

Sample Code for Covid19 Data Visualization

Sampo Suzuki, CC 4.0 BY-NC-SA

2021-05-19

Introduction

本資料は Covid19 Japan が独自に収集している陽性者のデータ（個票データ）を集計・可視化するためのサンプルコード例です。データ収集処理のためのソースは ソースリポジトリ（GitHub）、収集・処理したデータは データリポジトリ（GitHub） にて公開¹されています。

¹ ライセンスに関してはリンク先にて確認してください。

Import and tidy

データリポジトリ（GitHub） にて公開されているデータは JSON 形式ですので、読み込みには `jsonlite` パッケージが必要です²。

² `tidyverse` パッケージと共にインストールされます。インストールされていない場合は以下のコードでインストールしてください。

```
install.packages("jsonlite")
```

個票データの読み込み

陽性と判定された陽性判定者（以降、陽性者と記述）単位で記録されている個票データは データリポジトリ（GitHub） から直接読み込めます³が、必ず `raw.githubusercontent.com` のパスを使ってください。 `github.com` パスでは読み込めませんので注意してください。 コードは `read.csv` や `readr::read_csv` を使う場合と同様で下記のようになります。

³ 時間帯によりデータが揃っていない場合があります。その場合は、時間帯を変更するか、前日までのデータを利用してください。

```
df <- "https://raw.githubusercontent.com/reustle/covid19japan-data/master/docs/patient_data/latest.json" %>%  
  jsonlite::fromJSON()
```

読み込んだ個票データを `skimr` パッケージを利用して要約すると下記のようになります⁴。

⁴ 数値と論理型を除き文字型として扱われますので適切な型に変換する必要があります。

```
df %>%
  skimr::skim()
```

Table 1: Data summary

Name	Piped data
Number of rows	711755
Number of columns	17

Column type frequency:	
character	15
logical	1
numeric	1

Group variables	None


Variable type: character

skim_variable	n_missing	complete_rate	min	max	empty	n_unique	whitespace
patientId	0	1.00	1	16	0	699810	0
dateAnnounced	0	1.00	10	10	0	477	0
gender	601035	0.16	1	1	0	2	0
detectedPrefecture	0	1.00	3	15	0	49	0
patientStatus	697689	0.02	8	23	0	8	0
mhlwPatientNumber	711306	0.00	1	11	0	434	0
prefecturePatientNumber	594310	0.17	5	20	0	117436	0
residence	609125	0.14	1	38	0	1429	0
relatedPatients	699168	0.02	2	259	0	7470	0
knownCluster	709221	0.00	3	88	0	235	0
detectedCityTown	682722	0.04	2	22	0	667	0
cityPrefectureNumber	683023	0.04	1	34	0	28723	2
deceasedDate	699850	0.02	10	10	0	427	0
deceasedReportedDate	710470	0.00	10	62	0	209	0
deathSourceURL	710613	0.00	14	123	0	659	0

Variable type: logical

skim_variable	n_missing	complete_rate	mean	count
confirmedPatient	0	1	0.98	TRU: 699809, FAL: 11946

Variable type: numeric

skim_variable	n_missing	complete_rate	mean	sd	p0	p25	p50	p75	p100	hist
ageBracket	601148	0.16	38.01	20.69	0	20	30	50	100	

データ型の変換

個票のデータフォーマット（GitHub）を参考に適切な型⁵に変換するとともに不要な項目を外しておきます。

また、記録には重複や未確定なデータが含まれていますので、これらを外しておく⁶ ことも必要です。

⁵ 日付は日付型、属性は因子型に変換しておくとお処理しやすくなります。

⁶ `confirmedPatient == TRUE` でフィルタリングします。

```
dft <- df %>%
  dplyr::select(
    patientId, date = dateAnnounced, gender, pref = detectedPrefecture,
    patientStatus, knownCluster, confirmedPatient, ageBracket
  ) %>%
  dplyr::filter(confirmedPatient == TRUE) %>%
  dplyr::mutate(
    date = lubridate::as_date(date),
    gender = forcats::as_factor(gender),
    pref = stringr::str_to_lower(pref),
    patientStatus = forcats::as_factor(patientStatus),
    cluster = dplyr::if_else(!is.na(knownCluster), TRUE, FALSE),
    ageBracket = forcats::as_factor(ageBracket)
  )
```

