

Tarea entregable

Disease mapping: Modelo logístico - INLA - Reproducibilidad

Santiago Moncalero, Diego Fernández y Jorge Guitart

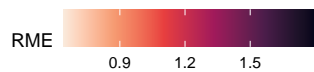
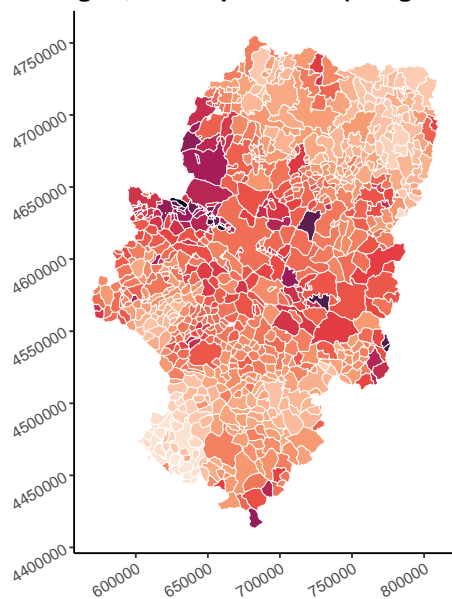
Introducción

En el contexto del Máster de Bioestadística de la Universitat de València, la reproducibilidad y la replicabilidad se reconocen como pilares fundamentales de la investigación científica. Este principio asegura que los análisis estadísticos puedan ser verificados por terceros y reutilizados en nuevos contextos, fortaleciendo la confianza en los resultados obtenidos y su validez empírica.

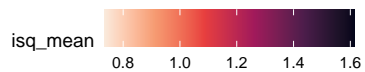
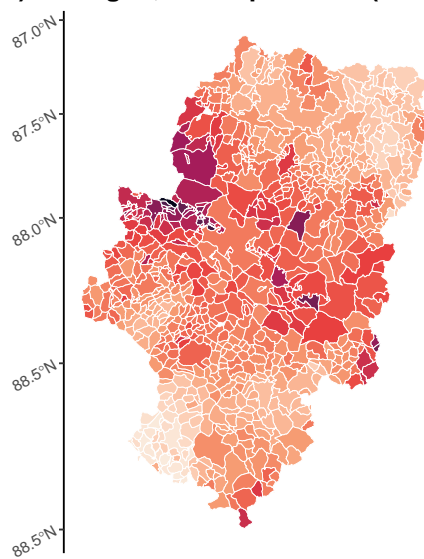
En esta práctica, se aborda un análisis reproducible basado en el mapeo de enfermedades (disease mapping), utilizando dos enfoques metodológicos: WinBUGS e INLA. Ambos modelos fueron implementados para estimar tasas de mortalidad y probabilidades ajustadas espacialmente en la región de Aragón. La comparación entre los resultados busca evaluar la consistencia entre ambos métodos y destacar diferencias clave en sus predicciones, empleando herramientas de reproducibilidad como RMarkdown, proyectos de R y rutas relativas.

```
# Añadimos al data.frame las columnas RME y p.RME
aragon.sf$RME <- res.mod1$mean$R
aragon.sf$p.RME <- res.mod1$mean$p.R
```

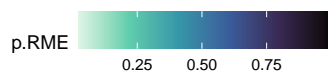
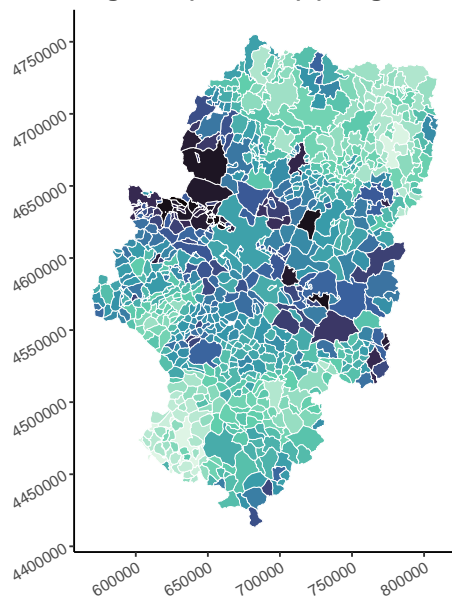
Aragón, Media posterior (WingBUGS)



