

ARTÍCULO ORIGINAL

Desenredando la complejidad del riesgo de diabetes: un enfoque bayesiano para el aprendizaje de estructuras causales

Ney Michel Lituma Villamar^{1,a}

¹ Universidad de Guayaquil, Guayaquil, Ecuador.

^a Magíster en Inteligencia Artificial Aplicada.

Palabras clave:

diabetes mellitus; redes bayesianas; inteligencia artificial; índice de masa corporal; hipertensión; hemoglobina a glucosilada; algoritmos; factores de riesgo; pronóstico; diagnóstico precoz (fuente: DeCS-BIREME).

RESUMEN

Objetivo. Evaluar el rendimiento e interpretabilidad de clasificadores de redes bayesianas para la detección temprana de diabetes. **Métodos.** Se realizó un estudio de validación de modelos de aprendizaje automático (*machine learning*) aplicado al campo de la salud, enfocado en la evaluación de rendimiento y explicabilidad de algoritmos sobre un conjunto de datos categóricos y preprocesado. Específicamente, fueron entrenados y aplicados: Naive Bayes, Tree Augmented Naive-Chow-Liu (TAN-Chow-Liu), Tree Augmented Naive-Hill Climbing with Super Parents (TAN-HCSP), Fast Super-Parent Search with Joint Mutual Information (FSSJ) y K-Dependence Bayesian Classifier (KDB), sobre 100 000 registros preprocesados (filtrados por su relevancia causal y discretización de variables) utilizando *bnlearn* y *bnclassify*. La partición fue 75/25 (entrenamiento/prueba) y fueron estimadas exactitud, sensibilidad, especificidad y F1; además, fueron analizadas las estructuras aprendidas frente a la evidencia clínica. **Resultados.** Todos los modelos alcanzaron exactitud $\geq 0,95$ y $F1 > 0,94$. El FSSJ mostró el mejor desempeño (exactitud 0,97; especificidad 1,00), mientras que Naive Bayes y KDB lograron métricas similares con menor costo computacional. Las redes aprendidas reprodujeron asociaciones conocidas entre el índice de masa corporal (IMC), hipertensión, HbA1c y glucosa, e identificaron cadenas indirectas (por ejemplo, la edad influye en el IMC; este, a su vez, influye en la glucosa y finalmente en la diabetes), reforzando su plausibilidad clínica. **Conclusiones.** Las redes bayesianas proporcionan predicciones transparentes y de alta calidad para el riesgo de diabetes. Las arquitecturas básicas pueden igualar a variantes más complejas cuando el preprocesamiento es riguroso. Las rutas causales resaltan factores modificables (sobrepeso, presión arterial elevada) como objetivos prioritarios para intervenciones preventivas.

Untangling the complexity of diabetes risk: a Bayesian approach to learning causal structures

Keywords:

diabetes mellitus; Bayesian networks; artificial intelligence; body mass index; hypertension; glycated hemoglobin A; algorithms; risk factors; prognosis; early diagnosis (source: MeSH-NLM).

ABSTRACT

Objective. To evaluate the performance and interpretability of Bayesian network classifiers for the early detection of diabetes. **Methods.** A model validation study of machine learning applied to healthcare was conducted, focusing on performance assessment and explainability of algorithms on a categorical and preprocessed dataset. Specifically, the following classifiers were trained and applied: Naive Bayes, Tree Augmented Naive-Chow-Liu (TAN-Chow-Liu), Tree Augmented Naive-Hill Climbing with Super Parents (TAN-HCSP), Fast Super-Parent Search with Joint Mutual Information (FSSJ), and the K-Dependence Bayesian Classifier (KDB). Models were tested on 100,000 preprocessed records (filtered by causal relevance and variable discretization) using *bnlearn* and *bnclassify*. Data were partitioned 75/25 (training/testing), and accuracy, sensitivity, specificity, and F1 score were estimated. In addition, the learned structures were analyzed against clinical evidence. **Results.** All models achieved accuracy ≥ 0.95 and F1 score > 0.94 . FSSJ showed the best performance (accuracy 0.97; specificity 1.00), while Naive Bayes and KDB achieved comparable metrics with lower computational cost. The learned networks reproduced known associations among body mass index (BMI), hypertension, HbA1c, and glucose, and identified indirect chains (e.g., age influencing BMI, BMI influencing glucose, and glucose influencing diabetes), reinforcing their clinical plausibility. **Conclusions.** Bayesian networks provide transparent, high-quality predictions for diabetes risk. Basic architectures can perform on par with more complex variants when preprocessing is rigorous. The causal pathways highlight modifiable factors (overweight, elevated blood pressure) as priority targets for preventive interventions.

Citar como: Lituma-Villamar NM. Desenredando la complejidad del riesgo de diabetes: un enfoque bayesiano para el aprendizaje de estructuras causales. Rev Peru Cienc Salud. 2025;7(3):226-33. doi: <https://doi.org/10.37711/rpcs.2025.7.3.12>

Correspondencia:

- Ney Michel Lituma Villamar
- mlituma@hotmail.com

J

INTRODUCCIÓN

La detección temprana de la diabetes es crítica para reducir morbilidad y mortalidad. A escala global, más de 422 millones de personas viven con la enfermedad y se atribuyen 1,5 millones de muertes anuales, con mayor carga en países de ingresos bajos y medianos ⁽¹⁾. En 2021, la Federación Internacional de Diabetes (IDF) ⁽²⁾ estimó que padecían diabetes 537 millones de adultos (10,5 % de la población); lo que generó un gasto sanitario de 966 mil millones de dólares, con proyecciones de 643 millones en 2030 y 783 millones en 2045, superando 1054 mil millones en costos.

