

Visualizando Casos de Covid-19 no Brasil e na América do Sul em 2020 e 2021

Fabício Ferreira Caetano Santos

16-08-2021

Contents

1. Importação de Pacotes e Base de Dados	1
2. Manipulação da Base de Dados	1
3. Evolução dos Casos de Covid-19 no Brasil	2
3.1 Quantidade de Casos Acumulados de Covid-19 no Brasil	2
3.2 Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil	3
4. Evolução das Mortes de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021	4
4.1 Mortes Acumuladas de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021	4
4.2 Média Móvel de Mortes no Brasil em 2020 e 2021	5
5. Comparando a Pandemia no Brasil com Países Selecionados da América Latina	6
5.1 Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil e Países Selecionados da América Latina	6

Nesta apresentação, vamos observar a evolução dos casos de Covid-19 no Brasil e em países selecionados da América do Sul. Para isso, utilizaremos três métricas: Casos Acumulados, Mortes e Média Móvel. Através dessas métricas, teremos uma dimensão da situação sanitária do Brasil e de parte da América Latina. Começaremos, portanto, importando os pacotes e o nosso *dataset*. Essa apresentação é 100% replicável, portanto, qualquer pessoa que tenha acesso a este código poderá fazer as mesmas análises.

1. Importação de Pacotes e Base de Dados

Para verificar a evolução dos casos de Coronavírus no Brasil e América Latina, começaremos, primeiramente, importando os pacotes necessários e o *dataset*. Os pacotes que utilizaremos nesta análise são o **readr**, **ggplot2**, **dplyr** e **lubridate** e **zoo**.

```
library(readr)
library(ggplot2)
library(dplyr)
library(lubridate)
library(zoo)
casos_coronavirus <- read_csv("https://github.com/RamiKrispin/coronavirus/raw/master/csv/coronavirus.csv")
```

2. Manipulação da Base de Dados

O nosso *dataset* possui dados da quantidade de casos de Covid-19, mortes e casos recuperados de grande parte dos países do planeta. Depois de importá-lo, temos de recodificar algumas variáveis e manipular algumas variáveis para que nossa análise fique mais “limpa”.

```

casos_coronavirus_ar <- casos_coronavirus %>%
  rename(Data = date,
         País = country,
         Província = province,
         Tipo = type,
         Casos = cases) %>%
  mutate(Tipo = case_when(Tipo == "confirmed" ~ "Confirmado",
                          Tipo == "death" ~ "Morte",
                          Tipo == "recovered" ~ "Recuperado"),
         País = as.factor(País),
         Província = as.factor(Província),
         Tipo = as.factor(Tipo),
         Ano = as.factor(year(Data)))
str(casos_coronavirus_ar) # Verificamos a estrutura do *dataset*

## spec_tbl_df [470,184 x 8] (S3: spec_tbl_df/tbl_df/tbl/data.frame)
## $ Data      : Date[1:470184], format: "2020-01-22" "2020-01-22" ...
## $ Província: Factor w/ 87 levels "Alberta","Anguilla",...: NA NA NA NA NA NA NA NA 5 50 ...
## $ País      : Factor w/ 195 levels "Afghanistan",...: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 9 ...
## $ lat       : num [1:470184] 33.9 41.2 28 42.5 -11.2 ...
## $ long      : num [1:470184] 67.71 20.17 1.66 1.52 17.87 ...
## $ Tipo      : Factor w/ 3 levels "Confirmado","Morte",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ Casos     : num [1:470184] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Ano       : Factor w/ 2 levels "2020","2021": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## - attr(*, "spec")=
## .. cols(
## ..   date = col_date(format = ""),
## ..   province = col_character(),
## ..   country = col_character(),
## ..   lat = col_double(),
## ..   long = col_double(),
## ..   type = col_character(),
## ..   cases = col_double()
## .. )