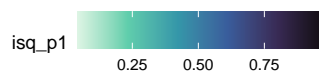
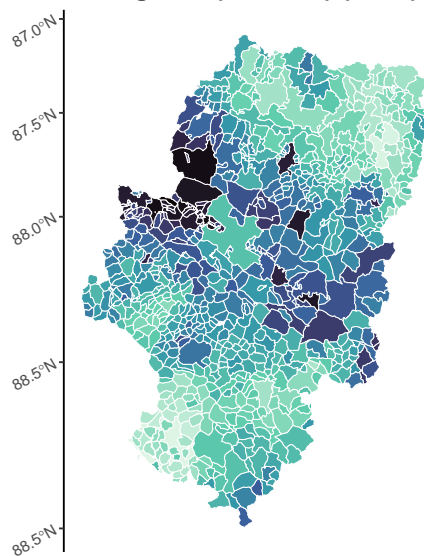
Aragón, Media posterior (INLA)



Aragón, P(RME > 1) (WingBUGS)

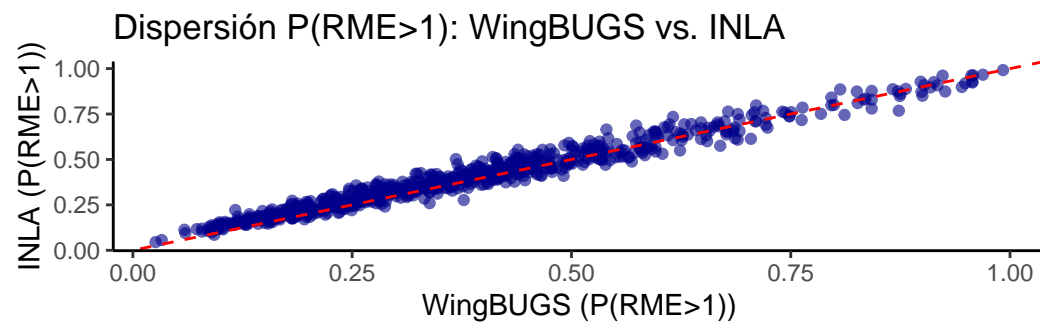
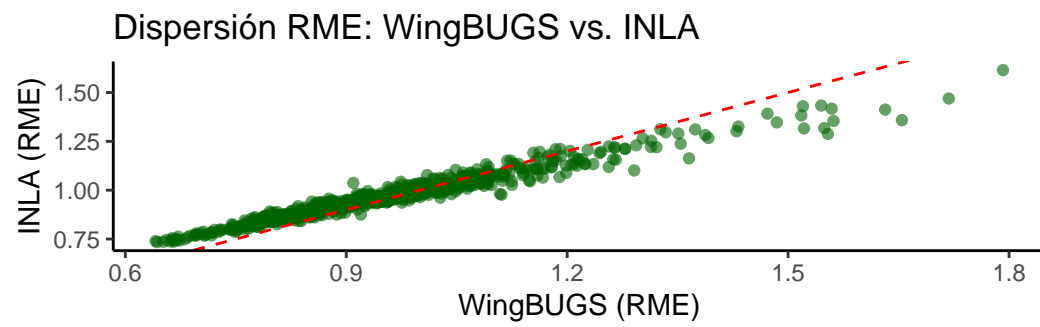


