IMPLEMENTACIÓN DE ALGORITMOS DE REDES BAYESIANAS PARA LA CLASIFICACIÓN DE LA MORTALIDAD TRAS ICTUS ISQUÉMICO

ADRIÁN APARICIO MOTA, JOSÉ GALVÁN ESPINOSA, JUAN MANUEL GARCÍA TORRECILLAS, MAR IGLESIAS ESPINOSA, MARÍA DEL MAR RODRIGUEZ SALVADOR, MARIA DEL CARMEN LEA PEREIRA

CONGRESO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN EN SALUD Y ENVEJECIMIENTO &
CONGRESO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN EN SALUD
Murcia, 20 y 21 de Septiembre de 2022

INTRODUCCIÓN

Ahondar en modelos no clásicos para la clasificación o regresión puede ser aconsejable en ciertos tipos de datos. Tras la escasa información en modelos que utilicen la estadística bayesiana puede aportar un punto de vista distinto e información útil, en este caso para la predicción de la mortalidad tras ictus isquémico. Es fundamental considerar la estadística bayesiana para el tratamiento de datos sanitarios estructurados por CC. AA., áreas o zonas geográficas específicas debido a que puede aportar ciertas ventajas frente a la estadística frecuentista.

OBJETIVOS

Principal: Representar gráficamente las dependencias probabilísticas entre la mortalidad tras ictus isquémico y las variables aleatorias así como mostrar las probabilidades condicionadas.

MÉTODO

Para la representación gráfica de la red bayesiana se utilizó las librerías “bnlearn” y “bnclassify” del software estadístico R. En ella se representó gráficamente como nodos cada una de las variables y las dependencias entre ellas. Debido a la muestra desbalanceada se le proporcionó unos pesos mayores a la clase minoritaria en la variable “Exitus”. Se utilizó el método k-fold cross validation y se evalúo la capacidad predictiva del modelo mediante las métricas asociadas como sensibilidad, sensibilidad, precisión y AUC.

RESULTADOS

La red bayesiana muestra como la mortalidad en ictus isquémico se relaciona directamente con todas las variables seleccionadas para el modelo. Mediante la red bayesiana se obtuvo una precisión de 0.683, Un intervalo de confianza para AUC de [0.744, 0760]. Respecto a otras métricas estudiadas se obtuvo una sensibilidad de 0.678 Y una especificidad de 0.689.

CONCLUSIÓN

Los resultados obtenidos son buenos y proporcionan una información significativa, cabe destacar que se podría obtener una mejoría del modelo al añadir variables por áreas geográficas o CCAA. Se considera seguir trabajando en técnicas de este tipo para una posible mejoría y rendimiento generando una red bayesiana dinámica para modelar la evolución de dicha enfermedad a través del tiempo.