

Modelos de progresión de la Enfermedad Renal Crónica: Revisión Sistemática

Models of Chronic Kidney Disease Progression: A Systematic Review

Dania Castillo Deprés¹ <https://orcid.org/0000-0001-8109-0105>

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

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

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

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

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

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

Autor para la correspondencia: ariel.delgado@infomed.sld.cu

RESUMEN

Introducción: La enfermedad renal crónica (ERC) representa una carga para la salud mundial, con un rango estimado de 5 a 10 millones de muertes anuales a nivel mundial. El objetivo de esta investigación es identificar, evaluar y resumir los hallazgos de los modelos de predicción utilizados para determinar la progresión de la ERC y sus principales características.

Método: Se desarrolló una revisión sistemática que sigue las directrices PRISMA y se adhiere a las metodologías propuestas por Kitchenham la que permite identificar y mapear la evidencia existente e investigar y determinar las lagunas de conocimiento en torno al tema y sigue un enfoque estandarizado para buscar, filtrar e informar artículos.

Resultados: La búsqueda inicial arrojó un total de 429 artículos en Medline, Crochane y Scopus, se eliminaron 23 duplicados, 321 fueron excluidos según los criterios preestablecidos. Se evaluó la elegibilidad de texto completo de 85 artículos y posteriormente se mantuvieron 37 artículos que se incluyeron en la revisión cualitativa final.

Discusión: En general utilizan variables clínicas como creatinina sérica, tasa de filtración glomerular estimada (eTFG), edad, peso, comorbilidades y medicación, integradas mediante técnicas de aprendizaje supervisado, regresión de riesgos proporcionales de Cox, regresión logística y redes neuronales artificiales.

Conclusiones: La regresión de Cox es el modelo predominante para predecir la progresión de la ERC. Solo un pequeño número de estudios utilizó modelos de aprendizaje automático, IA u otras herramientas. También se identificaron disímiles métodos para validar el modelo, aunque el que se utilizó con mayor frecuencia fue la curva ROC.

ABSTRACT

Introduction: Chronic kidney disease (CKD) represents a global health burden, with an estimated 5 to 10 million deaths annually worldwide. The aim of this research is to identify, evaluate, and summarize the findings of prediction models used to determine the progression of CKD and its main characteristics.

Method: A systematic review was conducted following the PRISMA guidelines and adhering to the methodologies proposed by Kitchenham. This approach allows for the identification and mapping of existing evidence, the investigation of knowledge gaps, and the use of a standardized approach for searching, filtering, and reporting articles.

Results: The initial search yielded a total of 429 articles in Medline, Cochrane, and Scopus. Twenty-three duplicates were removed, and 321 articles were excluded based on predefined criteria. The full text of 85 articles was assessed for eligibility, and 37 articles were ultimately included in the final qualitative review.

Discussion: These models generally use clinical variables such as serum creatinine, estimated glomerular filtration rate (eGFR), age, weight, comorbidities, and

medications, integrated using supervised learning techniques, Cox proportional hazards regression, logistic regression, and artificial neural networks.

Conclusions: Cox regression is the predominant model for predicting CKD progression. Only a small number of studies used machine learning, AI, or other tools. Various methods for model validation were identified, although the ROC curve was the most frequently used.

Recibido: 12/10/2025

Aprobado: 16/10/2025

Introducción

La enfermedad renal crónica (ERC) representa una carga para la salud mundial, con un estimado de 5 a 10 millones de muertes anuales a nivel mundial debido a esta enfermedad.^{1, 2} A partir de las estadísticas internacionales se pronostica como la quinta causa principal de muerte a nivel mundial para el año 2040.^{3,4} La ERC se clasifica en cinco etapas progresivas y su progresión a menudo conduce a múltiples complicaciones hasta alcanzar la etapa cinco o terminal de la enfermedad.^{5,6} A pesar de haberse identificado los factores de riesgo asociados con la aparición de la ERC, persisten lagunas en los métodos para predecir el riesgo de progresión y en las intervenciones para frenarla.⁷⁻⁹

Los modelos predictivos de progresión de la ERC han evolucionado a lo largo de los años, en consonancia con la comprensión de la fisiopatología de la enfermedad y el uso de datos genómicos, proteómicos y metabolómicos para mejorar la predicción. La integración de técnicas avanzadas de inteligencia artificial (IA) y aprendizaje automático ha permitido superar las limitaciones de los métodos tradicionales y

ofrecen precisiones diagnósticas superiores al 90% en diversos estudios.¹⁰⁻¹² Sin embargo su usabilidad actual es limitada y existen barreras metodológicas y de validación externa que limita su aplicabilidad y generalización.

Existen diferentes tipos de modelos predictivos empleados en la ERC, podemos clasificarlos en modelos estadísticos tradicionales, modelos clínicos multivariantes y modelos de inteligencia artificial/aprendizaje automático.

Modelos estadísticos tradicionales

- **Kidney Failure Risk Equation (KFRE):** Modelo ampliamente validado que utiliza variables como edad, tasa de filtración glomerular estimada (TFGe), albuminuria y sexo para predecir el riesgo de progresión a falla renal en 2 y 5 años. Ha sido recalibrado para distintas poblaciones, mejorando su precisión.¹³⁻¹⁸
- **Regresión logística múltiple:** Utiliza factores de riesgo como enfermedades urológicas, hipertensión arterial, hiperuricemia y uso de nefrotóxicos para calcular la probabilidad de desarrollar ERC. Permite identificar combinaciones de factores con alto riesgo predictivo.¹⁸
- **Modelos de regresión lineal:** Empleados para predecir la progresión de la función renal a partir de variables continuas como creatinina, edad y presión arterial, aunque con menor sofisticación que los modelos multivariantes modernos.¹⁷⁻¹⁸

Modelos clínicos multivariantes

- **Modelo clínico con factores de riesgo ampliados:** Incluye enfermedades urológicas, hipertensión arterial, hiperuricemia y uso de nefrotóxicos, logrando una probabilidad predictiva de hasta 99,9% cuando se presentan todos los factores.¹⁹
- **Modelos con variables bioquímicas y demográficas:** Incorporan datos como edad, sexo, niveles de calcio, fósforo, bicarbonato y albúmina junto con la TFGe y la relación albúmina/creatinina, para estimar el riesgo de progresión a insuficiencia renal.¹⁹⁻²⁰