Por lo expuesto, la personalización terapéutica requiere hipótesis causales sólidas, ya que el descubrimiento causal basado en datos puede apoyar la toma de decisiones clínicas⁽³⁾. Diversos algoritmos de aprendizaje automático superan el 85 % de precisión en la predicción de diabetes⁽⁴⁾ y detectan patrones sutiles en enfermedades raras⁽⁵⁾. En este contexto, las redes bayesianas (BN) destacan por manejar incertidumbre y ofrecer interpretabilidad^(6,8), además de su flexibilidad para variables categóricas y continuas, la integración de conocimiento experto y la inferencia con datos faltantes^(9,11). La evidencia previa en diabetes reportó valores predictivos positivos y negativos de 69,6 % y 79,9 % en mujeres⁽¹²⁾, así como dependencias entre atributos relevantes usando enfoques bayesianos⁽¹³⁾. Un reto persistente es el desequilibrio de clases, que reduce el rendimiento de los clasificadores⁽¹⁴⁾; para mitigarlo, fueron aplicadas las técnicas de sobremuestreo sintético de minorías (SMOTE)⁽¹⁵⁾, submuestreo⁽¹⁶⁾, estrategias híbridas⁽¹⁷⁾, selección ponderada de características con Random Forest y XGBoost⁽¹⁸⁾, y aprendizaje sensible al costo con reducción de dimensionalidad⁽¹⁹⁾. En BN, la combinación de detección de características y remuestreo múltiple ha facilitado la identificación de factores de riesgo⁽²⁰⁾, y es clave distinguir una BN generativa de un clasificador BN optimizado para precisión⁽²¹⁾. Estudios recientes amplían el marco: integración de BN para diabetes tipo 2 (T2D) y enfermedades coronarias (CHD)⁽²²⁾, uso de mallas de Markov en población con prediabetes⁽²³⁾ y exploración de interacciones de biomarcadores con búsqueda Tabú (*Tabu search*) y bootstrap⁽²⁴⁾.

Pese al avance metodológico, persisten lagunas: a) faltan comparaciones cabeza a cabeza de múltiples clasificadores bayesianos bajo un preprocesamiento estandarizado en grandes bases categóricas con desequilibrio; b) no está claramente delimitado cuándo arquitecturas básicas –por ejemplo, Naive Bayes o K-Dependence Bayesian Classifier (KDB)– igualan o superan a variantes más complejas, como

las Tree Augmented Naive Bayes (TAN), ya sea en sus variantes Chow-Liu, Hill Climbing with Statistical Perturbation (HCSP) o Forward Sequential Selection and Joining (FSSJ), en términos de utilidad clínica; y c) se necesita verificar que las estructuras aprendidas sean plausibles clínicamente y destaqueen factores modificables para su intervención. Abordar estas brechas es relevante para sistemas de apoyo a la decisión y para priorizar estrategias de prevención y manejo del riesgo.

El objetivo de este estudio fue comparar el rendimiento e interpretabilidad de clasificadores bayesianos Naive Bayes, Tree Augmented Naive-Chow-Liu (TAN-Chow-Liu), Tree Augmented Naive-Hill Climbing with Super Parents (TAN-HCSP), Fast Super-Parent Search with Joint Mutual Information (FSSJ) y K-Dependence Bayesian Classifier KDB) aplicados a un conjunto de 100 000 registros de predictores de diabetes⁽²⁵⁾, tras preprocesamiento (discretización y filtrado por relevancia causal) y estrategias de manejo del desequilibrio, evaluando exactitud, sensibilidad, especificidad y puntuaciones F1, así como contrastando las estructuras aprendidas con la literatura clínica existente.

1

MÉTODOS

Se realizó un estudio de validación de modelos de aprendizaje automático (*machine learning*) aplicado al campo de la salud, enfocado en la evaluación de rendimiento y explicabilidad de algoritmos sobre un conjunto de datos categórico y preprocesado. Se utilizó el Diabetes Health Indicators Dataset, un conjunto de datos público disponible en Kaggle con 100 000 registros y 16 predictores de diabetes⁽²⁵⁾, derivado de las encuestas del Behavioral Risk Factor Surveillance System (BRFSS) de los Centers for Disease Control and Prevention (CDC) de EE. UU. La elección de este *dataset* se justifica por su gran tamaño muestral mayor a 250 000 registros, que proporciona la potencia estadística necesaria para el entrenamiento y la validación de los modelos de aprendizaje automático. Su accesibilidad y estructura lo convierten en un recurso valioso para investigaciones exploratorias sobre la viabilidad de algoritmos de inteligencia artificial (IA) en la identificación de factores de riesgo en grandes poblaciones, facilitando la reproducibilidad y la comparación de resultados en la comunidad científica⁽²⁶⁾.

