
Taller de Bioestadística aplicada: experiencias prácticas de estudiantes

Durante el segundo semestre de este año el Magíster en Bioestadística ofreció el curso electivo «Taller de Bioestadística aplicada», en el cual las y los estudiantes desarrollaron trabajos aplicados tutorados por docentes del programa. El curso finalizó con una jornada de exposición de los trabajos, realizada el jueves 18 de diciembre durante todo el día.

Los trabajos nacieron ya sea de proyectos o investigaciones en las que participa el cuerpo académico, así como de iniciativas de los propios estudiantes. La principal fortaleza del curso fue la posibilidad para las y los alumnos desarrollar una aplicación práctica en Bioestadística, debiendo enfrentarse a problemas y decisiones con datos reales, en el mundo real. Queremos compartir los resúmenes de estos trabajos, los que se detallan a continuación.

Plataforma Interactiva para la Visualización de Indicadores de Género en Salud

Estudiante: Vaitiare Arriagada Lizana

Tutora: Sandra Flores Alvarado

Introducción. El Observatorio de Equidad de Género en Salud (OEGS) requiere monitorear indicadores específicos sobre problemáticas de género en salud. Estos indicadores se encuentran disponibles en el Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS), del Ministerio de Salud, entre una extensa oferta de datos, lo que dificulta su identificación y acceso para análisis focalizados, limitando así su utilización efectiva en la formulación de políticas públicas con perspectiva de género.

Objetivos. Desarrollar visualizadores interactivos para el OEGS que faciliten el acceso a indicadores de género en salud para organizaciones de la sociedad civil y tomadores de decisión. Específicamente, crear herramientas que consoliden selectivamente información relevante y permitan su análisis exploratorio.

Métodos. Se elaboraron tres aplicaciones *Shiny* en R que procesan matrices de indicadores del DEIS previamente seleccionadas por el OEGS. La plataforma integra: procesamiento automatizado de archivos Excel, visualización temporal interactiva con análisis de tendencias mediante regresión lineal, comparación automática de indicadores desagregados por sexo, y simulación de datos regionales cuando la información desagregada no está disponible.

Resultados. Se desarrollaron: (1) Visualizador Universal (<https://vaitearliz.shinyapps.io/visualizador-final/>) para análisis temático-temporal; (2) Visualizador por Sexo (<https://vaitearliz.shinyapps.io/visualizador-sexo/>) para identificación de brechas de género; y (3) Visualizador Regional para comparación territorial. El sistema reduce significativamente el tiempo requerido para análisis exploratorio y se ha validado como herramienta práctica para el monitoreo epidemiológico con perspectiva de género.

Conclusiones. Esta plataforma especializada responde a la necesidad de cerrar brechas de acceso a información sobre equidad de género en salud, funcionando como puente entre datos técnicos y los requerimientos de diversos actores sociales. Demuestra cómo la bioestadística aplicada, combinada con interfaces intuitivas, puede transformar datos complejos en evidencia visual accionable para la toma de decisiones informadas en salud pública.

Estudio de la variabilidad informativa del *Brief Emotional Intelligence Inventory EQ-i-M20* mediante entropía de Shannon

Estudiante: Edna Carolina Blanco Díaz

Tutor: Sergio Alvarado Orellana

Planteamiento del problema. La entropía de Shannon es una función matemática que permite estudiar la incertidumbre o diversidad de la información y puede emplearse para cuantificar la variabilidad en una distribución de respuestas. En el análisis de escalas tipo Likert la entropía podría brindar insumos valiosos para identificar ítems con alta o baja sensibilidad discriminativa y diferencias en los patrones de respuesta que reflejan variaciones asociadas a la edad, el sexo o nivel educativo.

Objetivo. Estudiar la variabilidad de las respuestas obtenidas en el inventario de Inteligencia Emocional *Brief Emotional Intelligence Inventory EQ-i-M20* mediante la aplicación de la entropía de Shannon.

