



**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DA PARAÍBA
DIRETORIA DE DESENVOLVIMENTO DE ENSINO
COORDENAÇÃO DO CURSO SUPERIOR DE BACHARELADO EM
ENGENHARIA ELÉTRICA**

TAYANARA PAIVA LAYME BARBOSA

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

**IDENTIFICAÇÃO DE TUMORES CEREBRAIS DOS TIPOS GLIOMA, MENINGIOMA E PITUITÁRIO UTILIZANDO
REDE NEURAL CONVOLUCIONAL: UM ESTUDO DE CASO ESCALÁVEL**

João Pessoa - PB

Agosto de 2025

Tayanara Paiva Layme Barbosa

**IDENTIFICAÇÃO DE TUMORES CEREBRAIS DOS TIPOS GLIOMA, MENINGIOMA E PITUITÁRIO UTILIZANDO
REDE NEURAL CONVOLUCIONAL: UM ESTUDO DE CASO ESCALÁVEL**

*Trabalho de Conclusão de Curso submetido à
Coordenação do Curso Superior de Bacharelado em
Engenharia Elétrica do Instituto Federal da Paraíba
como parte dos requisitos necessários para a obtenção
do grau de Bacharel em Engenharia Elétrica.*

Orientador(a):

Prof. Dr. Carlos Danilo Miranda Regis

João Pessoa - PB

Agosto de 2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação – CIP
Biblioteca Nilo Peçanha – IFPB, *Campus* João Pessoa

B238i	Barbosa, Tayanara Paiva Layme. Identificação de tumores cerebrais dos tipos glioma, meningioma e pituitário utilizando rede neural convolucional : um estudo de caso escalável / Tayanara Paiva Layme Barbosa. – 2025. 53 f. : il. TCC (Curso Superior de Bacharelado em Engenharia Elétrica) – Instituto Federal de Educação da Paraíba / Unidade Acadêmica de Controle e Processos Industriais / Coordenação do Curso Superior de Bacharelado em Engenharia Elétrica, 2025. Orientador: Prof. Dr. Carlos Danilo Miranda Regis. 1. Detecção de tumores cerebrais 2. <i>YOLOv8</i>. 3. Inteligência artificial. 4. Imagens médicas. 5. <i>Deep learning</i>. I. Título. CDU 612.8:004.8 (043)
-------	--



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SECRETARIA DE EDUCAÇÃO PROFISSIONAL E TECNOLÓGICA
INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DA PARAÍBA

FOLHA DE APROVAÇÃO

TAYANARA PAIVA LAYME BARBOSA

20212610039

“IDENTIFICAÇÃO DE TUMORES CEREBRAIS DOS TIPOS GLIOMA, MENINGIOMA E PITUITÁRIO UTILIZANDO REDE NEURAL CONVOLUCIONAL: UM ESTUDO DE CASO ESCALÁVEL”

Trabalho de Conclusão de Curso submetido à Coordenação do Curso Superior de Bacharelado em Engenharia Elétrica do Instituto Federal da Paraíba, como parte dos requisitos para a obtenção do grau de Engenheira Eletricista.

Trabalho aprovado pela banca examinadora em 01 de setembro de 2025.

BANCA EXAMINADORA:

(assinaturas eletrônicas via SUAP)

Dr. CARLOS DANILO MIRANDA REGIS

IFPB (Orientador)

Dr. LINCOLN MACHADO DE ARAUJO

IFPB (Examinador)

Dra. SUZETE ELIDA NOBREGA CORREIA

IFPB (Examinadora)

Documento assinado eletronicamente por:

- **Carlos Danilo Miranda Regis**, PROFESSOR ENS BASICO TECN TECNOLOGICO, em 02/09/2025 15:23:01.
- **Lincoln Machado de Araujo**, PROFESSOR ENS BASICO TECN TECNOLOGICO, em 02/09/2025 20:07:13.
- **Suzete Elida Nobrega Correia**, PROFESSOR ENS BASICO TECN TECNOLOGICO, em 03/09/2025 07:52:40.

Este documento foi emitido pelo SUAP em 02/09/2025. Para comprovar sua autenticidade, faça a leitura do QRCode ao lado ou acesse <https://suap.ifpb.edu.br/autenticar-documento/> e forneça os dados abaixo:

Código 759012

Verificador: da93bcb157

Código de Autenticação:



Av. Primeiro de Maio, 720, Jaguaribe, JOÃO PESSOA / PB, CEP 58015-435

<http://ifpb.edu.br> - (83) 3612-1200

À vovô Caito.

AGRADECIMENTO

Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus por me guiar em todos os momentos dessa jornada, me dando forças nas dificuldades enfrentadas e sabedoria quando mais precisei.

Agradeço também à minha família, especialmente aos meus pais, por todo o apoio incondicional, e à minha tia Meire, que, apesar da distância, se fez presente em minha vida sempre incentivando meus estudos.

Agradeço profundamente à Ana Beatriz e a Daniel, que foram apoio essencial em diversos momentos. Guardo vocês em meu coração.

Por fim, agradeço imensamente ao professor Doutor Carlos Danilo, cuja dedicação e confiança me inspiram a cada dia.

Com isso, encerro meus agradecimentos, com um coração cheio de gratidão a todos que fizeram parte dessa jornada.

"Tente mover o mundo, o primeiro passo será mover a si mesmo"

RESUMO

O diagnóstico precoce de tumores cerebrais é essencial para aumentar as chances de sucesso no tratamento e sobrevida dos pacientes. No entanto, a análise de imagens médicas, como tomografias computadorizadas (TC) e ressonâncias magnéticas (MRI), é um processo demorado porque, apesar das imagens serem disponibilizadas logo após a realização do exame, elas ainda precisam ser encaminhadas para médicos radiologistas, para a interpretação dessas imagens, e esse processo manual, além de aumentar o tempo de resposta, está sujeito a possíveis erros de interpretação. Diante disso, o presente trabalho tem como objetivo o desenvolvimento de uma ferramenta de apoio ao pré-diagnóstico de tumores cerebrais, com foco nos tipos glioma, meningioma e pituitário, utilizando redes neurais convolucionais aplicadas a imagens de ressonância magnética. A proposta se insere em um cenário crítico do Sistema Único de Saúde (SUS), com elevada demanda por exames de imagem e a necessidade de ferramentas tecnológicas que auxiliem o diagnóstico precoce que otimizem o tempo de resposta médica. Partindo de uma base de dados pública, foram aplicadas técnicas de pré-processamento para padronizar e melhorar a qualidade das imagens antes de treinar um modelo da arquitetura YOLOv8. Como resultado, a abordagem demonstrou que o tratamento adequado dos dados foi crucial, elevando o desempenho do modelo para 92,5% de mAP@0.5 e validando a ferramenta como um recurso promissor para oferecer um alerta visual rápido e automatizado ao paciente, otimizando o tempo de resposta e fortalecendo o diagnóstico assistido por inteligência artificial.

Palavras-chave: Detecção de tumores cerebrais, YOLOv8, inteligência artificial, imagens médicas, deep learning, pré-processamento.

ABSTRACT

Early diagnosis of brain tumors is essential to increase the chances of successful treatment and patient survival. However, the analysis of medical images, such as computed tomography (CT) scans and magnetic resonance imaging (MRI), is a time-consuming process because, although the images are made available immediately after the exam, they still need to be sent to radiologists for interpretation. This manual process not only increases response time but is also subject to possible interpretation errors. Therefore, the objective of this study is to develop a tool to support the pre-diagnosis of brain tumors, focusing on glioma, meningioma, and pituitary tumors, using convolutional neural networks applied to magnetic resonance images. The proposal fits within a critical scenario in the Brazilian Unified Health System (SUS), with a high demand for imaging exams and the need for technological tools that assist in early diagnosis to optimize medical response time. Based on a public dataset, preprocessing techniques were applied to standardize and enhance the quality of the images before training a YOLOv8 architecture model. As a result, the approach demonstrated that the proper treatment of data was crucial, boosting the model's performance to 92.5% mAP@0.5 and validating the tool as a promising resource for providing a quick and automated visual alert to the patient, optimizing response time and strengthening AI-assisted diagnosis.

Keywords: Brain tumor detection, YOLOv8, artificial intelligence, medical imaging, deep learning, preprocessing.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Tomografia encefálica com presença de tumor.

Figura 2 – Tipos de tumores com diferentes realces.

Figura 5 – Diagrama de processamento de imagem.

Figura 8 – Fluxograma metodológico das etapas.

Figura 9 – Curva precisão-revocação da base bruta.

Figura 10 – Curva precisão-revocação da base refinada.

Figura 11 – Curva F1-confiança da base bruta.

Figura 12 – Curva F1-confiança da base refinada.

Figura 13 – Matriz confusão da base bruta.

Figura 14 – Matriz confusão da base refinada.

Figura 15 – Detecção por imagem da base bruta.

