

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
```

```
library(ggrepel)

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_prodrome <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(case_ID, date_of_prodrome) %>%
  group_by(date_of_prodrome) %>%
  summarise(frequency = n()) %>%
  rename(cases_prodrome = frequency) %>%
  rename(date = date_of_prodrome)
```

dates_prodrome

```
## # A tibble: 36 x 2
##   date      cases_prodrome
##   <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
```

#Plotar os casos acumulados

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

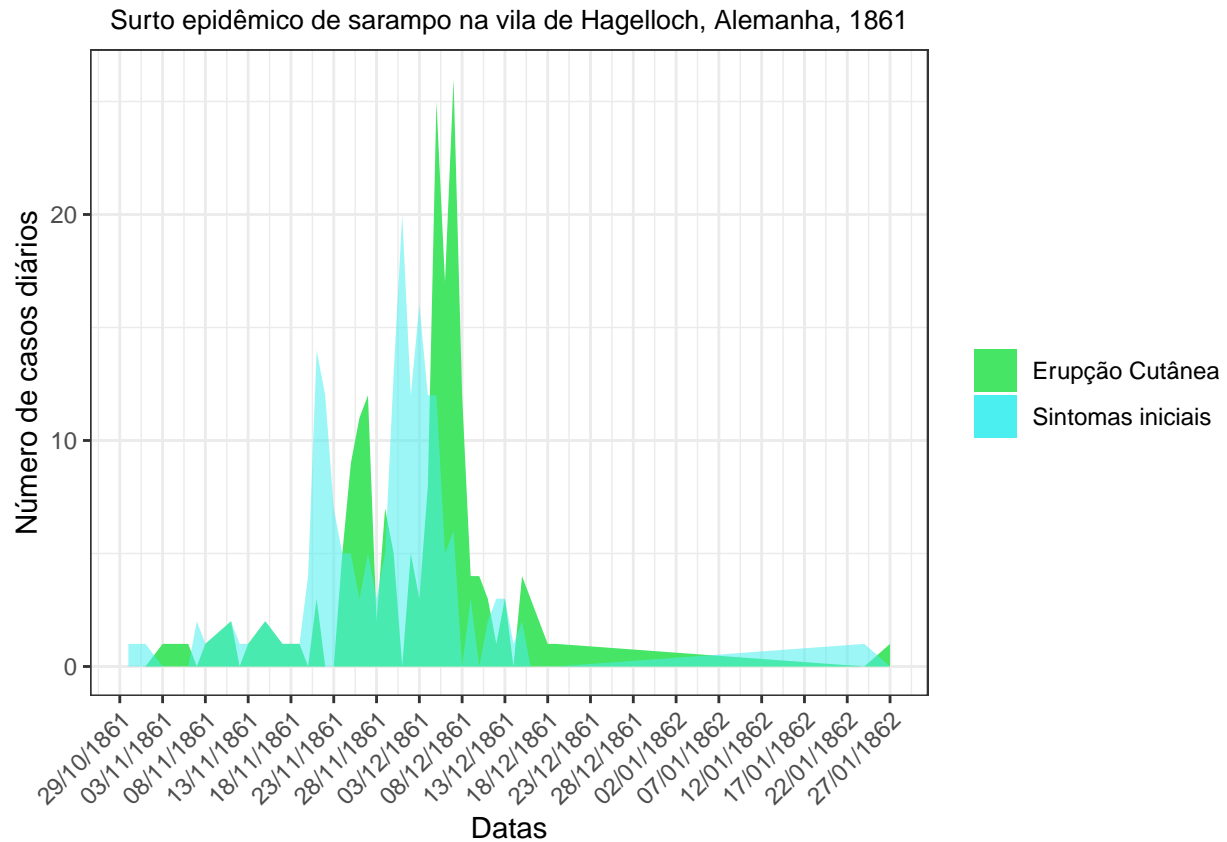
```
dates_all <- full_join(dates_prodrome, dates_rash, by = "date")
dates_all$cases_rash[is.na(dates_all$cases_rash)] <- 0
dates_all$cases_prodrome[is.na(dates_all$cases_prodrome)] <- 0
```

#Casos acumulados