- **Modelos de cambio de estadio renal:** Predicen la transición entre diferentes estadios de ERC (por ejemplo, de estadio 3 a 4) usando variables clínicas, de laboratorio y antecedentes médicos.¹⁹⁻²¹

Modelos de inteligencia artificial y aprendizaje automático

- **Bosque aleatorio (Random Forest):** Algoritmo de aprendizaje automático que ha demostrado una precisión diagnóstica de hasta 99,75% en la predicción de la progresión de la ERC utilizando múltiples variables clínicas y bioquímicas.²²⁻²⁴
- **Redes neuronales artificiales:** Utilizadas para predecir eventos clínicos intradialíticos y progresión de la ERC, alcanzando un poder predictivo del 96% y un área bajo la curva del estadístico C de 99,3% en estudios prospectivos.²²⁻²⁹
- **XGBoost:** Algoritmo de boosting que ha mostrado una exactitud superior al 90% en la predicción de desarrollo de ERC terminal, superando a otros modelos en estudios comparativos.³⁰

El desarrollo continuo de estos modelos predictivos representa un paradigma transformador para la Nefrología, combina precisión analítica con aplicabilidad clínica.²³

El objetivo de esta investigación es identificar, evaluar y resumir los hallazgos de los modelos de predicción utilizados para determinar la progresión de la ERC y sus principales características.

Métodos

Se desarrolló una revisión sistemática que sigue las directrices PRISMA³¹ y se adhiere a las metodologías propuestas por Kitchenham³² la que permite identificar y mapear la evidencia existente e investigar y determinar las lagunas de conocimiento en torno al tema y sigue un enfoque estandarizado para buscar, filtrar e informar artículos.³³

Para el desarrollo de esta investigación seguimos la metodología utilizada por Lim DKE y colaboradores en la revisión exploratoria que realizaron sobre los modelos de predicción utilizados en la progresión de la enfermedad renal crónica.³⁴ La revisión incluyó estudios de los últimos 12 años que desarrollaron o utilizaron algún tipo de modelo predictivo para predecir la progresión de la ERC hacia una etapa más grave de la enfermedad. Los artículos incluidos se publicaron en revistas con revisión por pares de diferentes países, en inglés, portugués o español, entre el 1 de enero de 2011 y el 30 de junio de 2025. Se seleccionaron tres bases de datos electrónicas: Medline, Crochane y Scoping Review, por sus publicaciones bibliográficas revisadas por pares que abarcan una amplia gama de ciencias de la salud y atención médica.

Para el desarrollo de la estrategia de búsqueda, se tomaron cuatro conceptos principales: enfermedad renal; progresión de la enfermedad; técnicas; resultados. La estrategia de búsqueda inicial se desarrolló para su uso en Medline y posteriormente se adaptó para las demás bases de datos. Las palabras clave y los subtítulos se modificaron para reflejar los términos de búsqueda utilizados en cada base de datos con el uso de operadores booleanos. Los pasos utilizados en Medline son los siguientes:

1. Enfermedad renal crónica o CKD enfermedad renal o insuficiencia renal
2. Progresión enfermedad renal crónica
3. (1 o 2)
4. Aprendizaje profundo o aprendizaje automático o inteligencia artificial o estadística o algoritmos o modelo de predicción
5. Big Data o modelos de predicción estadística
6. (4 o 5)
7. Enfermedad renal terminal o ESRD o Trasplante
8. (1, 2, 4 y 7)

El primer concepto clave para la enfermedad renal incluyó palabras clave y términos MeSH utilizados en los pasos 1 y 2 para capturar diferentes tipos de enfermedades renales crónicas, como nefropatías diabéticas o enfermedades similares. El tipo de modelo utilizado fue amplio e incluyó algoritmos estadísticos o de aprendizaje automático (ML) para predecir la progresión de la ERC. El estudio examinó modelos de predicción para la progresión de la ERC, en lugar de modelos que predijeran la aparición de la ERC.

Todos los artículos se exportaron a Rayyan, aplicación de inteligencia artificial a partir de la cual se identificaron los estudios relevantes mediante palabras clave contextuales y se eliminaron los artículos duplicados. Dos revisores independientes realizaron la revisión de títulos y resúmenes aplicando criterios de inclusión y exclusión. No se impusieron restricciones en cuanto al tipo de modelo predictivo desarrollado, la población de interés, la fuente de los registros de datos de salud, las variables predictivas utilizadas ni un resultado específico. En caso de desacuerdo sobre la exclusión de artículos, este se resolvió mediante una discusión entre los dos revisores; en un caso se designó a un tercer revisor para su evaluación.

Criterios de exclusión durante la revisión del título y el resumen

- Estudios en animales
- No estaba en inglés, portugués o español
- El estudio no se centró principalmente en la progresión de la ERC.
- El artículo era un comentario, una ponencia de congreso, un editorial, un artículo de opinión o un resumen suplementario.
- El estudio no consideró determinar la progresión de la ERC a partir de los registros de datos.
- Estudio que analizó factores de riesgo, marcadores específicos y estudios de caso.
- Estudios de intervención.

Extracción de datos y evaluación de la calidad

La información extraída consistió en el título del artículo, el autor(es), el año de publicación, el año del período de estudio, las ubicaciones del estudio y el tamaño de la población, el diseño del estudio (retrospectivo o prospectivo), los resultados previstos, el tipo de modelo de predicción, los predictores del modelo, la evaluación de la validación, las limitaciones y las implicaciones. Se contactó con los autores correspondientes por correo electrónico si el texto completo no estaba disponible y se excluyó el estudio donde no fue posible obtenerlo.

Posteriormente, se implementó un proceso de dos pasos para la selección de los artículos. El primer paso consistió en evaluar títulos, resúmenes, palabras clave, introducciones y conclusiones para evaluar su relevancia con el tema de investigación. Esto resultó en la exclusión de artículos por duplicación, limitaciones lingüísticas, publicaciones repetidas en diferentes bases de datos y divergencias con el tema. El proceso completo se ilustra en la figura 1. Los resultados fueron presentados en tablas y gráficos para su mejor análisis e interpretación.

