



Modelos Predictivos para la recidiva del cáncer de mama basado en el aprendizaje automático

Machine Learning-Based Predictive Models for Breast Cancer Recurrence

René Santiago Borges Sandrino ^{1*} <https://orcid.org/0000-0002-4658-1475>

Enia Ramón Musibay ¹ <https://orcid.org/0000-0003-1170-3441>

Vivian Sistachs-Vega ² <https://orcid.org/0000-0003-1657-8002>

Miguel Ángel Díaz Martínez ² <https://orcid.org/0000-0002-1698-0184>

Mercedes Gisela Borges Sandrino ³ <https://orcid.org/0009-0006-5965-2689>

¹ Hospital Militar Central “Dr. Carlos J. Finlay”. La Habana, Cuba.

² Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana. La Habana, Cuba.

³ Facultad de Ciencias Básicas y preclínicas “Victoria de Girón”. La Habana, Cuba.

*Autor para la correspondencia. Correo electrónico: rbsander97@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El cáncer de mama es la neoplasia maligna más frecuente en mujeres en todo el mundo. La prevalencia y la incidencia del cáncer de mama aumentan cada año; por lo tanto, el diagnóstico

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>
revinmedquir@infomed.sld.cu

temprano, junto con una detección adecuada de la recidiva, es una estrategia importante para mejorar el pronóstico.

Objetivo: Comparar diferentes algoritmos de aprendizaje automático para seleccionar el

Bajo licencia Creative Commons





mejor modelo predictivo de recurrencia del cáncer de mama.

Método: Se realizó un estudio analítico, prospectivo y longitudinal donde se desarrollaron varios modelos de aprendizaje automático, que incluyeron regresión logística, Bosque aleatorio, análisis discriminante lineal y AdaBoost para predecir la recurrencia del cáncer de mama. El área bajo la curva, la precisión, la sensibilidad, la especificidad, el valor predictivo positivo, el valor predictivo negativo y la puntuación F1 se utilizaron para evaluar el rendimiento del modelo pronóstico. **Resultados:** Las variables triples negativo, Ki-67, permeación vascular y

ABSTRACT

Introduction: Breast cancer is the most common malignant neoplasm in women worldwide. The prevalence and incidence of breast cancer increase every year; therefore, early diagnosis, along with adequate detection of recurrence, is an important strategy to improve prognosis.

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>
revinmedquir@infomed.sld.cu

linfáticas como adenopatías concentraron el 78 % de la importancia predictiva. Los modelos Bosques aleatorios y AdaBoost mostraron el mejor rendimiento global en cuanto a área bajo la curva, sensibilidad, especificidad y F1 score detectando 34 de cada 37 recidivas.

Conclusiones: Con base en el rendimiento los modelos muestran excelente estabilidad y generalización, con caídas mínimas de rendimiento corregidas bajo la supervisión clínica.

Palabras clave: cáncer de mama; aprendizaje automático; recurrencia de la enfermedad; modelo de predicción.

Objective: This study aimed to compare different machine learning algorithms to select the best predictive model for breast cancer recurrence.

Method: A prospective longitudinal analytical study was conducted in which several machine learning models were

Bajo licencia Creative Commons





developed, including logistic regression, random forest, linear discriminant analysis, and AdaBoost to predict breast cancer recurrence. The area under the curve, accuracy, sensitivity, specificity, positive predictive value (PPV), negative predictive value, and F1 score were used to evaluate the performance of the prognostic model.

Results: The variables triple-negative, Ki-67, vascular and lymphatic permeation, and lymphadenopathy accounted for 78% of

predictive importance. Random forest and AdaBoost models showed the best overall performance in terms of area under the curve, sensitivity, specificity, and F1 score, detecting 34 out of 37 recurrences.

Conclusions: Based on performance, the models demonstrated excellent stability and generalization, with minimal performance drops corrected under clinical supervision.

Keywords: breast cancer; machine learning; disease recurrence; prediction model.

