

Universidade Nove de Julho

Modelagem Bayesiana Aplicada ao Suporte ao Diagnóstico da COVID-  
19

André Araújo dos Santos – RA 917117982

Fabiano Santana Souza - RA 417103894

Gabriel Ferreira de Melim – RA 417200698

Gabriel Nunes Lopes - RA 417110507

Ulisses Inácio Militão - RA 317201361

Erika Midori Kinjo

São Paulo – SP

2020

# Universidade Nove de Julho

## Modelagem Bayesiana Aplicada ao Suporte ao Diagnóstico da COVID-19

Projeto desenvolvido à Universidade Nove de Julho, UNINOVE, em cumprimento às exigências da Iniciação Científica, sob orientação do Prof. André Librantz.

André Araújo dos Santos – RA 917117982

Fabiano Santana Souza - RA 417103894

Gabriel Ferreira de Melim – RA 417200698

Gabriel Nunes Lopes - RA 417110507

Ulisses Inácio Militão - RA 317201361

Erika Midori Kinjo

São Paulo – SP

2020

## Resumo

A COVID-19 é uma doença causada pelo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, que apresenta um espectro clínico variando de infecções assintomáticas a quadros graves. De acordo com a Organização Mundial de Saúde, a maioria (cerca de 80%) dos pacientes com COVID-19 podem ser assintomáticos ou oligossintomáticos (poucos sintomas), e aproximadamente 20% dos casos detectados requer atendimento hospitalar por apresentarem dificuldade respiratória, dos quais aproximadamente 5% podem necessitar de suporte ventilatório. Essa pandemia tem sido objeto de estudo em diferentes áreas. Nesse contexto o diagnóstico de um possível caso suspeito da COVID-19 pode ser interessante uma vez que os sintomas são variados e semelhantes à outras doenças mais leves.

Investigar os principais sintomas da COVID-19, bem como o seu impacto no diagnóstico, utilizando modelagem bayesiana e simulação estocástica.

Os diversos sintomas, que podem variar de pessoa para pessoa, foram extraídos da literatura e validados com a colaboração de médicos especialistas com experiência e que atuam na linha de frente no atendimento e tratamento de pacientes que apresentaram sintomas que podem estar associados à COVID-19. Essas variáveis foram modeladas utilizando redes bayesianas combinado com método Noisy-OR e implementado em linguagem Python, com intuito de reduzir o número de entradas por parte dos decisores. Na sequência foi feita a validação parcial do modelo sendo utilizada também os axiomas desta técnica. Além disso para este estudo também foi utilizada a simulação estocástica para a geração das probabilidades à priori.

Os principais sintomas identificados foram: tosse, febre entre  $37,5^{\circ}$  e  $38^{\circ}$ , febre superior a  $38^{\circ}$ , fadiga, escarro, dispneia, mialgia, dor de Garganta, cefaleia, calafrios, congestão nasal, náuseas ou vômitos, diarreia e foi possível estabelecer a dependência entre eles, bem como a criticidade desses sintomas. Desta forma foi possível a elaboração de um modelo computacional utilizando redes bayesianas que pode servir de apoio, a partir dos sintomas apresentados pelo paciente, ao diagnóstico da doença. O modelo reproduz a dependência entre os fatores bem como seu comportamento sistêmico de maneira satisfatória e pode ser utilizado como base para modelos mais complexos para apoio à diagnóstico.

## **Sumário**

<b>1. Introdução</b>	<b>5</b>
<b>2. Definição da Equipe</b>	<b>6</b>
<b>3. Identificação dos principais sintomas</b>	<b>7</b>
<b>4. Redes Bayesiana</b>	<b>8</b>
<b>5 - Metodologia</b>	<b>9</b>
<b>5.1. Identificação dos principais sintomas</b>	<b>10</b>
<b>5.2. Construção do modelo</b>	<b>10</b>
<b>5.3. Definição das probabilidades à priori</b>	<b>11</b>
<b>5.4. Construção das CTPs (NOISY-OR)</b>	<b>13</b>
<b>5.5. Validação parcial da Rede Bayesiana</b>	<b>16</b>
<b>5.6 Simulação estocástica da probabilidade a priori</b>	<b>17</b>
<b>5.6.1 Construção do código Python</b>	<b>17</b>
<b>5.7 Análise dos Resultados</b>	<b>18</b>
<b>6. Conclusão</b>	<b>19</b>
<b>7. Agradecimentos</b>	<b>19</b>
<b>8. Referências Bibliográficas</b>	<b>20</b>

## **Índice de imagens**

Figura 1 - Teorema de Bayes	9
Figura 2 – Metodologia	10
Figura 3 - Rede Bayesiana	11
Figura 4 - Probabilidade Bayes	12
Figura 5 - Rede com probabilidades a priori	13
Figura 6 - Rede Bayesiana	15
Figura 7 - Gráfico	16
Figura 8 - Histograma com 100 rodadas	18
Figura 9 - Histograma com 1.000 rodadas	18
Figura 10 - Histograma com 12.000 rodadas	19

## 1. Introdução

Os coronavírus são uma grande família de vírus comuns em muitas espécies diferentes de animais, incluindo camelos, gado, gatos e morcegos. A COVID-19 é uma doença causada pelo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, que apresenta um espectro clínico variando de infecções assintomáticas a quadros graves. (Ministério da Saúde, 2020).

