

Projeto Final

Cristiana Aparecida Nogueira Couto

06/2020

```
library(ggplot2)
library(outbreaks)
library(tidyverse)
```

```
## -- Attaching packages ----- tidyverse 1.3.0 --
```

```
## v tibble  3.0.1    v dplyr    0.8.5
## v tidyr   1.0.2    v stringr 1.4.0
## v readr   1.3.1    v forcats 0.5.0
## v purrr   0.3.4
```

```
## -- Conflicts ----- tidyverse_conflicts() --
```

```
## x dplyr::filter() masks stats::filter()
## x dplyr::lag()    masks stats::lag()
```

```
library(ggraph)
library(tidygraph)
```

```
##
```

```
## Attaching package: 'tidygraph'
```

```
## The following object is masked from 'package:stats':
```

```
##
```

```
##      filter
```

```
data("measles_hagelloch_1861")
```

```
head(measles_hagelloch_1861)
```

```
##   case_ID infector date_of_prodrome date_of_rash date_of_death age gender
## 1      1      45    1861-11-21    1861-11-25      <NA>    7      f
## 2      2      45    1861-11-23    1861-11-27      <NA>    6      f
## 3      3     172    1861-11-28    1861-12-02      <NA>    4      f
## 4      4     180    1861-11-27    1861-11-28      <NA>   13      m
## 5      5      45    1861-11-22    1861-11-27      <NA>    8      f
## 6      6     180    1861-11-26    1861-11-29      <NA>   12      m
##   family_ID class complications x_loc y_loc
## 1      41     1             yes 142.5 100.0
## 2      41     1             yes 142.5 100.0
```

```
## 3      41      0      yes 142.5 100.0
## 4      61      2      yes 165.0 102.5
## 5      42      1      yes 145.0 120.0
## 6      42      2      yes 145.0 120.0
```

#Quantidade de pessoas com erupção cutânea reportadas por dia

```
dates_prodrôme <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(case_ID, date_of_prodrôme) %>%
  group_by(date_of_prodrôme) %>%
  summarise(frequency = n())
```

