

MANUAL DE USUARIO: HERRAMIENTA PARA PREDICCIÓN DE RIESGO EN CÁNCER DE PRÓSTATA

IISA/EUPLA/HU Miguel Servet/ITA

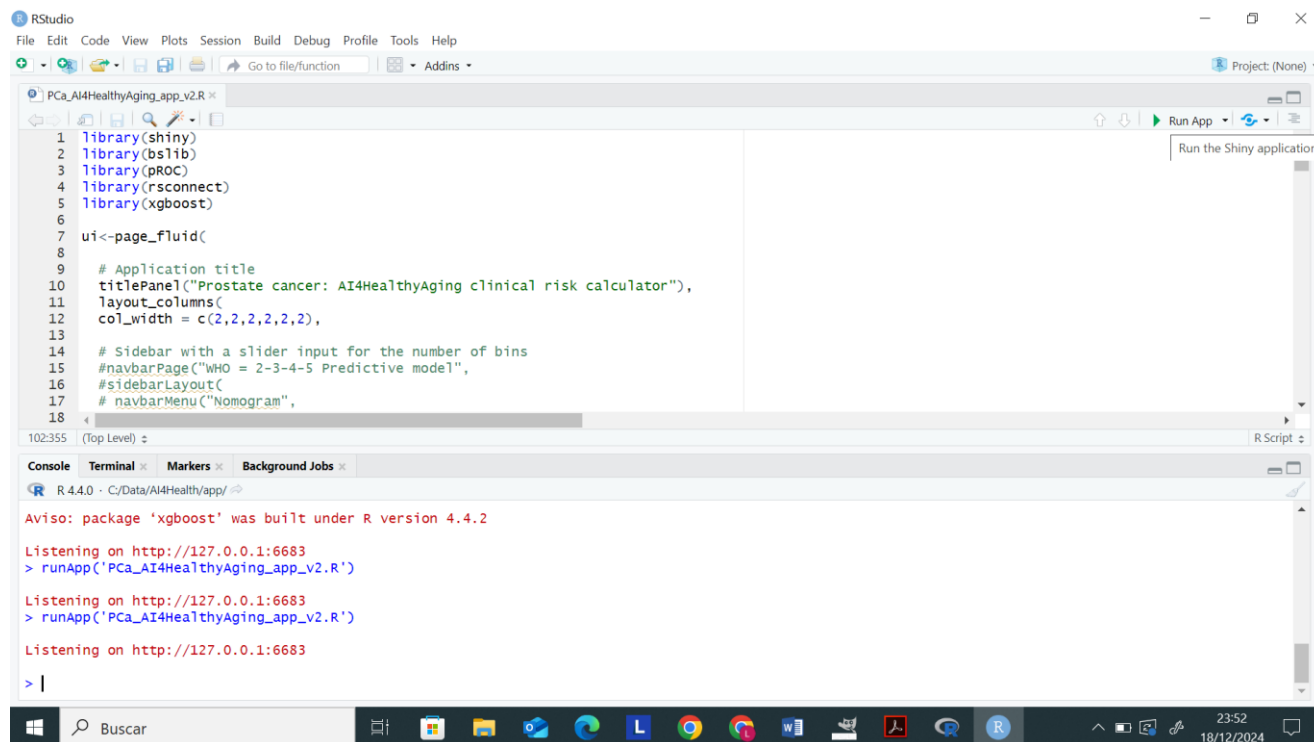
18 diciembre 2022

ÍNDICE

1. INstalación	3
2. INTERFAZ.....	4
3. Autoria de la herramienta.....	6

1. INSTALACIÓN

Para instalar el programa hay que cargar el fichero .R que se encuentra en el repositorio <https://github.com/lmesteban/USS> en Rstudio. Una vez cargado basta con ejecutar la pestaña runApp



```

1 library(shiny)
2 library(bslib)
3 library(pROC)
4 library(rsconnect)
5 library(xgboost)
6
7 ui<-page_fluid(
8
9   # Application title
10   titlePanel("Prostate cancer: AI4HealthyAging clinical risk calculator"),
11   layout_columns(
12     col_width = c(2,2,2,2,2,2),
13
14     # Sidebar with a slider input for the number of bins
15     #navPage("WHO = 2-3-4-5 Predictive model",
16     #sidebarLayout(
17     #  navbarMenu("Nomogram",
18
19355 (Top Level)
  