```
#dates_all[, 2:3] <- cumsum(dates_all[, 2:3])
```

```
ggplot(dates_all) +
  geom_area(aes(x = date, y = cases_rash, fill = 'Erupção Cutânea')) +
  geom_area(aes(x = date, y = cases_prodrome, fill = 'Sintomas iniciais', alpha= 0.5)) +
  theme_bw() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
        plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 10)) +
```

```
scale_x_date(date_labels = "%d/%m/%Y", date_breaks = "5 day") +
labs(x = "Datas", y = "Número de casos diários",
title = "Surto epidêmico de sarampo na vila de Hagelloch, Alemanha, 1861") +
scale_fill_manual("", values = c('#46e566', '#4befe5', '#ff8457')) +
guides(alpha = FALSE)
```



```
ggsave(
  filename = "daily_cases.png",
  plot = last_plot(),
  device = NULL,
  path = NULL,
  scale = 1,
  units = c("in", "cm", "mm"),
  dpi = 300,
  limitsize = TRUE)
```

Saving 6.5 x 4.5 in image

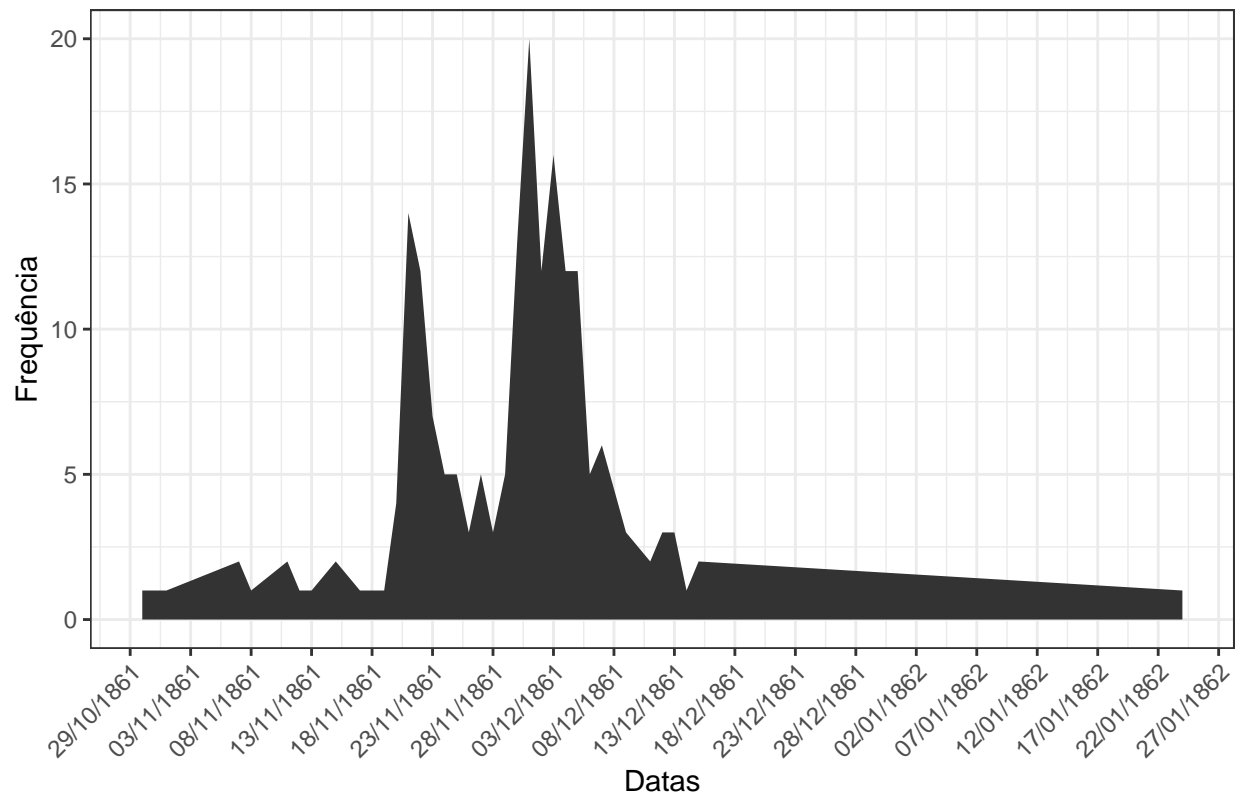
```
ggplot(dates_rash) +
  geom_area(aes(x = date, y = cases_rash), fill = "#46e566") +
  theme_bw() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
  plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  scale_x_date(date_labels = "%d/%m/%Y", date_breaks = "5 day") +
```

