

Contaminación Ambiental y Salud en México

Jessica Dong

Ebony Valadez

Emiliano Guzmán

Rafael Gutiérrez

2025-09-08

Resumen

Este proyecto explora la relación entre la exposición a contaminantes ambientales y la salud de la población mexicana. Utilizando datos de la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición (ENSANUT) 2022 y datos de calidad del aire de SEMARNAT, se construye y evalúa un modelo de Redes Bayesianas Gaussianas (GBN). La estructura de la red se propone con base en la opinión de especialistas en el área, validando su desempeño individual con métricas como las pruebas BIC y AIC. El modelo resultante se utiliza para responder a preguntas de investigación sobre cómo la exposición a contaminantes impacta en biomarcadores específicos. Los hallazgos buscan contribuir a una mejor comprensión de los factores que influyen en la salud pública y a informar estrategias para mitigar los efectos de la contaminación atmosférica.

Tabla de contenidos

1	Introducción	2
2	Metodología	2
2.1	Construcción de la base de datos	2
2.2	Redes bayesianas propuestas	3
2.2.1	DAG 1: Propuesta por el nutriólogo y especialista en ciencias médicas Alberto Bricio.	4
2.2.2	DAG 2: Propuesta por el biomédico y PhD candidate en human genetics Asbiel Garibaldi.	5
2.2.3	DAG 3: Propuesta por el médico geriatra Jesús Francisco Gutiérrez Suárez.	6
2.3	Ajuste de cada modelo a una GBN y métricas BIC y AIC	7
2.3.1	Selección del modelo	10
2.4	Manejo de variables categóricas: el caso de sexo	10
3	Aplicación	11
3.1	Ajuste de los DAGs y cálculo de métricas de información	11
3.2	Análisis de queries y predicciones	11
3.3	Análisis por sexo (estratificación)	11
3.4	Modelos no paramétricos y comparación AIC/BIC	12

4	Resultados	12
4.1	Resultados de BIC y AIC	12
4.2	Resultados de queries probabilísticas	13
4.2.1	Consulta 1 · Proteína C Reactiva vs $PM_{2.5}$	13
4.2.2	Consulta 2 · Glucosa y contaminante del aire	13
4.2.3	Consulta 3 · Colesterol total y SO	13
4.3	Comparación de modelos por sexo	13
4.4	Resultado ajuste no paramétrico	14
5	Conclusiones	14
6	Referencias	15

1 Introducción

Este proyecto de investigación se enfoca en analizar la **relación entre los contaminantes atmosféricos y sus efectos en la salud humana en México**. A través de este artículo se busca identificar y cuantificar la influencia de los factores ambientales sobre biomarcadores específicos en la población mexicana.

Para ello, se integraron conjuntos de datos de fuentes gubernamentales confiables. Los datos de la **Encuesta Nacional de Salud y Nutrición (ENSANUT) 2022** proporcionan información socio-demográfica y biológica detallada sobre la muestra de estudio. Esta información se complementa con datos de **calidad del aire actualizados de la SEMARNAT**.

La metodología con la que se aborda este artículo consiste en la construcción de **Redes Bayesianas Gaussianas (GBN)**, con las que será posible representar y analizar las complejas relaciones de dependencia entre las variables. Con la colaboración de expertos en medicina y química, se validarán y construirán al menos tres estructuras de red distintas. Para comparar su rendimiento, se evaluará su calidad con métricas como el BIC y el AIC. Finalmente, se utilizará el modelo más robusto para responder a preguntas clave de interés sobre la salud pública, lo que podría contribuir al desarrollo de futuras políticas de salud y medio ambiente.

2 Metodología

2.1 Construcción de la base de datos

Se crearon dos dataframes a partir de los datos originales: **demográfico**, con información socio-demográfica como folio, estrato, región y entidad/municipio, y **sangre**, con folio y distintos biomarcadores. Estos se unen mediante la columna de folio que tienen en común, combinando datos demográficos y de biomarcadores de sangre por persona. Después, se filtró el archivo de calidad del aire para limpiar y estandarizar los nombres de entidad y municipio y que coincidan con el formato de los datos ambientales. Finalmente, se unieron los datos de los biomarcadores y la calidad del aire por entidad y municipio, obteniendo el dataframe final, que integra información socio-demográfica, biomarcadores sanguíneos y calidad del aire listos para el análisis.

Se realizó la limpieza de los datos mediante la transformación de variables a formato numérico y la corrección de valores atípicos. Debido a que más de 15 variables importantes para las estructuras DAG presentaban datos faltantes, y muchas tenían más del 50% de información incompleta, no era posible eliminar observaciones. Por ello, se optó por la **imputación con la mediana**, de manera que se pudieran utilizar para el análisis posterior.

2.2 Redes bayesianas propuestas

Se consultó a tres expertos en áreas de la salud y bioquímica, quienes contribuyeron al proyecto proporcionando su conocimiento especializado para proponer estructuras DAG que representaran las posibles relaciones de dependencia entre las variables. Gracias a estas entrevistas, se obtuvieron tres redes diferentes, reflejando distintas perspectivas sobre las interacciones entre los indicadores de salud, factores demográficos y ambientales. Las variables que se utilizaron para plantear los modelos DAG son las siguientes:

desc_ent1	= entidad
desc_mun1	= municipio
h0302	= sexo
h0303	= edad
estrato	= estrato
region	= region
hb02	= hemoglobina
valor_AC_URICO	= acido_urico
valor_ALBU	= albumina
valor_COL_HDL	= col_hdl
valor_COL_LDL	= colo_ldl
valor_COLEST	= colesterol_total
valor_CREAT	= creatinina
valor_GLU_SUERO	= glucosa
valor_INSULINA	= insulina
valor_PCR	= proteina_cr
valor_TRIG	= trigliceridos
valor_HB1AC	= hemoglobina_glucos
valor_FERRITINA	= ferritina
valor_FOL	= folato
valor_HCST	= homocistenia
valor_STFR_FEB23	= receptor_transferrr
valor_VIT_B12	= vit_b12
valor_VIT_D	= vit_d
SO_2	= SO_2
CO	= CO
NOx	= NOx
COV	= COV
PM_010	= PM_010
PM_2_5	= PM_2_5
NH_3	= NH_3