```

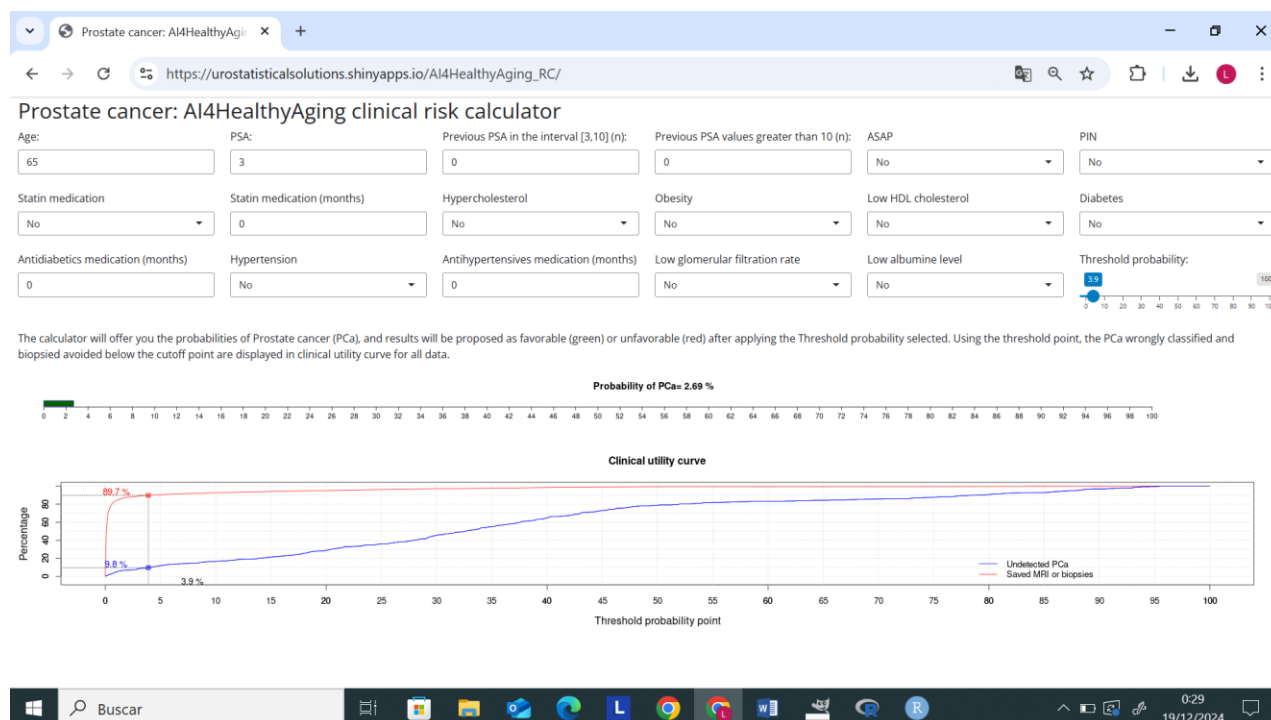
Console output:

```

R 4.4.0 · C:/Data/AI4Healthy/app/
Aviso: package 'xgboost' was built under R version 4.4.2
Listening on http://127.0.0.1:6683
> runApp('PCa_AI4HealthyAging_app_v2.R')
Listening on http://127.0.0.1:6683
> runApp('PCa_AI4HealthyAging_app_v2.R')
Listening on http://127.0.0.1:6683
> |
  
```

Alternativamente la app puede ejecutarse mediante la aplicación web alojada en la URL https://urostatisticalsolutions.shinyapps.io/AI4HealthyAging_RC/

En ese caso no es necesario tener instalado ningún software en el ordenador, la herramienta se ejecutará en remoto. Esta app puede ser utilizada también en todo tipo de dispositivos móviles.



