

Projeto Final

Cristiana Aparecida Nogueira Couto

11/06/2020

```
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()
```

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

```
head(measles_hagelloch_1861)
```

```
##   case_ID infector date_of_prodrôme 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_rash <- table(measles_hagelloch_1861$date_of_rash)
```

```
dates_rash <- data.frame(Date = names(dates_rash),
                          Frequency = as.vector(dates_rash))
```

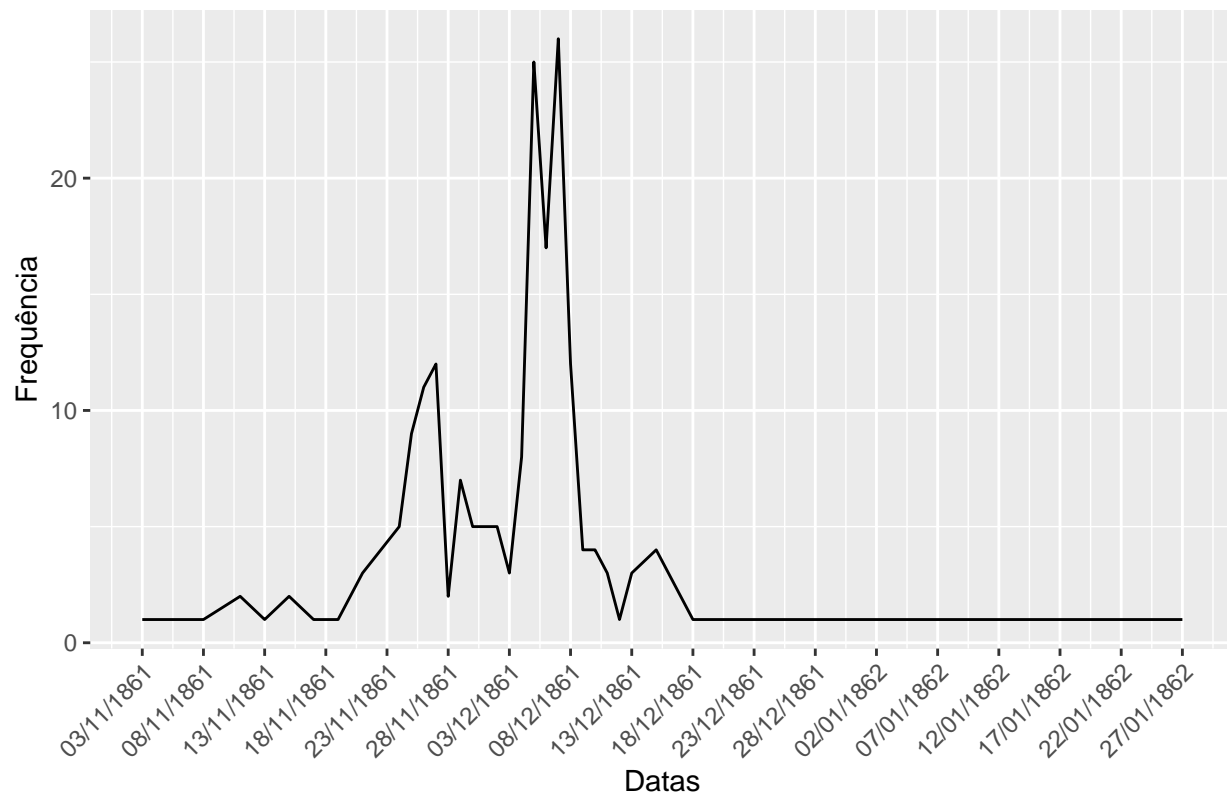
```
dates_rash$Date <- as.Date(dates_rash$Date, format = "%Y-%m-%d")
```

```
dates_rash
```

