# Construção de uma Rede Bayesiana Aplicada ao Diagnóstico de Doenças Cardíacas

André Hideaki Saheki<sup>1</sup>, Rodolfo Sharovsky<sup>2</sup>, Fabio Gagliardi Cozman<sup>1</sup>, Veerle M. H. Coupé

<sup>1</sup>Escola Politécnica - Universidade de São Paulo Av. Prof. Mello Moraes, 2231 - CEP: 05508-900 - São Paulo, SP - Brasil

<sup>2</sup>Hospital Universitário - Universidade de São Paulo Av. Prof. Lineu Prestes, 2565 - CEP: 05508-900 - São Paulo, SP - Brasil

**Abstract.** This paper presents a medical decision support system based on probabilistic methods for the diagnostic of heart diseases and a mathematical model to obtain probabilities. The methods used for the construction of the system are introduced, with emphasis on mechanisms to quantify Bayesian networks.

**Resumo.** Este artigo apresenta um sistema de suporte à tomada de decisão médica baseado em métodos probabilísticos, destinado ao diagnóstico de doenças cardíacas e um modelo matemático para obtenção de probabilidades. São apresentados os métodos utilizados para a construção do sistema, com destaque para mecanismos de quantificação de redes Bayesianas.

## 1. Introdução

A aplicação de técnicas de inteligência artificial no auxílio a problemas médicos foi sempre um grande desafio a especialistas tanto da área de inteligência artificial como para médicos[AIM 2002, Spiegelhater 1987]. Uma das maiores dificuldades encontra-se na apresentação aos médicos dos métodos utilizados de forma que estes possam entender o funcionamento dos sistemas construídos e, por conseguinte, julgar com mais lucidez o nível de confiança atribuído aos sistemas.

Redes Bayesianas[Pearl 1988], aplicadas a problemas médicos, facilitam essa comunicação por apresentarem um modelo gráfico com relações causais que tentam aproximar os mecanismos utilizados naturalmente por médicos em sua prática cotidiana. Por esse motivo, redes Bayesianas estão entre as ferramentas de inteligência artificial que têm tido maior sucesso em aplicações práticas para a medicina[BSCC 1989, DMIZ 1997].

O trabalho aqui descrito originou-se a partir de interações entre a Escola Politécnica da Universidade de São Paulo(USP) e o Hospital Universitário da USP, resultando em um projeto conjunto entre as duas instituições, integrando conhecimentos de inteligência artificial e de medicina. Pretende-se, inicialmente, utilizar o modelo aqui construído com fins didáticos, em especial no ensino de conceitos de raciocínio

probabilístico para médicos. Posteriormente, será feita uma avaliação quanto à aplicabilidade em situações reais.

Este artigo tem dois objetivos: apresentar a rede Bayesiana construída e introduzir uma generalização para o modelo *noisy-or* [Heckerman and Breese 1994].

A rede apresentada refere-se a um problema de diagnóstico de doenças cardíacas onde a principal questão respondida é se o paciente que se apresenta em um posto de saúde público com falta de ar necessita de cuidados mais especializados e deve ser encaminhado para um hospital.

O modelo matemático *noisy-or* é útil durante a quantificação de uma rede, pois, quando não existem informações suficientes para se realizar a quantificação de forma completa, este modelo possibilita uma aproximação adequada. O artigo também propõe uma generalização desse modelo, que foi utilizada na rede construída.

A Seção 2 apresenta a conceituação de redes Bayesianas, seu mecanismo básico de inferência e o modelo *noisy-or*. A Seção 3 descreve a metodologia utilizada na construção da parte qualitativa rede. A Seção 4 explica a quantificação das probabilidades. A Seção 5 generaliza o modelo *noisy-or*. A Seção 6 apresenta as avaliações realizadas e a Seção 7 conclui o artigo.

### 2. Redes Bayesianas e o modelo Noisy-or

Uma rede Bayesiana é um modelo gráfico que tem como estrutura um grafo direcionado acíclico. Os nós e arcos do modelo representam, respectivamente, as variáveis do universo  $U=(A_1, A_2,..., A_n)$  e as dependências entre estas. Na rede construída para o problema médico aqui modelado, a direção dos arcos representa relações de causaconseqüência entre as variáveis. Por exemplo, se houver um arco indo de um nó A para um nó B, assume-se que o nó A representa, semanticamente, uma causa de B e adota-se como nomenclatura que A é um dos pais de B.