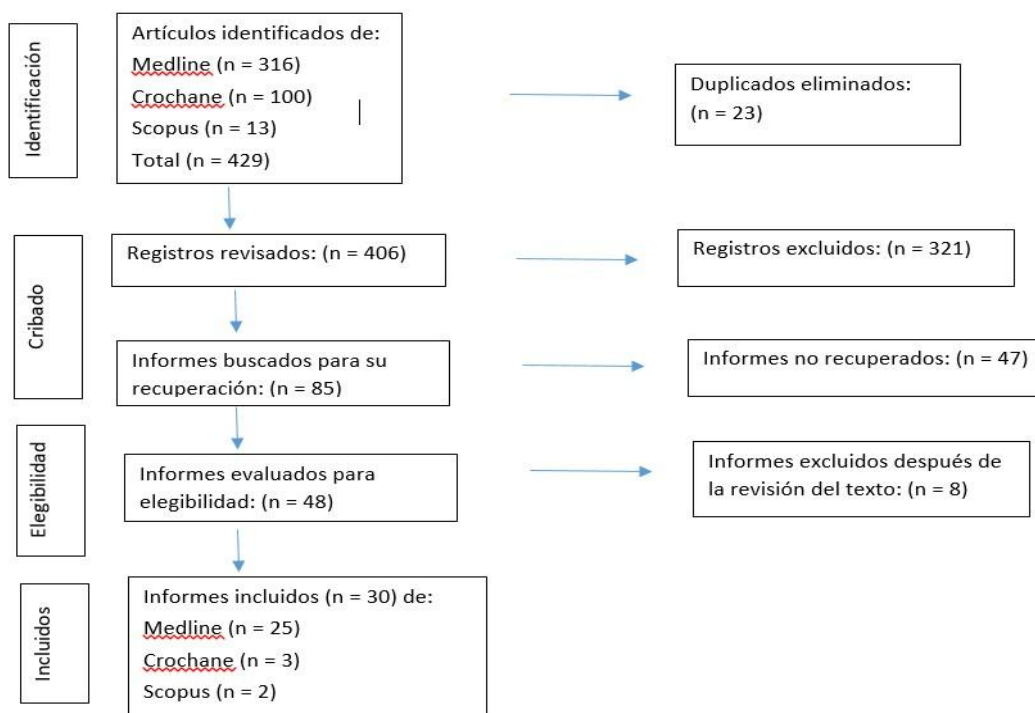


Fig. 1. Identificación de los estudios a través de bases de datos y registros.

Desarrollo

La búsqueda inicial arrojó un total combinado de 429 artículos en Medline, Crochane y Scopus, de los cuales se eliminaron 23 duplicados. Se examinaron 406 artículos por título y resumen, de los cuales 321 fueron excluidos según los criterios establecidos para la investigación. Se evaluó la elegibilidad de texto completo de 85 artículos según los criterios de inclusión, y posteriormente se mantuvieron 37 artículos que se incluyeron en la revisión cualitativa final. La tabla 1 resume los artículos finales incluidos en la revisión de texto completo.

Tabla 1. Estudios excluidos

Criterios de exclusión	No
Estudios en animales	13
No estaba en inglés, portugués o español	6

El estudio no se centró principalmente en la progresión de la ERC.	88
El artículo era un comentario, una ponencia de congreso, un editorial, un artículo de opinión o un resumen suplementario.	11
El estudio no consideró determinar la progresión de la ERC a partir de los registros de datos.	29
Estudio que analizó factores de riesgo, marcadores específicos y estudios de caso.	123
Estudios de intervención.	51
Total	321

Población del estudio: El estudio más pequeño³⁵ contó con 157 participantes y el más grande incluyó más de 440 mil registros de pacientes.³⁶ Las poblaciones de estudio incluidas procedían de Estados Unidos³⁷⁻⁴² representados por siete investigaciones, China⁴³⁻⁴⁷ y Canadá⁴⁸⁻⁵² cinco estudios cada uno, Japón⁵³⁻⁵⁶ con cuatro, Corea^{57,58} con dos y Alemania⁵⁹, Francia⁶⁰, Reino Unido⁶¹, Irán⁶², Rumanía⁶³ y Sudáfrica⁶⁴, con uno respectivamente. Utilizaron registros de datos procedentes de todos los niveles de atención y de diferentes tipos de instituciones, desde clínicas, hospitales, institutos, grandes centros de investigación y bases de datos vinculadas nacionales. De los 30 estudios, 13 fueron retrospectivos y 7 prospectivos.

Modelo de predicción utilizado: en 16 investigaciones se implementó la regresión de riesgos proporcionales de Cox, modelo análisis de supervivencia que fue utilizado para estimar el riesgo de progresar a ERC. Siete estudios utilizaron métodos de aprendizaje automático (AA) y uno comparó el rendimiento entre varias técnicas de AA. Un estudio desarrolló un modelo mediante regresión de Bosque Aleatorio y otro implementó un modelo de enfermedad a enfermedad, aprendiendo primero la Clasificación Internacional de Enfermedades y luego agrupando los datos en grupos considerando las variables dentro del conjunto de datos. Un estudio también desarrolló un modelo estructural marginal multiestado (MS-MSM) que considera un efecto estimado de las variables dependientes del tiempo sobre el resultado predicho. Otros algoritmos de aprendizaje automático (ML) probados incluyen redes neuronales, árboles de decisión, randomforest, XGBoost, Gaussian Naïve Bayes y regresión logística. Tres estudios realizaron una evaluación de la Ecuación de Riesgo de Insuficiencia Renal (ERFR) y

otros tres estudios desarrollaron su propio algoritmo de puntuación único para predecir la enfermedad renal en etapa terminal.

Fang Zhou y colaboradores⁴¹ examinaron si el uso de un modelo de incrustación de baja dimensión enfermedad2enfermedad (D2D) aprendido de registros médicos electrónicos (EHR) a gran escala podría agrupar las causas de las enfermedades renales y las comorbilidades y mejorar aún más la predicción de la progresión de la ERC a la Enfermedad Renal Terminal en comparación con los factores de riesgo tradicionales. Aplicaron además, un modelo de regresión logística regularizada y un modelo de riesgos proporcionales de Cox respectivamente, y compararon las precisiones con las obtenidas por cuatro modelos alternativos.