Figura 16 – Detecção por imagem da base refinada.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AP – Average Precision

CLAHE – Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization

CNN – Convolutional Neural Network (Rede Neural Convolucional)

COCO – Common Objects in Context

CT – Computed Tomography (Tomografia Computadorizada)

F1 – F1-Score (média harmônica entre Precisão e Revocação)

IA – Inteligência Artificial

IFPB – Instituto Federal da Paraíba

INCA – Instituto Nacional de Câncer

IoU – Intersection over Union

mAP – mean Average Precision

MRI – Magnetic Resonance Imaging (Ressonância Magnética)

NMS – Non-Maximum Suppression (Supressão Não Máxima)

OMS – Organização Mundial da Saúde

RM – Ressonância Magnética

RoI – Region of Interest

SSD – Single Shot MultiBox Detector

SUS – Sistema Único de Saúde

TC – Tomografia Computadorizada

YOLO – You Only Look Once

YOLOv8 – You Only Look Once, versão 8

SUMÁRIO

RESUMO.....	6
ABSTRACT.....	7
LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	8
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS.....	9
SUMÁRIO.....	11
1. INTRODUÇÃO.....	12
1.1. DESCRIÇÃO DO PROBLEMA.....	13
1.2. OBJETIVOS.....	14
1.2.1. Objetivo Geral.....	14
1.2.2. Objetivos Específicos.....	14
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	14
2.1. Importância da detecção precoce de doenças neurológicas.....	15
2.2. Inteligência Artificial na Medicina.....	17
2.3. Críticas ao Uso de Sistema de Apoio à Decisão Clínica.....	18
2.5. Modelos de Detecção de Objetos em Imagens Médicas.....	18
3. METODOLOGIA.....	14
3.2.1.1 Redimensionamento com padding (letterbox).....	23
3.2.1.2 Normalização de intensidade.....	23
3.2.1.3. Equalização de histograma adaptativa (CLAHE).....	24
3.4 Arquitetura do modelo e configuração do treinamento.....	24
3.5 Avaliação do modelo e métricas utilizadas.....	26
3.5.1 Precisão (Precision).....	26
3.5.2 Revocação (Recall).....	27
3.5.3 mAP@0,5 (mean Average Precision).....	27
3.5.4 F1 Score.....	28

4. RESULTADOS DO MODELO.....	29
4.1 Comparação curva Precisão- Revocação.....	29
4.2 Comparação curva F1-confiança.....	32
4.3 Comparação da Matriz de Confusão.....	35
4.4 Comparação e Análise Visual das Detecções por Imagem.....	38
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	41
6. REFERÊNCIAS.....	42

1. INTRODUÇÃO

O diagnóstico precoce e preciso de tumores cerebrais é essencial para aumentar as chances de sucesso no tratamento, melhorar a qualidade de vida e elevar significativamente as taxas de sobrevivência dos pacientes. Tumores cerebrais são condições médicas complexas e potencialmente fatais, cuja eficácia terapêutica depende fortemente da rapidez e exatidão com que são identificados e classificados [1]. Entretanto, o processo tradicional de diagnóstico por imagem, como ressonância magnética (MRI) e tomografia computadorizada (CT), frequentemente realizado por radiologistas e especialistas em neurologia, ainda é demorado, trabalhoso e altamente suscetível a variações inter e intra-observadores, acarretando riscos consideráveis de erros humanos e diagnósticos tardios [2].

Adicionalmente, o crescente volume de exames realizados diariamente em hospitais e centros de diagnóstico gera um desafio crescente para os profissionais de saúde, aumentando o risco de fadiga visual e erros diagnósticos decorrentes do grande fluxo de análises a serem feitas em um curto período [3]. Nesse contexto, tecnologias baseadas em inteligência artificial (IA), particularmente aquelas que utilizam abordagens de aprendizado profundo (*deep learning*), vêm emergindo como alternativas promissoras para complementar e aprimorar o diagnóstico tradicional, [4] fornecendo ferramentas que podem automatizar e acelerar o processo diagnóstico sem comprometer a qualidade e a precisão da análise.[5]

Entre as diversas técnicas de aprendizado profundo disponíveis, destacam-se modelos avançados como o YOLO (do inglês, *You Only Look Once*), que já se encontra em sua oitava versão (YOLOv8) [6]. Esse modelo, conhecido por sua capacidade excepcional em detecção de objetos em tempo real, apresenta vantagens importantes como alta precisão, eficiência computacional e robustez na identificação de padrões complexos.[7] A arquitetura YOLOv8 utiliza técnicas sofisticadas, como fusão de características profundas, atenção multiescala e convoluções eficientes, permitindo que o modelo reconheça rapidamente regiões de interesse específicas, como estruturas anatômicas e alterações patológicas, mesmo em imagens médicas com baixa qualidade, ruídos ou baixa definição[5].

Essa capacidade torna o YOLOv8 especialmente atraente para aplicações médicas, já que imagens obtidas por ressonância magnética frequentemente apresentam desafios técnicos específicos, incluindo diferentes configurações dos equipamentos, A necessidade de redimensionamento das imagens para adequação ao treinamento da rede deixa com baixa resolução espacial, contraste limitado

entre tecidos saudáveis e tumorais, e uma ampla variedade de formas e tamanhos de tumores. Essas dificuldades exigem técnicas avançadas de pré-processamento e modelos robustos de inteligência artificial capazes de generalizar adequadamente diante das condições reais de captura das imagens clínicas.

Diante dessa conjuntura, o presente trabalho propõe o desenvolvimento e a validação de um sistema automático de detecção de tumores cerebrais utilizando a arquitetura YOLOv8, com foco específico em imagens de ressonância magnética. O objetivo central deste estudo é criar uma ferramenta robusta, capaz de fornecer resultados ágeis e confiáveis sobre a presença ou ausência de tumores cerebrais. Essa característica permite indicar rapidamente ao paciente se há necessidade de preocupação ou se medidas adicionais devem ser tomadas. Ao aplicar técnicas eficazes de pré-processamento e um modelo de alta precisão, espera-se contribuir de forma prática para diagnósticos mais rápidos, precisos e acessíveis na detecção de tumores cerebrais, fazendo uma diferença crucial no encaminhamento precoce ao tratamento especializado e, consequentemente, aumentando as chances de sucesso terapêutico.

1.1. DESCRIÇÃO DO PROBLEMA

O diagnóstico de tumores cerebrais por meio de imagens médicas é um desafio significativo na prática clínica. A interpretação manual de exames exige um alto grau de especialização e está sujeita a variações entre profissionais. Além disso, a alta demanda por exames de imagem compromete a agilidade e precisão nos laudos médicos [6]. No Brasil, o Instituto Nacional de Câncer (INCA) estima a ocorrência de cerca de 11.100 novos casos anuais de tumores do sistema nervoso central[7]. Em uma perspectiva internacional, os Estados Unidos apresentaram uma taxa de mais de 320 mil novos diagnósticos em 2022 de tumores primários malignos do cérebro e do sistema nervoso central [8].

A aplicação de modelos de aprendizado profundo pode auxiliar na superação dessas limitações. Entretanto, para que tais modelos tenham aplicabilidade clínica, é necessário lidar com desafios como a disponibilidade de bases de dados bem anotadas, o balanceamento entre classes e a robustez frente à variabilidade anatômica dos pacientes[9]. O uso de modelos baseados em YOLO tem crescido especialmente pela sua performance em tempo real, sendo cada vez mais testado em ambientes médicos.[10]

1.2. OBJETIVOS

1.2.1. Objetivo Geral

Desenvolver e avaliar uma ferramenta de apoio ao pré-diagnóstico de tumores cerebrais (glioma, meningioma e pituitário), por meio do refinamento de uma base pública de imagens de ressonância magnética e da aplicação do modelo de detecção YOLOv8. A proposta visa oferecer uma triagem inicial precisa e rápida, permitindo ao paciente identificar com antecedência a necessidade de atenção médica especializada, algo crucial diante da demora ou alto custo de consultas em diversas realidades.

1.2.2. Objetivos Específicos

- Refinar uma base pública de imagens de ressonância magnética cerebral, aplicando técnicas de pré-processamento como normalização de intensidade e equalização de histograma adaptativa (CLAHE), que serão explicados na metodologia e são usados com o intuito de melhorar a qualidade visual e estrutural dos dados utilizados no treinamento da rede.
- Treinar e ajustar um modelo YOLOv8 pré-treinado, utilizando técnicas de ajuste fino (fine-tuning) e ajustes de hiperparâmetros, para detectar automaticamente tumores cerebrais (glioma, meningioma e pituitário) em imagens de ressonância magnética.
- Avaliar a eficácia do modelo treinado, com foco na capacidade de identificar corretamente imagens com e sem tumores, buscando um desempenho confiável que justifique o uso da ferramenta em contextos reais de triagem inicial.
- Investigar a viabilidade prática da ferramenta proposta, e o potencial de auxiliar pacientes e profissionais na triagem inicial, especialmente em contextos de demora ou alto custo de atendimento médico.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

O diagnóstico por imagem desempenha um papel crucial na medicina moderna, sendo essencial para a detecção precoce, diagnóstico e acompanhamento de diversas doenças. A evolução tecnológica tem impulsionado o desenvolvimento de novas modalidades de imagem e aprimorado as existentes, tornando-as mais precisas e acessíveis. A importância da detecção precoce de doenças neurológicas, como os tumores cerebrais, é inegável, pois impacta diretamente as chances de sucesso no tratamento e a sobrevivência dos pacientes. Dados estatísticos da Organização Mundial da Saúde (OMS) e estudos recentes demonstram a crescente incidência de tumores no sistema nervoso central, o que reforça a necessidade de métodos diagnósticos eficientes.

Os principais exames utilizados no diagnóstico por imagem incluem a Tomografia Computadorizada (TC) e a Ressonância Magnética (RM). A TC é amplamente utilizada devido à sua rapidez e capacidade de fornecer imagens detalhadas de estruturas ósseas e tecidos moles. A RM, por sua vez, destaca-se pela alta resolução de contraste em tecidos moles, sendo particularmente útil para a visualização de tumores cerebrais e outras patologias neurológicas. Ambas as modalidades possuem vantagens e limitações, e a escolha do exame mais adequado depende da condição clínica do paciente e do tipo de informação que se busca obter. A literatura científica aborda a eficácia diagnóstica dessas modalidades, ressaltando seu papel fundamental na prática clínica.

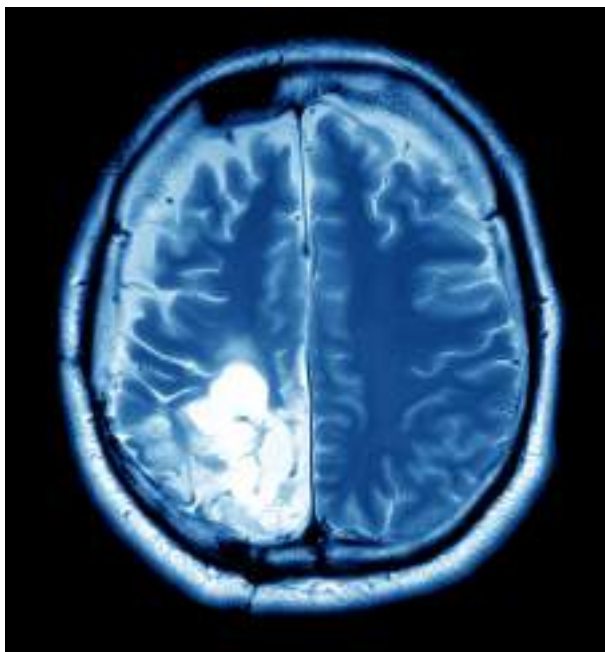
O cenário atual do diagnóstico por imagem é marcado por um aumento significativo no número de procedimentos e, conseqüentemente, nos custos em saúde. Esse crescimento é impulsionado pelo avanço tecnológico, que permite a aquisição de imagens com maior qualidade e a realização de exames mais complexos. A radiologia, em particular, tem se destacado como pioneira em inovação tecnológica e no uso de dados digitais, estando em constante evolução [11]. As tendências futuras apontam para a integração de tecnologias avançadas, como a inteligência artificial, para otimizar o fluxo de trabalho, aprimorar a precisão diagnóstica e reduzir os custos. A medicina diagnóstica, que engloba tanto exames laboratoriais quanto de imagem, é um ramo da medicina que se concentra no diagnóstico de doenças, e sua evolução é fundamental para a saúde pública e a qualidade de vida dos pacientes [12].