Associado ao grafo, existe uma representação de probabilidades. As redes Bayesianas adotam uma representação compacta onde são definidas somente as probabilidades condicionais de cada nó em relação aos seus pais. Para a aplicação das redes Bayesianas é necessário que se obedeça a condição de Markov, de que não existe uma relação de dependência direta entre quaisquer dois nós a não ser que exista um arco entre eles na rede. A distribuição de probabilidade corresponde à rede é calculada a partir destas probabilidades condicionais:

$$P(U) = P(A_1, A_2, ..., A_n) = P(U) = \prod_{i=1}^{n} P(A_i | pa(A_i)),$$

onde P(U) é a probabilidade conjunta para a rede e  $P(A_i|pa(A_i))$  são as probabilidades condicionais de A em relação aos seus pais.

No entanto, em aplicações práticas, os valores da probabilidade conjunta não são muito significativos na análise do problema modelado. De maior interesse são as probabilidades posteriores de cada nó não observado. Utilizando-se a probabilidade conjunta, pode-se obter as probabilidades posteriores somando-se, para cada estado de cada variável, todas as probabilidades em que a variável encontra-se no estado desejado.

Em seguida, normalizam-se as probabilidades obtidas e obtém-se as probabilidades posteriores para cada nó.

Um nó é *observado* quando há conhecimento sobre o estado da variável que representa o nó. Os nós observados têm grande importância no processo de inferência realizado na rede, como será mostrado mais adiante. Segue-se um exemplo simples de uma rede com 3 nós, denominados A, B e C. Conforme indicado na figura abaixo, A é pai de B e C:

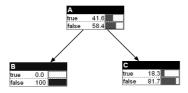


Figura 1: Exemplo

Tabela 1: P(A)

 $P(a_1) = 0.4$   $P(a_2) = 0.6$ 

Tabela	2: P	(B)
--------	------	-----

$P(b_1 a_1) = 0.2$	$P(b_2 a_1) = 0.8$
$P(b_1 a_2) = 0.25$	$P(b_2 a_2) = 0.75$

Tabela 3	: <i>P(C)</i>
----------	---------------

$P(c_1 a_1) = 0.3$	$P(c_2 a_1) = 0.7$
$P(c_1 a_2) = 0.1$	$P(c_2 a_2) = 0.9$

A partir das tabelas acima, obtém-se a tabela conjunta P(A, B, C), contendo 8 valores, dados por P(A, B, C) = P(A) \* P(B|A) \* P(C|A):

Tabela 4: *P(A, B, C)* 

$P(a_1, b_1, c_1) = 0.024$	$P(a_1, b_2, c_1) = 0.096$	$P(a_2,b_1,c_1) = 0.015$	$P(a_2, b_2, c_1) = 0.045$
$P(a_1, b_1, c_2) = 0.056$	$P(a_1, b_2, c_2) = 0.224$	$P(a_2, b_1, c_2) = 0.135$	$P(a_2, b_2, c_2) = 0.405$

Para o caso em que o nó B é observado como B=b2, realiza-se um processo de inferência para os nós A e C. Para  $P(a_1)$ , por exemplo, realiza-se o seguinte cálculo:

$$P(a_1) = (P(a_1,b_2,c_1) + P(a_1,b_2,c_2)) / (P(a_1,b_2,c_1) + P(a_1,b_2,c_2) + P(a_2,b_2,c_1) + P(a_2,b_2,c_2))$$

Como é conhecido que B=b2, todas as probabilidades em P(A, B, C) contendo  $b_1$  não são utilizadas. Realizando-se o processo acima para todos os estados de A e C, obtém-se:

**Tabela 5: Probabilidades Posteriores** 

$P(a_1) = 0.416$	$P,c_1) = 0.183$
$P(a_2) = 0.584$	$P(c_2) = 0.817$

O processo de inferência realizado acima é a base da utilidade das redes Bayesianas . Existem algoritmos mais eficientes em tempo e espaço[Jensen 2001], que não exigem o cálculo de toda a tabela conjunta.