Dada a situação pandêmica em que o mundo vive hoje, a dúvida e o medo do desconhecido são pertinentes para a maioria das pessoas. A busca por respostas sobre a COVID-19 tem crescido cada dia mais, e a urgência por soluções tem tornado essa doença objeto de estudo para muitas áreas.

Com o propósito de colaborar com tecnologia e métodos probabilísticos para essa causa, foi identificado que a utilização de redes Bayesianas seria de grande ajuda para apoiar os médicos na linha de frente ao combate a COVID-19.

Partindo desse pressuposto foi desenvolvido um modelo com base nos sintomas que se mostraram presentes na literatura. Esses sintomas foram selecionados e validados com a colaboração de médicos especialistas que ajudaram a compor as variáveis da rede Bayesiana.

Ao compreender que uma rede para esse caso específico necessitaria de muitas entradas por parte dos decisores, foi utilizado o método Noisy-Or com o intuito de reduzir esse número. E para geração das probabilidades a priori, foi desenvolvido um algoritmo para realizar uma simulação estocástica com determinado desvio padrão e diferentes quantidades de entradas.

## **2. Definição da Equipe**

André Araújo dos Santos – RA 917117982

Fabiano Santana Souza - RA 417103894

Gabriel Ferreira de Melim – RA 417200698

Gabriel Nunes Lopes - RA 417110507

Ulisses Inácio - RA 317201361

Erika Midori Kinjo

### 3. Identificação dos principais sintomas

Através de uma leitura de artigos e matérias com foco no COVID-19, foi identificado que os sintomas apresentados pelo vírus variam de pessoa para pessoa, uma lista foi definida com a probabilidade dos sintomas do covid-19 de acordo com algumas fontes que combatem o covid-19 na linha de frente.

Identificação dos Principais Sintomas			
Categoria	Sintoma	Conceito	Autores (Referência)
Sintomas Respiratórios	Tosse	A tosse é uma contração espasmódica, repentina e frequentemente repetitiva da cavidade torácica, resultando em uma violenta expulsão de ar dos pulmões, e geralmente acompanhada por um som característico.	Guan W, Ni Z, Hu Y, (2020), Rubens. D. F., Nechar R. C., Ribeiro F. A. (2020)
	Escarro	Escarro, também conhecido como catarro, é uma liberação de muco causada pelo inchaço das mucosas do corpo. O escarro amarelado pode indicar alguma infecção no aparelho respiratório.	Guan W, Ni Z, Hu Y, (2020), Rubens. D. F., Nechar R. C., Ribeiro F. A. (2020)
	Dispneia	Dispneia também chamada de falta de ar é um sintoma no qual a pessoa tem dificuldade em respirar, normalmente com a sensação de respiração incompleta, muitas vezes acompanhada de opressão torácica e mal estar. É um sintoma comum a um grande número de doenças, em especial na área da cardiologia e pneumologia.	Guan W, Ni Z, Hu Y, (2020), Rubens. D. F., Nechar R. C., Ribeiro F. A. (2020)
Outros Sintomas	Fadiga	A manifestação de cansaço ou exaustão associada ao prejuízo no desenvolvimento das atividades usuais do dia-a-dia e a falta de resultados das estratégias habituais de recuperação de energia são identificadas como as principais referências empíricas do conceito de fadiga para a área da saúde.	Guan W, Ni Z, Hu Y, (2020), Rubens. D. F., Nechar R. C., Ribeiro F. A. (2020)
	Febre	Febre é a elevação da temperatura do corpo em valores acima dos considerados normais para o indivíduo	Guan W, Ni Z, Hu Y, (2020), Rubens. D. F., Nechar R. C., Ribeiro F. A. (2020)



#### 4. Redes Bayesianas

Em resumo, uma Rede Bayesiana, é um grafo composto por nós que representam as variáveis de um determinado problema *Matias da Silva, (2016, p.8)*. A cada nó são atribuídas probabilidades iniciais, que podem ser adaptadas ao desenvolvimento e robustez da rede.

Estes nós possuem relações entre si, podendo ser dependentes ou independentes, no caso de nós dependentes uma evidência de uma variável da rede, altera a probabilidade do acontecimento de outra e no caso de nós independentes não existe correlação entre os acontecimentos.