2.1. Importância da detecção precoce de doenças neurológicas

Os tumores cerebrais são crescimentos anormais de células que se formam no tecido cerebral, podendo ser benignos (não cancerosos) ou malignos (cancerosos). A classificação dos tumores

cerebrais é complexa e considera fatores como origem celular, grau de malignidade e comportamento biológico. Entre os tipos mais comuns, destacam-se os gliomas, que se originam das células da glia e representam a maioria dos tumores cerebrais malignos, incluindo astrocitomas e glioblastomas [13]. Outros tipos incluem meningiomas (geralmente benignos, originados nas membranas que envolvem o cérebro), schwannomas (afetam os nervos, como o vestibular), meduloblastomas (comuns em crianças, originam-se no cerebelo) e adenomas hipofisários (tumores benignos da hipófise que podem causar problemas hormonais).

Figura 1 — Tomografia encefálica com presença de tumor.



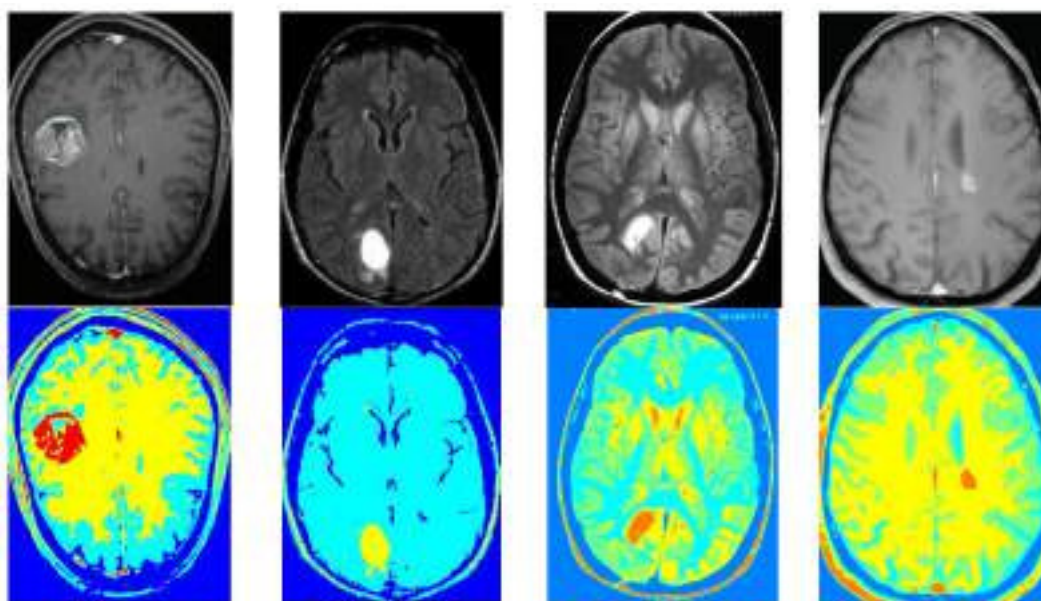
Fonte: Harvard, 2023.

O diagnóstico de tumores cerebrais é um desafio significativo na prática clínica devido à sua complexidade e à variabilidade dos sintomas, que dependem do tamanho, tipo e localização do tumor. Sintomas comuns incluem dores de cabeça intensas, convulsões, problemas de equilíbrio e coordenação, mudanças cognitivas ou de comportamento, e alterações na visão ou audição. A interpretação manual de exames de imagem, como a Ressonância Magnética (RM) e a Tomografia Computadorizada (TC), exige um alto grau de especialização e está sujeita a variações entre profissionais, além de ser um processo demorado. A RM é o exame mais utilizado para detectar tumores cerebrais, fornecendo imagens detalhadas do cérebro, enquanto a TC é útil em situações de emergência [14].

Os desafios no diagnóstico tradicional incluem o tempo de resposta, a dependência de especialistas e o risco de erros e viés humano. Estudos demonstram a variação interobservadora em

laudos médicos, o que ressalta a necessidade de métodos mais objetivos e padronizados [15]. No entanto, para que esses modelos tenham aplicabilidade clínica, é necessário lidar com desafios como a disponibilidade de bases de dados bem anotadas, o balanceamento entre classes e a robustez frente à variabilidade anatômica dos pacientes. Essa diversidade biológica das estruturas fica evidente na Figura 2, onde os tumores podem aparecer de formas bem diferentes nas imagens, às vezes com um “brilho” mais uniforme, outras com uma borda em volta ou com áreas mais claras ao redor, o que ajuda a entender por que é difícil padronizar os laudos e por que os modelos precisam de bases bem anotadas, balanceadas e variadas para funcionar bem na prática.

Figura 2 —Tipos de tumores com diferentes realces.



Fonte: Adham et al, 2023.

2.2. Inteligência Artificial na Medicina

A Inteligência Artificial (IA) tem se mostrado uma ferramenta poderosa na área da saúde, com potencial para revolucionar o diagnóstico, tratamento e gestão de doenças. A IA na medicina envolve o uso de algoritmos e sistemas computacionais para analisar grandes volumes de dados médicos, como imagens, prontuários eletrônicos e resultados de exames, a fim de auxiliar os profissionais de saúde na tomada de decisões clínicas. Um dos principais benefícios da IA é a capacidade de processar e interpretar dados de forma mais rápida e precisa do que os humanos, o que pode levar a diagnósticos mais precoces e tratamentos mais eficazes [16].

O supercomputador IBM Watson, por exemplo, demonstrou a capacidade de assimilar e processar uma vasta quantidade de informações médicas, incluindo livros-texto, artigos científicos e

prontuários de pacientes. Sua aplicação em oncologia tem auxiliado médicos na escolha de tratamentos personalizados, baseados nas características genéticas e moleculares de cada paciente[17]. Outro exemplo é o DeepMind da Google, que tem sido utilizado para analisar imagens médicas e identificar padrões que podem indicar a presença de doenças, como o melanoma. Esses sistemas de IA não substituem o médico, mas atuam como ferramentas de apoio, fornecendo informações e insights que podem otimizar o trabalho dos profissionais de saúde [18].

2.3. Críticas ao Uso de Sistema de Apoio à Decisão Clínica

Apesar dos avanços e do potencial da IA na medicina, existem críticas e desafios a serem considerados. Uma das principais preocupações é a “caixa preta” dos algoritmos de IA, ou seja, a dificuldade em entender como as decisões são tomadas pelos sistemas. Isso gera desconfiança por parte dos profissionais de saúde e dos pacientes, que precisam compreender a lógica por trás das recomendações da IA. Além disso, a qualidade dos dados utilizados para treinar os modelos de IA é crucial. Dados incompletos, imprecisos ou enviesados podem levar a resultados errôneos e, conseqüentemente, a diagnósticos incorretos ou tratamentos inadequados. A privacidade e a segurança dos dados de pacientes também são questões éticas importantes que precisam ser abordadas no desenvolvimento e implementação de sistemas de IA na saúde [19].

Outra crítica reside na possibilidade de a IA desumanizar a medicina, reduzindo a interação médico-paciente e a importância do exame clínico. Embora a IA possa otimizar processos e fornecer informações valiosas, a relação humana e a empatia continuam sendo elementos essenciais na prática médica [20]. É fundamental que a IA seja vista como uma ferramenta complementar, e não como um substituto para o julgamento clínico e a interação humana. A formação médica também precisa se adaptar a essa nova realidade, capacitando os futuros profissionais a utilizar a IA de forma ética e eficaz, sem perder de vista a centralidade do paciente no cuidado em saúde.

2.5. Modelos de Detecção de Objetos em Imagens Médicas

A detecção de objetos é uma tarefa fundamental na visão computacional que envolve a identificação da presença, localização e tipo de um ou mais objetos em uma imagem ou vídeo [21]. Ao contrário da classificação de imagens, que atribui uma única etiqueta a uma imagem inteira, a detecção de objetos delinea com precisão cada instância de objeto utilizando uma caixa delimitadora e atribui-lhe uma etiqueta de classe. Essa capacidade permite que as máquinas compreendam as cenas visuais com maior granularidade, imitando mais de perto a percepção visual humana e permitindo interações mais complexas com o ambiente[22]. É uma tecnologia fundamental subjacente a muitas aplicações modernas de inteligência artificial.

2.5.1. Redes neurais convolucionais (CNNs) na detecção de objetos

A detecção de objetos, um pilar fundamental da visão computacional, engloba a identificação e localização precisa de instâncias de objetos em imagens ou vídeos. Tradicionalmente, essa tarefa combina duas subtarefas cruciais: a classificação de objetos, que determina a categoria ou classe de um objeto presente (o "que" é o objeto), e a localização de objetos, que delimita a posição exata do objeto na imagem, geralmente por meio de coordenadas de caixas delimitadoras (*bounding boxes*) [21].

