

Algoritmos de agrupamiento jerárquico para el control de la susceptibilidad antibiótica

Hierarchical clustering algorithms for the control of antibiotic susceptibility testing

Estimado Sr. Editor:

La resistencia bacteriana a los antimicrobianos es un tema de relevancia mundial. La Organización Mundial de la Salud ha declarado la resistencia a los antimicrobianos como una de las 10 amenazas en Salud Pública. La resistencia a los antimicrobianos es una amenaza urgente que mató al menos a 1,27 millones de personas en todo el mundo y se asoció con casi 5 millones de muertes en 2019¹. Este escenario empeoró con la pandemia del COVID-19, casi el 80% de los pacientes hospitalizados por SARS-CoV-2 tuvieron prescripción de antimicrobianos por neumonía viral o coinfecciones, donde la falta de prueba diagnóstica en la primera etapa de la pandemia fue crítica. Se estima que esta causa será una de las que aumentará progresivamente la resistencia a los antimicrobianos por su amplia utilización empírica¹.

Identificar patrones de resistencia es relevante para tener un control epidemiológico de los fenotipos de resistencia. Los métodos descriptivos de tendencia central y analíticos tradicionales tienen limitaciones al momento de monitorear patrones de resistencia en los centros asistenciales e instituciones de investigación: presentan sesgos de selección por la naturaleza de los registros, son susceptibles a valores extremos (varianza), no suelen identificar grupos o “clusters” y se basa en datos que están en torno a la media. Por el contrario, los métodos de inteligencia artificial (IA) han tenido una amplia aplicación sobre la medicina actual, desde sistemas de clasificación e identificación de enfermedades crónicas e infecciosas, modelos de regresión y modelos predictivos utilizando factores de riesgo, datos demográficos y ambientales².

Los modelos de clasificación (*Clustering Methods*) son herramientas de la IA que permiten identificar patrones de resistencia antimicrobiana por múltiples variables (bacteria, familia, geno-

mas, antimicrobiano, grupo de antimicrobiano u otra variable de interés clínico). En microbiología e infectología, la aplicación de modelos de clasificación no son la excepción como métodos jerárquicos y no jerárquicos³. En la agrupación jerárquica, se encuentran los métodos “Aglomerativos” y “Decisivos” que visualizan de forma sencilla y visual el número de grupos o “clusters” de patrones de resistencia por grupo bacteriano. La forma típica de visualización es el dendograma^{4*}.

El agrupamiento no jerárquico implica la formación de nuevos grupos mediante la fusión o división de los grupos. No sigue una estructura similar a un árbol como el agrupamiento jerárquico. Esta técnica agrupa los datos para maximizar o minimizar algunos criterios de evaluación. En *K-means*, uno de los más utilizados, el agrupamiento las particiones se hace de tal manera que los grupos no se superponen y no tienen relaciones jerárquicas entre ellos. *K-modes* es un modelo no jerárquico para variables cualitativas como el caso de la agrupación de datos de susceptibilidad bacteriana.

Sería altamente relevante que los centros asistenciales incorporaran este tipo de metodologías robusta y de rápida computación para abordar problemas locales como el control de bacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), carbapenémicas o con patrones más complejos.

Esto mejoraría la confianza del personal clíni-

*Dendograma. Diagrama de estilo “árbol” de clúster binario jerárquico en modelos de aprendizaje no supervisado en “Machine Learning”. Un dendrograma consta de muchas líneas o ramas en forma de “U” que conectan puntos de datos en un árbol jerárquico. La altura de cada rama representa la distancia entre los dos puntos de datos que se conectan. La visualización del dendrograma permite identificar asociaciones de variables por nivel, establecer jerarquías y se aplican ampliamente en biología computacional, filogenética y microbiología.

co al momento de indicar un antimicrobiano de forma empírica, garantizando el éxito del resultado en el paciente. Además, permitiría detectar patrones de resistencia de las bacterias en el hospital o incluso estudiar estos métodos en formato de series temporales para evaluar la evolución de la resistencia bacteriana y tomar medidas preventivas a tiempo.

Nicolas Ayala-Aldana¹ y Cristóbal Parra-Cid²

¹*Investigador Predoctoral. Departamento de Genética, Microbiología y Bioestadística, Universidad de Barcelona, Barcelona, España.*

²*Laboratorio Clínico. Hospital Regional de Talca “Dr. César Garavagno Burotto”. Talca, Chile.*

Referencias bibliográficas

1. 2019 Antibiotic Resistance Threats Report | CDC [Internet]. [cited 2022 Oct 28]. Available from: <https://www.cdc.gov/drugresistance/biggest-threats.html>
2. JAYATILAKE SMDAC, GANEGODA GU. Involvement of Machine Learning Tools in Healthcare Decision Making. *J Healthc Eng.* 2021; 2021: 6679512.
3. LLUKA T, STOKES JM. Antibiotic discovery in the artificial intelligence era. *Ann N Y Acad Sci* [Internet]. 2023; 1519(1): 74-93. Available from: <https://doi.org/10.1111/nyas.14930>.
4. FRADES I, MATTHIESEN R. Overview on techniques in cluster analysis. *Methods Mol Biol* [Internet]. 2010 [cited 2022 Oct 28]; 593: 81-107. Available from: https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-60327-194-3_5.

Correspondencia a:

Nicolas Ayala-Aldana

Email: nayalaaldana@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0002-3530-6734>

Cristóbal Parra-Cid

Email: cparracid01@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0001-9688-3968>