

Título: Aplicación del algoritmo de descomposición *stepwise replacement* para la estimación de la esperanza de vida libre de ansiedad/depresión en Argentina

Autor: Octavio Nicolas Bramajo (Centre d'Estudis Demogràfics/Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España) [obramajo@ced.uab.es](mailto:obramajo@ced.uab.es)

### *Resumen:*

En ocasiones, dada la manera en que se construyen ciertos indicadores sociales, sanitarios y económicos, es necesario tener en cuenta que el valor de estos indicadores puede estar afectado por ciertos elementos que hacen a la composición de la población en cuestión. Un ejemplo de esto es el indicador conocido como esperanza de vida saludable/libre de enfermedades: se trata de un indicador de la morbilidad/salud de una población (que requiere tasas de prevalencia), pero que se deriva de la esperanza de vida (un indicador de mortalidad), para el cual son necesarias tasas de mortalidad). Por lo tanto, cambios en la mortalidad pueden tener cambios en la esperanza de vida saludable, pero sin afectar realmente la carga de la enfermedad en la población (Andreev et al., 2002). Es por esto que se realizan técnicas de descomposición demográfica, algunas de ellas incorporadas en el software libre R en el paquete *DemoDecomp* (Riffe, 2018)

Con el comando de descomposición *stepwise\_replacement* se realiza una descomposición de reemplazo de algoritmos, habitual cuando se trata de intervalos de tiempo discretos (el paquete también incluye la descomposición lineal integral de Horiuchi, Wilmoth y Pletcher, habitual cuando se asume que los intervalos de tiempo entre los períodos son continuos en lugar de discretos). A modo de ejemplo, se han estimado las esperanzas de vida libre de ansiedad/depresión a los 20 años (EVLTA20) para Argentina a partir de la Encuesta Nacional de Factores de Riesgo, calculadas con el método Sullivan (Jagger et al., 2006), y se han calculado las diferencias de EVLTA20 para los períodos 2005-2009, 2009-2013 y 2013-2018, para cada componente (morbilidad y mortalidad) y por grupos quinquenales de edad. La función de Sullivan devuelve un output que es la EVLTA20 (<https://github.com/onbramajo> presenta una forma completa de la descomposición, como `ex.health`).

Para utilizar la descomposición es necesario presentar los datos de prevalencia y de mortalidad en un mismo vector para cada momento, para luego separar cada componente en una matriz:

#### ### Paso 1: la descomposición

- Descomposición<- `stepwise_replacement ( func=Sullivan.fun,  
pars1 =Vector1 c(Mortalidad2005,PrevalenciaDepresión2005),  
pars2 =Vector2 c(Mortalidad2005,PrevalenciaDepresión2009)`

#### ### Paso 2: separar los componentes en columnas

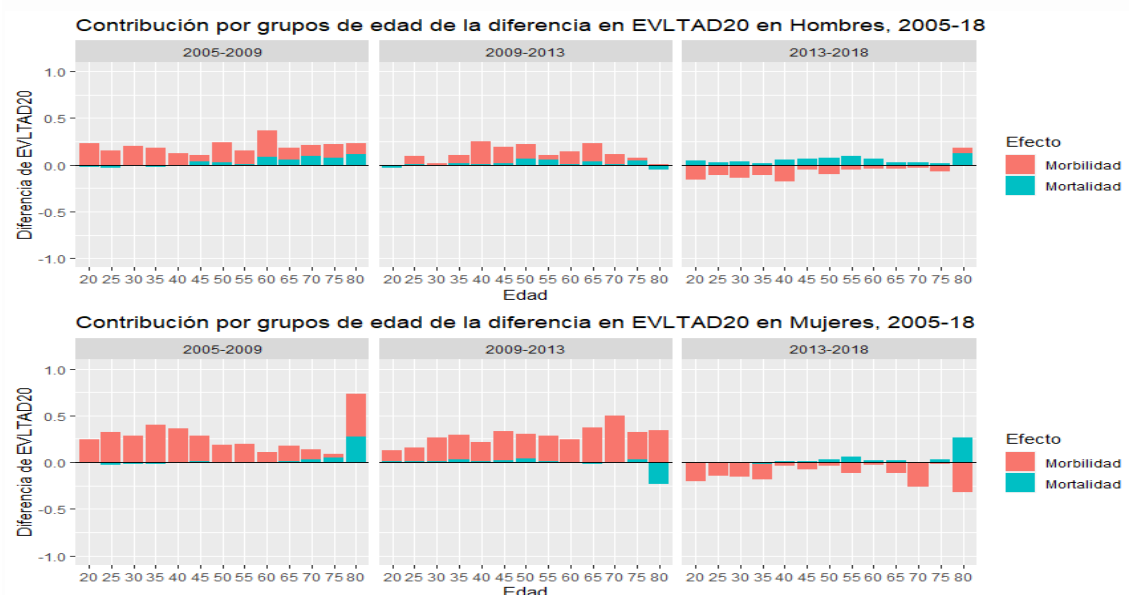
- Componentes  
`matrix(Descomposición,nrow=(length(Descomposición)/2),ncol=2,byrow=F)` <-  
`colnames(Componentes) <- c("Mortalidad","Morbilidad")`

- ### Paso 3: Hacer el data.frame para plotear

```
Componentesdf<- mutate(as.data.frame(Componentes),Edad=c(seq,20,80,5))  
Componentesdf <- Componentesdf %>%  
as.tibble() %>%  
pivot_longer(c(1,2),  
names_to = "Efecto",  
values_to = "Contribución")
```

}

A partir de las EV20 y EVLTAD20 es posible obtener el tempo vivido con ansiedad/depresión tanto en términos absolutos (expresados en años, como la diferencia entre EV20 y EVLTAD20) y graficarlos para ver la evolución en el tiempo del indicador: es decir, cuanto de la EVLTAD20 se debe a cambios en la mortalidad y cuanto en la morbilidad de las personas



Fuente: Elaboración propia en base a ENFRs, CELADE y DEIS

A través de la aplicación de un procedimiento de descomposición matemática disponible en el software libre R, se observó que durante el período 2005-2013 el aumento de la EVLTAD20 no sólo se debió a una mejora en la mortalidad, sino principalmente debido a una mejora general en la salud de la población en cuanto a la presencia de trastornos de ansiedad/depresión. Esto significa, que no sólo las personas vivieron más tiempo, sino también de manera más saludable durante ese tiempo, particularmente las mujeres, en donde el componente de morbilidad explicó casi la totalidad del cambio en la EVLTAD20. Sin embargo, durante 2013-2018 hubo un aumento generalizado en la prevalencia, acompañado de una disminución en la EVLTAD, que sería aún mayor si no fuera por un aumento en la LE general durante ese período.

#### Referencias bibliográficas:

- Andreev, E. M., Shkolnikov, V. M., & Begun, A. Z. (2002). Algorithm for decomposition of differences between aggregate demographic measures and its application to life expectancies, healthy life expectancies, parity-progression ratios and total fertility rates. *Demographic Research*, 7, 499–521. <https://doi.org/10.4054/demres.2002.7.14>
- Jagger, C., Cox, B., & Le Roy, S. (2006). Health expectancy calculation by the Sullivan method. *EHEMU Technical Report*, June.
- Riffe, T. (2018). *DemoDecomp: Decompose Demographic Functions version 1.0.1 from CRAN*. <https://rdr.io/cran/DemoDecomp/>