Recibido: 30/03/2026

Aceptado: 16/08/2026

INTRODUCCIÓN

El cáncer de mama es una de las neoplasias malignas más comunes del sexo femenino, con altas tasas de recidiva y mortalidad a nivel mundial. ⁽¹⁾ Su incidencia en el año 2025 alcanzó aproximadamente 2,3 a 2,5 millones de casos nuevos en el mundo. Entre las regiones de alta incidencia se encuentran Bélgica, Holanda, Estados Unidos y Canadá, con tasas que superan los 132 casos por cada 100,000 habitantes. ⁽²⁾ En Cuba se reportan cifras de 35,8 por cada 10,000 habitantes lo que resulta elevado si se tiene en cuenta el número total mujeres en el país. ⁽³⁾ Esta incidencia llevó al desarrollo de modelos predictivos basados en aprendizaje automático (AA)

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>
revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons



capaces de determinar la posibilidad de cáncer mamario y su recidiva, al ser todos reproducibles y poder integrar variables cualitativas y cuantitativas que mejoren la precisión en el diagnóstico. ⁽⁴⁾

Sin embargo, no siempre están disponibles para hacer el diagnóstico de recidiva. Además, la mayoría de los modelos se desarrollan en poblaciones caucásicas y fallan al aplicarse en otros grupos étnicos, algunos presentan problemas de interpretabilidad que dificultan su adopción clínica con validación externa limitada. ⁽⁵⁾ Aunque existen modelos cubanos para cáncer de mama basados en AA, todos están desarrollados con variables clínicas que no tienen en cuenta parámetros biomoleculares. ⁽⁵⁾ Por ello, se consideró necesario crear modelos de AA basados en las características de la población cubana que utilicen los parámetros mencionados.

El objetivo de esta investigación es determinar el mejor modelo predictivos basado en AA para la discriminación entre pacientes con y sin recidiva del cáncer de mama a través de métricas estadísticas adecuadas.

MÉTODOS

Tipo de estudio

Se realizó un estudio analítico, longitudinal y prospectivo.

Universo y muestra

El universo estuvo constituido por las pacientes con cáncer de mama en el Hospital Militar Central “Dr. Carlos J Finlay” en el periodo de enero de 2022 a septiembre de 2025. La muestra seleccionada por muestreo probabilístico aleatorio simple estratificado estuvo compuesta por 375 pacientes asignadas a dos grupos: uno de entrenamiento de modelos con 262 y otro de prueba con 113 enfermas con una proporción de 70 y 30 %, respectivamente; cada uno con una proporción equivalente de pacientes recidivadas o no.

Variables predictoras

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





Los predictores biológicos fueron: edad, grado, adenopatías, lateralidad, menopausia, tamaño tumoral, histología y permeación vasculolinfática. Los predictores moleculares fueron el KI67, el HER2 y el triple negativo.

Criterios de inclusión

Se incluyeron todas las pacientes con tumores malignos unilaterales primarios de la mama confirmados por histología y registros clínicos completos que otorgaron su consentimiento de participación en el estudio.

Criterios de exclusión

Se excluyeron los tumores dobles o lesiones previamente tratadas, así como las fallecidas antes de terminar la recogida de los datos.

Procesamiento de datos

Durante la exploración de los datos, para las variables cualitativas se realizaron distribuciones de frecuencia y las cuantitativas con media y desviación estándar. La relación entre variables se analizó con *ji* cuadrado y V de Cramer. Se aplicaron 4 modelos de AA: la regresión logística, el análisis discriminante lineal, los bosques aleatorios y el AdaBoost. Se evaluaron la precisión, la sensibilidad, la especificidad, la escala F1 y el área bajo la curva de características operador receptor (COR).

En el grupo de entrenamiento se empleó una técnica de validación cruzada para la estimación de los modelos. ^(6,7) El mejor modelo se seleccionó mediante la evaluación de las métricas según matriz de confusión y el área bajo la curva. Para mejorar la interpretabilidad de los modelos predictivos, se aplicó el método Explicaciones Aditivas de Shapley (SHAP) al mejor algoritmo, lo que permitió cuantificar la contribución individual de cada variable clínica en la predicción de recidiva, jerarquizando su importancia y facilitando la comprensión clínica de los resultados. Para garantizar igual proporción de recidivas en ambos grupos (17,6 %) se utilizó el programa Python en versión 3.13 en Jupiter Notebook.

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





Consideraciones éticas

Se solicitó la aprobación por el Consejo Científico, el Comité de Ética y la dirección del centro. Se cumplieron los principios deontológicos y de la bioética aplicables a las investigaciones científicas. Todos los pacientes o su representante legal aceptaron participar de manera voluntaria. Se garantizó la confidencialidad de la información y la posibilidad de retirarse del estudio cuando así lo desearan sin perjuicio para ellos. La información solo fue utilizada con fines científicos.

