausencia de validación prospectiva:

COMPLETAR

No se ha evaluado el rendimiento del modelo en un escenario de uso en tiempo real.

3. Ausencia de estudio de impacto:

COMPLETAR

No se ha evaluado si el uso del modelo mejora los outcomes clínicos de los pacientes.

12.2 Sesgos Potenciales

Tabla 66. Análisis de sesgos potenciales

Tipo de sesgo	Riesgo	Mitigación aplicada
Sesgo de selección	[Medio/Alto/Bajo]	[Descripción de criterios de inclusión claro]
Sesgo de información	[Medio/Alto/Bajo]	[Uso de variables objetivas (laboratorio)]
Sesgo de confusión	[Medio/Alto/Bajo]	[Ajuste multivariable, ML captura interacción]
Sesgo de publicación	N/A	Reporte de todos los modelos evaluados
Overfitting	[Medio/Bajo]	[CV, regularización, early stopping]
Data leakage	[Bajo]	[Separación temporal train/test, exclusión de datos futuros]

12.3 Trabajo Futuro

12.3.1 Corto Plazo (6–12 meses)

1. Validación externa:

COMPLETAR

- Colaboración con otras instituciones para obtener cohortes de validación
- Evaluación de rendimiento en diferentes poblaciones
- Análisis de transportabilidad del modelo

2. Refinamiento del modelo:**COMPLETAR**

- Incorporación de feedback clínico
- Optimización de la calibración
- Ajuste de umbrales según contexto local

3. Mejora de la interfaz:**COMPLETAR**

- Usability testing con usuarios clínicos
- Integración con sistemas de historia clínica
- Generación automática de reportes

12.3.2 Mediano Plazo (1–2 años)**1. Estudio prospectivo:****COMPLETAR**

- Implementación piloto en entorno clínico real
- Evaluación de rendimiento prospectivo
- Análisis de aceptabilidad y usabilidad

2. Extensión del modelo:**COMPLETAR**

- Predicción de otros outcomes (arritmias, shock, reingresos)
- Predicción dinámica con actualización durante hospitalización

- Incorporación de variables adicionales (imágenes, señales)

3. Aspectos regulatorios:

COMPLETAR

- Certificación como dispositivo médico de software (si aplica)
- Documentación de conformidad regulatoria
- Evaluación de aspectos legales de responsabilidad

12.3.3 Largo Plazo (2–5 años)

1. Estudio de impacto clínico:

COMPLETAR

- Ensayo clínico aleatorizado evaluando si el uso del modelo mejora outcomes
- Análisis de costo-efectividad
- Evaluación de implementación a escala

2. Aprendizaje federado:

COMPLETAR

- Desarrollo de modelos multicéntricos preservando privacidad
- Colaboración internacional
- Modelos adaptativos por región/población

3. Medicina personalizada:

COMPLETAR

- Integración de datos genómicos y ómicos
- Predicción de respuesta a tratamientos específicos
- Optimización terapéutica individualizada

4. Mantenimiento continuo:

COMPLETAR

- Sistemas de monitorización de drift
- Re-entrenamiento periódico
- Actualización con nuevas evidencias y variables

12.4 Consideraciones para Implementación

Tabla 67. Checklist para implementación clínica

Requisito	Estado actual	Prioridad
Validación externa en ≥ 1 cohorte independiente	[Pendiente]	Alta
Validación prospectiva	[Pendiente]	Alta
Integración con HCE/EHR	[Pendiente/Parcial]	Alta
Evaluación de equidad por subgrupos	[Completado/Parcial]	Alta
Documentación técnica completa	[Completado]	Media
Manual de usuario	[Completado]	Media
Proceso de re-entrenamiento definido	[Pendiente]	Media
Marco de gobernanza establecido	[Pendiente]	Media
Evaluación regulatoria (si aplica)	[Pendiente]	Variable
Estudio de impacto clínico	[Pendiente]	Largo plazo