変換結果を要約すると下記のように適切に変換されていることが分かります。

Table 5: Data summary

Name	Piped data
Number of rows	699809
Number of columns	9

Column type frequency:

character	3
Date	1
factor	3
logical	2

Group variables None

Variable type: character

skim_variable	n_missing	complete_rate	min	max	empty	n_unique	whitespace
patientId	0	1	1	16	0	699809	0
pref	0	1	3	15	0	49	0
knownCluster	697304	0	3	88	0	233	0

Variable type: Date

skim_variable	n_missing	complete_rate	min	max	median	n_unique
date	0	1	2020-01-15	2021-05-19	2021-01-21	477

Variable type: factor

skim_variable	n_missing	complete_rate	ordered	n_unique	top_counts
gender	590137	0.16	FALSE	2	M: 61370, F: 48302
patientStatus	697274	0.00	FALSE	8	Hos: 1261, Dec: 373, Hom: 315, Dis: 283
ageBracket	590234	0.16	FALSE	12	20: 29433, 30: 19042, 40: 16089, 50: 14139

Variable type: logical

skim_variable	n_missing	complete_rate	mean	count
confirmedPatient	0	1	1	TRU: 699809
cluster	0	1	0	FAL: 697304, TRU: 2505

都道府県データの読み込みと変換

個票データの都道府県（`detectedPrefecture`）を利用して都道府県に関するデータ⁷をマージすることで、地方などの地域を切り口とした集計が可

⁷ 著者が作成し Gist で公開しているもの。

能になります。 個票データを除く他のデータ⁸とのマージも考慮して項目名や型を適宜変換しておきます。

⁸ Google 感染予測 など

```
prefs <- "https://gist.githubusercontent.com/k-metrics/9f3fc18e042850ff24ad9676ac34764b/raw/f4ea87f429e1ca28627feff94b67c88"
readr::read_csv() %>%
dplyr::mutate(
  # Google の予測データと結合を考慮してコード体系を合わせておく
  japan_prefecture_code = paste0("JP-", `コード`)
) %>%
dplyr::select(
  # Google の予測データと結合するために名称を変更する
  japan_prefecture_code, prefecture_name = pref,
  # 日本語の変数名は扱いにくいので英語名に変更する
  pref = `都道府県`, region = `八地方区分`, pops = `推計人口`
) %>%
dplyr::mutate(
  # 水準ごとに表示させるために因子化する（あらかじめデータをコード順に
  # 並べておくことが因子化の際のポイントのひとつ）
  japan_prefecture_code = forcats::fct_inorder(japan_prefecture_code),
  pref = forcats::fct_inorder(pref),
  region = forcats::fct_inorder(region),
  pops = as.integer(pops)
)
```

48 番目に都道府県を除く空港検疫などからの報告数をまとめるための「空港検疫」を用意してあります。人口 (pops) は千人単位になっています。

Table 10: 都道府県データの一部

japan_prefecture_code	prefecture_name	pref	region	pops
JP-01	hokkaido	北海道	北海道地方	5286
JP-02	aomori	青森県	東北地方	1263
JP-03	iwate	岩手県	東北地方	1241
NA	NA	NA	NA	...
JP-46	kagoshima	鹿児島県	九州地方	1614
JP-47	okinawa	沖縄県	九州地方	1448
JP-48	NA	空港検疫	NA	NA

データの結合

前出の個票データと都道府県データを結合します。結合の際に因子型変数の水準が欠損値となっているものは適宜 `forcats` パッケージを用いて水準を割り当てておきます。

```
x <- dft %>%
dplyr::left_join(prefs, by = c("pref" = "prefecture_name")) %>%
```

```
dplyr::select(-pref) %>%
dplyr::rename(pref = pref.y) %>%
# 因子型の欠損値を水準化しておく
dplyr::mutate(
  japan_prefecture_code = forcats::fct_explicit_na(japan_prefecture_code,
                                                    na_level = "JP-48"),
  pref = forcats::fct_explicit_na(pref, na_level = "空港検疫"),
  region = forcats::fct_explicit_na(region, na_level = "空港検疫"),
  gender = forcats::fct_explicit_na(gender, na_level = "非公表"),
  ageBracket = forcats::fct_explicit_na(ageBracket, na_level = "非公表"),
  patientStatus = forcats::fct_explicit_na(patientStatus,
                                             na_level = "Unknown")
)
```