```
labs(x = "Datas", y = "Número diário de casos",
title = "Casos reportados de erupção cutânea causada por sarampo")
```



```
ggplot(dates_prondrome) +
  geom_area(aes(x = date, y = cases_prondrome)) +
  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))
```

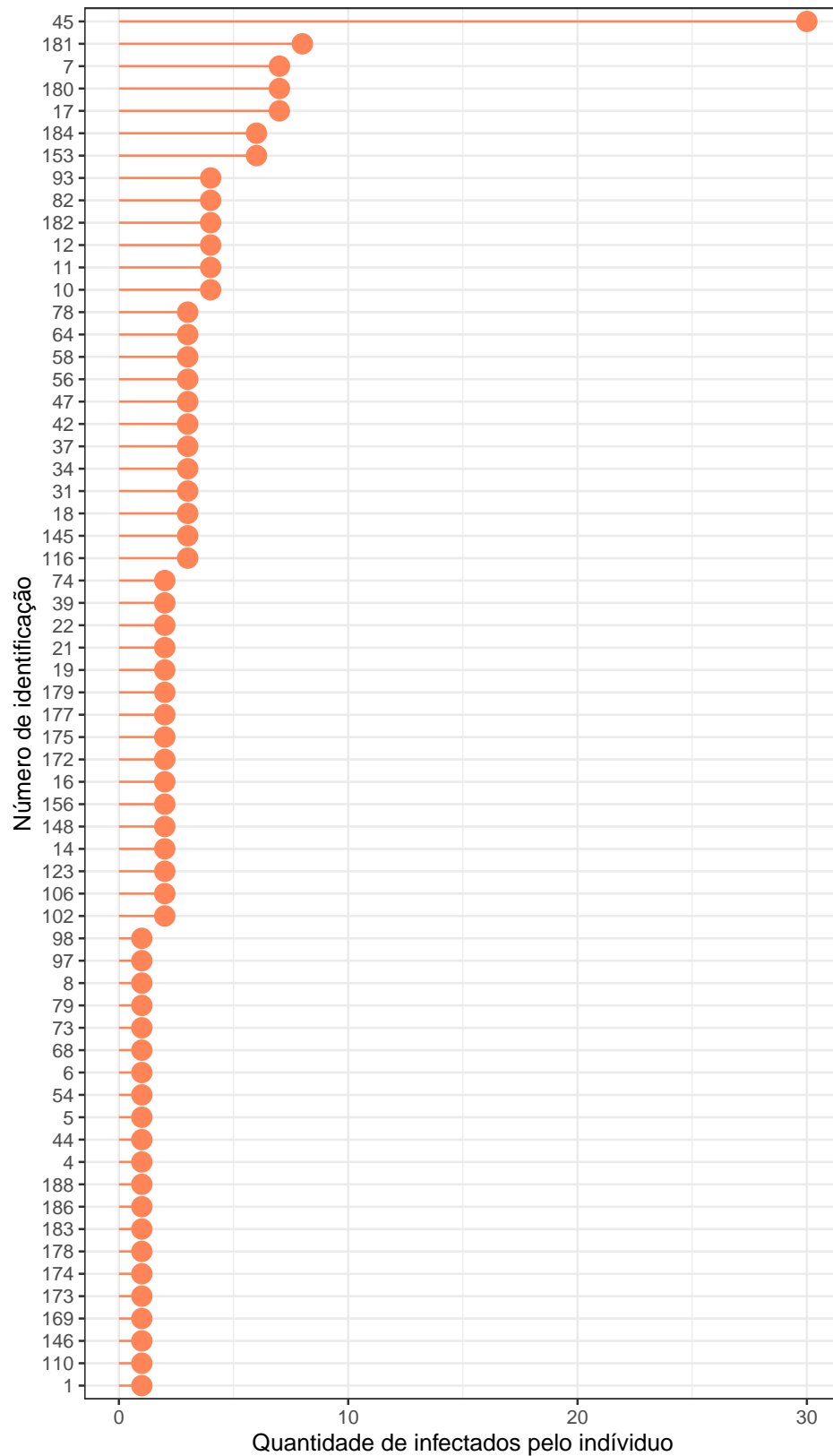
```
infectior
```

| ## | 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 |