Metodología. Muestra: el cuestionario fue contestado por 152 personas, 132 mujeres y 20 hombres, con edades comprendidas entre los 26 y 61 años. Instrumento: Se utilizó el Inventario Breve de Inteligencia Emocional, que consta de 20 ítems con opciones de respuesta en una escala tipo Likert en frecuencia: *Nunca me pasa*, *A veces me pasa*, *Casi siempre me pasa*, y *Siempre me pasa*. Evalúa cinco dimensiones de la inteligencia emocional: habilidad intrapersonal, habilidad interpersonal, manejo del estrés, adaptabilidad y estado de ánimo. Procedimiento: Se calculó la Entropía de Shannon para cada ítem. La homogeneidad de Entropía entre subgrupos se evaluó utilizando el estadístico Z_2 para la comparación por sexo y el estadístico Z_4 para las comparaciones por nivel educativo y edad.

Resultados Principales. Los valores de Entropía por ítem oscilaron entre $\hat{H} = 0,892$ y $\hat{H} = 1,721$. En cuanto a la comparación por subgrupos se encontraron diferencias estadísticamente significativas por sexo, edad y nivel educativo. No obstante, fue en las comparaciones según la edad en donde se evidenciaron más diferencias indicando una marcada heterogeneidad.

Modelamiento de la transmisión del dengue para Arica mediante redes de movilidad humana y un enfoque SIR-SEI

Estudiante: Camila Castillo Alonso

Tutora: Sandra Flores Alvarado

El dengue es una enfermedad transmitida por vectores cuya dinámica de propagación depende de la interacción entre la movilidad humana y la distribución espacial del vector *Aedes aegypti*. Los modelos compartimentales clásicos, formulados bajo el supuesto de mezcla homogénea, presentan limitaciones para capturar heterogeneidades espaciales y temporales relevantes a escala urbana. En este contexto, resulta necesario explorar enfoques metodológicos que integren redes de movilidad y representación explícita del vector.

El objetivo de este trabajo fue desarrollar un marco metodológico y una prueba de concepto para un modelamiento de transmisión de dengue en Arica, integrando movilidad humana y distribución del vector.

Se construyó una red dinámica dirigida que representa flujos de movilidad entre zonas territoriales, con atributos temporales en nodos y aristas. Sobre esta red se implementó un modelo SIR para la población humana y un modelo SEI para el vector, incorporando parámetros entomológicos reportados en la literatura, de manera que la dinámica de cada compartimento depende de la interacción humano-vector. Los datos de vigilancia epidemiológica y entomológica fueron considerados como insumo potencial para la calibración futura del modelo. Los resultados obtenidos son principalmente de carácter metodológico. Se logró implementar una red dinámica con más de seis mil nodos y múltiples tiempos de activación, demostrando la factibilidad de integrar movilidad humana y atributos vectoriales en un marco SIR-SEI. Las visualizaciones temporales permitieron identificar cambios estructurales en la conectividad de la red y su potencial impacto en la propagación del contagio.

El enfoque propuesto muestra que es posible avanzar en el estudio de la transmisión del dengue desde una perspectiva de redes dinámicas aún en ausencia de datos entomológicos individuales y de movilidad a nivel de grilla para Arica. Este marco sienta las bases para futuras extensiones orientadas a la calibración con datos reales y al análisis comparativo de escenarios de intervención.

Financiamiento: Proyecto FONIS SA24I0124 «Predicción de transmisión de un potencial brote de dengue en Chile: generando escenarios para la preparación y respuesta» y Beca ANID Magíster Nacional 2025 N° 22250434.

Uso de modelos de regresión logística y árboles de decisión para la clasificación de riesgo de injuria miocárdica en cirugía no cardíaca (MINS)

Estudiantes: Franco Moya Durán, Claudia Negrón Jaramillo

Tutor: Felipe Medina Marín

Problema Clínico y Justificación. La Injuria Miocárdica tras Cirugía No Cardíaca (MINS) es una complicación postanestésica que se asocia con un incremento en la mortalidad, lo que releva la necesidad de encontrar biomarcadores y predictores que permitan la identificación de grupos de riesgo. Se ha propuesto que la prueba de Dilatación Mediada por Flujo (FMD) al evaluar la función endotelial podría ser de utilidad para la predicción de MINS.