O excessivo número de probabilidades necessárias para a quantificação de uma rede é uma das maiores dificuldades na aplicação prática de redes Bayesianas. Em um nó X com k estados o número de probabilidades a serem especificadas é

No.de elementos da tabela(X) = 
$$k * \prod_{pa(X)} n_{estados pa(X)}$$
.

No entanto, para determinados tipos de nós, estas probabilidades podem ser calculadas a partir de outras em vez de serem especificadas diretamente. O modelo *noisy-or* permite tal cálculo, com a restrição que os pais do nó sejam independentes entre si e, na apresentação fornecida aqui, que o nó em questão seja binário, isto é, possui somente dois estados, um estado representado verdadeiro e outro falso.

Em aplicações médicas, tal representação é adequada quando existe uma doença com diversos fatores de risco ou um sintoma causado por diversas doenças. Mostra-se neste artigo o primeiro caso.

Supondo que exista um nó D com estados d e  $\overline{d}$  representando uma doença, com pais  $R_1$ ,  $R_2$ , ...,  $R_n$  as probabilidades para D correspondem a  $P(D|R_1, R_2, ..., R_n)$ .

O modelo *noisy-or* permite o cálculo da tabela conjunta a partir das probabilidades  $P(D|R_n)$  para cada nó pai  $R_n$ , no caso que seja respeitada a condição de independência posta anteriormente. Em outras palavras, significa que qualquer fator de risco pode provocar o surgimento da doença de forma independente.

No caso de ter-se somente nós binários  $R_x$ , com estados  $r_x$  (verdadeiro) e  $\overline{r_x}$  (falso), estas probabilidades condicionais são conhecidas como sensibilidade  $P(d|r_x)$  e especificidade  $P(d|\overline{r_x})$  que, por muitas vezes, estão disponíveis em estudos populacionais. Já as probabilidades conjuntas  $P(D|R_1,R_2,...,R_n)$  são de mais difícil obtenção a partir de especialistas ou de informações bibliográficas por envolverem um alto número de possibilidades combinadas.

A expressão que representa a probabilidade de cada fator causar a doença independentemente é calculada como

$$p_i = P(d | r_i apenas) = P(d | \overline{r_1}, \overline{r_2}, ..., r_i, ..., \overline{r_n}).$$

As probabilidades  $p_i$  são conhecidas como probabilidades de ligação e cada valor da probabilidade conjunta é calculado como:

$$P(d|\mathbf{H}) = 1 - \left(\prod_{R_i \in \mathbf{H}^+} [1 - p_i]\right),$$

em que H é uma configuração de  $(R_1, R_2, ..., R_n)$  e H<sup>+</sup> é o subconjunto de nós definidos como verdadeiros.

A maneira proposta por [Nikovski 2000] para calcularem-se as probabilidades de ligação parte das sensibilidades e especificidades para cada nó pai. A probabilidade  $p_i$  é estimada considerando-se que D pode ser causada por um fator  $R_x$  ou pela atuação combinada de todos os outros fatores que levam a D, isto é, os outros R. Esta outra causa pode ser chamada de  $R_{tudo}$ , com uma probabilidade de ligação  $p_{tudo}$ . Assim,

$$P(d|r_x) = p_i + p_{tudo} - p_i * p_{tudo}.$$

$$P(d|\overline{r_x}) = p_{tudo}.$$

Simplificando,

$$p_{i} = \frac{P(d|r_{i}) - P(d|\overline{r_{i}})}{1 - P(d|\overline{r_{i}})}.$$

Após calcular todos os p., é possível obter os valores para todas as hipóteses H.

# 3. Construção do modelo

A construção da rede Bayesiana para uso médico foi iniciada com reuniões, aproximadamente, quinzenais para discutirem-se os aspectos relevantes ao problema. As primeiras duas reuniões foram dedicadas para definir o escopo do trabalho, objetivos e apresentação do processo de construção da rede. Durante este período, contou-se com a presença de um grupo de cerca de 15 médicos que sugeriram diversos problemas a serem tratados, tais como diagnóstico de doenças cardíacas, tomada de decisão para pacientes com doenças neurológicas degenerativas e plano de atendimento em pediatrias. Ao final, o problema selecionado foi o de diagnóstico de doenças cardíacas pois, sendo o problema mais bem conhecido entre as propostas apresentadas, haveria mais informações disponíveis capazes de auxiliar a construção da rede.

