

REDE BAYESIANA: UM MÉTODO PROBABILÍSTICO PARA ESTUDO DO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE DENGUE, ZIKA E CHIKUNGUNYA

Amanda Dalla'cort Chaves (apresentadora)¹
Danielle Naiyumi Furusho²
Daniela Fernanda Pigozzo³
João Miguel Menezes Dutra⁴
Lucas Gazzani Araújo Silva⁵
Cláudio Felipe Kolling da Rocha⁶

Eixo: Educação e formação em saúde

Resumo: Dengue, Zika e Chikungunya são flavivírus transmitidos pelo mosquito vetor *Aedes aegypti*. Apesar de possuírem a mesma sintomatologia, a intensidade destes varia conforme a doença. Além disso, a confirmação diagnóstica pode ser feita a partir de exames sorológicos ou RT-PCR, que buscam, respectivamente, encontrar anticorpos e RNA viral. A proliferação dessas doenças pelo país trouxe um verdadeiro desafio quanto a métodos de diagnóstico e tratamentos. Além de tudo, as graves complicações da infecção por esses vírus configuram um grave problema de saúde pública. Por isso, há necessidade de repassar o conhecimento sobre o diagnóstico diferencial de Dengue, Zika e Chikungunya para alunos, profissionais da área da saúde e população. Uma forma de formalizar este conhecimento é através da criação de redes bayesianas (RB), as quais podem auxiliar no diagnóstico diferencial de enfermidades. Uma RB é representada por grafos acíclicos que representam em seus nodos as variáveis que compõem os sinais e sintomas, o diagnóstico e a conduta. Cada nodo recebe a

¹ Bacharel em Biomedicina, Universidade Feevale, amandachaves@feevale.br

² Acadêmico de Biomedicina, Universidade Feevale, daniellefurusho@feevale.br

³ Acadêmico de Biomedicina, Universidade Feevale, daniela.p@feevale.br

⁴ Acadêmico de Biomedicina, Universidade Feevale, jmmdutra@hotmail.com

⁵ Acadêmico de Biomedicina, Universidade Feevale, lucas.gazzani@feevale.br

⁶ Doutor em Fisiologia, Professor Universidade Feevale, claudiodarocha@feevale.br

probabilidade da variável ocorrer e a soma das probabilidades conduz ao diagnóstico adequado. Esse tipo de método probabilístico é utilizado quando o conhecimento em questão é incerto, podendo levar a múltiplos desfechos. Este trabalho visa relatar a experiência de desenvolvimento de uma RB para aprendizado de diagnóstico diferencial de Dengue, Zika e Chikungunya, unindo computação e saúde. Para a formação da RB, foi utilizado o software Bayes Editor, no qual foram inseridas as variáveis importantes para o diagnóstico dessas doenças. Os nodos foram divididos entre sinais e sintomas e exames laboratoriais, sendo que, a combinação entre eles gera um valor probabilístico que indica a doença correspondente. As informações presentes na rede foram encontradas nos seguintes documentos do Ministério da Saúde: Dengue: diagnóstico e manejo clínico: adulto e criança (2013), Febre de Chikungunya: manejo clínico (2015), Protocolo de vigilância e resposta à ocorrência de microcefalia e/ou alterações do Sistema Nervoso Central (2016) e Zika: abordagem clínica na atenção básica (2016). Até o presente momento, a constituição organizacional da RB foi completamente desenvolvida e as probabilidades estão em processo de inserção. Durante a realização deste trabalho, verificou-se que as RB podem ser utilizadas como ferramentas de conhecimento, auxiliando estudantes e profissionais da área da saúde a correlacionar variáveis probabilísticas de sintomas e exames necessários e a conduzir casos clínicos complexos, como os que envolvem o diagnóstico diferencial de Dengue, Zika e Chikungunya. Ainda, podem ser utilizadas para alimentar simuladores de casos clínicos que permitem que o aluno vivencie situações práticas sem envolver riscos ao paciente. Este método pode auxiliar no raciocínio crítico e na conduta profissional relacionada a essas doenças, que são graves problemas de saúde pública.

Palavras-chave: Dengue; Zika; Chikungunya; Redes Bayesianas.