2.2.1 DAG 1: Propuesta por el nutriólogo y especialista en ciencias médicas Alberto Bricio.

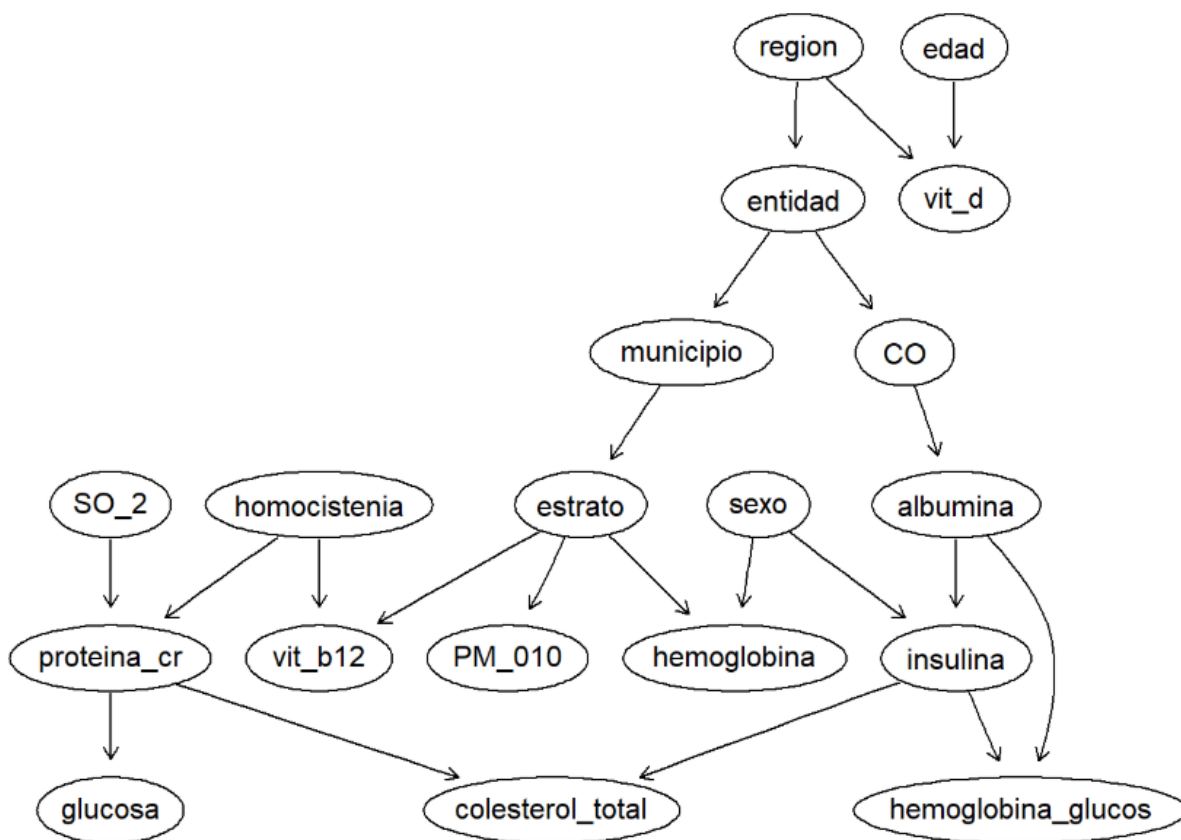


Figura 1: Grafo acíclico dirigido 1

En esta estructura las variables socio-demográficas, como el sexo y la edad, influyen directamente en los biomarcadores. Por ejemplo, la producción de hemoglobina ocurre en función del sexo y el PM_{10} se relaciona con la densidad de población, representada por el estrato social. Se postula que la exposición a contaminantes atmosféricos como el SO_2 y el CO influye directamente en la salud. El SO_2 se asocia con el nivel de proteína C reactiva y homocisteína, mientras que el CO impacta en los niveles de albúmina. Finalmente, estas interacciones se reflejan en la salud metabólica y nutricional: la albúmina y la insulina influyen en la hemoglobina glicosilada y el colesterol total, mientras que la edad y la región se relacionan con los niveles de vitamina D.