12.5 Propuesta de Colaboración

COMPLETAR**[INVITACIÓN A COLABORACIÓN]**

Invitamos a investigadores, clínicos e instituciones interesadas en:

- Participar en estudios de validación externa
- Colaborar en el desarrollo de modelos multicéntricos
- Contribuir al refinamiento de la herramienta
- Implementar y evaluar el modelo en sus contextos locales

Para más información:

- Repositorio: [URL del repositorio]

- Contacto: [email del equipo]
- Documentación: [URL de documentación]

Contribuciones de los Autores

[COMPLETAR: Contribuciones de cada integrante]

Especificar las contribuciones de cada integrante del equipo según la taxonomía CRediT:

- **Integrante 1:** Conceptualización, Metodología, Software
- **Integrante 2:** Curación de datos, Análisis formal, Visualización
- **Integrante 3:** Redacción, Revisión, Administración del proyecto

Declaración de Conflictos de Interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés relacionados con este estudio.

Agradecimientos

[COMPLETAR: Agradecimientos]

Agradecer a:

- Profesores y tutores del curso
- Instituciones que proporcionaron los datos (RECUIMA)
- Colaboradores externos

Referencias Bibliográficas

- Antman, E. M., Cohen, M., Bernink, P. J. L. M., McCabe, C. H., Horacek, T., Papuchis, G., Mautner, B., Corbalan, R., Radley, D., & Braunwald, E. (2000). The TIMI risk score for unstable angina/non-ST elevation MI: A method for prognostication and therapeutic decision making. *JAMA*, 284(7), 835-842. <https://doi.org/10.1001/jama.284.7.835>
- Fox, K. A. A., et al. (2006). Prediction of risk of death and myocardial infarction in the six months after presentation with acute coronary syndrome: prospective multinational observational study (GRACE). *BMJ*, 333(7578), 1091. <https://doi.org/10.1136/bmj.38985.646481.55>
- Morrow, D. A., Antman, E. M., Charlesworth, A., Cairns, R., Murphy, S. A., de Lemos, J. A., Giugliano, R. P., McCabe, C. H., & Braunwald, E. (2013). The ACTION Registry-GWTG risk score predicts mortality in acute myocardial infarction. *American Heart Journal*, 166(4), 607-615. <https://doi.org/10.1016/j.ahj.2013.06.023>
- Oliveira, M., Silva, R., Santos, A., Costa, P., & Ferreira, L. (2023). Machine learning prediction of mortality in acute myocardial infarction. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 23(1), 18. <https://doi.org/10.1186/s12911-023-02118-4>
- Pinto, F. J., Ferreira, J., Timoteo, A. T., Gil, V., et al. (2015). Development and validation of the ProACS risk score for predicting mortality in acute coronary syndromes. *Revista Portuguesa de Cardiologia*, 34(12), 771-781. <https://doi.org/10.1016/j.repc.2015.07.003>
- Steyerberg, E. W. (2019). *Clinical Prediction Models: A Practical Approach to Development, Validation, and Updating* (2nd). Springer Nature. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-16399-0>
- Wang, H., Li, Y., Zhang, C., Huang, J., & Liu, T. (2022). Integration of inflammatory and renal biomarkers to predict mortality in acute myocardial infarction using machine learning. *Frontiers in Cardiovascular Medicine*, 9, 948112. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2022.948112>
- Zhu, X., Wang, L., Zhang, Y., Chen, W., Liu, M., et al. (2024). Machine learning prediction of in-hospital mortality for acute myocardial infarction: A multicenter study. *European Heart Journal – Digital Health*, 5(2), 148-159. <https://doi.org/10.1093/ehjdh/ztad074>

A Diccionario de Variables

Este apéndice contiene el diccionario completo de variables utilizadas en el estudio.