```
ggplot(infeccion, aes(x = reorder(Indivíduo, Infectados_por_ele), y = Infectados_por_ele)) +
  geom_segment(aes(xend= Indivíduo,
                  yend = 0), color="#ff8457") +
  geom_point(size= 4, color="#ff8457") +
  theme_bw() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 15)) +
  coord_flip() +
  labs(y = "Quantidade de infectados pelo indivíduo", x = "Número de identificação",
       title = "Quantidade de transmissões de sarampo \n por um indivíduo infectado")
```

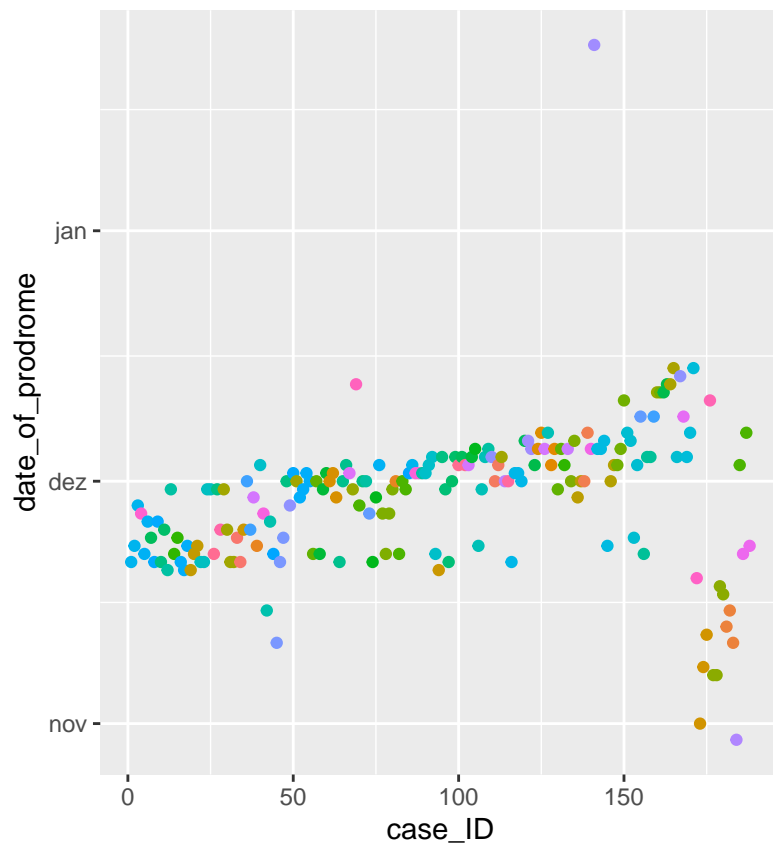
Quantidade de transmissões de sarampo por um indivíduo infectado



```
ggsave(
  filename = "infeccor.png",
  plot = last_plot(),
  device = NULL,
  path = NULL,
  scale = 1,
  width = 5.5,
  height = 10,
  units = c("in", "cm", "mm"),
  dpi = 300,
  limitsize = TRUE)
```

#Quantas famílias foram afetadas?

```
ggplot(measles_hagelloch_1861) +
  geom_point(aes(x = case_ID, y = date_of_prodrôme, color = factor(family_ID)))
```



| | | | |
|----|----|----|----|
| 1 | 19 | 37 | 55 |
| 2 | 20 | 38 | 56 |
| 3 | 21 | 39 | 57 |
| 4 | 22 | 40 | 58 |
| 5 | 23 | 41 | 59 |
| 6 | 24 | 42 | 60 |
| 7 | 25 | 43 | 61 |
| 8 | 26 | 44 | 62 |
| 9 | 27 | 45 | 63 |
| 10 | 28 | 46 | 64 |
| 11 | 29 | 47 | 65 |
| 12 | 30 | 48 | 66 |
| 13 | 31 | 49 | 67 |
| 14 | 32 | 50 | 68 |
| 15 | 33 | 51 | 69 |
| 16 | 34 | 52 | |
| 17 | 35 | 53 | |
| 18 | 36 | 54 | |

#Encontrando quem é a família do infector

