



ZTF-FCT

Zientzia eta Teknologia Fakultatea  
Facultad de Ciencia y Tecnología

# ESTUDIO DE LA MALA EVOLUCIÓN DE LOS PACIENTES LEVES DE NEUMONÍA UTILIZANDO LA REGRESIÓN LOGÍSTICA.

Ane Loroño Leturiondo

Con la colaboración de Irantzu Barrio, Pedro España, Amaia Bilbao y  
Rosa Diez

Barcelona, 9 de Septiembre del 2016

# ÍNDICE

- 1 Introducción
- 2 Objetivos
- 3 Aplicación y Resultados
- 4 Conclusiones
- 5 Próximos pasos
- 6 Bibliografía



# INTRODUCCIÓN

- La mortalidad de pacientes con neumonía ha sido ampliamente estudiada en la literatura.
- Los biomarcadores PCR,PCT y PADM son buenos indicadores para predecir mortalidad.
- Se han desarrollado scores para predecir el riesgo de mortalidad, como por ejemplo SCAP, PSI y CURB-65 entre otros.



# OBJETIVOS

- Los predictores estudiados y validados en individuos con neumonía grave, son también buenos predictores en pacientes con neumonía leve?
- Queremos construir un modelo que prediga la mala evolución de los pacientes leves.

# DATOS

- *Fuente:* Datos recopilados en el Hospital de Galdakao-Usansolo durante los años 2008 eta 2009.
- *Muestra:*
  - La componen los pacientes ingresados con neumonía moderada.
  - 136 pacientes.
  - El 19% tiene sepsis grave.
- *Definición de neumonía o sepsis grave:*
  - $pO_2 < 54$
  - Creatinina  $< 2$
  - TA  $< 90$
  - Estado mental alterado sin enfermedad cerebrovascular.
- *Definición de la variable dependiente:* Mala evolución
  - Mortalidad a 30 días.
  - UCI
  - UCRI

# PRIMER OBJETIVO

Aplicar en nuestra muestra los indicadores que predicen mortalidad en el caso de los pacientes de neumonía en general. Concretamente los scores SCAP, PSI y CURB-65 y los biomarcadores PCR, PCT y PADM.

## ANÁLISIS UNIVARIANTE

	Variables	$\beta$	OR	p-valor *
scores	CURB-65	-0.524	0.592	<b>0.091</b>
	SCAP	0.124	1.132	<b>0.085</b>
	PSI	0.003	1.003	0.704
Biomarcadores	PADM	0.650	1.920	<b>0.115</b>
	PCR	0.004	1.004	<b>0.012</b>
	PCT	0.017	1.017	0.690

\*p-valores obtenidos por el test de Wald

# PRIMER OBJETIVO

## MODELO MULTIVARIANTE CON LAS VARIABLES SCAP, PADM Y PCR.

Variables	$\beta$	OR	p-valor *
SCAP	0.237	1.267	<b>0.022</b>
PADM	-0.600	0.549	0.407
PCR	0.003	1.003	0.269

## MODELO MULTIVARIANTE CON LAS VARIABLES CURB-65, PADM Y PCR.

Variables	$\beta$	OR	p-valor *
CURB-65	-0.061	0.941	0.898
PADM	0.417	1.517	0.381
PCR	0.003	1.003	0.084

## SEGUNDO OBJETIVO

Construir un modelo multivariante que prediga la mala evolución de los pacientes leves.

### MODELO PROPUESTO

Variables	$\beta$	OR	p-valor *
TA	-0.03	0.97	<b>0.020</b>
Albúmina	-0.97	0.38	<b>0.030</b>
Leucocitos <sub>(millares)</sub>	0.09	1.09	<b>0.007</b>
Bilateral - Bai	2.46	11,75	<b>0.004</b>
<b>AUC del modelo</b>		0.85	

$\text{logit}(p) =$

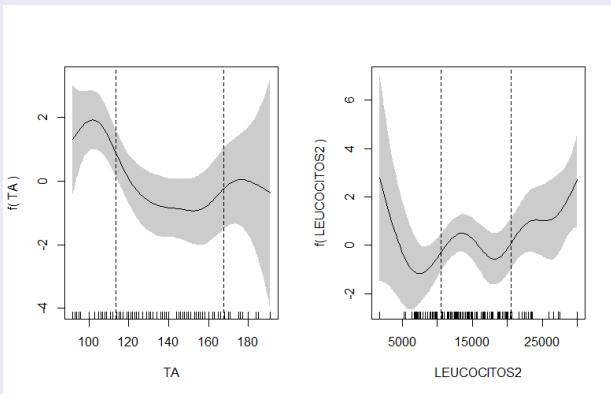
$$7.2 - 0.03X_{TA} - 0.97X_{Albumina} + 0.09X_{Leucocitos(millares)} + 2.46X_{bilateral} - Si$$



## SEGUNDO OBJETIVO

*Hay relación lineal entre la variable dependiente y las explicativas?*

GRAFICO OBTENIDO MEDIANTE LA FUNCIÓN *catpredi* PARA CALCULAR LOS PUNTOS DE CORTE ÓPTIMOS.