RESULTADOS

La media de edad de las pacientes afectadas fue de 62,87 en el grupo de las no recidivadas con una desviación estándar de 11,59. En el grupo de las recidivadas la media estuvo en 63,98 con desviación de 10,91. La mama izquierda fue la más afectada 238 (50,2 %) y la mayoría de los tumores tenían menos de 2 cm de diámetro (174 enfermas) sin significación estadística. Predominaron las enfermas con HER2 negativo (220; 84,6 %). El 62,8 % de las pacientes del grupo no recidivadas tuvieron un Ki67 alto, frente a un 37,2 % de las recidivadas con elevada significación estadística. La variable triple negativo se detectó en 24 enfermas en las no recidivadas (7,8 %) y en 16 en las recidivadas con una relación estadísticamente significativa. (Tabla1)

Tabla1. Caracterización de pacientes con cáncer de mama

Grupos/ Variables	No recidivados		Recidivados		Estadígrafo
	n	%	n	%	
	253	67,5	122	32,5	
Edad (media /DS)	62,87 (11,59)		63,98 (10,91)		—
Lateralidad derecha	153 (81,4 %)		35 (18,6 %)		—
Lateralidad izquierda	155 (83,3 %)		31 (16,7 %)		—
Tamaño < 2 cm	153 (87,9 %)		21 (12,1 %)		$\chi^2 = 0.813$ p = 0.017
Tamaño 2 - 5 cm	134 (77,9 %)		38 (22,1 %)		

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





Tamaño > 5 cm		22 (75,9 %)	7 (24,1 %)	V = 0.147
Carcinoma Ductal		235 (82,5 %)	50 (17,5 %)	$\chi^2 = 3.047$
HER2	positivo	89 (77,4 %)	26 (22,6 %)	p = 0.081
	negativo	220 (84,6 %)	40 (15,4 %)	V = 0.090
KI67	Bajo (<14 %)	140 (93,3 %)	10 (6,7 %)	$\chi^2 = 37.22$
	Intermedio (15–30%)	110 (84,0 %)	21 (16,0 %)	p=<0.00001
	Alto (>31%)	59 (62,8 %)	35 (37,2 %)	V = 0.315
Permeación linfática		159 (51,5 %)	51 (77,3 %)	p = 0,0002
Permeación vascular		109 (35,3 %)	36 (54,5 %)	p = 0,0028
Triple negativo		24 (7,8 %)	16 (24,2 %)	p = 0,0001

La matriz de confusión para los cuatro algoritmos de aprendizaje automático evaluados en la predicción de recidiva del cáncer de mama mostró al AdaBoost y los Bosques aleatorios como los modelos de mejores resultados, con 34 verdaderos positivos (30,4 %) cada uno, identificando de manera correcta el mayor número de pacientes que realmente presentaron recidiva. En la clasificación de pacientes sin recidiva (verdaderos negativos), el modelo de Bosques aleatorios logró 65 casos (58,0 %), superando ligeramente a AdaBoost y Regresión Logística, que obtuvieron 64 casos (57,1 %) cada uno.

Respecto a los errores de clasificación, AdaBoost presentó el menor número de falsos negativos (3 casos, 2,7 %), lo que significa que fue el algoritmo que menos pacientes con recidiva dejó de diagnosticar un aspecto clínicamente crucial, ya que un falso negativo implica no detectar una recurrencia que sí ocurre. En cuanto a los falsos positivos (pacientes clasificados de manera errónea como recidiva cuando no lo fueron), Bosques aleatorios y AdaBoost también mostraron el mejor desempeño con 10 y 11 casos, respectivamente (8,9 y 9,8 %).

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons



Tabla 2. Matriz de confusión

Métrica	Regresión Logística	LDA	Random Forest	AdaBoost
Verdaderos negativos	64 (57,1 %)	63 (56,3 %)	65 (58,0 %)	64 (57,1 %)
Verdaderos Positivos	33 (29,5 %)	32 (28,5 %)	34 (30,4 %)	34 (30,4 %)
Falso Negativo	4 (3,6 %)	5 (4,5 %)	3 (2,7 %)	3 (2,7 %)
Falso Positivo	11 (9,8 %)	12 (10,7 %)	10 (8,9 %)	11 (9,8 %)

La tabla tres muestra las métricas de rendimiento de los cuatro algoritmos analizados en la predicción de recidiva del cáncer de mama. En términos de exactitud, que representa el porcentaje total de aciertos sobre el total de casos, Bosques aleatorios y AdaBoost obtuvieron el mejor rendimiento con un 88,4 %, superando a la Regresión Logística (86,6 %) y a LDA (84,8 %). Este indicador refleja que ambos modelos clasifican correctamente 9 de cada 10 pacientes.