A rede deve auxiliar no diagnóstico de doenças cardíacas, especificamente em pessoas que se apresentam em postos de saúde com dispnéia – falta de ar. Dessa forma, pode-se realizar a devida seleção entre os pacientes que devem ser encaminhados a hospitais para mais análises e tratamento, e os que podem ser satisfatoriamente tratados nos próprios postos por apresentarem problemas de menor gravidade. A identificação correta, nos postos de saúde, dos pacientes diminui gastos desnecessários com atendimentos em hospitais, melhorando a eficiência do sistema público de saúde, sempre carente de recursos.

As próximas reuniões foram realizadas com a participação do segundo autor deste artigo, que atuou como especialista no domínio escolhido, auxiliando na construção da estrutura da rede e sua posterior quantificação. Foram discutidos aspectos do domínio médico, com o intuito de estabelecer um vocabulário comum entre todos os envolvidos, o que seria útil nas próximas fases. Os assuntos discutidos foram as características da doença, progressão, conseqüências, sintomas, tratamento, incidência e testes de diagnóstico[Remme and Swedberg 2002, TFCHF 2001]. Após três reuniões, iniciou-se o trabalho na parte qualitativa da rede, a partir das informações obtidas durante as reuniões e pesquisa bibliográfica. Desde os primeiros rascunhos da rede até o modelo atual, existiram três modelos intermediários, que foram refinados pelas partes envolvidas.

No modelo atual, os nós da rede podem ser divididos em 3 categorias:

- 1. Causas/fatores de risco Variáveis que ativam os mecanismos fisiológicos, tais como idade e pressão arterial.
- 2. Mecanismos fisiológicos Modelo do funcionamento das doenças cardíacas, tais como Valvopatia e Cardiomiopatia.
- 3. Sintomas/exames Manifestações físicas das doenças e resultados de exames, tais como Raio-X e Hepatomegalia.

Doença\_Chagas HAS Distipdemia Furno DM

Doença\_Arteriosclerótica\_Vascular

Consumo\_Álcool

Artecedente\_Familiar\_ICO

Cardiomiopatia Insuficiência\_Coronária

Valvopatia Insuficiência\_Coronária

Valvopatia Insuficiência\_Coronária

Nivel\_Ativação\_N-H

Febre\_Reumática

Alterações\_ECG

Alterações\_EFF Tosse\_Seca Hepatomegalia

A estrutura da rede é apresentada a seguir:

Figura 2: Rede para diagnóstico de doenças cardíacas

A forma de utilização da rede será a partir da inserção de observações nos nós das categorias 1 e 2, de acordo com a quantidade de informações disponíveis ao médico. Por exemplo, algumas localidades podem estar equipadas com ecocardiogramas enquanto outras não. Após a realização do processo de inferência, o médico obterá a probabilidade posterior dos demais nós da rede. O nó *Cardiomiopatia* é o que o fornecerá o maior auxílio em sua decisão, sendo que os demais nós também podem ser úteis na avaliação do estado do paciente.

# 4. Quantificação da rede

Existem diversos métodos para obterem-se as probabilidades da rede, que pode baseados em técnicas de *aprendizagem*[Heckerman, Geiger and Chickering 1995] ou de *elucidação*[GRWAT 2002]. Para a aprendizagem é necessária uma grande quantidade de dados disponíveis e que correspondam à estrutura da rede. Para a quantificação da rede aqui apresentada, tal base de dados não estava disponível nem poderia ser obtida em tempo e custos razoáveis e, portanto, recorreu-se a técnicas de elucidação de probabilidades a partir de um especialista.