En la preparación, no se detectaron valores perdidos; las cinco columnas de raza se unificaron en una variable categórica, mientras que la edad y el IMC fueron discretizados; año y región se excluyeron por baja relevancia causal. Todos los campos se transformaron a factores en el

Tabla 1. Métricas de desempeño usando diferentes librerías

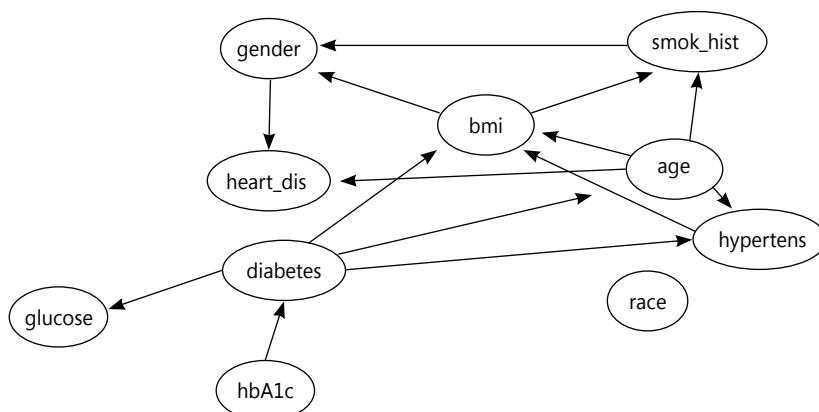
Métricas utilizando la biblioteca "bnclassify"				
Algoritmo	Exactitud	Sensibilidad	Especificidad	Puntuación F1
Naive Bayes	0,965	0,975	0,987	0,981
TAN-CL	0,969	0,970	0,997	0,983
TAN-HCSP	0,965	0,974	0,987	0,981
FSSJ	0,970	0,969	1	0,984
KDB	0,965	0,974	0,987	0,981
Métricas utilizando la librería "bnlearn"				
Algorithm	Exactitud	Sensibilidad	Especificidad	Puntuación F1
Naive Bayes	0,963	0,987	0,987	0,980
TAN-CL	0,780	0,945	0,806	0,870
TAN-HCSP	0,953	0,951	1	0,975
FSSJ	0,971	0,969	1	0,984
KDB	0,965	0,975	0,987	0,981

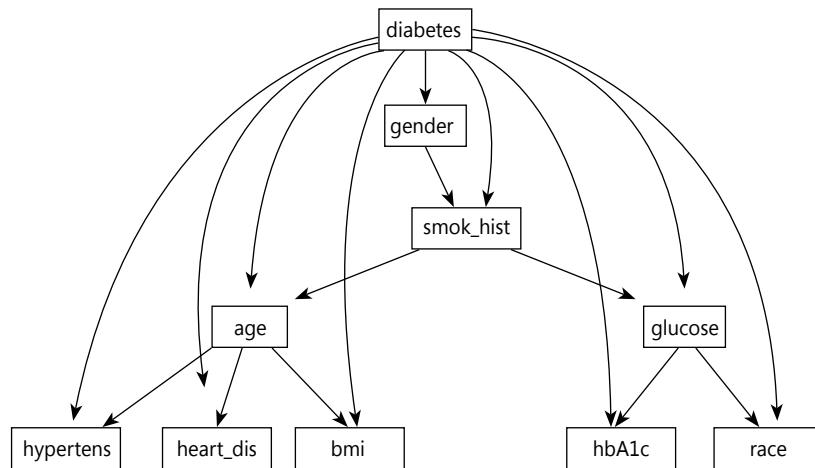
programa R y el conjunto se barajó y dividió en un 75 % sobre un 25 % (entrenamiento/prueba) con reproducibilidad garantizada. Se entrenaron Naive Bayes, TAN-Chow-Liu, TAN-HCSP, FSSJ y KDB con *bnclassify* (suavizado de Laplace) y posteriormente se refinaron con *bnlearn*. Conceptualmente, Naive Bayes asumió independencia condicional; TAN incorporó un árbol de dependencias; TAN-HCSP añadió restricciones jerárquicas; FSSJ realizó selección progresiva de variables; y KDB combinó k-vecinos con RB dinámicas para datos con deriva temporal. Se obtuvieron exactitud, precisión, *recall* y F1 superiores a 0,90 en todos los clasificadores; TAN-Chow-Liu proporcionó el mapa de dependencias más claro y FSSJ mostró la mayor eficiencia computacional. Las estructuras aprendidas se inspeccionaron con gRain y se visualizaron mediante Rgraphviz, confirmándose enlaces clínicamente plausibles entre predictores clave y diabetes.

RESULTADOS

Con el paquete *bnlearn* fueron generados tres grafos acíclicos dirigidos (DAG) que hicieron explícitas las estructuras bayesianas aprendidas (ver Figuras 1, 2 y 3). Con estas visualizaciones fue desplazado el foco desde la exactitud predictiva bruta hacia las dependencias probabilísticas subyacentes, permitiendo que sea evaluado cómo es codificado el conocimiento clínico por cada algoritmo (ver Tabla 1).