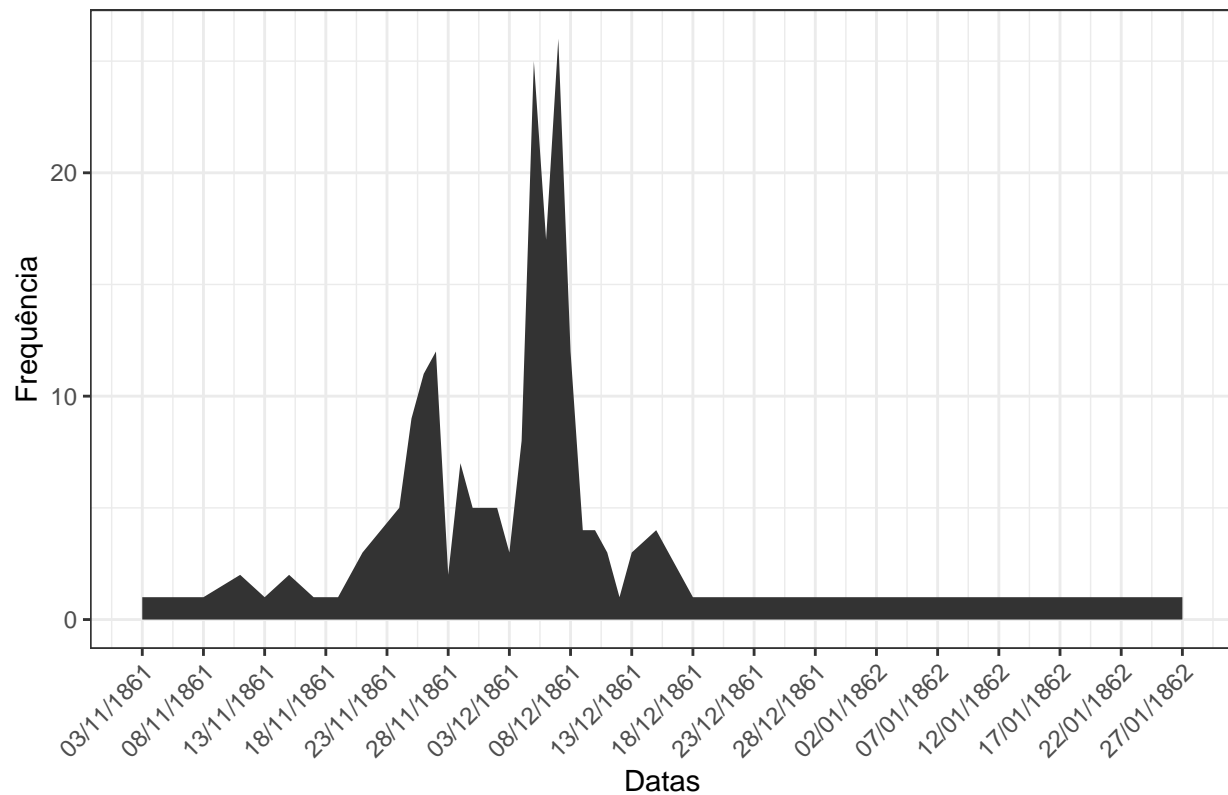
```
dates_prodrôme
```

```
## # A tibble: 36 x 2
##   date_of_prodrôme frequency
##   <date>          <int>
## 1 1861-10-30         1
## 2 1861-11-01         1
## 3 1861-11-07         2
## 4 1861-11-08         1
## 5 1861-11-11         2
## 6 1861-11-12         1
## 7 1861-11-13         1
## 8 1861-11-15         2
## 9 1861-11-17         1
## 10 1861-11-18        1
## # ... with 26 more rows
```

```
dates_rash <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(case_ID, date_of_rash) %>%
  group_by(date_of_rash) %>%
  summarise(frequency = n())
```

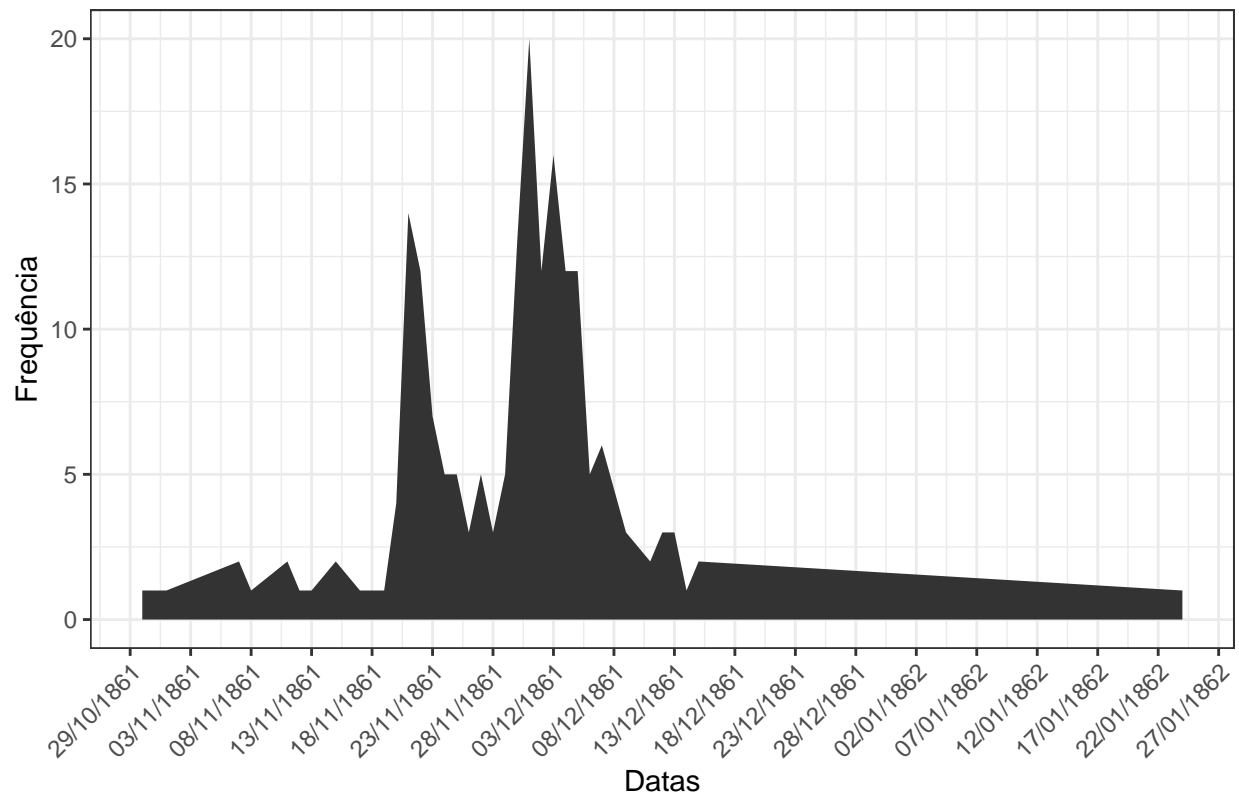
```
ggplot(dates_rash) +
  geom_area(aes(x = date_of_rash, y = frequency)) +
  theme_bw() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
        plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  scale_x_date(date_labels = "%d/%m/%Y", date_breaks = "5 day") +
  labs(x = "Datas", y = "Frequência",
       title = "Pessoas reportadas com erupção cutânea causada por sarampo")
```