Os avanços recentes na área de detecção de objetos são amplamente impulsionados pela aprendizagem profunda (*Deep Learning - DL*), com destaque para as Redes Neurais Convolucionais (CNNs). As CNNs são arquiteturas de redes neurais artificiais especialmente projetadas para processar dados com uma topologia de grade, como imagens. Sua estrutura é inspirada na organização do córtex visual de animais, que é capaz de processar informações visuais de forma hierárquica e eficiente [22]. Uma CNN típica é composta por múltiplas camadas que aprendem a extrair características de diferentes níveis de abstração a partir dos dados de entrada. As camadas fundamentais incluem:

- **Camadas Convolucionais:** As camadas convolucionais são o coração das CNNs. Elas aplicam um conjunto de filtros (também conhecidos como *kernels*) sobre a imagem de entrada para detectar padrões locais, como bordas, texturas e formas. Cada filtro desliza (convolui) sobre a imagem, realizando operações de produto escalar entre os valores dos pixels da imagem e os pesos do filtro. O resultado dessa operação é um mapa de características (*feature map*) que destaca a presença desses padrões na imagem. A profundidade do mapa de características é determinada pelo número de filtros aplicados. À medida que a rede se aprofunda, as camadas convolucionais subsequentes aprendem a detectar características mais complexas e abstratas, combinando os padrões detectados pelas camadas anteriores [23].
- **Camadas de Pooling (Subamostragem):** As camadas de pooling, frequentemente inseridas após as camadas convolucionais, têm como principal objetivo reduzir a dimensionalidade espacial dos mapas de características (largura e altura), mantendo as informações mais relevantes. Isso não só diminui a quantidade de parâmetros e a complexidade computacional da rede, mas também ajuda a tornar o modelo mais robusto a pequenas variações na posição dos objetos (invariância à translação). As operações de pooling mais comuns são a *Max Pooling* e *Average Pooling*. A *Max Pooling* seleciona o valor máximo de uma região do mapa de características. É eficaz para capturar as características mais proeminentes. Já a *Average Pooling*, calcula a média dos valores de uma região do mapa de características. Pode ser útil para preservar mais informações de fundo. Ambas as técnicas de pooling contribuem para a compactação das informações relevantes, preparando os dados para as próximas camadas da rede [24].

- **Camada de Region of Interest (RoI) Pooling:** No contexto da detecção de objetos, especialmente em arquiteturas como R-CNN, Fast R-CNN e Faster R-CNN, a camada de RoI Pooling desempenha um papel crucial. Após a extração de características por camadas convolucionais e a proposição de regiões de interesse (ROIs) na imagem, a RoI Pooling padroniza o tamanho dos mapas de características correspondentes a essas ROIs, independentemente de seus tamanhos originais. Isso é essencial porque as camadas totalmente conectadas (*fully connected layers*) subsequentes, que realizam a classificação e a regressão da caixa delimitadora, exigem entradas de tamanho fixo. A RoI Pooling divide cada região de interesse em uma grade de tamanho fixo e aplica uma operação de max pooling em cada célula da grade, resultando em um mapa de características de tamanho uniforme para cada ROI [25].

2.5.1.1 Processamento e Saída do Modelo

Uma vez treinadas em grandes conjuntos de dados anotados, as CNNs são capazes de aprender características visuais e padrões associados a diferentes classes de objetos. O processo de inferência de um modelo treinado envolve a alimentação de uma imagem ou quadro de vídeo de entrada através da rede. O modelo, então, gera uma lista de potenciais detecções de objetos. Cada detecção é composta por:

- **Caixa Delimitadora (Bounding Box):** As coordenadas que definem a localização e o tamanho do objeto na imagem.
- **Etiqueta de Classe Prevista:** A categoria do objeto (por exemplo, "carro", "pessoa", "cão").
- **Pontuação de Confiança:** Um valor que indica a certeza do modelo quanto à presença e classificação correta do objeto dentro da caixa delimitadora. Quanto maior a pontuação, maior a confiança do modelo.

Para refinar os resultados da detecção e evitar múltiplas caixas delimitadoras sobrepostas para o mesmo objeto, a técnica de Supressão Não Máxima (NMS) é frequentemente aplicada. O NMS funciona da seguinte forma: ele seleciona a caixa delimitadora com a maior pontuação de confiança para um determinado objeto e suprime (remove) todas as outras caixas que se sobrepõem significativamente a ela (com base em um limiar de IoU predefinido). Isso garante que cada objeto detectado seja representado por uma única e mais precisa caixa delimitadora [26].

2.5.1.2 Métricas de Avaliação

O desempenho dos modelos de detecção de objetos é rigorosamente avaliado utilizando métricas específicas que quantificam a precisão da localização e da classificação. As mais comuns incluem os tópicos a seguir:

2.5.1.2.1 Intersecção sobre União (IoU - Intersection over Union)

A Intersecção sobre União (IoU) é uma métrica que mede a sobreposição entre a caixa delimitadora prevista pelo modelo e a caixa delimitadora real (*ground truth*) de um objeto. É calculada como a área da intersecção das duas caixas dividida pela área da união das duas caixas. Um valor de IoU mais alto indica uma maior precisão na localização do objeto. Geralmente, um limiar de IoU (por exemplo, 0.5 ou 0.75) é usado para determinar se uma detecção é considerada verdadeira positiva [27].

2.5.1.2.2 Precisão Média (mAP - mean Average Precision)

A Precisão Média (*mAP*) é uma métrica abrangente que avalia o desempenho geral de um modelo de detecção de objetos em todas as classes e em diferentes limiares de confiança. Ela é calculada como a média das Precisões Médias (*AP* - *Average Precision*) para cada classe. A AP, por sua vez, é a área sob a curva de Precisão-Recall. A mAP é amplamente utilizada em benchmarks de detecção de objetos, pois fornece uma avaliação robusta que considera tanto a precisão quanto a completude das detecções.

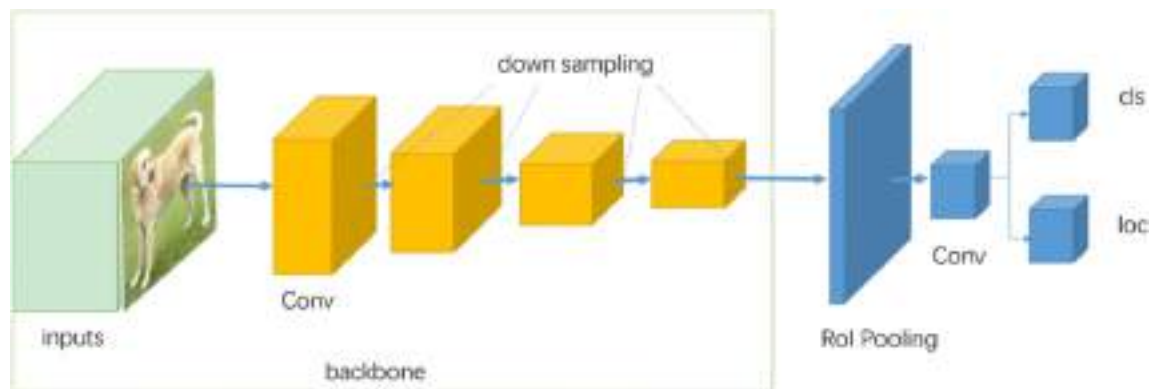
2.5.1.3 Fluxo de Processamento de Imagens em uma CNN (Figura 5)

Conforme ilustrado na Figura 5, o fluxo de processamento de imagens em uma rede neural convolucional (CNN) para detecção de objetos segue uma sequência lógica:

- **Imagem de Entrada:** A imagem original é fornecida à rede.
- **Camadas Convolucionais:** A imagem passa por uma série de camadas convolucionais, que progressivamente extraem características hierárquicas. As primeiras camadas detectam características de baixo nível (bordas, cantos), enquanto as camadas mais profundas aprendem a reconhecer características de alto nível (partes de objetos, objetos completos).
- **Redução de Dimensionalidade (*Downsampling*):** Geralmente realizada por camadas de pooling, essa etapa compacta as informações relevantes, reduzindo o tamanho espacial dos mapas de características e a complexidade computacional.
- **Camada de *Region of Interest (RoI) Pooling*:** Para modelos de detecção baseados em propostas de região, esta camada padroniza os mapas de características das regiões de interesse identificadas, preparando-os para as camadas finais.
- **Camada Convolutiva Final (ou Camadas Totalmente Conectadas):** As características processadas são então alimentadas em camadas finais que geram as saídas de classificação e de localização.

Este processo iterativo e hierárquico permite que as CNNs aprendam representações visuais complexas, tornando-as extremamente eficazes para tarefas de detecção de objetos.

Figura 5 — Diagrama de processamento de imagem



Fonte: Diwan, 2022.

2.5.2. Detecção de Objetos vs. Tarefas Relacionadas

A detecção de objetos é uma tarefa essencial dentro da visão computacional, mas é importante compreender suas diferenças em relação a outras tarefas correlatas. Essas distinções permitem entender melhor como cada técnica é aplicada em cenários práticos e como podem se complementar.

- **Classificação de imagens:** consiste em atribuir uma única etiqueta à imagem como um todo, indicando a presença de determinado objeto ou característica (por exemplo, “esta imagem contém um cão”). Essa técnica, entretanto, não identifica a localização exata do objeto na imagem.
- **Segmentação de imagens:** classificar cada pixel da imagem, gerando um mapa detalhado que define os limites de cada objeto presente. É considerada uma abordagem mais granular do que a detecção de objetos com caixas delimitadoras.
- **Segmentação semântica:** atribui uma etiqueta de classe a cada pixel da imagem (por exemplo, todos os pixels pertencentes a “carros” são rotulados como “carro”), sem distinguir diferentes instâncias do mesmo objeto.
- **Segmentação de instância:** combina detecção e segmentação. Além de classificar cada pixel, diferencia instâncias individuais de uma mesma classe, como dois carros distintos em uma mesma imagem, identificando-os separadamente.
- **Rastreamento de objetos:** baseia-se na detecção de objetos em sequência de quadros de vídeo, atribuindo um identificador único para cada objeto detectado, de modo a acompanhar seu

movimento ao longo do tempo.