O teorema de Bayes é definido da seguinte forma, segundo *MEYER (2000)*, *HAZZAN (IEZZI, 2004)* e citado por *Ricardo Gonçalves (p.4)*.

$$P(B|A) = \frac{P(A \wedge B)}{P(A)}$$

Figura 1 - Teorema de Bayes

#### 5 - Metodologia

O artigo foi desenvolvido seguindo as etapas da figura abaixo:

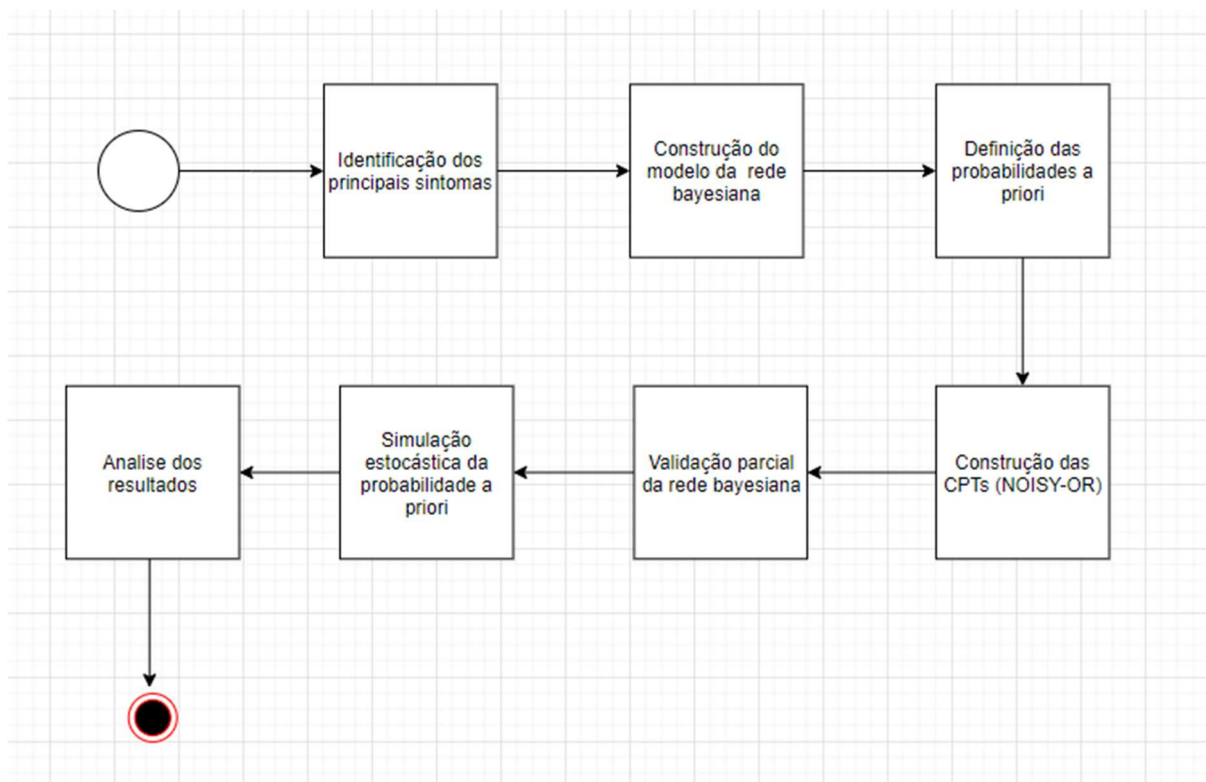


Figura 2 – Metodologia

## 5.1. Identificação dos principais sintomas

Durante as reuniões com o orientador, foram realizadas buscas em artigos que abordavam a COVID-19, então foram identificados os sintomas que apareceram de forma mais frequente entre as diversas fontes analisadas.

Após serem coletados os sintomas foram organizados com base na sua porcentagem de ocorrência em indivíduos infectados.

Para melhorar o foco do estudo foi necessário diminuir a quantidade de fatores, isso foi feito retirando os sintomas com menor percentual de presença nos casos analisados, deixando o resultado com os 5 sintomas principais.

Posteriormente quando foi necessário determinar as probabilidades a priori, foi requerido o apoio de médicos especialistas com experiência no combate de vírus.

## 5.2. Construção do modelo

Em virtude da relação entre os nós de uma rede bayesiana, foi estabelecido que essa seria uma forma efetiva de identificar o diagnóstico positivo de um paciente

suspeito

de

COVID19.

A rede consiste na divisão dos principais sintomas em nós, com os cinco nós iniciais representando os sintomas, sendo estes sintomas divididos em 2 grupos representados por nós com probabilidades condicionais. Esse incremento é realizado, pois dessa maneira, conseguimos identificar de uma maneira mais assertiva, se os sintomas apontados são decorrentes do COVID-19 ou de alguma outra doença que apresenta as mesmas características, como por exemplo, uma gripe comum *Luiz Ara-Souza (2010, p. 23)*.

Na rede, os primeiros nós não dependem de outros fatores para ocorrer, são através desses nós que são inseridas as ocorrências, baseando-se na probabilidade de cada caso. Os nós seguintes, são os nós dependentes na rede. Só é possível aplicar uma probabilidade para aquele fato, caso as condições anteriores sejam apontadas, ou seja, só é possível ser aplicado uma probabilidade de um sintoma respiratório, caso tenha a inserção da informação nos nós acima, que em nossa rede, pode ser tosse, escarro ou falta de ar.