2.2.2 DAG 2: Propuesta por el biomédico y PhD candidate en human genetics Asbiel Garibaldi.

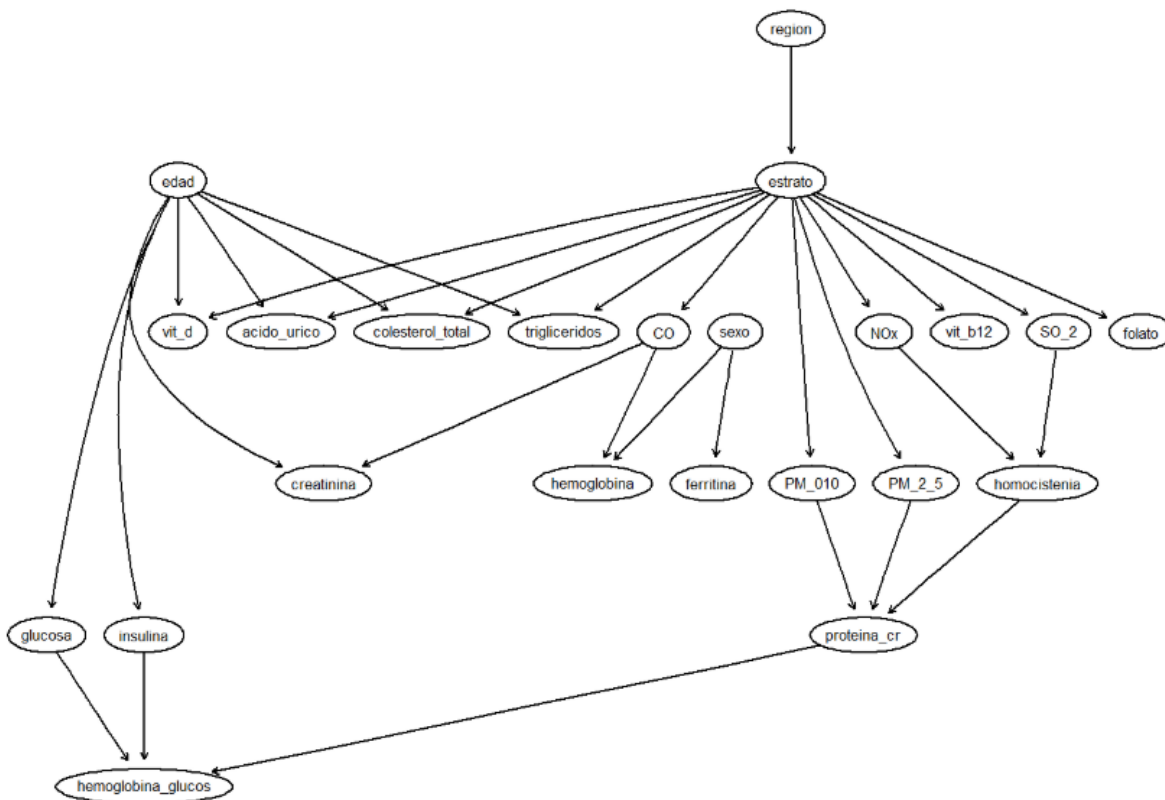


Figura 2: Grafo acíclico dirigido 2

En la segunda estructura se explora la relación entre la exposición a contaminantes ambientales, el estilo de vida, los factores socio-demográficos y los biomarcadores de salud obtenidos mediante muestras de sangre. Se propone que la contaminación del aire por partículas finas ($PM_{2.5}$ y PM_{10}) causa un perfil inflamatorio en el cuerpo, lo que se refleja en niveles elevados de proteína C reactiva. A largo plazo, esta inflamación crónica podría influir en los niveles de hemoglobina glicosilada.

Además, se plantea que la exposición a óxidos de nitrógeno (NOx) y dióxido de azufre (SO_2) genera estrés oxidativo que eleva la homocisteína y exagera los procesos inflamatorios. Por otro lado, la exposición al monóxido de carbono (CO) afecta la oxigenación, lo que se refleja en una disminución de la hemoglobina y en la función renal, evaluada con la creatinina.

En cuanto a los factores de estilo de vida, la dieta juega un papel crucial. Se propone que el consumo de carne roja está asociado con niveles elevados de ácido úrico, mientras que una dieta alta en grasas se correlaciona con el colesterol y los triglicéridos. Un consumo bajo de frutas y verduras se refleja en niveles deficientes de folato, vitamina B12 y vitamina D. La edad y el sexo también se consideran aspectos relevantes en el desarrollo de enfermedades: la edad se relaciona directamente con los niveles de glucosa e insulina, mientras que el sexo influye en la ferritina y la hemoglobina. Finalmente, se postula que vivir en zonas urbanas (representado por el estrato social) influye directamente en el perfil metabólico e inflamatorio debido a una mayor exposición a la contaminación.