2.5.2.1. Tipos de modelos de detecção de objetos

Os modelos de detecção de objetos dividem-se geralmente em duas categorias principais, que diferem principalmente na sua abordagem e nos compromissos de velocidade/precisão [28]:

- Detectores de objetos de duas fases: Esses modelos propõem primeiro regiões de interesse (RoIs) onde os objetos podem estar localizados e depois classificam os objetos dentro dessas regiões. Os exemplos incluem a família R-CNN (Fast R-CNN, Faster R-CNN). Frequentemente atingem uma elevada precisão, mas tendem a ser mais lentos;
- Detectores de objetos de uma fase: Esses modelos preveem diretamente caixas delimitadoras e probabilidades de classe a partir da imagem de entrada em uma única passagem, sem um passo separado de proposta de região. Os exemplos incluem a série Ultralytics YOLO (*You Only Look Once*), SSD (*Single Shot MultiBox Detector*) e RetinaNet. Normalmente, são mais rápidos, o que os torna adequados para a inferência em tempo real, por vezes à custa de uma precisão ligeiramente inferior em comparação com os métodos de duas fases, embora modelos como o YOLOv e YOLO compensem eficazmente essa lacuna. As abordagens mais recentes, como os detectores sem âncoras, simplificam ainda mais o processo de uma fase.

A utilização do YOLOv8 na detecção de tumores cerebrais não apenas aprimora a acurácia e a eficiência do diagnóstico por imagem, mas também oferece um suporte valioso aos profissionais de saúde. Ao automatizar a identificação de tumores, o sistema pode reduzir a carga de trabalho dos radiologistas, minimizar erros humanos e acelerar o processo de diagnóstico, permitindo que os pacientes recebam tratamento mais rapidamente[29]. Isso reforça o potencial do uso de inteligência artificial na área da saúde e abre caminho para futuras aplicações em outras doenças neurológicas, utilizando abordagens semelhantes[30][31][32].

Nessa perspectiva, o trabalho desenvolvido propõe a construção de uma ferramenta utilizando inteligência artificial para o pré-diagnóstico de identificação de tumores cerebrais, de forma a descrever o caminho de sua construção para facilitar aplicações futuras em trabalhos relacionados e reforçar o foco da utilização da IA para o auxílio da medicina.

3. METODOLOGIA

O foco do estudo está na utilização da arquitetura YOLOv8, reconhecida por sua alta eficiência em tarefas de detecção de objetos, como a identificação de regiões tumorais em exames médicos. A aplicação dessa ferramenta tem como objetivo ser um suporte ao diagnóstico precoce de condições neurológicas, potencializando a precisão e rapidez na identificação de anomalias cerebrais. O processo metodológico abrange desde a análise crítica de uma base pública de imagens médicas até a reestruturação dessa base com técnicas de pré-processamento, seguida da aplicação da arquitetura YOLOv8. Essa aplicação envolve tanto o treinamento do modelo de rede neural e o aprimoramento dos dados utilizados, sendo esta última uma etapa decisiva para os resultados obtidos.

3.1 Análise preliminar da base original

A primeira fase deste trabalho consistiu na análise de uma base de dados, obtida a partir do repositório público vinculado ao artigo publicado por Darabi[33], intitulado *Medical Image Dataset – Brain Tumor*. O repositório foi disponibilizado com o objetivo de apoiar pesquisas focadas na detecção de tumores cerebrais por meio de redes neurais convolucionais e modelos de visão computacional. A base é composta por imagens de ressonância magnética (MRI) organizadas em quatro categorias: glioma, meningioma, tumor pituitário e ausência de tumor. Em termos quantitativos, a base contém 6.930 imagens para treinamento, 1.980 imagens para validação e 990 imagens para teste.

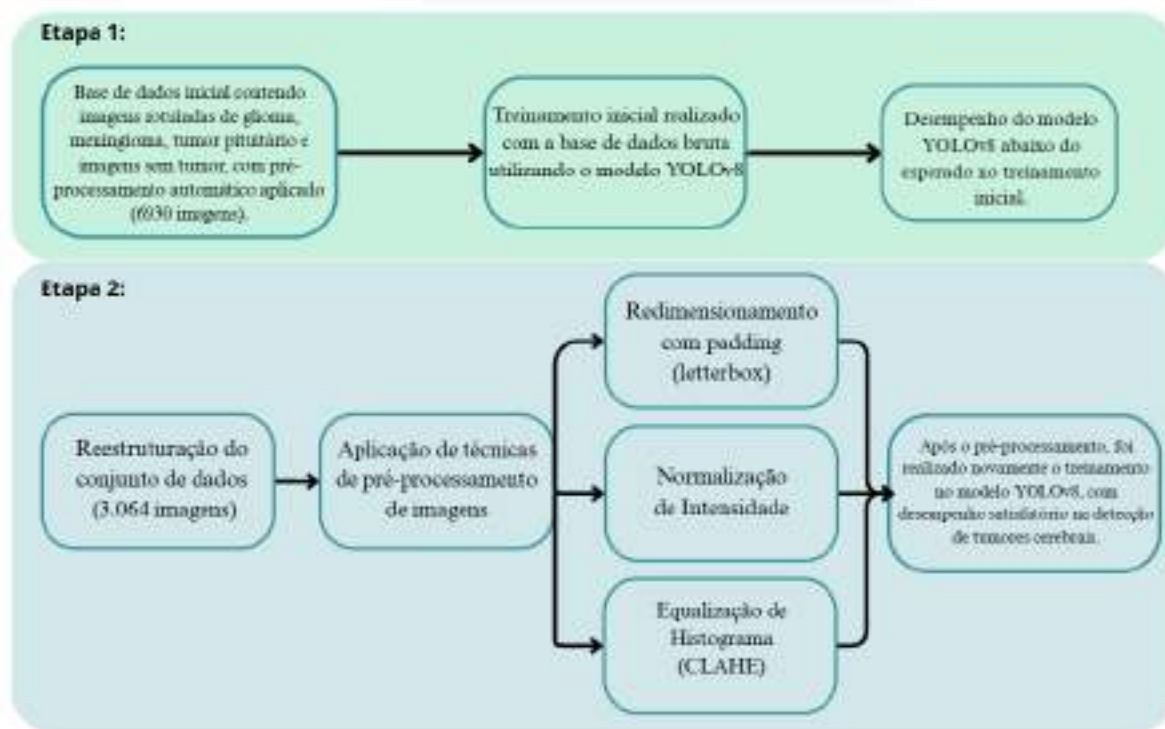
No entanto, durante a inspeção inicial, foram identificadas diversas limitações na qualidade das imagens, as quais comprometem o desempenho de modelos baseados em aprendizado profundo. Entre os problemas encontrados, destacam-se: inconsistências visuais, ruídos de cor, variações acentuadas de resolução e outros elementos que interferem na acurácia do treinamento. Esses fatores poderiam prejudicar a eficácia do modelo, tornando-o menos robusto na tarefa de detecção de tumores[34].

Para avaliar o desempenho do modelo YOLOv8 diante dessa base não tratada, foi realizado um primeiro treinamento utilizando o conjunto de imagens. O objetivo dessa etapa inicial foi simular cenários reais, nos quais profissionais da área de engenharia enfrentam desafios ao trabalhar com dados imperfeitos. Esse treinamento exploratório teve o propósito de compreender os limites do modelo em condições adversas e fornecer uma visão clara sobre os impactos de uma base de dados não otimizada.

Como esperado, as limitações presentes na base de dados bruta resultaram em um desempenho insatisfatório do modelo, principalmente em termos de acurácia. Os resultados iniciais, que serão detalhados na Seção de Resultados (Capítulo 4), evidenciaram a importância de um processo de reestruturação e aprimoramento da base de dados antes da aplicação definitiva da arquitetura YOLOv8. A análise das falhas encontradas nesse treinamento inicial demonstrou que, para alcançar um desempenho satisfatório e obter resultados mais precisos, seria necessário realizar uma curadoria rigorosa e um refinamento da base de dados, ajustando as imagens e corrigindo as inconsistências presentes.

Diante das limitações identificadas na base original e dos resultados insatisfatórios obtidos no treinamento exploratório, tornou-se evidente a necessidade de um processo estruturado e sistemático para reestruturar os dados e otimizar o desempenho do modelo. Para fornecer uma visão geral clara das etapas adotadas ao longo do projeto, é apresentado a seguir um fluxograma que sintetiza todas as etapas realizadas no projeto, desde a análise da base bruta até o início do novo treinamento com dados devidamente refinados e pré-processados.

Figura 8 — Fluxograma metodológico das etapas



Fonte: Autoria própria, 2025.

3.2 Reestruturação do conjunto de dados

Como etapa inicial, foi realizada a reorganização da estrutura de diretórios e das classes da base de dados, com o objetivo de viabilizar a divisão equilibrada dos dados entre os subconjuntos de treino (70%), validação (20%) e teste (10%). Para isso, buscou-se acessar a versão original da base disponibilizada pela autora, sem os filtros e transformações automáticas aplicadas inicialmente. As imagens foram refinadas ao eliminar aquelas que apresentavam ruídos visuais, como desfoques e variações de intensidade inadequadas.

Além disso, foi aplicado um critério de proporção equilibrada para as diferentes classes de tumores (glioma, meningioma, tumor pituitário e ausência de tumor). Isso foi feito por meio de um algoritmo automatizado que garantiu uma distribuição igualitária das imagens entre as classes, de modo a evitar viés no modelo. Esse processo assegurou que a base de dados fosse balanceada, sem que uma classe tivesse um número excessivo de imagens em relação às outras, o que poderia prejudicar o desempenho do modelo.

Essa organização inicial foi essencial para permitir a aplicação subsequente de técnicas de pré-processamento personalizadas, com maior controle sobre a qualidade visual e estrutural da base, proporcionando um treinamento mais eficiente e preciso do modelo.

Como resultado, houve uma redução considerável no volume de imagens em relação à versão bruta da base, após a filtragem, o conjunto final passou a ter 2.144 imagens de treino, 612 de validação e 308 de teste, totalizando 3.064 imagens. Essa redução, embora significativa, refletiu um aprimoramento qualitativo importante, contribuindo para um conjunto de dados mais robusto, coerente e livre de ruídos que pudessem induzir erros durante o treinamento.

3.3 Pré-processamento das imagens

Após a organização das classes e diretórios, deu-se início à etapa de pré-processamento das imagens, a qual foi essencial para o sucesso deste trabalho. O principal objetivo dessa fase foi otimizar a entrada visual fornecida ao modelo YOLOv8, garantindo que os dados estivessem preparados para

fornecer o melhor desempenho possível. A seguir, serão apresentadas as técnicas utilizadas no processo de pré-processamento.

