

Artificial Intelligence for the Prediction of Myeloid Leukemia: A Systemic Literature Review

Javier Mendoza-Montoya¹; Jakheline Dannia Mendoza Hanco²; Jazmin Nicole Guzman Ortiz³

Enrique Yapuchura Ocaris⁴

^{1,2,3,4} Technological University of Peru, Perú, C21195@utp.edu.pe, U18305485@utp.edu.pe, 1633978@utp.edu.pe, C22749@utp.edu.pe

Abstract– *The purpose of this Systematic Literature Review (SLR) is to analyze the impact and effectiveness of artificial intelligence (AI) models in the prediction and early diagnosis of leukemia, with a particular focus on acute myeloid leukemia (AML). Through a comprehensive review of the literature, the aim is to identify the most accurate and robust models, as well as their limitations and areas for improvement for future clinical applications.*

To achieve this, an SLR was conducted following the PRISMA methodology. The search was performed in the Scopus database, identifying a total of 429 articles initially. A total of 7,223 AML cases were analyzed, and various AI approaches were evaluated, including deep learning and machine learning methods. The models were assessed based on their accuracy and the quality of the data used, with emphasis on techniques such as convolutional neural networks (CNN), XGBoost, and hybrid models.

The results show that the weighted convolutional neural network (WVCNN) achieved 99.9% accuracy through genomic data analysis. Techniques such as XGBoost and ResNet-50 demonstrated high effectiveness in different domains, achieving accuracy rates of 89% and 86%, respectively, depending on the type of data analyzed, whether tabular or medical images.

It was concluded that AI advancements have revolutionized AML prediction by combining hybrid approaches to overcome current limitations. Therefore, the authors suggest that future research should focus on integrating multiple techniques, accessing more comprehensive and balanced datasets, and developing more interpretable models.

Keywords– *Machine Learning, Deep Learning, Myeloid Leukemia, Early Prediction.*

Inteligencia Artificial para la predicción de Leucemia Mieloide: Una Revisión Sistemática de Literatura

Javier Mendoza-Montoya¹; Jakheline Danna Mendoza Hanco²; Jazmin Nicole Guzman Ortiz³
Enrique Yapuchura Ocaris⁴

^{1,2,3,4}Universidad Tecnológica del Perú, Perú, C21195@utp.edu.pe, U18305485@utp.edu.pe, 1633978@utp.edu.pe,
C22749@utp.edu.pe

Resumen- En esta Revisión Sistemática de la Literatura (RSL) tiene como propósito analizar el impacto y la eficacia de los modelos de inteligencia artificial (IA) en la predicción y diagnóstico temprano de la leucemia, con un enfoque particular en la leucemia mieloide aguda (AML). Por medio de una revisión completa de la literatura, se busca identificar los modelos más precisos y robustos, así como sus limitaciones y áreas de mejora para aplicaciones en clínicas futuras.

Para ello, se llevó a cabo una RSL usando la metodología PRISMA, la búsqueda se realizó en la base de datos Scopus, identificando un total de 429 artículos inicialmente. Se analizaron 7,223 casos de AML y se evaluaron múltiples enfoques de IA, incluyendo aprendizaje profundo y aprendizaje automático. Los modelos fueron evaluados en función de su precisión y la calidad de los datos utilizados, con énfasis en técnicas como redes neuronales convolucionales (CNN), XGBoost y modelos híbridos. Los resultados muestran que el modelo de red neuronal convulsiónada ponderada (WVCNN) alcanzó un 99.9% de precisión mediante el análisis de datos genómicos. Técnicas como XGBoost y ResNet-50 demostraron una alta efectividad en diferentes campos, logrando tasas de precisión del 89% y 86% respectivamente, dependiendo del tipo de datos analizados ya sea tabulares o imágenes médicas. Se llegó a la conclusión de que los avances de IA han revolucionado en la predicción de AML combinando enfoques híbridos para superar las limitaciones actuales. Por ello, los autores sugieren que las investigaciones futuras deberían centrarse en la integración de múltiples técnicas, el acceso a datos más completos y equilibrados, así como en el desarrollo de modelos más interpretables.

Palabras Clave- Aprendizaje Automático, Aprendizaje Profundo, Leucemia Mieloide, predicción temprana.