##	Date	Frequency
## 1	1861-11-03	1
## 2	1861-11-06	1
## 3	1861-11-08	1
## 4	1861-11-11	2
## 5	1861-11-13	1
## 6	1861-11-15	2
## 7	1861-11-17	1
## 8	1861-11-18	1
## 9	1861-11-19	1
## 10	1861-11-21	3
## 11	1861-11-24	5
## 12	1861-11-25	9
## 13	1861-11-26	11
## 14	1861-11-27	12
## 15	1861-11-28	2
## 16	1861-11-29	7
## 17	1861-11-30	5
## 18	1861-12-02	5
## 19	1861-12-03	3
## 20	1861-12-04	8
## 21	1861-12-05	25
## 22	1861-12-06	17
## 23	1861-12-07	26
## 24	1861-12-08	12
## 25	1861-12-09	4
## 26	1861-12-10	4
## 27	1861-12-11	3
## 28	1861-12-12	1
## 29	1861-12-13	3
## 30	1861-12-15	4
## 31	1861-12-16	3
## 32	1861-12-17	2
## 33	1861-12-18	1
## 34	1861-12-19	1
## 35	1862-01-27	1

```
ggplot(dates_rash) +
  geom_line(aes(x = Date, y = Frequency)) +
  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



#Para quantas pessoas cada indivíduo infectado transmitiu a doença?

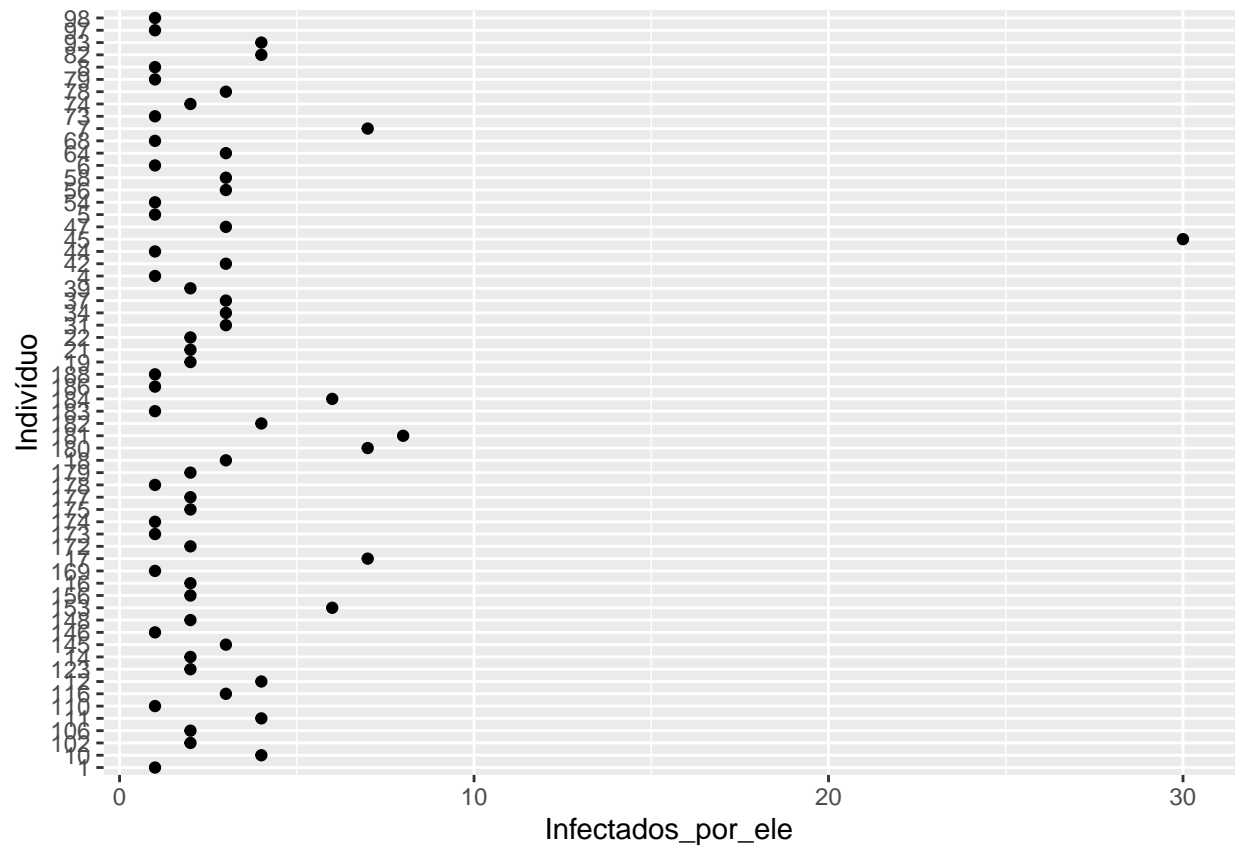
```
infectior <- table(measles_hagelloch_1861$infectior)
infectior <- data.frame(Indivíduo = names(infectior),
                        Infectados_por_ele = as.vector(infectior))
```

```
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()
```



```
#Quem foi infectado por quem?
```

```
#Quantas famílias foram afetadas?
```

```
#Encontrando quem é a família do infector
```

```
infecções_fora_da_familia <- cbind(Family_infectador= measles_hagelloch_1861$family_ID[measles_hagelloch_1861$family_ID != Family_person = measles_hagelloch_1861$family_ID])
```

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

```
#A algo que posso acrescentar na visualização das posições?
```

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

