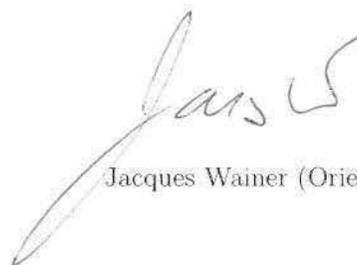


# Sistema Especialista para Diagnóstico de Algumas Doenças Epidemiológicas

Este exemplar corresponde à redação da Dissertação apresentada para a Banca Examinadora antes da defesa da Dissertação.

Campinas, 20 de maio de 2009.

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'Jacques Wainer', with a large, sweeping flourish extending from the left side.

Jacques Wainer (Orientador)

Dissertação apresentada ao Instituto de Computação, UNICAMP, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Ciência da Computação.

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA  
BIBLIOTECA DO IMECC DA UNICAMP**

Bibliotecária: Crislene Queiroz Custódio – CRB8 / 7966

Benedito, Marcus Vinicius

B434s Sistema especialista para diagnóstico de algumas doenças epidemiológicas  
/ Marcus Vinicius Benedito -- Campinas, [S.P. : s.n.], 2009.

Orientador : Jacques Wainer

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto  
de Computação.

1. Inteligência artificial. 2. Doenças transmissíveis - Diagnóstico. 3.  
Sistemas especialistas (Computação). 4. Agência Nacional de Vigilância  
Sanitária (Brasil). 5. Sistemas de apoio à decisões. I. Wainer, Jacques. II.  
Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Computação. III. Título.

Título em inglês: Expert system for some infectious diseases diagnosis

Palavras-chave em inglês (Keywords): 1. Artificial intelligence. 2. Infectious diseases diagnosis. 3. Expert systems  
(Computer science). 4. ANVISA. 5. Decision support systems.

Área de concentração: Ciência da Computação - Inteligência Artificial

Titulação: Mestre em Ciência da Computação

Banca examinadora: Prof. Dr. Jacques Wainer (IC-UNICAMP)  
Profª. Dra. Ariadne Maria Brito Rizzoni Carvalho (IC-UNICAMP)  
Profª. Dra. Claudia Galindo Nova Barsottini (DIS-UNIFESP)

Data da defesa: 20/05/2009

Programa de Pós-Graduação: Mestrado em Ciência da Computação

## TERMO DE APROVAÇÃO

Dissertação Defendida e Aprovada em 20 de maio de 2009, pela Banca examinadora composta pelos Professores Doutores:



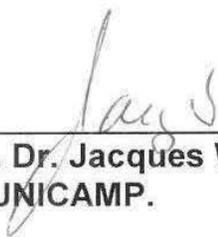
---

**Profª. Drª. Claudia Galindo Novoa Barsottini**  
**Departamento de Informática em Saúde / UNIFESP**



---

**Profª. Drª. Ariadne Brito Rizzoni Carvalho**  
**IC / UNICAMP.**



---

**Prof. Dr. Jacques Wainer**  
**IC / UNICAMP.**

---

---

Instituto de Computação  
Universidade Estadual de Campinas

---

---

## Sistema Especialista para Diagnóstico de Algumas Doenças Epidemiológicas

Marcus Vinícius Benedito

Abril de 2009

### Banca Examinadora:

- Jacques Wainer (Orientador)
- Ariadne Maria Brito Rizzoni Carvalho<sup>1</sup>
- Claudia Galindo Novoa Barsottini<sup>2</sup>
- Siome Klein Goldenstein<sup>1</sup> (Suplente)
- Ivan Torres Pisa<sup>2</sup> (Suplente)

---

<sup>1</sup>Instituto de Computação - Universidade Estadual de Campinas (IC-UNICAMP)

<sup>2</sup>Departamento de Informática em Saúde - Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP)

# Resumo

Esta dissertação apresenta um sistema de suporte à decisões que auxilia na diagnose de trinta e seis doenças de notificação compulsória as quais despertam interesse da Agência Nacional de Vigilância Sanitária Brasileira (ANVISA). O sistema é baseado no mecanismo de inferência abdutivo que usa a teoria das coberturas parcimoniosas (TCP) com algumas modificações. Ao invés de utilizar apenas as associações entre doenças e sintomas, como na TCP original, propomos associar também fatores relevantes que não são sintomas, conjuntos determinantes de informações que determinam a suspeita de uma doença, independentemente de outras informações, o conceito de sintomas quase obrigatórios e eliminamos a possibilidade de haver múltiplas disfunções simultâneas, para este cenário.

# Abstract

This work presents a decision support system that helps the diagnoses of thirty six infectious diseases of interest to the Brazilian National Health Surveillance Agency (ANVISA). The system is based on an abductive inference mechanism that uses parsimonious covering theory (PCT) with some modifications. Instead of using only the diseases associated with symptoms as in PCT, we propose to associate relevant factors that are not symptoms, determinant information sets that, without any other information, determines that a patient is suspicious of having a disease. We also introduced the concept of almost obligatority presence of some symptoms when a patient have a particular disease and we eliminate the possibility of having multiple dysfunctions simultaneously, for this scenario.

# Agradecimentos

Gostaria de agradecer, primeiramente, a Deus por me dar a oportunidade de viver e aproveitar minhas escolhas.

Aos meus maravilhosos pais Marcos Benedito e Marilena Scabora Benedito por terem me dado todo o resto: amor, família, apoio, valores morais, confiança, educação e, principalmente, por terem ajudado a me tornar quem sou.

Ao meu orientador por ter proposto um tema muito interessante, ter depositado confiança e proporcionado um ambiente de liberdade para o desenvolvimento deste trabalho.

À minha tia Carina que por meio de várias longas discussões me passou um pouco de sua visão sobre o mundo.

Às minhas avós Joana (em memória) e Teresa por, mesmo sem entender ao certo o que faço, demonstrarem tanto orgulho de me ter como neto.

Ao meu avô Chicão (em memória) por mostrar ao mundo que existem pessoas capazes de proporcionar amor incondicional e viver com grande integridade e inocência até o fim de sua vida.

À minha namorada Juliana que tanto me deu forças para começar, continuar e concluir este trabalho.

Aos meus tios Toninho, Nina, Zinho, Riba e Taxinha por sempre terem se orgulhado e apoiado o meu trabalho.

Ao meu querido professor João Dantas de Oliveira Filho da Pontifícia Universidade Católica de São Paulo (PUC-SP) por ajudar a aflorar as melhores capacidades de seus pupilos.

Aos professores Ítalo S. Vega e Fernando Giorno, também da PUC-SP, que depositaram total confiança me recomendando e apoiando este trabalho.

Aos professores Arnaldo Vieira Moura e João Meidanis do Instituto de Computação da UNICAMP por me ensinarem que com disciplina e dedicação grandes obstáculos podem ser transpostos.

# Sumário

|  |            |
|--|------------|
| <b>Resumo</b>  | <b>iii</b> |
| <b>Abstract</b>  | <b>iv</b>  |
| <b>Agradecimentos</b>  | <b>v</b>   |
| <b>1 Introdução</b>  | <b>1</b>   |
| 1.1 Solução de problemas de diagnóstico . . . . .  | 3          |
| 1.1.1 Etapa de testes . . . . .  | 4          |
| 1.1.2 Etapa de hipotetização . . . . .   | 4          |
| 1.2 A TCP e o diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas . . . . .                | 7          |
| 1.3 Divisão do Restante da Dissertação . . . . .   | 9          |
| <b>2 Modelos computacionais para diagnóstico médico</b>                                  | <b>11</b>  |
| 2.1 Sistemas baseados em conhecimento . . . . .  | 11         |
| 2.1.1 Classificação de padrões estatísticos . . . . .                                    | 13         |
| 2.1.2 Sistemas de produção baseados em regras . . . . .                                  | 14         |
| 2.1.3 Modelos abduativos baseados em associações . . . . .                               | 15         |
| <b>3 A Teoria das Coberturas Parcimoniosas</b>   | <b>20</b>  |
| 3.1 Dinâmica da TCP . . . . .  | 21         |
| 3.2 Formulação do problema . . . . .   | 24         |
| 3.2.1 Problemas de diagnóstico . . . . .   | 24         |
| 3.2.2 Soluções para os problemas de diagnóstico utilizando a TCP . . . . .               | 26         |
| 3.3 Propriedades de problemas de diagnóstico . . . . .                                   | 30         |
| <b>4 Trabalho Proposto</b>   | <b>33</b>  |
| 4.1 Limitações da TCP em relação ao diagnóstico de doenças infecto-contagiosas . . . . . | 33         |
| 4.1.1 Co-infecção com múltiplas doenças infecto-contagiosas, simultaneamente . . . . .   | 34         |

|          |  |           |
|----------|--|-----------|
| 4.1.2    | Fatores relevantes que não são sintomas . . . . .  | 35        |
| 4.1.3    | Conjunto de fatores determinantes de suspeita . . . . .  | 37        |
| 4.1.4    | Falta de recursos para identificar inconsistência da descrição de sintomas do paciente . . . . . | 38        |
| 4.1.5    | Sintomas quase obrigatórios . . . . .  | 39        |
| 4.2      | Como lidar com estas limitações . . . . .  | 40        |
| 4.2.1    | Co-infecção com múltiplas doenças infecto-contagiosas, simultaneamente . . . . .                 | 41        |
| 4.2.2    | Fatores relevantes que não são sintomas . . . . .  | 42        |
| 4.2.3    | Conjunto de fatores determinantes de suspeita . . . . .  | 43        |
| 4.2.4    | Falta de recursos para identificar inconsistência da descrição de sintomas do paciente . . . . . | 46        |
| 4.2.5    | Sintomas quase obrigatórios . . . . .  | 48        |
| 4.3      | Formulação do Problema de Diagnóstico . . . . .  | 48        |
| 4.4      | Solucionando problemas de diagnóstico usando o modelo proposto . . . . .                         | 51        |
| <b>5</b> | <b>Sistema implementado</b>  | <b>55</b> |
| 5.1      | Aspectos tecnológicos . . . . .  | 58        |
| 5.1.1    | Base de conhecimento . . . . .   | 59        |
| 5.1.2    | Plataforma tecnológica . . . . .   | 65        |
| 5.2      | Exemplos de execução . . . . .   | 66        |
| <b>6</b> | <b>Conclusões</b>  | <b>73</b> |
| 6.1      | Contribuições . . . . .  | 73        |
| 6.2      | Limitações . . . . .   | 75        |
| 6.3      | Futuras extensões . . . . .  | 76        |
| <b>A</b> | <b>Exemplos da base de conhecimento</b>  | <b>77</b> |
|          | <b>Bibliografia</b>  | <b>86</b> |

# Lista de Figuras

|     |   |    |
|-----|---|----|
| 1.1 | <i>TCP Básica.</i>  | 3  |
| 1.2 | <i>Ciclo hipotetização-teste com duas etapas.</i>   | 5  |
| 1.3 | <i>Exemplo base de conhecimento da TCP.</i>   | 6  |
| 2.1 | <i>Rede de associações de causa-efeito com probabilidades.</i>  | 12 |
| 2.2 | <i>Rede de associações de causa-efeito de problemas em um computador portátil.</i>  | 17 |
| 3.1 | <i>Rede causal utilizando as três entidades de diagnóstico que são desordens (D), entidades patológicas intermediárias (S) e manifestações (M).</i>             | 21 |
| 3.2 | <i>Ciclo do processo hipotetização-testes.</i>  | 23 |
| 3.3 | <i>Rede causal básica, utilizando apenas as entidades desordens (D) e manifestações (M).</i>  | 26 |
| 3.4 | <i>Hierarquia dos critérios de parcimônia para as coberturas.</i>   | 28 |
| 3.5 | <i>Exemplo tipos de parcimônia.</i>   | 29 |
| 4.1 | <i>Topologia de uma rede onde hosts acessam um servidor de arquivos.</i>  | 34 |
| 4.2 | <i>Prevalência de hanseníase por unidades da Federação.</i>   | 37 |
| 4.3 | <i>Diferença entre coberturas singular e mínimas.</i>   | 42 |
| 4.4 | <i>A doença D e suas relações C e DF com o conjunto de sintomas e fatores relevantes.</i>   | 43 |
| 4.5 | <i>Árvore hierárquica de sintomas <math>t_z</math>.</i>   | 47 |
| 5.1 | <i>Etapas de doenças, onde: <math>S_i \subseteq M</math>, <math>F_i \subseteq F</math>, <math>Co_i \subseteq Co</math> <math>i = \{1, 2, \dots, 8\}</math>.</i> | 57 |
| 5.2 | <i>Hierarquia da base de conhecimento.</i>  | 64 |
| 5.3 | <i>Analogia entre um funil e a geração de diagnósticos.</i>   | 68 |
| 5.4 | <i>Seleção dos sintomas apresentados no caso.</i>   | 68 |
| 5.5 | <i>Refinamento do diagnóstico do caso.</i>  | 69 |
| 5.6 | <i>Diagnóstico Final.</i>   | 70 |

# Capítulo 1

## Introdução

O problema de diagnóstico consiste em encontrar explicações para um comportamento considerado incorreto ou diferente do esperado de uma entidade utilizando todo o conhecimento disponível. Esses problemas são encontrados em, virtualmente, todas as áreas de conhecimento, tais como explicações para problemas em redes de computadores, disfunções em organismos vivos, problemas em malhas ferroviárias, detecção de falhas em máquinas, entre outras.

Neste trabalho focaremos no contexto específico do diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas de notificação compulsória. Estas doenças despertam sério interesse das agências de vigilância sanitária, pois apresentam determinadas características em comum, tais como magnitude, potencial de disseminação, transcendência, vulnerabilidade, disponibilidade de medidas de controle, compromisso internacional com programas de erradicação, entre outras. Diagnosticar este tipo de doença é de suma importância para o tratamento efetivo de pacientes e também para conter surtos e, por este motivo, as agências de vigilância sanitária dão muita atenção para procedimentos que auxiliam na identificação precoce e subsequente tratamento, como podemos observar neste trecho retirado de [11].

*“É essencial a detecção precoce de epidemias/surtos para que as medidas de controle sejam adotadas oportunamente, de modo que grande número de casos e óbitos possam ser prevenidos. Além da prevenção de novos casos e surtos, a investigação desse tipo de evento pode contribuir para a descoberta de novos agentes, novas doenças e novos tratamentos, além de ampliar o conhecimento sobre novas doenças e as já conhecidas e fazer com que a população passe a ter mais confiança no serviço público de saúde.”*

(Secretaria de vigilância em saúde - Ministério da saúde, 2005:43)

A Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) brasileira destaca em [11] trinta e sete doenças infecto-contagiosas que despertam o seu interesse de forma mais acentuada, pois possuem grandes chances de gerar epidemias. Estas doenças são a Aids, Antraz ou Carbúnculo, Botulismo, Cólera, Coqueluche, Dengue, Difteria, Doença de Chagas, Esquistossomose mansônica, Febre amarela, Febre do Nilo Ocidental, Febre maculosa brasileira, Febre purpúrica brasileira, Febre tifóide, Hanseníase, Hantavirose, Hepatites virais, Influenza ou Gripe, Leishmaniose tegumentar americana, Leishmaniose visceral, Leptospirose, Malária, Meningites, Parotidite infecciosa, Peste, Poliomielite, Raiva, Rubéola, Sarampo, Sífilis congênita, Síndrome da rubéola congênita, Tétano acidental, Tétano neonatal, Tracoma, Tuberculose, Varicela/Herpes e Varíola.

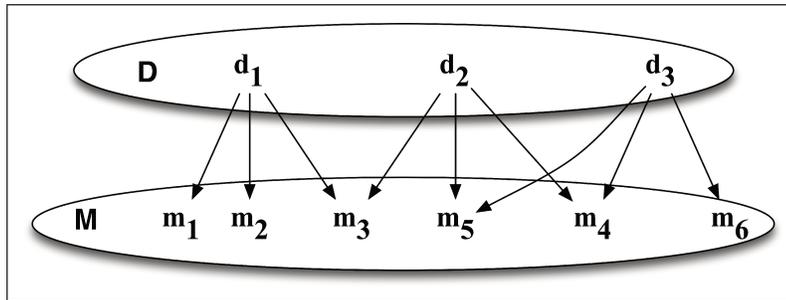
Apesar de haver muitas informações disponíveis sobre este problema, sofremos de uma certa deficiência de profissionais especializados em epidemiologia. Atualmente, temos crescente demanda por estes profissionais em serviços como o Programa Saúde da Família, do governo federal, para que sejam executadas tarefas de manejo, análise e interpretação de dados epidemiológicos, nas diversas regiões do país, em especial aquelas com menor número de recursos humanos qualificados, como descrito em [10]. Devido a carência de profissionais, é notória a sobrecarga de trabalho aos que se dedicam a esta prática, problema este decorrente da crescente demanda, grande dificuldade na formação de novos especialistas e falta de estímulos, inclusive financeiros, para atrair novas pessoas para a área.

Originando-se nestes fatos surge a motivação para construir um modelo e um sistema de suporte a decisão para a solução de problemas de diagnóstico de doenças infecto-contagiosas com o objetivo de auxiliar os profissionais da saúde no seu trabalho diário.

A idéia de automatizar a solução de problemas de diagnóstico é bastante antiga, e coincide aproximadamente com o advento de programas armazenados em computadores eletrônicos [43]. Portanto, o número de materiais disponíveis tratando deste tema é consideravelmente grande, assim como a quantidade de técnicas diferentes utilizadas para se chegar a uma solução.

Os métodos mais populares para solução de problemas de diagnóstico são os sistemas baseados em regras, os modelos estatísticos de classificação e o mecanismo de inferência abdução. A abdução pode ser definida, informalmente, como inferência das melhores explicações, ou seja, as explicações mais plausíveis para determinados fatos que podem ser observados. Por este motivo esta é a que mais se assemelha a forma humana de inferência diagnóstica. Esse fato traz algumas vantagens ao método, pois, por ser mais intuitivo, proporciona fácil adaptação e interpretação quando lidamos com equipes multidisciplinares envolvendo engenheiros do conhecimento e profissionais da saúde, por exemplo.

A Teoria das Coberturas Parcimoniosas (TCP), originalmente Parsimonious Covering Theory [33], é um modelo matemático utilizado na busca de soluções para problemas de

Figura 1.1: *TCP Básica*.

diagnóstico, que é apontada pelos seus autores como sendo a formalização dos diversos conceitos, até então vagos, do mecanismo de inferência abductivo. Em sua vasta pesquisa, de aproximadamente dez anos, os autores conseguiram coletar diversas informações próprias e de outros pesquisadores para consolidá-las em um trabalho que detalha diversos aspectos do problema de diagnóstico, inclusive a extensão desta teoria para dar suporte à inserção do conhecimento probabilístico e também a capacidade de processamento paralelo.

As entidades desordem e manifestação e as suas associações formam a base desta teoria. Logo, para representar o conhecimento a TCP usa uma rede de relacionamentos causais entre os elementos do conjunto de desordens  $D$  e do conjunto de manifestações  $M$ , que formam o conjunto universo do problema de diagnóstico, quando lidamos com a versão básica desta teoria. Na figura 1.1 temos um exemplo gráfico detalhando a representação do conhecimento.

Na figura 1.1, a associação causal é representada pela setas que ligam os elementos de cada conjunto. Claramente, podemos argumentar que as doenças  $d_1$  e  $d_2$  podem causar a manifestação  $m_3$ , enquanto apenas a doença  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_6$ .

## 1.1 Solução de problemas de diagnóstico

Baseando-nos em estudos encontrados em [15, 18, 46] podemos concluir que o diagnóstico humano, quase sempre, passa por duas etapas: hipotetização, ou geração de hipóteses, e testes. Para se chegar a um diagnóstico é necessário passar por estes testes algumas vezes até que, por algum critério, determinemos que uma hipótese é plausível. Este ciclo é geralmente chamado de hipotetização-teste [33], mas em algumas referências literárias podemos encontrar o termo processo de hipotetização-dedutiva. Fazendo uma analogia com o diagnóstico clínico utilizado na medicina atual, podemos verificar, claramente,

estas duas etapas do ciclo (hipotetizar-testar), no qual o médico gera hipóteses, mentalmente, evocando as possíveis doenças que poderiam causar as manifestações apresentadas (hipotetização). Caso não seja possível distinguir as hipóteses, é necessário gerar novas perguntas, ou até mesmo exames laboratoriais, para testá-las (teste). Explicaremos estas etapas em mais detalhes nos itens 1.1.1 e 1.1.2, sempre tentando fazer uma analogia com o diagnóstico clínico.

### 1.1.1 Etapa de testes

Esta é a etapa inicial para a solução do problema de diagnóstico e pode ser repetida diversas vezes durante o ciclo de hipotetização-testes. Quando pensamos no início de uma consulta, geralmente o especialista busca descobrir quais são os sintomas que vem se manifestando no paciente. Para detectá-los, ele realiza pequenos exames, tais como utilização de um termômetro para verificar temperatura do paciente, exame com a garganta para checar se há alguma irregularidade, entre outros e, principalmente, fazendo uma série de perguntas, tais como “O que o senhor(a) está sentindo?”, “O senhor(a) sente alguma dor?”, etc. Com base nas informações obtidas é possível determinar quais seriam as doenças capazes de manifestar os sintomas descobertos.

A partir da segunda iteração no ciclo já temos algumas hipóteses pré-determinadas, assim como um conjunto de sintomas. Nesse momento devemos gerar novas perguntas com o objetivo de testar as hipóteses existentes consolidando-as, excluindo-as ou modificando-as. No caso do diagnóstico médico, estas perguntas podem ser usadas para verificar a presença de sintomas, buscar por sintomas característicos que fazem parte das doenças formadoras de hipóteses, ou qualquer outro fator que seja relevante, como o fato de um paciente ter tomado uma vacina contra uma doença, ou ter tido relações sexuais sem preservativos. Com a obtenção destas respostas voltamos a etapa de geração/atualização para verificarmos quais hipóteses serão as resultantes desta iteração.

### 1.1.2 Etapa de hipotetização

É nesta etapa que as hipóteses são geradas, alteradas, ou são deixadas em segundo plano. Esta ocorre logo após termos obtido os dados sobre o problema. A etapa de testes tem o objetivo de prover informações necessárias para evocar as possíveis desordens que compõem as hipóteses geradas. Estas informações são de sintomas manifestados, sintomas não manifestados, fatores relevantes, etc. que possibilitam ao especialista criar hipóteses novas, fortalecer as existentes ou excluir as que já não fazem mais sentido.

No cenário de diagnóstico médico, esta etapa ocorre logo depois do interrogatório/bateria de testes realizados pelo especialista que, com as informações obtidas, evoca todas as doenças que poderiam despertar aquelas manifestações, ou pudessem ser influenciadas

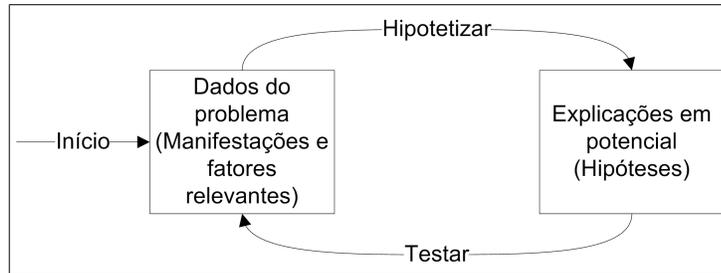


Figura 1.2: *Ciclo hipotetização-teste com duas etapas.*

pelos fatores descobertos, e com base nestas informações ele determinará, mentalmente, um conjunto de hipóteses. O conhecimento de causa-efeito adquirido durante anos de estudos e experiência são bastante importantes neste momento e, são estes que deveriam estar representados na base de conhecimento da TCP.

Na figura 1.2 podemos visualizar graficamente as duas etapas descritas.

Como informado anteriormente, a TCP é a teoria que mais se assemelha ao processo humano para solução de problemas de diagnóstico e, logo, ela obedece e contempla os ciclos de hipotetização-teste. Esse processo tem como premissa a obtenção de informações sobre manifestações presentes para que seja possível determinar quais desordens poderiam causá-las gerando as hipóteses com base em alguns critérios. À medida que novas informações vão surgindo, o conjunto de hipóteses pode ser alterado incluindo novas hipóteses ou modificando as existentes.

Para que seja possível determinar quais desordens podem ter sido evocadas para alterar ou acrescentar uma nova hipótese, a TCP conta com um mecanismo de inferência que utiliza o conhecimento descrito na rede causal associativa. Quando uma manifestação está presente, a TCP evoca todas as desordens que, potencialmente, poderiam *t-lacausadoeparteparaaelaboraçãodahipóteses, masparadeterminá-lasaTCPcontacomdoisconcei*

Cobertura é o conceito utilizado para definir que uma hipótese, formada por um conjunto de desordens, poderia causar todas as manifestações presentes, ou seja, ela pode explicar plausivelmente todas as manifestações que estão presentes [33]. Utilizando a base de conhecimento representada pela figura 1.3, e supondo que as manifestações apresentadas são  $M = \{m_2, m_3\}$ , as possíveis hipóteses, considerando que todas são coberturas, são:

- Hipótese1 =  $\{d_1\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$  tornando-se cobertura de M.

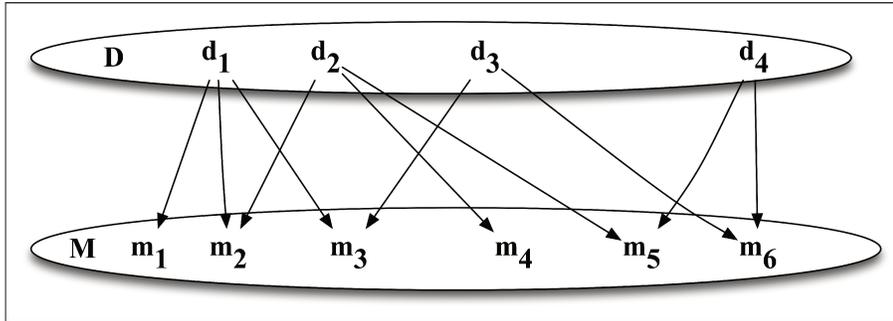


Figura 1.3: *Exemplo base de conhecimento da TCP.*

- Hipótese2 =  $\{d_2, d_3\}$ , pois  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna as duas desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese3 =  $\{d_1, d_2\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$  e  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  o que torna as duas desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese4 =  $\{d_1, d_3\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna as duas desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese5 =  $\{d_1, d_4\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$  o que torna as duas desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese6 =  $\{d_2, d_3, d_4\}$ , pois  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna as três desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese7 =  $\{d_1, d_2, d_3\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$ ,  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna três desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.
- Hipótese8 =  $\{d_1, d_2, d_3, d_4\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$ ,  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna quatro desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de M.

No exemplo acima temos oito hipóteses geradas, sendo que algumas delas não parecem ser necessárias, tais como a Hipótese3, Hipótese4, Hipótese5, Hipótese6, Hipótese7 e a Hipótese8. Isto ocorre porque estamos acrescentando qualquer desordem extra a uma hipótese que já é cobertura das manifestações apresentadas. Pensando no diagnóstico médico, isto seria o mesmo que um especialista acrescentar qualquer e toda doença em uma hipótese plausível previamente determinada. Isto não faz muito sentido, pois a hipótese plausível (que é uma cobertura), por si só, já explica todos os sintomas apresentados.

Para solucionar esta inconsistência o conceito de parcimônia é de suma importância. Conforme [33], o objetivo da parcimônia é reduzir a complexidade das explicações levantadas pelas coberturas. A princípio, o conceito de parcimônia aparenta ter o objetivo de restringir as hipóteses apenas as que possuem o menor número de desordens o que, no nosso exemplo, faria com que apenas a Hipótese1 fosse considerada realmente como hipótese, sendo que isto não é verdade. O critério de parcimônia irredundante nos diz que para cada hipótese que seja uma cobertura parcimoniosa, se retirarmos qualquer uma de suas desordens, esta deixará de ser cobertura do conjunto de manifestações fornecido. Falaremos mais sobre critérios de parcimônia nos capítulos 3 e 4.

