

Mortalidad por enfermedad isquémica en hombres en Aragón

Lucas Naranjo

2022-12-13

En esta práctica nos disponemos a estudiar la mortalidad por enfermedad isquémica en hombres en Aragón durante el periodo 1991-2000.

Usaremos el modelo de Besag, York y Mollié.

Cargamos librerías:

```
library(tidyverse);
library(rgdal);
library(spdep);
library(viridis);
library(gridExtra);
library(maptools);
library(spdep);
library(rgdal);
library(rstan);
options(mc.cores = 3);
```

Cargamos datos y reordenamos los datos del mapa para que coincidan con los datos de mortalidad.

```
load("../datos/Aragon.Rdata");
aragon_shp <- readOGR("../mapas");
```

```
## OGR data source with driver: ESRI Shapefile
## Source: "/Users/lucas/Documents/master/master_bioestadística/disease_mapping/mapas", layer: "aragon"
## with 729 features
## It has 13 fields
```

```
aragon_shp <- aragon_shp[order(aragon_shp$CODMUNI),];
```

La variable de interés es el número de muertes observadas. Usaremos el valor esperado de cada municipio como offset.

```
y = Aragon.df$O;
E = Aragon.df$E;
```

BYM con STAN

Creamos todos los objetos que necesitará el modelo.

```
nb_aragon <- poly2nb(aragon_shp);
coords <- coordinates(aragon_shp);
source("../funciones/nb_data_funs.R");
nbs=nb2graph(nb_aragon);
N = nbs$N;
node1 = nbs$node1;
```

El modelo BYM con offset está ubicado en la carpeta `/modelos`. Iniciamos el sampleo.

```
## Running /Library/Frameworks/R.framework/Resources/bin/R CMD SHLIB foo.c
## clang -arch arm64 -I"/Library/Frameworks/R.framework/Resources/include" -DNDEBUG -I"/Library/Frame
## In file included from <built-in>:1:
## In file included from /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/StanHeade
## In file included from /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen
## In file included from /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen
## /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen/include/Eigen/src/Core
## namespace Eigen {
## ~
## /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen/include/Eigen/src/Core
## namespace Eigen {
## ~
## ;
## In file included from <built-in>:1:
## In file included from /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/StanHeade
## In file included from /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen
## /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2-arm64/Resources/library/RcppEigen/include/Eigen/Core:96
## #include <complex>
## ~~~~~
## 3 errors generated.
## make: *** [foo.o] Error 1
```

Guardamos la totalidad de los valores obtenidos en `parameter_samples` y la media en `parameter_mean`. El objeto `RME` es la Razon de Mortalidad Estandarizada para cada municipio tras el suavizado BYM.

Ahora calculamos la probabilidad de que un municipio tenga un $RME > 1$. cada $mu_{municipio}$ tiene 3000 samples. Calculamos para cada municipio cual es la proporcion de $RME > 1$. Creamos 4 grupos segun el intervalo en el que caiga esta proporcion.

BYM con INLA

2

```

g = nb2mat(nb_aragon);
prior_iid = c(1,0.01);
prior_besag = c(1,0.001);
initial_iid = 4;
initial_besag = 3;
values = as.factor(unique(c(Aragon.df$CODMUNI))) ;
formula1.bym = 0 ~ f(CODMUNI, values = values, model = "bym", graph= g,

                      param = c(prior_iid, prior_besag),

                      initial = c(initial_iid, initial_besag))
result1_bym = inla(formula1.bym,family="poisson",data=Aragon.df,E=E);
INLA<-(result1_bym$summary.random$CODMUNI$mean)[1:729]+1

```

Anadimos estos datos al objeto aragon_shp para poder representaarlo graficamente.

```

aragon_shp@data$RME_cruda <- Aragon.df$O / Aragon.df$E;
aragon_shp@data$RME_STAN <- RME;
aragon_shp@data$grupo <-factor(grupo_riesgo$grupo);
aragon_shp@data$RME_INLA <-INLA;

aragon_shp@data <- aragon_shp@data %>% mutate(id = row.names(.));
shp_df <- broom::tidy(aragon_shp, region = ("CODMUNI"));
shp_df <- shp_df %>% left_join(aragon_shp@data, by = c("id"="CODMUNI"))

```

Mapas

Dibujamos los mapas con ggplot().

```

map <- ggplot(data = shp_df, aes(x = long, y = lat, group = group), colour = "black") +
  theme_void()+
  coord_fixed(1);

map0 <- map + geom_polygon(aes(fill = RME_cruda)) +
  labs(fill="RME cruda") +
  scale_fill_viridis(option='A',limits = c(0, 4));

map1 <- map + geom_polygon(aes(fill = RME_STAN)) +
  labs(fill="Suavizado BYM\ncon STAN") +
  scale_fill_viridis(option='A',limits = c(0.7, 1.7));

map2 <- map +
  geom_polygon(aes(fill = RME_INLA)) +
  labs(fill="Suavizado BYM\ncon INLA") +
  scale_fill_viridis(option='A',limits = c(0.7, 1.7));

map3 <- map +
  geom_polygon(aes(fill = grupo)) +
  scale_fill_viridis(option='A',
                    discrete=T,
                    labels=c('< 0.4', '[0.4, 0.7]', '[0.7, 0.9]', '> 0.9'))+
  labs(fill="Probabilidad \nde una RME >1");

grid.arrange(map0,map1,map2,map3, nrow=2)

```

