

Documentação do Projeto: Redes Bayesianas (Diagnóstico Médico)

1. Visão Geral do Projeto

Este projeto implementa um sistema de diagnóstico médico baseado em **Redes Bayesianas**. O objetivo é calcular a probabilidade de um paciente ter certas doenças (neste caso, **Influenza** e **Tuberculose**) com base na observação de sintomas clínicos (evidências).

Diferente dos sistemas baseados em regras rígidas (como o Projeto 6), este sistema lida com a **incerteza**. Ele não diz "o paciente *tem* a doença", mas sim "há 85% de chance de ter a doença", utilizando a Teoria das Probabilidades para atualizar suas crenças à medida que novos sintomas são apresentados.

2. Como Foi Desenvolvido

O projeto foi desenvolvido em **Python**, utilizando uma biblioteca especializada em modelos gráficos probabilísticos.

- **Linguagem:** Python.
- **Biblioteca Principal:** **pgmpy** (Probabilistic Graphical Models using Python). É utilizada para:
 - Definir a estrutura da rede (grafos direcionados).
 - Criar as Tabelas de Probabilidade Condicional (CPDs).
 - Realizar a inferência exata (cálculo das probabilidades finais).
- **Base de Dados:** As probabilidades utilizadas no código (priors das doenças e probabilidades condicionais dos sintomas) não foram inventadas; elas foram extraídas de **estudos médicos reais** e artigos científicos (referenciados no código, como *BMC Infectious Diseases* e *PubMed*), conferindo realismo ao modelo.

3. Modelo e Algoritmo Utilizado

Redes Bayesianas

Uma Rede Bayesiana é um Grafo Direcionado Acíclico (DAG) onde:

- **Nós:** Representam variáveis aleatórias (Doenças e Sintomas).
- **Arestas:** Representam dependência causal (Doença \rightarrow Sintoma).

O modelo estruturado neste projeto segue a lógica Causa-Efeito:

- **Causas (Raízes):** Influenza e Tuberculose.

- **Efeitos (Filhos):** Tosse, Febre, Mialgia, Congestão, Perda de Peso, Sudorese Noturna, Raio-X Alterado.

Modelagem da Probabilidade (Noisy-OR)

Um detalhe técnico importante deste projeto é como ele calcula a probabilidade de um sintoma quando múltiplas doenças podem causá-lo. O código implementa uma lógica baseada no modelo **Noisy-OR**.

Para cada combinação de doenças (ex: ter Influenza E Tuberculose, ou apenas uma, ou nenhuma), a probabilidade de um sintoma ocorrer é calculada considerando:

1. A probabilidade do sintoma ser causado pela Doença A.
2. A probabilidade do sintoma ser causado pela Doença B.
3. Uma probabilidade de "vazamento" (*Leak*): a chance do sintoma ocorrer por outras causas não modeladas (ex: tosse por um resfriado comum).

A fórmula utilizada garante que, se um paciente tiver ambas as doenças, a chance de apresentar o sintoma é maior do que se tivesse apenas uma.

Inferência Bayesiana (Eliminação de Variáveis)

Para realizar o diagnóstico, o sistema utiliza o algoritmo de **Eliminação de Variáveis** (*VariableElimination*).

O processo de diagnóstico funciona assim:

1. **Evidência:** O usuário fornece um conjunto de sintomas observados (ex: `{ 'tosse' : 1, 'febre' : 1 }`).
2. **Propagação:** O algoritmo propaga essa informação pela rede, aplicando o **Teorema de Bayes** para inverter as probabilidades (ir do Efeito \rightarrow Causa).
3. **Posterior:** O sistema retorna a **probabilidade posterior** de cada doença, dado o conjunto de evidências (ex: $P(\text{Influenza}=1 \mid \text{Tosse}=1, \text{Febre}=1)$).

4. Referências Bibliográficas

A modelagem teórica e os dados probabilísticos utilizados para construir as Tabelas de Probabilidade Condicional (CPDs) foram baseados nas seguintes fontes:

Literatura Base de IA

- **Russell, S. J., & Norvig, P. (2021).** *Artificial Intelligence: A Modern Approach*. 4ª ed. (Referência principal para a teoria de Redes Bayesianas e Inferência Probabilística).

Fontes de Dados Médicos (Utilizadas no Código)

- **Influenza (Sintomatologia e Diagnóstico):**

- VanWormer JJ et al. "Influenza-like illness...". *BMC Infectious Diseases*, 2014. Disponível em: [PubMed](#).
- Garg S et al. "Pneumonia em Influenza...". *BMC Infectious Diseases*, 2015.
- **Tuberculose (Sinais Clínicos e Radiologia):**
 - Miller LG et al. "Clinical Presentation of Pulmonary Tuberculosis...". *Clinical Infectious Diseases*, 2000. Disponível em: [PubMed](#).
 - **WHO TB Knowledge Sharing Platform.** "CXR screening (anormalidade vs. sugestivo de TB)". Disponível em: [WHO Platform](#).