Utilizando o exemplo anterior, obteríamos como hipóteses:

- Hipótese1 =  $\{d_1\}$ , pois  $d_1$  pode causar as manifestações  $m_2$  e  $m_3$  tornando-se cobertura de  $M$ .
- Hipótese2 =  $\{d_2, d_3\}$ , pois  $d_2$  pode causar a manifestação  $m_2$  e  $d_3$  pode causar a manifestação  $m_3$  o que torna as duas desordens, tomadas em conjunto, uma cobertura de  $M$ .

Note que a Hipótese2 possui mais desordens do que a Hipótese1, mas ela também é parcimoniosa, pois caso retirássemos apenas uma de suas duas doenças ela não seria mais cobertura de  $M = \{m_2, m_3\}$ .

## 1.2 A TCP e o diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas

A TCP foi criada como um mecanismo de solução de problemas de diagnósticos em geral, baseada no mecanismo de inferência abdutivo, e é bastante efetiva com relação aos resultados obtidos. Apesar disto, quando estamos analisando cenários específicos, como o diagnóstico de doenças infecto-contagiosas, esta teoria pode apresentar algumas limitações para solução destes problemas. Podemos citar cinco limitações consideráveis para o problema de diagnóstico em questão.

Em muitas áreas é comum ocorrerem múltiplas desordens simultâneas, como por exemplo, um cabo de rede estar desconectado e também a sua placa de rede estar queimada, o que acarretaria na manifestação de um computador não conseguir se conectar a uma rede de computadores. Apesar disto, não vemos muitos destes cenários quando estamos lidando com as doenças infecto-contagiosas de interesse da ANVISA, com exceção quando temos o envolvimento da síndrome da imunodeficiência adquirida (AIDS). Mesmo quando analisamos o procedimento humano de diagnóstico, estas hipóteses com múltiplas doenças só seriam consideradas caso todas as demais fossem excluídas, e algum indício laboratorial ou muito específico fosse determinado. Se considerarmos que esta é uma funcionalidade não muito relevante para este domínio, apesar de não trazer problemas de exclusão de outras hipóteses, ela acaba trazendo algum efeitos colaterais, como o número excessivo de hipóteses geradas que é um dos grandes problemas da TCP. Portanto, o fato da TCP gerar hipóteses com mais de uma doença se torna um comportamento não desejável desta teoria para o domínio em questão.

Uma observação interessante e que é bem específica para o diagnóstico de doenças é o fato de existirem fatores relevantes que não são manifestações propriamente ditas. Exemplos destes fatores seriam a imunidade adquirida, seja ela por contaminação ou por meio de vacinas, a presença do paciente em regiões com alto índice de transmissão de determinada doença, a sazonalidade de uma doença, entre outras. Estes fatores podem ajudar a fortalecer ou até mesmo excluir uma hipótese previamente identificada por alguma manifestação, que, neste cenário, nada mais é do que um sintoma. Portanto, este conhecimento é de suma importância para o diagnóstico médico e não possui suporte nesta teoria.

A existência de fatores relevantes também nos induz a analisar outra questão. Quando nos deparamos com o contexto de diagnóstico médico, explicitamente descrito em [11] e também utilizado por médicos, podemos perceber que existem conjuntos de informações que determinam a suspeita de uma doença sem depender de quaisquer outras. Isto pode ocorrer quando somamos as informações sobre sintomas manifestados a alguns fatores relevantes descobertos, que, por conhecimento heurístico, são informações suficientes para levantar a suspeita de uma doença, mesmo que outras informações diverjam, como por exemplo, um sintoma que esta doença possa causar não esteja manifestado, definitivamente. Não temos um meio de representar estas informações na base de conhecimento da forma proposta na teoria original, mas isto poderia auxiliar bastante na solução dos problemas.

Outro fator interessante para este cenário é que muitas vezes as manifestações descritas pelo paciente não são exatas e podem depender da interpretação do especialista da saúde. Quando um paciente vai a uma consulta, ele informa os sintomas de acordo com o seu entendimento e não necessariamente estes refletem a realidade com precisão. Este

problema é consideravelmente acentuado quando existem sintomas similares ou especializados (tosse seca seria uma especialização de tosse, por exemplo). O grande problema quanto a incorreta interpretação dos sintomas manifestados é que estes, por si só, podem levar a hipóteses diferentes das desejadas. Neste sentido a TCP também não fornece nenhum mecanismo de auxílio para lidar com informações imprecisas.

Como última limitação da TCP para o diagnóstico de doenças infecto-contagiosas, destacado neste trabalho, poderíamos citar o fato de existirem alguns sintomas que são muito característicos de algumas doenças sendo manifestados em, virtualmente, todas as suas ocorrências. Esta teoria não nos fornece qualquer mecanismo para lidar de forma diferenciada com esta informação preciosa que dá dicas sobre a possível infecção do paciente. Estes sintomas, se identificados, poderiam ser utilizados para fortalecer ou excluir hipóteses iniciais.

Todas as limitações acima descritas não excluiriam as corretas hipóteses de um diagnóstico gerado pela TCP, mas deixariam de usar importantes ferramentas que poderiam auxiliar a discriminar e aumentar a confiabilidade dos resultados obtidos.

Portanto, o objetivo deste trabalho é propor um modelo e a sua implementação por meio de um sistema de apoio ao diagnóstico de todas as doenças infecto-contagiosas de notificação compulsória destacadas em [11], baseado no mecanismo de inferência abductiva da TCP com algumas modificações para superar as limitações que esta abordagem traz. É importante ressaltar que a síndrome AIDS não será tratada, pois é assintomática e de difícil detecção clínica, apesar de ser facilmente identificada laboratorialmente. Isto nos dá um total de trinta e seis doenças que são: Antraz ou Carbúnculo, Botulismo, Cólera, Coqueluche, Dengue, Difteria, Doença de Chagas, Esquistossomose mansônica, Febre amarela, Febre do Nilo Ocidental, Febre maculosa brasileira, Febre purpúrica brasileira, Febre tifóide, Hanseníase, Hantaviruses, Hepatites virais, Influenza ou Gripe, Leishmaniose tegumentar americana, Leishmaniose visceral, Leptospirose, Malária, Meningites, Parotidite infecciosa, Peste, Poliomelite, Raiva, Rubéola, Sarampo, Sífilis congênita, Síndrome da rubéola congênita, Tétano acidental, Tétano neonatal, Tracoma, Tuberculose, Varicela/Herpes e Varíola.

### 1.3 Divisão do Restante da Dissertação

O restante desta dissertação está estruturado da seguinte forma. No capítulo 2 descrevemos as técnicas computacionais usadas na solução de problemas de diagnóstico e forneceremos um visão geral da TCP.

No capítulo 3 descrevemos formalmente a TCP, desde o processo de formulação de um problema de diagnóstico até a sua solução utilizando esta teoria.

No capítulo 4 detalhamos as limitações desta teoria para o diagnóstico médico de

doenças infecto-contagiosas e apresentamos o modelo proposto que a usa como base, mas acrescenta algumas extensões para lidar com essas limitações.

No capítulo 5 apresentamos o sistema implementado utilizando esta teoria e todas as considerações relevantes a esta implementação.

E, finalmente, no capítulo 6 apresentamos as contribuições, limitações e futuras extensões a esta dissertação.

## Capítulo 2

# Modelos computacionais para diagnóstico médico

Neste capítulo discorreremos sobre os modelos computacionais mais populares para diagnóstico que datam do advento de computadores eletrônicos capazes de armazenar programas [43]. Na primeira parte deste capítulo será dada uma explicação básica sobre os conceitos de sistemas baseados em conhecimento e a sua utilização no diagnóstico médico. Na segunda, apresentaremos os conceitos básicos de sistemas abduativos baseados em associações, onde se enquadra a TCP.

### 2.1 Sistemas baseados em conhecimento

Sistemas baseados em conhecimento, ou sistemas especialistas, são muito utilizados para o apoio à solução de problemas de diagnóstico. Existem inúmeros exemplos de suas aplicações para diagnósticos nas mais diversas áreas, tais como infecções das mamas de rebanhos de gado [17], desperdício de água em plantas de tratamento [1], identificação precoce de melanoma - um tipo de câncer de pele - [47], diagnóstico de descargas parciais em transformadores de energia [51], diagnóstico e manutenção de sistemas automatizados avançados [27], entre outros. Como Peng descreveu em [33], existem muitos domínios onde estes sistemas alcançaram a eficiência humana como mecanismos para solucionar problemas de diagnósticos. Estes sistemas se diferenciam dos demais pelo fato de separarem o “conhecimento” do mecanismo de inferência. Este “conhecimento” atribuído ao sistema nada mais é que uma abstração do conhecimento humano, que fica representado numa base de conhecimento. A função do mecanismo de inferência é chegar a conclusões utilizando os dados do problema a ser resolvido e a própria base de conhecimento.

Sabemos que pelo menos dois tipos de conhecimento, o conhecimento estrutural e probabilístico, são utilizados tanto por diagnosticadores humanos quanto por sistemas, como

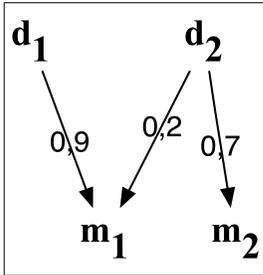


Figura 2.1: Rede de associações de causa-efeito com probabilidades.

foi bem descrito em [33]. O conhecimento estrutural representa quais são as entidades de interesse para o domínio em questão, suas respectivas associações e a forma de associá-las. Dentre todas as formas de associação, a causa-efeito talvez seja a mais importante por ser empregada em diversos modelos de diagnóstico. Um exemplo deste tipo de associação seria dizer que dada desordem  $d_i$  pode causar a manifestação  $m_j$  ou, no sentido contrário, poderíamos ressaltar que dada manifestação  $m_j$  pode ser causada na presença de uma desordem  $d_i$ . As informações para formar as associações podem ser fornecidas de várias formas, sendo que talvez a forma mais comum seja heurísticamente.

O conhecimento probabilístico, por sua vez, é utilizado para refletir aspectos das incertezas intrínsecas às associações fornecendo “força” para as associações. Utilizando a rede de associações da figura 2.1 podemos concluir que quando um paciente está com a desordem  $d_1$  ele tem 90% de chance de manifestar  $m_1$ , enquanto um paciente que está com a desordem  $d_2$  tem 20% de chances de manifestar  $m_1$  e 70% de chances de manifestar  $m_2$ . No caso de um paciente apresentar a manifestação  $m_1$  poderíamos concluir que ele poderia estar com qualquer uma das duas desordens em questão, mas a chance seria maior do causador ser  $d_1$ , pois a associação entre  $d_1$  e  $m_1$  é mais forte que a associação entre  $d_2$  e  $m_1$ .

Geralmente, o conhecimento probabilístico é apresentado de forma numérica em sistemas de diagnóstico, assim como no exemplo da figura 2.1, mas esta não é a única forma de representação. É possível descrevê-lo de forma não-numérica como, por exemplo, dizer que uma associação é muito comum, moderada, muito rara, etc. Para determinar esta “força” de uma associação podemos utilizar conhecimento estatístico ou até mesmo heurística.

O melhor cenário para sistemas de apoio à decisões é quando temos informações estruturais e estatísticas, mas nem sempre isto é possível. Quando estamos tratando apenas com o conhecimento estrutural de causa-efeito conseguimos evocar o conjunto de de-

sordens que poderia causar as manifestações presentes, excluindo as demais desordens das hipóteses do diagnóstico. Este mecanismo se assemelha bastante ao processo de diagnóstico humano; porém, quando o nosso foco está apenas no conhecimento estrutural, acabamos gerando muitas hipóteses, o que pode tornar a solução inconclusiva. Por sua vez, métodos baseados puramente no conhecimento probabilístico dependem de muitas informações e muitas computações numéricas, o que resulta em um sistema muito dependente da exatidão das informações obtidas. Logo, sistemas baseados puramente no conhecimento estatístico basicamente validam hipóteses e categorias ao invés de construí-las como um mecanismo de inferência abduutivo. Isto fica claro quando tomamos como exemplo um sistema de classificação bayesiana que é capaz de calcular a probabilidade posterior de uma hipótese com múltiplas desordens, mas, por si só, não é capaz de inferir aquela hipótese de um conjunto de desordens individuais. Portanto, concluímos que para um sistema de diagnóstico de alta performance, ambos os conhecimentos estrutural e probabilístico são fundamentais.

Dissemos anteriormente que sistemas de classificação de padrões estatísticos e os sistemas baseados em regras são os modelos baseados em conhecimento mais utilizados em diagnósticos. No item 2.1.1 e 2.1.2 discutiremos sobre cada um destes, respectivamente.

### 2.1.1 Classificação de padrões estatísticos

Existem diversas técnicas de classificação de padrões estatísticos como podemos observar em [14]; porém, escolhemos descrever nesta subseção os conceitos básicos da classificação Bayesiana por esta ser a mais utilizada na solução de problemas de diagnóstico desde o advento de computadores digitais [20].

#### Classificação Bayesiana

Em qualquer domínio de problemas de diagnóstico podemos observar que sempre existirão desordens, que são responsáveis por causar manifestações, que são indicações de um malfuncionamento de um organismo. Nos sistemas de diagnóstico baseados na classificação bayesiana o conhecimento é representado por probabilidades individuais de desordens e por probabilidades condicionais entre desordens e manifestações. Considerando o domínio do diagnóstico médico de doenças, as probabilidades individuais poderiam ser, por exemplo, a probabilidade de qualquer pessoa estar contaminada por gripe sem considerarmos qualquer informação e, como exemplo de probabilidade condicional, poderíamos considerar a probabilidade dos sintomas febre e cefaléia serem manifestados dado que um paciente está com gripe.

Seja  $d_i$  a  $i$ ésima desordem dado um certo contexto, dizemos que  $P(d_i)$  é a probabilidade individual da presença da desordem  $d_i$ , ou seja, quão frequentemente esta se manifesta.

Neste mesmo contexto, consideramos  $M_J$  como sendo o conjunto das manifestações apresentadas. Então temos que,  $P(M_J|d_i)$  representa a probabilidade condicional de  $M_J$  dada a presença de  $d_i$ , ou seja, quão frequentemente as manifestações presentes em  $M_J$  se manifestam na presença de  $d_i$ . Assumindo que as hipóteses são exclusivas, o teorema de Bayes pode ser diretamente aplicado para obter  $P(d_i|M_J)$ , ou seja, a probabilidade posterior de cada  $d_i$  dado o conjunto de manifestações  $M_J$ , usando a seguinte fórmula:

$$P(d_i|M_J) = \frac{P(M_J|d_i) \cdot P(d_i)}{P(M_J)} = \frac{P(M_J|d_i) \cdot P(d_i)}{\sum_{k=1}^n P(M_J|d_k) \cdot P(d_k)}$$

A probabilidade posterior  $P(d_i|M_J)$  fornece a probabilidade de cada desordem  $d_i$  ocorrer na presença do conjunto de manifestações  $M_J$  e, portanto, a desordem com maior probabilidade pode ser escolhida como a solução para o problema de diagnóstico.

A classificação bayesiana é bastante utilizada em problemas de diagnóstico, mas também enfrenta as mesmas limitações que observamos em outros métodos puramente estatísticos. Como observado anteriormente, estes métodos não são capazes de gerar, por si só, hipóteses com múltiplas desordens, mas apenas validar hipóteses pré-determinadas. Além disto, em diversos domínios, a quantidade de informação necessária para o bom funcionamento do sistema não se encontra disponível, o que se torna um impedimento para a sua adoção, pelo menos em sua forma pura.

Apesar destas limitações, é importante ressaltar que esta técnica já foi empregada, com muito sucesso, na solução de diversos tipos de problemas de diagnóstico, entre os quais podemos destacar os casos da diagnose de doença cardíaca congênita [54] e o diagnóstico de hemorragia cerebral [57], que obtiveram resultados de alta performance.

### 2.1.2 Sistemas de produção baseados em regras

Diferentemente dos métodos probabilísticos, os sistemas baseados em regras são, geralmente, baseados em inferência simbólica (não-numérico). Apesar desta característica, estes também são capazes de representar e propagar medidas de incertezas. A representação do conhecimento neste tipo de sistema se dá através de um conjunto de regras ou produções, onde a sintaxe pode variar; porém, todas obedecem a uma lógica comum que é representada abaixo:

**SE** validação **ENTÃO** consequência.

Para que a regra seja executada é necessário checar se a validação é verdadeira e, logo após, a consequência será aplicada. A princípio as regras parecem ser simples verificações condicionais de programas em geral; porém, as mesmas são declarações não-procedurais de fator que, tipicamente, servem de base para inferências abduativas.

O uso de sistema baseados em regras para diagnóstico foi aplicado com sucesso em diversos domínios, sendo que podemos destacar o sistema MYCIN [48] para diagnóstico médico de doenças infecciosas, o sistema CASNET/GLAUCOMA para glaucoma [55], o protótipo MDX [6] para diagnose médica em geral e PROSPECTOR [13], que auxilia os geologistas em explorações minerais.

Apesar de vários exemplos bem sucedidos, podemos destacar que estes sistemas apresentam uma série de limitações a serem contornadas quando são utilizados para o diagnóstico. Talvez, a maior delas seja o fato de que, frequentemente, é difícil representar o conhecimento descritivo extraído de livros texto ou de especialistas de algumas áreas, e representá-los através de regras, como foi destacado em [37, 48, 4]. Uma das razões deste problema pode ser atribuído a “direcionalidade” das regras de produção que, em geral, obedecem a seguinte estrutura:

**SE** manifestações **ENTÃO** causa.

Apesar de parecer o caminho lógico na solução de problemas de diagnóstico, nem sempre o conhecimento adquirido através de especialistas ou livros-texto é encontrado desta forma. Na verdade, em geral este conhecimento nos é apresentado no sentido oposto, ou seja, dada uma desordem tais manifestações podem ser observadas [26]. Alguns trabalhos, inclusive [9], chamam esta forma de modelagem de conhecimento como “pensar ao contrário”.

### 2.1.3 Modelos abduativos baseados em associações

Como forma de representação do conhecimento, os modelos abduativos baseados em associações são, usualmente, representados por redes associativas/semânticas. Uma rede associativa é composta por nós, que representam objetos, conceitos ou entidades, os quais são conectados através de arcos, que representam as suas inter-relações e associações. Há muito tempo esta forma de representação do conhecimento vem sendo empregada com sucesso na área de inteligência artificial [25, 16].

Os modelos abduativos para diagnóstico costumam representar em suas redes associativas a relação de causa-efeito entre os nós conectados por meio dos arcos. Para que se faça uso da estrutura para uma solução de um problema, os sistemas baseados nestes modelos geram hipóteses e logo em seguida as testam diversas vezes em um processo repetitivo. Diversos trabalhos referentes a diagnóstico podem ser enquadrados como utilizadores desta teoria, tais como [50], para diagnóstico de falhas em redes de transmissão de energia elétrica, [36, 24]. para medicina interna, [5], para problemas neurológicos, [49], para problemas em *hardware* de computadores, [38], para diagnóstico independente de

domínio e [21], para doenças de plantas. Também é possível destacar algumas extensões à teoria, como em [45], onde foi feita uma extensão temporal, ou em [53], onde podemos destacar o fato de ter sido acrescentada uma extensão *fuzzy* temporal/categórica.

Para que se chegue a solução de um problema de diagnóstico utilizando este modelo, o mecanismo de inferência utiliza todas as suas características disponíveis para gerar um conjunto de hipóteses plausíveis como forma de explicar as observações. O segundo passo executado pelo modelo é testar as hipóteses, o que pode ser realizado de duas maneiras. A primeira utiliza diversos procedimentos para medir a capacidade de cada uma para explicar as características, como uma espécie de classificação, e a outra forma gera novas questões cujas respostas auxiliarão a discriminar as hipóteses. A cada nova informação obtida, as hipóteses antigas podem ser modificadas para que continuem sendo explicações plausíveis das causas do problema. Este procedimento de inferência é análogo ao processo de raciocínio diagnóstico humano e, talvez por esta razão, fornece fácil compreensão mesmo para pessoas inexperientes neste modelo.

### Teoria das coberturas parcimoniosas

O objetivo desta seção é fornecer um resumo informal da TCP, sendo que explicações mais detalhadas serão fornecidas no capítulo 3. A TCP foi criada por Reggia et al. [40, 42] e estendida durante vários anos por diversos autores [28, 29, 31, 32, 30], sendo que podemos destacar Peng e o próprio Reggia. Até o início da década de 90 poderíamos descrever a TCP como estando em um grau muito inicial quando comparada a modelos de diagnóstico estatísticos ou baseados em regras. Talvez, a grande razão para isto seria o ponto de interrogação encontrado na tabela 2.1 que simboliza, basicamente, a falta de formalização matemática da teoria.

Tabela 2.1: Modelos de Automação de Diagnóstico

| Modelo                              | Representação                            | Mecanismo de inferência                | Base teórica             |
|-------------------------------------|--|--|--------------------------|
| modelo estatístico de classificação | probabilidades anteriores e condicionais | cálculo das probabilidades posteriores | teoria da probabilidade  |
| dedução baseada em regras           | regras condicionais (produções)          | deduções                               | lógica de primeira ordem |
| abdução baseada em associações      | redes semânticas                         | formação de hipóteses e teste          | ?                        |

Analisando de maneira sucinta esta tabela, podemos dizer que enquanto os modelos estatísticos de classificação e os sistemas baseados em regras possuem teorias bem definidas, que são a teoria das probabilidades e a lógica dedutiva, respetivamente, os modelos abduativos baseados em associações necessitavam de uma base teórica para suportá-los.

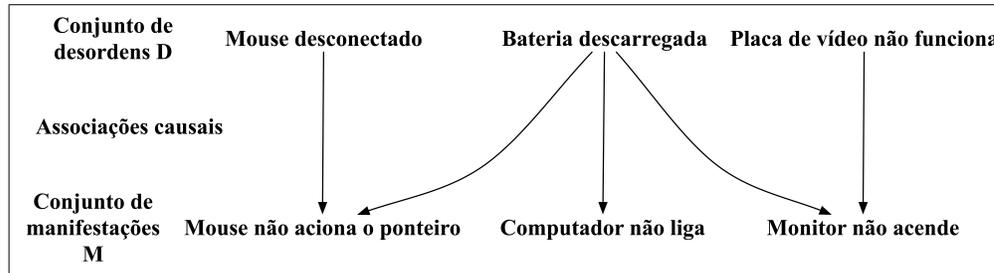


Figura 2.2: Rede de associações de causa-efeito de problemas em um computador portátil.

Apesar disto, muitos acreditavam que a TCP, como um mecanismo de inferência abduutivo para diagnósticos, era uma teoria muito promissora e que precisava apenas desta base teórica para alcançar um outro nível de maturidade. Com o objetivo de eliminar o ponto de interrogação da tabela 2.1, Reggia e Peng fizeram um trabalho consolidador das iniciativas anteriores [33], fornecendo uma formalização adequada a esta teoria e que se tornou o trabalho mais completo sobre o assunto. Desde então diversos pesquisadores em diferentes áreas geográficas vem acrescentando, modificando ou até mesmo juntando esta teoria à outras para os mais diversos cenários de diagnóstico.

Agora que a origem da TCP já foi determinada, iremos descrever as suas principais características e conceitos. Na figura 2.2 exemplificamos uma rede associativa, de causa-efeito, para problemas que podem ocorrer em um computador portátil. Podemos observar que temos dois conjuntos de entidades e associações que conectam os seus elementos. O conjunto  $D$  representa todas<sup>1</sup> as possíveis desordens que podem ocorrer a um computador portátil e o conjunto  $M$  representa todas<sup>1</sup> as manifestações deste mesmo cenário. Desordens individuais são denotadas por  $d_i$ , enquanto manifestações individuais por  $m_j$ . Arcos conectam os elementos do conjunto  $D$  aos elementos do conjunto  $M$  formando uma rede que representa o conhecimento específico do domínio, onde cada  $d_i$  conectado a uma  $m_j$  representa que o primeiro pode ser a causa da presença do segundo. Desta forma, cada desordem é associada a todas as manifestações que possa causar e através da rede causal pode-se evocar todas as possíveis causas de uma certa manifestação. Quando mais de uma desordem for evocada na presença de uma manifestação, o conjunto destas pode ser tratado como diagnóstico diferencial para o problema.

Utilizando o exemplo da figura 2.2 suponha que durante o processo de solução do problema a manifestação “Monitor não acende” é detectada. Esta manifestação é capaz

<sup>1</sup>O exemplo da figura 2.2 é meramente ilustrativo e existem outras desordens que podem ocorrer neste contexto.

de evocar as desordens “Bateria descarregada” e a “Placa de vídeo não funciona”, ou seja, teríamos as duas hipóteses:

“Bateria descarregada” e a “Placa de vídeo não funciona”

Como poderíamos imaginar foram evocadas todas as desordens que possivelmente manifestariam “Monitor não acende”, conforme a base de conhecimento 2.2. Para termos uma discriminação entre elas é necessário gerar algumas perguntas sobre a presença de outras manifestações. Um exemplo de pergunta que poderia ser gerada seria:

“O mouse aciona o ponteiro?”

Caso a resposta seja negativa, teremos identificado a presença de uma segunda manifestação, que seria “Mouse não aciona o ponteiro”. Nesta situação, cada manifestação evoca um conjunto de desordens específicas e o mecanismo de inferência da TCP é responsável por incorporar sucessivamente estes conjuntos de desordens. Utilizando o exemplo anterior e acrescentando esta nova manifestação a TCP manifestaria as seguintes hipóteses:

“Bateria descarregada”  
ou  
“Mouse desconectado” e  
“Placa de vídeo não funciona”

Podemos explicar a plausibilidade de ambas as hipóteses, pelo fato delas poderem ser consideradas como *cobertura* das manifestações apresentadas, no sentido de que cada manifestação pode ser explicada por alguma desordem descrita em cada uma das hipóteses. Também podemos afirmar que ambas são *parcimoniosas*. Esta segunda afirmação, a princípio, pode gerar uma confusão, pois temos uma hipótese simples e outra que possui duas desordens. Neste caso, o sentido de parcimônia simboliza que se removermos qualquer desordem de qualquer hipótese, esta deixará de representar uma cobertura com relação as manifestações apresentadas. No exemplo anterior, se removêssemos qualquer desordem da hipótese que contém cardinalidade igual a dois, deixaríamos de explicar todas as manifestações e esta não representaria mais uma cobertura. Tais hipóteses são denominadas *coberturas irredundantes*, pois não contém nenhuma desordem redundante ou extra.

O processo de inferência utilizado por esta teoria pode ser considerado como um modelo do ciclo de formação de hipótese e teste do raciocínio humano descrito em [15, 18, 46]. A fase de formação de hipóteses é caracterizada pela evocação das desordens através das

associações de causa-efeito da base de conhecimento representada na figura 2.2, e a consequente atualização das hipóteses obtendo coberturas parcimoniosas. A fase de teste do ciclo é composta pela formulação de perguntas e as suas respectivas respostas que tem o objetivo de detectar o maior número de manifestações possíveis para discriminação das hipóteses. Este ciclo continua até que todas as questões relevantes sejam produzidas a fim de obter todas as manifestações presentes ou, ao menos, a maior parte delas. Logo, esta é a estrutura básica da TCP.

## Capítulo 3

# A Teoria das Coberturas Parcimoniosas

Neste capítulo formalizaremos o problema de diagnóstico, suas propriedades e sua solução quando empregamos a TCP da forma descrita em [33]. Para tanto, torna-se importante a definição de algumas entidades de diagnóstico, suas associações causais, a noção de explicação de diagnóstico e o processo de hipotetização-testes.