これで集計対象となる個票データの完成です。

	date	pref	region	ageBracket	gender
1	2020-01-15	神奈川県	関東地方	30	M
2	2020-01-24	東京都	関東地方	40	M
3	2020-01-25	東京都	関東地方	30	F
...	NA	NA	NA	NA	NA
699807	2021-05-19	山形県	東北地方	非公表	非公表
699808	2021-05-19	山形県	東北地方	非公表	非公表
699809	2021-05-19	山形県	東北地方	非公表	非公表

Table 11: 完成した個票データの一部

Data Wrangling

完成した個票データを用いて様々な集計を行います。

日次集計（単純集計）

日付（date）を用いた単純な日次集計を行います。この集計結果は厚生労働省オープンデータの陽性者数データに相当⁹します。

集計には `dplyr::group_by` と `dplyr::summarize(n = n())`¹⁰ を用いることで簡単に計数することができます。ただし、個票データが存在しない日付は計数ができませんので暗黙の欠落（欠損）となり明示的な欠落（欠損）に変換する¹¹ 必要があります。この処理は `tidyr::complete` を用いることで簡単にできます。

```
japan_daily <- x %>%
dplyr::group_by(date) %>%
dplyr::summarise(n = dplyr::n()) %>%
```

⁹ 厚生労働省の場合、途中から個票からの集計を取りやめ各自治体が公表している集計値を積上げたものを公開しています。

¹⁰ `dplyr::count` を用いても同様の結果を得ることができます。

¹¹ Turns implicit missing values into explicit missing values.

```
dplyr::ungroup() %>%
tidyr::complete(
  date = seq.Date(from = min(date), to = max(date), by = "day"),
  fill = list(n = 0L)
)
```

前日差 (diff) ・累計 (cumsum) ・移動平均 (7 日 (ma7) ならびに 28 日 (ma28)) ¹² も求めます。

dplyr::group_by と dplyr::summarize を行った後に続けて処理を行う場合には dplyr::ungroup で必ずアングループしてください。

¹² lagdiff, ma7, ma28 は以下のような関数として定義してあります。

Table 12: 集計結果の一部

date	n
2020-01-15	1
2020-01-16	0
2020-01-17	0
2020-01-18	0
2020-01-19	0
NA	...
2021-05-15	6422
2021-05-16	5261
2021-05-17	3680
2021-05-18	5230
2021-05-19	5768


```
japan_daily <- japan_daily %>%
  dplyr::mutate(
    diff = lagdiff(n), # 前日差
    cum = cumsum(n),   # 累計
    ma7 = ma7(n),      # 移動平均 (7 日)
    ma28 = ma28(n)     # 移動平均 (28 日)
  )
```

```
lagdiff <- function(n) { n -
  dplyr::lag(n, default = 0L) }
ma7 <- function(n) { zoo::rollmeanr(n,
  k = 7L, na.pad = TRUE) }

ma28 <- function(n) {
  zoo::rollmeanr(n, k = 28L, na.pad =
  TRUE) }
```

Table 13: 計算結果の一部

date	n	diff	cum	ma7	ma28
2020-01-15	1	1	1	NA	NA
2020-01-16	0	-1	1	NA	NA
2020-01-17	0	0	1	NA	NA
2020-01-18	0	0	1	NA	NA
2020-01-19	0	0	1	NA	NA
NA
2021-05-15	6422	156	679870	6328.6	5312.9
2021-05-16	5261	-1161	685131	6152.6	5354.6
2021-05-17	3680	-1581	688811	5972.6	5381.7
2021-05-18	5230	1550	694041	5828	5413.4
2021-05-19	5768	538	699809	5643.9	5430.4

クロス集計

都道府県ごとの日次集計、年代別の日次集計など複数の変数の水準ごとの集計をクロス集計と呼びます。このクロス集計も単純集計と同様に `dplyr::group_by` と `dplyr::summarize(n = n())`¹³ で計数することができます。