Por último, temos o nó que realiza a definição. Com esse nó, buscamos identificar se um paciente está infectado pelo COVID-19. Dada uma probabilidade inicial, a rede apresenta a chance de o paciente estar contaminado. Com a adaptação para inserir dados de maneira robusta, que representa os casos reais, a rede busca atualizar suas probabilidades, conforme os sintomas vão sendo confirmados em casos positivos da doença.

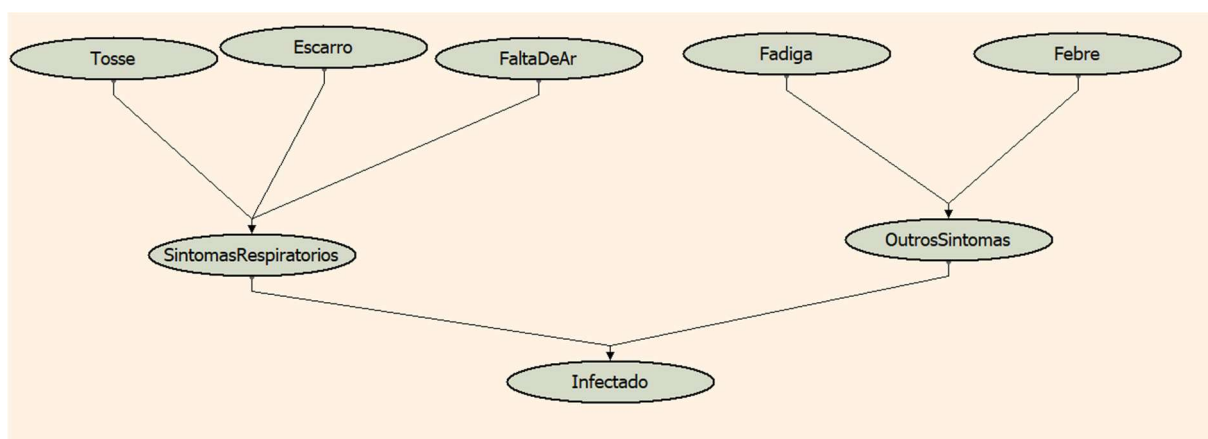


Figura 3 - Rede Bayesiana

### 5.3. Definição das probabilidades à priori

As probabilidades a priori são os valores iniciais atribuídos aos nós da rede levando em consideração o conhecimento de especialistas e a incerteza do caso.

$$P(B|A) = \frac{P(A|B) \cdot P(B)}{P(A)}$$

Figura 4 - Probabilidade Bayes

$P(B)$  é chamada de probabilidade a priori de B.

$P(B|A)$  é chamada de probabilidade a posteriori de B. Professor Ricardo Kerschbaumer

As probabilidades iniciais para cada sintoma da rede foram definidas com a colaboração de médicos especialistas com mais de 30 anos de experiência e que atuam na linha de frente no atendimento e tratamento de pacientes que tiveram os sintomas da COVID-19 ou a doença de fato.

Para cada nó pertencente a rede, foi determinado junto aos especialistas a probabilidade de 22% de ocorrência do sintoma. Esse valor é justificado visto que os sintomas isolados são muito comuns e geralmente estão associados a outras condições e patologias de cada indivíduo em triagem.

SINTOMA	PROBABILIDADE A PRIORI (%)
Tosse	22
Dispneia	22
Fadiga	22
Febre	22
Escarro	22

Quadro 1 – Probabilidade a Priori

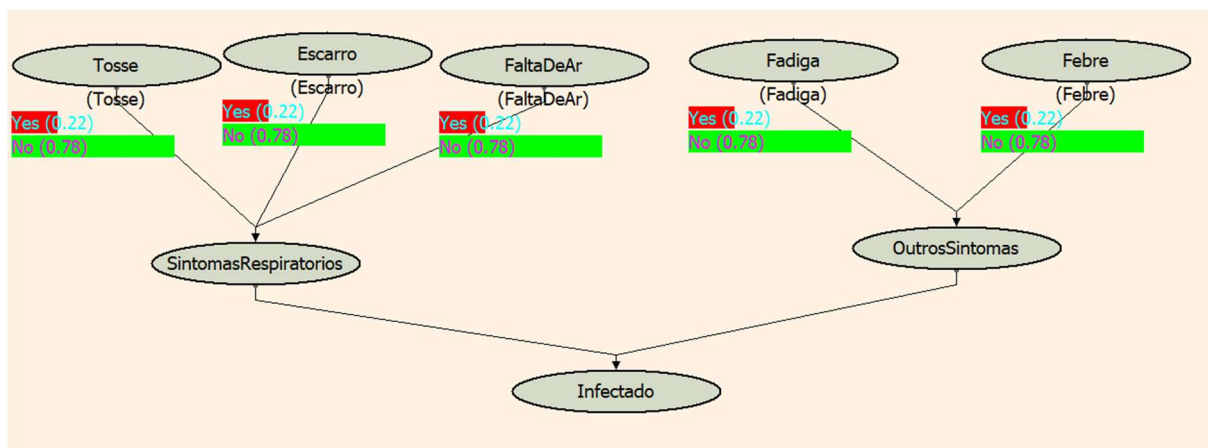


Figura 5 - Rede com probabilidades a priori

#### 5.4. Construção das CTPs (NOISY-OR)

O processo de construção das probabilidades condicionais foi realizado durante as reuniões em grupo para construção da rede bayesiana.