Desordens, manifestações e estados patológicos intermediários são as três entidades possíveis em um problema de diagnóstico. Manifestações representam anormalidades diretamente observáveis, enquanto desordens representam as causas do mal funcionamento de algum sistema do paciente. Já os estados patológicos intermediários, que são causados pelas desordens, representam anormalidades não diretamente observáveis, que, por sua vez, causam manifestações.

Logo, a TCP representa o conhecimento através de uma rede de associações causais, como a apresentada na figura 3.1. Podemos observar três conjuntos distintos D, S e M, onde D é o conjunto das desordens, S o conjunto dos estados patológicos intermediários e M o conjunto de manifestações. Um exemplo de associações causais entre elementos destes conjuntos seria dizer que a manifestação ‘O computador não liga’ é causada pelo estado patológico intermediário ‘O cabo de alimentação 1 está sem corrente’ que é causado pela desordem ‘O fusível que protege o cabo de alimentação 1 queimou’. Note que apenas as manifestações são anormalidades diretamente observáveis.

A utilização de estados patológicos intermediários torna a definição e exibição do conhecimento muito extensa e complexa e, para não desviarmos o foco desta explicação, que é de mostrar a idéia central da TCP, utilizaremos a sua versão *básica*. Nesta, apenas desordens, manifestações e suas associações causais são levadas em consideração, descartando-se os estados patológicos intermediários. Também é importante ressaltar que o trabalho encontrado em [11], que serviu de grande referência médica para este, relaciona

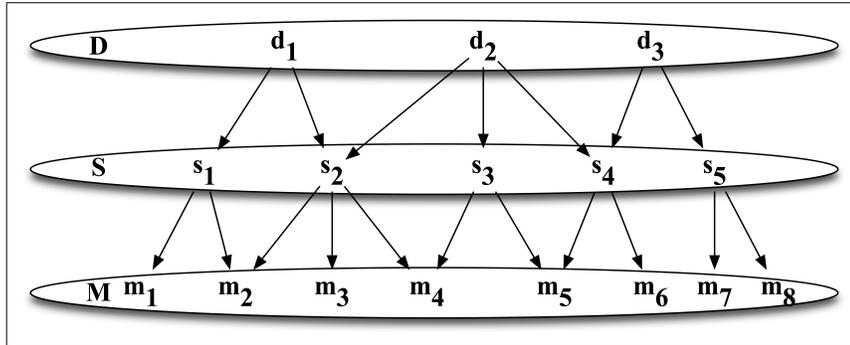


Figura 3.1: Rede causal utilizando as três entidades de diagnóstico que são desordens ( $D$ ), entidades patológicas intermediárias ( $S$ ) e manifestações ( $M$ ).

as doenças infecto-contagiosas (desordens) diretamente aos sintomas (manifestações) que elas podem manifestar. Portanto, utilizaremos a versão *básica* da TCP para explicarmos a idéia desta teoria e também para o restante da dissertação.

Este capítulo está dividido da seguinte forma. Na seção 3.1 mostramos a dinâmica da TCP e suas fases, na seção 3.2 definimos formalmente o problema de diagnóstico e suas soluções e na seção 3.3 mostramos algumas propriedades das soluções.

### 3.1 Dinâmica da TCP

Evidências empíricas nos sugerem que a formação de hipóteses pode ser melhor visualizada como a solução de dois objetivos conflitantes, que são o de cobertura e o de parcimônia, como descrito em [33]. A cobertura tem por objetivo explicar todas as manifestações que estão presentes, enquanto a parcimônia tenta minimizar a complexidade destas explicações. Para lidar com este conflito temos que entender a natureza sequencial da busca por razões do problema. Isto fica evidente ao observarmos que o diagnosticador vai gradualmente adquirindo informações e adaptando as suas hipóteses sobre a causa do problema.

Para refletir esta natureza do diagnóstico, o mecanismo de inferência da TCP utiliza um processo cíclico chamado de hipotetização-testes que se divide em duas fases. Antes de explicar estas fases é importante destacar quais são os três passos envolvidos neste processo.

1. *Evocação das desordens*, onde um conjunto de desordens, que são elementos das

hipóteses, são evocados através de suas associações com manifestações cuja presença acaba de ser informada;

2. *Formação das hipóteses*, onde os elementos das hipóteses que acabaram de ser geradas são combinados com os elementos já existentes de forma que todas as manifestações, novas e antigas, estejam cobertas por cada uma das novas hipóteses;
3. *Geração de perguntas ou testes de hipóteses*, onde uma nova ‘questão’ é gerada e cuja a resposta é utilizada para testar as hipóteses podendo desambiguá-las.

A evocação das hipóteses é a recuperação da informação de quais desordens podem causar uma dada manifestação. Na vida real os diagnosticadores acessam esta informação de algum tipo de memória, tais como uma máquina, o cérebro, etc., enquanto na TCP esta informação fica armazenada para recuperação na base de conhecimento. Idealmente, a base de conhecimento ou memória do diagnosticador contém todas as associações causais entre desordens e as manifestações. Normalmente, uma única manifestação é capaz de evocar novas desordens para serem incorporadas nas hipóteses que estão evoluindo, como bem observado em [18]. As desordens evocadas nesta fase serão utilizadas posteriormente na fase de formação de hipóteses.

O passo de formação de hipóteses envolve a incorporação das possíveis causas da nova manifestação em hipóteses previamente determinadas. Em alguns casos, isto requer atribuir a nova manifestação a uma das desordens pertencente as hipóteses existentes, e nos demais, incorporar uma nova desordem evocada nas hipóteses atuais resultando em alguma alteração. Com este processo o conjunto das hipóteses plausíveis mudará constantemente. Como dito em [41], a abdução é considerada uma lógica não-monotônica, pois mesmo tendo uma hipótese inicial válida, no momento em que surge uma nova informação do problema esta não necessariamente continuará válida.

O terceiro e último passo, geração de perguntas ou testes de hipóteses, é utilizado para gerar questões que nada mais são do que uma forma de coletar informações. Elas são divididas em duas categorias: *orientadas por protocolo*, ou *orientadas por hipóteses*. As questões orientadas por protocolo são aquelas que normalmente são realizadas pelo diagnosticador como rotina. Já as questões orientadas por hipóteses são aquelas especialmente solicitadas para evoluir com uma hipótese. Esta última forma de levantamento de informações pode se utilizar de diferentes estratégias [15, 18]: tentar confirmar uma hipótese, tentar remover uma hipótese e tentar discriminar entre as hipóteses mais notáveis. As informações levantadas neste passo serão utilizados pela evocação de hipóteses fechando o ciclo, observado na figura 3.2.

A primeira fase, chamada de ‘hipotetização’, é realizada pela evocação de desordens através de associações causais (passo 1), e pela atualização das hipóteses para obtenção

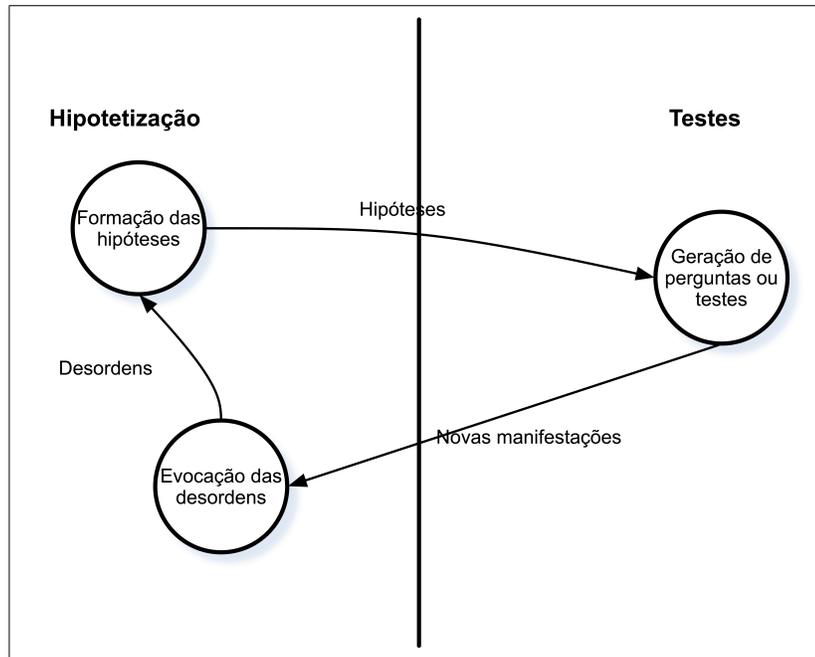


Figura 3.2: *Ciclo do processo hipotetização-testes.*

de coberturas parcimoniosas para todas as manifestações conhecidas (passo 2). A fase de ‘testes’ é realizada pela formulação de perguntas cujas respostas são utilizadas para testar as hipóteses com diferentes estratégias (passo 3). Cada volta do ciclo corresponde a execução destas duas fases por completo, e isto se repete até que todas as questões relevantes tenham sido respondidas e todas as manifestações observáveis, representadas pelo conjunto  $M^+$ , tenham sido processadas. A figura 3.2 torna claro este ciclo e como as fases realizam as suas interações.

## 3.2 Formulação do problema

Agora que a dinâmica da TCP foi exposta detalhadamente, utilizaremos esta seção para demonstrar como representamos o problema de diagnóstico quando a utilizamos.

### 3.2.1 Problemas de diagnóstico

Como dito anteriormente, a TCP básica define dois conjuntos finitos especiais para delimitar o escopo dos problemas de diagnóstico. Eles são o conjunto  $D$ , representando todas as possíveis **desordens**  $d_i$  que podem ocorrer, e o conjunto  $M$ , representando todas as **manifestações**  $m_j$  que podem ser observadas na presença de uma ou mais desordens.

A relação  $C$ , de  $D$  para  $M$ , representa as associações causais entre desordens e as suas manifestações. Uma associação  $\langle d_i, m_j \rangle \in C$  nos diz que  $d_i$  *pode* causar  $m_j$ , o que não implica que  $d_i$  *necessariamente* causa  $m_j$ . É possível perceber que a probabilidade de cada associação causal fica entre zero e um, mas não pode assumir estes valores, porque caso fosse zero não haveria associação alguma e caso fosse um implicaria na obrigatoriedade de uma desordem gerar uma manifestação. Isto é uma implicação positiva, visto que, em grande parte dos problemas de diagnóstico, incluindo o de diagnóstico médico de doenças infecciosas, que é tratado nesta dissertação, é isto que normalmente ocorre. Neste ponto deve estar claro que as associações causais não são implicações lógicas, pois pacientes que possuam a mesma desordem não necessariamente apresentam o mesmo conjunto de manifestações. Note também que, restringindo a relação  $C$ , de  $D$  para  $M$ , temos que uma manifestação não pode causar uma desordem e também um elemento, seja ele pertencente ao conjunto  $D$  ou  $M$ , não pode causar outro elemento do mesmo conjunto. Os conjuntos  $D$ ,  $M$  e a relação  $C$  formam a base de conhecimento  $BC$  desta teoria.

Agora resta apenas um caso específico  $K$  para concluir a formulação de um problema de diagnóstico. Este caso é composto apenas pelo conjunto de manifestações observáveis em um paciente, chamado  $M^+$ , que, consequentemente, é um subconjunto de  $M$ . Assumimos que as manifestações que não pertencem a  $M^+$  não estão presentes no paciente.

**Definição 3.1** *O problema de diagnóstico  $P$  é representado pelo par  $(BC, K)$  onde:*

- $BC = (D, M, C)$  : base de conhecimento composta por:
  - $D = \{d_1, d_2, \dots, d_m\}$ ,  $m \geq 1$  : Conjunto finito de todas as desordens.
  - $M = \{m_1, m_2, \dots, m_n\}$ ,  $n \geq 1$  : Conjunto finito de todas as manifestações.
  - $C \subseteq D \times M$  : Relação, de  $D$  para  $M$ , que representa todas as possíveis associações causais  $\langle d_i, m_j \rangle$ , onde  $d_i$  pode causar  $m_j$ .
- $K = (M^+)$ : onde  $K$  é o caso, composto por:
  - $M^+ \subseteq M$  : Conjunto de todas manifestações observadas no paciente.

Antes de mostrar como a TCP soluciona o problema de diagnóstico médico apresentado, iremos definir algumas funções para que o seu entendimento seja mais simples e eficaz. Sabe-se, pela formulação do problema, que uma desordem pode causar um conjunto de manifestações e que uma manifestação pode ser causada por uma ou mais desordens. Baseando-se nestas informações obtemos:

**Definição 3.2** Para qualquer  $d_i \in D, m_j \in M, D_I \subseteq D$  e  $M_J \subseteq M$  em um problema de diagnóstico  $P = (BC, K)$ .

- $efeito(d_i) = \{m_j | \langle d_i, m_j \rangle \in C\}$  : Conjunto de manifestações causadas diretamente por  $d_i$ .
- $efeito(D_I) = \bigcup_{d_i \in D_I} efeito(d_i)$  : Conjunto de manifestações causadas diretamente pelos elementos do conjunto  $D_I$ .
- $causa(m_j) = \{d_i | \langle d_i, m_j \rangle \in C\}$  : Conjunto de doenças que causam diretamente  $m_j$ .
- $causa(M_J) = \bigcup_{m_j \in M_J} causa(m_j)$  : Conjunto de doenças que causam diretamente os elementos do conjunto  $M_J$ .

A figura 3.3 ilustra a base de conhecimento de um problema de diagnóstico qualquer, utilizando a TCP básica. Como podemos observar, esta versão da TCP associa direta e causalmente as desordens ao conjunto de manifestações que ela pode causar.

**Exemplo 1** Seja  $D_1 = \{d_1, d_2\}$ ,  $D_2 = \{d_1, d_3\}$ ,  $M_1 = \{m_1, m_3\}$  e  $M_2 = \{m_2, m_3, m_4, m_6\}$  e utilizando a figura 3.3, temos:

- $efeito(d_1) = \{m_1, m_2\}$ .
- $efeito(d_2) = \{m_2, m_3, m_4, m_5\}$ .
- $efeito(d_3) = \{m_5, m_6\}$ .

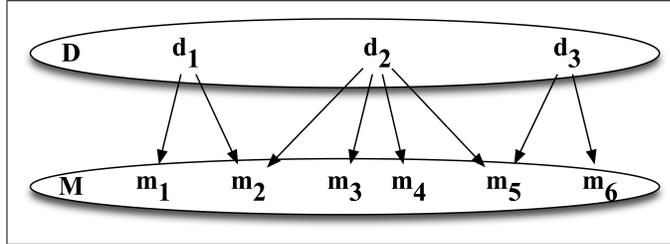


Figura 3.3: Rede causal básica, utilizando apenas as entidades desordens ( $D$ ) e manifestações ( $M$ ).

$$\text{efeito}(D_1) = \{m_1, m_2, m_3, m_4, m_5\}.$$

$$\text{efeito}(D_2) = \{m_1, m_2, m_5, m_6\}.$$

$$\text{causa}(m_1) = \{d_1\}.$$

$$\text{causa}(m_2) = \{d_1, d_2\}.$$

$$\text{causa}(m_3) = \{d_2\}.$$

$$\text{causa}(m_4) = \{d_2\}.$$

$$\text{causa}(m_5) = \{d_2, d_3\}.$$

$$\text{causa}(m_6) = \{d_3\}.$$

$$\text{causa}(M_1) = \{d_1, d_2\}.$$

$$\text{causa}(M_2) = \{d_1, d_2, d_3\}.$$

### 3.2.2 Soluções para os problemas de diagnóstico utilizando a TCP

Tendo caracterizado a formulação e formalização do problema de diagnóstico utilizando a TCP, devemos agora mostrar como solucioná-lo. Antes disto, iremos explicar e formalizar, também, os conceitos de *cobertura*, *parcimônia* e *explicação* em um problema de diagnóstico.

O conceito de cobertura nos é fornecido pela função  $\text{efeito}(D_I)$  quando já sabemos quais são as manifestações  $M^+$  observadas no paciente. Para encontrarmos a cobertura de um conjunto de manifestações  $M_J \subseteq M$  procuramos todos os conjuntos de doenças  $D_I \subseteq D$  que tem  $M_J$  como parte do  $\text{efeito}(D_I)$ , nos dando:

**Definição 3.3** O conjunto  $D_I \subseteq D$  é dito ser a cobertura de  $M_J \subseteq M$  se  $M_J \subseteq \text{efeito}(D_I)$ .

**Exemplo 2** Utilizando a figura 3.3 e sendo  $M_1 = \{m_1, m_2\}$ ,  $M_2 = \{m_3, m_4\}$  e  $M_3 = \{m_4, m_6\}$ ,  $M_I \subseteq M$ ,  $1 \leq I \leq 3$ , teríamos como suas respectivas coberturas:

- Cobertura de  $M_1 = \{D_1 = (d_1), D_2 = (d_1, d_2), D_3 = (d_1, d_3), D_4 = (d_1, d_2, d_3)\}$ , pois  $M_1 \subseteq \text{efeito}(D_I)$ ,  $1 \leq I \leq 4$ .
- Cobertura de  $M_2 = \{D_1 = (d_2), D_2 = (d_2, d_1), D_3 = (d_2, d_3), D_4 = (d_2, d_1, d_3)\}$ , pois  $M_2 \subseteq \text{efeito}(D_I)$ ,  $1 \leq I \leq 4$ .
- Cobertura de  $M_3 = \{D_1 = (d_2, d_3), D_2 = (d_2, d_3, d_1)\}$ , pois  $M_3 \subseteq \text{efeito}(D_I)$ ,  $1 \leq I \leq 2$ .

O conceito de explicação é de suma importância porque nos diz quais são as explicações mais plausíveis para diagnosticar as causas das manifestações observadas em um paciente. Se a TCP fosse apenas a teoria das coberturas (TC), e não possuísse um critério de parcimônia para selecionar as opções plausivelmente, ela geraria um número elevado de explicações. Isto ocorre porque qualquer cobertura  $D_I$  que forme uma explicação de um caso  $K = (M^+)$  daria abertura para que todos os seus superconjuntos, que também são coberturas de  $M^+$ , gerassem novas explicações conseqüentemente menos plausíveis.

Portanto, uma explicação não pode ser formada apenas por uma cobertura qualquer de  $M^+$ . Apesar desta explicação nos fornecer um conjunto de doenças que poderiam causar aquelas manifestações, ela não é forte o suficiente para escolher as explicações mais plausíveis, que é um fato desejável, porque a TCP é um mecanismo de inferência abduutivo, ou seja, busca a inferência da *melhor* explicação.

Deste modo, definimos explicação como:

**Definição 3.4** O conjunto  $E \subseteq D$  é dito ser uma explicação de  $M^+ \subseteq M$  para um problema  $P = \langle BC = (D, M, C), K = (M^+) \rangle$  se e somente se  $E$  é cobertura de  $M^+$  e  $E$  satisfaz um dado critério de parcimônia.

Temos que uma explicação é um conjunto de doenças que forma uma cobertura em relação as manifestações observadas no paciente, dado algum critério de parcimônia. Seria natural pensar que uma cobertura parcimoniosa seria a que possui o menor número de doenças dentre todas. Isto não é necessariamente verdade, visto que o critério de parcimônia tem como função nos trazer as explicações mais plausíveis e não, obrigatoriamente, as que contém o menor número de doenças. Por ter esta definição um pouco abstrata e sabendo que cada contexto de problemas de diagnóstico possui características peculiares, podemos perceber que não existe apenas um critério de parcimônia. Conseqüentemente, isto gera a necessidade de escolha entre os critérios levando-se em consideração qual deles torna uma explicação mais plausível que outra em seu contexto.

Assim como em [33], vamos definir os critérios de parcimônia que são mais comuns em problemas de diagnóstico que não incluem conhecimento probabilístico.

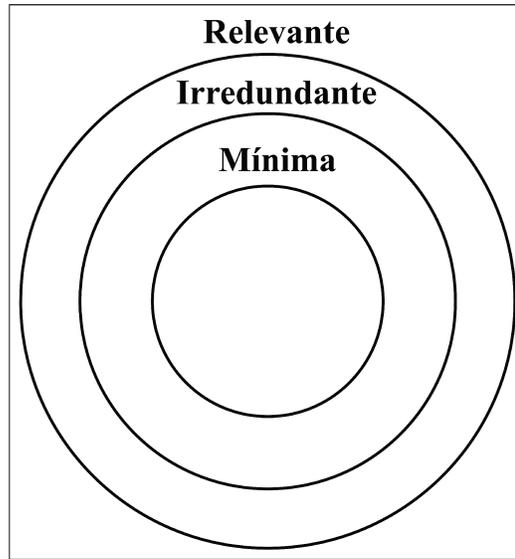


Figura 3.4: Hierarquia dos critérios de parcimônia para as coberturas.

**Definição 3.5** *Crítérios de parcimônia*

1. Uma cobertura  $D_I$  de  $M_J$  é dita ser mínima se a sua cardinalidade é a menor entre todas as coberturas de  $M_J$ .
2. Uma cobertura  $D_I$  de  $M_J$  é dita ser irredundante se nenhum de seus subconjuntos próprios é também uma cobertura de  $M_J$ ; caso contrário ela é redundante.
3. Uma cobertura  $D_I$  de  $M^+$  é dita ser relevante se é um subconjunto de causa( $M^+$ ); caso contrário ela é irrelevante.

O critério de parcimônia *mínima* é mais restrito que o *irredundante* que, por sua vez, é mais restrito que o *relevante*. Mais do que isso, toda cobertura parcimoniosa mínima também é irredundante e toda cobertura parcimoniosa irredundante também é relevante o que implica que toda cobertura mínima também seja relevante, como podemos observar na figura 3.4.

**Exemplo 3** Utilizando a figura 3.5 e sendo  $M_1 = \{m_1, m_2\}$  e  $M_2 = \{m_2, m_4, m_5\}$ ,  $M_1, M_2 \subseteq M^+$ , teríamos como suas respectivas coberturas parcimoniosas:

- Coberturas de  $M_1 = \{m_1, m_2\}$ :

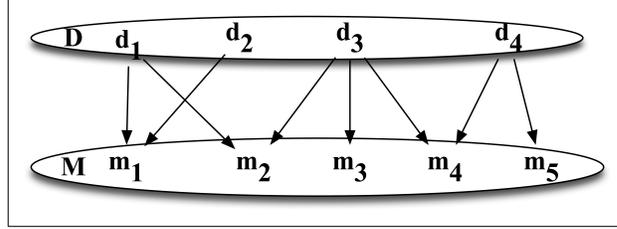


Figura 3.5: Exemplo tipos de parcimônia.

- Com critério de parcimônia *mínima* =  $\{d_1\}$ .
- Com critério de parcimônia *irredundante* =  $\{(d_1), (d_2, d_3)\}$ .
- Com critério de parcimônia *relevante* =  $\{(d_1), (d_2, d_3), (d_1, d_2), (d_1, d_3), (d_1, d_2, d_3)\}$ .
- Coberturas de  $M_2 = \{m_2, m_4, m_5\}$ :
  - Com critério de parcimônia *mínima* =  $\{(d_1, d_4), (d_3, d_4)\}$ .
  - Com critério de parcimônia *irredundante* =  $\{(d_1, d_4), (d_3, d_4)\}$ .
  - Com critério de parcimônia *relevante* =  $\{(d_1, d_4), (d_3, d_4), (d_1, d_3, d_4)\}$ .

Observamos, então, na prática a veracidade da figura 3.4 que diz que o critério de parcimônia *mínima*  $\subseteq$  *irredundante*  $\subseteq$  *relevante* para uma cobertura qualquer.

O critério *irredundante* foi utilizado como base em grande parte dos trabalhos que tratam da TCP e mecanismos de inferência abduativos, tais como [8], [19], [22], [28], [30], [33], [44], [45], entre outros.

A preferência por este critério pode ser entendida quando o comparamos com os demais. O critério de parcimônia relevante é bastante fraco resultando, na maioria dos casos, em números elevados de hipóteses, o que dificulta o trabalho de seleção das mais plausíveis. Já o critério mínimo não é o mais indicado em inúmeros casos, por exemplo, em uma situação onde temos que a rara desordem  $d_1$  sozinha e as desordens, bastante comuns,  $d_2$  e  $d_3$ , juntas como as respectivas coberturas de  $M^+$  em um problema de diagnóstico. Se o critério de parcimônia mínimo fosse o escolhido, a doença  $d_1$  seria a única hipótese plausível, enquanto a cobertura  $\{d_2, d_3\}$  seria descartada. Neste mesmo caso, um diagnosticador humano poderia preferir também considerar  $\{d_2, d_3\}$  como hipótese ou, no mínimo, como uma alternativa para o diagnóstico.

Além destes motivos, o critério irredundante é o único que nos permite gerar o conjunto de todas as coberturas de  $M^+$  como será demonstrado na seção 3.3, a seguir.

Em diversos problemas de diagnóstico, incluindo os da área médica, o diagnosticador geralmente tem interesse em todas as explicações plausíveis, pois estas, como alternativas, podem auxiliar em suas ações. Isto leva a seguinte definição de solução de um problema de diagnóstico:

**Definição 3.6** A solução de um problema de diagnóstico  $P = \langle BC = (D, M, C), K = (M^+) \rangle$ , chamada de  $\text{Sol}(P)$ , é o conjunto de todas as explicações para  $M^+$ .

**Exemplo 4** Considerando novamente a figura 3.5 e os conjuntos de manifestações observáveis  $M_1 = \{m_1, m_2\}$  e  $M_2 = \{m_2, m_4, m_5\}$ ,  $M_1, M_2 \subseteq M^+$ , teríamos:

- $\text{Sol}(P = \langle BC = (D, M, C), K = (M_1) \rangle) = \{(d_1), (d_2, d_3)\}$
- $\text{Sol}(P = \langle BC = (D, M, C), K = (M_2) \rangle) = \{(d_1, d_4), (d_3, d_4)\}$

Estas são as respectivas coberturas *irredundantes* de  $M_1$  e  $M_2$ .

### 3.3 Propriedades de problemas de diagnóstico

Nesta seção demonstraremos propriedades básicas da TCP que são utilizadas ao decorrer deste trabalho de formas implícita e explícita. Definiremos lemas e teoremas que são intuitivamente verificados, mas não faremos provas formais, pois fugiria do escopo deste trabalho.

A própria formulação do problema de diagnóstico já nos dá algumas propriedades elementares bastante interessantes que nos direcionam a concluir as demais. Estas propriedades estão descritas abaixo em forma de lemas e teoremas.

**lema 3.1** Seja  $P = \langle D, M, C, M^+ \rangle$  a rede causal para um problema de diagnóstico e  $d_i \in D$ ,  $m_j \in M$ ,  $D_I, D_K \subseteq D$ , e  $M_J \subseteq M$  então:

- (a)  $\text{efeito}(d_i) \neq \emptyset$ ,  $\text{causa}(m_j) \neq \emptyset$ ;
- (b)  $d_i \in \text{causa}(\text{efeito}(d_i))$ ,  $m_j \in \text{efeito}(\text{causa}(m_j))$ ;
- (c)  $D_I \subseteq \text{causa}(\text{efeito}(D_I))$ ,  $M_J \subseteq \text{efeito}(\text{causa}(M_J))$ ;
- (d)  $M = \text{efeito}(D)$ ,  $D = \text{causa}(M)$ ;
- (e)  $d_i \in \text{causa}(m_j)$  sse  $m_j \in \text{efeito}(d_i)$ ;
- (f)  $\text{efeito}(D_I) - \text{efeito}(D_K) \subseteq \text{efeito}(D_I - D_K)$ .