Esra Kürüm y colaboradores⁴² desarrollaron un nuevo modelo conjunto trivariado para estudiar los factores de riesgo asociados con los resultados interdependientes de la función renal (medida por la tasa de filtración glomerular estimada longitudinalmente), los eventos cardiovasculares recurrentes y el evento terminal. Propusieron una estimación e inferencia eficientes dentro de un marco bayesiano utilizando el método Monte Carlo de Cadenas de Markov y P-splines bayesianos para las funciones de riesgo.

Navdeep Tangri y colaboradores⁵² emplearon en Canadá. un modelo de aprendizaje automático de Klinrisk. El modelo de aprendizaje automático fue el modelo de bosque aleatorio, utilizando el paquete R Fast Unified Random Forest for Survival, Regression and Classification, y el bosque de supervivencia con datos censurados por la derecha (randomForestSRC).

Jamshid Norouzi y colaboradores⁶² propusieron un sistema de inferencia neurodifusa adaptativa (ANFIS) para predecir la duración de la insuficiencia renal asociada a la ERC, basándose en datos clínicos reales. Utilizaron el valor umbral de 15 cc/kg/min/1,73 m² de tasa de filtración glomerular (TFG) como marcador de insuficiencia renal y el modelo ANFIS tipo Takagi-Sugeno para predecir los valores de TFG.

Erik Dovgan y colaboradores⁶⁵ en Taiwan, China evaluaron 10 algoritmos de aprendizaje automático (ML) implementados en los paquetes de Python Scikit-learn⁶⁶ y XGBboost⁶⁷:

1. El algoritmo de árbol de decisión implementa una estructura de árbol, donde cada nodo interno representa una condición para una característica, cada rama representa el cumplimiento de la condición del nodo y cada nodo terminal determina la clase asignada a las instancias que cumplieron las condiciones de los nodos internos en la ruta desde el nodo raíz hasta el nodo terminal⁶⁸
2. El algoritmo de árboles de decisión ensacado aplica un conjunto de árboles de decisión, donde cada árbol de decisión se construye únicamente con un subconjunto aleatorio de datos. La clasificación final se determina mediante el mecanismo de votación; es decir, la predicción más votada es la predicción final⁶⁹
3. Random Forest mejora los árboles de decisión Bagging con selección aleatoria de características. Más precisamente, al particionar un nodo, se selecciona aleatoriamente un subconjunto de características y solo estas se consideran durante la partición⁶⁹
4. Extreme Gradient Boosting (XGBoost) es una mejora de Random Forest, donde los modelos se construyen secuencialmente para minimizar los errores y maximizar la influencia de los mejores modelos⁶⁷
5. El algoritmo de máquinas de vectores de soporte (SVM) es un clasificador binario que mapea los datos de entrada en un espacio de características de muy alta dimensión con una transformación no lineal (también conocida como el truco del kernel) y aplica una superficie de decisión lineal en el espacio de características para discriminar entre las dos clases⁷⁰
6. El Descendente de Gradiente Simple (SGD) es un algoritmo que, en la configuración seleccionada, entrena el clasificador lineal SVM⁷¹
7. El clasificador de Vecinos Más Próximos encuentra los vecinos más cercanos en el espacio de características mediante la distancia euclidiana y aplica un voto

mayoritario sobre las clases de estos vecinos más cercanos para determinar la clase⁷²

8. El método Bayesiano Naive Gaussiano aplica el teorema de Bayes con el supuesto de independencia condicional entre cada par de características dado el valor de la clase⁷³
9. La Regresión Logística aplica la función logística para predecir la probabilidad de la clase predeterminada en un problema de dos clases. Es un modelo lineal, ya que las características se suman linealmente mediante ponderaciones; sin embargo, las predicciones se transforman utilizando una función logística no lineal⁷⁴
10. El modelo de red neuronal representa una mejora (significativa) del método de regresión logística. De forma similar a la regresión logística, combina linealmente las características y aplica una transformación (no lineal) al resultado. Esta se mejora apilando varias de estas transformaciones en capas, obteniendo así varias capas ocultas (además de la entrada, es decir, la capa de características, y la salida, es decir, la capa de clase), donde cada capa representa un nivel diferente de abstracción⁷⁵

Variables significativas en el modelo: los predictores comunes utilizados en los estudios incluyeron edad, sexo, eGFR, cociente albúmina-creatinina urinaria (CA), creatinina sérica (CrS), diabetes, enfermedad cardiovascular, índice de masa corporal (IMC) e hipertensión arterial. En cada modelo predictivo se incorporaron diferentes combinaciones de variables y definiciones ligeramente diferentes para algunas variables, como la hipertensión arterial; la fórmula de la TFGe tampoco fue consistente entre los estudios.

Evaluación de la validación: de los treinta artículos finalmente evaluados, 23 (76,7 %) informaron sobre el rendimiento y la validación de sus respectivos modelos predictivos, siete estudios para el 23,3 % no realizaron este proceso. De los 23 estudios que evaluaron el rendimiento, 19 lo hicieron midiendo el área bajo la curva (AUC). También se emplearon diversas medidas alternativas, incluyendo el error cuadrático medio, el error absoluto medio, el error cuadrático medio normalizado, el estadístico

χ^2 de Nam y D'Agostino, los valores predictivos positivos, los valores predictivos negativos y el método bootstrap.

Los modelos de predicción en la Enfermedad Renal Crónica (ERC) constituyen herramientas fundamentales para anticipar la progresión y mortalidad asociadas a esta patología, su impacto clínico es variable, ya que a pesar de ayudar a estratificar el riesgo de los pacientes, detectar tempranamente la progresión hacia estadios avanzados y mejorar la sobrevida mediante intervenciones oportunas, su implementación aún es limitada.

En general utilizaron variables clínicas como creatinina sérica, tasa de filtración glomerular estimada (eTFG), edad, peso, comorbilidades y medicación, integradas mediante técnicas de aprendizaje supervisado, regresión de riesgos proporcionales de Cox, regresión logística y redes neuronales artificiales.

Estos modelos permiten clasificar el riesgo en diferentes categorías, como progresión rápida, cambio de estadio renal y riesgo de mortalidad, con métricas de alta precisión, sensibilidad y especificidad, lo que facilita la toma de decisiones clínicas tempranas y personalizadas para pacientes con ERC.

