

Aprendizado por Transferência na Construção de Modelos Preditivos de Doença Renal Crônica

Gabriel V. S. Caetano¹, Isabel C. Reinheimer^{1,2},
Solana de Melo², Maria E. S. Bellinaso²,
Laura M. Ribeiro², Isabela V. de Quadros²,
Giovana A. Mattiello², Rafaela J. K. Rodrigues²,
Carlos E. Poli-de-Figueiredo²,
Luis A. L. Silva¹

¹Curso de Ciência da Computação, Universidade Federal de Santa Maria
Av. Roraima nº 1000, Santa Maria – RS, CEP: 97105-900

²Escola de Medicina (ESMED), Laboratório de Nefrologia
Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul
90.619-900 – Porto Alegre – RS – Brasil

{gvcaetano, luisalvaro}@inf.ufsm.br, labnefrologiapucrs@gmail.com

Abstract. *This work explores Transfer Learning (TL) to predict Chronic Kidney Disease (CKD) progression using tabular data, an underexplored area in Deep Learning. A Multi-Layer Perceptron (MLP) model was pre-trained on data from 880 elderly patients (≥ 60 years) and fine-tuned on 258 adult patients (< 60 years). Compared to baseline models, the TL approach achieved the highest accuracy (88,46%) and precision (92,31%), with an F1-Score of 80,0%. The results are promising and suggest that TL is an effective strategy for developing robust predictive models in clinical settings with limited tabular data.*

Resumo. *Este trabalho explora Aprendizado por Transferência (TL) sobre dados tabulares na predição de progressão da Doença Renal Crônica (DRC). Um modelo de redes neurais foi pré-treinado com dados de 880 pacientes idosos (≥ 60 anos) e ajustado para 258 pacientes adultos (< 60 anos). Em comparação a um modelo fonte treinado, a abordagem de TL alcançou a maior acurácia (88,46%) e precisão (92,31%), com um F1-Score de 80,0%. Os resultados sugerem que o TL é uma estratégia eficaz para desenvolver modelos preditivos robustos em cenários clínicos com dados tabulares limitados.*

1. Introdução

A Doença Renal Crônica (DRC) afeta mais de 850 milhões de pessoas mundialmente [Jager et al. 2019] e caracteriza-se pela perda progressiva e irreversível da função renal. Seu diagnóstico e monitoramento baseiam-se em dados tabulares (exames laboratoriais, parâmetros clínicos e demográficos) [Kidney Disease: Improving Global Outcomes (KDIGO) 2024]. Neste contexto, técnicas de *Deep Learning* permanecem relativamente inexploradas comparadas a aplicações em imagens médicas.

Estudos recentes evidenciam o potencial do Aprendizado por Transferência (*Transfer Learning* – TL) [Niu et al. 2021] como uma abordagem promissora para mitigar

limitações inerentes ao treinamento e ao *fine-tuning* de modelos de Inteligência Artificial (IA), especialmente no contexto de conjuntos de dados restritos, característicos de grupos específicos de pacientes e determinadas condições clínicas. Apesar disso, os autores em [Hollmann et al. 2025] observam que ainda existe uma lacuna substancial na literatura referente à investigação de TL em dados tabulares na saúde. Este problema assume particular relevância ao se considerar que os dados tabulares constituem a base fundamental para a tomada de decisão clínica em diversas especialidades, incluindo a nefrologia.

Este trabalho aborda a dificuldade em desenvolver modelos preditivos robustos para a progressão da DRC em populações específicas, especialmente devido à variabilidade associada à faixa etária. O envelhecimento e as comorbidades resultam em distintas trajetórias da doença entre idosos e adultos, o que justifica a necessidade de abordagens personalizadas. Desta forma, o objetivo deste estudo é investigar se o conhecimento adquirido a partir de um modelo treinado com dados de uma população idosa pode ser transferido, por meio de TL, para aprimorar a predição da progressão da DRC em adultos, utilizando um modelo *Multi-Layer Perceptron* (MLP).

2. Metodologia

A metodologia adotada foi estruturada em três etapas: (1) seleção dos atributos relevantes de um *dataset* público *CKD-ROUTE* [Imori et al. 2018] sobre DRC; (2) implementação da estratégia de TL, compreendendo o pré-treino do modelo no *domínio fonte* (pacientes idosos) e subsequente ajuste para o *domínio alvo* (adultos); (3) definição e execução de diferentes cenários experimentais para avaliar a eficácia da proposta.

A amostra, composta por 1.138 indivíduos, apresentou predomínio de homens (69,6%) e idosos (≥ 60 anos; 77,3%). A progressão da DRC (atributo alvo) ocorreu em 24,6% dos pacientes. Para a avaliação do TL, o *dataset* foi segmentado em um *Subconjunto Fonte* - composto por idosos ($n=880$), e um *Subconjunto Alvo* - composto de adultos ($\geq 18 < 60$ anos; $n=258$). A distribuição de gênero manteve-se semelhante entre os grupos; entretanto, a taxa de progressão da DRC foi inferior entre os idosos (22,5%) em comparação aos adultos (31,78%). É importante ressaltar que a segmentação do *dataset* por idade justifica-se pela plausibilidade clínica, biológica e fisiopatológica que resultam em trajetórias distintas de progressão da DRC, o que sustenta a avaliação do TL entre idosos e adultos com perfis distintos.

A seleção de atributos foi conduzida em duas fases: análise da relevância clínica por especialista médico e análise de importância baseada em resultados obtidos pelo algoritmo Boruta [Kursa and Rudnicki 2010]. Do *dataset* original com 50 variáveis clínicas e demográficas de pacientes diagnosticados com DRC, oito características preditivas foram selecionadas: idade, pressão sistólica, etiologia da DRC, hemoglobina, albumina, taxa de filtração glomerular estimada, proteinúria, relação de proteína/creatinina urinária, além do atributo alvo.

Para avaliar o compartilhamento de características entre os domínios, as distribuições de atributos clínicos dos subconjuntos *Fonte* e *Alvo* foram comparadas pela distância de Jensen-Shannon (JSD) (Figura 1). A análise revelou distância global de JSD = 0,2485, indicando similaridade moderada. As variáveis com maior similaridade foram progressão da DRC (JSD = 0,0739) e proteinúria (JSD = 0,0845), enquanto a taxa de filtração glomerular estimada (JSD = 0,2685) e hemoglobina (JSD = 0,2662) apresenta-

ram as maiores divergências, desconsiderando a idade por ser o critério de segmentação adotado.

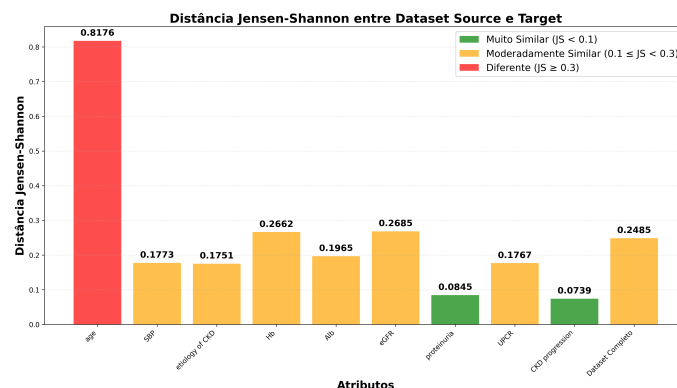


Figura 1. Distância de Jensen-Shannon entre os *datasets* Fonte e Alvo.

Implementou-se TL supervisionado para classificação binária da progressão de DRC utilizando arquitetura MLP (16-8-1 neurônios), cuja simplicidade favorece generalização em dados tabulares heterogêneos, com ativações *ReLU* (camadas ocultas), e *Sigmoide* (saída), apropriada para classificação binária. O treinamento empregou otimizador *Adam* (taxa de aprendizado (LR) = 0,01), combinando adaptação de LR e *momentum*, função de perda *binary cross-entropy*, também adequada para classificador binário e acurácia como métrica primária. Variáveis foram padronizadas via *StandardScaler* (ajustado no fonte, aplicado ao alvo), garantindo mesma escala entre domínios. O *Modelo Fonte* foi treinado no *domínio fonte* por 20 épocas (70/30 treino/validação) e avaliado no domínio alvo (limiar 0,5; métricas: acurácia, precisão, *recall* e *F1-score*). Para TL, congelaram-se as camadas ocultas, preservando características gerais, e realizou-se *fine-tuning* da camada de saída com dados do alvo (80/20 treino/validação) por 10 épocas, mantendo os hiperparâmetros. *Overfitting* foi analisado pela discrepância treino-validação.