```

Depois dessas transformações, nosso *dataset* está pronto para que possamos fazer algumas análises. Vamos começar analisando a evolução dos casos de Covid-19 para o Brasil. Mas, antes disso, vamos criar duas colunas. A primeira coluna é a de Casos Acumulados, a qual mostrará a quantidade de casos de Covid acumulados por dia. A segunda coluna será a Média Móvel de Casos de Covid, calculada a cada 7 dias. Faremos esse procedimento tanto para a quantidade de Casos quanto para a quantidade de mortes.

```

casos_coronavirus_brasil <- casos_coronavirus_ar %>%
  select(-Província) %>%
  filter(País == "Brazil", Tipo == "Confirmado") %>%
  group_by(Tipo) %>%
  mutate(Casos_acumulados = cumsum(Casos),
         Média_móvel = rollmean(Casos, 7, align = "center", fill = NA))

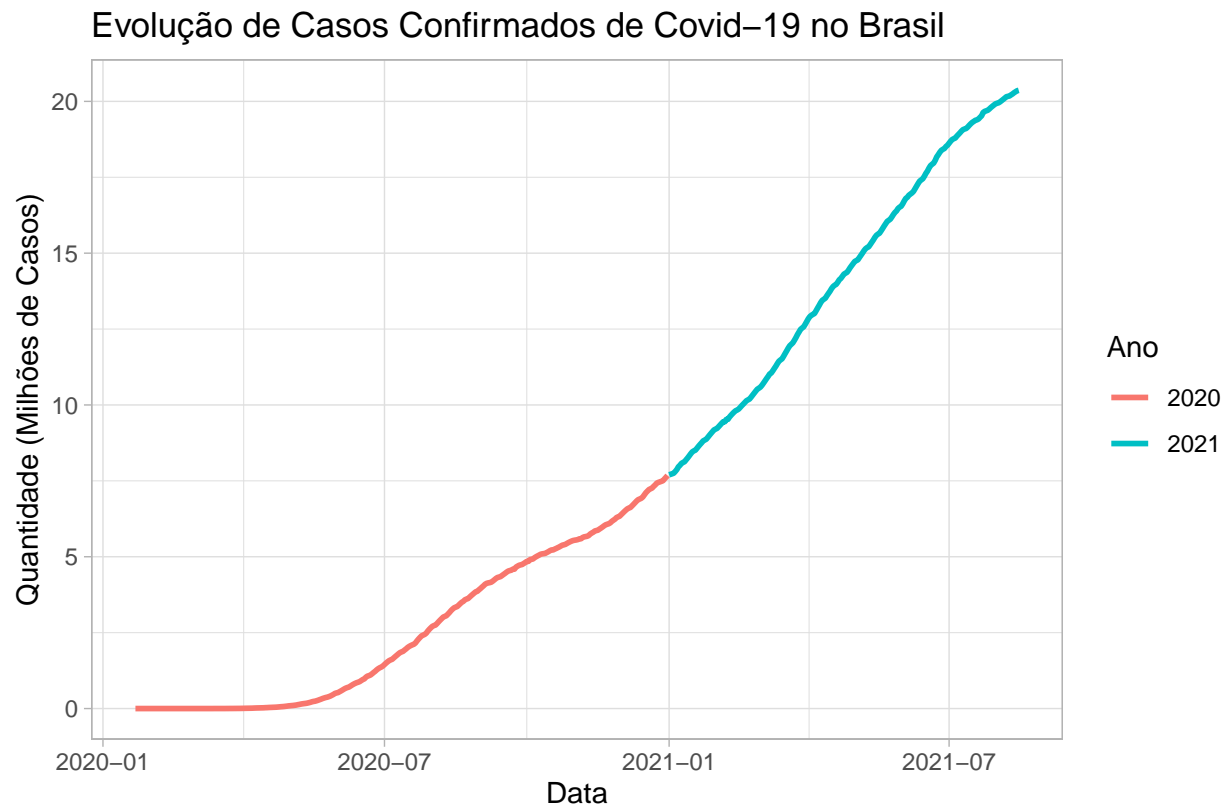
```