2. INTERFAZ

La interfaz ha sido diseñada mediante la librería shiny desde R studio, consta de dos elementos, el panel de entrada y el de salida. La app ha sido generada en un entorno page_fluid para que el diseño se adapte al tamaño de la pantalla en que será visualizada.

2.1 Entradas

Las entradas corresponden a la parte user interface (ui) del fichero fuente, donde se introducen los valores de las variables predictoras.

Estas variables son:

- Age: Edad medida en años.
- PSA: Antígeno específico de próstata.
- Previous PSA in the Interval [3,10]: Número de medidas de PSA previos en el intervalo [3,10].
- Previous PSA greater than 10: Número de medidas de PSA previos mayores que 10.
- ASAP: Proliferación Acinar Atípica Pequeña (Yes/No)
- PIN: Neoplasia Intraepitelial Prostática (Yes/No)
- Statin medication: Tiene medicación con estatinas (Yes/No)
- Statin medication (months): Meses previos con medicación de estatinas.
- Hypercholesterol: Hipercolesterol (Yes/No)
- Obesity: Obesidad (Yes/No)
- Low HDL colesterol: Colesterol HDL bajo (Yes/No)
- Diabetes: Diabetes (Yes/No)
- Antidiabetics medication (months): Meses con medicación previa antidiabética.
- Hypertension: Hipertensión (Yes/No)
- AntiHypertensives medication (months): Meses previos con medicación
- Low glomerular filtration rate: Filtrado glomerular bajo (Yes/No)
- Low albumin level: Nivel de albumina bajo (Yes/No)
- Threshold probablity: Punto de corte para clasificar los pacientes como cáncer de próstata (por encima del punto de corte), o no cáncer de próstata (por debajo del punto de corte)

2.2 Salida

El panel de salida del programa esta constituida por dos elementos gráficos, el primero de ellos es un diagrama de barras que proporciona la probabilidad de padecer cáncer de próstata, es el resultado de la aplicación del modelo XGBoost a las variables predictoras. El resultado se presenta en color verde cuando el individuo es clasificado como “no cáncer de próstata” y su probabilidad de cáncer de próstata está por debajo del punto de corte, o en color rojo cuando es clasificado como “cáncer de próstata” y la probabilidad está por encima del punto de corte. Éste valor de probabilidad proporcionado es el que cuantifica el riesgo de cáncer de próstata.

El segundo elemento que se sitúa debajo del primero corresponde a la utilidad clínica del modelo, proporciona una información del porcentaje de cáncer de próstata erróneamente clasificado y el

porcentaje de biopsias ahorradas para un punto de corte seleccionado. El valor de partida es un punto de corte de 3.9% que corresponde a una pérdida de diagnóstico en CaP del 9.8%. Éste valor puede ser modificado desde la entrada correspondiente.

Para más información sobre el modelo en el que se basa la app puede consultar el informe [Informe Herramienta predicción riesgo CaP](#) que se encuentra en el repositorio github <https://github.com/lmesteban/USS>.

3. Autoria de la herramienta

La herramienta ha sido desarrollado por el equipo de trabajo del Instituto de Investigaicón Sanitaria de Aragón integrado por Angel Borque (Hospital Universitario Miguel Servet, Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón, Universidad de Zaragoza), Alejandro Camón (Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón), Luis Mariano Esteban (Escuela Universitaria Politécnica de La Almunia, Instituto de Biocomputacion y Física de Sistemas complejos) y Patricia Guerrero (Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón), con la coordinación del Instituto Tecnológico de Aragón (ITA).