Ao conseguirmos as probabilidades iniciais (A priori), usamos os dados levantados a partir de artigos que estudavam as ocorrências dos principais sintomas para o Covid-19.

Aplicamos uma média das probabilidades dos sintomas escolhidos para a rede, sendo estes sintomas considerados “Principais sintomas”, escolhidos pelo time com base na porcentagem de casos confirmados da doença que apresentavam o sintoma quando o paciente foi analisado após internação.

Ao criarmos o esboço das relações de dependência entre os sintomas, filtramos quais deles seriam mantidos na rede para simplificar o modelo. Realizamos a divisão dos sintomas em subgrupos. Denominados sintomas respiratórios e outros sintomas e aplicamos a técnica de **Noisy-or** para conseguirmos o preenchimento das tabelas verdades dos nós.

Este foi escolhido pois “o Modelo Noisy-or diminui o número de parâmetros necessários em uma rede, por exemplo, com dois estados e um número  $n$  de nós pais, ao aplicarmos a técnica a quantidade necessária cai de  $2^n$  para  $n$ , o que torna mais fácil modelar redes grandes” (Tradução livre) (Librantz, 2020, p 63).

A aplicação do modelo se deu através da utilização de uma planilha, onde dividimos os sintomas em grupos: **sintomas respiratórios (SRS)** e **outros sintomas**. Com isso os dados foram organizados em uma tabela verdade, como forma de simular casos com os parâmetros da rede (os sintomas do vírus). Assim podemos gerar as

probabilidades condicionais, dependendo de quais parâmetros eram verdadeiros ou falsos.

Além disso também colocamos uma coluna para mostrar o resultado, ou seja, probabilidade de que exista o vírus paciente.

Sistemas Respiratórios			Probabilidade	
Tosse	Falta de Ar	Escarro	Não Existir	Existir
0,72	0,24	0,34		
0,28	0,76	0,66		
T	T	T	0,14	0,86
T	T	F	0,22	0,78
T	F	T	0,19	0,81
T	F	F	0,28	0,72
F	T	T	0,51	0,49
F	T	F	0,76	0,24
F	F	T	0,66	0,34
F	F	F	1	0

Quadro 2 - Sintomas respiratórios

Outros Sintomas		Probabilidade	
Fadiga	Febre	Não existir	Existir
0,408	0,622		
0,592	0,378		
F	F	1	0
T	F	0,592	0,408
F	T	0,378	0,622
T	T	0,224	0,776

Quadro 3 - Outros sintomas

Infetado		Probabilidade	
Sistemas Respirat3rios	Outros Sintomas	N3o existir	Existir
0,2	0,8		
0,8	0,2	N3o existir	Existir
T	T		
T	F		
F	T		
F	F	1	0

Quadro 4 - Infetado

A partir das probabilidades condicionais levantadas com base no NOISY-OR, foi atualizado o modelo da rede bayesiana conforme abaixo:

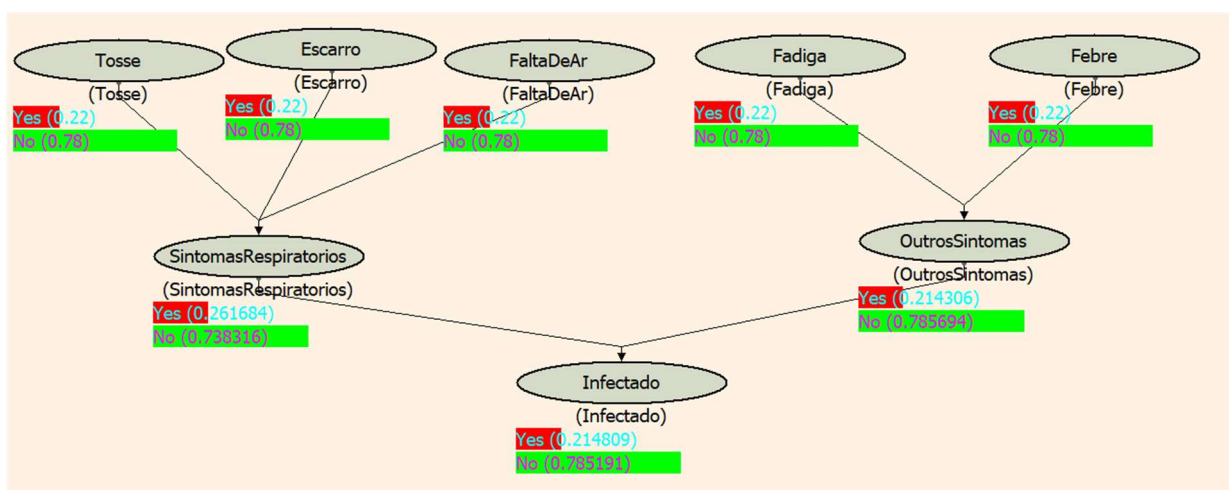


Figura 6 - Rede Bayesiana

## 5.5. Validação parcial da Rede Bayesiana

Foram feitos testes com os sintomas relacionados ao nó “SintomasRespiratórios”, a probabilidade de infecção muda mediante a existência de novas evidências e os sintomas que estão relacionados com “OutrosSintomas” não são afetados.

Sintomas	Probabilidade infecção (%)
A priori	21.48
Evidência - Tosse	29.61
Evidência - Tosse - Escarro	30.74
Evidência - Tosse - Escarro - Falta de Ar	31.39

Quadro 5 - Experimento da validação do modelo

A mudança da probabilidade de infecção muda conforme a probabilidade de um sintoma mudar. Por exemplo, se a probabilidade de tosse for alterada de 22% para 45% a chance de estar infectado vai aumentar. No gráfico abaixo é mostrado a variação de tosse de 0% a 100% e como isso influencia na chance de infecção.

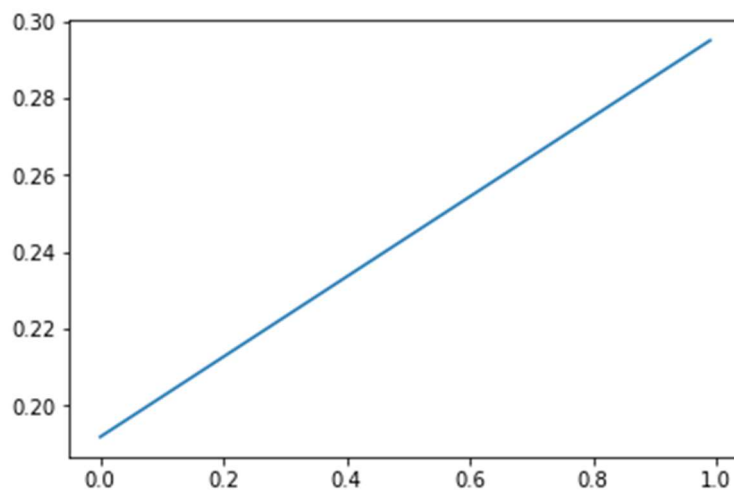


Figura 7 - Gráfico



## 5.6 Simulação estocástica da probabilidade a priori

No intuito de avaliar o comportamento da rede em um cenário com um elevado número de casos, o modelo foi implementado aplicando a distribuição normal (média de 0,22 e desvio padrão de 0,05) para as probabilidades a priori, gerando assim um histograma com as probabilidades de infecção.

Simulação Estocástica das Entradas Iniciais			
Sintomas	Tipo Distribuição	Valor Médio (%)	Desvio Padrão (%)
Tosse	Normal	22	5
Falta de Ar	Normal	22	5
Fadiga	Normal	22	5
Escarro	Normal	22	5
Febre	Normal	22	5

Quadro 6 - Tabela Estocástica

### 5.6.1 Construção do código Python para geração dos dados estocásticos

Para realizar a simulação estocástica foi construído um código em python que utiliza como base a biblioteca pomegranate que permite trabalhar com redes bayesianas.

A distribuição normal de cada probabilidades inicial foi obtida na utilização do método “normalvariate” da biblioteca “random” passando um valor fixo de 22% e um desvio padrão de 5%.

Com a probabilidade de cada valor da distribuição gerado, foi feita a criação de um nó para cada sintoma utilizando a classe DiscreteDistribution, no qual cada um tem dois estados T (True) e F (False).

Em seguida, foi possível criar os nós com as probabilidades condicionais com a classe ConditionalProbabilityTable, as probabilidades que foram inseridas são as mesmas obtidas pela técnica noisy-or.

Todos os nós são adicionados no objeto instanciado a partir da classe BayesianNetwork e em seguida o modelo é finalizado com o método bake() que permite obter

o valor de infecção.