El empleo de la inteligencia artificial (IA) y las redes neuronales ha incrementado significativamente la precisión en la predicción, superando a métodos tradicionales y abriendo nuevas posibilidades para el monitoreo en pacientes en hemodiálisis. Las tendencias actuales están marcadas por la aplicación avanzada de IA, Big Data y el aprendizaje automático, que permiten procesar grandes volúmenes de datos clínicos y detectar patrones complejos que escapan al análisis convencional. Se desarrollan modelos con menor número de variables para facilitar su uso clínico y adaptarse a poblaciones específicas.

Los avances recientes apuntan a la validación externa y actualización continua de modelos predictivos para asegurar su aplicabilidad en diferentes contextos geográficos y demográficos. Además, se promueve la incorporación de biomarcadores, parámetros genómicos y uso de tecnologías digitales para mejorar la

precisión diagnóstica y la predicción en etapas tempranas. Entre los principales desafíos se encuentra la calibración adecuada para diferentes poblaciones y la integración con sistemas de salud digitalizados que permitan un seguimiento automatizado y eficiente.

Muchos modelos predictivos fallan al aplicarlos fuera de su cohorte original principalmente debido a la variabilidad en los datos y características poblacionales entre la cohorte donde se desarrollaron y la nueva población donde se aplican, otro factor clave es el sobreajuste del modelo a la cohorte original, donde el modelo aprende detalles y ruido específicos de los datos de entrenamiento que no se generalizan bien a los datos nuevos. También las diferencias en el espectro clínico del paciente, como la prevalencia de comorbilidades, severidad de la enfermedad o características sociodemográficas, influyen en la falla de un modelo fuera de su cohorte original. Cuando un modelo se aplica a una población con un espectro diferente de riesgo o presentaciones clínicas, puede no captar adecuadamente la heterogeneidad de la población, limitando su utilidad práctica.

De igual forma, la variabilidad en el entorno de práctica clínica y los tratamientos disponibles puede hacer que los efectos pronósticos y las relaciones identificadas en la cohorte original se modifiquen o desaparezcan en nuevas cohortes, afectando la validez del modelo. Cambios en las prácticas médicas, tecnología diagnóstica y protocolos de manejo pueden influir en los desenlaces y deben considerarse para garantizar la aplicabilidad del modelo en contextos diferente, por último y no menos importante debe considerarse la calidad y cantidad de datos con los que se alimenta el modelo en la nueva cohorte pueden ser insuficientes o discordantes con las variables usadas para entrenar el modelo. Datos incompletos, mal registrados o con diferentes formatos pueden deteriorar el rendimiento predictivo. Por ello, la construcción de modelos robustos exige conjunto de datos representativos, homogéneos y con adecuada definición y estandarización de variables, junto a procesos rigurosos de validación y recalibración en nuevas poblaciones.

Conclusiones

La revisión destaca que la regresión de Cox es el modelo predominante para predecir la progresión de la ERC. Solo un pequeño número de estudios utilizó modelos de aprendizaje automático, IA u otras herramientas. También se identificaron disímiles métodos para validar el modelo, aunque el que se utilizó con mayor frecuencia fue la curva ROC.

Aún no es posible definir una guía estandarizada para el desarrollo y validación de modelos predictivos para la progresión en la ERC, dada la variabilidad de herramientas y técnicas que pueden ser utilizadas.

Referencias bibliográficas

1. Gallardo LS, Rodríguez AJ, Burgos M, Martínez ML, et al. Utilidad de un modelo de predicción para la enfermedad renal crónica en una unidad de primer nivel de atención. 2016. Nefrología; 36(2): 89-216. Disponible en: DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nefro.2015.10.010>.
2. Lim DKE, Boyd JH, Thomas E, Chakera A, Tippaya S, et al. Prediction models used in the Progression of chronic kidney disease: A scoping review. 2022. PLOS ONE; 17(7). Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271619>.
3. Reddy S, Roy S, Choy KW, Sharma S, Dwyer KM et al. Predicting chronic kidney disease progression using small pathology datasets and explainable machine learning models. Computer Methods and Programs in Biomedicine Update 6. 2024 Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cmpbup.2024.100160>.
4. Foreman KJ, Marquez N, Dolgert A, Fukutaki K, Fullman N, McGaughey M, et al. Forecasting life expectancy, years of life lost, and all-cause and cause-specific mortality for 250 causes of death: reference and alternative scenarios for 2016–40 for 195 countries and territories. Lancet. 2018; 392 (10159):2052–90. Epub

- 2018/10/21. PMID: 30340847; PubMed Central PMCID: PMC6227505. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)31694-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)31694-5)
5. Obrador GT, Schultheiss UT, Kretzler M, Langham RG, Nangaku M, Pecoits-Filho R, et al. Genetic and environmental risk factors for chronic kidney disease. *Kidney international supplements*. 2017; 7(2):88– 106. Epub 2017/09/20. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.kisu.2017.07.004>
 6. Chartier MJ, Tangri N, Komenda P, Walld R, Koseva I, Burchill C, et al. Prevalence, socio-demographic characteristics, and comorbid health conditions in pre-dialysis chronic kidney disease: Results from the Manitoba chronic kidney disease cohort. *BMC Nephrology*. 2018; 19(1). Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12882018-1058-3>
 7. Levin A, Tonelli M, Bonventre J, Coresh J, Donner J-A, Fogo AB, et al. Global kidney health 2017 and beyond: a roadmap for closing gaps in care, research, and policy. *The Lancet*. 2017; 390(10105):1888– 917. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(17\)30788-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(17)30788-2)
 8. Wong LY, Liew AST, Weng WT, Lim CK, Vathsala A, Toh MPHS. Projecting the Burden of Chronic Kidney Disease in a Developed Country and Its Implications on Public Health. *International Journal of Nephrology*. 2018:1–9. Disponible en: <https://doi.org/10.1155/2018/5196285>
 9. Lopez-Vargas PA, Tong A, Phoon RKS, Chadban SJ, Shen Y, Craig JC. Knowledge deficit of patients with stage 1–4 CKD: A focus group study. *Nephrology*. 2014; 19(4):234–43. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/nep.12206>
 10. Escalona-González SO, González- Milán ZC. Inteligencia artificial en la predicción de mortalidad por enfermedad renal crónica. *Anales de la ACC* [online]. 2022;12(3). Disponible en: https://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S23040106202200030004&lng=es