**lema 3.2** *Se  $P = \langle D, M, C, M^+ \rangle$  é a rede causal para um problema de diagnóstico com  $D_I \subseteq D$  e  $M_J \subseteq M$  então  $D_I \cap \text{causa}(M_J) = \emptyset$  sse  $M_J \cap \text{efeito}(D_I) = \emptyset$ .*

Pela definição de cobertura irredundante, temos:

**lema 3.3** *Se  $D_K$  é uma cobertura de  $M_J$  em um problema de diagnóstico, então existe um  $D_I \subseteq D_K$  que é uma cobertura irredundante de  $M_J$ .*

Os lemas 3.1(d) e 3.3 imediatamente nos leva a concluir o teorema 3.4 que dá suporte aos três critérios de parcimônia (mínimo, irredundante e relevante) descritos na definição 3.5.

**teorema 3.4** *(Teorema da Existência de Explicação): Existe pelo menos uma explicação para  $M^+$  em qualquer problema de diagnóstico  $P = \langle D, M, C, M^+ \rangle$ .*

Para qualquer cobertura  $D_I$  de  $M_J$ , se toda  $m_j \in M^+$  é coberta por algum  $d_i \in D_I$  e também é coberta por algumas outras desorden(s) em  $D_I$ , então  $d_i$  é irredundante no sentido de que  $D_I - \{d_i\}$  ainda é cobertura de  $M^+$ .

**lema 3.5** *Uma cobertura  $D_I$  de  $M_J$  é dita ser irredundante sse para cada  $d_i \in D_I$ , existe alguma  $m_j \in M_J$  que é coberta unicamente por  $d_i$ , ou seja,  $m_j \in \text{efeito}(d_i)$ , mas  $m_j \notin \text{efeito}(D_I - \{d_i\})$ .*

**lema 3.6** *Se  $D_I$  é uma cobertura irredundante de  $M_J$ , então  $|D_I| \leq |M_J|$ . Mais especificamente, se  $E$  é uma explicação de  $M^+$  em um problema de diagnóstico, então  $|E| \leq |M^+|$ .*

**lema 3.7**  *$E = \emptyset$  é a única explicação para  $M^+ = \emptyset$ .*

**teorema 3.8** *(Teorema das Desordens Concorrentes): Seja  $E$  uma explicação para  $M^+$ , e seja  $M^+ \cap \text{efeito}(d_1) \subseteq M^+ \cap \text{efeito}(d_2)$  para algum  $d_1, d_2 \in D$ . Então:*

- (a)  $d_1$  e  $d_2$  não estão ambos em  $E$ ;
- (b) Se  $d_1 \in E$ , existe uma outra explicação  $E'$  para  $M^+$  contendo  $d_2$ , mas não  $d_1$ , de cardinalidade menor ou igual.

Este teorema formaliza a noção de desordens concorrentes. Desordens concorrentes são alternativas da possível causa de um conjunto de manifestações. Quando temos todas as manifestações de  $M^+$  sendo cobertas por duas desordens distintas dizemos que elas estão competindo, ou concorrendo, para serem reconhecidas como a mais plausível em uma explicação.

O lema 3.9 abaixo, define o conceito da figura 3.4.

**lema 3.9** *Sejam  $S_{cm}, S_{ci}, S_{cr}, S_c$  as coberturas mínima, irredundante, relevante e o conjunto de todas as coberturas, respectivamente, de  $M^+$  para um problema de diagnóstico  $P = \langle D, M, C, M^+ \rangle$  então  $\emptyset \subseteq S_{cm} \subseteq S_{ci} \subseteq S_{cr} \subseteq S_c$ .*

**lema 3.10** *(Propriedade da Inclusão) Em um problema de diagnóstico  $P = \langle D, M, C, M^+ \rangle$ , seja  $S_{ci}$  o conjunto de todas as coberturas irredundantes de  $M^+$ . Portanto,  $S_{ic}$  é o menor conjunto de coberturas de forma que para qualquer  $D_K \subseteq D$  cobertura de  $M^+$ , existe um  $D_I$  em  $S_{ic}$  onde  $D_I \subseteq D_K$ .*

Este lema nos dá que  $S_{ic}$  é o menor conjunto de coberturas que implicam todas as coberturas de  $M^+$ . Portanto, qualquer cobertura está presente em  $S_{ic}$  ou pode ser sistematicamente gerada à partir dele adicionado novas desordens em um de seus elementos. Temos então que todas as coberturas de  $M^+$  estão em  $S_{ic}$  ou são superconjuntos de algum conjunto em  $S_{ic}$ .

# Capítulo 4

## Trabalho Proposto

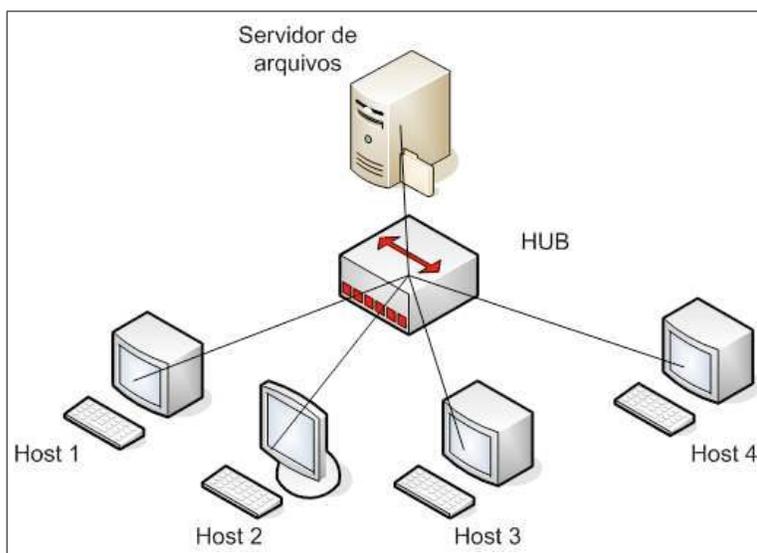
Neste capítulo falaremos sobre a utilização da TCP no diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas ressaltando as suas limitações e propondo um modelo baseado nesta teoria com algumas modificações, objetivando eliminar ou reduzir os problemas encontrados para este cenário. Por se tratar de diagnóstico médico chamaremos as desordens de doenças e as manifestações de sintomas durante todo o capítulo. Este capítulo está dividido em quatro seções, sendo que a seção 4.1 mostra as limitações da TCP neste domínio, a seção 4.2 mostra como lidar com estas limitações, a seção 4.3 formaliza o problema de diagnóstico se baseando no modelo proposto e, finalmente, a seção 4.4 mostra como solucionar problemas de diagnóstico utilizando este modelo.

### 4.1 Limitações da TCP em relação ao diagnóstico de doenças infecto-contagiosas

A TCP é uma técnica baseada no mecanismo de inferência abductivo e, por isto, é bastante utilizada na geração de diagnóstico em diversas áreas, tais como procura de falhas em sistemas em geral, saúde clínica, *debug* de sistemas computacionais, entre outras. No caso específico de medicina clínica, isto pode ser atribuído pelo fato do processo de geração de diagnóstico médico humano cair naturalmente na categoria de abdução, [15, 7, 42, 34, 35, 39, 40].

Apesar de possuir estas qualidades, a teoria possui algumas limitações quando estamos lidando com o problema de diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas. Estas podem resultar no aumento do número de hipóteses ou na diminuição da precisão do diagnóstico por várias causas que serão descritas nesta seção.

O objetivo desta seção é apontar todas as limitações relevantes da TCP no que diz respeito ao diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas, destacando quais seriam



Exemplo 1

Figura 4.1: Topologia de uma rede onde hosts acessam um servidor de arquivos.

as suas implicações e porque elas ocorrem.

A seção está dividida tomando-se como base as cinco principais limitações da teoria que serão descritas em 4.1.1, 4.1.2, 4.1.3, 4.1.4 e 4.1.5.

#### 4.1.1 Co-infecção com múltiplas doenças infecto-contagiosas, simultaneamente

A TCP, usualmente, gera hipóteses com múltiplas desordens simultâneas para explicar um conjunto de sintomas apresentados pelo paciente. Isto é bastante importante nos problemas de diagnóstico em geral, pois levanta todas as combinações possíveis de desordens que possam causar aquele determinado conjunto de sintomas. O fato da TCP não restringir o número de elementos de uma hipótese, é fundamental em diversos cenários de diagnóstico, como podemos observar no exemplo da figura 4.1.

*Suponha que os hosts 1 e 3 não consigam acessar o servidor de arquivos; entretanto, os hosts 2 e 4 conseguem fazê-lo normalmente. Sabemos que todos os componentes do servidor de arquivos, assim como os de todos os hosts estão funcionando corretamente. Então, resumindo os componentes do HUB apenas às suas portas, as possíveis causas geradoras destas manifestações seriam:*

1. O HUB não está funcionando.

2. *O cabo que conecta o servidor de arquivos ao hub não está funcionando.*
3. *A porta do hub que conecta-se ao servidor de arquivos não está funcionando.*
4. *O cabo que liga o host 1 e a porta do hub que conecta-se ao host 3 não estão funcionando.*
5. *O cabo que liga o host 3 e a porta do hub que conecta-se ao host 1 não estão funcionando.*
6. *Os cabos que ligam o host 1 e 3 ao hub não estão funcionando.*
7. *As portas do hub que conectam-se aos hosts 1 e 3 não estão funcionando.*

Com estas informações, poderíamos, certamente, descartar as hipóteses 1, 2 e 3, que não são plausíveis, pois caso contrário os *hosts* 2 e 4 também não estariam aptos a acessar o servidor. Portanto, as hipóteses restantes são todas formadas por múltiplas causas simultâneas, mostrando a utilidade e o potencial desta técnica para diagnosticar cenários como este.

Hipóteses com múltiplas desordens também ocorrem no diagnóstico de doenças infecto-contagiosas, especialmente quando estamos lidando com a síndrome Aids que tanto permite a infecção posterior por outras doenças, como potencializa este fato. A HIV/Aids também tem outras características muito específicas como ser assintomática e de fácil detecção laboratorial. Por estes dois motivos ela não será tratada neste trabalho, apesar de estar descrita também em [11].

Com exceção desta, é muito raro haver múltiplas infecções simultâneas entre doenças infecto-contagiosas. Por este motivo, os especialistas dificilmente seguem por esta linha de raciocínio quando estão gerando o diagnóstico de um paciente. Eles, normalmente, colocam em segundo plano estas possibilidades e seguem buscando a causa única das manifestações, o que na maioria dos casos será a causa real do problema.

Precisamos, então, de um critério de parcimônia que reflita este cenário. Por não fazerem qualquer menção ao número máximo de desordens que podem estar presentes em uma hipótese, os critérios apresentados até o momento, que são o mínimo, irredundante e relevante, não são fortes o suficiente para limitar o número de doenças a apenas uma por hipótese. Esta abordagem resulta em um grande problema que é o número excessivo de hipóteses (qualquer combinação parcimoniosa de doenças que seja cobertura do conjunto de sintomas apresentado) o que muitas vezes não reflete a realidade.

#### 4.1.2 Fatores relevantes que não são sintomas

A TCP tem como base de seu funcionamento as relações causais entre doenças e os sintomas que elas possam causar. Nesta abordagem, apenas a informação da presença ou

não de sintomas é considerada suficiente para o sucesso de qualquer diagnóstico. Uma vez identificados, os sintomas presentes são utilizados para evocar conjuntos de doenças que formam uma cobertura parcimoniosa, sendo cada uma delas é chamada de hipótese.

Esta abordagem é bastante prática e eficiente, pois faz uma associação direta entre os sintomas apresentados e as doenças que podem causá-los. Porém, existem outras informações importantes para geração de um diagnóstico de doenças infecto-contagiosas preciso. Estas informações são bastante utilizadas para avaliar as hipóteses iniciais levantadas e excluí-las, se necessário, tornando as restantes mais confiáveis. Este é um procedimento comum utilizado por médicos especialistas.

Existem diversos tipos de fatores relevantes, sendo que os mais comuns são a imunidade do paciente, tanto a adquirida ativa quanto a passiva, a localização de determinadas doenças, estimativa de duração de manifestações, sazonalidade das infecções e informações de diagnóstico diferencial.

Utilizando alguns exemplos, podemos mostrar claramente a importância destes fatores que, em muitos casos, são até mesmo mais importantes que os próprios sintomas.

Quando analisamos a literatura médica, podemos observar os fatores relevantes sendo destacados em diversos momentos, sendo que o exemplo abaixo é um trecho retirado de [11] quando a doença sarampo é descrita.

*Sarampo - “A imunidade ativa é adquirida por meio da infecção natural ou pela vacinação. Após a infecção natural, a imunidade é duradoura.”*

(Secretaria de vigilância em saúde - Ministério da saúde, 2005:653)

Como podemos observar, este trecho discorre sobre a imunidade adquirida por infecção natural. Tendo esta informação disponível, podemos inferir que toda vez que a suspeita da doença sarampo seja levantada, seria interessante questionar o paciente para checar se ele já foi infectado em outra ocasião por esta doença, e em caso de resposta afirmativa, esta poderia ser descartada do diagnóstico.

Outro tipo de fator relevante seria a localização de determinados tipos de infecção. Há localidades que apresentam um grande número de ocorrências de infecção por uma determinada doença, enquanto em outras a doença pode ter sido abolida, por motivos como, possuir ambiente não propício para a proliferação do transmissor, ou a região ter um sistema de saúde mais ativo e ter conseguido eliminar a doença com ações preventivas, entre outras. Se existe a suspeita de infecção por uma doença em um paciente numa região onde ela foi extinta a um período considerável, é necessário verificar se ele deixou aquela região, pois caso contrário, ele dificilmente a terá contraído.

No exemplo do quadro representado pela figura 4.2, retirada de [11], podemos observar que a incidência da doença hanseníase é muito baixa na região dos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Portanto, um habitante de um destes estados que nunca



Figura 4.2: Prevalência de hanseníase por unidades da Federação.

tenha deixado a região que vive, possuirá poucas chances de ter contraído a doença, tornando esta informação importante para se diferenciar as hipóteses para este caso.

Sem estas informações, perdemos a capacidade de analisar e excluir hipóteses utilizando outros tipos de informações. Isto resultará num elevado número de hipóteses finais, atrapalhando o trabalho dos médicos que terão de trabalhar em diversas direções até que a causa real seja descoberta.

Portanto, existem informações relevantes que são fundamentais para analisar hipóteses iniciais e excluí-las, se necessário, tornando o diagnóstico mais preciso e confiável. Infelizmente, por não serem sintomas, estas não possuem suporte da TCP tornando as ferramentas para realização deste tipo de diagnóstico significativamente mais pobres.

### 4.1.3 Conjunto de fatores determinantes de suspeita

Vimos que, para a realização de um diagnóstico de doenças infecto-contagiosas são necessárias, ao menos, as entidades doença, sintomas e fatores relevantes. Os sintomas são utilizados para gerar as hipóteses, que por sua vez são formadas por doenças, e os fatores relevantes servem para validá-las nos retornando as possíveis causas do problema.

Este procedimento, apesar de ser bastante similar ao processo humano de geração de diagnóstico, carece de uma técnica muito utilizada por especialistas, que pode ser encontrada explicitamente na literatura médica, especialmente em [11]. Ela está baseada no conhecimento empírico de que existem **conjuntos de informações determinantes**

**de suspeitas, ou CONINDESU**, que levantam a suspeita de uma doença sem levar em consideração quaisquer outras informações, inclusive a presença de sintomas que esta não pode manifestar.

Vamos utilizar a doença Dengue como exemplo. Esta possui diversos CONINDESUs, mas para fins ilustrativos descreveremos apenas um. Este nos diz que quando um paciente apresenta o sintoma Febre alta, frequentou locais onde existe a ocorrência de casos de dengue ou do mosquito *Aedes Aegypti*, apresenta febre com duração de até 7 dias e possui dois sintomas dentre (Cefaléia, Mialgia, Prostração, Artralgias, Dor retroorbital, Exantema), determinamos a suspeita dele ter contraído esta doença. É importante ressaltar que mesmo se houver sintomas presentes no paciente que esta doença não manifesta, ela ainda será levantada como uma hipótese, pois as informações fornecidas, tomadas em conjunto, já são suficientes para suportá-la.

Este procedimento é muito útil em casos onde uma possível causa seria descartada, pois não pode manifestar qualquer um dos sintomas apresentados no paciente, mas baseado em estudos empíricos as informações fornecidas são suficientes para determinar uma suspeita.

Temos então que CONINDESUs são suficientes para levantar a hipótese de um doença, sem depender de outras informações, mas infelizmente não existe nenhum suporte para este tipo de técnica na TCP.

#### 4.1.4 Falta de recursos para identificar inconsistência da descrição de sintomas do paciente

O processo de geração de diagnóstico de doenças infecto-contagiosas começa, assim como em todo caso de diagnóstico médico, quando um especialista é procurado para identificar a causa da existência de determinadas manifestações incomuns no organismo de um paciente. A partir deste momento, tem início a coleta de informações que variam desde quais são os sintomas apresentados, como o paciente está se sentindo, qual a situação vacinal, se áreas específicas foram frequentadas, se ele já contraiu algumas determinadas doenças, entre outras. Com base nestas informações é possível gerar um diagnóstico clínico preciso, que pode ser confirmado por futuras observações, ou até mesmo por exames laboratoriais.

Apesar deste processo ser bem utilizado e ter resultados bastante positivos, existem problemas com relação a imprecisão das informações coletadas, especialmente no que diz respeito a descrição dos sintomas. Alguns destes não se manifestam na presença do especialista e são informados diretamente pelos pacientes que, por sua vez, podem tê-los mal interpretado. Isto é bastante frequente quando estamos lidando com sintomas que possuem especializações, ou quando é necessário descrever as suas intensidades.

Como era de se esperar, um sintoma especializado é aquele que possui um correspondente mais genérico pertencente a mesma categoria, como, por exemplo, no caso da tosse

seca e da tosse o primeiro é uma especialização do segundo. Caso um paciente tenha manifestado a tosse seca pelo período de uma semana, mas vá visitar o médico apenas depois, ele será responsável por descrever os seus sintomas. Se o paciente descrevê-lo como sendo apenas tosse, o que não deixa de ser verdade, poderá ocasionar um diagnóstico incorreto, já que existem doenças que manifestam apenas a tosse seca e outras que manifestam apenas a tosse.

O mesmo ocorre com a intensidade de alguns sintomas, tais como febre que pode ser caracterizada como febre baixa, alta, irregular, contínua, etc., ou o sintoma fotofobia que também pode ser caracterizado como fotofobia discreta ou fotofobia aguda, entre outros. O grau de intensidade do sintoma, assim como a sua especialização, são importantes para o diagnóstico, pois em muitos casos podem levantar novas hipóteses e/ou descartar outras.

Claramente, é necessário um mecanismo que suporte a interpretação da descrição dos sintomas para gerar um diagnóstico mais preciso. Temos que evitar o problema de criar hipóteses inconsistentes pela má observação ou descrição dos sintomas. Como a TCP não fornece meios para tal, devemos construí-los para realizar o diagnóstico proposto neste trabalho.

#### 4.1.5 Sintomas quase obrigatórios

Para gerar as hipóteses de um diagnóstico, a TCP busca as doenças que podem ter causado os sintomas manifestados em um paciente. Esta informação fica armazenada na base de conhecimento através da relação causal entre estas entidades.

Apesar de ser um procedimento bastante simples e útil, ele não leva em consideração uma informação presente em quase todo cenário de diagnóstico médico, ou seja, a existência de sintomas especiais, que se manifestam em quase todos os casos de infecção por determinadas doenças, tornando-se seus sintomas característicos, ou **sintomas quase obrigatórios**, como são chamados neste trabalho.

Esta diferenciação entre sintomas é de grande relevância, visto que muitos especialistas a utilizam com o objetivo de reduzir alternativas ou fortalecer hipóteses. Para ilustrar este caso, a seguinte situação é descrita:

Como podemos observar nos dois trechos abaixo, retirados de [11], é fato que febre alta e tosse paroxística são sintomas quase obrigatórios das doenças gripe e coqueluche, respectivamente. Se num caso de diagnóstico, um médico especialista estiver suspeitando que um paciente esteja infectado com uma dessas doenças e ainda não saiba se aqueles sintomas se manifestaram, ele prontamente, buscará estas informações que serão de grande relevância para o diagnóstico. Se neste processo for descoberto que a tosse paroxística está presente, mas não a febre alta, o restante da geração do diagnóstico será focado na doença coqueluche descartando-se a hipótese de gripe. Isto ocorre porque em quase todos

os casos de gripe o sintoma febre alta está presente e a sua ausência resulta em menores chances desta ser a causa do problema.

*Coqueluche fase paroxística - “geralmente afebril ou com febre baixa. Em alguns casos, ocorrem vários picos de febre no decorrer do dia. Apresenta como manifestação típica os paroxismos de tosse seca, que se caracterizam por crise de tosse súbita incontrolável, rápida e curta (cerca de 5 a 10 tossidas, em uma única expiração).”*

(Secretaria de vigilância em saúde - Ministério da Saúde, 2005:210)

*Gripe - “Clinicamente, a doença inicia-se com a instalação abrupta de febre alta, em geral acima de 38°C, seguida de mialgia, dor de garganta, prostração, calafrios, dor de cabeça e tosse seca.”*

(Secretaria de vigilância em saúde - Ministério da saúde, 2005:435)

Existe uma versão da TCP que dá suporte a este fato, mas, para tanto, são necessárias informações estatísticas sobre a relação causal entre doenças e sintomas. Esta versão é chamada de TCP probabilística e foi descrita em detalhes em [33]. Apesar de solucionar o problema, ela só pode ser utilizada em cenários onde esteja disponível este tipo de informação, o que limita bastante a sua adoção. Infelizmente, o caso de diagnóstico médico das trinta e seis doenças infecto-contagiosas de interesse da ANVISA não é diferente, e até o desenvolvimento deste trabalho não existiam informações estatísticas relevantes para sua adoção.

Uma observação importante é que, mesmo sem este tipo de informação, é possível destacar alguns sintomas que na maioria esmagadora das vezes se manifestam na presença de determinadas doenças. Esta informação, claramente, pode ser utilizada para auxiliar a realização do diagnóstico validando as hipóteses levantadas e tornando-o mais preciso. Porém, não é possível utilizar a TCP da forma que foi proposta, pois sem as informações estatísticas ela não fornece mecanismos para lidar com este caso.

Esta limitação, quando contornada, possibilitará a avaliação de todas as hipóteses levantadas verificando se seus sintomas quase obrigatórios foram manifestados.

## 4.2 Como lidar com estas limitações

Mostramos na seção anterior que a TCP possui limitações, e que dentre elas, existem cinco que se destacam. Nesta seção, o nosso objetivo é mostrar como solucioná-las adicionando novas funcionalidades ou modificando um pouco o seu funcionamento. Com estas alterações pretendemos otimizar a solução do problema de diagnóstico para medicina epidemiológica, mas que também poderá ser aplicável para medicina em geral.

A seção está dividida estruturalmente da mesma forma que a seção anterior. Mostramos como lidar com cada uma das cinco limitações em 4.2.1, 4.2.2, 4.2.3, 4.2.4 e 4.2.5

### 4.2.1 Co-infecção com múltiplas doenças infecto-contagiosas, simultaneamente

Vimos que no diagnóstico médico de doenças infecto-contagiosas é bastante difícil ocorrer co-infecção simultânea de doenças, com exceção do caso da síndrome Aids que não será tratada neste trabalho. Seguindo este raciocínio, especialistas da área, mais precisamente os que trabalham com as trinta e seis doenças de interesse da ANVISA, normalmente, seguem por outros caminhos no processo de geração de diagnóstico, pois a probabilidade de ocorrer múltiplas infecções, simultaneamente, é bastante baixa.

Isto torna os critérios de parcimônia mínimo, irredundante e relevante, que foram apresentados até o momento, insuficientes para gerar um diagnóstico preciso de doenças infecto-contagiosas. Fica clara, então, a necessidade de outro critério que restrinja o número de desordens para apenas uma por hipótese.

**Definição 4.1** Para qualquer  $D_I \subseteq D$  e  $M_J \subseteq M$  em um problema de diagnóstico  $P$ , temos:

Uma cobertura  $D_I$  de  $M_J$ , é dita ser **singular** se  $|D_I| = 1$ , ou seja, ela possui apenas um elemento.

Para suprir esta necessidade, criamos o critério de parcimônia *singular* definido logo acima. Estamos adotando este critério para o restante do trabalho e, portanto, toda vez que parcimônia for mencionada, estaremos utilizando-o, a não ser que, explicitamente falemos o contrário. Intuitivamente, podemos perceber que este critério é mais restritivo que os demais.

Quando analisamos o critério *singular* percebemos que ele é basicamente o critério mínimo, quando este apresenta apenas um elemento por hipótese. Isto nem sempre ocorre, como podemos observar no exemplo da figura 4.3:

Neste exemplo, se os sintomas manifestados forem  $M_1 = \{m_2, m_4\}$  teremos como cobertura mínima as desordens  $\{d_1, d_2\}$ , cuja cardinalidade é igual a dois, porém não existirão coberturas singulares.

Portanto, fica claro que toda cobertura singular também é mínima, mas nem sempre que existe uma cobertura mínima esta será singular, pois coberturas mínimas podem ter mais de um elemento dependendo do cenário. Neste caso, os modelos que adotam o critério de parcimônia singular não apresentarão hipóteses como solução, fato este, desejado para o contexto deste trabalho.

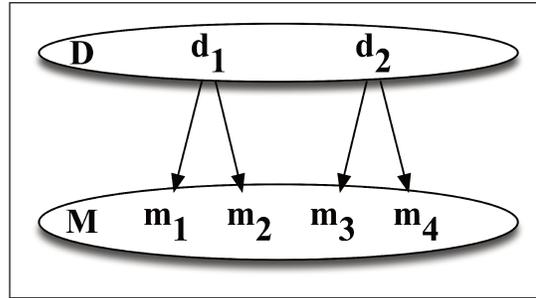


Figura 4.3: *Diferença entre coberturas singular e mínimas.*

A utilização do novo critério de parcimônia singular chega para limitar o número de desordens a apenas uma por hipótese, tornando-se o mais apto a ser utilizado no diagnóstico de doenças infecto-contagiosas. Como efeito colateral, este também reduz o número total de hipóteses finais, algo que é bastante desejável, pois facilita o trabalho do especialista que utilizará esta técnica. A partir deste momento quando nos referirmos a hipóteses, sempre consideraremos que elas possuem apenas um elemento, pois caso contrário destacaremos o fato explicitamente.

#### 4.2.2 Fatores relevantes que não são sintomas

É fato que existem fatores relevantes que não são sintomas e podem ser utilizados de forma decisiva no processo de geração de diagnóstico de doenças. Estes variam desde fatores como imunidade, informações de diagnóstico diferencial, até localização ou sazonalidade de doenças. Quando obtidas, as hipóteses iniciais são validadas contra estes fatores, e caso não tenhamos um resultado satisfatório elas serão excluídas do diagnóstico final. Este procedimento torna as hipóteses finais mais precisas, pois teremos um número menor delas e também com maior confiabilidade, visto que, as que remanescerem possuem mais indicações de serem a causa da infecção.

Chamamos de  $F$  o conjunto de todos os fatores relevantes presentes em um problema de diagnóstico. Cada  $f_i = (p_i, r_i) \in F$  é formado por uma pergunta  $p_i$  e uma resposta esperada  $r_i$ . A base de conhecimento, antes composta pelos conjuntos  $D$  e  $M$  e a relação  $C$ , agora também deve incluir o conjunto  $F$  e a relação  $DF$ , de  $D$  para  $F$ , onde cada associação  $\langle d_i, f_j \rangle \in DF$  indica que  $d_i$  pode ser influenciado por  $f_j$ . Uma forma de visualizar a nova base de conhecimento está representada na figura 4.4. Nesta, podemos observar uma doença  $d_i$  e as suas relações com os sintomas que ela pode manifestar e com os fatores relevantes que podem influenciá-la.