A elucidação de probabilidades pode ser feita de diversas maneiras, sendo algumas das principais descritas a seguir:

#### - Especificação direta de probabilidades

O método mais direto de obterem-se as probabilidades requeridas é especificando-se um valor numérico, entre 0% e 100%, em tabelas. Dessa forma, necessita-se de uma tabela para cada nó, contendo os campos necessários para o preenchimento das probabilidades condicionais.

Este método tem como principal vantagem possibilitar uma rápida obtenção de probabilidades, porém pode causar efeitos adversos como o aparecimento de um número

excessivo de probabilidades múltiplas de 10% (0%, 10%, ..., 90%, 100%) devido à tendência das pessoas de utilizarem números "redondos".

Algumas variações desse método são possíveis, tais como o uso de réguas com marcas para 0%, 25%, 50%, 75% e 100%, aonde o especialista marca uma posição. Essa variação tem como vantagem fornecer um aspecto visual para a especificação das probabilidades.

#### - Loterias

Um processo mais elaborado para a elucidação é a aplicação de métodos indiretos. O uso de loterias é um dos métodos mais comuns para se quantificar valores subjetivos. O funcionamento deste método baseia-se em apresentar ao especialista duas loterias. Em uma das loterias, a probabilidade de ganhar corresponde à probabilidade que se deseja esclarecer. Para a outra loteria, um valor é arbitrariamente definido como a probabilidade de se ganhar. A seguir, o especialista deverá decidir qual destas loterias é a melhor para se fazer uma aposta. Caso o especialista decida que ambas as loterias são igualmente vantajosas, a probabilidade procurada é a mesma da segunda loteria. Caso contrário, esta última terá sua probabilidade modificada até que se chegue a conclusão de loterias igualmente vantajosas.

Apesar deste método normalmente resultar em uma melhor especificação das probabilidades, às vezes pode tornar-se inviável devido ao longo tempo necessário para aplicá-lo a todas as probabilidades de uma rede Bayesiana.

#### - Métodos qualitativos

É possível ainda utilizar-se de um método qualitativo[Renooij 2001], em que em vez de serem especificados valores numéricos, são fornecidas opções qualitativas como "alto", "baixo" e "muito baixo". Cada uma dessas opções será convertida para um valor numérico e, se necessário, as probabilidades serão refinadas usando-se algum outro método. Este método requer um cuidado maior na preparação do processo de elucidação, porém pode apresentar resultados melhores que os demais métodos devido à natureza qualitativa presente, que tende a diminuir a quantidade de erros grosseiros, isto é, valores muito diferentes dos corretos.

Para a quantificação da rede Bayesiana apresentada neste artigo foi utilizada a especificação direta de probabilidades, utilizando tabelas preenchidas pelo médico especialista, a partir de sua experiência profissional e dados bibliográficos. Tal método possibilitou a obtenção das probabilidades de uma forma rápida, seguida de correções nos valores de algumas probabilidades que se mostraram incoerentes para o modelo fisiológico representado.

Com o objetivo de diminuir-se o número de probabilidades necessárias, foi adotada a generalização do *noisy-or* apresentada na próxima seção.

#### 5. Noisy-or generalizado

Neste artigo, propõe-se uma generalização para nós pais que não sejam binários. Esta generalização difere-se de outras já apresentadas[Diéz 1993, Heckerman and Breese 1994] por não requerer a especificação direta das probabilidades de ligação, que serão determinadas a partir de probabilidades condicionais. Esta generalização segue os

conceitos matemáticos utilizados por [Nikovski 2000], apresentados anteriormente, e está sujeita às mesmas restrições de independência.

Um pré-requisito para a aplicação deste método é que haja uma relação de ordenação entre as categorias de cada nó  $r_i$ , isto é, sendo as categorias  $C_1$ ,  $C_2$ , ...,  $C_m$  deve valer a relação  $C_1 \ge C_2 \ge ... \ge C_m$  em que há uma variação gradual entre influência máxima  $C_1$  até influência nula  $C_m$ . Um exemplo seria um nó com as categorias *muito alta*, *alta* e *normal*. Neste nó todos os efeitos causados pela categoria normal também estão presentes na categoria alta, e a categoria muito alta contém os efeitos das duas categorias inferiores.