A.1 Variables Incluidas en el Modelo Final

Tabla 68. Diccionario de variables del modelo final

Variable	Tipo	Descripción	Rango/Valores
Variables Demográficas			
EDAD	Numérica	Edad del paciente en años	[18–100]
SEXO	Binaria	Sexo biológico	0=F, 1=M
Antecedentes Patológicos			
APP_HTA	Binaria	Hipertensión arterial	0=No, 1=Sí
APP_DM	Binaria	Diabetes mellitus	0=No, 1=Sí
APP_DISLIPIDEMIA	Binaria	Dislipidemia	0=No, 1=Sí
APP_TABAQUISMO	Categorica	Estado de tabaquismo	0=Nunca, 1=Ex, 2=Activo
APP_IAM_PREVIO	Binaria	IAM previo	0=No, 1=Sí
APP_ICP_PREVIO	Binaria	ICP previa	0=No, 1=Sí
APP_ERC	Binaria	Enfermedad renal crónica	0=No, 1=Sí
APP_FA	Binaria	Fibrilación auricular	0=No, 1=Sí
[...]			
Presentación Clínica			
PAS	Numérica	Presión arterial sistólica (mmHg)	[60–250]
PAD	Numérica	Presión arterial diastólica (mmHg)	[30–150]
FC	Numérica	Frecuencia cardíaca (lpm)	[30–200]
FR	Numérica	Frecuencia respiratoria (rpm)	[8–40]
SAT_O2	Numérica	Saturación de oxígeno (%)	[50–100]
KILLIP	Ordinal	Clasificación Killip-Kimball	1, 2, 3, 4
TIEMPO_SINTOMAS	Numérica	Tiempo desde inicio síntomas (h)	[0–72]

Tabla 68 – Continuación

Variable	Tipo	Descripción	Rango/Valores
[...]			
Variables Electrocardiográficas			
ECG_ELEVACION_ST	Binaria	Elevación del segmento ST	0=No, 1=Sí
ECG_N_DERIVACIONES	Numérica	Número derivaciones con ST	[0–12]
ECG_BRIHH	Binaria	Bloqueo de rama izquierda	0=No, 1=Sí
[...]			
Biomarcadores			
TROPONINA	Numérica	Troponina I/T (ng/mL)	[0–XXX]
CK_MB	Numérica	Creatina quinasa MB (U/L)	[0–XXX]
NT_PROBNP	Numérica	NT-proBNP (pg/mL)	[0–XXXXXX]
CREATININA	Numérica	Creatinina sérica (mg/dL)	[0.3–15]
TFG_E	Numérica	Tasa filtrado glomerular (mL/min/1.73m ²)	[5–150]
GLUCOSA	Numérica	Glucemia (mg/dL)	[40–500]
HEMOGLOBINA	Numérica	Hemoglobina (g/dL)	[5–20]
LEUCOCITOS	Numérica	Leucocitos ($\times 10^9$ /L)	[1–50]
PCR	Numérica	Proteína C reactiva (mg/L)	[0–300]
[...]			
Variables de Imagen			
ECO_FEVI	Numérica	Fracción de eyección VI (%)	[10–80]
CORO_N_VASOS	Numérica	Número de vasos enfermos	0, 1, 2, 3
[...]			
Variables Derivadas			
IMC	Numérica	Índice de masa corporal (kg/m ²)	[15–50]
PAM	Numérica	Presión arterial media	Calculada
SHOCK_INDEX	Numérica	FC/PAS	Calculada
[...]			
Variable Objetivo			
MORTALIDAD_HO	Binaria	Mortalidad intrahospitalaria	0=Vivo, 1=Fallecido

A.2 Variables Excluidas del Análisis

Tabla 69. Variables excluidas y motivo de exclusión

Variable	Motivo	Detalle
ID_PACIENTE	Identificador	No tiene valor predictivo
FECHA_INGRESO	Fecha	Variable de registro
FECHA_ALTA	Fecha	Variable de registro
[VARIABLE_X]	Datos faltantes	[>50 % missing]
[VARIABLE_Y]	Data leakage	[Información post-outcome]
[VARIABLE_Z]	Colinealidad	[Correlación >0.9 con otra variable]