A chamada da criação do modelo é executada dentro de um laço “for” e seguida a informação é gravada dentro de um arquivo e um histograma é gerado a partir da biblioteca matplotlib para que possa ser feita as demais validações com os dados.

```
algoritmo "simulacaoEstocastica"
```

```
var probabilidades := [['tosse', 'escarro', 'faltaar','fadiga','febre','prob_infectado']]
```

```
var prob_tosse, prob_escarro, prob_faltaar, prob_fadiga, prob_febre: inteiro  
var probabilidade_infectado = []
```

```
funcao gerarProbabilidade(probabilidade, desvio_padrao)
```

```
inicio
```

```
    retorna random.normalvariete(probabilidade, desvio_padrao)
```

```
fimfuncao
```

```
funcao criaRedeBayes(indice:inteiro)
```

```
inicio
```

```
    prob_tosse := gerarProbabilidade(0.22,0.05)
```

```
    var tosse = DiscreteDistribution({'T': prob_tosse, 'F': 1-prob_tosse})
```

```
    prob_escarro := gerarProbabilidade(0.22,0.05)
```

```
    var faltaar = DiscreteDistribution({'T': prob_tosse, 'F': 1-prob_escarro})
```

```
    prob_faltaar := gerarProbabilidade(0.22,0.05)
```

```
    var fadiga = DiscreteDistribution({'T': prob_tosse, 'F': 1-prob_faltaar})
```

```
    prob_fadiga := gerarProbabilidade(0.22,0.05)
```

```
    var febre = DiscreteDistribution({'T': prob_tosse, 'F': 1-prob_fadiga})
```

```
    prob_febre := gerarProbabilidade(0.22,0.05)
```

```
    var DiscreteDistribution({'T': prob_tosse, 'F': 1-prob_febre})
```

```
    var sintomasRespiratorios = ConditionalProbabilityTable(
```

```
        [['T', 'T', 'T', 'T', 0.86],
```

```
        ['T', 'T', 'F', 'T', 0.78],
```

```
        ['T', 'F', 'T', 'T', 0.81],
```

```
        ['T', 'F', 'F', 'T', 0.72],
```

```

['F', 'T', 'T', 'T', 0.49],
['F', 'T', 'F', 'T', 0.24],
['F', 'F', 'T', 'T', 0.34],
['F', 'F', 'F', 'T', 0.0],

```

```

['T', 'T', 'T', 'F', 0.14],
['T', 'T', 'F', 'F', 0.22],
['T', 'F', 'T', 'F', 0.19],
['T', 'F', 'F', 'F', 0.28],
['F', 'T', 'T', 'F', 0.51],
['F', 'T', 'F', 'F', 0.76],
['F', 'F', 'T', 'F', 0.66],
['F', 'F', 'F', 'F', 1.0],

```

```

], [tosse, faltaar, escarro])

```

```

var outrosSintomas = ConditionalProbabilityTable(

```

```

[['T', 'T', 'T', 0.776],
['T', 'F', 'T', 0.408],
['F', 'T', 'T', 0.622],
['F', 'F', 'T', 0.00],

```

```

['T', 'T', 'F', 0.224],
['T', 'F', 'F', 0.592],
['F', 'T', 'F', 0.378],
['F', 'F', 'F', 1.00],

```

```

], [fadiga, febre])

```

```

var infectado = ConditionalProbabilityTable(

```

```

[['T', 'T', 'T', 0.84],
['T', 'F', 'T', 0.2],
['F', 'T', 'T', 0.8],
['F', 'F', 'T', 0.0],

```

```

['T', 'T', 'F', 0.16],
['T', 'F', 'F', 0.8],

```

```

['F', 'T', 'F', 0.2],
['F', 'F', 'F', 1.0],
], [sintomasRespiratorios, outrosSintomas])

var modelo = BayesianNetwork("COVID19")

modelo.add_states(tosse, escarro, faltaar, fadiga, febre, sintomasRespiratorios,
outrosSintomas, infectado)

modelo.bake()

var valor_infectado = modelo.marginal()[7].parameters[0]['T']

probabilidade_infectado[indice] = valor_infectado;
fimfuncao

para i de 0 ate 12000 faça
    criaRedeBayes(i)
fimpara

histograma(probabilidade_infectado, density=True, bins=5)

```

## 5.7 Análise dos Resultados

A partir de um código escrito em python, foram gerados três histogramas que representam cada um deles uma quantidade de rodadas da simulação estocástica.

Variação da probabilidade de infecção com base na quantidade de casos da distribuição normal das probabilidades a priori