I. INTRODUCCIÓN

La leucemia es un tipo de cáncer que afecta tanto la médula ósea como el sistema linfático, representando una amenaza considerable para la salud mundial [1]. En 2024, se proyectan 62,770 nuevos casos de leucemia global, siendo la leucemia mieloide aguda (AML) dentro de las más frecuentes en adultos [2]. En el Perú, se estima que hay aproximadamente 1500 nuevos casos de cáncer en niño como adolescentes anualmente, de los cuales el Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN) atiende a unos 700 pacientes [3]. La predicción temprana de la AML es fundamental para iniciar

tratamientos oportunos y mejorar el pronóstico de los pacientes, a pesar de los avances en el diagnóstico del cáncer, los métodos convencionales presentan limitaciones, siendo complejos, lentos y propensos a errores en la evaluación del riesgo de desarrollar la enfermedad. En este contexto, la aplicación de la inteligencia artificial (IA) se muestra como una opción tecnológica prometedora para abordar estas limitaciones, mejorando la capacidad predictiva y la precisión identificando a pacientes con riesgo a padecer AML, la implementación de modelos predictivos basados en IA puede facilitar intervenciones más rápidas y eficaces, permitiendo tratamientos más oportunos y personalizados, optimizando así el manejo clínico de la enfermedad y representa un avance significativo en la mejora de los resultados para los pacientes con AML.

La aplicación de inteligencia artificial (IA) tanto como el aprendizaje automático (AA) está revolucionando el diagnóstico y tratamiento preciso de la leucemia mieloide. Un estudio destaca el uso de deep learning para predecir mutaciones genéticas relevantes a partir de imágenes de médula ósea, alcanzando un AUROC de 0.69 y 0.94 [4]. Otro modelo, se basa en extreme gradient boosting (XGB), para predecir subtipos de leucemia a partir de datos de laboratorio, con un AUC de 0.97 [5]. Además, otro estudio emplea una Red neuronal Convolucional (CNN) basado en deep learning y procesamiento de imágenes, logrando una precisión de hasta el 97.04% en clasificación de leucemia [6]. Finalmente, algoritmos como SVM y regresión logística han sido eficaces en la predicción de la transformación del síndrome mielodisplásico (MDS) a AML, alcanzando un AUROC de 0.9431 y 0.820 respectivamente [7]. La finalidad de esta revisión sistemática de la literatura (RSL) es ofrecer una visión actualizada y completa sobre la utilidad de la inteligencia artificial (IA) en la predicción temprana de la AML, abordando los avances recientes desde el 2020 y las posibles direcciones futuras. A medida que la IA avanza, su aplicación en el ámbito médico promete mejorar la identificación de pacientes en riesgo y facilitar intervenciones más efectivas. Los resultados de esta RSL proporcionarán un análisis de los progresos recientes, siendo un recurso valioso tanto para investigadores como para profesionales en los campos de la medicina e informática. La estructura tiene varias secciones principales: (1) Introducción y

contexto, (2) Metodología de la revisión, (3) Resultados del informe, (4) Discusión, (5) Conclusiones y recomendaciones del informe. Cada sección ofrecerá un análisis detallado y crítico de la literatura más relevante, reflejando la situación actual en que se encuentra y las tendencias a futuro en el manejo de la IA para la predicción temprana de la AML.

II. MATERIALES Y MÉTODOS

A. Descripción de la estrategia de búsqueda sistemática.

Para el desarrollo de la estrategia de búsqueda sistemática se formuló una pregunta guía la cual es: ¿Cómo ayuda la Inteligencia Artificial en la predicción temprana de la leucemia mieloide?

Población (P):

RQ1: ¿En qué grupos de pacientes se ha investigado el uso de inteligencia artificial para la predicción de la leucemia mieloide?

Intervención (I):

RQ2: ¿Qué enfoques y metodologías específicas de inteligencia artificial se han empleado para la predicción temprana de la leucemia mieloide?

Resultados (O):

RQ4: ¿Qué resultados han demostrado los estudios revisados acerca de la eficacia de las intervenciones enfocados en IA en la predicción de la leucemia mieloide?

RQ5: ¿Cuáles son las limitaciones y desafíos identificados en la implementación de IA para la predicción de la leucemia mieloide según los estudios revisados?

Después se realizó la identificación de los componentes de la estrategia PICO, que se visualiza en la Tabla 1.

TABLA 1.
COMPONENTES DE LA PREGUNTA PICO

Elementos del modelo PICO		Componentes	Palabras Clave
P	Problema/ Población	Pacientes con Leucemia	Myeloid Leukemia, Blood cancer.
I	Intervención	Inteligencia Artificial, modelos predictivos	Artificial intelligence, Machine Learning, Deep Learning, ML, AI, DL.
C	Comparación		
O	Resultados	Predicción de la Leucemia	Early Prediction, Diagnostic
C	Contexto	Sector salud	Health sector

Luego de definir los componentes de la pregunta PICO, se identificaron las palabras clave para cada componente. Como verá en la Tabla 2.