A.3 Transformaciones Aplicadas

Tabla 70. Transformaciones aplicadas a cada variable

Variable	Transformación	Imputación	Escalado
EDAD	Ninguna	[Mediana]	StandardScaler
PAS	Ninguna	[KNN]	StandardScaler
TROPONINA	Log(x+1)	[Mediana]	StandardScaler
NT_PROBNP	Log(x+1)	[Mediana]	StandardScaler
CREATININA	Log(x)	[KNN]	StandardScaler
KILLIP	Ninguna	[Moda]	Ninguno (ordinal)
[...]			

B Hiperparámetros y Configuración de Modelos

Este apéndice documenta los espacios de búsqueda de hiperparámetros y las configuraciones finales de todos los modelos evaluados.

B.1 Configuración General

Tabla 71. Configuración general del proceso de modelado

Parámetro	Valor
Semilla aleatoria (random_state)	[42]
Validación cruzada	[5-fold] estratificada
Métrica de optimización	[roc_auc]
Método de búsqueda	[RandomizedSearchCV / Optuna]
N iteraciones búsqueda	[100]
Early stopping (donde aplica)	[10 rondas sin mejora]
n_jobs	[-1 (todos los cores)]

B.2 Regresión Logística

Tabla 72. Hiperparámetros – Regresión Logística

Hiperparámetro	Espacio de búsqueda	Valor óptimo	Descripción
penalty	[l1, l2, elasticnet]	[l2]	Tipo de regularización
C	[0.001, 0.01, 0.1, 1, 10, 100]	[1.0]	Inverso de fuerza de regularización
solver	[lbfgs, saga, liblinear]	[lbfgs]	Algoritmo de optimización
class_weight	[None, balanced]	[balanced]	Ponderación de clases
max_iter	[500, 1000, 2000]	[1000]	Máximo de iteraciones
l1_ratio	[0.0, 0.25, 0.5, 0.75, 1.0]	[N/A]	Ratio L1/L2 (si elasticnet)

B.3 Random Forest

Tabla 73. Hiperparámetros – Random Forest

Hiperparámetro	Espacio de búsqueda	Valor óptimo	Descripción
n_estimators	[100, 200, 300, 500, 1000]	[500]	Número de árboles
max_depth	[None, 5, 10, 15, 20, 25]	[15]	Profundidad máxima
min_samples_split	[2, 5, 10, 20]	[5]	Min muestras para split
min_samples_leaf	[1, 2, 4, 8]	[2]	Min muestras por hoja
max_features	[sqrt, log2, 0.3, 0.5, 0.7]	[sqrt]	Features por split
class_weight	[balanced, balanced_subsample]	[balanced]	Ponderación de clases
bootstrap	[True, False]	[True]	Bootstrap sampling
criterion	[gini, entropy]	[gini]	Criterio de split

B.4 XGBoost

Tabla 74. Hiperparámetros – XGBoost

Hiperparámetro	Espacio de búsqueda	Valor óptimo	Descripción
n_estimators	[100, 200, 300, 500, 1000]	[300]	Número de rondas boosting
max_depth	[3, 4, 5, 6, 7, 8, 10]	[5]	Profundidad máxima
learning_rate (eta)	[0.01, 0.02, 0.05, 0.1, 0.2]	[0.05]	Tasa de aprendizaje
subsample	[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]	[0.8]	Fracción de muestras
colsample_bytree	[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]	[0.8]	Fracción de features
colsample_bylevel	[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]	[1.0]	Features por nivel
min_child_weight	[1, 3, 5, 7, 10]	[5]	Min suma de pesos hijos
gamma	[0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.5]	[0.1]	Min reducción de pérdida
reg_alpha	[0, 0.001, 0.01, 0.1, 1]	[0.01]	Regularización L1
reg_lambda	[0, 0.001, 0.01, 0.1, 1]	[0.1]	Regularización L2
scale_pos_weight	[1, ratio_clases]	[ratio]	Balance de clases
objective	–	binary:logistic	Función objetivo
eval_metric	–	auc, logloss	Métricas de evaluación