Assim, muda-se a forma de cálculo da tabela conjunta para:

$$P(d|\mathbf{H}) = 1 - \left( \prod_{\substack{R_i \in \mathbf{H}^+ \\ k \ge i}} \left[ 1 - p_{R_i C_k} \right] \right).$$

Para a configuração H, H<sup>+</sup> é o subconjunto de variáveis cujo valor é diferente de  $C_{\rm m}$ , ou seja, que exercem alguma influência positiva em D. As probabilidades de ligação  $p_{RxCk}$  são as probabilidades para cada estado  $C_k$  de  $R_i$ , sendo  $C_k$  diferente de  $C_m$ . A suposição básica para a fórmula acima é de que qualquer efeito causado por  $C_k$  também é causado por  $C_{k-1}$ .

O cálculo de  $p_{RxCk}$  parte dos valores  $P(D|R_x C_k)$  obtidos de um especialista ou de uma pesquisa bibliográfica. Porém, para nós pais não binários, não bastam somente a especificidade e a sensibilidade. São necessárias as probabilidades condicionais para cada um dos estados  $C_k$  de  $R_x$ . As probabilidades de ligação serão dadas pelas equações abaixo:

$$P(d \mid R_i C_k) = \left(\bigcup_{k \ge i} p_{R_i C_k}\right) \bigcup p_{tudo}, se k \ne m.$$

$$P(d \mid R_i C_m) = p_{tudo}.$$

A aplicação do *noisy-or* como apresentado acima desconsidera fatores não modelados. Em qualquer representação do mundo real, existirão alguns fatores que não foram modelados, para evitar um modelo com uma complexidade demasiadamente grande ou por mero desconhecimento de quais seriam estes fatores. Uma maneira de considerar-se a influência destes fatores é colocando-se um nó de escape como um pai adicional invisível de D, para o qual uma probabilidade de ligação  $p_{\it escape}$  pode ser atribuída pelo especialista ou calculada dentro do modelo *noisy-or* como mais um nó pai. Este modelo é conhecido como *noisy-or* com escape e foi utilizado para a quantificação dos nós Arteriosclerose\_Coronária e Cardiomiopatia.

#### 6. Avaliação da rede

O processo de avaliação da rede foi definido em duas etapas. A primeira etapa, já realizada, consistiu no teste da rede na presença do especialista que participou na construção do modelo. Foram inseridos casos de teste compostos de um conjunto de observações e analisadas as probabilidades posteriores resultantes do processo de

inferência. Após a definição das observações correspondentes a cada caso de teste, o especialista foi questionado quanto à probabilidade esperada para o nó de maior interesse, *Cardiomiopatia*. Os testes foram realizados em duas ocasiões, sendo que na primeira ocasião alguns nós não-binários da rede foram simplificados para tornarem-se binários, o que levou a erros de aproximação em alguns dos casos de teste. Já na segunda ocasião, após utilizar o modelo *noisy-or* generalizado apresentado anteriormente as probabilidades calculadas pela rede foram consideradas como apropriadas pelo especialista. A tabela a seguir contém as probabilidades para os principais casos considerados:

Descrição do caso Probabilidade Descrição do caso Probabilidade Cardiomiopatia Cardiomiopatia Baixo Risco 2.5 % Exames Negativos: ECG, Raio-X, 0.1 % **ECO** Médio Risco 20.0 % Exames Positivos: ECG, Raio-X, 83.2 % **ECO** Apenas Sintomas Alto Risco 94.9 % 16.5 %

Tabela 6: Probabilidades posteriores de Cardiomiopatia

A segunda etapa da avaliação, em andamento, consiste na apresentação da rede a outros médicos especialistas em cardiologia, os quais deverão opinar, principalmente, sobre a estrutura de nós e arcos. As entrevistas com especialistas que não tiveram participação na construção da rede serão úteis para a investigação quanto à necessidade de revisões no modelo, a fim de adequá-lo a uma opinião mais consensual. A conciliação entre todos os participantes deve ser realizada em um painel com a presença dos especialistas envolvidos nas duas etapas de avaliação em que serão decididas quais alterações serão realizadas.