2.2.3 DAG 3: Propuesta por el médico geriatra Jesús Francisco Gutiérrez Suárez.

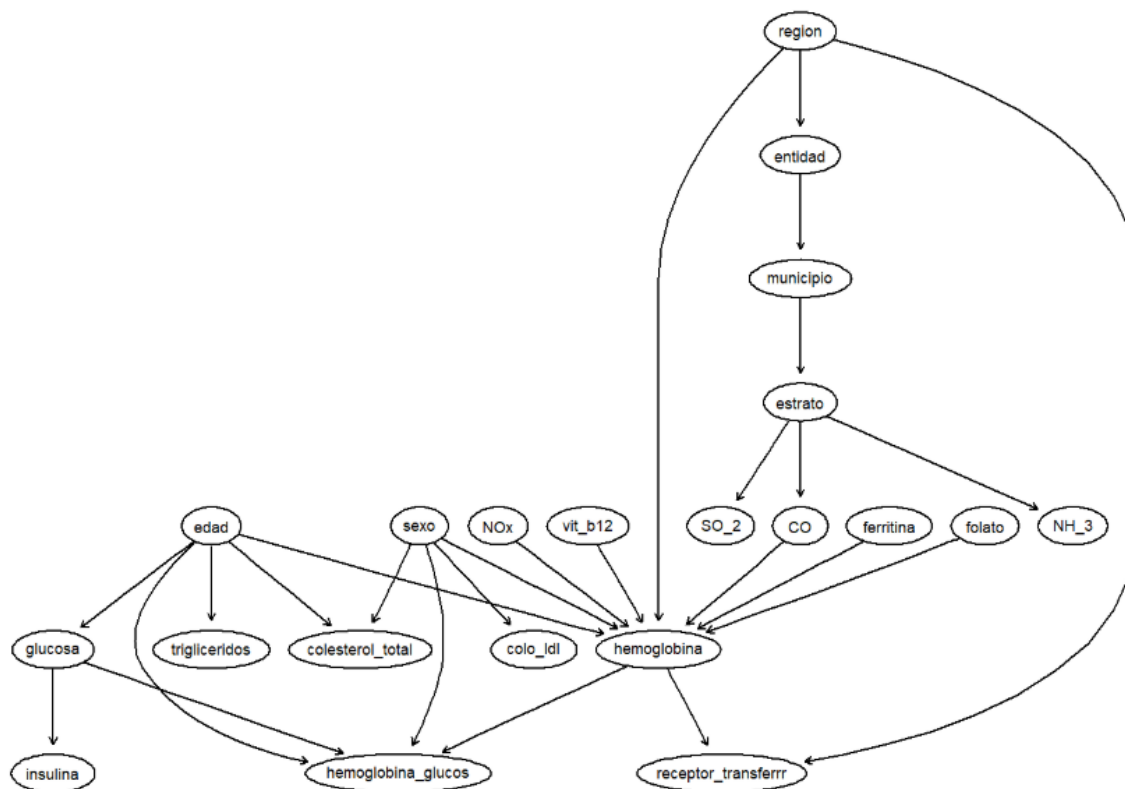


Figura 3: Grafo Acíclico Dirigido 3

Este modelo establece que las variables demográficas, como el sexo y la edad, son los nodos principales que influyen en los perfiles metabólicos, afectando directamente los niveles de colesterol LDL, colesterol total, triglicéridos y glucosa.

El modelo propone que la **exposición a contaminantes del aire**, como el monóxido de carbono (CO), el dióxido de azufre (SO_2) y el amoníaco (NH_3), está determinada por el estrato socioeconómico y la región. La **hemoglobina** es un biomarcador clave en esta estructura, ya que se encuentra en el centro de las dependencias, siendo influenciada por una combinación de factores ambientales (CO, NOx), demográficos (sexo, edad, región) y nutricionales (ferritina, folato, vitamina B12). Finalmente, los indicadores de salud a largo plazo, como la **hemoglobina glicosilada**, dependen de las interacciones entre el sexo, la edad y los niveles de hemoglobina y glucosa.

En resumen, los tres modelos de DAGs coinciden en estructurar las variables sociodemográficas como puntos de partida, de modo que sexo, edad y región siempre aparecen como nodos iniciales, y en todos los casos se observa que variables metabólicas como glucosa, colesterol total, hemoglobina o insulina son consideradas desenlaces intermedios o finales. Sin embargo, difieren en cómo se asignan los papeles de mediación: por ejemplo, en un modelo *estrato* funciona como nexo entre municipio y hemoglobina, reflejando un interés en capturar determinantes sociales de la salud; mientras que en otro se enfatiza la ruta bioquímica al ligar proteína C reactiva con glucosa y colesterol, sugiriendo una perspectiva más biomédica que prioriza la inflamación como factor central. De forma similar, un modelo coloca a la albúmina como variable puente entre CO y hemoglobina glicosilada, mientras que en otro este rol lo asume la insulina, mostrando dos

formas distintas de concebir la relación entre metabolismo energético y marcadores de función hepática. Estas diferencias probablemente se deben a que cada investigador pondera de manera distinta la evidencia previa: quienes priorizan variables sociales construyen DAGs más jerárquicos con capas de contexto (municipio, estrato), mientras que quienes priorizan la fisiología molecular trazan rutas más directas entre biomarcadores. En resumen, los puntos en común muestran un consenso en las variables clave, pero las divergencias reflejan enfoques disciplinarios y prioridades teóricas distintas.

2.3 Ajuste de cada modelo a una GBN y métricas BIC y AIC

A partir de cada DAG, se procedió a realizar su ajuste a una Red Bayesiana Gaussiana utilizando la librería `bnlearn` de R. Sin embargo, en este lenguaje las GBN solo pueden ajustarse con variables continuas; no es posible incluir directamente variables discretas como sexo, estrato o región. Por ello, los intentos de ajustar una GBN con estas variables fallaron, y los criterios de información Bayesiano y de Akaike (BIC y AIC) solo funcionan para nodos continuos. Estas redes están diseñadas para trabajar con variables que siguen una distribución gaussiana, es decir, continuas. Los modelos DAG que se propusieron tienen condicionales gaussianas mixtas, las CG-BN (condicionales gaussianas mixtas) en `bnlearn` no son soportadas para ajuste automático con variables discretas, al menos sin usar paquetes avanzados.

Ante lo anterior, se convirtieron las variables discretas en un factor, aunque esto no cambia el hecho de que su naturaleza es categórica. Ya que los modelos GBN puros asumen que todas las relaciones entre las variables son lineales y pueden ser representadas por regresiones lineales, lo que no es posible con variables discretas o categóricas, probar esta técnica tampoco produjo buenos resultados. Después de una investigación más exhaustiva, se encontró que los intentos de ajustar las estructuras DAG propuestas directamente como una GBN pura fallarán en R porque incluyen variables categóricas, y los criterios de información BIC o AIC no son compatibles con nodos discretos, lo que hace necesario explorar enfoques más avanzados o alternativos para el análisis.