La sensibilidad o tasa de verdaderos positivos es una métrica de especial relevancia clínica, ya que mide la capacidad del modelo para identificar de forma correcta a los pacientes que realmente desarrollarán recidiva. Bosques aleatorios y AdaBoost alcanzaron la mayor sensibilidad con un 91,9 %, superando a la Regresión Logística (89,2 %) y LDA (86,5 %). Esto significa que cada 10 pacientes que realmente recidivan, estos modelos detectan correctamente a 9.

La especificidad o tasa de verdaderos negativos, que evalúa la capacidad de identificar a los pacientes que no recidivarán, fue liderada por los Bosques aleatorios con un 86,7 %, seguida por la Regresión Logística y AdaBoost (85,3 % ambas) y finalmente LDA (84,0 %).

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





En cuanto a la precisión, los Bosques aleatorios obtuvieron el mejor valor con 77.3%, seguido por AdaBoost (75.6%), Regresión Logística (75.0%) y LDA (72.7%). La escala F1, que combina precisión y sensibilidad en una única métrica, también favorece a Bosques aleatorios con 0.840, seguido de AdaBoost con 0.829.

Tabla 3. Métricas de rendimiento

Métrica	Regresión Logística	LDA	Random Forest	AdaBoost
Exactitud	86,6 %	84,8 %	88,4 %	88,4 %
Sensibilidad	89,2 %	86,5 %	91,9 %	91,9 %
Especificidad	85,3 %	84,0 %	86,7 %	85,3 %
Precisión	75,0 %	72,7 %	77,3 %	75,6 %
Escala F1	0,815	0,791	0,840	0,829
Curvas COR	0,918	0,903	0,941	0,945

El área bajo la curva (COR), es una medida global de la capacidad discriminativa del modelo, donde valores cercanos a 1 indican un excelente rendimiento. AdaBoost logró el área más alta con 0,945; seguido por Bosques aleatorios (0,941), Regresión Logística (0,918) y LDA (0,903). Esto confirma que AdaBoost presenta la mejor capacidad para distinguir entre pacientes que recidivarán y los que no (Imagen 1).

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>
revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons



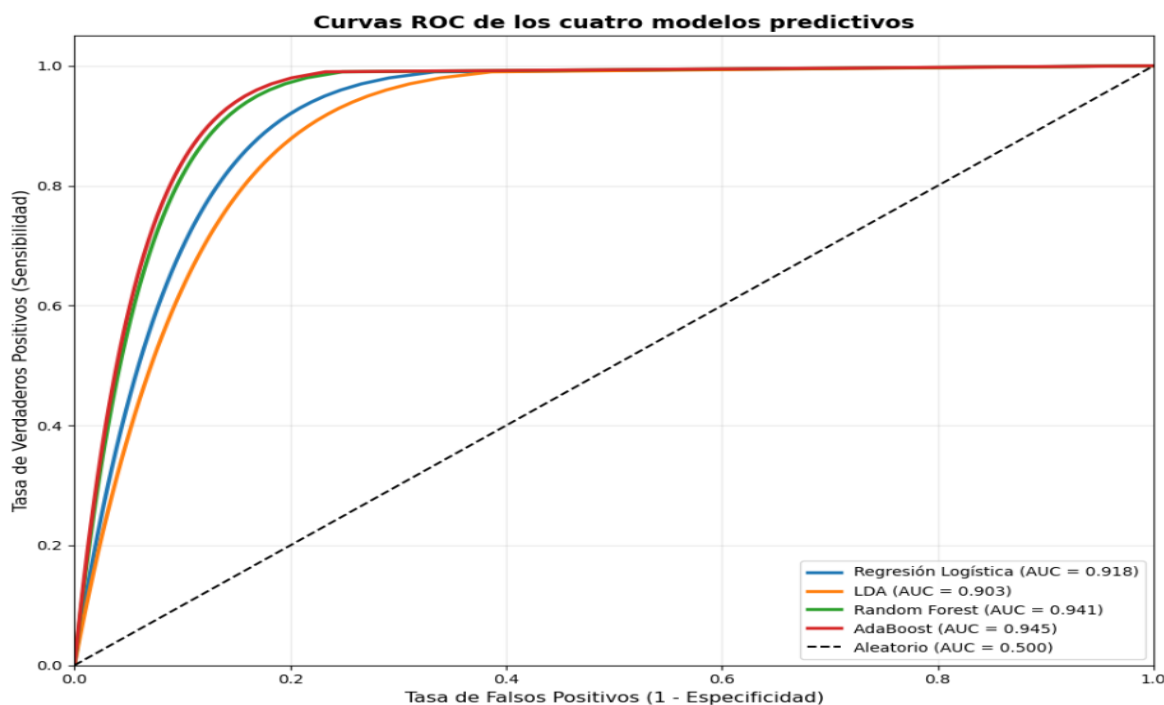


Imagen 1. Área bajo la curva de los cuatro modelos

El análisis de importancia de variables mediante SHAP (tabla 4) aplicado al modelo AdaBoost mostró al tamaño tumoral como el predictor más relevante para la recidiva, con un valor de importancia SHAP de 0,1423, lo que indica que, a mayor diámetro del tumor, mayor probabilidad de recurrencia. En segundo lugar, la variable triple negativo (importancia SHAP 0,1156) se posiciona como un factor de mal pronóstico muy relevante, lo que confirma que los pacientes con este subtipo presentan un riesgo sustancialmente elevado de recidiva, sobre todo en los primeros años tras el diagnóstico. Le siguen en importancia el HER2 positivo (0,0987) que se asocia con una mayor agresividad y riesgo de recurrencia.

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





Tabla 4. Importancia global de las variables (medias)

Variable	Importancia SHAP
Tamaño del tumor	0,1423
Triple negativo	0,1156
HER2 positivo	0,0987
Edad	0,0489
Lateralidad Derecha	0,0189
Lateralidad Izquierda	0,0176

DISCUSIÓN

En la presente investigación se entrenaron varios modelos de aprendizaje automático como herramienta de apoyo a la toma de decisiones clínicas, con el objetivo de predecir el riesgo de recidiva del cáncer de mama. Se seleccionaron las variables de mayor importancia mediante SHAP a partir de múltiples características relacionadas con esta enfermedad.

Para algunos investigadores la edad constituye un factor de riesgo bien establecido para el desarrollo del cáncer de mama, aunque su papel como predictor de recidiva es más complejo y controvertido para otros.

⁽⁸⁾ Wilkinson mostró que las pacientes jóvenes (<40 años) presentan un mayor riesgo de recidiva, particularmente en los primeros 5 años, atribuible a una mayor frecuencia de subtipos agresivos como triple negativo y HER2 positivo en este grupo etario. ⁽⁹⁾ Michaels, ⁽¹⁰⁾ encontró que la edad avanzada no constituye un factor de riesgo independiente cuando se ajusta por subtipo molecular y comorbilidades.

Tesch, ⁽¹²⁾ confirma que la sobreexpresión de HER2 constituye un factor de mal pronóstico, con un hazard ratio de 1,89 para recidiva en pacientes no tratadas con terapia anti-HER2. ⁽¹¹⁾ Otras investigaciones destacan que la introducción de terapias dirigidas como trastuzumab y pertuzumab ha transformado el pronóstico de este subtipo, con reducción del riesgo de recidiva en más de un 40 %. En el contexto cubano un estudio de seguimiento de pacientes tratadas en el Instituto Nacional de Oncología y Radioterapia, reportaron que las

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





pacientes HER2 positivas que recibieron terapia con trastuzumab presentaron tasas de recidiva similares a las HER2 negativas (18,7 vs 16,2 %); mientras que aquellas que no recibieron el tratamiento tuvieron una tasa de recidiva significativamente mayor (34,5 %), lo que subraya la importancia del acceso a estas terapias en el medio de estudio.^(13,14) El índice proliferativo Ki67 mostró la asociación más significativa con recidiva en la serie estudiada aspecto consistente con la literatura internacional.⁽¹⁵⁾