TABLA 2.
PALABRAS CLAVE PARA LOS COMPONENTES DE LA PREGUNTA PICO

P	Problema/Población	"Myeloid Leukemia" OR "Blood cancer"
I	Intervención	"Artificial Intelligence" OR "Machine Learning" OR "Deep Learning" OR "ML" OR "AI" OR "DL"
C	Comparación	
O	Resultados	"Early Prediction" OR "diagnostic"
C	Contexto	Health sector

B. Descripción de la lógica de selección considerada (PRISMA)

Para la revisión sistemática, se utilizó exclusivamente la base de datos Scopus, la búsqueda se basó en la siguiente ecuación: (("Myeloid Leukemia " OR "Blood Cancer") AND ("Artificial Intelligence" OR "Machine Learning" OR "Deep Learning" OR "ML" OR "AI" OR "DL") AND ("Early Prediction" OR "Diagnostic"))

Inicialmente se identificaron 429 artículos, al cual se aplicaron un conjunto de criterios de inclusión y exclusión para reducir el número de documentos seleccionados. El primer criterio de exclusión CE1, que excluye publicaciones anteriores a 2020, se utilizó con el fin de asegurar que el estudio sea más reciente. Se observó que la literatura publicada después de 2020 se apoya en trabajos previos. Tras aplicar este criterio a los resultados anteriores, el número de documentos se redujo a 296.

Seguidamente, se aplicó el criterio CE2, que se centró en seleccionar únicamente los artículos originales. Para esta fase, se trabajó exclusivamente con la base de datos Scopus, y se excluyeron los siguientes tipos de documentos: revisiones, documentos de conferencia, libros, cartas, editoriales, capítulos de libros y otros tipos de publicaciones. Tras aplicar este criterio, la cantidad de artículos seleccionados disminuyó a 233.

Asimismo, se utilizó el CE3, que eliminó los documentos que no fueran del tipo "All Open Access". Dado que la búsqueda original en Scopus arrojó un gran volumen de resultados, este filtro fue necesario para reducir la cantidad de registros. Tras aplicar este criterio, quedaron 157 artículos seleccionados para el análisis posterior.

Posteriormente, se utilizó el criterio CE4, cuyo objetivo fue eliminar los registros publicados en idiomas distintos al inglés o español, lo que redujo el número de registros a 156.

Se aplicó el CE5, que implicó revisar las palabras clave de los 156 artículos obtenidos previamente para identificar aquellos que eran relevantes para el tema elegido. Como resultado, se seleccionaron 112 documentos en total.

Finalmente, se aplicó el criterio CE6, que implicó una revisión del título y abstract de los artículos seleccionados. En esta fase, la cantidad de artículos disminuyó a 8, que se utilizará para elaborar la RSL.

Finalmente, se consolidó a 8 artículos de los cuales se utilizarán para llevar a cabo la revisión sistemática de literatura.