```
infecções_fora_da_familia <- cbind(Family_infeccor= measles_hagelloch_1861$family_ID[measles_hagelloch_1861$case_ID %in% 1:150],
  Family_person = measles_hagelloch_1861$family_ID)
```

```
head(infecções_fora_da_familia)
```

```
##      Family_infeccor 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

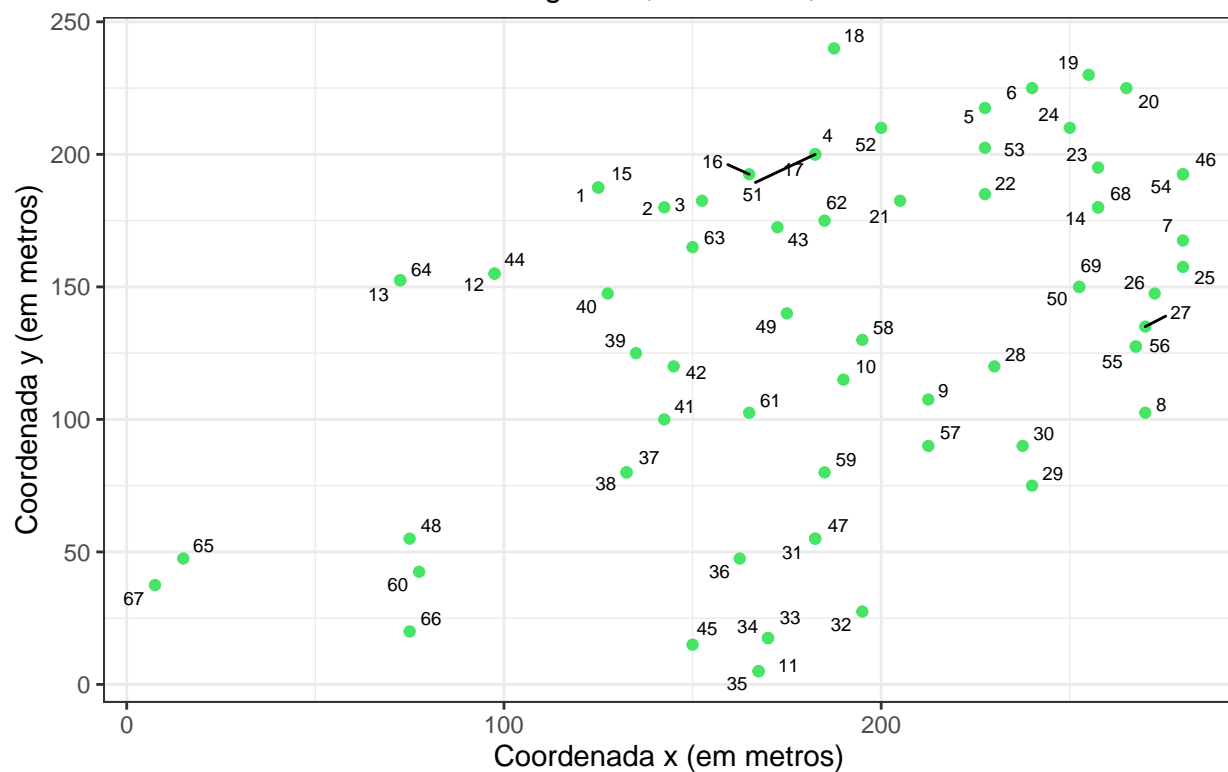
#Há algo que posso acrescentar na visualização das posições? O número da família

```
location <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(x_loc, y_loc, family_ID)
```

```
location <- distinct(location)
```

```
ggplot(location, aes(x = x_loc, y = y_loc,
                     label = family_ID)) +
  geom_point(colour = "#46e566") +
  geom_text_repel(aes(label = family_ID), size = 2.5) +
  theme_bw() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 12)) +
  labs(title = "Localização espacial das casas das famílias afetadas pelo surto de sarampo \n em Hagelloch",
       y = "Coordenada y (em metros)")
```