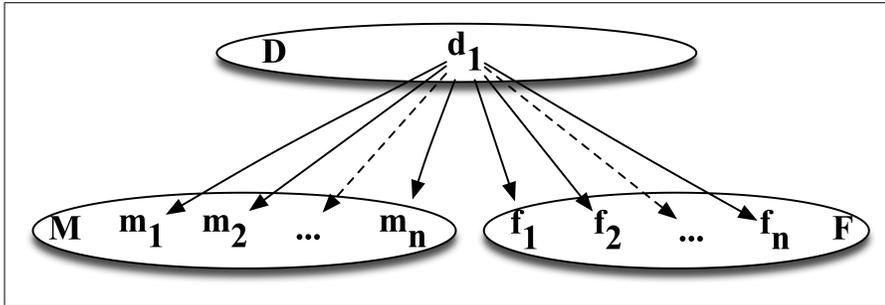


Figura 4.4: A doença  $D$  e suas relações  $C$  e  $DF$  com o conjunto de sintomas e fatores relevantes.

A partir das hipóteses iniciais, temos que responder o maior número possível de perguntas dos fatores relevantes que podem influenciá-las. As respostas podem ser tanto afirmativas quanto negativas. Existe também a possibilidade de se abster de respondê-las, sendo que neste caso o fator relevante não respondido não é utilizado e, conseqüentemente, não influenciará o diagnóstico. Quando a resposta obtida for igual a esperada, mantemos a hipótese correspondente e caso contrário a excluiremos. Note que a resposta esperada é sempre aquela que, caso confirmada, mantém a hipótese no diagnóstico final.

Com este procedimento pretendemos gerar um número menor de hipóteses no diagnóstico final, obtendo maior precisão. Isto ocorre pelo fato do número de hipóteses, potencialmente, ter sido reduzido tornando as remanescentes mais confiáveis. Para isto, utilizamos informações de altíssima relevância, as quais não são sintomas, para excluir ou fortalecer as hipóteses iniciais. Também é essencial destacar a possibilidade de não responder as perguntas dos fatores relevantes sem influenciar no diagnóstico final, o que traz liberdade aos especialistas em casos onde existam dúvidas.

### 4.2.3 Conjunto de fatores determinantes de suspeita

Sabemos que a base conceitual para o diagnóstico médico, utilizando a TCP já modificada, são as entidades sintomas, fatores relevantes, doenças e as relações desta última com as duas primeiras, como visto no item 4.2.2. Mas além destes, empiricamente, os especialistas utilizam conjuntos de informações que, independentemente de outras, determinam a suspeita de uma doença que são os CONINDESUs e irão complementar a utilização das entidades descritas, com o objetivo de tornar o diagnóstico mais preciso.

É simples encontrar estes CONINDESUs na literatura médica. Vejo o exemplo da definição de um caso de suspeita para a doença Leptospirose, retirado de [11]:

associados a um ou mais dos seguintes sinais e/ou sintomas: sufusão conjuntival ou

conjuntivite, náuseas e/ou vômitos, calafrios, alterações do volume urinário, icterícia,

fenômeno hemorrágico e/ou alterações hepáticas, renais e vasculares compatíveis

com leptospirose ictérica (síndrome de Weil) ou anictérica grave.” *Leptospirose - “Indivíduo com febre de início súbito, mialgias, cefaléia, mal-estar e/ou prostração,*

*associados a um ou mais dos seguintes sinais e/ou sintomas: sufusão conjuntival ou*

*conjuntivite, náuseas e/ou vômitos, calafrios, alterações do volume urinário, icterícia,*

*fenômeno hemorrágico e/ou alterações hepáticas, renais e vasculares compatíveis*

*com leptospirose ictérica (síndrome de Weil) ou anictérica grave.”*

(Secretaria de vigilância em saúde - Ministério da saúde, 2005:509)

**Definição 4.2** Um elemento  $e$  é formado por um conjunto de sintomas  $M_e \subseteq M$  e um conjunto de fatores relevantes  $F_e \subseteq F$ , onde  $M_e \cup F_e \neq \emptyset$ .

É importante observar que as definições de CONINDESU sempre obedecem um padrão, onde existem sintomas e/ou fatores relevantes que obrigatoriamente devem estar presentes, formando um elemento chamado de **elemento E**, diversos conjuntos de sintomas e/ou fatores relevantes, cada um deles sendo nomeado como um **elemento OU**, formando o **conjunto de elementos OU** e um **número mínimo de elementos OU**, que simboliza a quantidade mínima de elementos *OU* que deve estar presente. A suspeita de uma doença é determinada, então, quando possuímos a presença do elemento  $e$  e da quantidade mínima de elementos *OU*.

Utilizando o exemplo da Leptospirose, os seguintes CONINDESUs seriam formados:

1. Conindesu 1

- elemento E = ({Febre, Mialgia, Cefaléia, Mal-estar},{})
- elemento OU 1 = ({Conjuntivite},{})

- elemento OU 2 = ( $\{\text{Náuseas}\}, \{\}$ )
- elemento OU 3 = ( $\{\text{Vômitos}\}, \{\}$ )
- elemento OU 4 = ( $\{\text{Calafrios}\}, \{\}$ )
- elemento OU 5 = ( $\{\text{Icterícia}\}, \{\}$ )
- elemento OU 6 = ( $\{\text{Hemorragia}\}, \{\}$ )
- elemento OU 7 = ( $\{\}, \{\text{(O paciente possui alterações do volume urinário?, Sim)}\}$ )
- elemento OU 8 = ( $\{\}, \{\text{(O paciente apresenta alterações hepáticas, renais e vasculares compatíveis com leptospirose?, Sim)}\}$ )
- conjunto de elementos OU = {elemento OU 1, elemento OU 2, elemento OU 3, elemento OU 4, elemento OU 5, elemento OU 6, elemento OU 7, elemento OU 8}
- número mínimo de elementos OU = 1

## 2. Conindesu 2

- elemento E = ( $\{\text{Febre, Mialgia, Cefaléia, Prostração}\}, \{\}$ )
- elemento OU 1 = ( $\{\text{Conjuntivite}\}, \{\}$ )
- elemento OU 2 = ( $\{\text{Náuseas}\}, \{\}$ )
- elemento OU 3 = ( $\{\text{Vômitos}\}, \{\}$ )
- elemento OU 4 = ( $\{\text{Calafrios}\}, \{\}$ )
- elemento OU 5 = ( $\{\text{Icterícia}\}, \{\}$ )
- elemento OU 6 = ( $\{\text{Hemorragia}\}, \{\}$ )
- elemento OU 7 = ( $\{\}, \{\text{(O paciente possui alterações do volume urinário?, Sim)}\}$ )
- elemento OU 8 = ( $\{\}, \{\text{(O paciente apresenta alterações hepáticas, renais e vasculares compatíveis com leptospirose?, Sim)}\}$ )
- conjunto de elementos OU = {elemento OU 1, elemento OU 2, elemento OU 3, elemento OU 4, elemento OU 5, elemento OU 6, elemento OU 7, elemento OU 8}
- número mínimo de elementos OU = 1

Portanto, um CONINDESU  $co = (ee, EOU, m) \in CO$  é formado por um elemento E (ee), um conjunto de elementos OU (EOU) e um número mínimo de elementos OU (m). Como cada CONINDESU está diretamente associado a uma doença, precisamos criar a

relação DCO, de  $D$  para  $CO$ , onde cada associação  $\langle d_i, co_j \rangle \in DCO$  representa que a suspeita de  $d_i$  pode ser determinada pela presença de  $co_j$ .

A grande vantagem da utilização de CONINDESUs é que podemos usufruir do conhecimento empírico de especialistas facilitando o levantamento de suspeitas com relação as doenças. Além disso, mesmo com algum sintoma manifestado não poder ser causado por uma doença ou fator relevante que não tenha sido satisfeito, podemos determinar a suspeita, pois como mencionado, os CONINDESUs não levam em consideração quaisquer outras informações.

#### 4.2.4 Falta de recursos para identificar inconsistência da descrição de sintomas do paciente

Vimos que, no seu dia-a-dia, os especialistas devem lidar com as informações coletadas no processo de geração de diagnóstico clínico e que muitas vezes estas estão incorretas ou não refletem totalmente a realidade. Isto ocorre com frequência, pois é difícil calcular a intensidade de alguns sintomas, caso não existam aparelhos para tal, e também outros serão descritos pelos pacientes aumentando o risco de terem sido mal interpretados, até porque, não necessariamente se repetirão em uma consulta.

Para lidar com estes problemas os especialistas, instintivamente, acabam trabalhando com múltiplas hipóteses em sua mente. Estas são formadas utilizando as possíveis variações que os sintomas podem conter. Por exemplo, quando o sintoma vômito for informado é preciso levar em consideração não só as doenças que podem causá-lo, como as que podem causar suas variações que seriam vômito pós-tosse, vômito com aspecto de borra de café e vômitos repetidos.

Entendendo que a intensidade de um sintoma também é uma especialização, por exemplo, febre alta ou febre baixa são especializações de febre, chegamos a conclusão que quase todos os casos de inconsistência na descrição de manifestações ocorrem quando um sintoma mais genérico é descrito para representar outros mais especializados. Isto pode ocorrer por falta de conhecimento de uma descrição mais completa, ou por uma interpretação não adequada. Note que, dificilmente ocorrerá um caso onde será descrito um sintoma mais específico, com a intenção de relatar um outro mais genérico.

Portanto, devemos criar um mecanismo que trabalhe com todas as variações mais especializadas dos sintomas descritos, além dos próprios, com o objetivo de trabalhar com múltiplas hipóteses. Isto é necessário para não gerarmos diagnósticos incorretos ou imprecisos por causa de informações inconsistentes.

Criamos, então, estruturas chamadas de **árvores hierárquicas de sintomas** que são responsáveis por armazenar a relação hierárquica entre os mais genéricos e suas especializações. Cada uma destas árvores  $a_i$  fica armazenada na base de conhecimento em

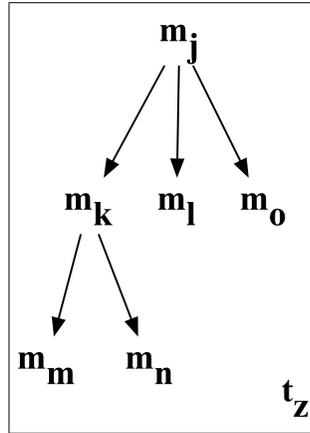


Figura 4.5: *Árvore hierárquica de sintomas  $t_z$ .*

um conjunto denominado conjunto A. A figura 4.5 representa uma destas árvores, onde o sintoma  $m_j$  é o mais genérico e os seus descendentes (filhos, netos, etc.) são suas especializações. É importante ressaltar que existe a limitação de que um sintoma pode fazer parte de apenas uma árvore hierárquica.

Dado um conjunto  $M^+$  de sintomas observados, ao invés de, simplesmente verificar quais doenças podem causá-lo, como seria feita pela TCP, geramos todas as suas possíveis variações, onde cada sintoma será substituído por seus descendentes na árvore hierárquica as quais ele pertence. Após isto, a TCP será executada para cada uma das variações de  $M^+$  geradas.

Usando o exemplo da figura 4.5, suponha que  $M^+ = \{m_o, m_k, m_l\}$ . A TCP iria utilizar apenas estes três sintomas para gerar o diagnóstico. No modelo proposto, não só utilizaríamos estes três sintomas, mas também todos os descendentes deles, ou seja, seria verificado quais doenças podem causar, simultaneamente, os sintomas  $\{m_o, m_k, m_l\}$  ou  $\{m_o, m_m, m_l\}$  ou  $\{m_o, m_n, m_l\}$ , porque  $m_m$  e  $m_n$  são especializações de  $m_k$ .

A solução apresentada é bastante útil para neutralizar os efeitos de interpretações incorretas dos sintomas manifestados, especialmente no caso mais comum, que é a descrição de um mais genérico querendo representar outro mais especializado. Por isto, ela será empregada no restante do trabalho.

### 4.2.5 Sintomas quase obrigatórios

Sintomas quase obrigatórios são aqueles manifestados em quase todos, senão todos, os casos de infecção por uma determinada doença, tais como Guincho inspiratório da Coqueluche ou Deficiência motora flácida da Poliomielite/paralisia infantil. Desta forma, este tipo de sintoma se torna um marco de suas respectivas doenças resultando em informações valiosas para o diagnóstico e sendo utilizados para excluir e fortalecer hipóteses.

Para que possam ser utilizadas, estas informações devem estar presentes na base de conhecimento do sistema. A relação  $C$  foi escolhida para armazená-las, já que esta contempla as associações causais entre as entidades. Apenas inserindo mais uma informação, esta relação facilmente suportará o fato de um sintoma ser ou não quase obrigatório para determinada doença. Portanto, um elemento  $\langle d_i, m_j, \{\text{Sim}, \text{Não}\} \rangle \in C$ , simboliza que  $d_i$  pode causar  $m_j$  e  $m_j$  é sintoma quase obrigatório (Sim) ou não (Não) de  $d_i$ .

É possível perceber que os especialistas utilizam estas informações de maneira similar aos fatores relevantes. A partir das hipóteses iniciais buscamos descobrir se sintomas quase obrigatórios estão presentes ou não, no paciente. É importante ressaltar que, assim como no caso dos fatores relevantes, também existe a possibilidade de se abster de fornecer esta informação, sendo que neste caso o sintoma que não possui definição sobre a sua presença não é utilizado e, conseqüentemente, não influenciará o diagnóstico.

A definição do conceito de sintomas quase obrigatórios só é necessária caso não existam informações estatísticas do cenário de diagnóstico, pois, caso contrário, a TCP possui uma versão probabilística que quantifica probabilisticamente as associações causais entre desordens e as suas manifestações, sendo que esta poderia ser empregada.

## 4.3 Formulação do Problema de Diagnóstico

Nesta seção iremos descrever como formular o problema de diagnóstico utilizando os novos conceitos propostos neste trabalho que visam otimizar o resultado final para este cenário utilizando informações importantes para o contexto apresentado.

Assim como na TCP, precisamos de uma base de conhecimento para que, a partir do sistema, seja possível tomar decisões com o objetivo de solucionar o diagnóstico. Uma grande diferença é que na base da TCP existiam apenas o conjunto de doenças, o conjunto de sintomas e as associações causais entre elementos destes. Já no modelo proposto precisamos armazenar também todos os possíveis fatores relevantes, conjunto de informações determinantes de suspeita, a determinação de que um sintoma é ou não quase-obrigatório e também todas as associações entre estas entidades.

Portanto, continuamos tendo o conjunto  $D$  representando todas as possíveis trinta e seis doenças e o conjunto  $M$  representando todos os possíveis sintomas que podem ser

causados por estas. Apesar disto, a relação causal entre os elementos destes conjuntos será modificada para suportar a informação de que um sintoma é ou não quase obrigatório com relação a doença a qual está associado. Então a relação  $C$ , de  $D$  para  $M$ , onde  $(d_i, m_j) \in C$ ,  $d_i \in D$ ,  $m_j \in M$  pertencente a TCP original será modificada e, a partir deste momento, cada um de seus elementos não será formado pelo par  $(d_i, m_j)$ , mas sim por uma tripla constituída de uma doença  $d_i$ , um sintoma  $m_j$  e a informação se  $m_j$  é quase obrigatório na presença de  $d_i$  formando  $(d_i, m_j, \{\text{Sim}, \text{Não}\}) \in C$ , ou seja,  $C$  continua representando a associação causal entre doenças e sintomas, mas agora também informa se  $m_j$  é quase obrigatório (Sim) ou não (Não) na presença de  $d_i$ .

Os fatores relevantes diferentes de sintomas também serão representados neste novo modelo, diferentemente da TCP. Cada fator relevante  $f_i = (p_i, r_i)$ ;  $f_i \in F$  é formado por uma pergunta  $p_i$  e uma resposta esperada  $r_i$ . O conjunto  $F$  tem a responsabilidade de armazená-los na base, mas para que seja possível relacionar estes as doenças as quais são relevantes criamos a relação DF, de  $D$  para  $F$ , onde  $(d_i, f_j) \in DF$ ;  $d_i \in D$  e  $f_j \in F$  se  $f_j$  for um fator relevante na suspeita de  $d_i$ .

O conjunto  $A$  representa todas as possíveis árvores hierárquicas de sintomas, que também são uma nova entidade que não é encontrada na TCP. Como sabemos, podemos ter  $n$  destas árvores no sistema onde cada  $a_i = r_i$ ;  $a_i \in A$ ,  $r_i \in M$  é formada por um sintoma  $r_i$  que representa a raiz de uma árvore. Para representar os descendentes de qualquer sintoma  $m_i \in M$  em uma árvore  $a_i \in A$  utilizamos a notação  $De_{m_i, a_j}$ . Todos os conjuntos de descendentes de qualquer árvore que esteja no contexto do diagnóstico estão presentes no conjunto  $DE = \{De_{m_i, a_j}, De_{m_k, a_l}, \dots, De_{m_w, a_z}\}$ . Para a árvore da figura 4.5 teríamos o seguinte conteúdo na base de conhecimento:

- $t_z = m_j$ ;  $t_z \in A$
- $De_{m_j, t_z} = \{m_k, m_l, m_o\}$ ;  $De_{m_j, t_z} \in DE$
- $De_{m_k, t_z} = \{m_m, m_n\}$ ;  $De_{m_k, t_z} \in DE$
- $De_{m_l, t_z} = \{\}$ ;  $De_{m_l, t_z} \in DE$
- $De_{m_o, t_z} = \{\}$ ;  $De_{m_o, t_z} \in DE$
- $De_{m_m, t_z} = \{\}$ ;  $De_{m_m, t_z} \in DE$
- $De_{m_n, t_z} = \{\}$ ;  $De_{m_n, t_z} \in DE$

A última entidade que deverá ser representada é o conjunto de informações determinantes de suspeita (CONINDESU). O conjunto  $Co$  tem a função de armazenar todos os possíveis CONINDESUs que estejam no contexto do sistema. Cada  $co_i \in Co$  é composto

por um elemento  $E$ , um conjunto de elementos  $OU$  e um número mínimo de elementos  $OU$ , ou seja,  $co_i = (ee, EOU, n)$ . Cada elemento  $e = (M_i, F_j), M_i \subseteq M, F_j \subseteq F$ , seja ele do tipo  $E$  ou  $OU$ , é formado por um conjunto de sintomas e um conjunto de fatores relevantes, onde  $M_i \cup F_j \neq \emptyset$ . Assim como no caso da relação doenças-sintomas ( $C$ ) e doenças-fatores ( $DF$ ) relevantes, precisamos associar cada CONINDESU às doenças que ele possa levantar a suspeita. Isto é feito através de uma nova relação chamada  $DCo$ , de  $D$  para  $Co$ .

A base de conhecimento da TCP era formada por três elementos, apenas. Neste novo modelo podemos observar que quatro novas entidades  $A$ ,  $DE$ ,  $F$  e  $Co$  foram criadas e também que para associar estas duas últimas as doenças as quais elas se relacionam tivemos que criar duas novas relações  $DF$  e  $DCo$ . Portanto, nossa base de conhecimento passou de três elementos para oito resultando em  $BC = \{D, M, C, F, DF, A, DE, Co, DCo\}$ .

Quando visitamos um médico especialista este começa a nos fazer perguntas sobre o que sentimos a fim de determinar quais são os nossos sintomas para que ele tenha uma base de informações sob as quais ele poderá começar a criar suposições sobre as possíveis causas. Com algumas suspeitas em mente o médico, então, começa a fazer perguntas sobre sintomas e outros fatores relevantes a fim de fortalecer hipóteses ou excluí-las até que este consiga chegar a conclusão de quais são as prováveis doenças que poderiam ter infectado o paciente. Da mesma forma, isto é necessário quando pensamos em um sistema de apoio à decisões de diagnóstico. Um caso específico  $K$  da TCP possuía apenas as informações de quais sintomas estão presentes, mas neste novo modelo utilizamos  $K$  sendo formado pelos conjuntos  $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  que representam, respectivamente, os sintomas presentes, os sintomas que definitivamente não estão presentes e os fatores relevantes para os quais o especialista conseguiu respostas. Com base nestes três conjuntos de informações um diagnóstico clínico pode ser gerado.

Agora que as definições já foram feitas iremos mostrar a formalização de um problema de diagnóstico:

**Definição 4.3** *Um problema de diagnóstico  $P$  é representado pelo par  $(BC, K)$  onde:*

- $BC = \{D, M, C, F, DF, A, DE, Co, DCo\}$ : Base de conhecimento, composta por:
  - $D = \{d_1, d_2, \dots, d_m\}, m \geq 1$  : é um conjunto finito, não-vazio, de objetos chamados doenças.
  - $M = \{m_1, m_2, \dots, m_n\}, n \geq 1$  : é um conjunto finito, não-vazio, de objetos chamados sintomas.
  - $C \subseteq D \times S \times \{Sim, Não\}$  : é uma relação que representa as associações  $(d_i, m_j, \{Sim, Não\})$ , onde  $d_i$  pode causar  $m_j$  e  $m_j$  é um sintoma quase obrigatório (*Sim*) ou não (*Não*) com relação a  $d_i$ .

- $A = \{a_1, a_2, \dots, a_o\}$  : é um conjunto finito de árvores hierárquicas de sintomas.
    - \*  $a_z = (r_z), r_z \in M$  :  $r_z$  é a raiz da árvore  $a_z \in A$ .
  - $DE = \{De_{m_n, a_r}, De_{m_o, a_r}, De_{m_p, a_s}, \dots, De_{m_x, a_z}\}, m_i \in M, a_j \in A$  : é um conjunto finito de descendentes de sintomas em árvores hierárquicas de sintomas.
    - \*  $De_{m, a_z} = \{m_1, m_2, \dots, m_q\}; m, m_i \in M; a_z \in A$  : é um conjunto finito que contém todos os filhos diretos de  $m$  na árvore  $a_z$ .
  - $F = \{f_1, f_2, \dots, f_r\}, f_i \in F$  : é um conjunto finito de fatores relevantes.
    - \*  $f_i = (p_i, re_i); re_i \in \{Sim, Não\}$  :  
 $p_i$  é a pergunta e  $re_i$  é a resposta esperada para o fator relevante  $f_i$ .
  - $DF \subseteq D \times F$  : é a relação, de  $D$  para  $F$ , onde  $(d_i, f_j) \in DF$  se  $d_i$  pode ser afetado por  $f_j$ .
  - $Co = \{co_1, co_2, \dots, co_s\}$  : é um conjunto finito de CONINDESUs.
    - \*  $co_i = (ee_i, EOU_i, n_i)$  :  $ee_i$  é o elemento  $E$ ,  $n_i$  é o número mínimo de elementos  $OU$  e  $EOU_i$  é o conjunto de elementos  $OU$  de  $co_i$ .
    - \*  $EOU_i = \{eou_1, eou_2, \dots, eou_t\}$  : é um conjunto finito de elementos  $OU$  de  $co_i$ .
    - \*  $e = (M_e, F_e), M_e \subseteq M, F_e \subseteq F, e \in (ee \cup EOU)$ .
  - $DCo \subseteq D \times Co$  : é uma relação, de  $D$  para  $Co$ , onde  $(d_i, co_j) \in DCo$  quando a ativação de  $co_j$  levanta a suspeita de  $d_i$ .
- $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  : caso composto por:
    - $Mp^+ \subseteq M$  : é um conjunto finito, não vazio, de sintomas observados no paciente.
    - $Mnp \subseteq M$  : é um conjunto de sintomas que, definitivamente, não estão presentes no paciente.
    - $Fp \subseteq F$  : é um conjunto finito de fatores relevantes respondidos pelo paciente.

## 4.4 Solucionando problemas de diagnóstico usando o modelo proposto

Pelo fato do modelo proposto ter sido derivado da TCP, podemos observar diversas características similares para a definição e solução de um problema de diagnóstico. Primeiramente, ambos os modelos dependem fundamentalmente dos conceitos de *cobertura*,

*parcimônia* e *explicação* para definir a solução. Também é compartilhado o fato de ambos buscarem por coberturas parcimoniosas dos sintomas apresentados pelo paciente. No entanto, as grandes diferenças entre os modelos estão na maneira como esta busca é conduzida e especialmente nas formas de refinar a solução.

A primeira grande alteração de conceitos é a adoção, em suas versões padrão, de critérios de parcimônia bem distintos para obter parcimônia das coberturas que fazem parte de uma explicação, apesar de ambos buscarem por esta característica. Na maioria das suas aplicações, a TCP utiliza o critério de parcimônia irredundante que se mostrou fraco para o cenário abordado neste trabalho, pois, como detalhado anteriormente, este demanda uma limitação de não gerar hipóteses com mais de uma doença. Por esta razão o critério de parcimônia singular foi criado e adotado neste trabalho.

A outra diferença de conceito acontece na definição de quais informações são mantidas na relação causal ente doenças e sintomas. A função de armazenar as relações causais entre estas entidades foi mantida neste novo modelo, mas foi atualizada acrescentando a informação que identifica se o sintoma presente na relação é quase obrigatório no caso de infecção pela doença a qual ele esta relacionado.

Estas são as duas únicas modificações de conceitos realizadas neste trabalho. Apesar disto, existe uma grande diferença com relação as bases de conhecimento assim como os passos necessários para chegar ao diagnóstico final.

No que diz respeito as diferenças entre as bases de conhecimento podemos destacar que a da TCP possui apenas três entidades (doenças, sintomas e suas relações causais) enquanto a do modelo proposto possui nove (doenças, sintomas, relações entre doenças e sintomas acrescidas da descrição de quase obrigatoriedade, fatores relevantes, relações entre doenças e fatores relevantes, árvores hierárquicas de sintomas, descendência de sintomas nestas árvores, CONINDESUs, relação entre doenças e CONINDESUs). É fácil perceber que os passos para se chegar a solução do problema também serão bastante distintos tomando-se em consideração esta grande diferença entre as suas bases.

O primeiro indício que procuramos para decidirmos se uma doença é uma hipótese ou não para um caso  $K$  é o fato dela possuir um CONINDESU ativado. Isto significa que o seu elemento  $E$  está presente e também o número de elementos *ou* presentes é maior ou igual ao número mínimo de elementos *OU*. Portanto, para identificarmos se um CONINDESU está ativado é necessário entender o que significa um elemento estar presente, seja ele  $E$  ou  $OU$ . Um elemento qualquer de um CONINDESU está presente quando todos os seus sintomas tenham sido manifestados e todas as perguntas dos seus fatores relevantes tenham sido respondidas exatamente da forma esperada. Formalizando, temos:

**Definição 4.4** Dizemos que um elemento  $e$  de um particular CONINDESU referente a uma doença  $d_i$  está **presente** quando  $e = (M_e, F_e)$  e  $M_e \subseteq Mp^+$  e para cada  $fe_j = (d_i, fe_j) \in F_e$ ,  $(d_i, fe_j) \in DF$ ,  $F_e \subseteq Fp$ .

A partir desta definição é possível formalizar, também, o conceito de ativação de um CONINDESU.

**Definição 4.5** Dizemos que um CONINSESU  $co_i = (ee_i, EOU_i, n_i) \in Co$  está **ativado** quando  $ee_i$  está presente e  $SEOU_i \subseteq EOU_i$ ,  $|SEOU_i| \geq n_i$  e  $eou_j \in SEOU_i$  sse  $eou_j$  está presente.