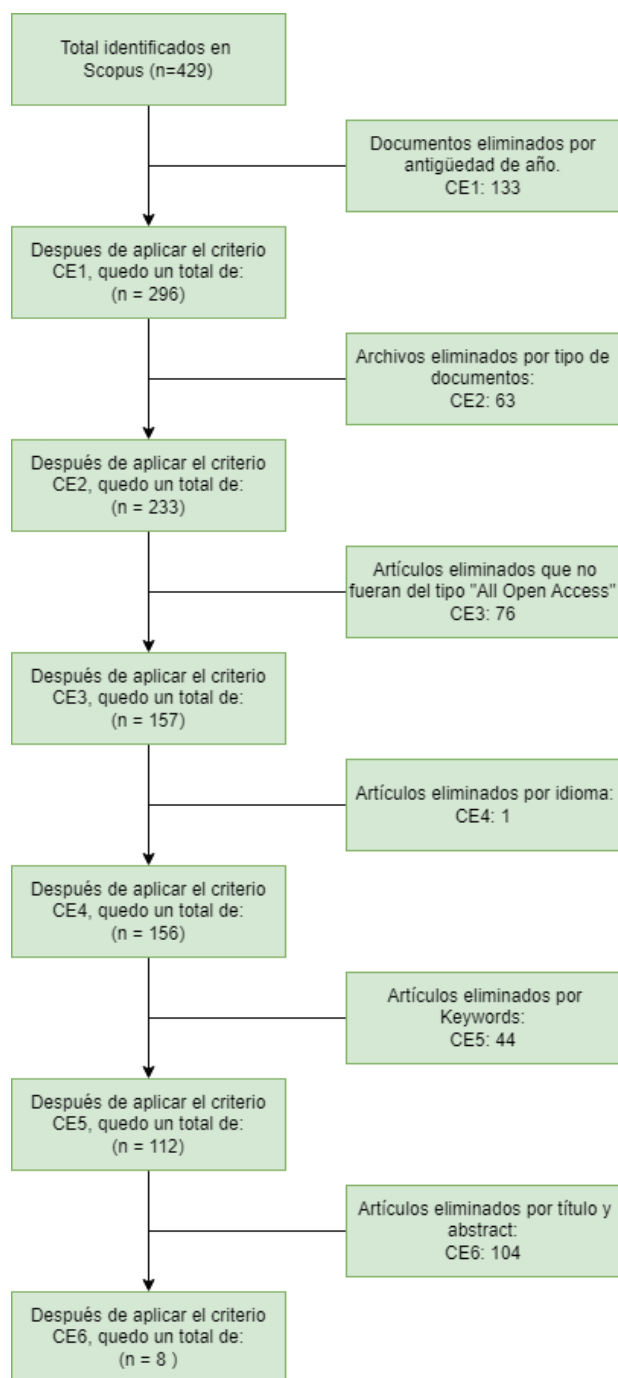


Fig. 1 Diagrama PRISMA.

III. RESULTADOS

A partir de los distintos artículos encontrados, se identificaron y seleccionaron artículos publicados entre 2021 y 2024, obteniendo un artículo en el año 2021, dos artículos durante el año 2022, un artículo en el 2023 y finalmente cuatro artículos en el 2024. Todos ellos cumplieron con los filtros dichos en la metodología. Por lo que, esto facilita la revisión utilizando datos de investigaciones recientes y respaldadas por el conocimiento acumulado en años posteriores. En la figura 2, muestra a más detalle el resultado obtenido filtrado por año.

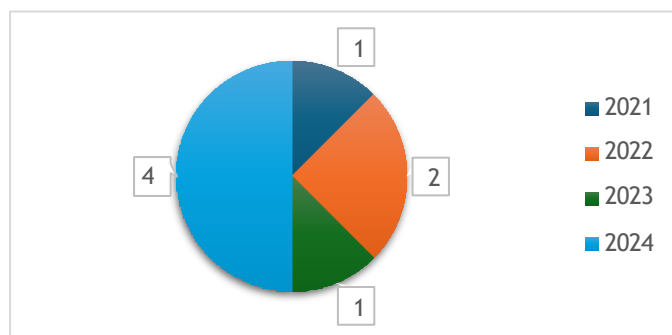


Fig. 2 Cantidad de artículos por año.

En la Figura 3 y Tabla 3, se agrupa la cantidad de pacientes por tipo de patología, de acuerdo con los artículos [4], [5], [6], [7], [8], [9], [10], [11]. Se ha observado que la mayoría de los casos corresponde a pacientes con Acute Myloid Leukemia (Leucemia Mieloide Aguda (AML)), estudiados utilizando métodos de inteligencia artificial (IA) como Machine Learning (ML) y Deep Learning (DL). Los datos de estos pacientes están distribuidos de la siguiente manera: 354 se diagnosticaron en el Instituto Nacional de Enfermedades de la Sangre y Trasplante de Médula Ósea en Karachi, Pakistán; 202 registros provienen de la base de datos Gene Expression Omnibus (GEO); 4,938 pacientes fueron atendidos en centros hospitalarios universitarios de Francia (de los cuales 3,687 pertenecen al registro DATAML); 478 pacientes son de otro centro hospitalario, y 1,251 datos provienen de un estudio multicéntrico de la German Study Alliance Leukemia (SAL). El segundo grupo más numeroso corresponde a pacientes no especificados, registrados en bases de datos públicas para el cual se usó el método Deep Learning para su estudio, con un total de 4,150 pacientes. En tercer lugar, se encuentran los pacientes con neoplasias hematológicas, analizados mediante Machine Learning, con un total de 1,577 casos provenientes del Instituto Nacional de Enfermedades de la Sangre y Trasplante de Médula Ósea en Karachi, Pakistán. Los grupos con menor cantidad de casos incluyen a los pacientes con leucemia (281 registros) y a los pacientes con MDS (Síndrome Mielodisplásico), con 164 casos extraídos de la base de datos Gene Expression Omnibus (GEO) y analizados con Machine Learning y Deep Learning. Esta clasificación permite identificar las patologías más prevalentes y los métodos de IA

aplicados en su estudio, facilitando así la comprensión de las tendencias de investigación y las herramientas tecnológicas utilizadas para cada grupo.

TABLA 3.
 MÉTODO DE IA POR TIPO DE PATOLOGÍA

Tipo de Patología	Cantidad de Pacientes	Métodos IA	Cantidad de estudios	Referencias
Leucemia Mieloide Aguda (AML)	7223	Machine Learning (ML), Deep Learning (DL)	6	[4], [7], [8], [9], [10], [11]
No especificado	4150	Deep Learning (DL)	1	[6]
Neoplasias hematológicas	1577	Machine Learning (ML)	1	[8]
Leucemia confirmada	281	Deep Learning (DL)	1	[11]
Síndrome Mielodisplásico (MDS)	164	Machine Learning (ML)	1	[7]

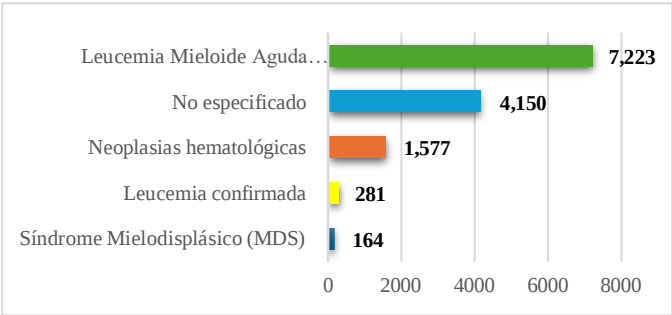


Fig. 3 Cantidad por tipo de Patología.

Por otro lado, se identifica los distintos métodos de inteligencia artificial (IA) utilizados en la predicción de la leucemia mieloide, que fueron clasificados en 3 categorías: aprendizaje profundo (DL), aprendizaje automático (ML) y otros métodos. Donde, el más destacado es el DL, que incluye redes neuronales convolucionales (CNN) como ResNet y Xception, utilizadas en cuatro artículos [4], [7], [10], [11]. Asimismo, el ML con técnicas como XGBoost y Random Forest, que está presente en tres artículos [5], [6], [9]. Finalmente, en otros métodos fueron empleados en cuatro artículos [6], [7], [8], [10]. En la Tabla 4, muestra una visión más detallada sobre la distribución de las diferentes técnicas de IA utilizadas en los métodos.

TABLA 4.
 MÉTODOS DE IA.

Método de IA	Técnicas de IA	Cantidad de Estudios	Referencias
Aprendizaje profundo (Deep Learning)	Redes Neuronales Convolucionales (CNN): Faster RCNN, ResNet18, ResNet50, Xception, WVCNN con Chicuadrado y SMOTE-Tomek	4	[4], [7], [10], [11]
Aprendizaje automático (Machine Learning)	XGBoost: Boosting, Random Forest (RF), Gradient Boosting (GB). Máquinas de Vectores de Soporte (SVM)	3	[5], [6], [9]
Otros Métodos	Redes Neuronales Artificiales (ANN): Perceptrón Multicapa (MLP) con Boruta y SHAP, Red de Funciones de Base Radial (RBFN)	4	[6], [7], [8], [10]
	Modelos de Transferencia de Aprendizaje: ResNet101V2, InceptionV3 Métodos de Explicación de Modelos: Mapas de Sensibilidad a la Oclusión, LIME		

Así mismo se observa en la Figura 5 y tabla 4, la distribución de la cantidad de técnicas de IA utilizados en los artículos [4], [5], [6], [7], [8], [9], [10], [11]. Las CNNs aparecen como la técnica más utilizada, empleadas en 4 de los 8 artículos. Esto se debe a su capacidad para procesar imágenes médicas, un ejemplo destacado es el uso de Faster Region-based CNN (FRCNN) para la segmentación de células y el uso de arquitecturas como Xception y ResNet50 para predecir mutaciones genéticas [5], [11]. Las Maquinas de soporte vectorial destacan por su robustez y capacidad para manejar datos de alta dimensionalidad, siendo empleadas en varios artículos [7]. Otros de los métodos más empleados usan técnicas comunes como el modelo de red de función de base radial (RBFN) con el fin de la diferenciación temprana de la leucemia [8]. La figura 4 nos ayuda a Identificar las técnicas más prometedoras para futuras investigaciones, asimismo en la tabla 5 se ha incluido un diccionario de acrónimos para facilitar una referencia rápida de los términos utilizados.