En la Figura 1 queda representada la topología en estrella de Naive Bayes: cada predictor es modelado como hijo directo de la diabetes, sin enlaces laterales entre las variables. Se muestra un nivel adicional en el que la edad canaliza el riesgo hacia la hipertensión, enfermedad cardíaca e IMC, destacándose la edad como el conducto por el cual la diabetes “explica” la morbilidad subsecuente. La suposición de independencia simplifica el cómputo, pero aplana

**Figura 1.** Gráfico del modelo bayesiano de Naive Bayes

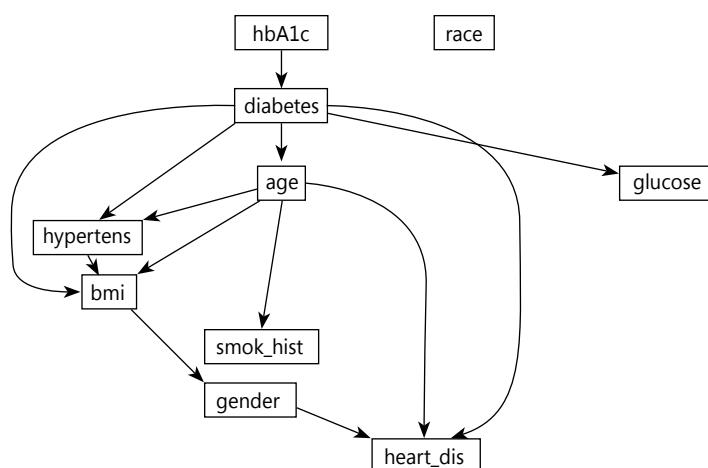
**Figura 2.** Gráfico del modelo bayesiano de Chow-Liu

correlaciones del mundo real; por ejemplo, glucosa y hemoglobina glicosilada (HbA1c) no interactúan entre sí, aun cuando se encuentran fisiológicamente interrelacionadas.

Con el aprendiz TAN–Chow–Liu fue generado un árbol que situó al IMC en la raíz, desde la cual se irradiaron tres trayectorias epidemiológicas: historia de tabaquismo, IMC y sexo, capturándose patrones de consumo específicos por sexo, edad, IMC e hipertensión, lo que refleja el aumento de la presión arterial mediado por el peso y el envejecimiento; así mismo, el IMC hacia la enfermedad cardíaca y, finalmente, la diabetes, considerada una cascada cardio-metabólica canónica. La glucemia sostenida (HbA1c) fue modelada como entrada directa a la diabetes, mientras que la glucosa y la raza/etnia permanecieron aisladas, lo que sugiere que, en esta cohorte, la exposición crónica constituye una señal

más robusta que una medición aislada de glucosa y que la variabilidad étnica sería negligible (ver Figura 2).

La Figura 3 fue generada por el algoritmo TAN–HCSP, enriqueciéndose el árbol sin perder interpretabilidad. La HbA1c fue modelada como “superpadre” de la diabetes, la cual, a su vez, se encadenó hacia la edad y, a través de la edad, hacia el IMC y la historia de tabaquismo, alcanzándose finalmente el sexo y la enfermedad cardíaca. Fue cerrado el circuito metabólico con el bucle IMC asociado con la hipertensión y esta, a su vez, con la diabetes; así mismo, la glucosa se conectó directamente con la diabetes. Con esta arquitectura quedaron capturadas cadenas de múltiples pasos: cómo la edad influye en el IMC, y este, a su vez, en la glucosa y, finalmente, en la diabetes, conciliándose así la simplicidad con un mayor detalle epidemiológico.

**Figura 3.** Gráfico del modelo bayesiano TAN–HCSP (Hill-Climbing)



DISCUSIÓN

Los factores de riesgo identificados por nuestro modelo, como un alto IMC, inactividad física e hipertensión, son consistentes con las guías de práctica clínica de la Asociación Americana de Diabetes (ADA) y la Federación Internacional de Diabetes (IDF), lo que valida su capacidad para reconocer patrones clínicamente relevantes^(27,28). Sin embargo, a diferencia de los umbrales de riesgo fijos de las guías, el modelo de IA ofrece una visión más granular, al descubrir interacciones complejas y no lineales entre variables, lo que podría complementar y personalizar la estratificación del riesgo en el futuro⁽²⁹⁾. Es crucial interpretar estos hallazgos como asociaciones y no como causalidad directa, dado el diseño transversal del estudio.

Se observó una trayectoria directa desde niveles elevados de hemoglobina glucosilada (HbA1c) hacia la presencia de diabetes, lo que respalda el papel de la hiperglucemia crónica como eje de progresión, desde estados intermedios a enfermedad manifiesta, así como su valor como marcador diagnóstico y pronóstico en la práctica clínica^(23,30,31). Además, aun en ausencia de diagnóstico, valores altos de HbA1c se han asociado con mayor incidencia de eventos cardiovasculares a mediano plazo, lo que refuerza su relevancia clínica más allá del umbral diagnóstico⁽³¹⁾.

Por otro lado, la trayectoria el IMC, la hipertensión y enfermedad cardíaca identificada por la red fue congruente con la evidencia que vincula la adiposidad con el aumento del riesgo de hipertensión y, subsecuentemente, de enfermedad cardiovascular^(32,33). Desde cierto punto de vista, la obesidad se ha relacionado con la resistencia a la insulina, la disfunción endotelial y la inflamación crónica, es decir, elementos que facilitan el desarrollo de la hipertensión y la aterosclerosis. Se ha informado, además, que la hipertensión puede actuar como mediador principal de las secuelas cardiovasculares de la obesidad⁽³³⁾. En consecuencia, el control del peso fue considerado una estrategia cardinal para interrumpir dicha cadena causal y reducir la carga de la enfermedad cardiovascular^(32,33).

El contraste con la literatura reciente, este estudio mostró concordancia con modelos bayesianos aplicados en prediabetes, en los que la HbA1c y el IMC emergieron como factores de mayor influencia en la progresión hacia la diabetes tipo 2 y en la estratificación de riesgo⁽²³⁾. Del mismo modo, la coexistencia de alteraciones glucémicas y factores cardio-metabólicos se asoció con un incremento relevante del riesgo cardiovascular, lo que subraya la necesidad de valorar el riesgo de manera integral y no aislada^(34,35). En conjunto, las trayectorias inferidas

sugieren que la intervención clínica temprana sobre el control glucémico y el peso corporal podría traducirse en beneficios, tanto metabólicos como cardiovasculares^(31,33,35).

Una contribución práctica de este enfoque radicó en la capacidad de las redes bayesianas para representar y comunicar interdependencias clínicas entre variables, así como para responder a preguntas contrafácticas ("¿qué ocurriría si...?") de utilidad en la toma de decisiones; ello permitió visualizar rutas directas e indirectas (p. ej., IMC, hipertensión y cardiopatía) o priorizar intervenciones de acuerdo con su impacto potencial sobre el riesgo individual⁽³⁰⁾.

Entre las limitaciones del estudio se encuentra el riesgo de sesgo poblacional, ya que el *dataset* derivado del BRFSS refleja principalmente la demografía de Estados Unidos y puede subrepresentar a grupos étnicos con perfiles de riesgo distintos⁽³⁶⁾. Este sesgo compromete la validez externa del modelo, pues un algoritmo entrenado en una población específica puede mostrar un rendimiento deficiente y no generalizable en otros contextos demográficos, llegando incluso a exacerbar las disparidades en salud existentes, como ha sido documentado ampliamente en la investigación de IA y salud^(37,38). Por lo tanto, antes de considerar una implementación clínica es imperativo que futuras investigaciones validen prospectivamente el modelo en cohortes locales y diversas, empleando conjuntos de datos más inclusivos y metodologías de equidad en IA (*fairness-aware machine learning*) para asegurar que sus beneficios sean universales y no se limiten a la población original del estudio⁽³⁹⁾.

Otro aspecto fundamental a considerar es que la integración de herramientas de IA en la predicción de diabetes conlleva importantes implicaciones éticas y regulatorias que requieren un abordaje proactivo. Entre estas destaca la problemática de la "caja negra", inherente a algoritmos complejos, la cual compromete tanto la autonomía del paciente como la responsabilidad profesional del clínico, evidenciando la necesidad imperativa de desarrollar sistemas de IA explicable (XAI) que faciliten la toma de decisiones médicas fundamentadas y transparentes⁽⁴⁰⁾. Desde la perspectiva regulatoria, agencias como la FDA y EMA están desarrollando marcos para la aprobación de *software* como dispositivo médico (SaMD), que exigen una validación clínica rigurosa, monitorización continua posimplementación y protocolos de privacidad conforme a normativas como HIPAA o RGPD^(41,42). Finalmente, es imperativo garantizar equidad en el acceso a estas tecnologías para evitar ampliar brechas digitales y sanitarias, asegurando que los algoritmos de estratificación de riesgo diabético sean herramientas para intervenciones

preventivas universalmente accesibles y no fuentes de discriminación en atención médica o seguros de salud⁽³⁹⁾.

Como agenda integrada de mejora, se sugiere: a) enriquecimiento de variables y estructura: incorporar conexiones explícitas para sexo y raza/etnia por su impacto en riesgo diabético y cardiovascular; ampliar la caracterización de tabaquismo (activo/pasivo) por sus efectos indirectos vía salud vascular; añadir hábitos dietéticos, actividad física e historia familiar (hoy ausentes o poco granulares); extender biomarcadores (perfil lipídico, función renal, marcadores inflamatorios) para capturar vías fisiopatológicas adicionales; e integrar factores genéticos y ambientales (p. ej., puntajes poligénicos, exposición a contaminantes) para una evaluación más completa del riesgo; b) diseño y validación rigurosa: ejecutar estudios longitudinales multicéntricos que aseguren precedencia temporal y validez externa; validar por subgrupos (edad, sexo, etnia, comorbilidades) para auditar equidad; reportar calibración (*Brier score*, curvas de calibración) y utilidad clínica (curvas de decisión) además de discriminación; y abordar el desbalance con estrategias de muestreo y aprendizaje sensible al costo cuantificando su efecto en sensibilidad, especificidad y equidad; c) intervenciones y traslado: diseñar y probar intervenciones dirigidas a cadenas indirectas (p. ej., IMC, hipertensión y cardiopatía), priorizando factores modificables (IMC, presión arterial); emplear inferencia contrafáctica para estimar el impacto de pérdidas de peso del 5-10 % o intensificación antihipertensiva sobre riesgo futuro de diabetes y eventos CV; e integrar datos dinámicos (MCG, presión domiciliaria, *wearables*) y modelos temporales (DBN/KDB) para capturar deriva y trayectorias; d) implementación y gobernanza: integrar progresivamente en la historia clínica electrónica (HCE) con clínica explicable (rutas causales, contribuciones por variable), salvaguardas éticas y auditorías periódicas; establecer ciclos de actualización (reentrenamiento y revisión de umbrales) con monitoreo de desempeño, equidad y seguridad; y definir protocolos de uso (quién/cuándo/cómo) apoyados con materiales educativos para asegurar adopción segura y efectiva.

