
Los modelos de mapeo de enfermedades espacio-temporales se usan ampliamente en estudios de vigilancia de enfermedades (Abellan et al., 2008; Lawson, 2009), cuando el interés es identificar el patrón espacial y temporal de una enfermedad. El mapeo de enfermedades se usa comúnmente con datos de área para evaluar el patrón espacial de una enfermedad en particular e identificar áreas caracterizadas por un riesgo relativo inusualmente alto o bajo. Los datos en este caso son de naturaleza discreta, ya que son los conteos de los casos de contagiados con COVID-19 en cada comunidad de España.

El modelo contempla lo siguiente

$$y_{it} \sim \text{Poisson}(E_{it}\rho_{it})$$

$$\log(\rho_{it}) = b_0 + u_i + v_i + \gamma_t + \varphi_t + \delta_{it},$$

donde b_0 es el intercepto, que cuantifica la tasa de resultado promedio en toda la región de estudio, mientras que v_i es el efecto específico del área modelado como intercambiable. Además, tenemos u_i , otro efecto de área específica, estructurado espacialmente. Sin embargo, el término γ_t representa el efecto estructurado temporalmente, modelado dinámicamente de la siguiente manera

$$\gamma_t | \gamma_{t-1}, \gamma_{t-2} \sim N(2\gamma_{t-1} + \gamma_{t-2}, \sigma^2)$$

mientras que φ_t se especifica mediante una a priori intercambiable gaussiana: $N(0, 1/\tau_\varphi)$. Finalmente, el vector de parámetros δ sigue una distribución gaussiana con una matriz de precisión $\tau_\delta(I \otimes R_\gamma)$, donde R_γ representa la estructura de vecindades especificada, por ejemplo, a través de una caminata aleatoria de primer o segundo orden.