Objetivo General. Construir y evaluar modelos de clasificación que permitan predecir el riesgo de Injuria Miocárdica tras Cirugía No Cardíaca (MINS) utilizando los datos de Dilatación Mediada por Flujo (FMD) y otras covariables.

Metodología General. Se utilizó una base de datos de una cohorte de 160 personas sometidas a cirugía no cardíaca. Se utilizó el software R para todos los análisis. Luego del análisis exploratorio de datos se ajustaron dos modelos predictivos: Regresión Logística y Árbol de Clasificación, cuyo rendimiento fue evaluado individual y comparativamente mediante la construcción de curvas ROC y validación cruzada.

Resultados Principales. Se encontró asociación estadísticamente significativa (p -valor $< 0,1$) entre el desenlace MINS y cinco variables: edad, *Score Caprini*, hemoglobina, Delta FMD preoperatorio y Delta FMD postoperatorio, las que se utilizaron para ajustar los modelos. El modelo de Regresión Logística tuvo una sensibilidad de 0,72, especificidad de 0,83 y un AUC de 0,82, utilizando el umbral seleccionado mediante Youden. Por su parte, el Árbol de Clasificación seleccionó como variables de división únicamente la edad y el *Score Caprini*, y alcanzó una sensibilidad de 0,75, una especificidad de 0,8 y un AUC de 0,8.

Financiamiento y agradecimientos: Este análisis estadístico se enmarcó en el proyecto FONIS SA22I0146. Agradecemos a nuestro tutor de taller Felipe Medina M. por su compromiso y orientación, y al investigador principal del proyecto, Dr. Felipe Maldonado, por su disposición y confianza.

Impacto de la detección imperfecta en la estimación de la diversidad alfa: un enfoque basado en modelos de ocupación

Estudiantes: Vicente Robinson Cuadra, Sebastián Ramírez Rebolledo

Tutor: Sergio Alvarado Orellana

La estimación de la diversidad alfa es uno de los objetivos centrales de la Ecología de Comunidades. Esta medida es función de la dinámica poblacional y de la historia evolutiva de las especies que cohabitan en un determinado tiempo y espacio. Sin embargo, el proceso de estimación está doblemente influenciado por el muestreo: por un lado, el azar propio del proceso de muestreo y, por otro, la *detectabilidad*, definida como la probabilidad (π) de registrar individuos de una especie cuando esta está presente. Se ha evidenciado que la detectabilidad imperfecta (i.e., $\pi < 1$) puede sesgar los estimadores de diversidad alfa (e.g., índices de Shannon y Simpson), lo que distorsiona comparaciones temporales o entre sitios. En este contexto, se ha propuesto la corrección por detectabilidad como una alternativa al uso de estimadores de diversidad alfa derivados de la teoría de la información. En este sentido, los modelos de ocupación dinámica de especies proveen una oportunidad para estimar la probabilidad de detectabilidad cuando el muestreo ocurre en múltiples temporadas, como es común en programas de monitoreo ambiental. Así, en este trabajo nos preguntamos cómo la incorporación de la detectabilidad estimada a partir de modelos de ocupación dinámica afecta la estimación de la diversidad alfa mediante los índices de entropía de Shannon y Simpson. Hipotetizamos que la diversidad alfa estimada a partir de frecuencias relativas observadas se encuentra sesgada en presencia de detección imperfecta. Si lo anterior es cierto, entonces los índices de diversidad corregidos por detectabilidad estimada mediante modelos de ocupación serán significativamente distintos de los índices no corregidos. Además, la magnitud de esta diferencia será mayor a medida que la detectabilidad sea más desigual entre especies.

Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad, ANID FB210006.