3.3.1 Técnicas aplicadas

3.3.1.1 Redimensionamento com padding (letterbox)

O redimensionamento com *padding*(*letterbox*) é uma técnica de pré-processamento utilizada para padronizar as dimensões das imagens sem comprometer suas proporções originais. Nesse processo, a imagem é primeiramente escalonada de forma proporcional até que um dos lados atinja a dimensão-alvo de 640 pixels que é definido pelo YOLOv8. Em seguida, são adicionadas bordas de preenchimento (*padding*), para completar o formato quadrado exigido pelo modelo. Essa abordagem evita distorções que poderiam comprometer a análise dos contornos tumorais, preservando a integridade estrutural das imagens[35].

3.3.1.2 Normalização de intensidade

A normalização de intensidade tem o objetivo de uniformizar a escala dos valores dos pixels das imagens, garantindo uma faixa padronizada para todo o conjunto utilizado no treinamento. A técnica aplicada foi a normalização por valores mínimos e máximos (Min-Max), ajustando os valores de intensidade das imagens originais para uma faixa comum de 0 a 255. No caso específico das imagens de ressonância magnética (MRI), a normalização é essencial porque os valores de intensidade podem variar significativamente entre exames devido a diferentes condições de captura, parâmetros de equipamentos e até mesmo características individuais dos pacientes. Ao aplicar a normalização, assegura-se que todas as imagens apresentem intensidades dentro de uma faixa uniforme e compreensível para a rede neural. Isso contribui para melhorar a convergência do modelo durante o treinamento, reduz o impacto de variações externas e aumenta a precisão na detecção de tumores. Dessa forma, características relevantes, como os contornos tumorais, tornam-se mais evidentes e podem ser captadas de forma mais eficaz pela rede.

3.3.1.3. Equalização de histograma adaptativa (CLAHE)

A equalização de histograma adaptativa (*CLAHE – Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization*) é uma técnica de processamento de imagens utilizada para melhorar o contraste local de imagens[37]. O funcionamento da CLAHE baseia-se na divisão da imagem em pequenas regiões chamadas blocos (tiles). Em cada bloco, calcula-se o histograma local, que é redistribuído de forma a expandir a faixa dinâmica dos valores de intensidade e, assim, realçar os contrastes. Para evitar que ruídos sejam artificialmente intensificados, aplica-se um limite de contraste (*clip limit*), que restringe a amplificação excessiva. Após a equalização de cada bloco, os resultados são combinados por meio de interpolação, garantindo transições suaves entre as regiões processadas.

No presente trabalho, adotou-se o valor de clip limit igual a 2,0 e o tamanho dos blocos definido como uma matriz de 8×8 pixels. A aplicação da CLAHE permitiu o realce de estruturas tumorais em imagens

de baixo contraste, possibilitando ao YOLOv8 maior sensibilidade na identificação de contornos sutis e, consequentemente, melhorando a precisão na detecção de tumores em diferentes estágios e tamanhos.

3.4 Arquitetura do modelo e configuração do treinamento

Concluído o processo de pré-processamento do conjunto de imagens, deu-se início à configuração do modelo YOLOv8 para a tarefa de detecção de tumores cerebrais. Neste trabalho, foi utilizada a variante YOLOv8n (nano), disponibilizada pela biblioteca Ultralytics, reconhecida por sua leveza computacional e por manter bons índices de desempenho mesmo em cenários com limitações de hardware. Essa versão torna viável a implantação em aplicações futuras de baixo custo, sem comprometer a acurácia da detecção.

A arquitetura do modelo YOLOv8n, utilizado neste trabalho, é composta por três componentes principais: o *backbone*, responsável pela extração inicial das características das imagens por meio de camadas convolucionais profundas e eficientes; o *neck*, baseado na estrutura C2f (*Convolutional 2x Fusion*), que é uma técnica de fusão convolucional, responsável por refinar e combinar características de diferentes resoluções. Isso permite que o modelo detecte tumores de tamanhos variados, melhorando a capacidade do modelo em lidar com objetos de diferentes escalas.; e o *head*, que realiza a predição final das caixas delimitadoras, as pontuações de confiança e as classes correspondentes aos objetos detectados.

Segundo a documentação da Ultralytics[27], o YOLOv8n conta com 225 camadas e cerca de 3,2 milhões de parâmetros treináveis. Essa configuração permite que o modelo opere eficientemente com imagens de entrada redimensionadas para 640×640 pixels, embora o YOLOv8 aplique internamente o redimensionamento com *padding* (*letterbox*), optou-se por realizar essa etapa de forma explícita no pré-processamento, com o objetivo de manter controle total sobre a padronização visual das imagens, especialmente para análise comparativa durante o refinamento da base de dados.

O treinamento do modelo foi realizado com base em parâmetros ajustados para otimizar a adaptação da arquitetura YOLOv8 ao conjunto de imagens médicas. Para acelerar o processo e melhorar a performance inicial, foi utilizada a estratégia de *transfer learning*, empregando pesos pré-treinados na base COCO (*Common Objects in Context*) que é uma base de dados amplamente utilizada para o

treinamento de modelos de detecção de objetos e segmentação de imagens. Ela contém muitas classes de objetos e oferece uma grande quantidade de imagens rotuladas com caixas delimitadoras e segmentações, permitindo que o modelo aprenda a reconhecer padrões visuais complexos.

Embora a base COCO tenha sido originalmente criada para objetos comuns em imagens cotidianas, como pessoas, carros, animais, entre outros, ela oferece um conhecimento robusto sobre características visuais que podem ser transferidos para outras tarefas, como a detecção de tumores. O uso dos pesos pré-treinados na base COCO ajudou a acelerar a convergência do modelo, aproveitando o conhecimento já adquirido pela rede sobre padrões visuais, como texturas, formas e bordas, que são também relevantes em imagens de ressonância magnética.

Durante o treinamento, o modelo foi alimentado com as imagens do subconjunto de treinamento (70% da base) e validado continuamente com o subconjunto de validação (20%). O processo contemplou 50 épocas, com o tamanho de lote (*batch size*) atribuído automaticamente pelo sistema (*batch* = -1), e o otimizador também configurado de forma automática (*optimizer* = 'auto'), a fim de balancear desempenho e estabilidade no ajuste dos pesos. Além disso, foi aplicado um critério de *early stopping* com paciência de 20 épocas, interrompendo o treinamento caso não houvesse melhora contínua no desempenho, prevenindo assim o sobreajuste (*overfitting*).

O modelo foi vinculado à base de dados por meio de um arquivo .yaml, contendo as referências para os diretórios de imagens, anotações (rótulos) e nomes das quatro classes: glioma, meningioma, pituitário e sem tumor. Essa configuração garantiu a correta associação entre os dados de entrada e suas respectivas categorias durante o processo de aprendizagem.

Ao fim do treinamento, o modelo final foi salvo e posteriormente avaliado com o subconjunto de teste (10%), essa avaliação buscou verificar o grau de generalização do modelo em dados nunca vistos anteriormente, estabelecendo sua efetividade prática. Na próxima seção (3.5), serão apresentados os critérios de avaliação adotados para mensurar o desempenho do modelo treinado e justificar a eficácia das estratégias utilizadas ao longo do processo.

3.5 Avaliação do modelo e métricas utilizadas

A avaliação de modelos de detecção baseados em redes neurais, como o YOLOv8, requer métricas específicas capazes de quantificar tanto a capacidade de localizar objetos corretamente quanto a precisão na classificação das regiões detectadas.

Essas métricas foram obtidas automaticamente ao término do processo de treinamento por meio do módulo de avaliação nativo da biblioteca Ultralytics YOLO, e permitiram comparar o desempenho entre a base original e a base refinada, destacando os impactos positivos do pré-processamento aplicado neste trabalho.

3.5.1 Precisão (Precision)

A precisão foi utilizada como uma das principais métricas de avaliação por refletir a proporção de detecções corretas entre todas as regiões que o modelo sinalizou como tumores. Essa medida é especialmente relevante em contextos clínicos, pois uma alta precisão indica que o modelo raramente sinaliza regiões equivocadas como tumor, o que reduz a ocorrência de falsos positivos e evita alarmes desnecessários. No caso deste estudo, a precisão permitiu quantificar o grau de confiabilidade das detecções realizadas a partir da base de dados refinada, comparando-se com os resultados obtidos a partir da base bruta. De forma geral, a precisão pode ser expressa matematicamente pela seguinte equação:

$$Precisão = \frac{Verdadeiros\ Positivos\ (VP)}{Verdadeiros\ Positivos\ (VP) + Falsos\ Positivos\ (FP)} \quad (\text{Equação 1})$$

Essa fórmula indica que a precisão é obtida pela divisão entre o número de verdadeiros positivos (casos em que o modelo identificou corretamente a presença de tumor) e a soma dos verdadeiros positivos com os falsos positivos (casos em que o modelo indicou tumor onde não havia). Quanto maior for esse valor, mais confiável é o modelo ao sinalizar a presença de um tumor.

No contexto desta pesquisa, a comparação entre os resultados da base bruta e da base refinada demonstrou que o processo de refinamento dos dados contribuiu para aumentar a precisão do modelo, tornando suas previsões mais confiáveis e reduzindo erros de classificação. Esse comportamento é esperado, já que a base refinada oferece imagens com maior qualidade e organização, favorecendo o aprendizado da rede convolucional e permitindo que ela diferencie com mais clareza as regiões tumorais das regiões normais.

3.5.2 Revocação (Recall)

Complementar à precisão, a revocação (ou sensibilidade) é uma métrica que mede a capacidade do modelo em identificar corretamente todos os casos positivos presentes no conjunto de dados. Em

termos práticos, corresponde à proporção de tumores que foram realmente detectados pelo modelo em relação ao total de tumores existentes. Essa métrica é especialmente importante em contextos clínicos, pois valores baixos de revocação indicam que o modelo deixou de identificar casos positivos (falsos negativos), o que pode resultar em diagnósticos perdidos.