B.5 LightGBM

Tabla 75. Hiperparámetros – LightGBM

Hiperparámetro	Espacio de búsqueda	Valor óptimo	Descripción
n_estimators	[100, 200, 300, 500, 1000]	[400]	Número de iteraciones
num_leaves	[31, 50, 70, 100, 150]	[70]	Hojas por árbol
max_depth	[-1, 5, 10, 15, 20]	[10]	Profundidad máxima
learning_rate	[0.01, 0.02, 0.05, 0.1, 0.2]	[0.05]	Tasa de aprendizaje
min_child_samples	[5, 10, 20, 50, 100]	[20]	Min datos por hoja
min_child_weight	[0.001, 0.01, 0.1]	[0.01]	Min suma hessian
subsample	[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]	[0.8]	Fracción muestras
colsample_bytree	[0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]	[0.8]	Fracción features
reg_alpha	[0, 0.01, 0.1, 1]	[0.1]	Regularización L1
reg_lambda	[0, 0.01, 0.1, 1]	[0.1]	Regularización L2
class_weight	[None, balanced]	[balanced]	Ponderación clases
boosting_type	[gbdt, dart]	[gbdt]	Tipo de boosting

B.6 Red Neuronal (MLP)

Tabla 76. Hiperparámetros – Red Neuronal

Hiperparámetro	Espacio de búsqueda	Valor óptimo	Descripción
hidden_layer_sizes	[(64,32), (128,64), (128,64,32), (256,128,64)]	[(128,64,32)]	Arquitectura
activation	[relu, tanh, selu]	[relu]	Función activación
solver	[adam, sgd]	[adam]	Optimizador
alpha	[0.0001, 0.001, 0.01, 0.1]	[0.001]	Regularización L2
learning_rate	[constant, adaptive]	[adaptive]	Esquema LR
learning_rate_init	[0.001, 0.01, 0.1]	[0.001]	LR inicial
batch_size	[32, 64, 128, 256]	[64]	Tamaño batch
max_iter	[200, 500, 1000]	[500]	Máx épocas
early_stopping	[True]	True	Early stopping
n_iter_no_change	[10, 20, 30]	[20]	Paciencia ES

B.7 Configuración de AutoML (si aplica)

COMPLETAR

[COMPLETAR SI SE USÓ AUTOML]

Tabla 77. Configuración de AutoML

Parámetro	Valor
Framework	[AutoKeras / Auto-sklearn / H2O]
Tiempo máximo de búsqueda	[X horas]
Máximo de trials/modelos	[XX]
Métrica de optimización	[roc_auc]
Mejor arquitectura encontrada	[Descripción]

B.8 Configuración de Calibración

Tabla 78. Configuración de calibración de probabilidades

Parámetro	Valor
Método	[CalibratedClassifierCV]
cv	[5]
method	[sigmoid / isotonic]
ensemble	[True/False]

B.9 Configuración de SHAP

Tabla 79. Configuración de análisis SHAP

Parámetro	Valor
Explainer type	[TreeExplainer / KernelExplainer]
Data para background	[shap.sample(X_train, 100)]
N muestras para summary plot	[N]
Cálculo de interacciones	[Sí/No]

B.10 Reproducibilidad

Para garantizar la reproducibilidad de los experimentos:

Listing 1. Configuración de semillas aleatorias

```

1 import numpy as np
2 import random
3 import os
4
5 # Seed configuration
6 RANDOM_SEED = 42
7
8 def set_seed(seed=RANDOM_SEED):
9     np.random.seed(seed)
10    random.seed(seed)
11    os.environ['PYTHONHASHSEED'] = str(seed)
12    # For TensorFlow/Keras (if used):
13    # tf.random.set_seed(seed)
14    # For PyTorch (if used):

```

```

15     # torch.manual_seed(seed)
16
17 set_seed()

```

C Código y Recursos

Este apéndice proporciona información sobre el código fuente, recursos y herramientas utilizadas en el proyecto.