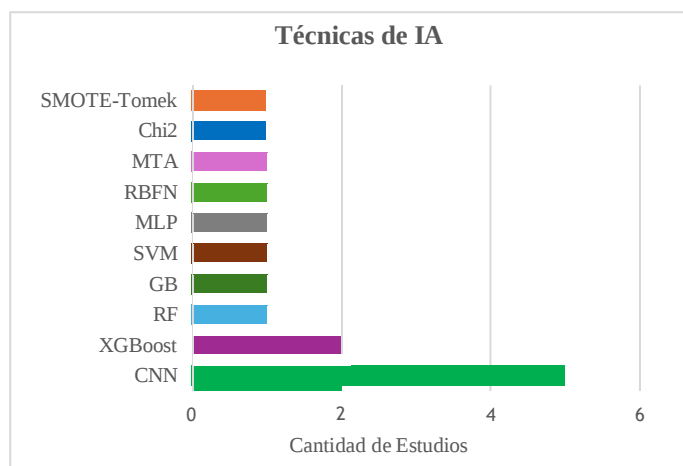


Fig. 4 Cantidad de estudios por técnicas de IA.

TABLA 5.
DICCIONARIO DE ACRÓNIMOS

Diccionario de Acrónimos	
Técnica de sobremuestreo de minorías sintéticas	SMOTE-Tomek
Chi-cuadrado	Chi2
Modelo de Transferencia de Aprendizaje	MTA
Red de Funciones de Base Radial	RBFN
Perceptrón Multicapa	MLP
Máquinas de Vectores de Soporte	SVM
Gradient Boosting	GB
Bosques Aleatorios	RF
Potenciación del Gradiente Extremo	XGBoost
Redes Neuronales Convolucionales	CNN

Del mismo modo, que fueron empleadas las técnicas de IA, los artículos también utilizaron diversas metodologías de apoyo para mejorar la precisión de los modelos de IA aplicados a la predicción de la leucemia mieloide. Entre las metodologías de apoyo utilizadas está el análisis de imágenes que fue empleado en dos artículos respectivamente [7], [10]. También se emplean métodos para la selección de variables y el análisis de componentes principales (PCA) presentes en los artículos [5], [8] correlativamente. Asimismo, se utilizan Mapas de calor y LIME, empleadas en los artículos [7], [8] respectivamente. Finalmente, se usan Mapas de sensibilidad de oclusión se presenta en un artículo [10]. En la Tabla 3 se brinda a más detalle estas metodologías de apoyo.

TABLA 6.
METODOLOGÍA DE APOYO.

Metodología de Apoyo	Cantidad de Estudios	Referencias
Análisis de imágenes	2	[7], [10]
Algoritmo personalizado para la selección de variables.	1	[5]
Análisis de componentes principales (PCA).	1	[8]
Mapas de calor para visualización.	1	[8]

Local Interpretable Model-Agnostic Explanations (LIME).	1	[7]
Mapas de sensibilidad de Oclusión.	1	[10]
No especificada	3	[4], [6], [9]

Además, en la Tabla 6 se resume el rendimiento de los modelos predictivos vistos en los artículos, se observa que el modelo híbrido: WVCNN, SMOTE-Tomek, Chi2 alcanzó la mayor precisión con un 99.9% [11] sin embargo, el modelo independiente MLP tuvo una menor precisión con 68.5% [9]. También se observa un rango de precisión para el modelo híbrido: CFM, GFEN(ResNet18) que varía entre 69% y 94% [4]. Esta tabla permite comparar los modelos predictivos en términos de precisión, ofreciendo una visión general de los modelos más efectivos empleados en el estudio.

TABLA 7.
PRECISIÓN DE MODELOS PREDICTIVOS.

Modelos Predictivos	Precisión	I/H	Referencias
WVCNN, SMOTE-Tomek, Chi2	99.90%	Híbrido	[11]
XGBoost	89%	Independiente	[5]
	65.3%	Independiente	[9]
ANN	86.25%	Independiente	[8]
ResNet50	86%	Independiente	[10]
LR	76%	Independiente	[7]
MLP	68.50%	Independiente	[9]
CFM, GFEN(ResNet18)	[69% - 94%]	Híbrido	[4]

Por último, en la tabla 7, se muestra una lista de revistas científicas relevantes para la investigación en inteligencia artificial aplicada a la predicción de leucemia mieloide, que brinda los nombres de las revistas, sus códigos ISSN, la clasificación por cuartil (Q1 y Q2), que muestra el nivel de impacto. Las revistas en el cuartil Q1, como Leukemia y The Lancet Digital Health, destacan por su prestigio e indica que son fuentes confiables para obtener información actualizada de diferentes estudios.

TABLA 8.
REVISTAS DE ARTÍCULOS PUBLICADOS.