Al notar que era imposible obtener un buen modelo de redes bayesianas gaussianas utilizando variables discretas se decidió eliminarlas por las razones ya mencionadas anteriormente. Con base en esto, se modificaron las DAG's planteadas anteriormente, de tal manera que surgieron las siguientes:

2.3.0.1 DAG 1 modificada

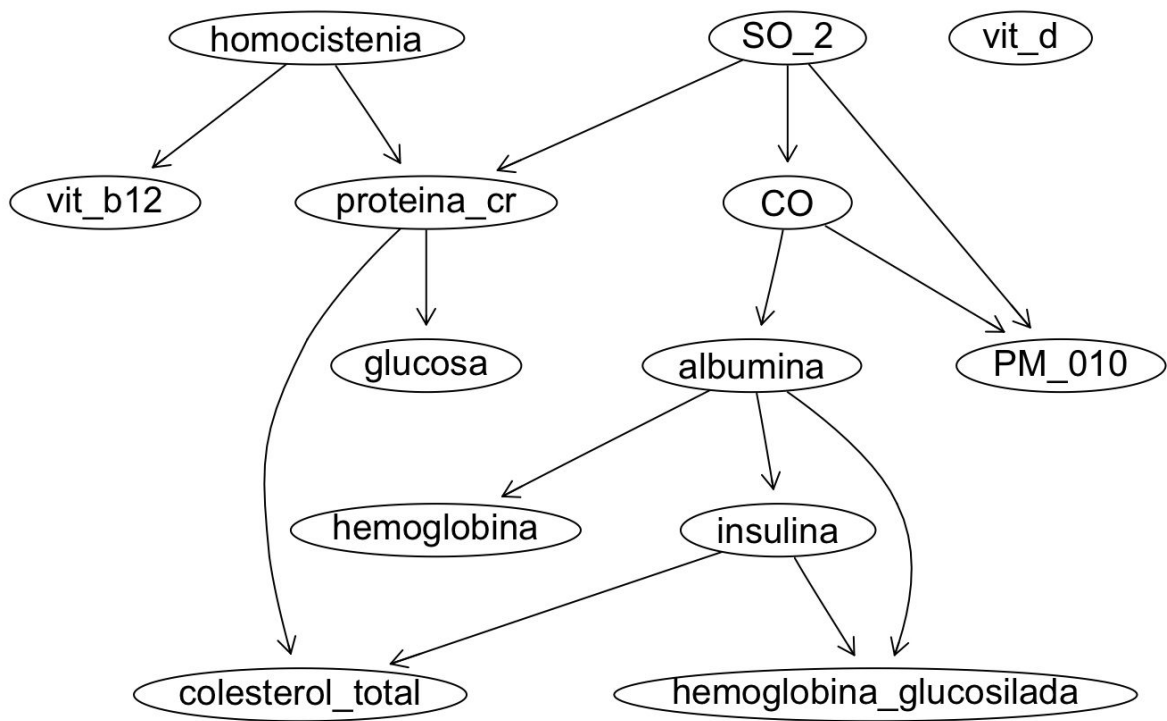


Figura 4: Grafo acíclico dirigido 1 con reducción de nodos

2.3.0.2 DAG 2 modificada

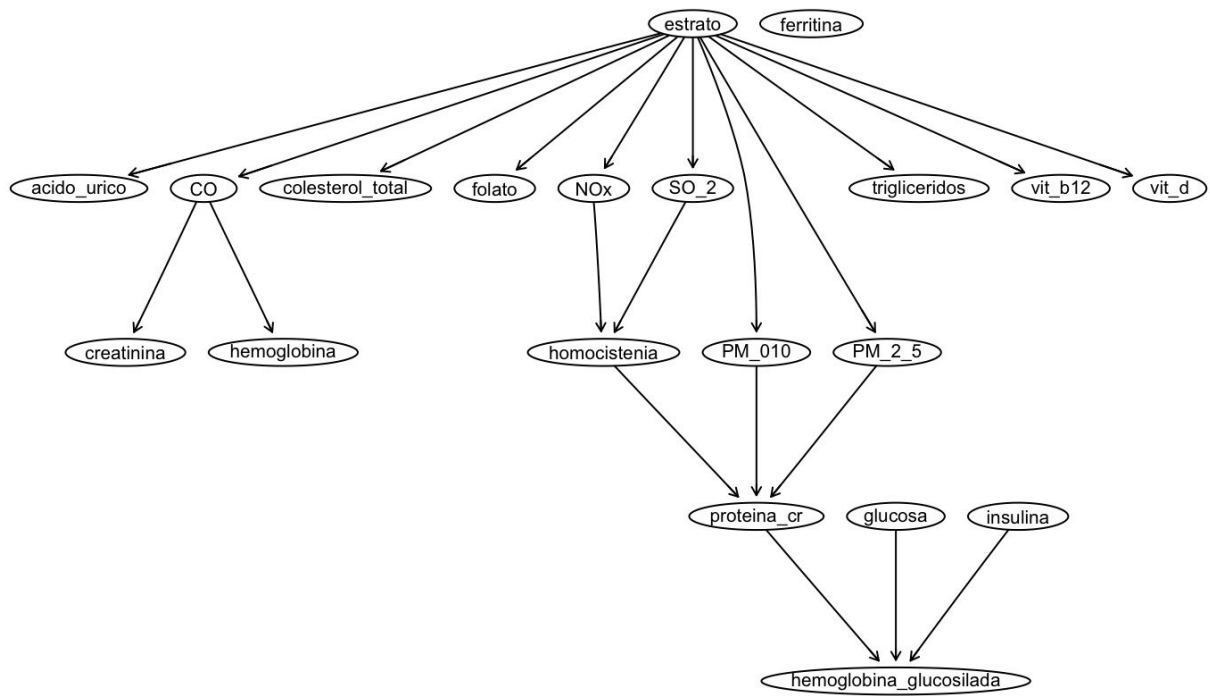


Figura 5: Grafo acíclico dirigido 2 con reducción de nodos

2.3.0.3 DAG 3 modificada

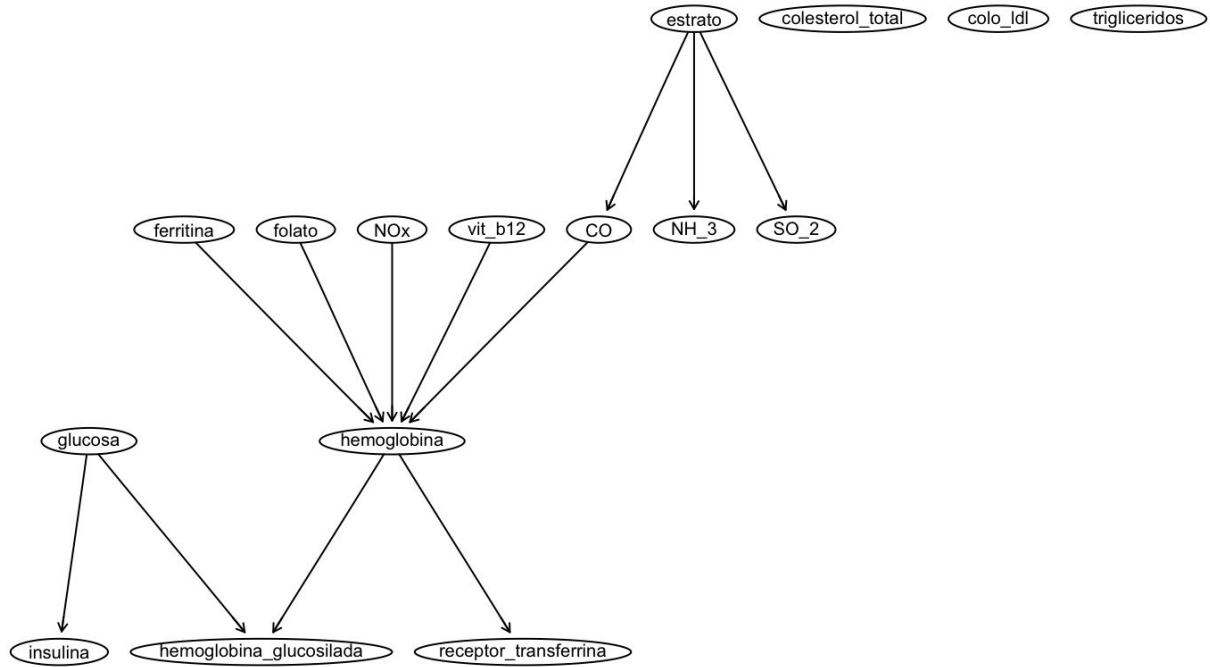


Figura 6: Grafo acíclico dirigido 3 con reducción de nodos

2.3.1 Selección del modelo

Al comparar los valores obtenidos, se eligió el **Modelo 2 actualizado**, ya que presentó el **BIC y AIC más alto**, lo que indica un mejor equilibrio entre ajuste del modelo y complejidad.

Este modelo refleja relaciones plausibles desde un punto de vista epidemiológico:

- **Edad** influye en biomarcadores como colesterol total, ácido úrico, triglicéridos y creatinina, además de estar relacionada con glucosa, insulina y vitamina D.
- **Municipio** concentra las conexiones con contaminantes ambientales (CO , NOx , SO_2 , PM_{10} , $PM_{2.5}$) y micronutrientes (folato, vitamina B12), reflejando la variación espacial de exposición y condiciones ambientales.
- Variables como **hemoglobina glicosilada** y **proteína C-reactiva** aparecen al final de la red, recibiendo influencias de varios factores metabólicos y ambientales, lo que sugiere su papel como posibles variables de resultado o integración de riesgos.

En conjunto, la estructura del Modelo 2 muestra cómo las características demográficas (edad) y contextuales (municipio) actúan como determinantes principales sobre los biomarcadores de salud, lo que refuerza su pertinencia como modelo seleccionado.

2.4 Manejo de variables categóricas: el caso de sexo

Uno de los principales retos al construir redes bayesianas gaussianas con datos reales es la inclusión de variables categóricas, como sexo, región o estrato. Estos modelos están diseñados para trabajar con variables

continuas, por lo que no es posible incluir directamente variables discretas sin perder validez estadística o recurrir a técnicas más avanzadas.

En este trabajo, fueron exploradas distintas alternativas para abordar este problema, ya que el sexo es una variable central por requerimiento de la tarea. Primero, se intentó discretizar variables continuas y convertir las categóricas en factores, pero esto no resolvió la incompatibilidad con la GBN pura. También se revisó la literatura sobre métodos mixtos, como el modelo condicional gaussiano (CLG) y otros enfoques más complejos, aunque no fueron implementados en este análisis por su mayor complejidad y restricciones de software.

Finalmente, para poder analizar la influencia del sexo y cumplir con el objetivo de comparar diferencias por género, se decidió **estratificar la base de datos**, ajustando una red separada para hombres y otra para mujeres. Esta estrategia, aunque sencilla, permitió identificar posibles diferencias en la estructura y los parámetros del modelo según sexo; sin embargo, también limita la posibilidad de analizar interacciones conjuntas entre variables categóricas y continuas.