Apesar de uma doença  $d_i$  poder ser cobertura de um conjunto de sintomas  $Mp^+$  é possível que haja algum outro sintoma que possa ser manifestado por  $d_i$  e pertença ao conjunto de sintomas definitivamente não presentes  $Mnp$  o que, automaticamente, inviabilizaria a possibilidade de  $d_i$  se tornar uma hipótese (com exceção do caso de  $d_i$  possuir um CONINDESU ativo). Formalizando, temos:

**Definição 4.6** Dizemos que uma cobertura  $D_I \subseteq D$  é **inconsistente** sobre  $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  quando  $D_I$  é cobertura de  $Mp^+$  e  $\exists m_j \in Mnp$  e  $m_j \in efeito(D_I)$ . Caso contrário ela é **consistente**.

Os fatores relevantes tem a missão de validar algumas informações de vital importância no diagnóstico, mas que não são sintomas. Definimos então que um **fator de impacto negativo** é um fator relevante cuja resposta obtida pelo sistema é diferente da resposta esperada (que se encontra na base de conhecimento). Formalizando, temos:

**Definição 4.7** Dizemos que uma doença  $d_i$  possui um **fator de impacto negativo** em um caso  $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  quando  $f_j = (p_j, re_j) \in Fp$  e  $(d_i, (p_j, re_k)) \in DF$  e  $re_j \neq re_k$ .

Formalizados os conceitos de ativação de CONINDESU, coberturas consistentes/inconsistentes e fator de impacto negativo podemos afirmar que uma **hipótese** é evocada apenas em um dos cenários abaixo:

É uma doença que, por si só, é cobertura consistente do conjunto de sintomas apresentados pelo paciente e que não possua qualquer fator de impacto negativo.

É uma doença que possui um CONINDESU ativado.

**Definição 4.8** Dizemos que  $h \in D$  é uma **hipótese** de um caso particular  $K$  sse, com um critério de parcimônia singular,  $h$  é uma cobertura consistente de  $K$  que não possui qualquer fator de impacto negativo ou  $(h, co_i) \in DCo$  e  $co_i$  está ativado.

Uma solução parcial de um problema de diagnóstico é o conjunto de hipóteses geradas a partir de uma caso específico que não leve em consideração qualquer variação dos sintomas, armazenadas nas árvores hierárquicas de sintomas, apresentados pelo paciente sintomas.

**Definição 4.9** Uma solução parcial de um problema de diagnóstico  $P = (BC, K)$ , designada  $SolPar(P)$ , é o conjunto de todas as hipóteses do caso  $K$ .

Sabemos que as informações obtidas sobre sintomas podem ter sido mal informadas ou mal interpretadas antes de chegar ao sistema. Para cobrir as divergências mais comuns o modelo propõe a substituição de todos os sintomas presentes em um caso específico por suas especializações armazenadas nas árvores hierárquicas de sintomas que se encontram na base de conhecimento. Cada combinação possível de substituição dos sintomas presentes pelos seus descendentes das árvores hierárquicas de sintomas gera uma variação do caso específico.

**Definição 4.10** Para qualquer  $m_i \in M$ ,  $a_z, a_x \in A$ ,  $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  em um problema de diagnóstico  $P$ , temos:

- $descendente(m_i, a_z) = \bigcup_{m_j \in Dem_i, a_z} descendente(m_j, a_z) \cup m_i$  : é um conjunto finito de todos os descendentes de  $m_i$  em  $a_z$ , incluindo  $m_i$ .
- $var(Mp^+) = descendente(mp_1, a_z) \times descendente(mp_2, a_x) \times \dots \times descendente(mp_n, a_y)$ ;  $mp_i \in Mp^+$ ;  $|Mp^+| = n$ ;  $a_j \in A$ : é o conjunto finito de todas as variações de  $Mp^+$ , considerando os descendentes de todos os seus elementos.
- $variantes(K) = \{k_1, k_2, \dots, k_u\}$ ;  $k_i = (Mp_i^+, Mnp, Fp)$ ;  $Mp_i^+ \in var(Mp^+)$ ;  $K = (Mp^+, Mnp, Fp)$  : é um conjunto finito de todas as variantes possíveis do caso  $K$ , considerando as árvores hierárquicas de sintomas presentes em  $A$ .

Portanto, para gerar o diagnóstico final de um problema de diagnóstico é preciso fazer a união dos diagnósticos parciais de todas as variantes do caso específico determinado, ou seja:

**Definição 4.11** O **diagnóstico final** do problema  $P$ , designado como  $Diag(P)$ , é o conjunto de todas as hipóteses das variantes de  $K$ , ou seja,  $Diag(P) = \bigcup_{k_i \in variantes(K)} SolPar(BC, k_i)$ .

## Capítulo 5

# Sistema implementado

No capítulo anterior demonstramos o modelo proposto neste trabalho para definir e solucionar problemas de diagnóstico de doenças infecto-contagiosas baseando-se na TCP, mas com algumas modificações realizadas para diminuir as limitações desta teoria para diagnóstico médica. Para que estas definições tomem forma e possam ser analisadas com maior grau de detalhes tanto por profissionais e comunidade científica da área de computação, como por profissionais das áreas das ciências médicas, construímos um sistema que implementa todos os conceitos e modificações definidas. Este sistema será descrito em detalhes nesta seção.

Além deste aspecto mais técnico, o sistema foi implementado com o propósito de ser testado e adotado pelo sistema único de saúde (SUS) brasileiro. Como mencionado anteriormente, o Brasil carece de profissionais especializados na área, o que torna esta proposta atrativa para os casos de primeiro atendimento em hospitais e prontos-socorros. Se for decidido por sua adoção espera-se que o sistema possa auxiliar profissionais da saúde, que não são clínicos infectologistas, no seu trabalho diário fornecendo base para tomada de decisão no que diz respeito ao direcionamento de problemas. De forma alguma este sistema pretende substituir o diagnóstico ou qualquer função que médicos infectologistas possam assumir. Este foi concebido com a intenção de auxiliá-los a tomar decisões fornecendo hipóteses relevantes as quais possam ser confrontadas contra as já levantadas pelos próprios especialistas.

Antes de analisarmos a implementação do sistema é importante ressaltarmos uma característica específica de estruturação de doenças e como isto influencia o diagnóstico médico. As doenças, normalmente, podem ser sub-categorizadas por diversos aspectos, tais como tipo, localização, fase, período, forma da manifestação, grau de infecção, entre outros, como podemos observar no exemplo abaixo:

**Exemplo 1** *Sub-categorias de doenças*

- *Categorização por fases:*
  - *Doença: Coqueluche*
    - \* *Fase 1: Fase catarral*
    - \* *Fase 2: Fase paroxística*
    - \* *Fase 3: Fase de convalescença*
- *Categorização por subtipo:*
  - *Doença: Botulismo*
    - \* *Tipo 1: Botulismo alimentar*
    - \* *Tipo 2: Botulismo por ferimento*
    - \* *Tipo 3: Botulismo intestinal*

Apesar destes serem apenas aspectos de uma mesma doença é importante diferenciá-los no momento de geração de diagnóstico, pois dependendo destas sub-categorizações, chamadas apenas de **etapas** neste trabalho, o tratamento pode variar consideravelmente. Esta é uma característica importante do diagnóstico médico que o diferencia bastante de outros tipos como, de problemas em um carro ou computador, por exemplo, onde a sub-categorização das disfunções podem ser suprimidas.

É importante ressaltar que apesar das etapas poderem pertencer a uma mesma doença, estas podem manifestar sintomas totalmente diferentes, possuir fatores relevantes distintos e até mesmo CONINDESUs incoerentes entre si. Um rápido exemplo seria analisar e comparar a dengue clássica que não manifesta convulsões com a dengue na fase de febre hemorrágica que o faz. No seu trabalho diário, os especialistas devem diferenciar em qual etapa de uma doença o paciente se encontra, a fim de otimizar e direcionar o processo de cura.

Uma forma simples de representar estas etapas seria utilizando uma estrutura hierárquica, como uma árvore, onde a sua raiz é a própria doença e os nós filhos são representados por etapas ou elementos relacionados a doença (sintomas, fatores relevantes e CONINDESUs). O exemplo da figura 5.1 ilustra como seria esta estrutura hierárquica.

A princípio, ao se deparar com esta característica peculiar a diagnósticos médicos, parece lógico que esta é mais uma limitação da TCP para o contexto, pois ela não nos fornece estruturas hierárquicas compatíveis, onde possamos mapear as etapas de uma doença e, portanto não seria possível identificar em qual etapa da doença um paciente se encontra. Apesar de realmente não podermos mapear as etapas da mesma forma disposta na figura 5.1, podemos fazê-lo de outra forma. Fazendo a análise do exemplo, é possível perceber que todas as etapas possuem uma estrutura exatamente igual a definida para doenças, ou seja, estão associadas a um conjunto de sintomas, um de fatores relevantes e

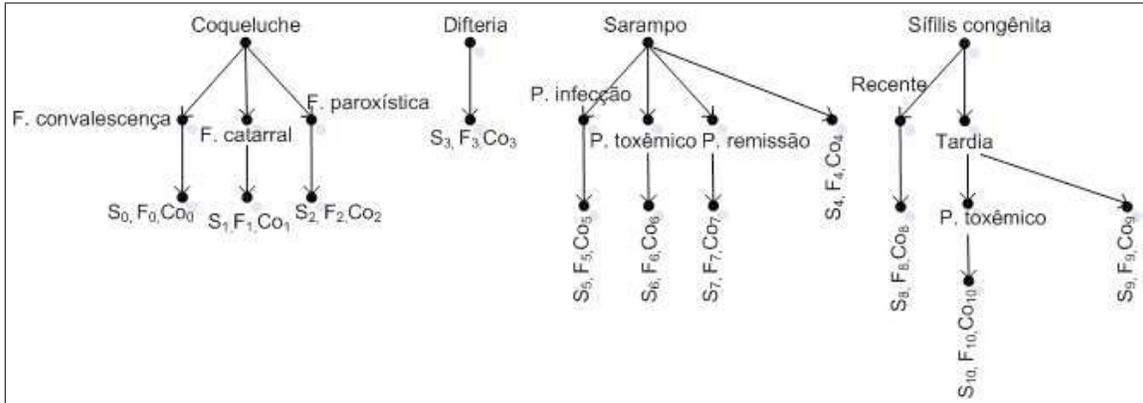


Figura 5.1: *Etapas de doenças, onde:  $S_i \subseteq M$ ,  $F_i \subseteq F$ ,  $Co_i \subseteq Co$   $i = \{1, 2, \dots, 8\}$ .*

um de CONINDESUs. Somado a isto, temos o fato de que cada etapa pode apresentar elementos destes conjuntos completamente distintos entre si. Portanto, a estrutura das etapas é exatamente a mesma das doenças definida no modelo proposto. Isto nos possibilita a tratá-las da mesma forma e utilizar o modelo proposto em sua integralidade. Ainda, para ter uma abordagem única e manter apenas etapas no conjunto  $D$ , precisamos determinar que a doença também é uma etapa em um nível mais alto da hierarquia de doenças a qual pertence.

Tendo isto como premissa devemos respeitar as seguintes regras para mapear quais etapas estão e quais não deverão estar no conjunto  $D$ :

**Definição 5.1** *Mapeamento de quais etapas de doenças devem ser inseridas no conjunto  $D$ .*

1. *Todas as etapas de uma doença, independentemente de seu nível hierárquico, que possuam relacionamento direto com sintomas, fatores relevantes ou CONINDESUs serão um elemento do conjunto  $D$ .*
2. *Todas as demais etapas não estarão presentes no conjunto  $D$ .*

Logo, qualquer etapa, incluindo a própria doença, só irá pertencer ao conjunto  $D$  quando estiver associada diretamente a um conjunto de sintomas, fatores relevantes ou CONINDESUs. Concluímos então que este conjunto passará a armazenar etapas ao invés de doenças, assim como os conjuntos que se relacionam diretamente a ele que são o  $C$  (associação causal entre etapas e sintomas destacando se os sintomas são quase obrigatórios

com relação aquela etapa), DF (associação entre etapas e seus fatores relevantes) e DCo (associação entre CONINDESUs que possam determinar a suspeita imediatamente de uma etapa). Para exemplificar quais etapas deverão fazer parte do conjunto D tomemos a figura 5.1 como exemplo. Neste caso o conjunto D será formado apenas pelas etapas abaixo:

1. coqueluche | fase catarral
2. coqueluche | fase paroxística
3. coqueluche | fase convalescença
4. difteria
5. sarampo
6. sarampo | período de infecção
7. sarampo | período toxêmico
8. sarampo | período de remissão
9. sífilis congênita | recente
10. sífilis congênita | tardia
11. sífilis congênita | tardia | período toxêmico

Tendo sido definido o conceito de etapa podemos seguir com a descrição do sistema implementado. O restante desta seção se divide em apenas duas partes, onde na seção 5.1 descrevemos alguns aspectos tecnológicos que envolveram a construção do sistema, tais como as ferramentas utilizadas e ambientes onde o sistema foi executado. Já na seção 5.2 serão demonstrados alguns exemplos de execução destacando as principais diferenças deste com relação a TCP.

## 5.1 Aspectos tecnológicos

Nesta seção descreveremos quais tecnologias foram empregadas no desenvolvimento deste trabalho, dando ênfase no porque de suas escolhas.

### 5.1.1 Base de conhecimento

Trabalhando com a estrutura do modelo se torna evidente a necessidade da utilização de uma forma de persistência para armazenar a base de conhecimento  $BC$ . A opção escolhida para fazer esta função foi armazenar as informações em um arquivo XML utilizando *tags* especialmente definidas para este fim. A XML é uma linguagem de marcação amplamente difundida que foi derivada do SGML com o objetivo original de ser utilizada em publicações eletrônicas de larga escala [52]. Atualmente, suas aplicações podem ser encontradas em quase todas as áreas do conhecimento as quais a computação está presente. Isto se deve, principalmente, pelo fato de ser amplamente flexível e totalmente customizável.

Logo, a base de conhecimento  $BC = \{D, M, C, F, DF, A, DE, Co, DCo\}$  deve estar completamente disponível no arquivo XML, sendo que o conhecimento médico para gerar a base foi retirado basicamente de [11].

A estrutura do arquivo é formada apenas por *tags*, que servem para indicar o conteúdo que se pretende armazenar e o seu respectivo escopo. Para delimitar o escopo do conteúdo são utilizadas as *tags* de abertura, que são identificadas pelos símbolos  $<$ ,  $>$  e pelo seu texto identificador  $< exemplo >$ , e a sua correspondente obrigatória de fechamento, que é representadas pelos símbolos  $< /, >$  e possui exatamente o mesmo identificador da de abertura  $< /exemplo >$ . Quando desejamos determinar quais locais do arquivo XML estamos nos referindo a algum conteúdo é necessário apenas localizar as suas *tags* de abertura e fechamento e verificar o conteúdo que está interno a este. É possível também utilizar *tags* internas ao escopo de outras, possibilitando descrever conteúdos hierárquicos de uma forma simples e compreensiva, como podemos perceber no exemplo a seguir:

**Exemplo 2** *Base de dados de uma loja de revenda de computadores.*

```

1 <computador>
2   <identificador> 1 </identificador>
3   <fabricante> Lenovo </fabricante>
4   <modelo> IBM Thinkpad T60 </modelo>
5   <memoriaRAM>
6     <capacidade> 1 GB </capacidade>
7     <fabricante> Samsung </fabricante>
8   </memoriaRAM>
9   <precoCompra> R1.700,00 </precoCompra >< precoVenda > R 2.500,00 </↔
    precoVenda>

```

...

```

1 </computador>
2 <computador>
3   <identificador>2</identificador>
4   <fabricante> Apple </fabricante>
5   <modelo> Macbook </modelo>
6   <memoriaRAM>
7     <capacidade> 2 GB </capacidade>
8     <fabricante> Kingston </fabricante>
9   </memoriaRAM>
10  <precoCompra> R2.000,00 </precoCompra >< precoVenda > R 4.500,00 </←
      precoVenda>
...
1 </computador>

```

Temos, então, a estrutura do arquivo XML detalhada e, agora, podemos dar continuidade a explanação de sua utilização neste trabalho. A sua função é, basicamente, armazenar toda a base de conhecimento do sistema, sendo que, para tal fim, foi necessário definir um conjunto de *tags* específicas para este cenário. Todas as *tags* definidas para este trabalho, bem como suas funções estão detalhadas abaixo:

- *< config >* e *< /config >* : Estas são responsáveis por determinar onde inicia e o onde termina a base de conhecimento do sistema.
- *< listaDeDoencas >* e *< /listaDeDoencas >* : Todas as etapas das trinta e seis doenças devem ser definidas dentro dos limites determinados por estas duas *tags*.
- *< doenca >* e *< /doenca >* : Para sabermos quando estamos nos referindo ao contexto específico de uma doença utilizamos este par de *tags* para delimitar o seu escopo. Entre estas serão definidas todas as suas etapas e relacionamentos como veremos a seguir.
- *< raizDoenca >*, *< /raizDoenca >*, *< subEtapa >* e *< /subEtapa >* : Neste sistema utilizamos as etapas de doenças como sendo elementos do conjunto *D*. O par de *tags* determinado pelo identificador “raizDoenca” determina qual é a etapa de maior nível hierárquico de uma determinada doença, ou seja, ela própria. Todas as demais etapas estarão descritas entre as *tags* *< subEtapa >*, *< /subEtapa >*. Estes dois pares de *tags* foram descritos, simultaneamente, pois ambas se referem a etapas de doenças e, como dissemos anteriormente, suas estruturas são idênticas.

- $\langle nomeEtapa \rangle$  e  $\langle /nomeEtapa \rangle$  : Estas são responsáveis por determinar o nome de uma etapa de doença, como, por exemplo, a “coqueluche | fase catarral”.
- $\langle listaSintomas \rangle$  e  $\langle /listaSintomas \rangle$  : Todos os sintomas de uma etapa de doença devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle sintomaDoenca \rangle$  e  $\langle /sintomaDoenca \rangle$  : Dentro destas será definido qual sintoma estamos lidando ele é ou não quase obrigatório na presença da etapa em questão.
- $\langle sintoma \rangle$  e  $\langle /sintoma \rangle$  : Dentro dos limites destas determinamos todos os atributos possíveis de um sintoma.
- $\langle nome \rangle$  e  $\langle /nome \rangle$  : O atributo que define o nome de um sintoma deve ser determinado entre estas *tags*. Um exemplo de valor que poderia ser inserido neste local seria o sintoma “febre”.
- $\langle quaseObrigatorio \rangle$  e  $\langle /quaseObrigatorio \rangle$  : Neste atributo, pertencente ao contexto das *tags* com identificador sintomaDoença, determinamos se o sintoma definido anteriormente é ou não quase obrigatório na presença da etapa em questão. Caso este seja positivo o valor que o atributo irá assumir será “true” e caso contrário o valor deverá ser “false”.
- $\langle listaFatores \rangle$  e  $\langle /listaFatores \rangle$  : Todos os fatores relevantes de uma etapa de doença devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle fatorRelevante \rangle$  e  $\langle /fatorRelevante \rangle$  : Dentro destas serão definidos todos os atributos do fator relevante que são sua respectiva pergunta e resposta esperada.
- $\langle pergunta \rangle$  e  $\langle /pergunta \rangle$  : Este é um atributo do fator relevante que determina uma pergunta. Utilizando a doença sarampo como exemplo, podemos o valor contido neste campo poderia ser a pergunta “O paciente já adquiriu a doença sarampo?”.
- $\langle resposta \rangle$  e  $\langle /resposta \rangle$  : Os fatores relevantes são usados apenas para filtrar as hipóteses do problema. Este atributo do fator relevante tem a função de determinar qual é a resposta esperada para manter a sua respectiva etapa como hipótese. Este atributo pode assumir apenas dois valores que são “Sim” e “Não”.
- $\langle listaDeConindesu \rangle$  e  $\langle /listaDeConindesu \rangle$  : Todos os CONINDESUs de uma etapa de doença devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.

- $\langle conindesu \rangle$  e  $\langle /conindesu \rangle$  : Dentro destas, serão definidos todos os atributos do CONINDESU, que são o seu elemento  $E$ , uma lista de elementos  $OU$  e o número mínimo de elementos  $OU$ .
- $\langle elementoE \rangle$  e  $\langle /elementoE \rangle$  Aqui serão definidos os atributos do elemento  $E$  que são uma lista de sintomas e outra de fatores relevantes.
- $\langle listaDeSintomas \rangle$  e  $\langle /listaDeSintomas \rangle$  : Todos os sintomas de um elemento, seja ele  $E$  ou  $OU$ , devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle sintoma \rangle$  e  $\langle /sintoma \rangle$  : Dentro dos limites destas determinamos todos os atributos possíveis de um sintoma.
- $\langle nome \rangle$  e  $\langle /nome \rangle$  : O atributo que define o nome de um sintoma deve ser determinado entre estas *tags*. Um exemplo de valor que poderia ser inserido neste local seria o sintoma “coriza”
- $\langle listaDeFatoresRelevantes \rangle$  e  $\langle /listaDeFatoresRelevantes \rangle$  : Todos os fatores relevantes de um elemento, seja ele  $E$  ou  $OU$ , devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle fatorRelevante \rangle$  e  $\langle /fatorRelevante \rangle$  Dentro destas declaramos todos os atributos, pergunta e resposta, de um fator relevante. Como a definição é exatamente a mesma feita anteriormente, para os fatores relevantes de etapas de doenças, iremos omiti-la, assim como, faremos com seus atributos.
- $\langle listaDeElementosOU \rangle$  e  $\langle /listaDeElementosOU \rangle$  : Todos os elementos  $OU$  de um CONINDESU devem estar definidos dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle elementoOU \rangle$  e  $\langle /elementoOU \rangle$  Dentro destas estão definidos todos os atributos relacionados a um determinado elemento  $OU$ . O elemento  $OU$  possui exatamente os mesmos atributos, lista de sintomas e lista de fatores relevantes, que o elemento  $E$  e, portanto, não os descreveremos novamente.
- $\langle numeroDeElementosOU \rangle$  e  $\langle /numeroDeElementosOU \rangle$  : A função deste par de *tags* é conter um valor numérico que determina a quantidade de mínima de elementos  $OU$  que devem estar presentes e que somados a presença do elemento  $E$  irão determinar se um CONINDESU está ativo.
- $\langle listaDeDescendentes \rangle$  e  $\langle /listaDeDescendentes \rangle$  : Todos as etapas descendentes de uma outra determinada etapa de doença devem estar definidas dentro do contexto destas *tags*.

- $\langle \textit{hierarquia} \rangle$  e  $\langle \textit{/hierarquia} \rangle$  : Como detalhado no capítulo 4 alguns sintomas estão hierarquicamente relacionados a outros formando as árvores hierárquicas de sintomas. Todas as possíveis árvores do sistema estão descritas entre estas *tags*.
- $\langle \textit{listaDeArvores} \rangle$  e  $\langle \textit{/listaDeArvores} \rangle$  : Todos as árvores hierárquicas de sintomas do sistema devem estar definidas dentro do contexto destas *tags*.
- $\langle \textit{arvore} \rangle$  e  $\langle \textit{/arvore} \rangle$  : Dentro dos limites destas determinamos todos os atributos possíveis de uma árvore hierárquica de sintoma.
- $\langle \textit{noRaiz} \rangle$ ,  $\langle \textit{noRaiz} \rangle$ ,  $\langle \textit{noFilho} \rangle$  e  $\langle \textit{/noFilho} \rangle$  : O par de *tags* determinado pelo identificador “noRaiz” determina qual é o sintoma de maior nível hierárquico dentro de uma árvore hierárquica de sintomas. Todos as demais sintomas estarão descritos entre as *tags*  $\langle \textit{noFilho} \rangle$ ,  $\langle \textit{/noFilho} \rangle$ . Estes dois pares de *tags* foram descritos simultaneamente, pois ambas se referem sintomas de uma árvore hierárquica de sintomas e suas estruturas são idênticas.
- $\langle \textit{sintoma} \rangle$  e  $\langle \textit{/sintoma} \rangle$  : Dentro dos limites destas determinamos todos os atributos possíveis de um sintoma.
- $\langle \textit{nome} \rangle$  e  $\langle \textit{/nome} \rangle$  : O atributo que define o nome de um sintoma deve ser determinado entre estas *tags*. Um exemplo de valor que poderia ser inserido neste local seria o sintoma “febre”.
- $\langle \textit{listaNosFilhos} \rangle$  e  $\langle \textit{/listaNosFilhos} \rangle$  : Todos os nós descendentes em uma árvore hierárquica de sintomas são delimitados pelas *tags*  $\langle \textit{noFilho} \rangle$  e  $\langle \textit{/noFilho} \rangle$ .

Portanto, todo conhecimento disponível para auxiliar o diagnóstico médico está expresso nestas *tags*, ou seja, representamos no arquivo XML o conhecimento sobre cada uma das trinta e seis doenças infecto-contagiosas de acordo com a nossa exclusiva interpretação de [11]. Além do conhecimento sobre as doenças, também foram interpretadas pelos autores e implementadas no arquivo XML todas as árvores hierárquicas de sintomas. A seguir, destacamos as suas raízes:

Albuminúria, Anemia, Apnéia, Bradicardia, Cefaléia, Convulsões, Deficiência motora flácida, Dispnéia, Dor abdominal, Edema pulmonar, Equimose, Espasmos musculares, Esplenomegalia, Exantema maculo-papular, Febre, Fotofobia, Hemorragia no aparelho respiratório, Hepatite, Hepatomegalia, Hiperemia, Hiperextensão de membros, Hipertensão, Hipofonese de bulhas, Hipotensão arterial, Insuficiência cardíaca, Insuficiência renal, Insuficiência respiratória, Lesão cutânea, Linfadenopatia, Mal-estar, Meningite, Meningoencefalite, Mialgia, Mielite, Necrose, Odínofagia, Palidez, Pápula, Paralisia, Petéquias,

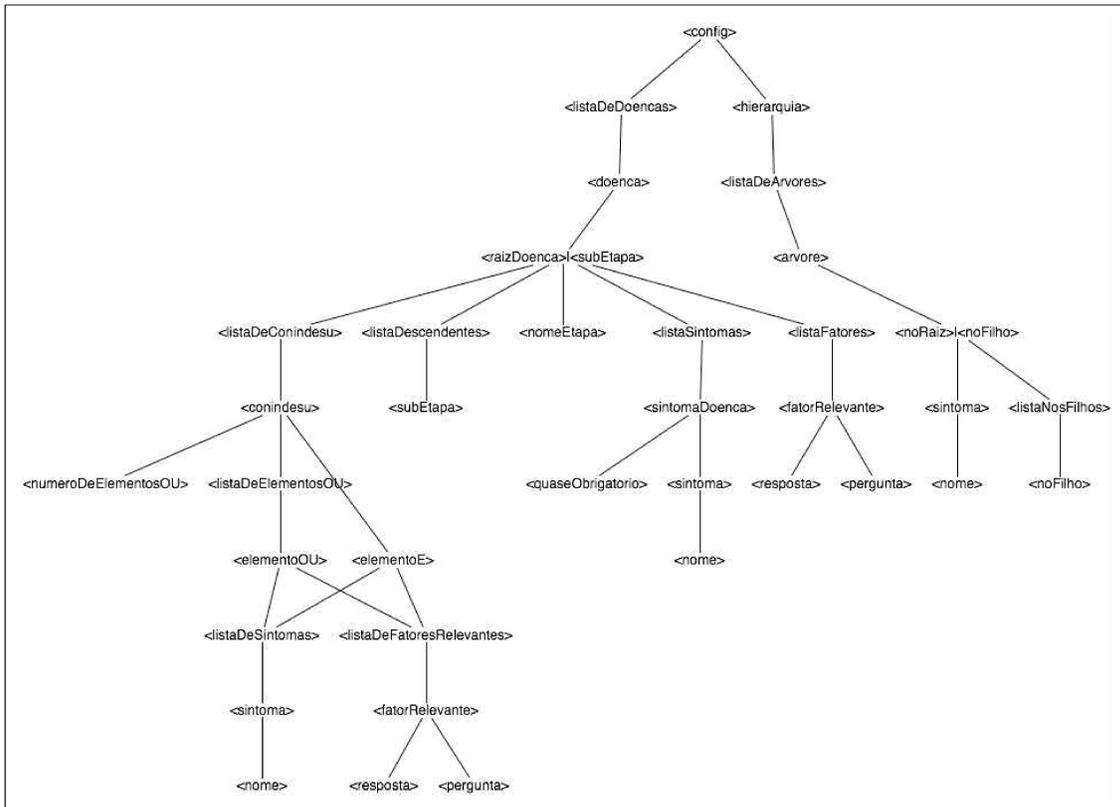


Figura 5.2: Hierarquia da base de conhecimento.