Matematicamente, a revocação pode ser expressa da seguinte forma:

$$Revocação = \frac{Verdadeiros\ Positivos\ (VP)}{Verdadeiros\ Positivos(VP) + Falsos\ Negativos(FN)} \quad (\text{Equação 2})$$

Ou seja, a revocação é calculada dividindo-se o número de verdadeiros positivos (casos em que o modelo identificou corretamente a presença de tumor) pelo total de verdadeiros positivos mais os falsos negativos (casos em que o modelo não conseguiu identificar a presença de tumor). Quanto maior for a revocação, maior é a capacidade do modelo de detectar tumores existentes, ainda que isso possa aumentar a quantidade de falsos positivos em alguns cenários.

3.5.3 mAP@0,5 (*mean Average Precision*)

O mAP@0.5 é uma das métricas mais utilizadas para avaliar modelos de detecção de objeto e foi adotado como a métrica global de desempenho do modelo. Ele representa a média das precisões obtidas para todas as classes (glioma, meningioma, pituitário e ausência de tumor), considerando como correto um acerto de localização sempre que a sobreposição entre a região prevista e a região real atinge ao menos 50% de interseção, medida conhecida como IoU (*Intersection over Union*).

Dessa forma, o cálculo do mAP é feito a partir da área sob a curva de Precisão-Revocação (AP) de cada classe, seguido pela média desses valores para todas as classes:

$$mAP = \frac{\sum_{i=1}^n AP_i}{n} \quad (\text{Equação 3})$$

em que:

- AP_i corresponde à área sob a curva de Precisão-Revocação da classe i ;
- n é o número total de classes.

No caso do mAP@0.5, o limiar de IoU = 0,5 significa que, se pelo menos 50% da região prevista coincidir com a região real, a detecção é considerada correta. Essa métrica é amplamente empregada

porque oferece uma avaliação equilibrada da capacidade do modelo em detectar corretamente os objetos e posicionar as caixas delimitadoras com precisão mínima aceitável.

3.5.4 F1 Score

O F1-score é uma métrica de avaliação que combina a precisão e a revocação em um único valor, funcionando como a média harmônica entre ambas. Sua utilização é especialmente indicada em cenários de classificação nos quais existe a necessidade de equilibrar os erros de falsos positivos e falsos negativos. Diferentemente da acurácia, que pode ser influenciada pelo desbalanceamento entre classes, o F1-score oferece uma medida mais robusta da qualidade do modelo em situações em que a distribuição dos dados não é uniforme.

O F1-score é definido pela seguinte equação:

$$F1 = \frac{2 \times \text{Precisão} \times \text{Revocação}}{\text{Precisão} + \text{Revocação}} \quad (\text{Equação 4})$$

Em termos práticos, essa fórmula significa que o F1-score só assume valores elevados quando tanto a precisão (proporção de previsões positivas corretas em relação a todas as previsões positivas feitas) quanto a revocação (proporção de casos positivos corretamente identificados em relação ao total de casos positivos existentes) apresentam desempenho satisfatório. Caso uma das duas métricas seja baixa, o F1-score também será reduzido, mesmo que a outra seja alta.

Dessa forma, o F1-score é considerado uma métrica rigorosa, pois não privilegia apenas a confiabilidade das previsões positivas, nem apenas a capacidade de identificar todos os casos positivos. Ele busca avaliar o equilíbrio entre esses dois aspectos, sendo, portanto, uma métrica amplamente adotada na avaliação de modelos de aprendizado de máquina aplicados à detecção de padrões complexos, como no caso da identificação de tumores em imagens médicas.

Além das métricas quantitativas, este trabalho também considerou a avaliação qualitativa das detecções, observando-se a clareza visual dos contornos delimitados pelo modelo, a capacidade de generalização para diferentes subtipos de tumor e a consistência das predições mesmo em imagens com baixa qualidade. Essas métricas serão exploradas nas seções seguintes para comparar o desempenho do modelo treinado com a base original e com a base refinada.

4. RESULTADOS DO MODELO

Este capítulo apresenta os resultados obtidos nos experimentos realizados com o modelo YOLOv8, comparando o desempenho do treinamento com a base bruta e com a base refinada. O objetivo é demonstrar de forma clara o impacto das etapas de pré-processamento do desempenho do modelo e evidenciar os ganhos obtidos com a curadoria das imagens. A implementação foi realizada utilizando

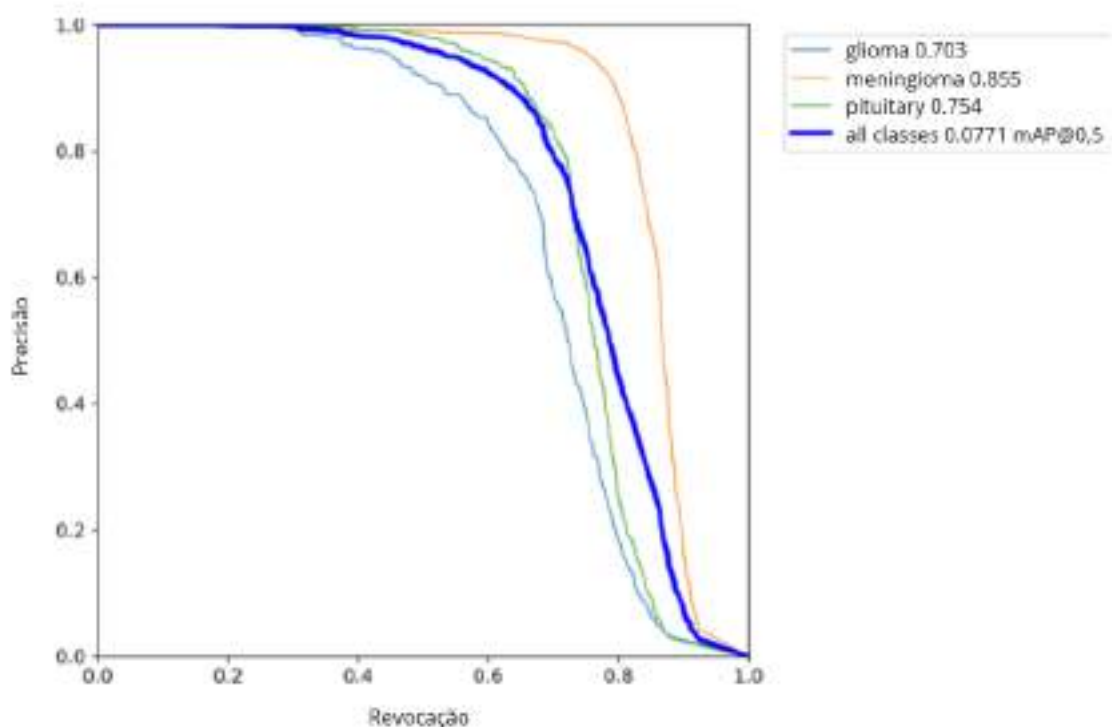
Python, com as bibliotecas *YOLO*, *TensorFlow*, *Keras*, *OpenCV*, *NumPy* e *matplotlib*. O treinamento foi feito em uma workstation *Dell Precision 5860*.

4.1 Comparação curva Precisão- Revocação

A curva Precisão-Revocação é uma ferramenta essencial para avaliar o desempenho de modelos de detecção, especialmente em contextos médicos onde o equilíbrio entre precisão e sensibilidade é crucial. A Figura 9, mostra a curva precisão-revocação gerada com a base bruta. A curva é uma ferramenta utilizada para avaliar o desempenho do modelo de detecção de tumores em termos de precisão e revocação, variando o limiar de confiança. Na Figura 9, são apresentadas as curvas para as três classes de tumores: glioma (azul), meningioma (laranja) e tumor pituitário (verde). Além disso, a curva azul representa a média de todas as classes, com um $mAP@0,5$ de 0,0771. Esse valor de $mAP@0,5$ indica o desempenho geral do modelo, considerando a detecção de tumores em diferentes limiares de confiança.

A análise da curva mostra que a precisão é alta nas primeiras taxas de revocação para todas as classes, mas o modelo apresenta uma queda de precisão à medida que o limiar de confiança diminui. Esse comportamento é esperado, pois à medida que o modelo se torna mais permissivo para detectar tumores (reduzindo o limiar de confiança), aumenta a chance de falsos positivos. Essa figura ilustra como o modelo, ao ser alimentado com a base de dados original e sem refinamentos, apresenta um desempenho com baixa precisão e revocação para todas as classes, evidenciado pelo baixo valor de $mAP@0,5$. A curva indica que o modelo tem dificuldades para detectar corretamente tumores, especialmente em casos de meningioma e glioma, como visto pela aproximação das curvas para essas classes.

Figura 9 — Curva precisão-revocação da base bruta



Fonte: Autoria própria, 2025.

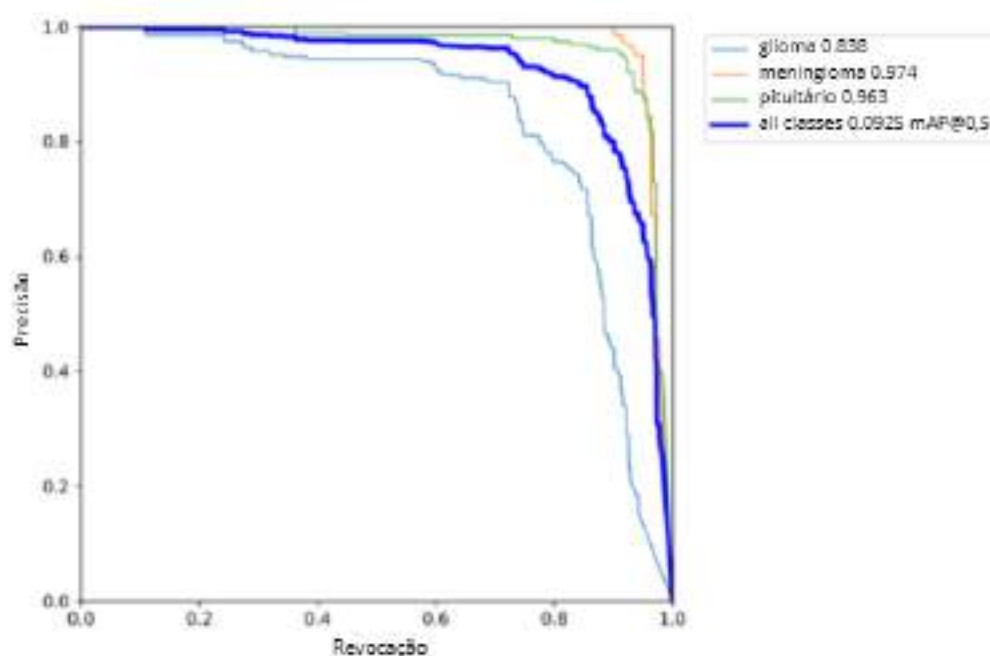
A Figura 10 apresenta a curva precisão-revocação gerada com a base refinada de imagens, após a aplicação das técnicas de pré-processamento e ajustes na base de dados. como dito anteriormente, essa curva compara o desempenho do modelo de detecção de tumores para cada uma das classes de tumores (glioma, meningioma, tumor pituitário) e para o conjunto de todas as classes. A precisão, representada no eixo vertical, indica a proporção de detecções corretas feitas pelo modelo em relação ao total de detecções realizadas, enquanto a revocação, mostrada no eixo horizontal, representa a proporção de tumores corretamente identificados em relação ao total de tumores presentes nas imagens.