Pessoas reportadas com erupção cutânea causada por sarampo



```
ggplot(dates_prondrome) +  
  geom_area(aes(x = date_of_prondrome, y = frequency)) +  
  theme_bw() +  
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),  
        plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +  
  scale_x_date(date_labels = "%d/%m/%Y", date_breaks = "5 day") +  
  labs(x = "Datas", y = "Frequência",  
       title = "Pessoas reportadas com sinais de sarampo")
```

Pessoas reportadas com sinais de sarampo



#Para quantas pessoas cada indivíduo infectado transmitiu a doença?

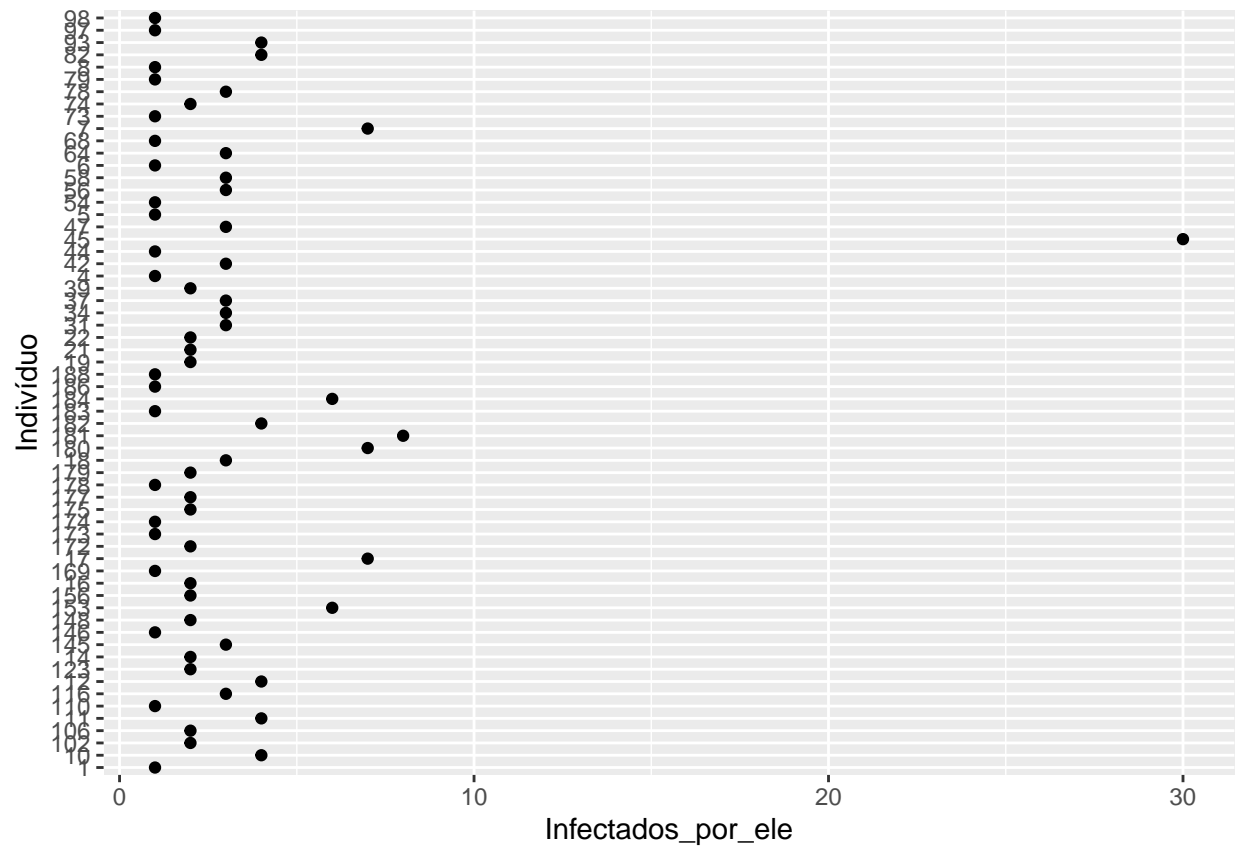
```
infectior <- table(measles_hagelloch_1861$infectior)
infectior <- data.frame(Indivíduo = names(infectior),
                        Infectados_por_ele = as.vector(infectior))
```

```
infectior
```

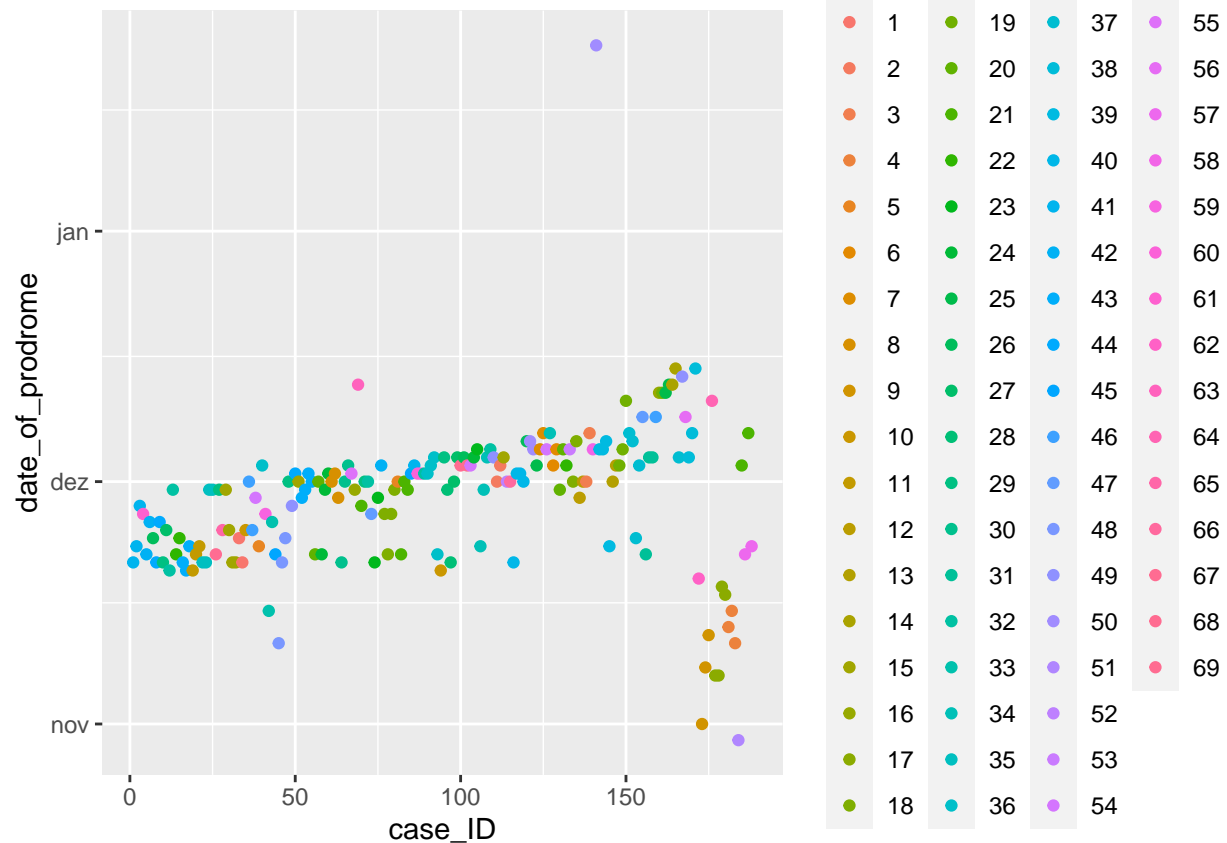
##	Indivíduo	Infectados_por_ele
## 1	1	1
## 2	4	1
## 3	5	1
## 4	6	1
## 5	7	7
## 6	8	1
## 7	10	4
## 8	11	4
## 9	12	4
## 10	14	2
## 11	16	2
## 12	17	7
## 13	18	3
## 14	19	2
## 15	21	2
## 16	22	2
## 17	31	3
## 18	34	3
## 19	37	3