Pneumonia, Prostração, Prurido, Púrpura, Pústula, Regurgitação, Retenção urinária, Sudorese, Sufusões, Taquicardia, Tosse, Tremores, Trismo, Ulcerações, Vesícula e Vômitos.

No apêndice A apresentamos a doença Sarampo e a árvore hierárquica do sintoma Febre da forma as quais se encontram na base de conhecimento real do sistema. Utilizamos estes exemplos para que seja possível analisar com maiores detalhes como utilizamos a flexibilidade do arquivo XML para representar o conhecimento.

Agora que a funcionalidade de cada *tag* foi descrita nos resta entender melhor o relacionamento entre elas. Este relacionamento respeita uma estrutura hierárquica com apenas uma raiz, a *tag* `<config>`, e é apresentada de forma explícita na figura 5.2.

Sendo assim, a linguagem XML foi escolhida para armazenar a base de conhecimento do sistema, pois entre suas principais qualidades estão a facilidade de customização e de

criação de estruturas hierárquicas.

### 5.1.2 Plataforma tecnológica

Para a implementação do modelo proposto não necessitamos de qualquer recurso especial que as linguagens de programação mais populares, tais como Python, C, C++, C#, Cobol, Visual Basic, Java, entre outras, já não forneçam. Por não existirem muitos fatores limitantes para esta escolha, pudemos realizar uma análise baseada em algumas propriedades, não tecnológicas, as quais desejávamos obter.

Portanto, o primeiro e mais importante fator de decisão foi a intenção, por parte dos autores, de fornecer o produto resultante deste trabalho ao sistema único de saúde (SUS), gratuitamente. O SUS foi criado pela Constituição de 1988 com o intuito de prover saúde pública de qualidade para os cidadãos brasileiros. Tendo em vista que o governo federal tem apoiado e estimulado publicamente o uso de software livre em todas suas dependências, as linguagens disponíveis apenas para sistemas proprietários como o Microsoft Windows ou Mac OS foram descartadas a princípio. Apesar deste apoio formal, computadores com estas tecnologias, principalmente o Microsoft Windows, ainda estão presentes na maioria esmagadora de computadores, mesmo se levarmos em consideração as máquinas do próprio governo federal. Isto nos leva a concluir que a linguagem escolhida também não poderia ser exclusiva de sistemas livres como o Linux. Portanto, a linguagem de programação escolhida deveria ser capaz de gerar uma aplicação que pudesse ser executada em diversas plataformas, especialmente no Linux e Microsoft Windows. A linguagem Java, entre outras linguagens, aparece como uma alternativa interessante pelo fato de ser gratuita, com o código fonte aberto, possuir vasta documentação acessível e ser altamente portátil através da Java Virtual Machine que esta disponível para quase todas as plataformas computacionais existentes, inclusive para o Microsoft Windows, Mac OS X e plataformas livres como Linux, freeBSD, openBSD.

Além desta razão óbvia, a linguagem Java leva uma vantagem com relação a outras linguagens quando levamos em consideração a sua grande base de desenvolvedores. Esta base, que aumenta num ritmo impressionante, possui mais de 6.5 milhões de desenvolvedores no mundo todo segundo a sua desenvolvedora Sun Microsystems [23]. Isto é muito importante quando levamos em consideração que todo sistema necessita de manutenção e futuras extensões. Por estas duas razões a Java foi considerada uma das linguagens mais adequadas para o desenvolvimento do trabalho e, conseqüentemente, foi a escolhida.

Uma das vantagens de ter uma base tão vasta de desenvolvedores é o fato de ser possível encontrar algumas funcionalidades importantes, que não são o foco do trabalho, disponíveis gratuitamente para o uso. Neste trabalho dispendemos deste artifício utilizando uma biblioteca chamada XStream [56] que serializa objetos Java para XML e

vice-versa. O uso desta biblioteca nos poupou tempo considerável de desenvolvimento e, também, permitiu focar diretamente no objetivo central do trabalho.

A portabilidade é uma das características mais marcantes da linguagem Java e foi utilizada durante toda a confecção do trabalho que começou a ser desenvolvido na plataforma Microsoft Windows XP, posteriormente passou a ser desenvolvido no Debian Linux e, por último, foi utilizado o Mac OS X Leopard até a sua conclusão. A *integrated development environment* (IDE) utilizada foi sempre o Netbeans 5.5, também desenvolvido pela Sun Microsystems, que é uma plataforma gratuita de desenvolvimento e possui versões para os três sistemas operacionais empregados no trabalho.

Portanto, para o desenvolvimento desta aplicação as seguintes tecnologias e ferramentas foram utilizadas:

- Sistemas operacionais utilizados para desenvolver e testar o sistema: *Microsoft Windows XP, Debian Linux 4.0 e Mac OS X Leopard*.
- IDE: *Netbeans IDE 5.5*.
- Linguagem de programação: *Java (J2SE 1.5.0\_XX)*.
- Persistência da base de conhecimento: *XML*.
- Biblioteca de leitura e gravação de arquivos XML em Java: *XStream*.

## 5.2 Exemplos de execução

Tendo exposto as tecnologias e ferramentas utilizadas neste trabalho, resta-nos apenas mostrar o sistema implementado. Para tanto, iremos incluir imagens capturadas da execução do programa para que fique clara a forma de interação do usuário com o sistema e, especialmente, o momento em que cada informação é fornecida. Posteriormente, exibiremos um diagrama que detalha os passos de execução para se chegar ao diagnóstico uma vez que já temos todas as informações do cenário disponíveis.

Podemos dividir o processo de geração de diagnóstico comum em dois momentos. No primeiro momento, o profissional da saúde tenta entender o que o paciente está sentindo, ou seja, tenta identificar quais sintomas estão se manifestando. Este passo é muito importante, pois é nele que o profissional irá direcionar o restante do processo apenas para enfermidades que possam causar aquelas manifestações. Utilizando estas informações é possível gerar hipóteses iniciais e, à partir destas, começar o segundo momento da geração de diagnósticos.

O segundo momento da geração de diagnósticos é basicamente um refinamento do primeiro. Ele visa levantar o maior número de informações possíveis com o objetivo de

excluir algumas hipóteses fazendo com que as restantes sejam as mais relevantes. No cenário ideal apenas uma hipótese irá resultar após este momento, o que nem sempre é observado. É fácil perceber que os dois momentos refletem o ciclo de hipotetização-teste descrito no capítulo 3.

Independentemente de qual momento nos encontramos podemos afirmar que uma doença é a causa dos problemas, sem utilizar todos os passos, apenas porque o conjunto de informações já coletadas nos permite. Este conjunto é especial, pois possui sintomas e fatores tão relevantes e característicos desta doença que dá segurança para o profissional da saúde, ou neste caso o sistema, afirmar que esta *pode* ser a causa dos problemas. Este conceito foi descrito em detalhes na seção 4.1.3 que trata de CONINDESUs.

Analisando o processo de diagnóstico podemos, analogamente, considerá-lo como sendo um grande funil como a da figura 5.3. Quando ainda não há informações disponíveis sobre manifestações e fatores relevantes, qualquer doença pode ser considerada como hipótese. No momento 1, em que o paciente informa quais são os seus sintomas e é gerado um diagnóstico inicial, apenas algumas doenças podem ser consideradas como hipóteses, neste caso hipóteses iniciais. No momento 2 excluímos algumas destas buscando mais informações e tornando as que restaram em hipóteses finais. O fluxo de informações passa sempre pelos dois momentos, mesmo que um CONINDESU seja identificado logo no momento 1. Isto ocorre porque no momento 2 ainda podemos encontrar novas hipóteses, mas que não haviam apresentado qualquer CONINDESU ativo no primeiro momento. Logo, a figura 5.3 representa o fluxo de informações de qualquer processo de geração de diagnósticos.

Para realizar esta apresentação do sistema iremos utilizar um caso hipotético para tornar mais claro o seu funcionamento. A base de conhecimento utilizada para este exemplo é a base real gerada neste trabalho que pode ser obtida solicitando-a aos autores deste trabalho nos emails [marcus.benedito@students.ic.unicamp.br](mailto:marcus.benedito@students.ic.unicamp.br) ou [wainer@ic.unicamp.br](mailto:wainer@ic.unicamp.br). Como visto na seção anterior, um caso específico de diagnóstico médico  $K$  é formado por um conjunto de sintomas manifestados em um paciente  $Mp^+$ , um conjunto de sintomas que, definitivamente, não estão presentes no paciente  $Mnp$  e um conjunto finito de fatores relevantes respondidos pelo paciente  $Fp$ .

A primeira interação entre o especialista e o paciente resulta no momento 1 do diagnóstico onde tenta-se identificar apenas os sintomas manifestados. Neste exemplo suponha que os sintomas identificados foram cefaléia, coriza e febre, ou seja,  $Mp^+ = \{cefaléia, coriza, febre\}$ . Logo em seguida é necessário descrever esta descoberta ao sistema como demonstra a figura 5.4.

O sistema irá buscar por qualquer doença que possa ter causado aquele conjunto de sintomas e trazer uma série de perguntas sobre sintomas quase obrigatórios e fatores relevantes para que seja possível eliminar algumas hipóteses e fortalecer as remanescentes.

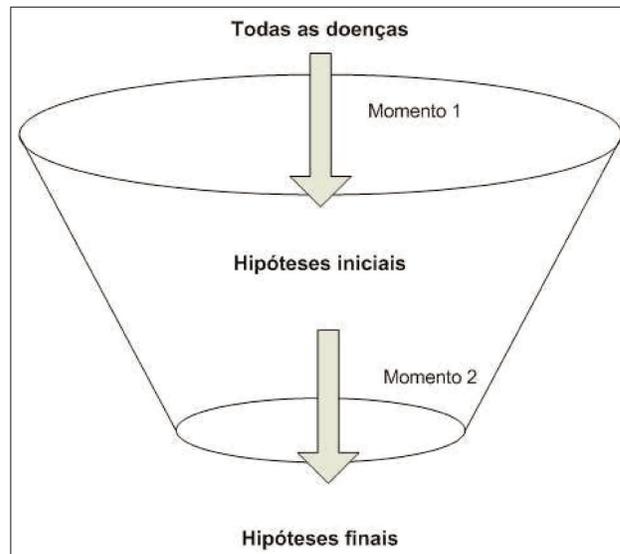


Figura 5.3: Analogia entre um funil e a geração de diagnósticos.

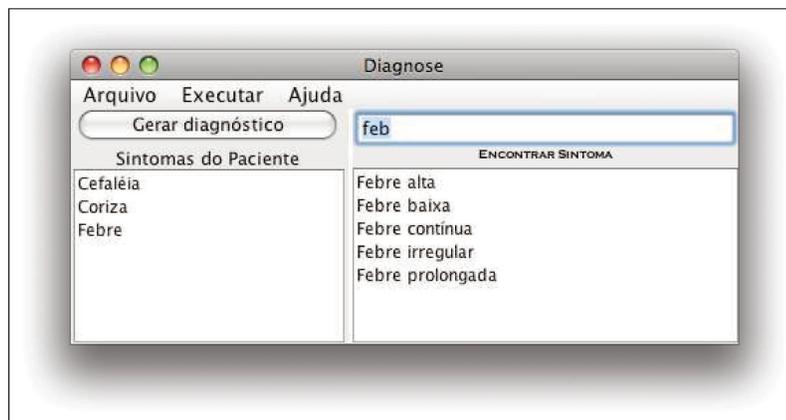


Figura 5.4: Seleção dos sintomas apresentados no caso.

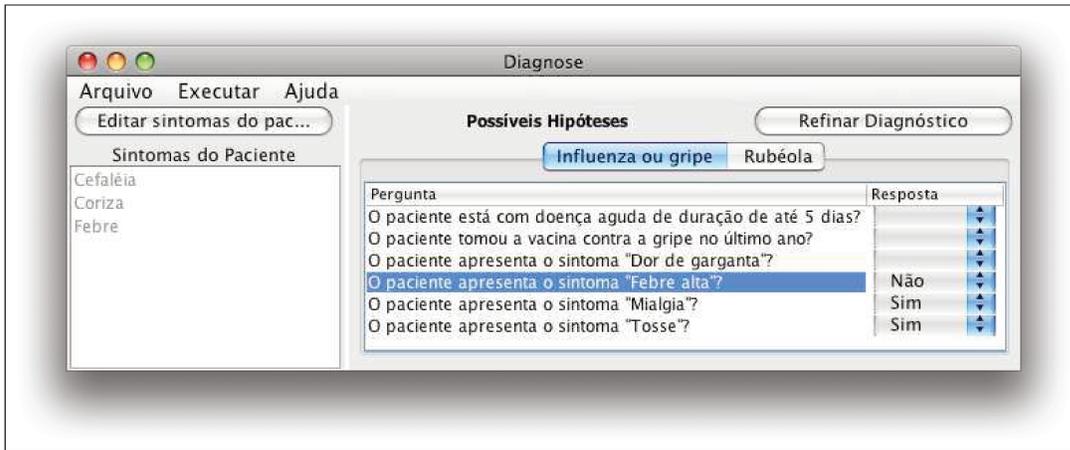


Figura 5.5: Refinamento do diagnóstico do caso.

É importante ressaltarmos que este procedimento é muito similar ao utilizado por médicos que elaboram um diagnóstico mentalmente e começam a questionar os pacientes para confirmar as suas suspeitas.

A figura 5.5 nos mostra como o sistema exibe estas informações e como elas devem ser tratadas pelo seu operador. Cada aba possui as perguntas relevantes para uma determinada doença que faz parte do diagnóstico inicial. Toda pergunta que começa com a frase “O paciente apresenta o sintoma ...” faz referência a um sintoma quase obrigatório, enquanto as demais se referem a fatores relevantes. Como sabemos, sintomas que são quase obrigatórios para uma doença podem não ser para outra e, portanto, toda vez que respondermos sim a uma pergunta sobre um sintoma obrigatório estamos o incluindo no conjunto  $Mp^+$ , o que pode fazer com que alguma outra doença, que não possa manifestá-lo, deixe de fazer parte das hipóteses.

Todas as perguntas podem ser respondidas com “Sim”, “Não” ou “Não sei”, sendo que se utilizada esta última opção, assim como, quando uma resposta é deixada em branco, o sistema não a utilizará para qualquer análise. Depois de ter respondido as perguntas de todas as abas de interesse o operador deverá clicar em “Refinar Diagnóstico” e, a partir deste instante, o sistema irá buscar, primeiramente, por CONINDESUs ativos e, logo em seguida, a busca será por doenças que possam manifestar todos os sintomas descritos nos momentos 1 e 2 e que, também, não possuam qualquer fator de impacto negativo. Detectadas as doenças o sistema as incluirão como hipóteses no diagnóstico final.

Seguindo com o nosso exemplo, suponha que o especialista tenha segurança apenas

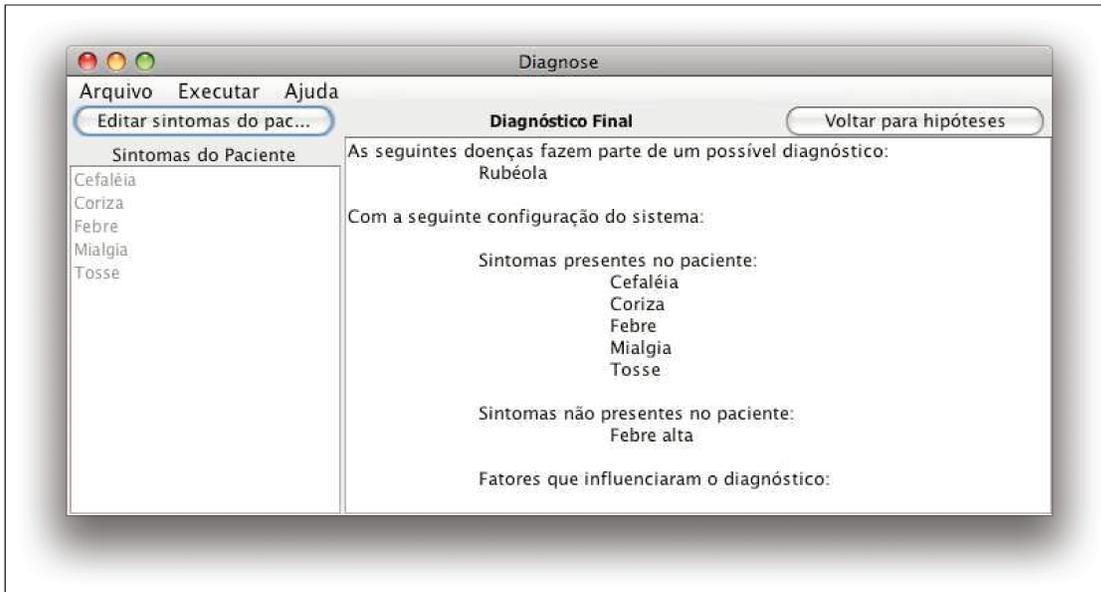


Figura 5.6: *Diagnóstico Final.*

para responder as perguntas “O paciente possui o sintoma Febre alta?”, cuja resposta é “Não”, “O paciente possui o sintoma Mialgia”, cuja resposta é “Sim”, e “O paciente possui o sintoma Tosse?”, cuja resposta é “Sim”. Todas as demais perguntas sobre as doenças influenza e rubéola foram deixadas em branco.

No nosso exemplo apenas a doença rubéola pode ser considerada como hipótese. Isto ocorre porque a influenza manifesta “Febre alta” como um de seus sintomas quase obrigatório e este, definitivamente, não está presente.

Na figura 5.6 temos um resumo das informações fornecidas que contém os sintomas presentes no paciente, os sintomas que, definitivamente, não estão presentes no paciente e outros fatores que influenciaram o diagnóstico. Além destas informações, esta tela nos informa quais doenças podem ser as causadores do problema do paciente.

De maneira simplificada, o sistema executa todos os passos exibidos no algoritmo “*Gerar Diagnóstico*” apresentado abaixo. Note que estes passos são executados tanto no momento 1 quanto no momento 2. A diferença é que logo após a execução do momento 1 o sistema gera um diagnóstico preliminar e retorna algumas perguntas para validar as hipóteses geradas e, após o momento 2, as hipóteses finais são geradas sem que novas perguntas sejam geradas.

```

1 Gerar Diagnóstico (entrada: caso, saída: diagnóstico final);
2 gerar variantes do caso;
3 para cada variante gerada faça;
4   para cada doença do universo de doenças faça;
5     para cada CONINDESU da doença selecionada faça;
6       elemento  $e$  do CONINDESU selecionado está presente?;
7       se sim;
8         contar quantidade de elementos OU presente;
9         qtd. elementos OU presente  $\geq$  número mínimo de elemento OU  $\leftrightarrow$ 
10        ?;
11        se sim;
12          inserir doença no conjunto que representa a solução  $\leftrightarrow$ 
13          parcial;
14 gerar cobertura parcimoniosa com critério singular para variante  $\leftrightarrow$ 
15 selecionada;
16 para cada cobertura encontrada faça;
17   cobertura consistente?;
18   se sim;
19     cobertura possui fator de impacto negativo?;
20     se não;
21     inserir cobertura no conjunto que representa a solução  $\leftrightarrow$ 
22     parcial;
23 fazer união do conjunto que representa o diagnóstico final com o  $\leftrightarrow$ 
24 da solução parcial;
25 limpar conjunto que representa a solução parcial;

```

Este algoritmo tem como parâmetro de entrada o caso do paciente e como parâmetro de saída um conjunto de hipóteses formadas, cada uma delas, apenas por uma doença. Obviamente, o algoritmo utiliza-se de uma base de conhecimento já determinada antes que o sistema comece a ser executado. A execução se inicia pela geração de variantes do caso, que serve para lidarmos com o problema de interpretação de sintomas. Para cada uma das suas variantes, busca-se por CONINDESUs ativos e também por coberturas consistentes com critério de parcimônia singular que não possuam qualquer fator de impacto negativo. Toda doença e cobertura encontrada nesta situação é inserida no conjunto que armazena a solução parcial para a variante selecionada. É importante ressaltar que, como o critério de parcimônia é singular, toda cobertura gerada possui apenas uma doença fazendo com que o conjunto representante da solução parcial seja formado apenas por elementos que são doenças. Por fim, é necessário fazer a união do conjunto que representa o diagnóstico final ao da solução parcial para a variante selecionada, pois isto garante que a solução apresentada seja abrangente a todas as variantes do caso.

Resumidamente, esta seção tratou de todos os aspectos que envolveram o sistema desenvolvido. Discorremos sobre as tecnologias utilizadas e o que nos levou a decidir por estas. Também demonstramos e descrevemos, através de um exemplo, o funcionamento do sistema e a sua interação com o usuário.

# Capítulo 6

## Conclusões

Neste capítulo descreveremos nossas considerações sobre contribuições, limitações e futuras extensões a este trabalho, nas seções 6.1, 6.2 e 6.3, respectivamente.

### 6.1 Contribuições

Nesta dissertação apresentamos cinco extensões à Teoria das Coberturas Parcimoniosas (TCP) tendo em vista o contexto do diagnóstico médico, que são: a introdução de um novo critério de parcimônia chamado singular, fatores relevantes que não são manifestações, conjunto de informações que determinam a suspeita de doenças sem depender de outros fatores, uma forma de tratar a inconsistência de informações recebidas pelos profissionais da saúde utilizando árvores hierárquicas de sintomas e a tratativa de sintomas que são muito característicos de algumas doenças, os chamados sintomas quase obrigatórios. Também implementamos um sistema, contemplando todas as modificações propostas, que apóia o diagnóstico médico das seguintes doenças infecto-contagiosas de notificação compulsória: Antraz ou Carbúnculo, Botulismo, Cólera, Coqueluche, Dengue, Difteria, Doença de Chagas, Esquistossomose mansônica, Febre amarela, Febre do Nilo Ocidental, Febre maculosa brasileira, Febre purpúrica brasileira, Febre tifóide, Hanseníase, Hantavíroses, Hepatites virais, Influenza ou Gripe, Leishmaniose tegumentar americana, Leishmaniose visceral, Leptospirose, Malária, Meningites, Parotidite infecciosa, Peste, Poliometite, Raiva, Rubéola, Sarampo, Sífilis congênita, Síndrome da rubéola congênita, Tétano acidental, Tétano neonatal, Tracoma, Tuberculose, Varicela/Herpes e Variola.

Apesar do foco deste trabalho ter sido essas trinta e seis doenças infecto-contagiosas de interesse da Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) apresentadas em [11], os seus conceitos podem se aplicar ao diagnóstico médico em geral.

O novo critério de parcimônia, singular, reduz a quantidade de doenças que podem fazer parte de uma hipótese a apenas uma, visto que são bastante raras as chances de

ocorrer co-infecção entre doenças de infecto-contagiosas, com exceção da síndrome Aids que não foi tratada neste trabalho. Esta também é a abordagem básica de médicos que só trabalharão com a hipótese de co-infecção ao se esgotarem todas hipóteses singulares. Pelo fato de não existirem hipóteses formadas por combinações de doenças, este novo critério reduz o número de hipóteses finais ajudando a combater um dos maiores problemas da TCP que é a geração exagerada de hipóteses, o que dificulta a identificação das mais relevantes.

A segunda extensão deste trabalho vem com o objetivo de lidar com fatores que influenciam fortemente o diagnóstico médico e que não são manifestações. Estes, que são chamados de fatores relevantes, nos permitem representar qualquer informação que possa influenciar o diagnóstico e que não seja algum sintoma de uma doença, tais como o fato de um paciente possuir imunidade adquirida via contágio ou vacina, sazonalidade, localidade de doenças, entre outros. Estes fatores são utilizados para excluir hipóteses iniciais trazendo maior confiabilidade nas resultantes e reduzindo o número de hipóteses finais.

Os conjuntos de informações determinantes de suspeita (CONINDESU) foram criados com o objetivo de mapear informações que, quando manifestadas em conjunto, determinam a suspeita de uma doença automaticamente. Isto se deve ao fato de características específicas de doenças fornecerem uma forte indicição, baseando-se em estudos empíricos, de que ela pode estar se manifestando. Isto é importante, pois existem casos onde sintomas mal interpretados poderiam excluí-las retornando um diagnóstico incorreto.

Outra contribuição deste trabalho pode ser verificada na interpretação mais flexível dos sintomas relatados pelos pacientes. Como descrito na seção 4.1.4, muitas vezes os sintomas não são manifestados na presença de um especialista, e este conta apenas com a descrição fornecida pelo paciente durante o interrogatório. Em geral, pessoas comuns não tem conhecimento suficiente e tendem a descrever sintomas genéricos cabendo ao especialista, neste caso o sistema especialista, identificar se estes estão corretos ou se referem a suas especializações. Um exemplo deste caso seria um paciente que está com coqueluche relatar o sintoma tosse quando na verdade o sintoma manifestado é a tosse paroxística. A TCP tradicional iria apenas levar em consideração o sintoma tosse e, conseqüentemente, descartaria a doença coqueluche, pois esta não o manifesta. Neste situação o sistema é encarregado de trabalhar com todas as especializações de cada sintoma relatado, inclusive a tosse paroxística, para chegar ao diagnóstico o que impedirá a doença coqueluche de ser excluída entre as hipóteses. A princípio temos a impressão de que isto aumentaria o número de hipóteses, pois ao invés de trabalharmos com um conjunto de sintomas manifestados estaríamos trabalhando com todas as possíveis combinações entre os sintomas relatados e suas respectivas especializações, o que não deixa de ser verdade. Porém, a medida que inserimos mais informações como sintomas que definitivamente não estão presentes, fatores relevantes e sintomas quase obrigatórios estamos, conseqüentemente,

reduzindo as chances de elegermos uma doença como hipótese erroneamente e reduzindo o número de hipóteses finais.

Os sintomas quase obrigatórios também são bastante importantes para o diagnóstico, pois representam o primeiro passo no sentido de diferenciar o “peso” da associação entre sintomas e doenças. Estes são formados por sintomas que são características marcantes de determinadas doenças e que estão sempre, ou quase sempre, presentes quando esta infecta algum indivíduo. Eles assumem a função de sintomas comuns, onde buscaremos quais doenças podem os tê-los manifestado, mas também podem nos auxiliar a excluir alguma hipótese quando essa possuir sintomas quase obrigatórios que, definitivamente, não estão presentes.

Por último, consideramos como grande contribuição o fato de disponibilizarmos o sistema implementado para uso geral que se encontra no endereço [2]. Temos como objetivo final a sua adoção pelo sistema único de saúde brasileiro (SUS) o que ajudaria no trabalho de infectologistas de todo o país. Este também pode servir como ferramenta de apoio à decisão de profissionais da saúde em regiões onde, infelizmente, não sejam encontrados especialistas em doenças infecciosas. Disponibilizamos também o seu código fonte através do mesmo endereço para que outros pesquisadores possam tomá-lo como base para extensões, análises e/ou adaptações futuras.