¹³ 単純集計と同様に `dplyr::count` を用いても同様の結果を得ることができます。

日次・地方区分別集計

地方区分 (region) を `dplyr::group_by` に追加指定するだけでクロス集計ができます。暗黙の欠落 (欠損) を明示的な欠落 (欠損) に変換する場合も `tidyr::complt` に地方区分 (region) を追加するだけ済みます。

```
region_daily <- x %>%
  dplyr::group_by(date, region) %>%
  dplyr::summarise(n = dplyr::n()) %>%
```

```

dplyr::ungroup() %>%
tidyr::complete(
  date = seq.Date(from = min(date), to = max(date), by = "day"), region,
  fill = list(n = 0L)
) %>%
dplyr::group_by(region) %>%
dplyr::mutate(
  diff = lagdiff(n),
  cum = cumsum(n),
  ma7 = ma7(n),
  ma28 = ma28(n)
) %>%
dplyr::ungroup()

```

Table 14: 集計結果の一部

date	region	n	diff	cum	ma7	ma28
2020-01-15	北海道地方	0	0	0	NA	NA
2020-01-15	東北地方	0	0	0	NA	NA
2020-01-15	関東地方	1	1	1	NA	NA
2020-01-15	中部地方	0	0	0	NA	NA
2020-01-15	近畿地方	0	0	0	NA	NA
NA	NA
2021-05-19	近畿地方	1035	-1	168668	1157.6	1623
2021-05-19	中国地方	373	-42	18950	419.9	278.4
2021-05-19	四国地方	50	4	7289	53.4	77.2
2021-05-19	九州地方	972	191	65437	860.3	730
2021-05-19	空港検疫	8	8	2897	6	9.6

日次・都道府県別集計

同様に都道府県別の日次集計を行います。

Visualize

集計結果を可視化してみます。

日次集計の可視化

日次集計データ (`japan_daily`) の単日陽性者数 (`n`)・累計陽性者数 (`cum`)・単日移動平均 (7 日) (`ma7`) を描きます。単日陽性者数は棒グラフ、累計陽性者数と単日移動平均は折線グラフで描きますが、累計の最大値は

Table 15: 集計結果の一部

pref	date	n	diff	cum	ma7	ma28
北海道	2020-01-15	0	0	0	NA	NA
北海道	2020-01-16	0	0	0	NA	NA
北海道	2020-01-17	0	0	0	NA	NA
北海道	2020-01-18	0	0	0	NA	NA
北海道	2020-01-19	0	0	0	NA	NA
NA	NA
空港検疫	2021-05-15	5	2	2870	5.3	10.2
空港検疫	2021-05-16	16	11	2886	7	10.6
空港検疫	2021-05-17	3	-13	2889	5.6	10.2
空港検疫	2021-05-18	0	-3	2889	5	9.7
空港検疫	2021-05-19	8	8	2897	6	9.6

単日や移動平均と 2 桁異なりますので二軸のグラフとして描く必要があります。

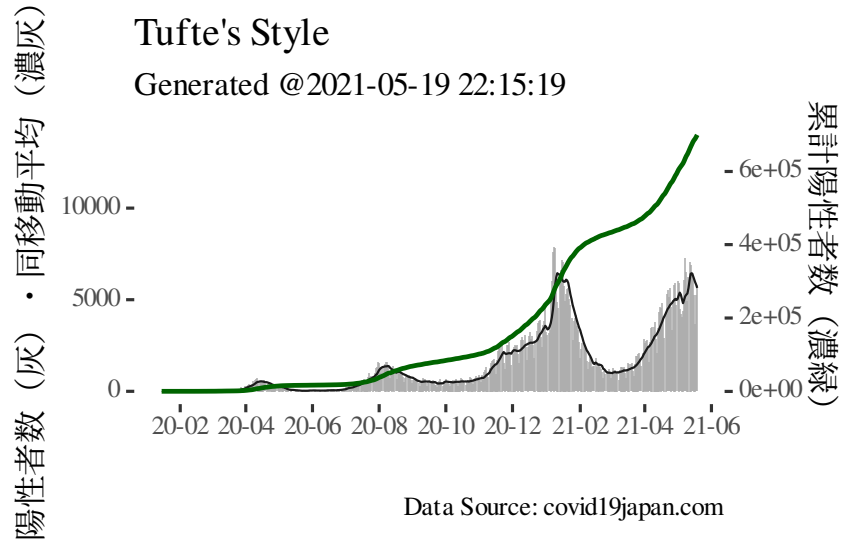
```

title <- "Tufte's Style"
xlab <- ""
ylab <- ""
sec_scale <- 50      # 縦二軸用のスケーリング値
dbreaks <- "2 month" # 横軸目盛りのラベル間隔
dlabels <- "%y-%m"   # 横軸目盛りラベルのフォーマット
axis1 <- "陽性者数（灰）・同移動平均（濃灰）"
axis2 <- "累計陽性者数（濃緑）"

japan_daily %>%
  ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = date)) +
    ggplot2::geom_bar(ggplot2::aes(y = n), stat = "identity", width = 1.0,
                      fill = "dark gray", alpha = 0.75) +
    ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = ma7), linetype = "solid",
                      colour = "gray10", size = 0.35) +
    # 第二軸を利用するグラフを描画する際はスケーリング調整する
    ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = cum / sec_scale),
                      colour = "dark green", size = 0.75) +
    # 横軸表示の指定
    ggplot2::scale_x_date(date_breaks = "1 month", date_labels = "%y/%m") +
    # 二軸表示のための軸属性の指定
    ggplot2::scale_y_continuous(
      # 第一軸のラベル（スケールは自動調整）
      name = axis1,
      # 第二軸の指定（第一軸にスケーリング値をかけたスケール）