Três cenários experimentais foram avaliados: (1) *Modelo Fonte*: treinado e validado no *domínio fonte* (20 épocas) e testado no alvo, avaliando desempenho com maior volume de dados de domínio distinto; (2) *Modelo Alvo*: treinado e validado no *domínio alvo* (20 épocas), com menor volume mas do domínio de interesse; (3) *Modelo Proposto* (TL): pré-treinado no fonte (20 épocas) seguido de *fine-tuning* no alvo (10 épocas), adaptando parâmetros às particularidades deste domínio. Todos utilizaram a mesma arquitetura e hiperparâmetros. Para reprodutibilidade, fixaram-se *seeds* aleatórias (*TensorFlow*: `tf.random.set_seed(42)`; *scikit-learn*: `random_state=42`) controlando inicialização dos pesos e divisão treino/validação, embora processamento em GPU possa introduzir pequenas variações.

3. Resultados

O desempenho preditivo dos modelos é apresentado na Tabela 1. O *Modelo Fonte*, pré-treinado exclusivamente com dados de idosos, alcançou a precisão máxima (100,00%), mas demonstrou baixo *recall* (47,06%), o que evidencia uma limitação de generalização ao não identificar mais da metade dos casos de progressão de DRC em adultos. O *Modelo*

Alvo, treinado apenas com dados de adultos, obteve um *recall* superior ao *Modelo Fonte* (70,59%), porém com uma precisão inferior (80,00%). Já o *Modelo Proposto* (baseado em TL) atingiu os maiores valores de acurácia (90,38%), *recall* (82,35%) e *F1-Score* (84,85%), demonstrando o melhor equilíbrio entre o desempenho discriminativo e a capacidade de generalização entre os cenários avaliados.

Tabela 1. Métricas de desempenho dos modelos MLP na predição da progressão da DRC.

Modelo	Acurácia(%)	Precisão(%)	Recall(%)	F1-Score(%)
Fonte	82,69	100,00	47,06	64,00
Alvo	84,62	80,00	70,59	75,00
Proposto (TL)	90,38	87,50	82,35	84,85

4. Conclusão

Este trabalho investiga a aplicação de TL em um modelo MLP construído a partir de dados tabulares na predição de progressão da DRC em populações com diferentes perfis etários. O *Modelo Proposto* (TL) alcançou os melhores resultados globais, com acurácia de 90,38%, precisão de 87,50%, *recall* de 82,35% e *F1-Score* de 84,85%, superando tanto o *Modelo Fonte* (acurácia: 82,69%) quanto o *Modelo Alvo* (acurácia: 84,62%). Embora o *Modelo Fonte* tenha apresentado precisão máxima (100,00%), seu baixo *recall* (47,06%) evidenciou limitações de generalização para o *domínio alvo*. Estes resultados sugerem que o pré-treinamento no *domínio fonte* permitiu a extração de características fundamentais da DRC, enquanto a etapa de ajuste fino adaptou o modelo às particularidades do *domínio alvo*. Isso reforça a relevância da segmentação etária na modelagem preditiva e evidencia o potencial de TL no apoio à construção de soluções de IA aplicadas à tomada de decisão clínica, especialmente em cenários de dados heterogêneos e limitados.

Referências

- Hollmann, N., Müller, S., Purucker, L., Krishnakumar, A., Körfer, M., Hoo, S. B., Schirrmeyer, R. T., and Hutter, F. (2025). Accurate predictions on small data with a tabular foundation model. *Nature*, 637:319—326.
- Iimori, S., Naito, S., Noda, Y., Sato, H., Nomura, N., Sohara, E., Okado, T., Sasaki, S., Uchida, S., and Rai, T. (2018). Prognosis of chronic kidney disease with normal-range proteinuria: The CKD-ROUTE study. *PLOS ONE*, 13(1):e0190493.
- Jager, K. J., Kovesdy, C., Langham, R., Rosenberg, M., Jha, V., and Zoccali, C. (2019). A single number for advocacy and communication—worldwide more than 850 million individuals have kidney diseases.
- Kidney Disease: Improving Global Outcomes (KDIGO) (2024). *KDIGO 2024 Clinical Practice Guideline for the Evaluation and Management of Chronic Kidney Disease*. KDIGO.
- Kursa, M. B. and Rudnicki, W. R. (2010). Feature selection with the boruta package. *Journal of statistical software*, 36:1–13.
- Niu, S., Liu, Y., Wang, J., and Song, H. (2021). A decade survey of transfer learning (2010–2020). *IEEE Transactions on Artificial Intelligence*, 1(2):151–166.