Revistas	ISSN	Quartil	Referencias
Leukemia	08876924, 14765551	Q1	[5]
Blood Advances	24739529, 24739537		[11]
The Lancet Digital Health	25897500		[10]
Scientific Reports	20452322		[4]
Medicine	00284793, 15334406	Q2	[7]
Leukemia Research	01452126, 18735835		[9]
Diagnostics	20754418		[6]
Applied Sciences	20763417		[8]

IV. DISCUSIÓN

En el RSL, se aplicaron enfoques de IA avanzados para predecir la leucemia, pero cada uno se adaptó a un tipo específico de datos. Los estudios del 2022 aportan un contexto inicial, mientras que los del 2024 destacan por ser los más actuales, lo que permite un análisis más completo y actualizado. Asimismo, el tipo de patología que tuvo más estudios fue la AML con una cantidad de 7223 pacientes en el cual se utilizaron distintos métodos de IA por lo que resulta tener mayor precisión en la predicción de resultados y la demanda de uso de herramientas robustas. Sin embargo, los demás tipos de patología usaron una sola técnica y estuvieron limitadas en términos de profundidad de análisis y flexibilidad para el manejo de datos complejos.

El modelo WVCNN es claramente superior en términos de precisión, alcanzando un impresionante 99.9%, lo que lo convierte en la opción más confiable para predecir tipos de leucemia basados en datos genómicos [11]. Este nivel de rendimiento se debe a su capacidad para integrar múltiples técnicas avanzadas, como SMOTE-TOMEK para abordar desequilibrios en las clases y la selección de características Chi-cuadrado para identificar los genes más relevantes [11]. La arquitectura de red neuronal convolucional híbrida del WVCNN permite un análisis profundo de los datos complejos, capturando patrones sutiles que otros modelos no logran identificar. No obstante, su dependencia de datos genómicos específicos y su alta demanda computacional limitan su aplicabilidad a entornos con infraestructura avanzada.

El modelo XGBoost, con una precisión del 89%, es una solución eficiente para trabajar con datos tabulares, como registros clínicos y bases de datos estructuradas [5]. Su fortaleza radica en su capacidad para manejar grandes conjuntos de datos y seleccionar automáticamente las variables más importantes, lo que lo hace ideal para escenarios donde la relación entre factores es más directa. Sin embargo, su desempeño disminuye al enfrentarse a factores clínicos más complejos, como las respuestas individuales al tratamiento o las comorbilidades [5]. Aunque no alcanza el nivel de precisión del WVCNN, XGBoost sigue siendo valioso en situaciones donde los datos genómicos no están disponibles o no son el enfoque principal.

El modelo ResNet 50, diseñado para analizar imágenes médicas, logra una precisión del 86% en la detección de mutaciones como NPM1 [10]. Su arquitectura profunda le permite extraer características complejas de imágenes, como patrones visuales específicos en frotis de médula ósea. Sin embargo, enfrenta limitaciones significativas: depende de conjuntos de datos extensos y de alta calidad para su entrenamiento y es sensible a las variaciones en las condiciones de adquisición de imágenes [10]. Aunque es menos preciso que el WVCNN, ResNet 50 es una herramienta esencial para escenarios donde los datos visuales son la principal fuente de información.

Finalmente, las redes neuronales artificiales (RBFN), con una precisión del 86.25%, son útiles para modelar relaciones no lineales y manejar problemas complejos en predicción, especialmente en la leucemia mieloide aguda (AML) [8]. Su principal desventaja es la falta de interpretabilidad, lo que dificulta entender cómo se toman las decisiones dentro del modelo. Aunque su desempeño es competitivo, queda por detrás de los otros modelos en cuanto a precisión y adaptabilidad a múltiples fuentes de datos [8]. En comparación, el WVCNN sobresale por su capacidad de análisis profundo y su enfoque integral, mientras que los demás modelos ofrecen fortalezas específicas, pero con limitaciones claras en alcance y precisión general.

V. CONCLUSIONES

Esta investigación señaló el rol de la inteligencia artificial (IA) en la predicción temprana de la leucemia, particularmente en la leucemia mieloide aguda (AML), donde se aplicaron diversos modelos con resultados notables. El modelo más eficiente fue el WVCNN, que alcanzó una precisión del 99.9%, gracias a su capacidad para integrar redes neuronales convolucionales, técnicas de balanceo de clases como SMOTE-TOMEK y selección de características mediante Chi-cuadrado. Este modelo se posiciona como el más robusto en el análisis de datos genómicos, aunque su implementación depende de infraestructura tecnológica avanzada, lo que limita su uso en contextos clínicos con menor capacidad computacional.

Los métodos enfocados en datos específicos, como XGBoost para datos tabulares y ResNet-50 para imágenes médicas, lograron tasas de precisión del 89% y 86%, respectivamente. Estos modelos demostraron ser herramientas eficientes en escenarios especializados, como la predicción de factores clínicos o mutaciones específicas. Sin embargo, el rendimiento estuvo limitado ya que los datos disponibles no contaban con la calidad y tubo dificultad para abordar múltiples variables complejas simultáneamente. Esto resalta la necesidad de estrategias más versátiles y datos más completos para mejorar la precisión y aplicabilidad de los modelos en la práctica clínica.