```

```
sec.axis = ggplot2::sec_axis(~ . * sec_scale,
                             name = axis2)) +
ggthemes::theme_tufte() +
ggplot2::scale_x_date(date_breaks = dbreaks, date_labels = dlabels) +
ggplot2::labs(title = title, subtitle = subtitle, caption = caption,
              x = xlab, y = ylab)
```



上グラフは `ggthemes::theme_tufte` を適用し Tufte スタイルで描画しています。右側のデフォルトテーマ (`ggplot2::theme_gray`) で描画したグラフと比べるとデータ・インクレシオが高いことが分かります。

Figure 1: 【全国】陽性者数の推移 (単日／累計／移動平均 (7 日))

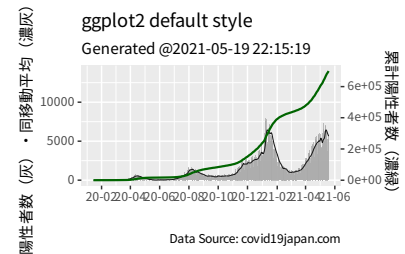


Figure 2: Draw with default theme.

クロス集計の可視化 (地方別)

`ggthemes::theme_tufte` は凡例を非表示にできませんので `ggplot2::theme` を利用して Tufte スタイルに近い設定にします。

```
title <- " 地方別陽性者数の推移"
xlab <- ""
ylab <- ""
sec_scale <- 50      # 縦二軸用のスケール値
ncol <- 3
dbreaks <- "3 month"
dlabels <- "%y-%m"
axis1 <- " 陽性者数 (棒)・同移動平均 (細線) "
axis2 <- " 累計陽性者数 (太線) "
```

```

region_daily %>%
  dplyr::mutate(key = region) %>%
  ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = date)) +
    ggplot2::geom_bar(ggplot2::aes(y = n, fill = key), stat = "identity",
                      alpha = 0.25, width = 1.0) +
    ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = ma7, colour = key),
                      linetype = "solid", size = 0.25) +
    ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = cum / sec_scale, colour = key)) +
    ggplot2::scale_x_date(date_breaks = dbreaks, date_labels = dlabels) +
    ggplot2::theme_gray() +
    ggplot2::theme(panel.grid = ggplot2::element_blank(),
                  panel.background = ggplot2::element_blank(),
                  strip.background = ggplot2::element_blank(),
                  legend.position = "none") +
    ggplot2::facet_wrap(~ key, ncol = ncol, scales = "free_y") +
    ggplot2::scale_y_continuous(
      name = axis1,
      sec.axis = ggplot2::sec_axis(~ . * sec_scale, name = axis2)) +
    ggplot2::labs(title = title, subtitle = subtitle, caption = caption,
                  x = xlab, y = ylab)

```

クロス集計の可視化（都道府県別）

```

title <- " 都道府県別陽性者数の推移"
xlab <- ""
ylab <- ""
sec_scale <- 50      # 縦二軸用のスケール値
ncol <- 4
dbreaks <- "3 month"
dlabels <- "%y-%m"
axis1 <- " 陽性者数（棒）・同移動平均（細線）"
axis2 <- " 累計陽性者数（太線）"