## 20	39	2
## 21	42	3
## 22	44	1
## 23	45	30
## 24	47	3
## 25	54	1
## 26	56	3
## 27	58	3
## 28	64	3
## 29	68	1
## 30	73	1
## 31	74	2
## 32	78	3
## 33	79	1
## 34	82	4
## 35	93	4
## 36	97	1
## 37	98	1
## 38	102	2
## 39	106	2
## 40	110	1
## 41	116	3
## 42	123	2
## 43	145	3
## 44	146	1
## 45	148	2
## 46	153	6
## 47	156	2
## 48	169	1
## 49	172	2
## 50	173	1
## 51	174	1
## 52	175	2
## 53	177	2
## 54	178	1
## 55	179	2
## 56	180	7
## 57	181	8
## 58	182	4
## 59	183	1
## 60	184	6
## 61	186	1
## 62	188	1

```
#Fazer o espaçamento do eixo y maior
ggplot(infeccion) +
  geom_point(aes(x = Indivíduo, y = Infectados_por_ele)) +
  coord_flip()
```



```
#Quantas familias foram afetadas?
ggplot(measles_hagelloch_1861) +
  geom_point(aes(x = case_ID, y = date_of_prodrôme, color = factor(family_ID)))
```



#Encontrando quem é a família do infector

```
infecções_fora_da_familia <- cbind(Family_infectior= measles_hagelloch_1861$family_ID[measles_hagelloch_
  Family_person = measles_hagelloch_1861$family_ID)
```