#### 7. Conclusão

Apresentou-se neste artigo o processo adotado na construção de uma rede, cujas fases podem ser adaptadas de forma a atender as necessidades de um específico projeto. A experiência adquirida durante a interação com profissionais da área médica será de grande valia em projetos futuros, visando uma maior integração interdisciplinar.

Foram abordados os aspectos qualitativos e quantitativos presentes na construção da rede, com maior destaque para o lado quantitativo. Os métodos disponíveis e utilizados na elucidação de probabilidades a partir um especialista no domínio foram apresentados, assim como as formas utilizadas para a avaliação da rede.

Também foi apresentado o modelo *noisy-or*, juntamente com uma generalização para nós pais não-binários. A generalização proposta foi aplicada na rede construída e mostrou resultados melhores do que o modelo original, podendo ser aplicada a uma variedade maior de nós, justamente por não haver a restrição de nós pais binários.

#### 8. Referências

[AIM 2002] Editorial, Lessons learnt from bringing knowledge-based decision support into routine use. *Artificial Intelligence in Medicine*, v. 24, p. 195-203, 2002.

- [BSCC 1989] Beinlich, I.A, Suermondt, H.J., Chavez, R.M and Cooper, G.F. The ALARM monitoring system: a case study with two probabilistic inference techniques for belief networks, *Proceedings of the Second Conference on Artificial Intelligence in Medicine*, p. 247-256, 1989.
- [Diéz 1993] Diéz, F.J., Parameter adjustment in BN's. The generalized noisy OR-gate, In *Proceedings of the 9<sup>th</sup> Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence*, p. 99-105, Morgan Kaufmann, 1993.
- [DMIZ 1997] Diéz, F.J., Mira, J., Iturralde, E. and Zubillage, Z., DIAVAL, a Bayesian expert system for echocardiography, *Artificial Intelligence in Medicine*, v.10, p.59–73, 1997.
- [Jensen 2001] Jensen, F.V., Bayesian Networks and Decision Graphs, Springer, 2001.
- [GRWAT 2002] van der Gaag, L.C., Renooij, S., Witteman, C.L.M., Aleman, B.M.P., Taal, B.G., Probabilities for a probabilistic network: a case study in oesophageal cancer, *Artificial Intelligence in Medicine*, v.25, p. 123-148, 2002.
- [Heckerman, Geiger and Chickering 1995] Heckerman, D., Geiger, D., and Chickering, D., Learning Bayesian networks: The combination of knowledge and statistical data, *Machine Learning*, v.20, n.3, p.197-243, 1995.
- [Heckerman and Breese 1994] Heckerman, D. and Breese, J., A new look at causal independence, In *Proceedings of the 10<sup>th</sup> Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence*, p. 286-226, Morgan Kaufmann, 1994.
- [Nikovski 2000] Nikovski, D., Constructing Bayesian networks for medical diagnosis from incomplete and partially correct statistics. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, v.12, n.4, p.509–516, 2000.
- [Pearl 1988] Pearl, J., Probabilistic Reasoning in Intelligent Systems: Networks of Plausible Inference. San Mateo: Morgan Kaufmann, 1988.
- [Remme and Swedberg 2002] Remme, W.J. and Swedberg, K., Comprehensive guidelines for the diagnosis and treatment of chronic heart failure, *European Journal of Heart Failure*, V.4, n.1, p.11-22, 2002.
- [Renooij 2001] Renooij, S., *Qualitative Approaches to Quantifying Probabilistic Networks*, Ph.D. Thesis, Institute for Information and Computing Sciences, Utrecht University, The Netherlands, 2001.
- [Spiegelhater 1987] Spiegelhater, D.J., Probabilistic expert systems in Medicine. *Statistical Science*, v.2, n.1, p.3-44, 1987.
- [Srinivas 1993] Srinivas, S., A generalization of the noisy-OR model, In *Proceedings of the 9<sup>th</sup> Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence*, p. 208-218, Morgan Kaufmann, 1993.
- [TFCHF 2001] Task Force for the Diagnosis and Treatment of Chronic Heart Failure of the European Society of Cardiology, Guidelines for the Diagnosis and Treatment of Chronic Heart Failure. *European Heart Journal*, V.22, p.1527-1560, 2001.