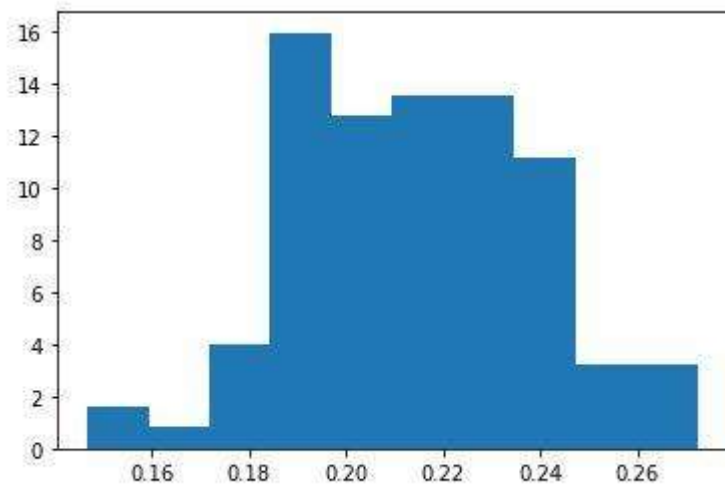


Figura 8 - Histograma com 100 rodadas

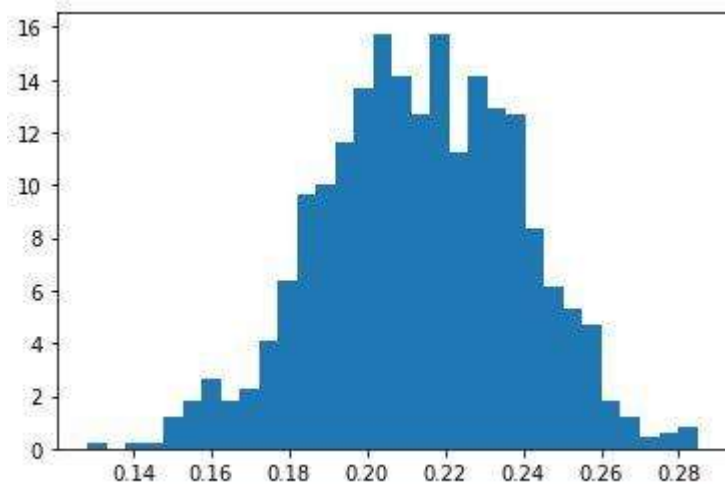


Figura 9 - Histograma com 1.000 rodadas

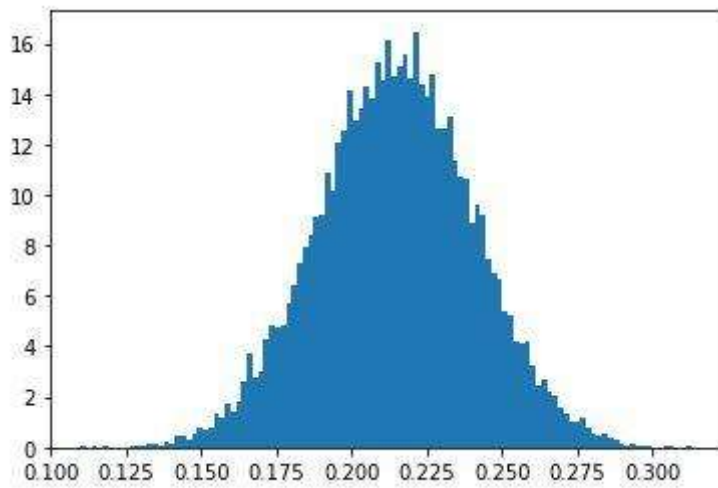


Figura 10 - Histograma com 12.000 rodadas

## **6. Conclusão**

Neste trabalho um modelo de rede Bayesiana e suas técnicas relacionadas são apresentados. O modelo reproduz a dependência entre os fatores bem como seu comportamento sistêmico de maneira satisfatória. Este trabalho pode servir como base para modelos mais complexos e apoiar os médicos no diagnóstico prévio durante o processo de triagem.

## **7. Agradecimentos**

Os autores agradecem ao Profº André Librantz pelas orientações e a Uninove pela oportunidade.

## **8. Referências Bibliográficas**

Coronavírus (COVID-19) – O que você precisa saber. 2020. Disponível em: <https://coronavirus.saude.gov.br/>.

RBMFC - <https://www.rbmfrc.org.br/rbmfc>.

Ministério da Saúde – Sobre a Doença. 2020. <https://coronavirus.saude.gov.br/sobre-a-doenca>.

Definição das Probabilidades Condicionais de Redes Bayesianas Baseadas em Nós Ranqueados. 2016. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/250086451.pdf>.

Redes Bayesianas. Disponível em: <https://andreric.github.io/files/pdfs/bayesianas.pdf>.

Redes Bayesianas: Uma Introdução Aplicada a Credit Scoring. 2010. Disponível em: [http://www.ime.unicamp.br/sinape/sites/default/files/Anderson%20L.%20Souza%20-%20Redes%20Bayesianas-%20vSINAPE%20final\\_0.pdf](http://www.ime.unicamp.br/sinape/sites/default/files/Anderson%20L.%20Souza%20-%20Redes%20Bayesianas-%20vSINAPE%20final_0.pdf).

Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). World Health Organization. 2020. Disponível em: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>>. Acesso em: 10, jul. de 2020.

Guan W, Ni Z, Hu Y. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. The New England Journal of Medicine. 2020. Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2002032>>. Acesso em: 11, jul. de 2020.

Dolce Filho, Rubens Nechar, Rosana C. R. Filho, Ariovaldo. Estudo Preliminar de Sintomas e Medicamentos Prevalentes do "Gênio Epidêmico" da Pandemia de COVID-19 no Brasil. Associação Paulista de Homeopatia. 2020. Disponível em: <https://aph.org.br/estudo-preliminar-de-sintomas-e-medicamentos-prevalentes-do-genio-epidemico-da-pandemia-de-covid-19-no-brasil>>. Acesso em: 15, jul. de 2020.