

Tarea 5

Noviembre 2022

Ponderación: 12% de la nota final del curso Formato: Desarrollar esta tarea en un RScript, agregando comentarios cuando sea necesario.

Instrucciones:

Usa el siguiente código para cargar la base de datos sobre Covid-19 usados en clase:

```
library("tidyverse")
library("wesanderson")
library("cowplot")
library("lubridate")
library("viridis")
library("ggdark")

path <- url("https://raw.githubusercontent.com/mebucca/dar_soc4001/master/slides/class_12/covid_data.csv")
# leer archivo csv
covid_data <- read_delim(path, delim=";")
```

Referencia: Hasell, J., Mathieu, E., Beltekian, D. et al. A cross-country database of COVID-19 testing. Sci Data 7, 345 (2020). Link

Los datos deben verse así:

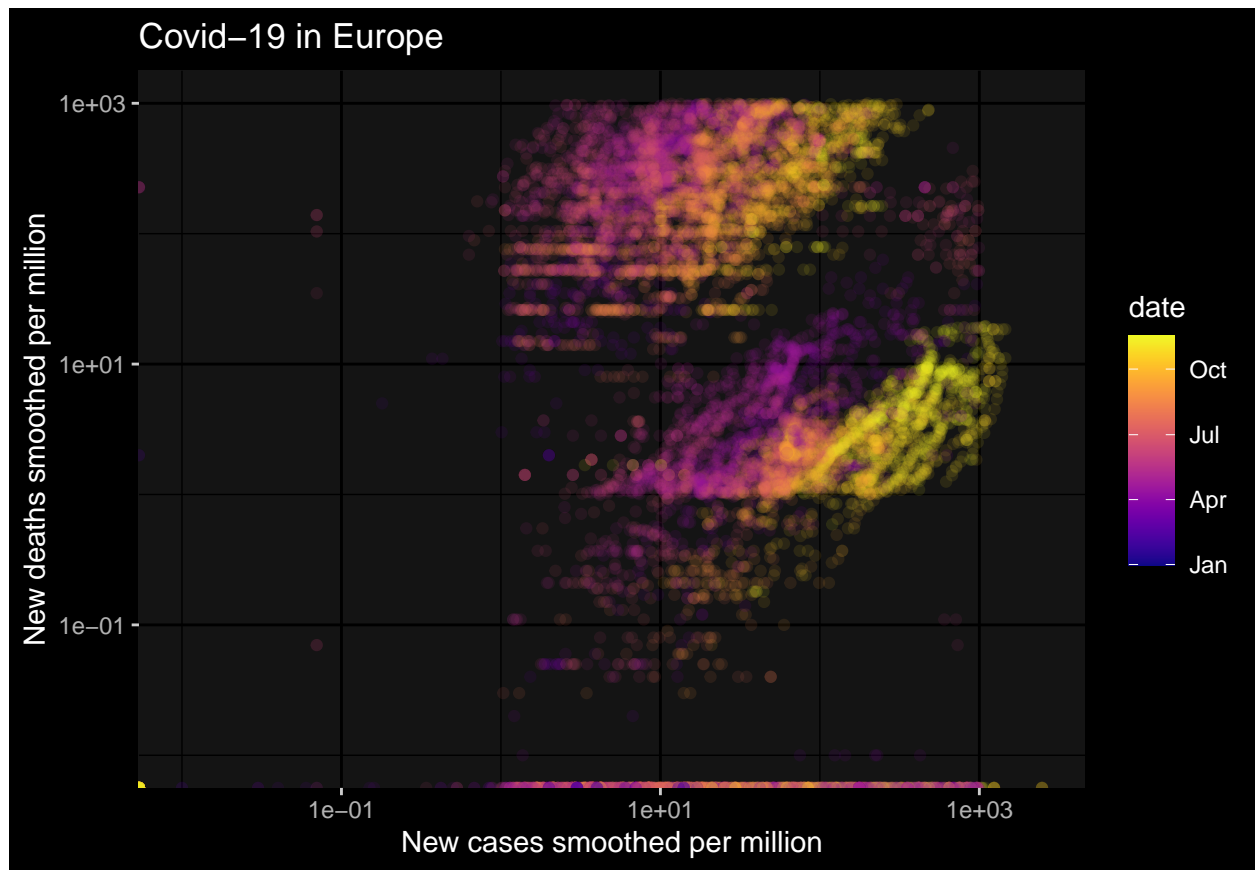
```
## Rows: 56,748
## Columns: 50
## $ iso_code          <chr> "AFG", "AFG", "AFG", "AFG", "AFG", ~
## $ continent        <chr> "Asia", "Asia", "Asia", "Asia", "As~
## $ location         <chr> "Afghanistan", "Afghanistan", "Afgh~
## $ date             <date> 2019-12-31, 2020-01-01, 2020-01-02~
## $ total_cases      <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
## $ new_cases        <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,~
## $ new_cases_smoothed <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 0, 0, 0, 0,~
## $ total_deaths     <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
## $ new_deaths       <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,~
## $ new_deaths_smoothed <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 0, 0, 0, 0,~
## $ total_cases_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
## $ new_cases_per_million <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,~
## $ new_cases_smoothed_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 0, 0, 0, 0,~
## $ total_deaths_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
## $ new_deaths_per_million <dbl> 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,~
## $ new_deaths_smoothed_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 0, 0, 0, 0,~
## $ reproduction_rate <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
## $ icu_patients     <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,~
```

```
## $ icu_patients_per_million      <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ hosp_patients                 <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ hosp_patients_per_million     <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ weekly_icu_admissions         <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ weekly_icu_admissions_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ weekly_hosp_admissions        <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ weekly_hosp_admissions_per_million <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ total_tests                   <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ new_tests                     <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ total_tests_per_thousand      <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ new_tests_per_thousand        <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ new_tests_smoothed            <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ new_tests_smoothed_per_thousand <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ tests_per_case                <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ positive_rate                 <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ tests_units                   <chr> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ stringency_index              <dbl> NA, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, ~
## $ population                   <dbl> 38928341, 38928341, 38928341, 38928~
## $ population_density            <dbl> 54.422, 54.422, 54.422, 54.422, 54.~
## $ median_age                    <dbl> 18.6, 18.6, 18.6, 18.6, 18.6, 18.6, ~
## $ aged_65_older                 <dbl> 2.581, 2.581, 2.581, 2.581, 2.581, ~
## $ aged_70_older                 <dbl> 1.337, 1.337, 1.337, 1.337, 1.337, ~
## $ gdp_per_capita                 <dbl> 1803.987, 1803.987, 1803.987, 1803.~
## $ extreme_poverty               <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ cardiovasc_death_rate          <dbl> 597.029, 597.029, 597.029, 597.029, ~
## $ diabetes_prevalence            <dbl> 9.59, 9.59, 9.59, 9.59, 9.59, 9.59, ~
## $ female_smokers                  <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ male_smokers                    <dbl> NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, ~
## $ handwashing_facilities         <dbl> 37.746, 37.746, 37.746, 37.746, 37.~
## $ hospital_beds_per_thousand     <dbl> 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, ~
## $ life_expectancy                 <dbl> 64.83, 64.83, 64.83, 64.83, 64.83, ~
## $ human_development_index        <dbl> 498, 498, 498, 498, 498, 498, 498, ~
```

Ejercicio

Usando Rmarkdown, produce un reporte lo más parecido posible al documento que estás leyendo.

La figura a continuación usa un **theme** y una paleta de colores de tu preferencia. **Pista:** mi paleta de colores está definida por la siguiente línea de código: `scale_color_viridis(trans = "date", option = "plasma")` y mi theme es `dark_theme_gray()`, del paquete `library("ggdark")`. Ambos ejes están graficados en escala log10.



En el periodo estudiado el promedio de casos nuevos por millón de habitantes en Europa fue de 96.67, mientras que el promedio de muertes nuevas por millón de habitantes fue 86.