C.1 Estructura del Repositorio

```

mortality-ami-predictor/
+-- DATA/                                # Datos (no incluidos en repositorio publico)
|   +-- raw/                              # Datos crudos
|   +-- processed/                        # Datos procesados
+-- Report/                              # Documentacion e informes
|   +-- informe_final/                    # Este informe
|   +-- state_of_the_art/                 # Estado del arte
+-- Tools/                                # Herramientas principales
|   +-- src/                              #Codigo fuente
|   |   +-- data_load/                    # Carga de datos
|   |   +-- cleaning/                     # Limpieza y preprocesamiento
|   |   +-- eda/                           # Analisis exploratorio
|   |   +-- automl/                        # AutoML
|   |   +-- evaluation/                    # Evaluacion de modelos
|   |   +-- explainability/                # Explicabilidad (SHAP)
|   +-- dashboard/                        # Aplicacion Streamlit
|   +-- notebooks/                        # Jupyter notebooks
|   +-- models/                           # Modelos entrenados
|   +-- tests/                            # Tests unitarios
|   +-- docs/                             # Documentacion tecnica
+-- requirements.txt                       # Dependencias Python
+-- environment.yml                        # Entorno Conda
+-- README.md                             # Documentacion principal

```


C.2 Acceso al Código

Tabla 80. Enlaces a recursos del proyecto

Recurso	Enlace
Repositorio GitHub	[https://github.com/usuario/mortality-ami-predictor]
Documentación	[https://usuario.github.io/mortality-ami-predictor]
Dashboard (demo)	[https://mortality-ami-predictor.streamlit.app]
MLflow experiments	[Enlace o “Local”]

C.3 Dependencias Principales

Tabla 81. Principales librerías Python utilizadas

Librería	Versión	Uso
Manipulación de datos		
pandas	[2.x]	DataFrames y manipulación tabular
numpy	[1.2x]	Arrays y operaciones numéricas
Visualización		
matplotlib	[3.x]	Gráficos base
seaborn	[0.1x]	Visualización estadística
plotly	[5.x]	Gráficos interactivos
Machine Learning		
scikit-learn	[1.x]	ML clásico, preprocesamiento, evaluación
xgboost	[2.x]	Gradient boosting
lightgbm	[4.x]	Gradient boosting eficiente
imbalanced-learn	[0.1x]	SMOTE y técnicas de balanceo
Deep Learning (si aplica)		
tensorflow/keras	[2.x]	Redes neuronales
autokeras	[1.x]	AutoML para deep learning
Explicabilidad		
shap	[0.4x]	Valores SHAP
eli5	[0.1x]	Explicación de modelos
Aplicación		
streamlit	[1.x]	Dashboard interactivo
mlflow	[2.x]	Tracking de experimentos
joblib	[1.x]	Serialización de modelos

C.4 Instalación

Listing 2. Instalacion del entorno

```

1 # Clonar repositorio
2 git clone https://github.com/usuario/mortality-ami-predictor.
   git

```

```
3 cd mortality-ami-predictor
4
5 # Opcion 1: Usando pip
6 pip install -r requirements.txt
7
8 # Opcion 2: Usando conda
9 conda env create -f environment.yml
10 conda activate mortality-ami
11
12 # Opcion 3: Usando Docker
13 docker-compose up -d
```