Conclusiones

A pesar de sus diferencias estructurales, todos los clasificadores superaron una exactitud de 0,96 tras la validación cruzada. El FSSJ encabezó con una aproximación de 0,97 de exactitud y especificidad perfecta, mientras que Naive Bayes, TAN-HCSP y KDB ofrecieron un desempeño alto y estable. El TAN-CL resultó más sensible a las idiosincrasias de los datos, aunque permitió identificar nuevas rutas causales. Estos resultados confirman que, cuando las relaciones

entre variables son sencillas, las arquitecturas bayesianas básicas pueden igualar a variantes más elaboradas. Aun así, las herramientas de aprendizaje de estructura, como *bntlearn*, siguen siendo indispensables para extraer conexiones clínicamente interpretables, aportando conocimientos que pueden orientar estrategias de prevención focalizadas más allá de lo que comunican las métricas escalares de desempeño.

Por otro lado, se concluye que los resultados se consideran útiles para la estratificación clínica del riesgo cardio-metabólico y para la toma de decisiones personalizadas. La representación causal obtenida permitiría priorizar intervenciones sobre factores modificables (p. ej., control ponderal y presión arterial) y comunicar riesgos en términos comprensibles para pacientes y equipos clínicos.

En este sentido, el estudio demuestra que la complejidad arquitectural de los clasificadores bayesianos no se traduce necesariamente en mejoras predictivas proporcionales, dado que todos los modelos evaluados alcanzaron un rendimiento comparable. Los hallazgos subrayan la importancia de equilibrar precisión predictiva con interpretabilidad clínica, posicionando estas metodologías como herramientas valiosas para la medicina de precisión. La capacidad de generar representaciones causalmente interpretables facilita tanto la estratificación de pacientes como el desarrollo de estrategias preventivas personalizadas, lo que representa un avance significativo hacia la optimización de los resultados en salud cardiovascular mediante intervenciones dirigidas a factores de riesgo modificables.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Organización Mundial de Salud. Informe Mundial de la Diabetes [Internet]. Ginebra: OMS; 10 de septiembre de 2024 [Consultado 9 de julio de 2025]. Disponible en: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/254649/9789243565255-spa.pdf>
- Hossain J, Al-Mamun, Islam R. Diabetes mellitus, the fastest growing global public health concern: Early detection should be focused. Health Sci Rep. [Internet]. 22 de marzo de 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];7(3):e2004. doi: 10.1002/hsr2.2004
- Bronstein M, Meyer-Kalos P, Vinogradov S, Kummerfeld E. Causal Discovery Analysis: A Promising Tool for Precision Medicine. Psychiatr Ann. [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];54(4):e119-e124. <https://doi.org/10.3928/00485713-20240308-01>
- Montero Rodríguez JC de J, Roshan Biswal R, Sánchez de la Cruz E. Algoritmos de aprendizaje automático de vanguardia para el diagnóstico de enfermedades. Res Comput Sci. [Internet]. 2019 [Consultado el 5 de abril de 2025];148(7):455-68. Disponible en: https://rcs.cic.ipn.mx/2019_148_7/Algoritmos%20de%20aprendizaje%20automatico%20de%20vanguardia%20para%20el%20diagnostico%20de%20enfermedades.pdf

