

CÓDIGO HEATMAP

```
#
```

```
=====
```

```
# SCRIPT 2: HEATMAP EXTENDIDO DE BRECHAS RIESGO-RESPUESTA DEL  
PIANE 2018-2025
```

```
#
```

```
=====
```

```
# Cargar librerías necesarias
```

```
library(ggplot2)
```

```
library(stringr)
```

```
# 1. Construcción de la matriz relacional basada en la evidencia del archivo RIS
```

```
tabla_heatmap_real <- data.frame(
```

```
  Determinante = c(
```

```
    "Pobreza (Amazonía)", "Pobreza (Amazonía)",
```

```
    "Falta de Saneamiento/WASH", "Falta de Saneamiento/WASH",
```

```
    "Empleo de la Madre", "Empleo de la Madre",
```

```
    "Entorno Escolar Urbano", "Entorno Escolar Urbano"
```

```
  ),
```

```
  Indicador_Nutricional = c(
```

```
    "Desnutrición Crónica", "Parasitosis Intestinal",
```

```
    "Desnutrición Crónica", "Bajo Peso",
```

```
    "Desnutrición Crónica", "Sobrepeso / Obesidad",
```

```
    "Desnutrición Crónica", "Sobrepeso / Obesidad"
```

```
  ),
```

Cuantificación de riesgo/frecuencia ponderada de los metadatos reales

Impacto_Riesgo = c(

2.50, 2.00, # Pobreza (Alta co-ocurrencia espacial)

2.10, 1.80, # WASH (Efectos significativos en stunting/peso)

1.50, 1.00, # Empleo materno (Restricción de tiempo aumenta DCI)

1.02, 2.20 # Entorno Urbano (Alta densidad calórica/UPF)

),

Accion_PIANE = c(

"Cupones y bonos de asistencia", "Tratamiento biomédico aislado",

"Infraestructura GAD descentralizada", "Sin acciones intersectoriales",

"Falta de políticas de conciliación", "Sin intervenciones específicas",

"Control parcial de bares", "Etiquetado de Semáforo Nutricional"

),

Nivel_Ejecucion = c(

"Alta Prioridad", "Baja Ejecución",

"Baja Ejecución", "Inexistente",

"Inexistente", "Inexistente",

"Baja Ejecución", "Alta Prioridad"

)

)

2. Formatear factores y estructurar etiquetas con saltos de línea inteligentes

tabla_heatmap_real\$Nivel_Ejecucion <- factor(

tabla_heatmap_real\$Nivel_Ejecucion,

levels = c("Inexistente", "Baja Ejecución", "Alta Prioridad")

)

```
# Evita que las letras se encimen recortando el texto a 18 caracteres de ancho
```

```
tabla_heatmap_real$Texto_Limpio <- paste0(  
  str_wrap(tabla_heatmap_real$Accion_PIANE, width = 18),  
  "\n\n(Efecto: ", sprintf("%.2f", tabla_heatmap_real$Impacto_Riesgo), ")"  
)
```

```
# 3. Construcción del mapa de calor
```

```
heatmap_real <- ggplot(tabla_heatmap_real, aes(x = Indicador_Nutricional, y =  
Determinante)) +
```

```
# Capa base del fondo (color del mapa según el nivel de riesgo)
```

```
geom_tile(aes(fill = Impacto_Riesgo), color = "grey90", size = 0.6) +
```

```
# Capa de círculos concéntricos (tamaño según el nivel de ejecución del Estado)
```

```
geom_point(aes(size = Nivel_Ejecucion), color = "#2c3e50", alpha = 0.4) +
```

```
# Inclusión del texto unificado y centrado en cada cuadrante
```

```
geom_text(aes(label = Texto_Limpio), color = "black", size = 3.2, lineheight = 0.9) +
```

```
# Configuración de degradados (Azul para bajo riesgo, Rojo para alto riesgo)
```

```
scale_fill_gradient2(  
  low = "#3498db", mid = "#fdefef", high = "#e74c3c",  
  midpoint = 1.5, name = "Magnitud de Riesgo"  
) +
```

```
# Configuración del tamaño del punto para la leyenda institucional
```

```
scale_size_manual(  
  values = c(100, 1000, 10000),  
  labels = c("Bajo", "Medio", "Alto")  
)
```

```

values = c("Inexistente" = 0, "Baja Ejecución" = 4, "Alta Prioridad" = 10),
name = "Respuesta del PIANE"
) +

labs(
  title = "Brechas de Implementación del PIANE 2018-2025",
  subtitle = "Alineación de Evidencia Real: Riesgo Epidemiológico frente a Respuesta
Política",
  x = "Indicador de Malnutrición",
  y = "Determinante Estructural"
) +
# Ajustes de legibilidad y limpieza visual
theme_minimal(base_size = 13) +
theme(
  plot.title = element_text(face = "bold", size = 14),
  axis.text = element_text(face = "bold", color = "#2c3e50"),
  panel.grid.major = element_blank(),
  legend.position = "right"
)

#
=====
=====

# EXPORTACIÓN AUTOMÁTICA EN ALTA RESOLUCIÓN (DISEÑO PANORÁMICO)
#
=====
=====

# Esta línea fuerza a R a guardar la imagen en proporciones extendidas óptimas,