C.5 Uso Básico

C.5.1 Entrenamiento de Modelos

Listing 3. Ejemplo de entrenamiento

```
1 from src.data_load import load_data
2 from src.cleaning import preprocess_pipeline
3 from src.automl import train_models, evaluate_models
4
5 # Cargar datos
6 df = load_data("DATA/recuima-020425.csv")
7
8 # Preprocesamiento
9 X, y = preprocess_pipeline(df, target="MORTALIDAD_HOSP")
10
11 # Entrenar modelos
12 results = train_models(X, y, models=["lr", "rf", "xgb"])
13
14 # Evaluar
15 metrics = evaluate_models(results, X_test, y_test)
```

C.5.2 Predicción con Modelo Entrenado

Listing 4. Ejemplo de prediccion

```
1 import joblib
2 from src.explainability import explain_prediction
3
4 # Cargar modelo
```

```

5 model = joblib.load("models/best_classifier.joblib")
6 preprocessor = joblib.load("models/preprocessor.joblib")
7
8 # Preparar datos del paciente
9 patient_data = {
10     "EDAD": 72,
11     "SEXO": 1,
12     "KILLIP": 2,
13     "PAS": 110,
14     "CREATININA": 1.5,
15     # ... otras variables
16 }
17
18 # Preprocesar y predecir
19 X_patient = preprocessor.transform(patient_data)
20 prob = model.predict_proba(X_patient)[0, 1]
21
22 # Explicar prediccion
23 shap_values = explain_prediction(model, X_patient)

```

C.5.3 Ejecutar Dashboard

Listing 5. Ejecucion del dashboard

```

1 cd Tools/dashboard
2 streamlit run Dashboard.py

```

C.6 Notebooks de Referencia

Tabla 82. Notebooks disponibles

Notebook	Contenido
eda.ipynb	Análisis exploratorio completo con visualizaciones
modeling.ipynb	Desarrollo y comparación de modelos
explainability.ipynb	Análisis SHAP y explicabilidad

C.7 Tests

Listing 6. Ejecucion de tests

```

1 # Ejecutar todos los tests
2 pytest tests/ -v
3
4 # Con cobertura
5 pytest tests/ --cov=src --cov-report=html

```

C.8 Documentacion Tecnica

La documentacion tecnica completa esta disponible en el directorio `docs/` y puede ser generada localmente:

Listing 7. Generacion de documentacion

```

1 # Instalar dependencias de documentacion
2 pip install -r docs-requirements.txt
3
4 # Generar documentacion
5 mkdocs serve # Para desarrollo
6 mkdocs build # Para produccion

```

C.9 Licencia

ESPECIFICAR LICENCIA

Este proyecto esta licenciado bajo **[MIT License / Apache 2.0 / Creative Commons]**. Ver archivo LICENSE en el repositorio para detalles completos.

C.10 Citacion

Si utilizas este codigo o metodologia en tu investigacion, por favor cita:

```

@software{mortalityami2025,
  author = {[AUTORES]},
  title = {Mortality AMI Predictor: Machine Learning para
           Prediccion de Mortalidad Intrahospitalaria en IAM},
  year = {2025},
  url = {https://github.com/usuario/mortality-ami-predictor}
}

```

C.11 Contacto y Soporte

INFORMACION DE CONTACTO

Para preguntas, sugerencias o colaboraciones:

- Email: [\[equipo@ejemplo.com\]](mailto:equipo@ejemplo.com)
- Issues: [\[GitHub Issues del repositorio\]](#)
- Discusiones: [\[GitHub Discussions\]](#)

Lista de Acrónimos

AUROC Área Bajo la Curva ROC. 34

EDA Análisis Exploratorio de Datos. 36

IAM Infarto Agudo de Miocardio. 15–18, 75, 83

LR Regresión Logística. 33

ML Machine Learning. 16, 20

NN Red Neuronal. 33

RF Random Forest. 16, 32, 33

SHAP SHapley Additive exPlanations. 16, 17, 35, 68

XGBoost Extreme Gradient Boosting. 16