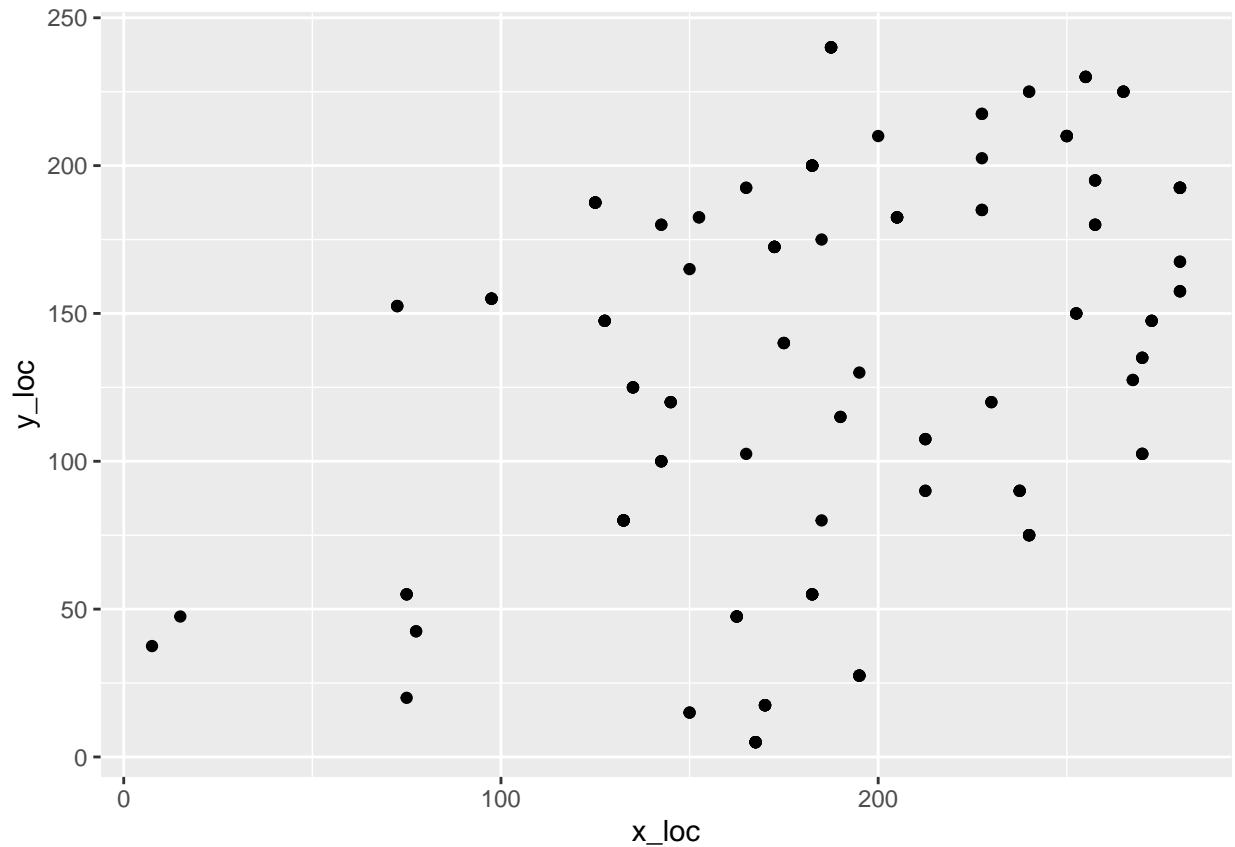
```
head(infecções_fora_da_familia)
```

```
##      Family_infectior Family_person
## [1,]              48             41
## [2,]              48             41
## [3,]              62             41
## [4,]              17             61
## [5,]              48             42
## [6,]              17             42
```

#Os indivíduos que estão na mesma família tem a mesma localização

#Há algo que posso acrescentar na visualização das posições?

```
ggplot(measles_hagelloch_1861) +
  geom_point(aes(x = x_loc, y = y_loc))
```



#ref:
<http://www.hellomister.com.au/data-blog/2019/7/30/creating-an-arc-plot-part-1>

```
infectior_edge <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(infectior, case_ID, class, x_loc, y_loc) %>%
  rename(from = infectior) %>%
  rename(to = case_ID) %>%
  na.omit()

head(infectior_edge)
```