En resumen, la imposibilidad de incluir variables categóricas en las GBN con **bnlearn** concluyó en comparar subgrupos por separado. Dentro del equipo se reconoce que existen alternativas metodológicas para integrar datos mixtos en redes bayesianas, pero cada una implica distintas limitaciones y complejidades.

3 Aplicación

3.1 Ajuste de los DAGs y cálculo de métricas de información

Las tres estructuras DAG propuestas inicialmente fueron ajustadas como Redes Bayesianas Gaussianas (GBN).

Debido a las limitaciones ya mencionadas —específicamente, la imposibilidad de incluir variables categóricas en un modelo GBN con **bnlearn**— fue necesario **eliminar las variables estrato, región y sexo**, manteniendo únicamente **edad** y **municipio** como nodos válidos para el ajuste.

Con estas variables continuas se procedió a calcular los criterios de información **BIC (Bayesian Information Criterion)** y **AIC (Akaike Information Criterion)** para cada una de las tres redes propuestas.

3.2 Análisis de queries y predicciones

Con el modelo seleccionado se implementaron **consultas probabilísticas (queries)** mediante la función **cpquery** de **bnlearn**.

El objetivo fue estimar **probabilidades condicionales** de variables de interés en presencia de ciertas condiciones ambientales o demográficas.

Para cada consulta:

- Se definió un **evento de interés clínico o epidemiológico** (ej. proteína C reactiva elevada, glucosa alta, colesterol elevado).
- Se establecieron las condiciones de **evidencia** (ej. exposición a contaminantes como $PM_{2.5}$, NOx o SO_2 , o pertenecer a un grupo de edad).
- Se utilizó el método de **simulación** con al menos 10^6 muestras ($n = 10^6$), lo que permitió obtener estimaciones robustas y estables de las probabilidades condicionales.

3.3 Análisis por sexo (estratificación)

Con el objetivo de cumplir el requerimiento de comparar diferencias por sexo, la base de datos se dividió en dos subconjuntos: hombres y mujeres. Se ajustó una red bayesiana gaussiana por separado para cada

grupo, utilizando la misma estructura DAG y las variables continuas seleccionadas. Para ambos modelos se calcularon los valores de BIC y AIC, así como los parámetros estimados de cada nodo, facilitando la comparación directa entre sexos.

3.4 Modelos no paramétricos y comparación AIC/BIC

Fue respetada la estructura causal de la DAG y se substituyó, nodo por nodo, los modelos lineales por **modelos aditivos generalizados (GAM)** usando *mgcv*. Para cada relación padre \rightarrow hijo se especificó una función suave $s(\cdot)$ que permite no linealidades. Por ejemplo:

- `vit_d ~ s(edad)`
- `colesterol_total ~ s(edad)`
- `CO ~ s(municipio)`
- `proteina_cr ~ s(homocistenia) + s(PM_010) + s(PM_2_5)`

Asimismo, se mantuvieron los nodos raíz como intercepto (`edad ~ 1`). El nodo **municipio** se trató como exógeno (factor), sin modelarlo como respuesta.

Para evaluar el ajuste global de la red, fueron agregados los criterios de información **nodo a nodo** y se reportó:

$$\text{BIC}_{\text{blearn}} = \ell(\hat{\theta}; \mathbf{x}) - \frac{k}{2} \log(n),$$

Con esta convención, los valores **más altos** indican mejor ajuste penalizado (equivalente a menores AIC/BIC totales).

4 Resultados

Para esta etapa se trabajó nuevamente con el **DAG seleccionado**, sin realizar comparaciones adicionales por sexo, ya que estas variables categóricas no forman parte del modelo ajustado.

4.1 Resultados de BIC y AIC

Las tres estructuras DAG ajustadas fueron evaluadas con los criterios de información **BIC** y **AIC**, considerando únicamente las variables socio-demográficas continuas (**edad**, **municipio** y **entidad**), ya que **estrato**, **región** y **sexo** fueron eliminadas por los problemas ya explicados.

Modelo	BIC	AIC
DAG 1	-3324833	-3324649
DAG 2	-5176757	-5176453
DAG 3	-3801911	-3801709

4.2 Resultados de queries probabilísticas

4.2.1 Consulta 1 · Proteína C Reactiva vs $PM_{2.5}$

Pregunta. ¿Cuál es la probabilidad de que una persona tenga **proteína C reactiva** > 10 mg/L dado que la concentración de $PM_{2.5} \leq 155$ g/m³?

$$\mathbb{P}(\text{proteina_cr} > 0.001 \mid PM_{2.5} \leq 155 \mu\text{g}/\text{m}^3)$$

La probabilidad estimada de que un individuo presente niveles elevados de proteína C reactiva bajo condiciones de PM . menores o iguales a 155 g/m³ es de **82.3%**. Esto indica que, incluso en escenarios donde la concentración de partículas finas se mantiene por debajo de este umbral, existe una alta probabilidad de respuesta inflamatoria medida por proteína C reactiva.

4.2.2 Consulta 2 · Glucosa y contaminante del aire

Pregunta. ¿Cuál es la probabilidad de que una persona tenga **glucosa en ayuno** > 126 mg/dL dado que es **mayor o igual a 50 años** y está expuesta a **NOx** ≥ 40 ppb?

$$\mathbb{P}(\text{glucosa} > 126 \text{ mg/dL} \mid \text{edad} \geq 50, NOx \geq 40 \text{ ppb}) = 0.1798456$$

En personas de **50 años o más** expuestas a concentraciones de *NOx* iguales o superiores a 40 ppb, la probabilidad de presentar glucosa en ayuno mayor a 126 mg/dL (umbral diagnóstico de diabetes) es de **17.9%**. Este resultado refleja un riesgo moderado que podría estar asociado a la combinación de edad avanzada y exposición a contaminantes.