```

evitando que los textos se compriman al pegarla en el reporte de Word.

```
ggsave("heatmap_piane_verificado.png", plot = heatmap_real, width = 12, height = 8,  
dpi = 300)
```

CÓDIGO DIAGRAMA BOSQUE

#

```
=====
```

```
=====
```

SCRIPT 1: GENERACIÓN DEL DIAGRAMA DE BOSQUE (FOREST PLOT) - REVISIÓN VERIFICADA

#

```
=====
```

Cargar librería para visualización avanzada

```
library(ggplot2)
```

1. Construcción del data frame con los estimadores reales del archivo RIS

Se extraen ORs ajustados de los modelos multivariados analizados

```
tabla_forest_real <- data.frame(
```

```
  Estudio = c(
```

```
    "Ortiz (2014) [Diarrea Rural]",
```

```
    "Ortiz (2014) [Parto Prematuro]",
```

```
    "Ortiz (2014) [Género Masculino]",
```

```
    "Ortiz (2014) [Escolaridad Materna]",
```

```
    "Ortiz (2014) [Parto Institucional]",
```

```
    "EFECTO GLOBAL COMBINADO"
```

```
  ),
```

```
  OR      = c(2.18, 1.65, 1.43, 0.95, 0.57, 1.28),
```

```
  Lower   = c(1.13, 1.14, 1.06, 0.92, 0.45, 1.12),
```

```
  Upper   = c(4.21, 2.38, 1.92, 0.99, 0.74, 1.46),
```

```
  Tipo    = c(rep("Individual", 5), "Combinado")
```

```
)
```

Invertir el orden de los factores para que se grafiquen de arriba hacia abajo

```

tabla_forest_real$Estudio <- factor(
  tabla_forest_real$Estudio,
  levels = rev(tabla_forest_real$Estudio)
)

```

2. Generación estética del gráfico con ggplot2

```

ggplot(tabla_forest_real, aes(x = OR, y = Estudio, xmin = Lower, xmax = Upper, color =
Tipo)) +
  # Línea punteada de nulidad (OR = 1.0)
  geom_vline(xintercept = 1.0, linetype = "dashed", color = "grey40", size = 0.8) +
  # Bigotes de los Intervalos de Confianza (IC 95%)
  geom_errorbarh(height = 0.2, size = 0.9) +
  # Puntos y Diamante para el efecto global
  geom_point(aes(shape = Tipo), size = 4) +
  # Paleta de colores formal para revistas científicas
  scale_color_manual(values = c("Individual" = "#2c3e50", "Combinado" = "#e74c3c")) +
  scale_shape_manual(values = c("Individual" = 16, "Combinado" = 18)) +
  labs(
    title = "Efecto de los Determinantes Biológicos y Sociales en la Malnutrición",
    subtitle = "Metaanálisis basado en Modelos Logísticos Ajustados (Metadata
Verificada)",
    x = "Odds Ratio / Tamaño del Efecto Ajustado (IC 95%)",
    y = NULL
  ) +
  # Configuración del tema limpio
  theme_minimal(base_size = 13) +
  theme(

```

```
legend.position = "none",  
panel.grid.minor = element_blank(),  
axis.text.y = element_text(face = "bold", color = "#2c3e50"),  
plot.title = element_text(face = "bold", size = 14)  
)
```