## Segundo objetivo

## SEGUNDO OBJETIVO

## MODELO DEFINITIVO

Variables categorizadas	$\beta$	OR	p-valor *
Tensión arterial $\in (90, 112]$	2.88	17.74	< <b>0.001</b>
Tensión arterial $\in [167, 191]$	1.44	4.21	0.163
Hipoalbuminemia-Si	3.01	20.27	<b>0.002</b>
Bilateral-Si	2.80	16.45	<b>0.002</b>
<b>AUC del modelo</b>		0.842	

$$\text{logit}(p) = -3.24 + 2.88X_{TA \in (90,112]} + 1.44X_{TA \in [167,191]} + 3.01X_{\text{Hipoalbuminemia-Si}} + 2.8X_{\text{Bilateral-Si}}$$

Bondad de ajuste

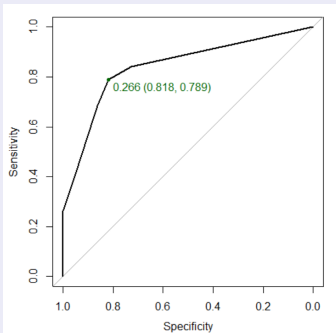
# BONDAD DE AJUSTE

## 1. CONTRASTE DE HOSMER-LEMESHOW

 $H_0$  : Buena bondad de ajuste $H_1$  : Mala bondad de ajuste

p-valor = 0.7618

## 2. CURBA ROC

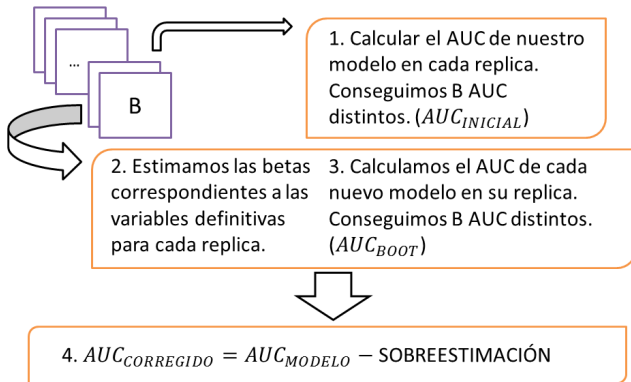


El AUC del modelo es 0.8421.

# VALIDACIÓN DEL AUC

## 3. MÉTODO BOOTSTRAP

Hemos creado 100 muestras Bootstrap y el AUC corregido es de 0.817.



# CONCLUSIONES

## PRIMERA CONCLUSIÓN

Los scores SCAP, PSI y CURB-65 y los biomarcadores PCR, PCT y PADM no son buenos predictores para el caso de los pacientes leves.

*Por qué?*

- 1 Tenemos una muestra pequeña.
- 2 Nuestra muestra la componen pacientes leves con lo cual todos tienen una puntuación baja y similar en los scores.

## SEGUNDA CONCLUSIÓN

Las variables TA, albúmina y bilateral crean un modelo con buena capacidad predictiva.

## NOTA






Las variables definitivas del modelo explicativo no toman parte en los scores!



# PROXIMOS PASOS

- 1 Validar los modelos en muestras más grandes y contrastar conclusiones.
- 2 Tenemos pocos pacientes. Qué técnicas estadísticas son apropiadas para este tipo de muestras? Qué diferencias podemos encontrar al aplicar las técnicas conocidas en muestras pequeñas?

## BIBLIOGRAFIA

-  *Generalized linear models*. McCullagh P, Nelder JA. 37, 1989, CRC press.
-  *Applied logistic regression*. Hosmer Jr, David W, Lemeshow S. 2004, John Wiley & Sons.
-  *Clinical prediction models: a practical approach to development, validation, and updating*. Steyerberg W. 2008, Springer Science & Business Media.
-  Performance of PSI, CURB-65, and SCAP scores in predicting the outcome of patients with community-acquired and healthcare-associated pneumonia. Falcone M, Corrao S, Venditti M, Serra P, Licata G. *Internal and emergency medicine*, 6, 5, 431-436, 2011, Springer.
-  A new approach to categorising continuous variables in prediction models: Proposal and validation. Barrio I, Arostegui I, Rodríguez-Álvarez MX, Quintana JM. *Statistical methods in medical research*, 2015 (in press), SAGE Publications.

**Moltes Gràcies!**