El estudio de Koley,⁽¹⁴⁾ utilizó métodos de AA para identificar los factores que afectan el tiempo hasta el diagnóstico del cáncer de mama en mujeres cubanas; la menopausia, la categoría BI-RADS y el número de biopsias realizadas como las variables clave que influyen en el tiempo de diagnóstico no mostró biomarcadores. El cáncer de mama triple negativo (TNBC) se caracteriza por la ausencia de receptores de estrógeno (RE), receptores de progesterona (RP) y HER2, lo que lo hace insensible a las terapias dirigidas y hormonales, lo que limita las opciones terapéuticas a la quimioterapia convencional. Varios estudios⁽¹⁵⁻¹⁷⁾ demuestran que el subtipo triple negativo presenta la tasa más alta de recidiva locorregional (7,9 %), significativamente superior a la de los tumores luminales A (1,7 %).

Otras investigaciones⁽¹⁷⁻²⁰⁾ compararon hasta once algoritmos diferentes para predecir la recurrencia del cáncer de mama e incluyeron regresión logística, árboles aleatorios, análisis discriminante lineal y AdaBoost con resultados similares a los de la investigación presentada. El modelo AdaBoost tuvo el mejor rendimiento predictivo, con un área bajo la curva superior al resto de los algoritmos evaluados siempre combinado con el método SHAP para interpretabilidad.

CONCLUSIONES

El cáncer de mama constituye una enfermedad heterogénea cuyo riesgo de recidiva está determinado por la interacción compleja de factores clínicos, patológicos y moleculares. Los modelos de AA mostraron rendimientos adecuados, aunque AdaBoost demostró el mejor rendimiento global para la predicción de recidiva del cáncer de mama y alcanzó las mejores métricas. Estos resultados posicionan estos modelos como herramientas clínicamente útiles para la estratificación del riesgo de recurrencia. Este enfoque supera

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





las limitaciones y proporciona a los médicos una interpretación transparente y clínicamente comprensible de los factores que contribuyen a la predicción individualizada del riesgo de recidiva.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Siegel RL, Miller KD, Fuchs HE, Jemal A. Cancer statistics, 2021. CA Cancer J Clin. [Internet]. 2021 [acceso:19/09/2025];71(1):7-33. Disponible en: <https://acsjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.3322/caac.21654>
2. Filho AM, Laversanne M, Ferlay J, Colombet M, Piñeros M, Znaor A, Parkin DM, Soerjomataram I, Bray F. The GLOBOCAN 2022 cancer estimates: data sources, methods, and a snapshot of the cancer burden worldwide. Int J Cancer. [Internet]. 2025;156(7):1336-1346. DOI: <https://doi.org/10.1002/ijc.35278>
3. Valencia-Moreno JM, Gonzalez-Fraga JA, Gutierrez-Lopez E, Estrada-Senti V, Cantero-Ronquillo HA, Kober V. Breast cancer risk estimation with intelligent algorithms and risk factors for Cuban women. Comput Biol Med [Internet]. 2024; 179:108818. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2024.108818>
4. Choi RY, Coyner AS, Kalpathy-Cramer J, Chiang MF, Campbell JP. Introduction to machine learning, neural networks, and deep learning. Transl Vis Sci Technol [Internet]. 2020;9(2):14. DOI: <https://doi.org/10.1167/tvst.9.2.14>
5. Sarker IH. Machine learning: algorithms, real-world applications and research directions. SN Comput Sci [Internet]. 2021;2(3):160. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42979-021-00592-x>
6. Yang PT, Wu WS, Wu CC, Shih YN, Hsieh CH, Hsu JL. Breast cancer recurrence prediction with ensemble methods and cost-sensitive learning. Open Med (Wars) [Internet]. 2021;16(1):754-768. DOI: <https://doi.org/10.1515/med-2021-0302>

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>
revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





7. Bangalore Yogananda CG, Shah BR, Vejdani-Jahromi M, Nalawade SS, Murugesan GK, Yu FF, et al. A fully automated deep learning network for brain tumor segmentation. Tomography. [Internet]. 2020;6(2):186-193. DOI: <https://doi.org/10.18383/j.tom.2019.00026>
8. Yuan Q, Ye R, Qian Y, Yu H, Zhou Y, Cui X, et al. Machine learning and SHAP value interpretation for predicting the response to neoadjuvant chemotherapy and long-term clinical outcomes in Chinese female breast cancer. Ann Med [Internet]. 2025;57(1):2541316. DOI: <https://doi.org/10.1080/07853890.2025.2541316>
9. Wilkinson L, Gathani T. Understanding breast cancer as a global health concern. Br J Radiol [Internet]. 2022;95(1130):20211033. DOI: <https://doi.org/10.1259/bjr.20211033>
10. Michaels E, Worthington RO, Rusiecki J. Breast cancer: risk assessment, screening, and
11. primary prevention. Med Clin North Am. [Internet]. 2023; 107(2):271-284. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.mcna.2022.10.007>
11. Tesch ME, Gelmon KA. Targeting HER2 in breast cancer: latest developments on treatment sequencing and the introduction of biosimilars. Drugs. [Internet]. 2020;80(17):1811-1830. DOI: <https://doi.org/10.1007/s40265-020-01411-y>
12. Qian X, Pei J, Han C, Liang Z, Zhang G, Chen N, et al. A multimodal machine learning model for the stratification of breast cancer risk. Nat Biomed Eng. [Internet]. 2025;9(3):356-370. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41551-024-01302-7>
13. Sánchez WL, Azaín AME, Gómez VPP, Acosta BC, Chang MA. Reconstrucción mamaria poscáncer en el Instituto Nacional de Oncología y Radiobiología de Cuba. Cir Plást Ibero-Latinoam [Internet]. 2021;47(1):49-58. DOI: <https://dx.doi.org/10.4321/s0376-78922021000100007>

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





14. Koley T. Analysis of the time to breast cancer diagnosis in Cuba: an observational study. BMC Public Health [Internet]. 2025;25(1):4413. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12889-025-25444-8>
15. Nolan L, Davey MG, Calpin GG, Ryan ÉJ, Boland MR. Risk of locoregional recurrence after breast cancer surgery by molecular subtype: a systematic review and network meta-analysis. Ir J Med Sci [Internet]. 2024;193(6):2965-2974. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11845-024-03809-z>
16. Pinto D, Schmitt FC. Immunohistochemistry applied to breast cytological material. Pathobiology [Internet]. 2022;89(5):343-358. DOI: <https://doi.org/10.1159/000522542>
17. Li F, Zhou X, Hu W, Du Y, Sun J, Wang Y. Prognostic predictive value of Ki-67 in stage I-II triple-negative breast cancer. Future Sci OA [Internet]. 2024;10(1): FSO936. DOI: <https://doi.org/10.2144/fsoa-2023-0129>
18. Zuo D, Yang L, Jin Y, Qi H, Liu Y, Ren L. Machine learning-based models for the prediction of breast cancer recurrence risk. BMC Med Inform Decis Mak. [Internet]. 2023;23(1):276. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12911-023-02377-z>
19. Zhong X, Lin Y, Zhang W, Bi Q. Predicting diagnosis and survival of bone metastasis in breast cancer using machine learning. Sci Rep. [Internet]. 2023;13(1):18301. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-45438-z>
20. Najjar S, Allison KH. Updates on breast biomarkers. Virchows Arch [Internet]. 2022;480(1):163-176. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00428-022-03267-x>

Conflicto de intereses

Los autores no refieren conflictos de intereses.

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/img>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons





Información financiera

Los autores no recibieron financiación para la realización de este trabajo.

Contribución de los autores

Conceptualización: Rene Santiago Borges Sandrino, Vivian Sistach Vega.

Curación de datos: Miguel Ángel Díaz Martínez, Mercedes Gisela Borges Sandrino.

Análisis formal: Rene Santiago Borges Sandrino, Vivian Sistach Vega.

Investigación: Rene Santiago Borges Sandrino, Enia Ramon Musibay.

Metodología: Enia Ramon Musibay.

Administración del proyecto: Rene Santiago Borges Sandrino, Vivian Sistach Vega.

Visualización: Enia Ramon Musibay.

Redacción -Revisión y edición: Enia Ramon Musibay.

Recursos: Miguel Ángel Díaz Martínez, Mercedes Gisela Borges Sandrino.

Declaración de disponibilidad de los datos

Los datos que apoyan los hallazgos del estudio están disponibles a través del autor de correspondencia bajo solicitud razonada.

<http://revcimeq.sld.cu/index.php/imq>

revinmedquir@infomed.sld.cu

Bajo licencia Creative Commons

