

SPLINES BAYESIANOS APLICADOS AL ESTUDIO DE LA PREVALENCIA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILÍN RESISTENTE EN LA COMUNIDAD VALENCIANA.

R. Albert^{1,2}, C. Armero^{1,2}, A. López-Quílez^{1,2} y H. Vanaclocha^{2,3}

¹ Universitat de València.

² Centro Superior de Investigación en Salud Pública, CSISP.

³ Área de Epidemiología. Dirección General de Salud Pública. Generalitat Valenciana.

Desde finales de la década de los 70, las enfermedades intrahospitalarias causadas por el *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) han ido aumentando gradualmente. Los tratamientos disponibles son limitados y de muy elevado coste. Este trabajo es parte de un estudio sobre la prevalencia de SARMs en la Comunidad Valenciana basado en datos microbiológicos y demográficos procedentes de la Red de Vigilancia Microbiológica de la Comunidad Valenciana, RedMIVA.

La modelización estadística para el análisis de prevalencia de SARM en muestras infectadas por *Staphylococcus* recurre a los modelos aditivos generalizados con el sexo, el carácter ambulatorio u hospitalario del paciente que ha generado la muestra infectada y el tipo de muestra como factores, y la edad como covariable. La parte aditiva utiliza splines para capturar el comportamiento de la edad. En las distribuciones previas introducimos penalizaciones sobre los coeficientes de los splines mediante distribuciones CAR normales para obtener una mayor suavidad en el ajuste.

El tratamiento estadístico del modelo, con las etapas habituales de selección, ajuste, adecuación y validación, se realiza siempre desde la metodología bayesiana con la ayuda de la librería BRugs dentro del programa R para la utilización de los algoritmos de Markov Chain Monte Carlo (MCMC) que permiten generar muestras de la distribución a posteriori de los parámetros e hiperparámetros del modelo.