4.2.3 Consulta 3 · Colesterol total y SO

Pregunta. ¿Cuál es la probabilidad de que una persona tenga **colesterol total** > 130 mg/dL dado un nivel de **SO** ≥ 80 ppb?

$$\mathbb{P}(\text{colesterol_total} > 130 \text{ mg/dL} \mid SO_2 \geq 80 \text{ ppb}) = 0.86975$$

La probabilidad de presentar colesterol total elevado en condiciones de exposición a **SO** **80 ppb** es de **86.9%**. Esto sugiere una fuerte asociación entre altos niveles de dióxido de azufre y alteraciones en el perfil lipídico, lo cual es relevante para el riesgo cardiovascular.

4.3 Comparación de modelos por sexo

- **BIC para hombres:** -2,427,498
- **BIC para mujeres:** -2,748,215

Se observaron diferencias en los parámetros de algunos nodos, como la influencia de la glucosa sobre la hemoglobina glicosilada, siendo mayor en mujeres que en hombres.

Parámetro	Hombres	Mujeres
Intercepto	4.644663	4.485266
Glucosa	0.008277	0.009983
Insulina	-0.000236	0.001297

Parámetro	Hombres	Mujeres
Proteína C reactiva (proteina_cr)	0.259740	0.251406
Sigma (desviación estándar)	0.486344	0.498629

Estos resultados sugieren que, para un mismo aumento en la glucosa, el incremento esperado en la hemoglobina glicosilada es mayor en mujeres que en hombres, lo que podría estar relacionado con diferencias fisiológicas.

4.4 Resultado ajuste no paramétrico

El ajuste no paramétrico obtuvo:

Modelo	(BIC)
DAG con modelo no paramétrico	(-5,133,520)
DAG original seleccionada	(-5,176,757)

Por tanto, el **BIC no mejoró** al introducir suavizadores.

5 Conclusiones

Para poder llevar a cabo experimentaciones con datos es de gran relevancia tener cierta noción sobre los datos con los que se están trabajando y con base en ello poder trazar los caminos más adecuados a seguir. En este caso, para la elaboración de este artículo, fue necesario la consulta con especialistas para así entender mejor las bases de datos con las que se trabaja y direccionar la investigación a un camino con mayor sentido, **demonstrando la suma importancia del trabajo colaborativo y multidisciplinario** para la obtención de mejores resultados.

El uso de **redes bayesianas gaussianas (GBN)** permitió analizar la relación entre **contaminantes ambientales y biomarcadores de salud** en la población mexicana, a pesar de las limitaciones para incorporar variables categóricas de manera directa. La selección y ajuste de modelos reveló **diferencias en la influencia de variables ambientales y demográficas sobre la salud**, así como algunas **variaciones por sexo**. Estos resultados refuerzan la **utilidad de los enfoques probabilísticos en salud pública** y destacan la importancia de seguir explorando métodos más flexibles para integrar datos mixtos en futuros estudios.

En particular, las **consultas probabilísticas (queries)** realizadas sobre el modelo seleccionado mostraron que existen **altas probabilidades de respuesta inflamatoria y alteraciones metabólicas** incluso en condiciones de exposición consideradas moderadas (por ejemplo, niveles de $PM_{2.5}$ y SO_2). Asimismo, se identificó que la **edad avanzada combinada con exposición a contaminantes** incrementa el riesgo de glucosa elevada, lo que confirma la relevancia de evaluar escenarios específicos de riesgo mediante este tipo de modelos.

Además, se evidenció que incluso bajo **niveles moderados de contaminación**, persisten riesgos significativos en biomarcadores relacionados con inflamación, metabolismo y riesgo cardiovascular, lo que subraya la necesidad de **reforzar las políticas públicas en torno a la calidad del aire en México**.

De igual forma, la investigación demostró que las **características demográficas, como la edad**, son determinantes clave que interactúan con la exposición ambiental para modular el estado de salud de la población. Esto sugiere que **los grupos vulnerables, como adultos mayores**, pueden estar en mayor riesgo, lo cual debe ser tomado en cuenta en las estrategias de prevención.

En conclusión, este trabajo muestra que la **integración de datos epidemiológicos y ambientales mediante GBN** constituye una herramienta poderosa para comprender interacciones complejas. Asimismo, la **estratificación por sexo y edad** permitió descubrir patrones diferenciados que aportan evidencia útil para la formulación de intervenciones específicas en salud pública. Finalmente, las **queries probabilísticas** demostraron ser un recurso valioso para traducir los modelos en resultados interpretables, al cuantificar riesgos concretos y orientar decisiones que contribuyan a mejorar las políticas de prevención y control frente a la contaminación ambiental.

6 Referencias

- Galera Capilla, M. I. (2020). Redes bayesianas: fundamentos teóricos y uso en R (Trabajo Fin de Grado, Universidad de Almería). Repositorio Institucional UAL. <https://repositorio.ual.es/bitstream/handle/10835/19116/GALERA%20CAPILLA%2C%20MARIA%20ISABEL.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Montesinos López, O. A. (s.f.). Redes Bayesianas. Centro de Investigación en Matemáticas, A.C. <https://probayestadistica.cimat.mx/sites/default/files/PDFs/TE414MontesinosLopez.pdf>