5. Gómez Ruiz I. Diseño e implementación de modelos de lenguaje para información genómica asociada a enfermedades raras mediante inferencia gramatical [Internet]. Valencia: Universitat Politècnica de València; 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: <https://riunet.upv.es/server/api/core/bitstreams/e752670f-3702-4eee-846b-c16237a5f925/content>
6. Darwiche A. Modeling and Reasoning with Bayesian Networks [Internet]. Cambridge: Cambridge University Press; 2009 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: <https://books.google.co.ve/books?id=7AjXGltje7YC&printsec=front-cover#v=onepage&q=&f=false>
7. Hassija V, Chamola V, Mahapatra A, Singal A, Goel D, Huang K, et al. Interpreting Black-Box Models: A Review on Explainable Artificial Intelligence. *Cogn Comput*. [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];16:45-74. doi: 10.1007/s12559-023-10179-8
8. Lucas PJ, Van der Gaag LC, Abu-Hanna A. Bayesian networks in biomedicine and health-care. *Artif Intell Med*. [Internet]. 2004 [Consultado el 5 de abril de 2025];30(3):201-14. doi: 10.1016/j.artmed.2003.11.001
9. Koller D, Friedman N. Probabilistic Graphical Models: Principles and Techniques. [Internet]. Cambridge: MIT Press; 2009 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/220690050_Probabilistic_Graphical_Models_Principles_and_Techniques
10. Pearl J. Causality: Models, Reasoning and Inference. [Internet]. 2ª ed. Cambridge: Cambridge University Press; 2009 [Consultado el 05 de abril de 2025]. Disponible en: <https://dl.acm.org/doi/book/10.5555/1642718>
11. Suo X, Huang X, Zhong L, Luo Q, Ding L, Xue F. Development and Validation of a Bayesian Network-Based Model for Predicting Coronary Heart Disease Risk From Electronic Health Records. *J Am Heart Assoc*. [Internet]. 2 de junio de 2024 [Consultado el 05 de abril de 2025];13(1):e029400. doi: 10.1161/JAHA.123.029400
12. Coaquira-Flores EE, Torres-Cruz F, Condori-Quispe SJ, Tisnado-Puma JC, Melgarejo-Bolívar RP, Herrera-Urtiaga AP, et al. Predicción de diabetes en mujeres mediante un modelo probabilístico basado en redes bayesianas. *Científica Digit*. [Internet]. 29 de abril de 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];16:185-201. doi: 10.37885/230412748
13. Bressan GM, Flamia de Azevedo BC, Molina de Souza R. Métodos de classificação automática para predição do perfil clínico de pacientes portadores do diabetes mellitus. *Braz J Biometrics*. [Internet]. 29 de junio de 2020 [Consultado el 5 de abril de 2025];38(2):257-73. <https://doi.org/10.28951/rbb.v38i2.445>
14. Ndjaboue R, Ngueta G, Rochefort-Brihay C, Delorme S, Guay D, Ivers N, et al. Prediction models of diabetes complications: a scoping review. *J Epidemiol Community Health* [Internet]. 30 de junio de 2022 [Consultado el 5 de abril de 2025];76(10):896-904. doi: 10.1136/jech-2021-217793
15. Alghamdi M, Al-Mallah M, Keteyian S, Brawner C, Ehrman C, Sakr S. Predicting diabetes mellitus using SMOTE and ensemble machine learning approach: The Henry Ford Exercise Testing (FIT) project. *PLoS One* [Internet]. 2017 [Consultado el 5 de abril de 2025];12(7):e0179805. doi: 10.1371/journal.pone.0179805
16. Nejatian S, Parvin H, Faraji E. Using sub-sampling and ensemble clustering techniques to improve performance of imbalanced classification. *Neurocomputing* [Internet]. 7 de febrero de 2018 [Consultado el 5 de abril de 2025];276:55-66. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2017.06.082>
17. Praveenkumar KS. Un enfoque híbrido de analítica de big data para predecir diabetes tipo II usando H-SMOTE tree. *Adv Nanotechnol Mater Sci Eng Innov*. [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];20(S2):606-624. <https://doi.org/10.62441/nano-ntp.vi.494>
18. Xu Z, Wang Z. A Risk Prediction Model for Type 2 Diabetes Based on Weighted Feature Selection of Random Forest and XGBoost Ensemble Classifier. In: 11th Int Conf Adv Comput Intelligence (ICACI); Guilin, China 2019 Jun 7-9. [Internet]. Guilin, China: Instituto de Ingenieros Eléctricos y Electrónicos; 2019: 278-283 [Consultado el 5 de abril de 2025]. doi:10.1109/ICACI.2019.8778622
19. Pes B, Lai G. Cost-sensitive learning strategies for high-dimensional and imbalanced data: a comparative study. *PeerJ Comput Sci*. [Internet]. 2021 [Consultado el 5 de abril de 2025];7:e832. doi: 10.7717/peerj-cs.832
20. Wang X, Ren J, Ren H, Song W, Qiao Y, Zhao Y, et al. Diabetes mellitus early warning and factor analysis using ensemble Bayesian networks with SMOTE-ENN and Boruta. *Sci Rep*. [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];13:12718. doi: 10.1038/s41598-023-40036-5
21. Parrales-Bravo F, Caicedo-Quiroz R, Rodríguez-Larraburu E, Barzola-Monteses J. ACME: A Classification Model for Explaining the Risk of Preeclampsia Based on Bayesian Network Classifiers and a Non-Redundant Feature Selection Approach. *Informatics* [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];11(2):31. <https://doi.org/10.3390/informatics11020031>
22. Kong D, Chen R, Chen Y, Zhao L, Huang R, Luo L, et al. Bayesian network analysis of factors influencing type 2 diabetes, coronary heart disease, and their comorbidities. *BMC Public Health*. [Internet]. 8 de mayo de 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];24:1267. doi: 10.1186/s12889-024-18737-x
23. Fuster-Parra P, Yañez AM, López-González A, Aguiló A, Bennasar-Veny M. Identifying risk factors of developing type 2 diabetes from an adult population with initial prediabetes using a Bayesian network. *Front Public Health*. [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];10:1035025. doi: 10.3389/fpubh.2022.1035025
24. Sun Y, Lei J, Kosmas P. Exploring Biomarker Relationships in Both Type 1 and Type 2 Diabetes Mellitus Through a Bayesian Network Analysis Approach. *arXiv* [Preprint]. 2024; arXiv:2406.17090. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2406.17090>
25. Choksi P. Conjunto de datos clínicos integrales de diabetes (100k filas) [conjunto de datos en Internet]. Kaggle; 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: <https://www.kaggle.com/datasets/priyamchoksi/100000-diabetes-clinical-dataset>.
26. Rajkomar A, Dean J, Kohane I. Machine Learning in Medicine. *N Engl J Med*. [Internet]. 2019 [Consultado el 5 de abril de 2025];380(14):1347-58. doi: 10.1056/NEJMra1814259
27. ElSayed N, Aleppo G, Aroda VR, Bannuru RR, Brown FM, Bruemmer D, et al. Classification and Diagnosis of Diabetes: Standards of Care in Diabetes-2023. *Diabetes Care* [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];46(Suppl 1):S19-S40. doi: 10.2337/dc23-S002
28. International Diabetes Federation. Atlas de la Diabetes de la FID [Internet]. 10ª ed. Bruselas: International Diabetes Federation; 2021. Disponible en: <https://diabetesatlas.org/>
29. Beam AL, Kohane IS. Big Data and Machine Learning in Health Care. *JAMA*. [Internet]. 2018 [Consultado el 5 de abril de 2025];319(13):1317-1318. doi: 10.1001/jama.2017.18391
30. Zhang J, Zhang Z, Zhang K, Ge X, Sun R, Zhai X. Early detection of type 2 diabetes risk: limitations of current diagnostic criteria. *Front Endocrinol (Lausanne)*. [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];14:1260623. doi: 10.3389/fendo.2023.1260623

31. Butalia S, Chu LM, Dover DC, Lau D, Yeung RO, Eurich DT, et al. Association Between Hemoglobin A1c and Development of Cardiovascular Disease in Canadian Men and Women Without Diabetes at Baseline: A Population-Based Study of 608 474 Adults. *J Am Heart Assoc.* [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];13(9):e031095. doi: 10.1161/JAHA.123.031095
32. Lin H, Xiao N, Lin S, Liu M, Liu GG. Associations of hypertension, diabetes and heart disease risk with body mass index in older Chinese adults: a population-based cohort study. *BMJ Open* [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];14(7):e083443. doi: 10.1136/bmjopen-2023-083443
33. Volpe M, Gallo g. Obesity and cardiovascular disease: An executive document on pathophysiological and clinical links promoted by the Italian Society of Cardiovascular Prevention (SIPREC). *Front Cardiovasc Med.* [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];10:1136340. doi: 10.3389/fcvm.2023.1136340
34. Ahmad A, Lim LL, Morieri ML, Tam CH, Cheng F, Chikowore T, et al. Precision prognostics for cardiovascular disease in Type 2 diabetes: a systematic review and meta-analysis. *Commun Med (Lond.)*. [Internet]. 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025];4(1):11. doi: 10.1038/s43856-023-00429-z
35. Bruemmer D, Singh A. Cardiometabolic Risk: Shifting the Paradigm Toward Comprehensive Assessment *JACC Adv.* [Internet]. 2023 [Consultado el 5 de abril de 2025];2(18):100868. doi: 10.1016/j.jacadv.2024.100867
36. Obermeyer Z, Powers B, Vogeli C, Mullainathan S. Dissecting racial bias in an algorithm used to manage the health of populations. *Science.* [Internet]. 2019 [Consultado el 5 de abril de 2025];366(6464):447-453. doi: 10.1126/science.aax2342
37. Cirillo D, Catuara-Solarz S, Morey C, Guney E, Subirats L, Mellino S, et al. Sex and gender differences and biases in artificial intelligence for biomedicine and healthcare. *NPJ Digit Med.* [Internet]. 2020 [Consultado el 5 de abril de 2025];3:81. doi: 10.1038/s41746-020-0288-5
38. Chen IY, Johansson FD, Sontag D. Why Is My Classifier Discriminatory? *Adv Neural Inf Process Syst.* [Internet]. 2018 [Consultado el 5 de abril de 2025];31. doi: 10.48550/arXiv.1805.12002
39. Wiens J, Saria S, Sendak M, Ghassemi M, Liu VX, Doshi-Velez F, et al. Do no harm: a roadmap for responsible machine learning for health care. *Nat Med.* [Internet]. 2019 [Consultado el 5 de abril de 2025];25(9):1337-340. doi:110.1038/s41591-019-0548-6
40. Ghassemi M, Oakden-Rayner L, Beam AL. The false hope of current approaches to explainable artificial intelligence in health care. *Lancet Digit Health* [Internet]. 2021 [Consultado el 5 de abril de 2025];3(11):e745-e750. doi: 10.1016/S2589-7500(21)00208-9
41. Food and Drug Administration. Inteligencia artificial y aprendizaje automático en software como dispositivo médico. [Internet]. Estados Unidos: FDA; 2024 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: <https://www.fda.gov/medical-devices/software-medical-device-samd/artificial-intelligence-and-machine-learning-software-medical-device>
42. The European Commission. Propuesta de Reglamento sobre un Espacio Europeo de Datos Sanitarios [Internet]. Bruselas: COM(2022) 197 final; 2022 [Consultado el 5 de abril de 2025]. Disponible en: <https://health.ec.europa.eu/ehealth-digital-health-and-care/european-health-data-space>

Fuentes de financiamiento

La investigación fue autofinanciada.

Conflictos de interés

El autor declara no tener conflictos de interés.