Localização espacial das casas das famílias afetadas pelo surto de sarampo em Hagelloch, Alemanha, 1861



```
ggsave(
  filename = "location.png",
```

```

plot = last_plot(),
device = NULL,
path = NULL,
scale = 1,
units = c("in", "cm", "mm"),
dpi = 300,
limitsize = TRUE)

```

Saving 6.5 x 4.5 in image

```

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

```

```

nodes <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(case_ID, class)

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

head(infector_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

```

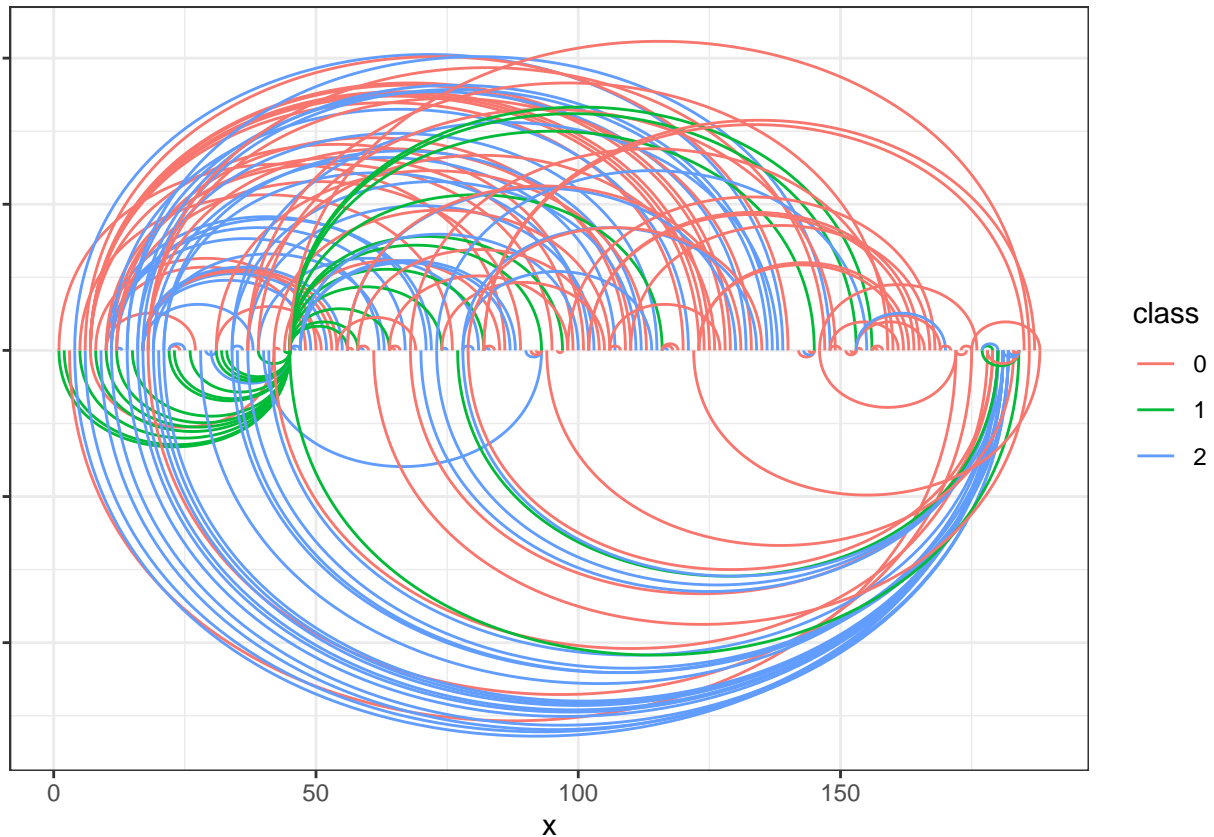
```

#Quem foi infectado por quem?
infector_tidy <- tbl_graph(edges = infector_edge, directed = TRUE, nodes = nodes)

infector1 <- ggraph(infector_tidy, layout = 'linear') +
  geom_edge_arc(aes(color = class)) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_blank(),
        axis.text.y = element_blank())

infector1

```



```

infector_edge45 <- measles_hagelloch_1861 %>%
  select(infector, case_ID, class, x_loc, y_loc) %>%
  rename(from = infector) %>%
  rename(to = case_ID) %>%
  filter(from == 45) %>%
  na.omit()

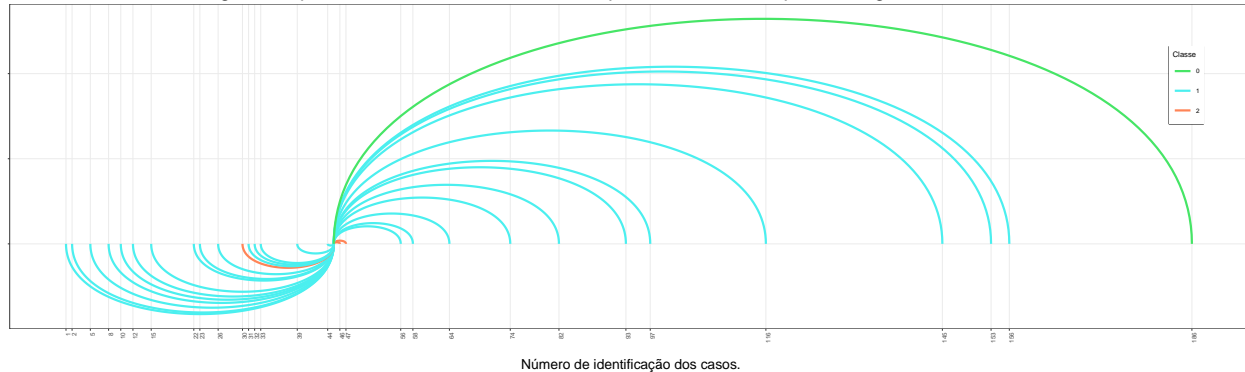
infector_tidy45 <- tbl_graph(edges = infector_edge45, directed = TRUE, nodes = nodes)

infector45 <- ggraph(infector_tidy45, layout = 'linear') +
  geom_edge_arc(aes(colour = class), width = 1.5) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_blank(),
        axis.text.y = element_blank(),
        axis.title.x = element_text(size = 20),
        panel.grid.minor = element_blank(),
        plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 30),
        axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1),
        legend.key.size = unit(1, "cm"),
        legend.box.background = element_rect(colour = "black"),
        legend.position = c(0.95, 0.75)) +
  scale_x_continuous(breaks = infector_edge45$to) +
  labs(title = "Casos gerados pelo caso ID 45 durante o surto epidêmico de sarampo em Hagelloch, Alemanha")
scale_edge_colour_manual("Classe", values = c('#46e566', '#4befe6', '#ff8457'))

infector45

```

Casos gerados pelo caso ID 45 durante o surto epidêmico de sarampo em Hagelloch, Alemanha, 1861



```
ggsave(
  filename = "graph45.png",
  plot = last_plot(),
  device = NULL,
  path = NULL,
  scale = 1,
  width = 25,
  height = 8,
  units = c("in", "cm", "mm"),
  dpi = 300,
  limitsize = TRUE)
```

```
infector2 <- ggraph(infector_tidy, layout = 'kk') +
  geom_edge_link(arrow = arrow(length = unit(1, 'mm')),
    end_cap = circle(1.5, 'mm')) +
  geom_node_point(aes(colour = class), size = 3) +
  geom_node_text(aes(label = case_ID), repel = TRUE) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_blank(),
    axis.text.y = element_blank(),
    axis.text.x = element_blank(),
    axis.title.x = element_blank(),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 20),
    legend.box.background = element_rect(colour = "black"),
    panel.grid.major = element_blank(),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    panel.background = element_blank(),
    legend.position = c(0.95, 0.8)) +
  scale_colour_manual("Classe", values = c('#46e566', '#4befe5', '#ff8457')) +
  labs(title = "Grafo direcionado com os infectados por cada indivíduo diagnosticado com sarampo")
```