```

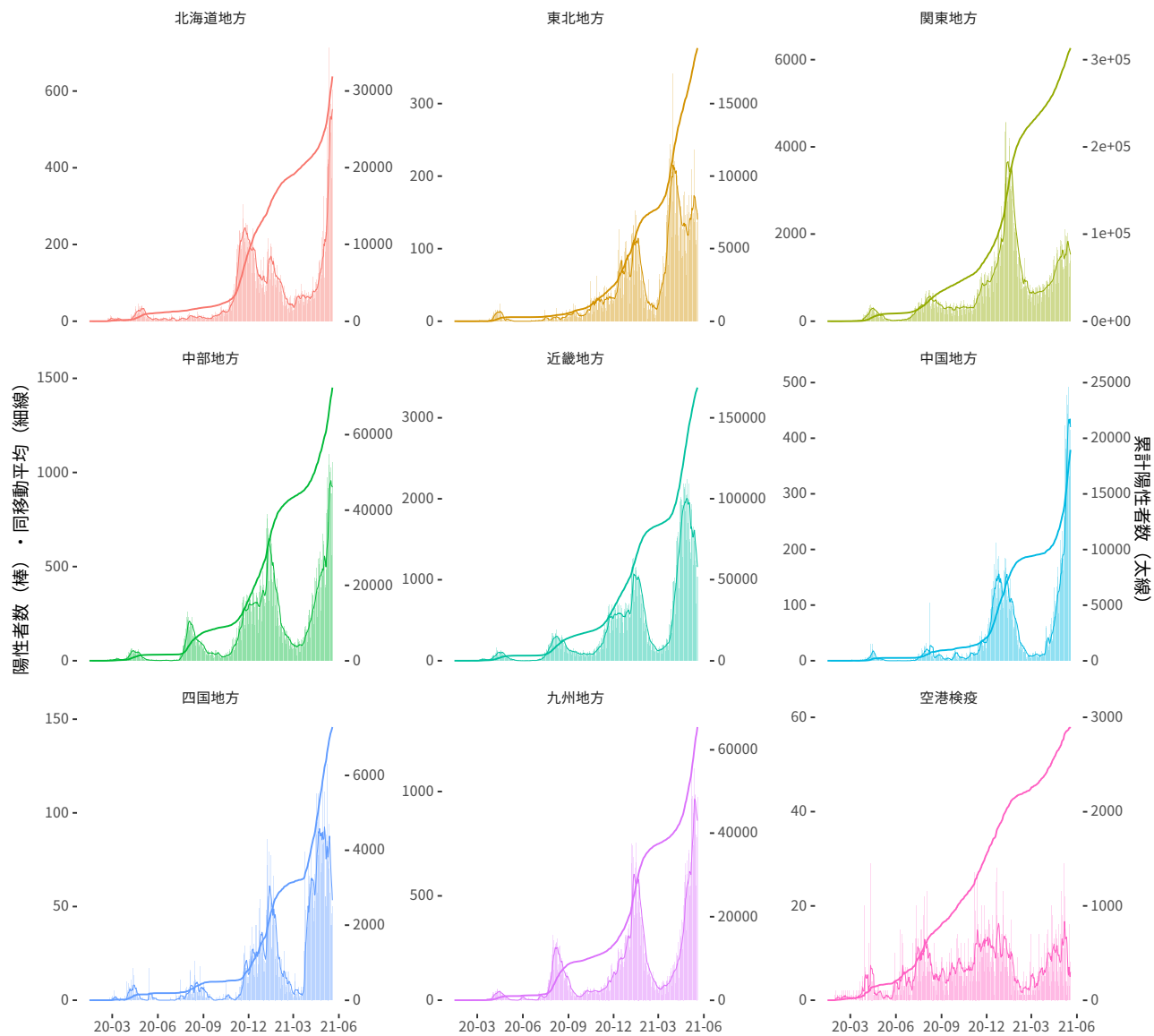
```

pref_daily %>%
  dplyr::mutate(key = pref) %>%
  ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = date)) +
    ggplot2::geom_bar(ggplot2::aes(y = n, fill = key), stat = "identity",
                      alpha = 0.25, width = 1.0) +
    ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = ma7, colour = key),