3. Evolução dos Casos de Covid-19 no Brasil

3.1 Quantidade de Casos Acumulados de Covid-19 no Brasil

O gráfico abaixo mostra a evolução da quantidade de casos acumulados de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021.

```
ggplot(casos_coronavirus_brasil, aes(x = Data, y = Casos_acumulados/1000000, color = Ano))+
  geom_line(size = 1)+
  #geom_smooth(method = "lm")+
  theme_light()+
  labs(title = "Evolução de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil",
        x = "Data",
        y = "Quantidade (Milhões de Casos)",
        caption = "Fonte: Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```



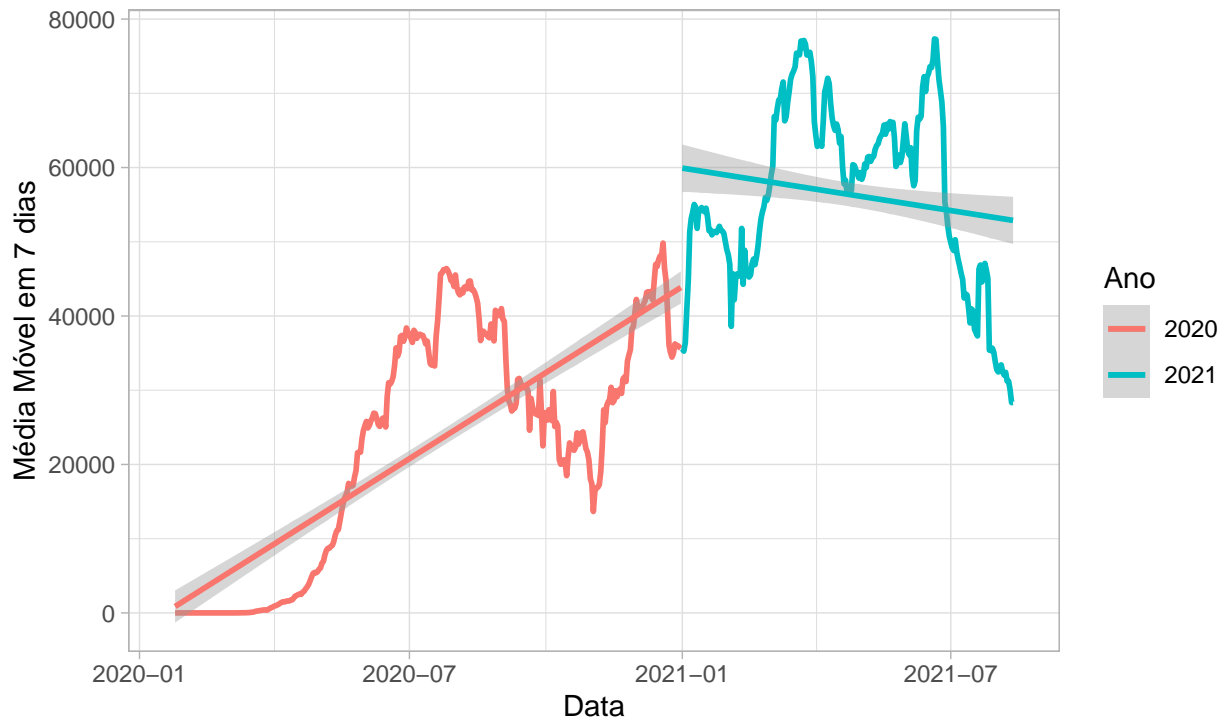
Fonte: Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira

3.2 Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil

O gráfico abaixo mostra a média móvel de mortes de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021. A média móvel foi calculada para um período de 7 dias.