## 6.2 Limitações

O fato do modelo proposto não dar suporte a algum método probabilístico pode ser apontado como limitação marcante do trabalho. Este tipo de informação pode ser útil para tratarmos as associações entre sintomas e doenças e também entre fatores relevantes e doenças. Por exemplo, poderíamos ter a informação de qual a probabilidade de um paciente estar com a doença Gripe caso o sintoma Tosse seja manifestado ou o contrário que determinaria qual a probabilidade do sintoma Tosse ter se manifestado dada a infecção pela doença Gripe.

Também podemos destacar que pelo critério de parcimônia singular excluímos qualquer possibilidade do sistema identificar múltiplas infecções simultâneas. Como descrito na seção 4.1.1 estes casos são extremamente raros e são especialmente difíceis de identificar. Os médicos só consideram a hipótese de múltipla infecção simultânea quando todas as outras hipóteses se esgotaram e, mesmo nestes casos, existe a tendência de solicitar exames específicos para confirmar a suspeita não sendo possível a sua confirmação apenas por diagnóstico clínico. Mesmo com todas estas ressalvas, estes casos existem e o sistema não os identificará.

Outra limitação destacada no capítulo 4 é o fato deste trabalho não lidar com a síndrome Aids, que é de pleno interesse da ANVISA, por ser assintomática e de difícil

diagnóstica clínica, porém facilmente identificada por exames laboratoriais.

Por último, tínhamos como meta obter o apoio de um grupo de epidemiologistas para realizar uma avaliação sobre o conhecimento e heurísticas utilizados no sistema, que foram formadas pela interpretação exclusiva dos autores sobre [11]. Este grupo realizaria uma avaliação preditiva, sob a definição de [3], que utiliza casos de testes de laboratório onde os resultados são conhecidos, e verificaria se as sugestões do sistema são compatíveis com a dos especialistas. Infelizmente isto não foi possível até a conclusão deste trabalho e não possuímos uma forma metodológica de realizar este tipo de avaliação. Logo, não temos uma visão clara de seus resultados.

### 6.3 Futuras extensões

Sempre que lidamos com incertezas, o conhecimento probabilístico pode ser utilizado proporcionando grandes resultados. Em [33] é apresentada uma extensão probabilística a TCP convencional. Seria uma grande contribuição a este trabalho utilizarmos as extensões propostas, como a atribuição de fatores relevantes, CONINDESUs, árvores hierárquicas de sintomas e o critério de parcimônia singular junto ao conhecimento probabilístico. Isto seria particularmente interessante se conseguíssemos responder as seguintes questões: Como classificar as hipóteses geradas com este novo modelo? Quais as consequências de inserir cálculos probabilísticos neste novo modelo? Como evitar um número demasiado de hipóteses? Como lidar com a chance de um paciente ter alguma manifestação, porém nenhuma doença?

De maneira geral, este conhecimento poderia ser representado nos relacionamentos entre as entidades da mesma forma que lidamos hoje com os sintomas quase obrigatórios. A grande diferença seria que, ao invés de lidarmos com o conhecimento de maneira booleana, onde não diferenciamos os relacionamentos existentes, estaríamos utilizando informações estatísticas para calcular probabilidades condicionais entre as entidades.

Também consideramos de grande importância a avaliação do conhecimento representado neste trabalho, o qual é uma interpretação dos autores do guia de vigilância epidemiológica [11], exclusivamente. Para tanto, este conhecimento poderia ser validado contra [12], que é uma nova bibliografia sobre o tema e que foi formulada, após o desenvolvimento deste trabalho, pela secretaria de vigilância em saúde do Ministério da Saúde brasileiro. Finalmente, julgamos de suma importância a validação de heurísticas e do conhecimento implementado neste trabalho, por parte de um grupo de especialistas epidemiológicos.

# Apêndice A

## Exemplos da base de conhecimento

Neste apêndice apresentamos todas as facetas de representação do conhecimento utilizando a estrutura de um arquivo XML como forma de persistência da base de conhecimento. Para tanto, apresentaremos dois exemplos, sendo que as suas estruturas de *tags* foram definidas na seção 5.1. Ambos os exemplos são trechos retirados da base de conhecimento real do sistema. Conforme mencionamos no seção 5.1.1, toda informação apresentada na base de conhecimento deste sistema é uma interpretação, realizada apenas pelos autores, do guia de vigilância epidemiológica da ANVISA [11].

Abaixo apresentamos a doença Sarampo com todas as suas sub-etapas, sintomas, fatores relevantes e CONINDESUs e, logo em seguida, também será apresentada a árvore hierárquica do sintoma Febre.

```
1 <doenca>
2   <raizDoenca>
3     <nomeEtapa>Sarampo</nomeEtapa>
4     <listaSintomas>
5       <sintomaDoenca>
6         <sintoma><nome>Febre alta</nome></sintoma>
7         <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
8       </sintomaDoenca>
9       <sintomaDoenca>
10        <sintoma><nome>Exantema maculo-papular generalizado</nome>
11        </sintoma>
12        <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
13      </sintomaDoenca>
14      <sintomaDoenca>
15        <sintoma><nome>Tosse</nome></sintoma>
16        <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
```

```

16     </sintomaDoenca>
17     <sintomaDoenca>
18         <sintoma><nome>Coriza</nome></sintoma>
19         <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
20     </sintomaDoenca>
21     <sintomaDoenca>
22         <sintoma><nome>Conjuntivite</nome></sintoma>
23         <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
24     </sintomaDoenca>
25     <sintomaDoenca>
26         <sintoma><nome>Manchas de Koplik</nome></sintoma>
27         <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
28     </sintomaDoenca>
29 </listaSintomas>
30 <listaFatores>
31     <fatorRelevante>
32         <pergunta>0 paciente já adquiriu a doença sarampo?</↵
           pergunta>
33         <resposta>Não</resposta>
34     </fatorRelevante>
35     <fatorRelevante>
36         <pergunta>0 paciente tomou a vacina para sarampo?</↵
           pergunta>
37         <resposta>Não</resposta>
38     </fatorRelevante>
39 </listaFatores>
40 <listaDeConindesu>
41     <conindesu>
42         <elementoE>
43             <listaDeSintomas>
44                 <sintoma><nome>Febre alta</nome></sintoma>
45                 <sintoma><nome>Exantema maculo-papular generalizado</↵
                   nome></sintoma>
46             </listaDeSintomas>
47             <listaDeFatoresRelevantes>
48             </listaDeFatoresRelevantes>
49         </elementoE>
50     <numeroDeElementosOU>1</numeroDeElementosOU>
51     <listaDeElementosOU>
52         <elementoOU>
53             <listaDeSintomas>

```

```

54         <sintoma><nome>Tosse</nome></sintoma>
55     </listaDeSintomas>
56     <listaDeFatoresRelevantes>
57 </listaDeFatoresRelevantes>
58 </elementoOU>
59 <elementoOU>
60     <listaDeSintomas>
61         <sintoma><nome>Coriza</nome></sintoma>
62     </listaDeSintomas>
63     <listaDeFatoresRelevantes>
64 </listaDeFatoresRelevantes>
65 </elementoOU>
66 <elementoOU>
67     <listaDeSintomas>
68         <sintoma><nome>Conjuntivite</nome></sintoma>
69     </listaDeSintomas>
70     <listaDeFatoresRelevantes>
71 </listaDeFatoresRelevantes>
72 </elementoOU>
73 </listaDeElementosOU>
74 </conindesu>
75 <conindesu>
76 <elementoE>
77     <listaDeSintomas>
78 </listaDeSintomas>
79     <listaDeFatoresRelevantes>
80     <fatorRelevante>
81         <pergunta>O paciente é recém-nascido de até 9 meses↵
82             ?</pergunta>
83         <resposta>Sim</resposta>
84     </fatorRelevante>
85     <fatorRelevante>
86         <pergunta>A mãe do paciente apresenta imunidade a ↵
87             sarampo?</pergunta>
88         <resposta>Não</resposta>
89     </fatorRelevante>
90 </listaDeFatoresRelevantes>
91 </elementoE>
92 </numeroDeElementosOU>0</numeroDeElementosOU>
93 </listaDeElementosOU>
94 </listaDeElementosOU>

```

```

93     </conindesu>
94 </listaDeConindesu>
95 <listaDescendentes>
96   <subEtapa>
97     <nomeEtapa>Sarampo | Período de infecção</nomeEtapa>
98   <listaSintomas>
99     <sintomaDoenca>
100       <sintoma><nome>Febre</nome></sintoma>
101       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
102     </sintomaDoenca>
103     <sintomaDoenca>
104       <sintoma><nome>Tosse produtiva</nome></sintoma>
105       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
106     </sintomaDoenca>
107     <sintomaDoenca>
108       <sintoma><nome>Coriza</nome></sintoma>
109       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
110     </sintomaDoenca>
111     <sintomaDoenca>
112       <sintoma><nome>Conjuntivite</nome></sintoma>
113       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
114     </sintomaDoenca>
115     <sintomaDoenca>
116       <sintoma><nome>Fotofobia</nome></sintoma>
117       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
118     </sintomaDoenca>
119     <sintomaDoenca>
120       <sintoma><nome>Exantema maculo-papular de coloração ↔
121         vermelha</nome></sintoma>
122       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
123     </sintomaDoenca>
124     <sintomaDoenca>
125       <sintoma><nome>Prostração</nome></sintoma>
126       <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
127     </sintomaDoenca>
128   </listaSintomas>
129   <listaFatores>
130     <fatorRelevante>
131       <pergunta>0 paciente já adquiriu a doença sarampo?</↔
132         pergunta>
133       <resposta>Não</resposta>

```

```

132     </fatorRelevante>
133     <fatorRelevante>
134         <pergunta>O paciente tomou a vacina para sarampo?</↵
           pergunta>
135         <resposta>Não</resposta>
136     </fatorRelevante>
137 </listaFatores>
138 <listaDeConindesu>
139     <conindesu>
140         <elementoE>
141             <listaDeSintomas>
142                 <sintoma><nome>Febre</nome></sintoma>
143                 <sintoma><nome>Exantema maculo-papular de ↵
                   coloração vermelha</nome></sintoma>
144             </listaDeSintomas>
145             <listaDeFatoresRelevantes>
146             </listaDeFatoresRelevantes>
147         </elementoE>
148     <numeroDeElementosOU>1</numeroDeElementosOU>
149     <listaDeElementosOU>
150         <elementoOU>
151             <listaDeSintomas>
152                 <sintoma><nome>Febre</nome></sintoma>
153             </listaDeSintomas>
154             <listaDeFatoresRelevantes>
155             </listaDeFatoresRelevantes>
156         </elementoOU>
157     <elementoOU>
158         <listaDeSintomas>
159             <sintoma><nome>Tosse produtiva</nome></sintoma>
160         </listaDeSintomas>
161         <listaDeFatoresRelevantes>
162         </listaDeFatoresRelevantes>
163     </elementoOU>
164     <elementoOU>
165         <listaDeSintomas>
166             <sintoma><nome>Coriza</nome></sintoma>
167         </listaDeSintomas>
168         <listaDeFatoresRelevantes>
169         </listaDeFatoresRelevantes>
170     </elementoOU>

```

```

171         </listaDeElementosOU>
172     </conindesu>
173 <conindesu>
174     <elementoE>
175         <listaDeSintomas>
176     </listaDeSintomas>
177     <listaDeFatoresRelevantes>
178         <fatorRelevante>
179             <pergunta>O paciente é recém-nascido de até 9 ←
                meses?</pergunta>
180             <resposta>Sim</resposta>
181         </fatorRelevante>
182         <fatorRelevante>
183             <pergunta>A mãe do paciente apresenta imunidade←
                a sarampo?</pergunta>
184             <resposta>Não</resposta>
185         </fatorRelevante>
186     </listaDeFatoresRelevantes>
187 </elementoE>
188 <numeroDeElementosOU>0</numeroDeElementosOU>
189 <listaDeElementosOU>
190 </listaDeElementosOU>
191 </conindesu>
192 </listaDeConindesu>
193 <listaDescendentes>
194 </listaDescendentes>
195 </subEtapa>
196 <subEtapa>
197     <nomeEtapa>Sarampo | Período de remissão</nomeEtapa>
198     <listaSintomas>
199         <sintomaDoenca>
200             <sintoma><nome>Exantema maculo-papular escurecido</←
                nome></sintoma>
201             <quaseObrigatorio>>false</quaseObrigatorio>
202         </sintomaDoenca>
203         <sintomaDoenca>
204             <sintoma><nome>Furfurácea (descamação fina)</nome></←
                sintoma>
205             <quaseObrigatorio>>true</quaseObrigatorio>
206         </sintomaDoenca>
207     </listaSintomas>

```

```

208     <listaFatores>
209         <fatorRelevante>
210             <pergunta>0 paciente já adquiriu a doença sarampo?</↵
                pergunta>
211             <resposta>Não</resposta>
212         </fatorRelevante>
213         <fatorRelevante>
214             <pergunta>0 paciente tomou a vacina para sarampo?</↵
                pergunta>
215             <resposta>Não</resposta>
216         </fatorRelevante>
217     </listaFatores>
218     <listaDeConindesu>
219 </listaDeConindesu>
220 <listaDescendentes>
221 </listaDescendentes>
222 </subEtapa>
223 <subEtapa>
224     <nomeEtapa>Sarampo | Período toxêmico</nomeEtapa>
225     <listaSintomas>
226         <sintomaDoenca>
227             <sintoma><nome>Febre</nome></sintoma>
228             <quaseObrigatorio>true</quaseObrigatorio>
229         </sintomaDoenca>
230     </listaSintomas>
231     <listaFatores>
232         <fatorRelevante>
233             <pergunta>0 paciente tem menos de 2 anos?</pergunta>
234             <resposta>Sim</resposta>
235         </fatorRelevante>
236         <fatorRelevante>
237             <pergunta>0 paciente já adquiriu a doença sarampo?</↵
                pergunta>
238             <resposta>Não</resposta>
239         </fatorRelevante>
240         <fatorRelevante>
241             <pergunta>0 paciente tomou a vacina para sarampo?</↵
                pergunta>
242             <resposta>Não</resposta>
243         </fatorRelevante>
244     </listaFatores>

```

```

245         <listaDeConindesu>
246     </listaDeConindesu>
247     <listaDescendentes>
248 </listaDescendentes>
249 </subEtapa>
250 </listaDescendentes>
251 </raizDoenca>
252 </doenca>

```

Como podemos observar, toda doença é composta de uma lista de sintomas, uma lista de fatores relevantes, uma lista de CONINDESUs e um lista de descendentes. A doença Sarampo possui, por si só, sintomas, fatores relevantes e CONINDESUs, independentemente de suas sub-etapas e, portanto, a sua raiz (que é a própria doença) será considerada como uma etapa da doença. Cada descendente do Sarampo (Sarampo | Período de infecção, Sarampo | Período de remissão e Sarampo | Período toxêmico) também será considerado no diagnóstico, com suas características particulares que independem das características de outras etapas, inclusive da própria etapa Sarampo. As sub-etapas de uma doença são identificadas pelo nome da doença, o símbolo “|” e o nome da etapa, como, por exemplo, Sarampo | Período Toxêmico. Como podemos observar, todas as características permitidas a uma etapa de maior nível hierárquico também estão disponíveis para suas sub-etapas, fazendo com que estas tenham seus descendentes, o que resulta na não limitação da quantidade de níveis hierárquicos de etapas de doenças.

Agora iremos descrever a estrutura do arquivo XML utilizada para representar uma árvore hierárquica de sintomas, neste caso do sintoma Febre.

```

1 <arvore>
2   <noRaiz><sintoma><nome>Febre</nome></sintoma>
3   <listaNosFilhos>
4     <noFilho><sintoma><nome>Febre baixa</nome></sintoma>
5       <listaNosFilhos></listaNosFilhos>
6     </noFilho>
7     <noFilho><sintoma><nome>Febre alta</nome></sintoma>
8       <listaNosFilhos></listaNosFilhos>
9     </noFilho>
10    <noFilho><sintoma><nome>Febre irregular</nome></sintoma>
11      <listaNosFilhos></listaNosFilhos>
12    </noFilho>
13    <noFilho><sintoma><nome>Febre contínua</nome></sintoma>
14      <listaNosFilhos></listaNosFilhos>
15    </noFilho>

```

```

16     <noFilho><sintoma><nome>Febre prolongada</nome></sintoma>
17         <listaNosFilhos></listaNosFilhos>
18     </noFilho>
19 </listaNosFilhos>
20 </noRaiz>
21 </arvore>

```

Esta estrutura é bastante simples e permite representar uma árvore hierárquica de sintomas onde temos um nó raiz, que é o sintoma mais genérico, e nós descendentes, que são suas especializações. Neste exemplo o sintoma febre possui cinco especializações que são Febre alta, Febre baixa, Febre irregular, Febre contínua e Febre prolongada, sendo que nenhum deles possui especializações próprias. Caso isto ocorresse, o sintoma descendente de outro sintoma (ex: um exemplo de um sintoma descendente de Febre alta poderia ser Febre muito alta) teria exatamente as mesmas *tags* que o seu superior, ou seja, teria as *tags* (`< noFilho >`, `< /noFilho >`), (`< sintoma >`, `< /sintoma >`), (`< nome >`, `< /nome >`) e (`< listaNosFilhos >`, `< /listaNosFilhos >`). Com isto, não limitamos o número de níveis desta árvore, assim como ocorre com os descendentes de doenças.

Para cada um dos sintomas que são raízes de uma árvore hierárquica de sintomas, descritos na seção 5.1.1, existe uma estrutura similar à descrita no exemplo acima.

## Referências Bibliográficas

- [1] L. Belanche, M. Sanchez, U. Cortes, and P. Serra. A knowledge-based system for the diagnosis of waste-water treatment plants. In *Industrial and Engineering Applications of Artificial Intelligence and Expert Systems*, pages 325–336, 1992.
- [2] M. V. Benedito. Diagnose. <http://www.students.ic.unicamp.br/~ra057631/diagnose/>, 2008.
- [3] D. Borenstein. Towards a practical method to validate decision support systems. *Decision Support Systems*, 23(3):227–239, 1998.
- [4] B. Buchanan, E. Sutherland, and E. Feigenbaum. Rediscovering some problems of artificial intelligence in the context of organic chemistry. In *Machine Intelligence*, volume 5, 1970.
- [5] V. Catanzarite and A. Greenburg. Neurologist - a computer program for diagnosis in neurology. In *Proceedings of the 3rd Symposium of Computer Applied Medical Care*, pages 64–72. IEEE, 1979.
- [6] B. Chandrasekaran. An approach to medical diagnosis based on conceptual structure. *Proceedings of International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI*, 1:134–142, 1979.
- [7] E. Charniak and D. McDermott. *Introduction to Artificial Intelligence*. Addison-Wesley, 1985.
- [8] V. Dasigi. Layered irredundant covering. In *Proceedings of the IEEE 1993 National Aerospace and Electronics Conference, 1993. NAECON 1993.*, volume 2, pages 913–919, 1993.
- [9] R. Davis, B. Buchanan, and E. Shortliffe. *Retrospective on "Production Rules as a Representation for a Knowledge-Based Consultation Program"*, volume 8. MIT Press, 1977.

- [10] Revista Brasileira de Epidemiologia. O ensino da epidemiologia. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, 8:11–17, 2005.
- [11] Secretaria de Vigilância em Saúde. *Guia de Vigilância Epidemiológica*. Ministério da Saúde, 6 edition, 2005.
- [12] Secretaria de Vigilância em Saúde. *Doenças Infecciosas e Parasitárias - Guia de Bolso*. Ministério da Saúde, 7 edition, 2008.
- [13] R. Duda. *Development of the PROSPECTOR Consultation System for Mineral Exploration*. SRI International, Menlo Park, CA, USA, 1978.
- [14] R. Duda and P. Hart. *Pattern Classification and Scene Analysis*. John Wiley Sons Inc, 1973.
- [15] A. S. Elstein, L. S. Shulman, and S. A. Sprafka. *Medical Problem Solving : an Analysis of Clinical Reasoning*. Harvard University Press, 1978.
- [16] N. V. Findler. *Associative Networks: Representation and Use of Knowledge by Computers*. Academic Press Inc., 1979.
- [17] H. Hogeveen, J. H. Van Vliet, E. N. Noordhuizen-Stassen, C. De Koning, D. M. Tepp, and A. Brand. A knowledge-based system for diagnosis of mastitis problems at the herd level. 2. machine milking. *J. Dairy Sci.*, 78(7):1441–1455, 1995.
- [18] J. P. Kassirer and G. A. Gorry. Clinical problem solving: a behavioral analysis. *Annals of Internal Medicine*, 89(2):245–255, 1978.
- [19] G. P. Kumar and P. Venkataram. A realistic model for diagnostic problem solving using abductive reasoning based on parsimonious covering principle. *3rd Turkish Conf. on Artificial Intelligence and Neural Networks*, pages 1–10, 1994.
- [20] R. S. Ledley and L. B. Lusted. Reasoning foundations of medical diagnosis: Symbolic logic, probability, and value theory aid our understanding of how physicians reason. *Science*, 130(3366):9–21, 1959.
- [21] S. M. F. S. Massruhá, S. Sandri, and J. Wainer. Uma extensão nebulosa para teoria das coberturas parcimoniosas aplicada ao diagnóstico de doenças de plantas. In *Anais do I WORCAP*, volume 17, pages 97–99, São José dos Campos, SP, Brasil, 2001. INPE.
- [22] S. A. McIlraith. Logic-based abductive inference. Technical Report KSL-98-19, Knowledge Systems, AI Laboratory, Stanford University, July 1998.

- [23] Sun Microsystems. Learn about java technology. <http://www.java.com/en/about/>, 2009 (acessado em 10 de janeiro de 2009).
- [24] R. A. Miller, H. Pople, and J. D. Myers. Internist-1, an experimental computer-based diagnostic consultant for general internal medicine. *The New England Journal of Medicine*, 307(8):468–476, 1982.
- [25] M. L. Minsky. *Semantic Information Processing*. MIT Press, 1968.
- [26] D. Nau and J. A. Reggia. Relationship between deductive and abductive inference in knowledge based diagnostic problem solving. In *Proceedings of 1st International Workshop on Expert Database Systems*, pages 500–509, 1984.
- [27] S.A. Patel, A.K. Kamrani, and E. Orady. A knowledge-based system for fault diagnosis and maintenance of advanced automated systems. In *Proceedings of the 17th international conference on Computers and industrial engineering*, pages 147–151, Tarrytown, NY, USA, 1995. Pergamon Press, Inc.
- [28] Y. Peng. *A Formalization of Parsimonious Covering and Probabilistic Reasoning in Abductive Diagnostic Inference*. PhD dissertation, Dept. of Computer Science, University of Maryland, USA, College Park, MD, USA, 1985.
- [29] Y. Peng and J. A. Reggia. Plausibility of diagnostic hypotheses: The nature of simplicity. In *AAAI*, pages 142–147, 1986.
- [30] Y. Peng and J. A. Reggia. Diagnostic problem-solving with causal chaining. *International Journal of Intelligent Systems*, 2(3):265–302, 1987.
- [31] Y. Peng. and J. A. Reggia. A probabilistic causal model for diagnostic problem solving, part i: Integrating symbolic causal inference with numeric probabilistic inference. *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.*, 17(2):146–162, 1987.
- [32] Y. Peng and J. A. Reggia. A probabilistic causal model for diagnostic problem solving part ii: Diagnostic strategy. *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.*, 17(3):395–406, 1987.
- [33] Y. Peng and J. A. Reggia. *Abductive Inference Models for Diagnostic Problem-Solving*. Springer-Verlag, New York, 1 edition, 1990.
- [34] H. Pople. On the mechanization of abductive logic. In *Proceedings of the Third International Joint Conference on Artificial Intelligence*, pages 147–152, 1973.
- [35] H. Pople. Heuristic methods for imposing structure on ill-structured problems: The structuring of medical diagnostics. In *Artificial Intelligence in Medicine*, volume 51, pages 119–190. Westview Press, 1982.

- [36] H. Pople and R. Miller. Dialog: A model of diagnostic logic for internal medicine. *Proceedings of International Joint Conference on Artificial Intelligence*, 2, 1975.
- [37] J. A. Reggia. A production rule system for neurological localization. In *Proceedings of the 2nd Annual Symposium on Computer Application in Medical Care*, pages 254–260. IEEE, 1978.
- [38] J. A. Reggia. *Knowledge-Based Decision Support Systems: Development Through KMS*. PhD thesis, University of Maryland at College Park, College Park, MD, USA, 1981.
- [39] J. A. Reggia. Abductive inference. In *Expert Systems in Government Symposiums*, Washington, DC, 1985.
- [40] J. A. Reggia and D. S. Nau. Diagnostic expert systems based on a set covering model. *Journal Man Machine Studies*, 19(5):437–460, 1983.
- [41] J. A. Reggia and D. S. Nau. An abductive non-monotonic logic. In *NMR*, pages 385–395, 1984.
- [42] J. A. Reggia, D. S. Nau, and P. Y. Wang. A formal model of diagnostic inference. *Information Sciences*, 37(1-3):227–285, 1985.
- [43] J. A. Reggia and S. Tuhim. An overview of methods for computer-assisted medical decision making. *Computer Assisted Medical Decision Making*, 1:3–45, 1985.
- [44] R. Reiter. A theory of diagnosis from first principles. *Artif. Intell.*, 32(1):57–95, April 1987.
- [45] A. M. Rezende and J. Wainer. A temporal extension to the parsimonious covering theory. *Artificial Intelligence in Medicine*, 10(3), 1997.
- [46] A. Rubin. The role of hypotheses in medical diagnosis. In *Proceedings of International Joint Conference on Artificial Intelligence*, volume 2, pages 855–862, 1975.
- [47] A. Sboner, E. Blanzieri, C. Eccher, P. Bauer, M. Cristofolini, G. Zumiani, and S. Forti. A knowledge based system for early melanoma diagnosis support. In *6th Workshop on Intelligent Data Analysis in medicine and Pharmacology [IDAMAP-2001]*, 2001.
- [48] E. H. Shortliffe. *Computer-Based Medical Consultation: MYCIN*. Elsevier Science Publishers, New York, NY, USA, 1976.

- [49] H. Shubin and J. Ulrich. Idt: An intelligent diagnostic tool. In *AAAI*, pages 290–295, 1982.
- [50] T. S. Sidhu, O. Cruder, and G.J. Huff. An abductive inference technique for fault diagnosis in electrical power transmission networks. *Power Engineering Review, IEEE.*, 17(1):72–72, 1997.
- [51] S.M. Strachan, S. Rudd, S.D.J. McArthur, M.D. Judd, S. Meijer, and E. Gulski. Knowledge-based diagnosis of partial discharges in power transformers. *IEEE Transactions on Dielectrics and Electrical Insulation*, 15(1):259–268, 2008.
- [52] World Wide Web Consortium (W3C). Extensible markup language (xml). <http://www.w3.org/XML/>, 2009 (acessado em 20 de janeiro de 2009).
- [53] J. Wainer and S. Sandri. Fuzzy temporal/categorical information in diagnosis. *Journal of Intelligent Information Systems*, 13(1-2):9–26, 1999.
- [54] H. Warner, A. Toronto, and L. Veasy. Experience with bayes' theorem for computer diagnosis of congenital heart disease. In *Annals of New York Academy of Sciences*, pages 558–567, 1964.
- [55] S. Weiss and C. Kulikowski. Glaucoma consultation by computers. *Computers in Biology and Medicine*, 8:25–40, 1978.
- [56] XStream.org. Xstream - about xstream. <http://xstream.codehaus.org/>, 2009 (acessado em 12 de janeiro de 2009).
- [57] R. J. Zagoria and J. A. Reggia. Transferability of medical decision support systems based on bayesian classification. *Medical Decision Making*, 3(4):501–509, 1983.