Para futuros trabajos, se recomienda desarrollar técnicas híbridas que combinen las fortalezas de los distintos enfoques para superar las limitaciones actuales, como la falta de interpretabilidad y la dependencia de grandes volúmenes de datos de alta calidad. Además, sería recomendable incrementar el acceso a bases de datos genómicas y clínicas más completas, lo que permitiría entrenar modelos más robustos y eficientes, especialmente en entornos con recursos limitados. También sería útil ampliar las investigaciones a otras técnicas emergentes para diversificar las herramientas disponibles y optimizar los resultados clínicos en el diagnóstico y manejo de AML.

AGRADECIMIENTO

Agradecemos a Universidad Tecnológica del Perú por el apoyo logístico, académico y de subvención económica del presente artículo que se inici en los cursos formativos de investigación y que permiten un avance significativo de los estudiantes en su etapa formadora en investigación científica.

REFERENCIAS

- [1] “Leucemia - Cancer Research Institute.” Accessed: Nov. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.cancerresearch.org/es/cancer-types/leukemia>
- [2] “¿Qué indican las estadísticas clave sobre la leucemia mieloide aguda?” Accessed: Nov. 07, 2024. [Online]. Available: <https://www.cancer.org/es/cancer/tipos/leucemia-mieloide-aguda/acerca/estadisticas-clave.html>
- [3] “Leucemia: el cáncer más frecuente en la población infantil peruana - Noticias - Ministerio de Salud - Plataforma del Estado Peruano.” Accessed: Nov. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.gob.pe/institucion/minsa/noticias/700041-leucemia-el-cancer-mas-frecuente-en-la-poblacion-infantil-peruana>
- [4] J. Kockwelp *et al.*, “Deep learning predicts therapy-relevant genetics in acute myeloid leukemia from Pappenheim-stained bone marrow smears,” *Blood Adv*, vol. 8, no. 1, pp. 70–79, Jan. 2024, doi: 10.1182/BLOODADVANCES.2023011076/2090181/BLOODADVANCES.2023011076.PDF.
- [5] V. Alcazer *et al.*, “Evaluation of a machine-learning model based on laboratory parameters for the prediction of acute leukaemia subtypes: a multicentre model development and validation study in France,” *Lancet Digit Health*, vol. 6, no. 5, pp. e323–e333, May 2024, doi: 10.1016/S2589-7500(24)00044-X.
- [6] R. Baig, A. Rehman, A. Almuhaimeed, A. Alzahrani, and H. T. Rauf, “Detecting Malignant Leukemia Cells Using Microscopic Blood Smear Images: A Deep Learning Approach,” *Applied Sciences* 2022, Vol. 12, Page 6317, vol. 12, no. 13, p. 6317, Jun. 2022, doi: 10.3390/APP12136317.
- [7] J. Ma, H. Zhao, and F. Ge, “Application of m6A regulators to predict transformation from myelodysplastic syndrome to acute myeloid leukemia via machine learning,” *Medicine*, vol. 103, no. 28, Jul. 2024, doi: 10.1097/MD.00000000000038897.
- [8] R. Z. Haider, I. U. Ujjan, N. A. Khan, E. Urrechaga, and T. S. Shamsi, “Beyond the In-Practice CBC: The Research CBC Parameters-Driven Machine Learning Predictive Modeling for Early Differentiation among Leukemias,” *Diagnostics* 2022, Vol. 12, Page 138, vol. 12, no. 1, p. 138, Jan. 2022, doi: 10.3390/DIAGNOSTICS12010138.
- [9] I. Didi *et al.*, “Artificial intelligence-based prediction models for acute myeloid leukemia using real-life data: A DATAML registry study,” *Leuk Res*, vol. 136, Jan. 2024, doi: 10.1016/J.LEUKRES.2024.107437.
- [10] J. N. Eckardt *et al.*, “Deep learning detects acute myeloid leukemia and predicts NPM1 mutation status from bone marrow smears,” *Leukemia* 2021 36:1, vol. 36, no. 1, pp. 111–118, Sep. 2021, doi: 10.1038/s41375-021-01408-w.
- [11] E. A. Alabdulqader *et al.*, “Improving prediction of blood cancer using leukemia microarray gene data and Chi2 features with weighted

convolutional neural network,” *Scientific Reports* 2024 14:1, vol. 14, no. 1, pp. 1–15, Jul. 2024, doi: 10.1038/s41598-024-65315-7.