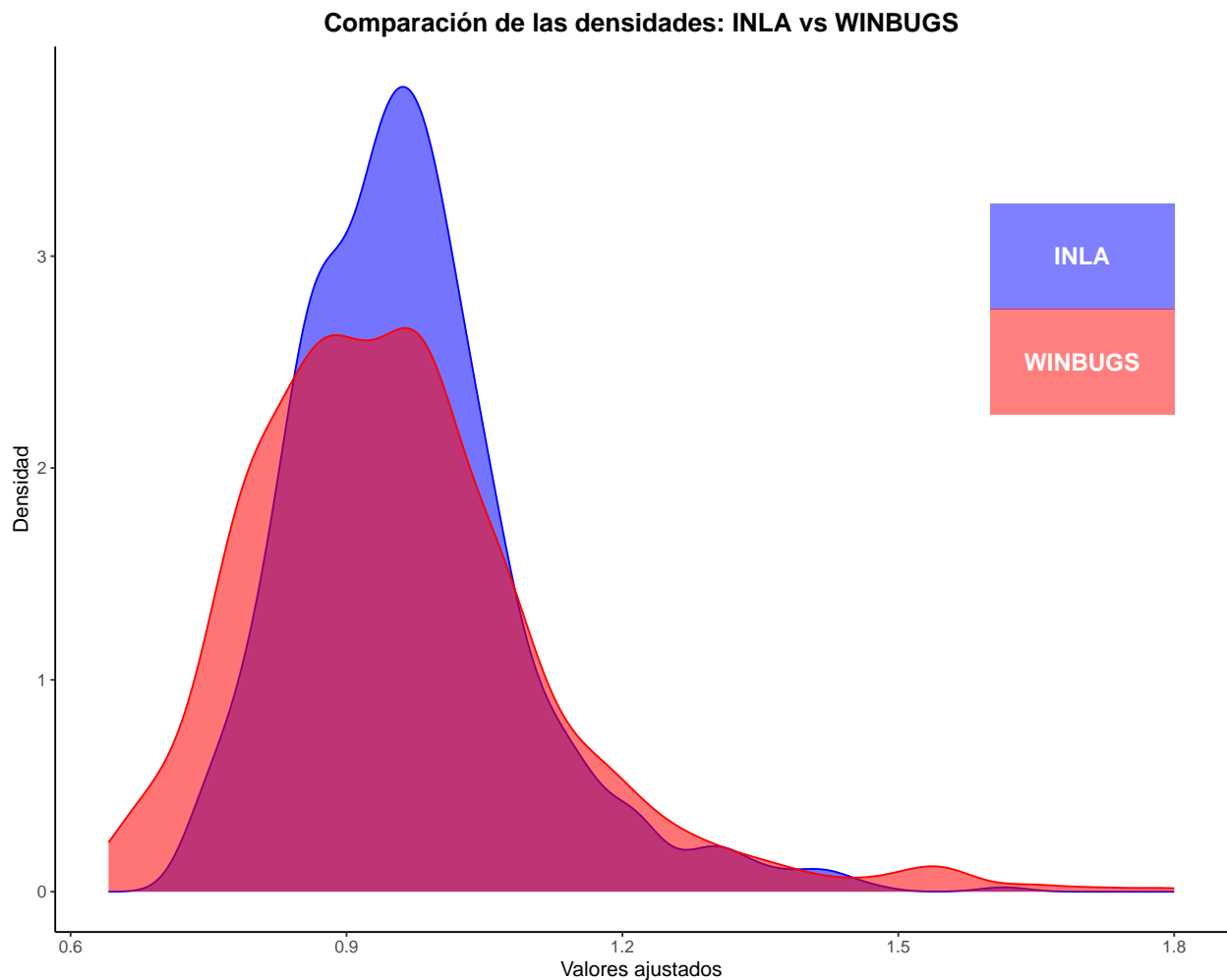
Aragón, P(RME > 1) (INLA)



Correlación entre RME (WingBUGS e INLA): 0.9786474

Correlación entre P(RME>1) (WingBUGS e INLA): 0.9830644





Conclusiones

En esta práctica se ha implementado un análisis de mapeo de enfermedades utilizando los modelos WinBUGS e INLA, con el objetivo de estimar las tasas de mortalidad y las probabilidades ajustadas en la región de Aragón. Los resultados obtenidos han sido visualizados a través de mapas de la media posterior y las probabilidades de que la tasa de mortalidad ajustada sea mayor que 1. A través de estos gráficos, se observa una distribución espacial de las tasas de mortalidad, proporcionando una representación clara de las áreas con mayores y menores riesgos.

Al comparar los resultados obtenidos mediante ambos métodos, se puede evaluar la consistencia entre las predicciones de los modelos y validar su capacidad para representar las tasas de mortalidad ajustadas en el territorio.

El uso de herramientas como RMarkdown y R permite realizar un análisis reproducible, asegurando que los resultados puedan ser verificados y utilizados en futuras investigaciones, lo que es fundamental para mantener la transparencia y la confiabilidad de los estudios científicos.