

Estimando a prevalência de uma doença a partir de um teste diagnóstico

Lucas Emanuel Resck Domingues
Lucas Machado Moschen
Vitor Bitarães

Escola de Matemática Aplicada (EMAp)
Fundação Getúlio Vargas

29/04/2020

Introdução

Suponha que desejamos estimar a proporção $\theta \in (0, 1)$ de indivíduos infectados com um determinado patógeno em uma população. Suponha ainda que dispomos de um teste laboratorial, que produz o resultados $r = \{-, +\}$ indicando se o indivíduo (y_i) é livre (0) ou infectado (1). Se o teste fosse perfeito, poderíamos escrever a probabilidade de observar $y = \sum_{i=1}^n y_i$ testes positivos em n testes realizados como¹

$$\Pr(y \mid \theta, n) = \binom{n}{y} \theta^y (1 - \theta)^{n-y}. \quad (1)$$

Infelizmente, o teste não é perfeito, acertando o diagnóstico com probabilidades fixas da seguinte forma²

$$\Pr(r = + \mid y_i = 0) := 1 - u, \quad (2)$$

$$\Pr(r = - \mid y_i = 1) := 1 - v, \quad (3)$$

de modo que agora, assumindo $u + v > 1$, escrevemos³

$$\begin{aligned} \Pr(r = + \mid \theta, u, v) &= \Pr(r = + \mid y_i = 0) \Pr(y_i = 0) + \Pr(r = + \mid y_i = 1) \Pr(y_i = 1) \\ &= \Pr(r = + \mid y_i = 0) \Pr(y_i = 0) + (1 - \Pr(r = - \mid y_i = 1)) \Pr(y_i = 1) \\ &= (1 - u)(1 - \theta) + (1 - (1 - v))\theta \\ &= 1 - u + \theta(u + v - 1) \end{aligned} \quad (4)$$

e podemos reescrever a probabilidade em~(1):

$$\Pr(y \mid \theta, n, u, v) = \binom{n}{y} [1 - u + \theta(u + v - 1)]^y [u - \theta(u + v - 1)]^{n-y}. \quad (5)$$

¹Porquê?

²Naturalmente, $u, v \in (0, 1)$, levando em conta a restrição $u + v > 1$.

³Exercício bônus: mostre porquê.

Problemas

a) Escolha e justifique uma distribuição *a priori* para θ – lembre-se que neste exercício u e v são fixos;

Resposta:

Uma distribuição de probabilidade plausível para o parâmetro θ é dada pela distribuição beta, uma distribuição flexível, que pode assumir várias formas, dependendo da escolha de valores de a e b . Nesse caso, a priori é $\xi(\theta) = \frac{1}{B(a,b)}\theta^{a-1}(1-\theta)^{b-1}$. Claro que temos que conhecer os valores a e b . Segundo este artigo, os hiperparâmetros podem ser escolhidos em um painel de experts, usando resultados de estudos anteriores.

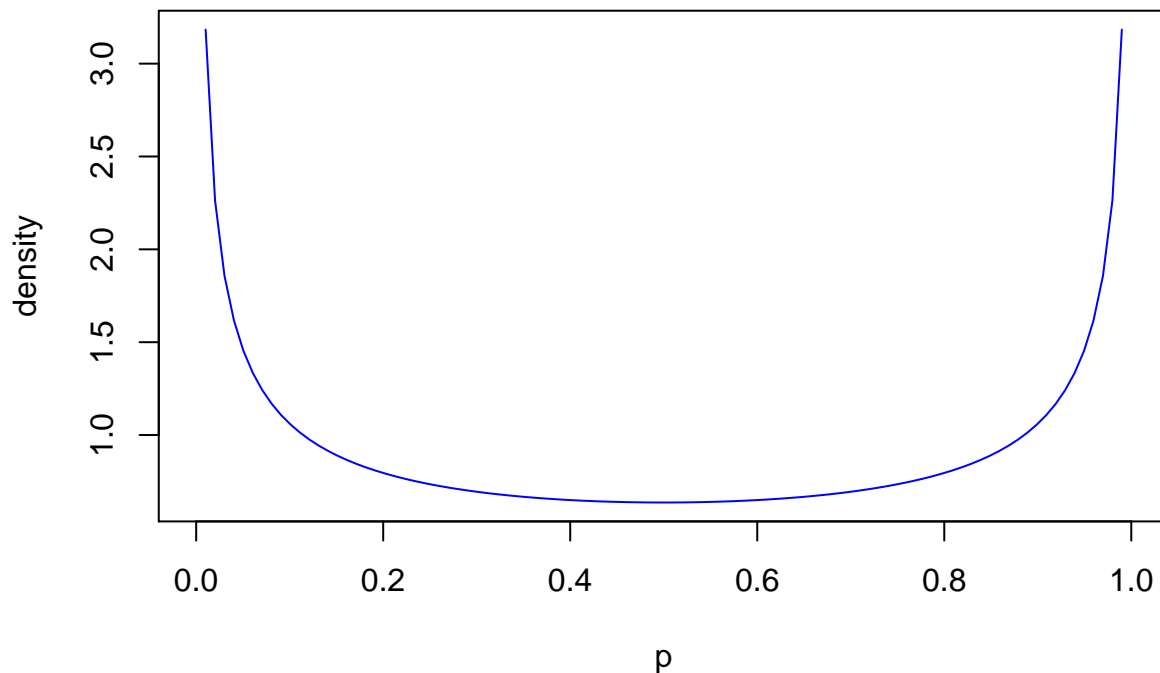
Nesse caso, a ideia seria aproximar a moda da distribuição *Beta* para a prevalência acreditada por alguns epidemiologistas e, também, aproximar o desvio padrão como uma parte, um quarto, por exemplo, dos limites inferior e superior, acreditados pelo epidemiologista.

Veja, entretanto, que a escolha dos hiperparâmetros vai influenciar bastante o resultado, já que podemos estar, por exemplo, quase impossibilitando a probabilidade de algumas prevalências.

Podemos contruir uma priori não informativa, nesse caso que não temos informação. No caso da distribuição Beta, poderíamos atribuir $a = b = 1$, para termos uma distribuição uniforme no intervalo $[0, 1]$. Entretanto, existem técnicas para construir essas distribuições. Intuitivamente, a ideia é minimizar o impacto da priori na nossa posteriori, e, nesse caso, a distribuição dela vai se aproximar à estimativa da verossimilhança máxima. Neste artigo de Jeffrey, ele comenta um método para essa construção, baseado na informação de Fisher.

Vejamos o formato de uma $Beta(0.5, 0.5)$

```
p = seq(0,1, length=100)
plot(p, dbeta(p, 0.5, 0.5), ylab="density", type="l", col=4)
```



b) Derive $\Pr(\theta | y, n, u, v)$;

Resposta:

c) Suponha que $y = 4$ e $n = 5000$. Qual a média *a posteriori* de θ ? Produza intervalos de credibilidade de 80, 90 e 95% para θ .

Resposta:

d) **Bônus.** Que melhorias você faria neste modelo? Que outras fontes de incerteza estão sendo ignoradas?

Resposta: