



- ·Alana Corsi
- · Fabiane Florencio de Souza
- · Regina Negri Pagani
- · João Luiz Kovaleski

Najważniejsze pytanie:

Jak analiza big data może pomóc w przypadku epidemii/pandemii?







Metody wykrywania, które mogą przewidywać wiedzę na temat epidemii lub pandemii, można osiągnąć poprzez monitorowanie wyszukiwania w Internecie terminów związanych ze zdrowiem.

Text Mining Statistical Models	Statistical Analysis	Mathematical Models	Predictive Models	Regression	Netv	Artificial Neural Networks	
	Pearson Or Pearson Correlation						
		What-if-Scenario	Crowdsourcing		SVR	Spearman's Correlation	
	HealthMap	SPSS	AutoRegres	AutoRegression		Hadoop MapReduce	
		LASSO	ARGO		GLEAM		

Źródła Big Data, które można wykorzystać do wspierania, zapobiegania i kontroli pandemii :





Dane Internetu rzeczy:

W środowisku medycznym to są dane o stanie w czasie rzeczywistym dotyczące pacjentów, personelu medycznego.

Jeśli chodzi o pacjentów, obejmuje to głównie:

- -twarz
- -odcisk palca
- -tęczówkę
- -genetykę

Dane urządzenia mobilnego:

- Dane urządzeń mobilnych odnoszą się głównie do danych generowanych przez telefony komórkowe.
- Dane telefoniczne umożliwiają ekspertom śledzenie, czy ludzie mieli kontakt z zakażonymi przypadkami. To pomaga identyfikować i izolować te zakażone osoby oraz leczyć je z wyprzedzeniem.



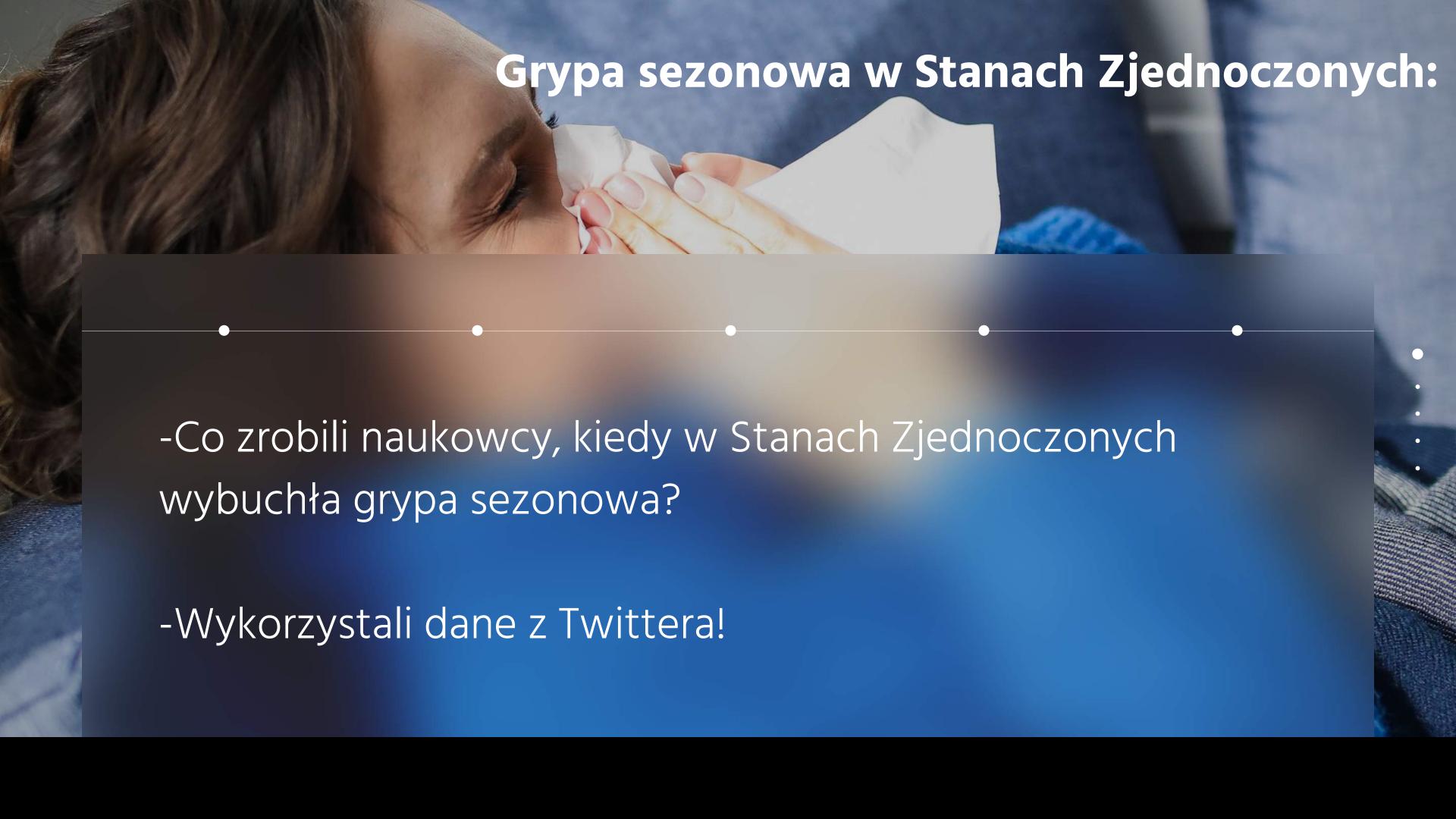


Platformy:

- Facebook
- Twitter
- Weibo
- WeChat

Dane z mediów społecznościowych:

 Analizując w czasie rzeczywistym zgromadzone dane na tych platformach społecznościowych, możemy uzyskać głębsze zrozumienie czasu i geograficzne położenie przenoszenia chorób.





Dane nawigacji, wyszukiwarki i handlu elektronicznego:

 potencjalne informacje mogą odśledzić rozwój choroby i przechwytywać uwagę ludzi na niektóre choroby.



 Dane genetyczne patogenów odgrywają ważną rolę w poszukiwaniu źródła wirusa, opracowywaniu leków i szczepionek oraz badaniach klinicznych diagnoza.



Drzewo transmisji wirusów

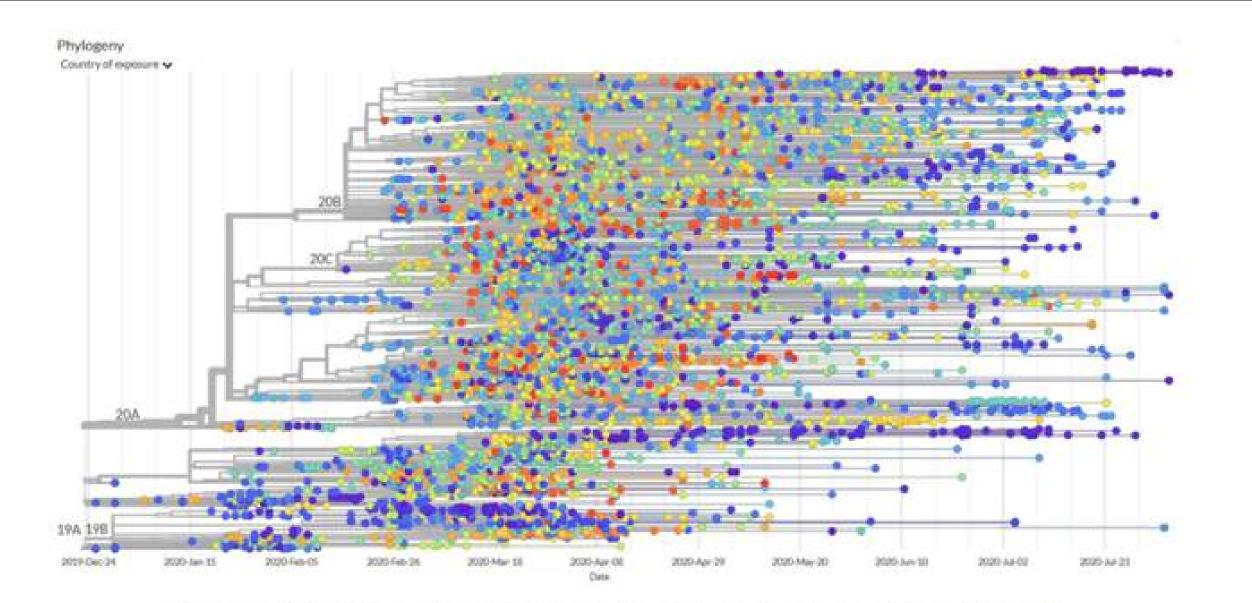


Figure 5. Nextstrain platform analysis of new coronavirus transmission genome [39].

- Mutacje są pokazane jako kolorowe kółka. Po prawej stronie pokazuje odpowiednie sekwencje, także z mutacjami przedstawionymi jako kolorowe kółka.
- Sekwencje są połączone płaską pionową linią, co oznacza, że nie ma różnic między nimi - ich sekwencje są identyczne.



 Obecnie rządy wszystkich krajów wykorzystują wizualne analizy dużych zbiorów danych w czasie rzeczywistym

Zastosowanie analizy dużych zbiorów danych w zapobieganiu i kontroli COVID-19: Wizualizacja kluczowych wskaźników COVID, takich jak dane dotyczące przypadków, rozmieszczenie epidemii, sytuacja epidemiczna trendy i raporty o najgorętszych punktach.