Implementación de modelos compartimentales de dengue en R

Estudiante: Pablo Valenzuela Carvajal

Tutora: Sandra Flores Alvarado

El dengue (DENV) es uno de los arbovirus de mayor importancia en salud pública, con transmisión endémica en cerca de 100 países tropicales y subtropicales, donde se estima que cerca de 2,5 mil millones de personas están en riesgo. Causado por Flavivirus de ARN con cuatro serotipos, es transmitido principalmente por el mosquito *Aedes aegypti*. Aunque la mayoría de los casos son asintomáticos, una proporción progresa a formas graves, cuyo principal factor de riesgo es una infección previa por un serotipo distinto, fenómeno conocido como potenciación dependiente de anticuerpos (ADE). En Latinoamérica, el dengue ha mostrado un aumento sostenido desde 2022, con incrementos históricos durante 2024. En Chile, aunque los casos continentales corresponden a importaciones, la reintroducción de *A. aegypti* desde 2016 ha reactivado las alertas sanitarias. Las proyec-

nes futuras estiman que más países tendrán riesgo de dengue, y en este sentido los modelos matemáticos son herramientas clave para evaluar posibles escenarios de transmisión. El objetivo de este trabajo es implementar modelos compartimentales de dengue en R con datos disponibles de Chile. Se implementaron modelos clásicos del tipo Ross-McDonald y se realizó una búsqueda bibliográfica de los parámetros para alimentar al modelo. Los modelos se implementaron en R con el paquete ODE y tidyverse. Los datos demográficos se obtuvieron del CENSO 2024, y los datos referentes al vector se obtuvieron de la literatura. Se implementaron tres modelos compartimentales: SEIR-SEI, SIR-SEI y SIR-SI, y se realizó un primer análisis de sensibilidad variando el parámetro correspondiente a la tasa de picadura. Se concluye que los modelos SEIR-SEI y SIR-SEI tienen un comportamiento similar y que todos los modelos son altamente sensibles a la tasa de picadura. Agradecemos al proyecto FONIS SA24I0124 y la beca ANID Magíster Nacional 2025 N° 22251914 por el financiamiento.

Perfil clínico y sociodemográfico de personas chilenas y migrantes con VIH atendidas en la Fundación Arriarán

Estudiante: Esdras Yáñez Larenas
Tutor: Mauricio Fuentes Alburquenque

El virus de inmunodeficiencia humana (VIH) está fuertemente influenciado por los determinantes sociales de la salud, por lo que la caracterización sociodemográfica y clínica de las personas con VIH resulta clave para su abordaje integral. En este contexto, la nacionalidad constituye un factor relevante, particularmente en escenarios con alta población migrante, donde pueden existir diferencias en el acceso y seguimiento de la atención en salud.

El objetivo de este estudio es caracterizar clínica y sociodemográficamente a las personas que viven con VIH, analizando variables como nacionalidad, género, orientación sexual, recuento de linfocitos T CD4+ (LTCD4+), carga viral, cormobilidades, edad y la clasificación del Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Se realizaron análisis descriptivos de las distintas variables, estratificando según nacionalidad.

En el periodo 2014-2023 ingresaron 4491 personas, entre las que se observó una disminución en la proporción de personas chilenas atendidas y un aumento de personas extranjeras. En este periodo, el 87 % correspondió a hombres, de los cuales el 51,5 % eran chilenos y el 35,5 % extranjeros. Las mujeres representaron el 11,07 %, siendo el 3,94 % chilenas y el 7,13 % extranjeras. La mayoría de las personas se identificó como homosexual, concentrándose principalmente en el grupo de hombres, mientras que en las mujeres predominó la orientación heterosexual. El recuento de LTCD4+ al ingreso no presentó una diferencia considerable entre chilenos y extranjeros, con medianas de 335 células/mm³ (Q_1 - Q_3 : 168-525) y 342 células/mm³ (Q_1 - Q_3 : 185-516), respectivamente. Por otro lado, la carga viral al ingreso en chilenos presentó una mediana 44800 copias/mL (Q_1 - Q_3 : 2555-204854), mientras que en extranjeros la mediana fue 33906 copias/mL (Q_1 - Q_3 : 721-164250). La clasificación CDC y cormobilidades mostraron diferencias importantes en las clasificaciones de síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA), pero no entre nacionalidades.

Agradecemos a la Fundación Arriarán y a la Dra. Claudia Cortés por el acceso a los datos de la base CCASA-Net Chile. También agradecemos especialmente a la Dra. Julieta Belmar del Programa de Epidemiología de la Escuela de Salud Pública por su apoyo e ideas.