```

地方別陽性者数の推移

Generated @2021-05-19 22:15:19



Data Source: covid19japan.com

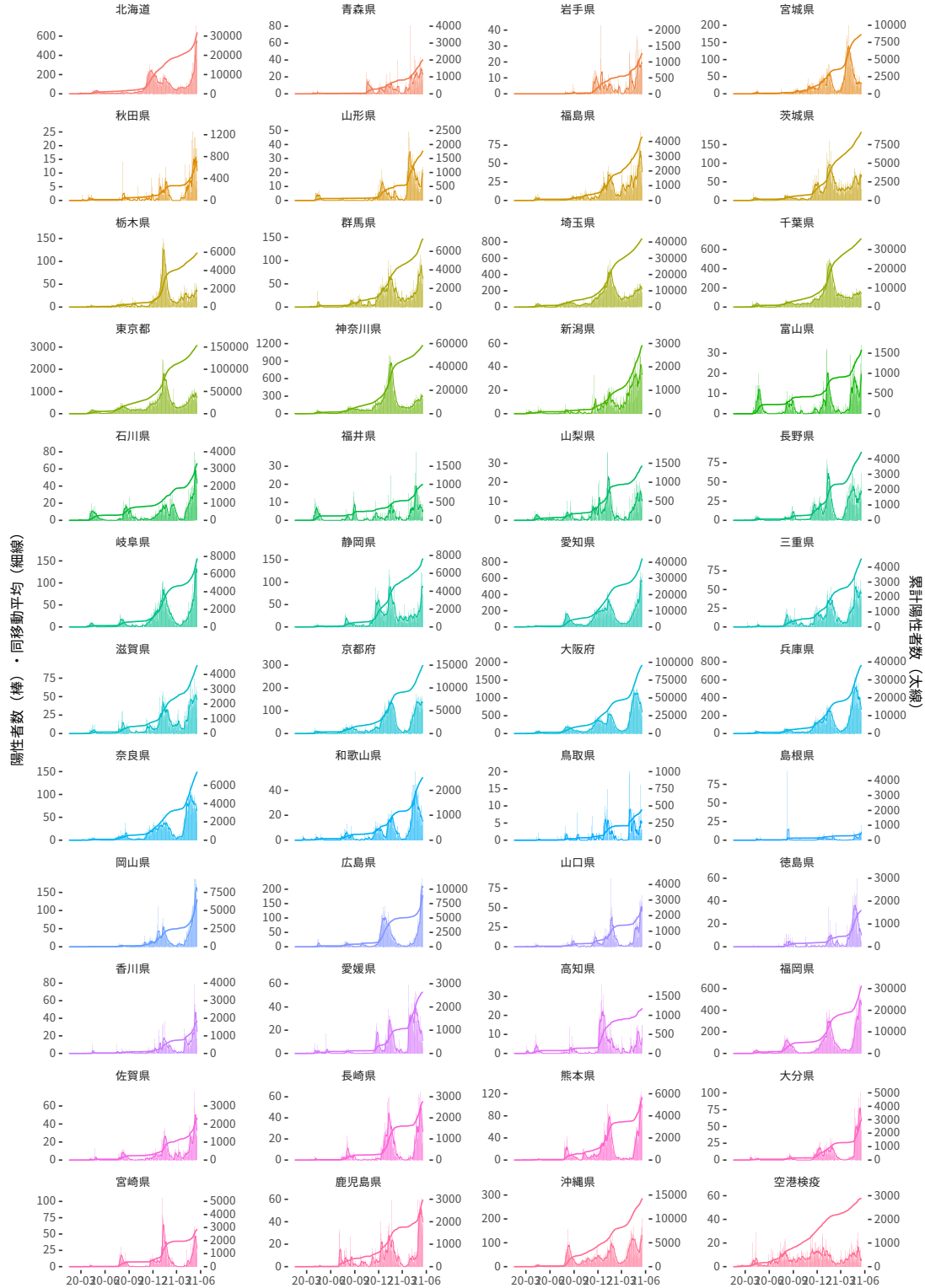
```

      linetype = "solid", size = 0.25) +
ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = cum / sec_scale, colour = key)) +
ggplot2::scale_x_date(date_breaks = dbreaks, date_labels = dlabels) +
ggplot2::theme_gray() +
ggplot2::theme(panel.grid = ggplot2::element_blank(),
               panel.background = ggplot2::element_blank(),
               strip.background = ggplot2::element_blank(),
               legend.position = "none") +
ggplot2::facet_wrap(~ key, ncol = ncol, scales = "free_y") +
ggplot2::scale_y_continuous(
  name = axis1,
  sec.axis = ggplot2::sec_axis(~ . * sec_scale, name = axis2)) +
ggplot2::labs(title = title, subtitle = subtitle, caption = caption,
              x = xlab, y = ylab)