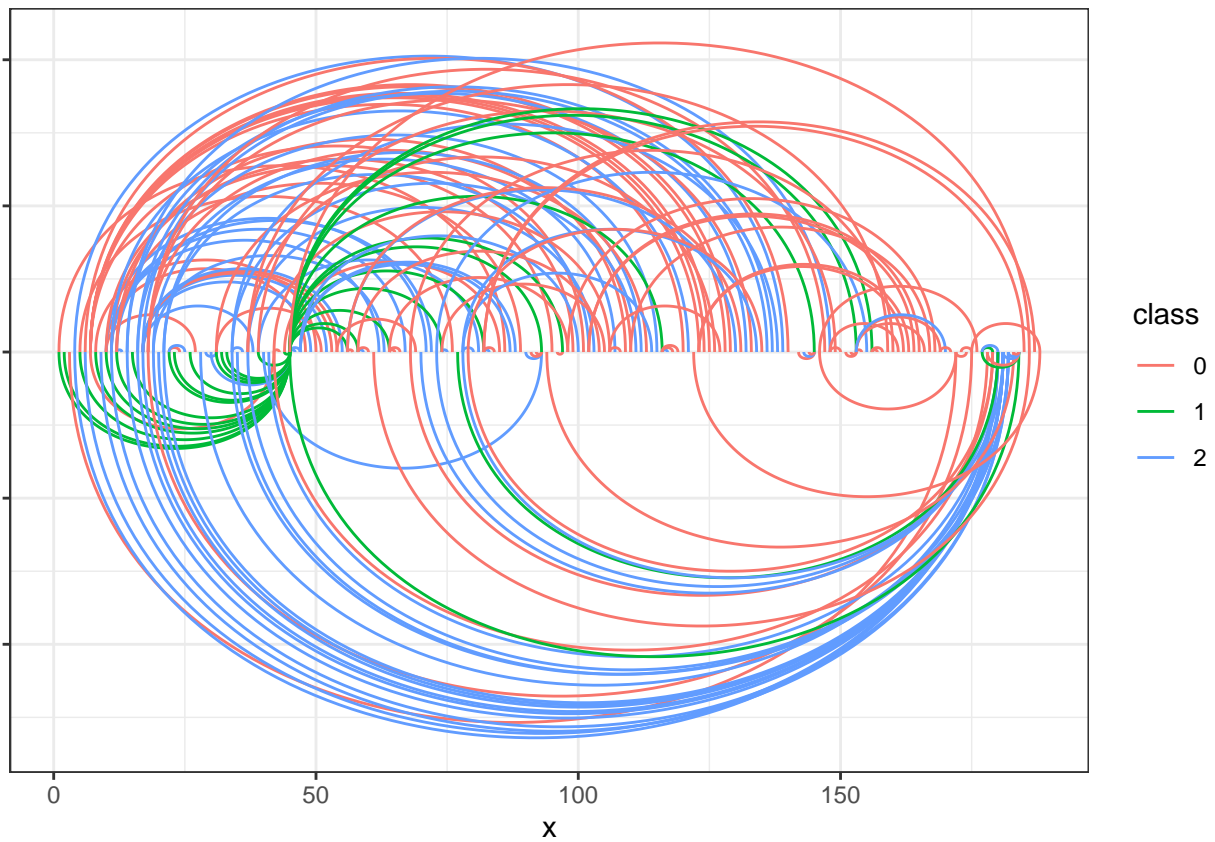
```
##   from to class x_loc y_loc
## 1   45  1     1 142.5 100.0
## 2   45  2     1 142.5 100.0
## 3  172  3     0 142.5 100.0
## 4  180  4     2 165.0 102.5
## 5   45  5     1 145.0 120.0
## 6  180  6     2 145.0 120.0
```

```
#Quem foi infectado por quem?
infectior_tidy <- tbl_graph(edges = infectior_edge, directed = TRUE)
infectior1 <- ggraph(infectior_tidy, layout = 'linear') +
  geom_edge_arc(aes(color = class)) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_blank(),
```



