Dupla JL Etapa 2

Nome: João Paulo Soubihe RA: 151106 Nome: Leandro Ferlin Viana RA: 148729

Resumo:

Nosso trabalho consiste em auxiliar o médico na hora de diagnosticar seus pacientes.

Através de um banco de dados, que será alimentado, nosso sistema irá indicar probabilidades de diagnósticos, ou seja, qual doença é mais possível que o paciente tenha contraído.

Após a análise o médico poderá avaliar, ou pedir um exame, para confirmar o diagnóstico. Caso essa avaliação não confirme a doença com mais probabilidade o médico poderá alimentar o sistema com essa informação e permitir com que as probabilidades sejam recalculadas a partir daquela informação.

Requisitos:

- a) a aplicação deve manter um banco de dados com os sintomas apresentados pelos pacientes e o diagnóstico confirmado após o tratamento.
- b) o sistema deve armazenar dados pessoais do paciente para identificá-lo. Porém, é de extrema importância assegurar que esses dados serão usados apenas para manter um registro de cada paciente¹.
- c) identificar o usuário, mantendo sua privacidades de dados garantida: o médico busca o cadastro do paciente na aplicação e, caso não exista, insere os dados do paciente.
- d) com o cadastro do paciente realizado, o médico insere os sintomas apresentados por ele.
- e) a aplicação então realiza análise estatística no banco de dados a partir do histórico de diagnósticos coletados até o presente momento, e informa quais são as doenças mais prováveis e suas respectivas probabilidades.
- f) o médico deve utilizar a previsão de diagnóstico como um ponto de partida para o tratamento, realizando, caso julgue necessário, outros exames laboratoriais
- g) ao final do tratamento, o médico deve voltar à aplicação e finalizar tratamento, informando se a previsão do sistema estava correta e, caso contrário, reportar o diagnóstico correto.
- h) a aplicação deve alimentar o banco de dados com os dados coletados (sintomas apresentados e doença detectada) e utilizar esses dados para aperfeiçoar futuras previsões de .

¹ Apenas os dados referentes aos conjunto de sintomas e diagnóstico final serão usados para análise estatísticas e futuras previsões, dados pessoais serão mantidos sob sigilo.

Banco de dados:

a) Disease-Symptom Knowledge Database

http://people.dbmi.columbia.edu/~friedma/Projects/DiseaseSymptomKB/index.html

Trabalharemos com o dados coletados de pacientes do Hospital Presbiteriano de Nova York, no ano de 2004.

O <u>Disease-Symptom Knowledge</u> Database reúne as 150 doenças mais comuns durante esse ano, o número de casos positivos e os sintomas apresentados pelos pacientes em ordem decrescente segundo a força da relação sintoma - doença.

b) Diseases Database

http://www.dilseasesdatabase.com/content.asp

O Diseases Database é índice de referência cruzada de doenças humanas, medicamentos, sintomas, sinais e resultados de investigações anormais. Esse site fornece um índice semelhante a um livro de texto médico e um mecanismo de pesquisa

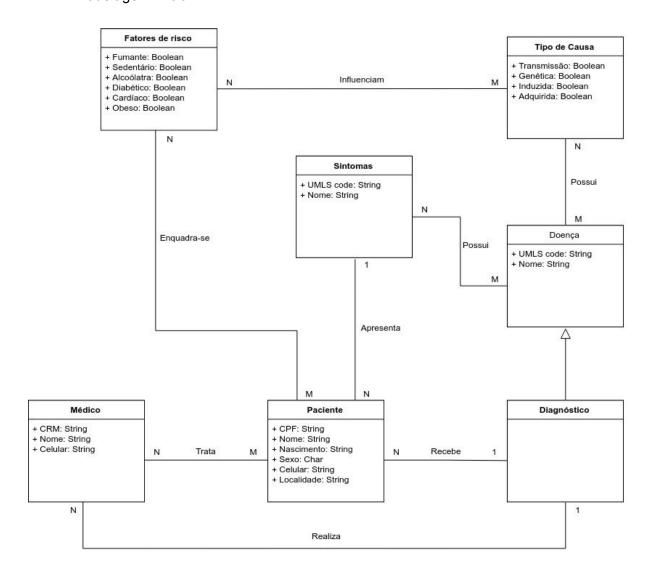
c) National Health Interview Survey

https://ftp.cdc.gov/pub/Health_Statistics/NCHS/NHIS/SHS/2016_SHS_Table_A-4.pdf https://ftp.cdc.gov/pub/Health_Statistics/NCHS/NHIS/SHS/2016_SHS_Table_A-2.pdf https://ftp.cdc.gov/pub/Health_Statistics/NCHS/NHIS/SHS/2016_SHS_Table_A-1.pdf