```
ggplot(casos_coronavirus_brasil, aes(x = Data, y = Média_móvel, color = Ano))+
  geom_line(size = 1)+
  geom_smooth(method = "lm")+
  theme_light()+
  labs(title = "Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil em \n 2020 e 2021",
        x = "Data",
        y = "Média Móvel em 7 dias",
        caption = "Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```

Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021



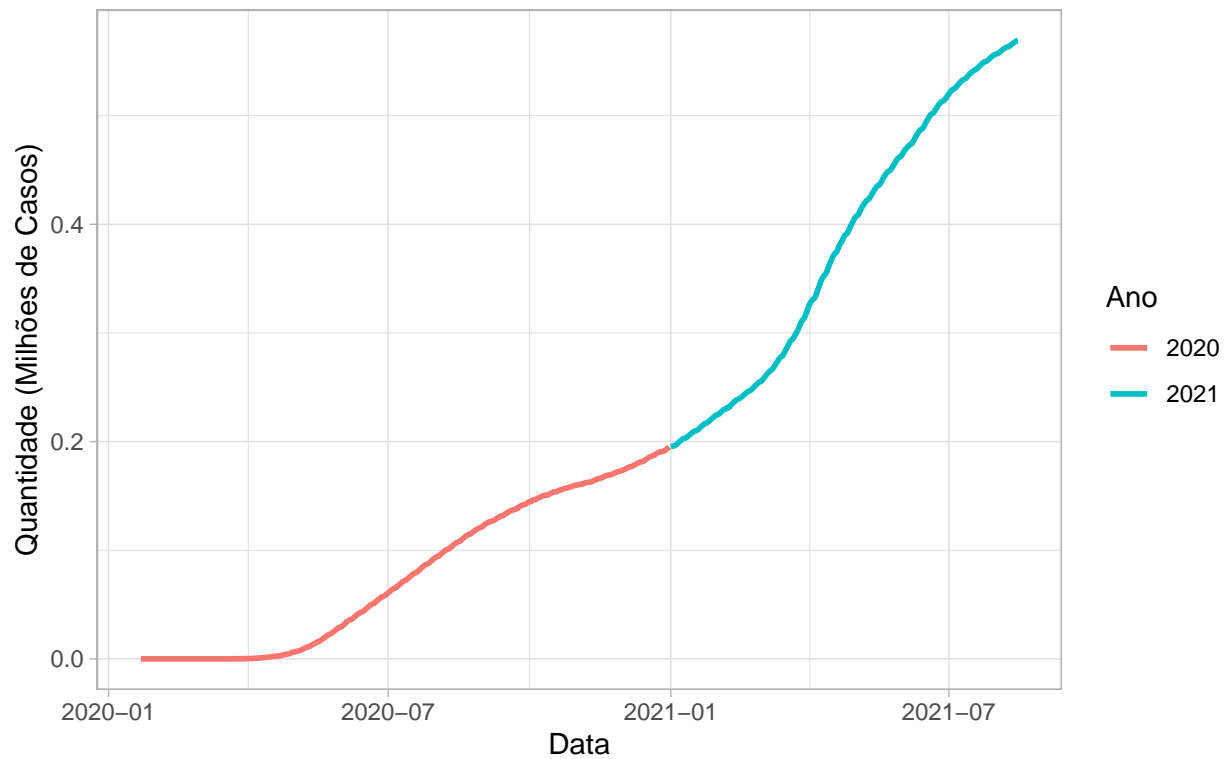
4. Evolução das Mortes de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021

Depois de analisar a evolução da quantidade de casos confirmados de Covid-19 através do cálculo da média móvel e dos casos acumulados em 2020 e 2021, vamos verificar a tendência de mortes ocasionadas pela Covid-19 no Brasil nesses mesmos anos.