11. Ferguson T, Ravani P, Sood MM, Clarke A, et al. Development and external validation of a machine learning model for progression of CKD, *Kidney Int Rep.* 2022; 7(8): 1772-1781. Publicado 2022 may 13. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.1016/j.ekir.2022.05.004>.
12. Olczak J, Pavlopoulos J, Prijs J, et al. Presenting artificial intelligence, deep learning, and machine learning studies to clinicians and healthcare stakeholders: an introductory reference with a guideline and a Clinical AI Research (CAIR) checklist proposal. *Acta Orthop.* 2021; 92(5): 513–525. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.1080/17453674.2021.1918389>.
13. Hernández Y; Barrio L. ¿Se puede predecir la progresión de la enfermedad renal crónica con unos datos básicos demográficos y de laboratorio? Vol. 2. Núm. 4. agosto 2011. Suplemento Extradinario de Nefrología Basada en la Evidencia, Páginas 7-76. Disponible en: DOI: <https://doi.org/10.3265/NefrologiaSuplementoExtraordinario.pre2011.Jul.11044>
14. Jessica Ivonne Bravo Zuñiga, Percy Soto Becerra, Edgar Juan Coila Paricahua, Jorge Ricardo Chávez Gómez, et al. Recalibración del modelo KFRE de 4 variables para predecir falla renal en población adulta con enfermedad renal crónica de ESSALUD. Reporte de resultados de investigación 01-2024. Instituto de Evaluación de Tecnologías En Salud E Investigación. Disponible en: <https://repositorio.essalud.gob.pe/bitstream/handle/20.500.12959/5027/RRI-012024.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
15. Van den Brand JAJG, Dijkstra TMH, Wetzels J, Stengel B, Metzger M, Blankestijn PJ, et al. Predicting kidney failure from longitudinal kidney function trajectory: A comparison of models. *PLoS ONE.* 2019;14(5):e0216559
16. Hallan SI, Rifkin DE, Potok OA, Katz R, Langlo KA, Bansal N, et al. Implementing the European Renal Best Practice Guidelines suggests that prediction equations work well to differentiate risk of end-stage renal disease vs. death in older patients with low estimated glomerular filtration rate. *Kidney Int.* septiembre de 2019;96(3):728-

37.

17. Bravo-Zúñiga J, Chávez-Gómez R, Soto-Becerra P. Multicentre external validation of the prognostic model kidney failure risk equation in patients with CKD stages 3 and 4 in Peru: a retrospective cohort study. *BMJ Open*. 1 de enero de 2024;14(1):e076217.
18. Lilia Susana Gallardo Vidala, , Adriana Jheny Rodríguez Méndezb, Mariana Burgos Ochoac, Martha Leticia Martínez Martínezb, Pablo García Solísa, et al. Utilidad de un modelo de predicción para la enfermedad renal crónica en una unidad de primer nivel de atención. *Nefrología*, Vol. 36. Núm. 2.marzo - abril 2016 Páginas 89-216. Disponible en: DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nefro.2015.10.010>
19. Lim DKE, Boyd JH, Thomas E, Chakera A, Tippaya S, Irish A, et al. Prediction models used in the progression of chronic kidney disease: A scoping review. *PLoS One*. 2022;17(7):e0271619. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271619>
20. Tangri N, Inker LA, Hiebert B, Wong J, Naimark D, Kent D, et al. Un modelo predictivo dinámico para la progresión de la enfermedad renal crónica (ERC). *Revista estadounidense de enfermedades renales: la revista oficial de la Fundación Nacional del Riñón*. 2016;69(4):514–20. Disponible en: doi: <http://doi.org/10.1053/j.ajkd.2016.07.030>
21. Akbari A, Tangri N, Brown PA, Biyani M, Rhodes E, Kumar T, et al. Predicción de la progresión de la enfermedad renal poliquística mediante la ecuación de riesgo de insuficiencia renal y parámetros ecográficos. *Revista Canadiense de Salud y Enfermedad Renal*. 2020;7. Disponible en: doi: <http://doi.org/10.1177/2054358120911274>
22. Escalona González SO, González Milán ZC. Inteligencia artificial en la predicción de mortalidad por enfermedad renal crónica. *Anales de la ACC* [online]. 2022[citado 2025-05-19];12(3). Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2304-

[01062022000300004&lng=es&nrm=iso](https://doi.org/10.1016/j.cmpbup.2024.100160)

23. S. Reddy, S Roy, KW Choy, S Sharma, KM Dwyer et al. Predicting chronic kidney disease progression using small pathology datasets and explainable machine learning models. Computer Methods and Programs in Biomedicine Update 6 (2024) 100160. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cmpbup.2024.100160>
24. T. Ferguson, P. Ravani, M.M. Sood, A. Clarke, P. Komenda, C. Rigatto, et al., Development and external validation of a machine learning model for progression of CKD, Kidney Int Rep.2022; 7(8): 1772–1781.
25. Olczak J, Pavlopoulos J, Prijs J, Ijpma FFA, Doornberg JN, Lundstrom C, et al. Presenting artificial intelligence, deep learning, and machine learning studies to clinicians and healthcare stakeholders: an introductory reference with a guideline and a Clinical AI Research (CAIR) checklist proposal, Acta Orthop. 2021;92(5): 513– 525.
26. Reddy S, Fox J, Purohit MP. Artificial intelligence-enabled healthcare delivery, J. R. Soc. Med. 2019;112(1):22–28.
27. Reddy S. Explainability and artificial intelligence in medicine. Lancet Digit Health. 2022;4(4):e214–e2e5.
28. Ebbehøj A, Thunbo M, Andersen OE, Glindtved MV, Hulman A. Transfer learning for non-image data in clinical research: a scoping review. PLOS Digit Health.2022; 1(2):e0000014.
29. Chan L, Nadkarni GN, Fleming F, McCullough JR, Connolly P, Mosoyan G, et al. Derivation and validation of a machine learning risk score using biomarker and electronic patient data to predict progression of diabetic kidney disease, Diabetologia.2021;64(7):1504–15.
30. Jialin Liu, Jinfa Wu, Siru Liu, Mengdie Li, Kunchang Hu, Ke Li. Predicting mortality of patients with acute kidney injury in the ICU using XGBoost model. PLoS One 4 de febrero de 2021;16(2):e0246306. Disponible en: doi:

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246306>

31. PRISMA Extension for Scoping Reviews (PRISMA-ScR): Checklist and Explanation. *Annals of Internal Medicine*. 2018; 169(7):467–73. Disponible en: <https://doi.org/10.7326/m18-0850>
32. Kitchenham B, Brereton P. A systematic review of systematic review process research in software engineering. *Information and Software Technology*. 2013; 55(12):2049-75.
33. Munn Z, Peters MDJ, Stern C, Tufanaru C, McArthur A, Aromataris E. Systematic review or scoping review? Guidance for authors when choosing between a systematic or scoping review approach. *BMC Medical Research Methodology*. 2018; 18(1):143. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12874-018-0611-x>
34. Lim DKE, Boyd JH, Thomas E, Chakera A, Tippaya S, Irish A, et al. Prediction models used in the progression of chronic kidney disease: A scoping review. *PLoS ONE*. 2022;17(7):e0271619. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271619>
35. Kim HW, Park JT, Joo YS, Kang SC, Lee JY, Lee S, et al. Systolic blood pressure and chronic kidney disease progression in patients with primary glomerular disease. *Journal of Nephrology*. 2021; 34 (4):1057–67. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s40620-020-00930-x>
36. Min-Kuang T, Wayne G, Kuo-Liong C, Chih-Cheng H, Chi-Pang W. A prediction model with lifestyle factors improves the predictive ability for renal replacement therapy: a cohort of 442 714 Asian adults. *Clinical Kidney Journal*. 2022;15(10): 1896–1907. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/ckj/sfac119>
37. Dai D, Alvarez PJ, Woods SD. A predictive model for progression of chronic kidney disease to kidney failure using a large administrative claims database. *ClinicoEconomics and Outcomes Research*. 2021; 13:475–86. Disponible en: <https://doi.org/10.2147/CEOR.S313857>

38. Li L, Luo S, Hu B, Greene T. Dynamic Prediction of Renal Failure Using Longitudinal Biomarkers in a Cohort Study of Chronic Kidney Disease. *Statistics in Biosciences*. 2017; 9(2):357–78. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12561-016-9183-7>
39. Palant C, Chawla L, Faselis C, Li P, Kimmel PL, Amdur R. The association of serum creatinine variability and progression to ckd. *Nephrology Dialysis Transplantation*. 2015; 30(SUPPL. 3). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1093/ndt/gfv175.4>.
40. Zhao J, Gu S, McDermaid A. Predicting outcomes of chronic kidney disease from EMR data based on Random Forest Regression. *Mathematical Biosciences*. 2019; 310:24–30. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2019.02.001>
41. Zhou F, Gillespie A, Gligorijevic D, Gligorijevic J, Obradovic Z. Use of disease embedding technique to predict the risk of progression to end-stage renal disease. *Journal of Biomedical Informatics*. 2020; 105: N.PAG-N.PAG. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2020.103409> .
42. Kürüm E, Kwan B, Qian Q, Banerjee S, Rhee CM, Nguyen DV, Şentürk D. A Bayesian Joint Model of Longitudinal Kidney Disease Progression, Recurrent Cardiovascular Events, and Terminal Event in Patients with Chronic Kidney Disease. *Statistics in Biosciences*. 2025;17:528–554 Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12561024-09429-6>
43. Chang HL, Wu CC, Lee SP, Chen YK, Su W, Su SL. A predictive model for progression of CKD. *Medicine (United States)*. 2019; 98(26):e16186. Disponible en: <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000016186>
44. Cheng LC, Hu YH, Chiou SH. Applying the Temporal Abstraction Technique to the Prediction of Chronic Kidney Disease Progression. *Journal of Medical Systems*. 2017; 41(5):85. <https://doi.org/10.1007/s10916-017-0732-5>
45. Min-Kuang T, Wayne G, Kuo-Liong C, Chih-Cheng H, Chi-Pang W, et al. A prediction model with lifestyle factors improves the predictive ability for renal replacement

- therapy: a cohort of 442 714 Asian adults. *Clinical Kidney Journal*. 2022; 15(10): 1896–1907. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/ckj/sfac119>
46. Chen-Mao Liao; Yi-Wei Kao; Yi-Ping Chang; and hih-Ming Lin. An Approach for Personalized Dynamic Assessment of Chronic Kidney Disease Progression Using Joint Model. *Biomedicines* 2024; 12: 622. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/biomedicines12030622>
47. Yufeng Liang QL; Zhenhuan Zou; Binsan Huang; Nan Zhong; Chenlun Li. A Dynamic Prediction Model for Renal Progression in Primary Membranous Nephropathy. *Int. J. Med. Sci.* 2024; 21(7): 1292-1301. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.7150/ijms.95321>
48. Akbari A, Tangri N, Brown PA, Biyani M, Rhodes E, Kumar T, et al. Prediction of Progression in Polycystic Kidney Disease Using the Kidney Failure Risk Equation and Ultrasound Parameters. *Canadian Journal of Kidney Health and Disease*. 2020; 7. Disponible en: <https://doi.org/10.1177/2054358120911274>
49. Tangri N, Inker LA, Hiebert B, Wong J, Naimark D, Kent D, et al. A Dynamic Predictive Model for Progression of CKD. *American journal of kidney diseases: the official journal of the National Kidney Foundation*. 2016; 69(4):514–20. Disponible en: <https://doi.org/10.1053/j.ajkd.2016.07.030>
50. Tangri N, Stevens LA, Griffith J, Tighiouart H, Djurdjev O, Naimark D, et al. A predictive model for progression of chronic kidney disease to kidney failure. *JAMA*. 2011; 305(15):1553–9. Disponible en: <https://doi.org/10.1001/jama.2011.451>
51. Huda Al-Wahsh; Navdeep Tangri; Rob Quinn; PingLiu; Thomas Ferguson; Marta Fiocco; Ngan N. Lam; Marcello Tonelli; Pietro Ravani. Accounting for the Competing Risk of Death to Predict Kidney Failure in Adults With Stage 4 Chronic Kidney Disease. *JAMA Network Open*. 2021;4(5):e219225. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2021.9225>