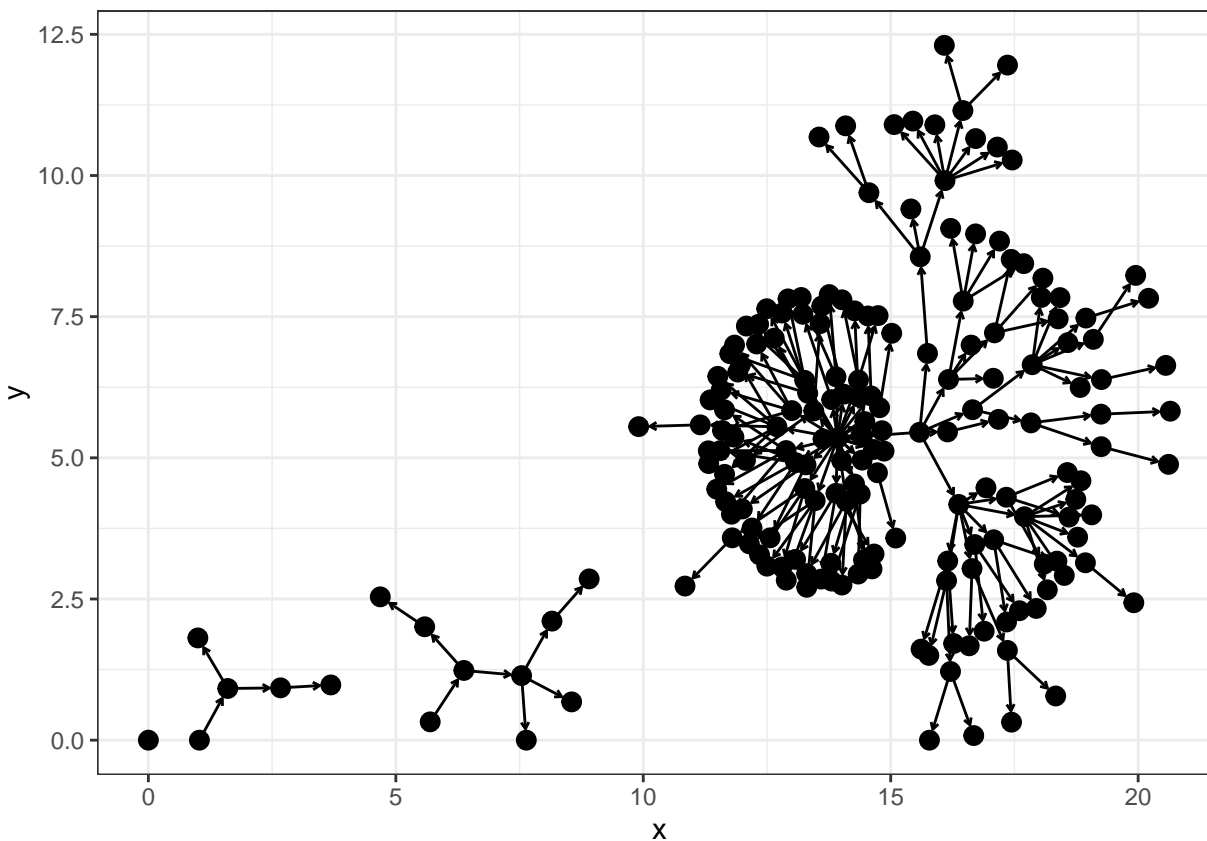
```
axis.text.y = element_blank())
```

```
infector1
```



```
infector2 <- ggraph(infector_tidy, layout = 'stress') +  
  geom_edge_link(arrow = arrow(length = unit(1, 'mm')),  
                 end_cap = circle(1.5, 'mm')) +  
  geom_node_point(size = 3) +  
  theme_bw()
```

```
infector2
```



Perguntas

Quando foi o pico de casos?

Para quantas pessoas cada indivíduo infectado transmitiu a doença?

Quem foi infectado por quem?

Existe alguma infecção fora da esfera familiar?

Qual a localização dos infectados?

Quantos dias em média levam da aparição do primeiro sinal até o início da erupção cutânea?

Quanto tempo durou o surto?

Quantas famílias foram afetadas?