4.1 Mortes Acumuladas de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021

```
casos_coronavirus_ar %>%
  select(-Provincia) %>%
  filter(País == "Brazil", Tipo == "Morte") %>%
  group_by(Tipo) %>%
  mutate(Mortes_acumuladas = cumsum(Casos),
         Média_móvel = rollmean(Casos, 7, align = "center", fill = NA)) %>%
  ggplot(aes(x = Data, y = Mortes_acumuladas/1000000, color = Ano))+
  geom_line(size = 1)+
  theme_light()+
  labs(title = "Mortes Acumuladas de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021",
       x = "Data",
       y = "Quantidade (Milhões de Casos)",
       caption = "Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```

Mortes Acumuladas de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021

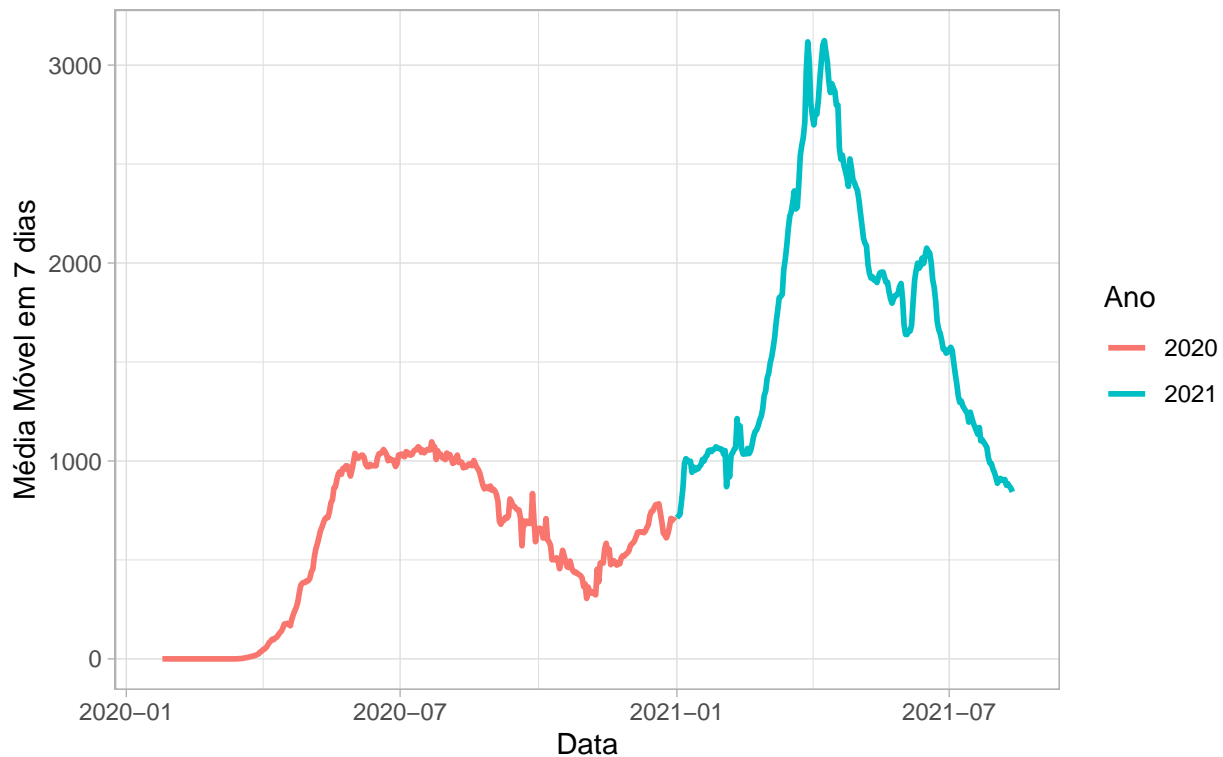


Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira

4.2 Média Móvel de Mortes no Brasil em 2020 e 2021

```
casos_coronavirus_ar %>%
  select(-Provincia) %>%
  filter(País == "Brazil", Tipo == "Morte") %>%
  group_by(Tipo) %>%
  mutate(Casos_acumulados = cumsum(Casos),
         Média_móvel = rollmean(Casos, 7, align = "center", fill = NA)) %>%
  ggplot(aes(x = Data, y = Média_móvel, color = Ano))+
  geom_line(size = 1)+
  theme_light()+
  labs(title = "Média Móvel de Mortes de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021",
       x = "Data",
       y = "Média Móvel em 7 dias",
       caption = "Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```

Média Móvel de Mortes de Covid-19 no Brasil em 2020 e 2021



Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira

E se quisermos comparar a situação da pandemia no Brasil com alguns países da América Latina?