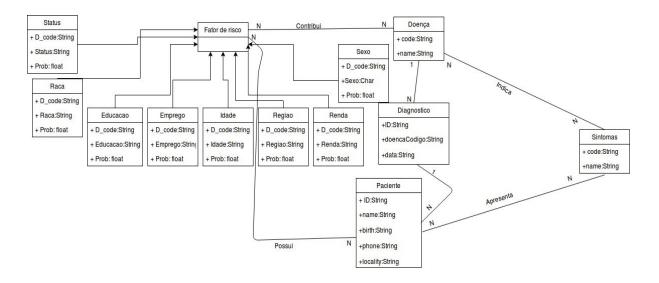
O CDC (Centers of Disease Control and Prevention) realiza todo ano uma pesquisa relacionando ocorrências de doenças a hábitos e características das pessoas Num estudo bem amplo estudam a relação de Sexo, Idade, Raça, Escolaridade, Renda familiar, Região em que mora, Estado Civil, entre outros fatores.

Modelagem conceitual:

- Modelagem inicial



 Após algumas avaliações e pesquisa de databases na internet chegamos a um novo modelo:



Onde as classes *Médico* e *Tipos de Causa* foram removidas do nosso domínio, pois pensamos que elas seriam irrelevantes para a proposta do nosso projeto. A classe *Fator de Risco* foi especializada em cada tipo de fator avaliado pelo nosso sistema.

Modelagem lógica:

Doenca (codigo,nome)



Sintomas (codigo, nome)



Paciente(<u>ID</u>, nome, nascimento, celular, localidade)

<u>ID</u>	nome	nascimento	celular	localidade
-----------	------	------------	---------	------------

 ${\sf Diagnostico}~(\underline{\sf ID},\,\underline{\sf doencaCodigo},\,\underline{\sf data})$

CHE: doencaCodigo -> Doenca (codigo)

ID doencaCodigo data	
----------------------	--

Educacao (D code, Educacao, Prob) CHE: D_code -> Doenca (codigo) Educacao Prob D code Status (<u>D_code</u>,<u>Status</u>,Prob) CHE: D_code -> Doenca (codigo) D code Prob <u>Status</u> Sexo (<u>D_code,Sexo,</u>Prob) CHE: D_code -> Doenca (codigo) Prob D_code <u>Sexo</u> Emprego (<u>D_code,Emprego,</u>Prob) CHE: D code -> Doenca (codigo) D code **Emprego** Prob Idade (<u>D_code,Idade,</u>Prob) CHE: D_code -> Doenca (codigo) Prob D code <u>ldade</u>

Renda (<u>D_codee,Renda,</u>Prob) CHE: D_code -> Doenca (codigo)

<u>D_codee</u> <u>Renda</u> Prob

Raca (<u>D_code</u>,<u>Raca</u>,Prob)

CHE: D_code -> Doenca (codigo)

<u>D_code</u> <u>Raca</u> Prob

Regiao (<u>D_code,Regiao</u>,Prob)

CHE: D_code -> Doenca (codigo)

D_codee Regiao Prob

PacienteSintomas(pacienteID, sintomaCodigo)

CHE: pacienteID -> Paciente (ID)

CHE: sintomaCodigo -> Sintomas (codigo)

pacienteID <u>sintomaCodigo</u>

DoencaSintomas (doencaCodigo, sintomaCodigo)

CHE: doencaCodigo -> Doenca (codigo)
CHE: sintomaCodigo -> Sintomas (codigo),

<u>doencaCodigo</u>	<u>sintomaCodigo</u>
doencaCodigo	<u>sintomaCodigo</u>

PacienteDiagnostico (pacienteID, diagnosticoID)

CHE: pacienteID -> Paciente (ID)

CHE: diagnosticoID -> Diagnostico(ID)

pacienteID	diagnosticoID
pacienteID	diagnosticoID