52. Navdeep T, Ferguson T, Leon SJ, Anke SD, Filippatos G. Validation of the Klinrisk chronic kidney disease progression model in the FIDELITY population. *Clinical Kidney Journal*. 2024; 17(4):sfae052. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/ckj/sfae052>
53. Hasegawa T, Sakamaki K, Koiwa F, Akizawa T. Clinical prediction models for progression of chronic kidney disease to end stage kidney failure under predialysis nephrology care: Results from the chronic kidney disease Japan cohort study. *Nephrology Dialysis Transplantation*. 2016; 31(SUPPL. 1). Disponible en: <https://dx.doi.org/10.1093/ndt/gfw189.2>
54. Xu Q, Wang Y, Fang Y, Feng S, Chen C, Jiang Y. An easy-to-operate web-based calculator for predicting the progression of chronic kidney disease. *Journal of Translational Medicine*. 2021; 19(1) (no pagination). Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12967-021-02942-y>
55. Makino M, Yoshimoto R, Ono M, Itoko T, Katsuki T, Koseki A, et al. Artificial intelligence predicts the progression of diabetic kidney disease using big data machine learning. *Scientific reports*. 2019; 9 (1):11862. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48263-5>
56. Toyoshi Inoguchi; Tasuku Okui; Chinatsu Nojiri; Erina Eto; Nao Hasuzawa; et al. A simplified prediction model for end-stage kidney disease in patients with diabetes. *Scientific Reports* (2022) 2:12482. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598022-16451-5>
57. Kang MW, Tangri N, Kim YC, An JN, Lee J, Li L, et al. An independent validation of the kidney failure risk equation in an Asian population. *Scientific reports*. 2020; 10(1):12920. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69715-3>
58. Kim HW, Park JT, Joo YS, Kang SC, Lee JY, Lee S, et al. Systolic blood pressure and chronic kidney disease progression in patients with primary glomerular disease. *Journal of Nephrology*. 2021; 34 (4):1057–67. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s40620-020-00930-x>

59. Zacharias HU, Altenbuchinger M, Schultheiss UT, Samol C, Kotsis F, Poguntke I, et al. A Novel Meta- bolic Signature To Predict the Requirement of Dialysis or Renal Transplantation in Patients with Chronic Kidney Disease. Journal of proteome research. 2019; 18(4):1796–805. Disponible en: <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.8b00983>
60. Cornec-Le Gall E, Audrezet M-P, Rousseau A, Hourmant M, Renaudineau E, Charasse C, et al. The PROPKD Score: A New Algorithm to Predict Renal Survival in Autosomal Dominant Polycystic Kidney Disease. Journal of the American Society of Nephrology: JASN. 2016; 27(3):942–51. Disponible en: <https://doi.org/10.1681/ASN.2015010016>
61. Diggle PJ, Sousa I, Asar O. Real-time monitoring of progression towards renal failure in primary care patients. Biostatistics (Oxford, England). 2015; 16(3):522–36. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/biostatistics/kxu053>
62. Norouzi J, Yadollahpour A, Mirbagheri SA, Mazdeh MM, Hosseini SA. Predicting Renal Failure Progres- sion in Chronic Kidney Disease Using Integrated Intelligent Fuzzy Expert System. Computational and mathematical methods in medicine. 2016; 2016:6080814. Disponible en: <https://doi.org/10.1155/2016/6080814>
63. Nastasa A, Apetrii M, Onofriescu M, Nistor I, Hussien H, Popa C, et al. Risk prediction for death and end-stage renal disease does not parallel real-life trajectory of older patients with advanced chronic kid- ney disease-a Romanian center experience. Nephrology Dialysis Transplantation. 2020; 35(SUPPL 3). Disponible en: <https://dx.doi.org/10.1093/ndt/gfaa142.P0184>.
64. Mrara B, Paruk F, Sewani-Rusike C, et al. Development and validation of a clinical prediction model of acute kidney injury in intensive care unit patients at a rural tertiary teaching hospital in South Africa: a study protocol. BMJ Open 2022;12:e060788. Disponible en: doi: <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2022060788>

65. Dovgan E, Gradisek A, Lustrek M, Uddin M, Nursetyo AA, Annavarajula SK, et al. Using machine learning models to predict the initiation of renal replacement therapy among chronic kidney disease patients. PloS one. 2020; 15(6):e0233976. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233976>
66. Pedregosa F, Varoquaux G, Gramfort A, Michel V, Thirion B, Grisel O, et al. Scikitlearn: Machine learning in Python. Journal of Machine Learning Research. 2011; 12:2825–2830.
67. Chen T, Guestrin C. XGBoost: A scalable tree boosting system. In: Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining. ACM; 2016. p. 785–794.
68. Hastie T, Tibshirani R, Friedman J. The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction. Springer-Verlag, New York; 2009.
69. Breiman L. Random forests. Machine Learning. 2001; 45(1):5–32. Disponible en: <https://doi.org/10.1023/A:1010933404324>
70. Cortes C, Vapnik V. Support-vector networks. Machine Learning. 1995; 20(3):273–297. Disponible en: <https://doi.org/10.1023/A:1022627411411>
71. Shalev-Shwartz S, Singer Y, Srebro N, Cotter A. Pegasos: Primal estimated subgradient solver for SVM. Mathematical Programming. 2011; 127(1):3–30. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s10107-010-0420-4>
72. Goldberger J, Hinton GE, Roweis ST, Salakhutdinov RR. Neighbourhood components analysis. In: Advances in Neural Information Processing Systems; 2005. p. 513–520.
73. Zhang H. The Optimality of Naïve Bayes. Proceedings of the Seventeenth International Florida Artificial Intelligence Research Society Conference, FLAIRS 2004. 2004; p. 6.
74. Fitzmaurice G, Laird N. Multivariate Analysis: Discrete Variables (Logistic Regression). In: International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences.

Elsevier; 2001. p. 10221–10228.

75. LeCun Y, Bengio Y, Hinton G. Deep learning. Nature. 2015; 521(7553):436–444.

Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nature14539>