5. Comparando a Pandemia no Brasil com Países Selecionados da América Latina

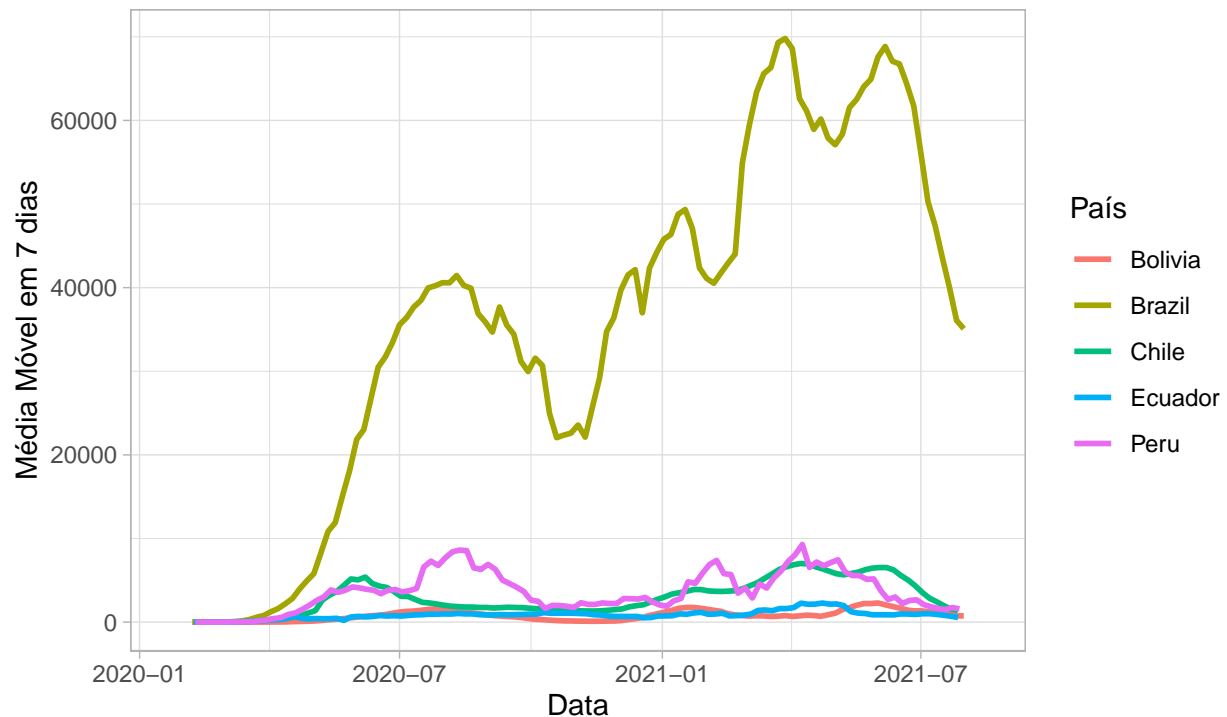
Depois de visualizar a Média Móvel de Casos e Mortes de Covid-19 no Brasil, possivelmente queremos comparar essa métrica com outros países e, assim, observar o desempenho do Brasil no combate à Covid em relação a outros países. Vamos comparar com alguns países da América Latina. Nesse sentido, vamos comparar a média móvel de Casos Confirmados de Covid-19 para o Brasil, Chile, Bolívia, Equador e Peru.