```

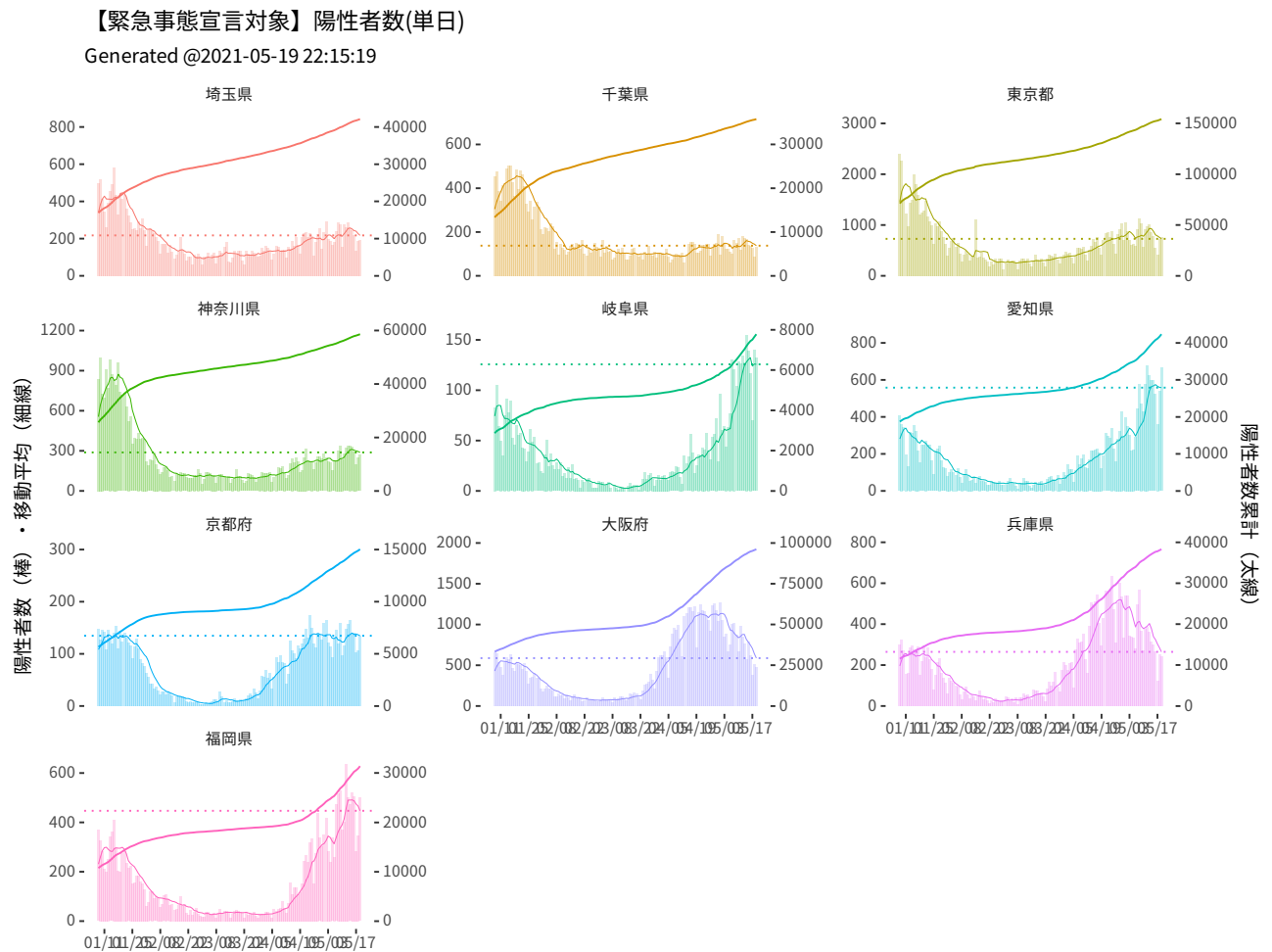
都道府県別陽性者数の推移

Generated @2021-05-19 22:15:19



Data Source: covid19japan.com

緊急事態宣言地域（前倒解除府県を含む）



Data Source: covid19japan.com