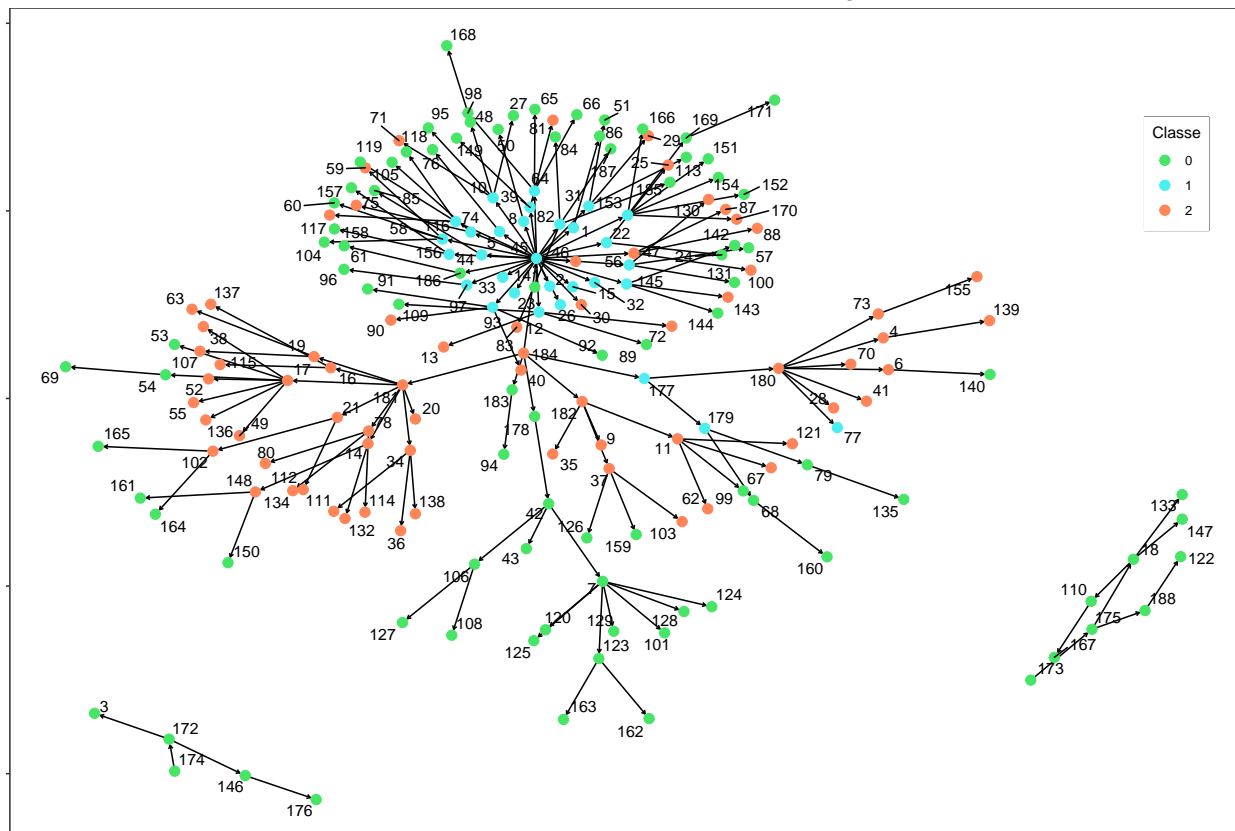
```
infector_tidy
```

```
## # A tibble: 188 nodes and 184 edges
## #
## # A rooted forest with 4 trees
## #
## # Node Data: 188 x 2 (active)
##   case_ID class
##   <int> <fct>
```

```
## 1      1 1
## 2      2 1
## 3      3 0
## 4      4 2
## 5      5 1
## 6      6 2
## # ... with 182 more rows
## #
## # Edge Data: 184 x 5
##   from   to class x_loc y_loc
##   <int> <int> <fct> <dbl> <dbl>
## 1     45    1 1     142.   100
## 2     45    2 1     142.   100
## 3    172    3 0     142.   100
## # ... with 181 more rows
```

```
infectior2
```

Grafo direcionado com os infectados por cada indivíduo diagnosticado com sarampo



Perguntas

Quando foi o pico de casos?

Para quantas pessoas cada indivíduo infectado transmitiu a doença?

Quem foi infectado por quem?

Quais foram as infecções 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?

```
ggsave(  
  filename = "graph.png",  
  plot = last_plot(),  
  device = NULL,  
  path = NULL,  
  scale = 1,  
  width = 15,  
  height = 10,  
  units = c("in", "cm", "mm"),  
  dpi = 300,  
  limitsize = TRUE)
```