5.1 Média Móvel de Casos Confirmados de Covid-19 no Brasil e Países Selecionados da América Latina

```
América_latina <- c("Chile", "Bolivia", "Ecuador", "Peru", "Brazil")
casos_coronavirus_ar %>%
  select(-Província) %>%
  filter(País == América_latina, Tipo == "Confirmado") %>%
  group_by(País) %>%
  mutate(Média_móvel = rollmean(Casos, 7, align = "center", fill = NA)) %>%
  ggplot(aes(x = Data, y = Média_móvel, color = País))+
  geom_line(size = 1)+
  theme_light()+
  labs(title = "Média Móvel de Casos de Covid-19 na América Latina \n (Países selecionados)",
       x = "Data",
       y = "Média Móvel em 7 dias",
```

```
caption = "Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```

Média Móvel de Casos de Covid-19 na América Latina (Países selecionados)

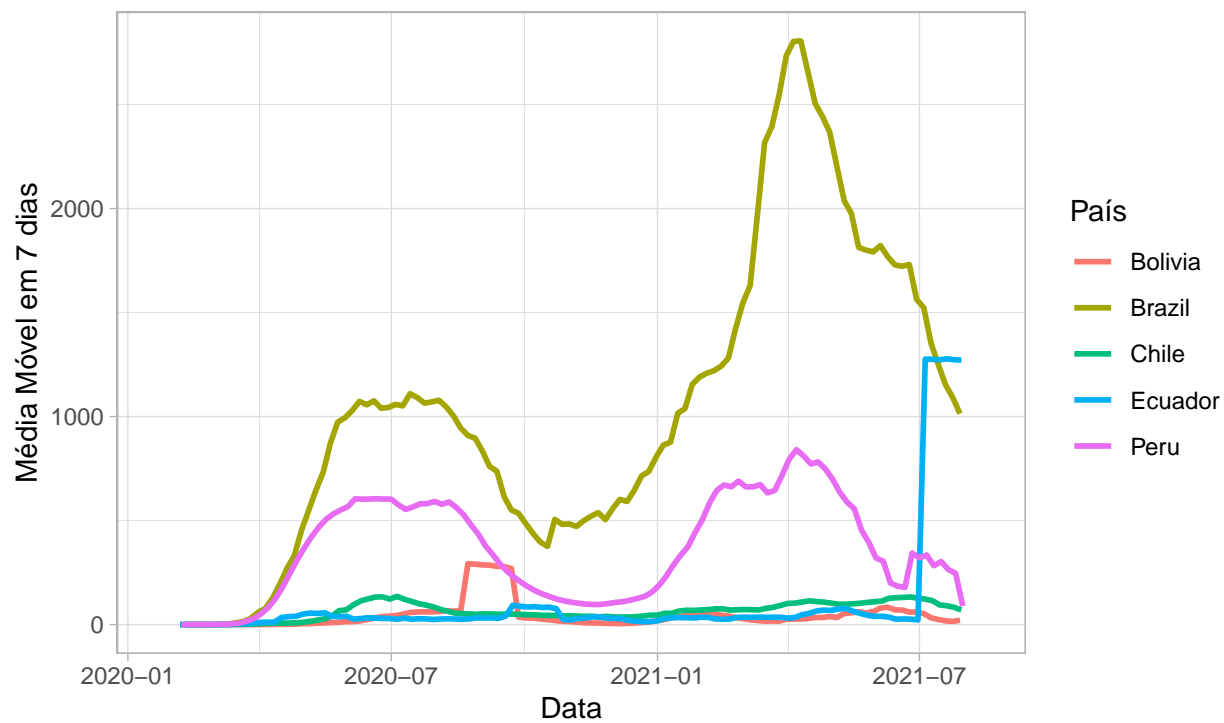


Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira

Como vimos, dentre os países selecionados o Brasil, indiscutivelmente, foi o que apresentou o maior número de Casos absolutos de Covid-19, bem como a maior média móvel no período analisado. Mas, será que se analisarmos a média móvel de mortes, observar-se-á a mesma tendência?

```
casos_coronavirus_ar %>% filter(País == América_latina, Tipo == "Morte") %>%
  group_by(País) %>%
  mutate(Média_móvel = rollmean(Casos, 7, align = "center", fill = NA)) %>%
  ggplot(aes(x = Data, y = Média_móvel, color = País))+
  geom_line(size = 1)+
  theme_light()+
  labs(title = "Média Móvel de Mortes de Covid-19 na América Latina \n (Países selecionados)",
        x = "Data",
        y = "Média Móvel em 7 dias",
        caption = "Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira")
```

Média Móvel de Mortes de Covid-19 na América Latina (Países selecionados)



Fonte: Rami Krispin. Elaboração: Fabrício Ferreira