A curva de glioma, representada pela linha azul clara, apresenta um desempenho com precisão mais alta no início e uma queda gradual à medida que o limiar de confiança é diminuído, indicando que o modelo possui uma boa sensibilidade para identificar essa classe, embora o número de falsos positivos aumente com a redução do limiar. A curva de meningioma, em laranja, apresenta o melhor desempenho entre as três classes, com alta precisão e revocação, refletindo que o modelo identificou com maior precisão os tumores dessa classe, com menor taxa de falsos positivos e falsos negativos. Já a curva de tumor pituitário, em verde, também apresenta um desempenho satisfatório, mas com precisão levemente inferior

à do meningioma. O modelo foi eficiente ao identificar os tumores dessa classe, embora com uma leve queda na precisão em comparação com o meningioma.

Por fim, a curva representando todas as classes, em azul escuro, demonstra que o modelo obteve um desempenho geral de 0.925 no $\text{mAP}@0.5$, indicando que ele conseguiu identificar corretamente tumores de diferentes tipos, com uma boa sensibilidade e precisão. A comparação entre a Figura 10 e a Figura 9, que mostra a curva de precisão-revocação da base bruta, evidencia a melhora significativa do desempenho do modelo após o refinamento da base de dados. o pré- processamento das imagens e a organização equilibrada dos dados resultaram em um modelo mais preciso e eficiente, capaz de identificar com maior confiabilidade os tumores nas imagens de ressonância magnética.

Figura 10 — Curva precisão-revocação da base refinada



Fonte: Autoria própria, 2025.

Além do aumento do valor agregado da curva, nota-se que as curvas individuais das classes (glioma, meningioma e pituitário) tornaram-se mais coesas e bem distribuídas na versão refinada. Isso indica que o modelo, ao receber imagens de melhor qualidade e mais representativas, passou a identificar os padrões de forma mais consistente, com maior confiança e menor taxa de falsos positivos/negativos.

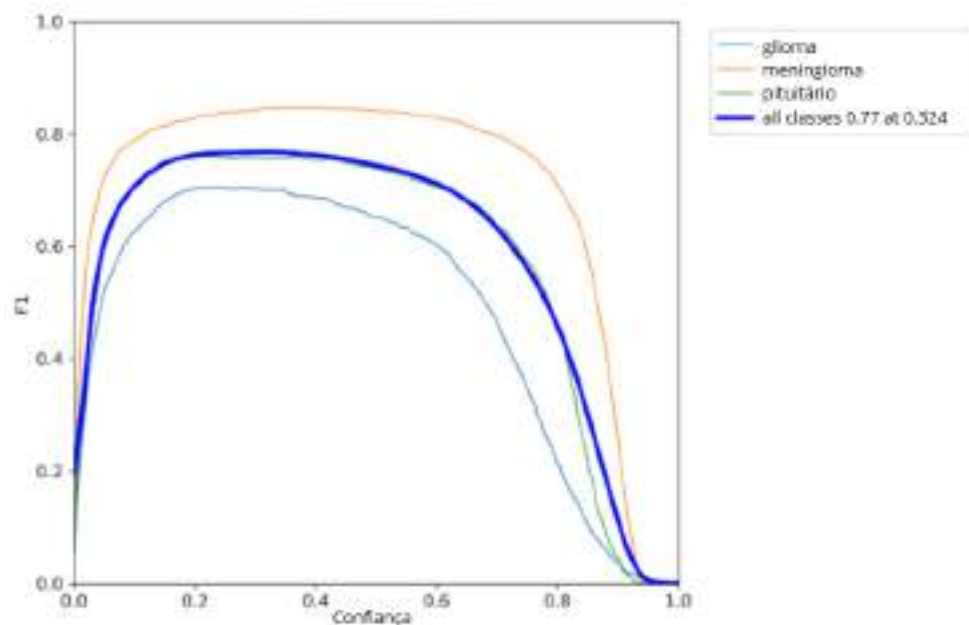
4.2 Comparação curva F1-confiança

A Curva F1-Confiança é uma métrica fundamental para análise de desempenho de modelos de detecção, pois avalia o equilíbrio entre precisão e revocação (recall) ao longo de diferentes níveis de confiança, oferecendo uma avaliação equilibrada do desempenho do modelo, especialmente em cenários onde é crucial tanto a exatidão das previsões quanto a capacidade de identificar todas as instâncias positivas. Os gráficos exibidos a seguir, mostram a linha azul, que representa o comportamento do F1-score para o conjunto de todas as classes (glioma, meningioma e pituitário), enquanto as outras linhas indicam as curvas para cada classe individualmente. O eixo horizontal reflete os diferentes valores de confiança do modelo, que variam de 0 a 1, e o eixo vertical apresenta o F1-score correspondente a cada valor de confiança.

Na Figura 11, mostra o gráfico da Curva F1-Confidence gerada com a base bruta do modelo e mostra uma performance inicial inferior com um limiar de confiança de 0,324, onde o modelo obteve um F1-score de 0,77 para a combinação de todas as classes. Como o modelo foi treinado com essas imagens menos estruturadas, o limiar de confiança de 0,324 pode ser considerado baixo, indicando que o modelo não está totalmente otimizado para distinguir os tumores com precisão. O baixo valor de confiança significa que o modelo, ao ser mais flexível, acaba classificando mais imagens como positivas, o que aumenta a revocação, mas também gera falsos positivos, comprometendo a precisão.

Esse desempenho inferior é esperado em modelos treinados com uma base de dados bruta, pois a falta de filtragem e pré-processamento adequado das imagens leva a identificações imprecisas e distorções no treinamento.

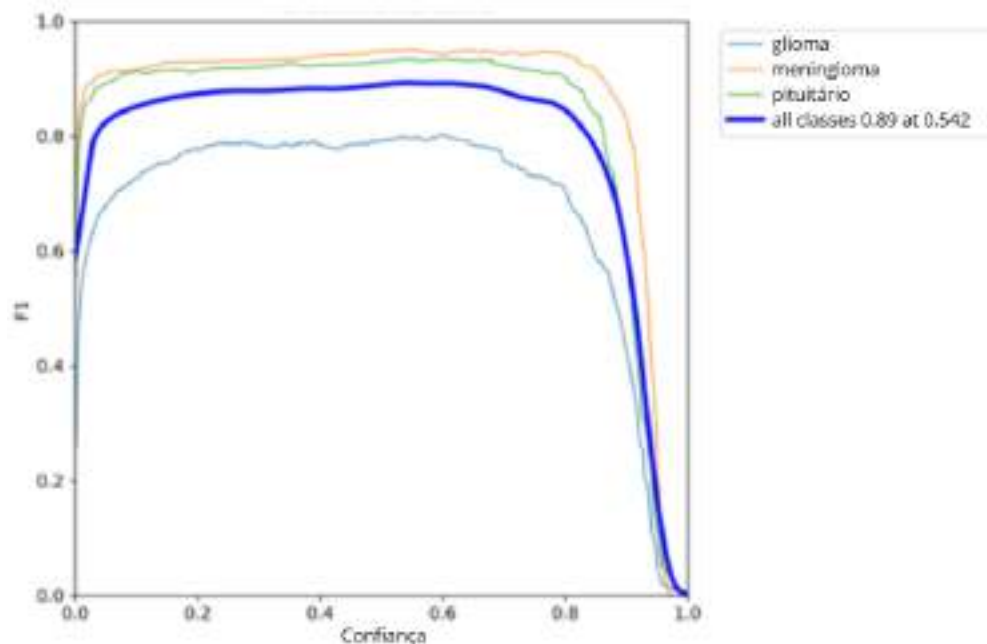
Figura 11 — Curva F1-confiança da base bruta



Fonte: Autoria própria, 2025.

Já na figura 12, o gráfico mostra o valor de 0,542 corresponde ao limiar de confiança em que o modelo alcançou o F1-score máximo de 0,89 para todas as classes, ou seja, quando o modelo possuía 54,2% de certeza em suas previsões, o equilíbrio entre precisão e revocação foi otimizado. Esse valor de confiança é o ponto de máximo desempenho do modelo, indicando que o modelo foi capaz de balancear adequadamente a precisão de suas previsões com a capacidade de identificar todas as instâncias relevantes.

Figura 12 — Curva F1-confiança da base refinada



Fonte: Autoria própria, 2025.

4.3 Comparação da Matriz de Confusão

A matriz de confusão é uma das ferramentas mais utilizadas para avaliação de desempenho em classificadores de múltiplas classes, pois permite visualizar de forma intuitiva como cada categoria foi classificada, identificando os acertos e os principais erros cometidos pelo modelo. Neste trabalho, foram geradas as matrizes normalizadas para as versões treinadas com a base bruta e com a base refinada, de modo a comparar o impacto do pré-processamento sobre a capacidade do modelo YOLOv8 em distinguir entre os três tipos de tumores cerebrais, como mostrados a seguir na Figura 13 e Figura 14.

A Figura 13 apresenta a matriz de confusão gerada durante o treinamento do modelo, que permite avaliar de forma detalhada o desempenho do modelo para cada classe. A matriz de confusão é uma ferramenta importante para verificar a quantidade de acertos e erros nas classificações realizadas pelo

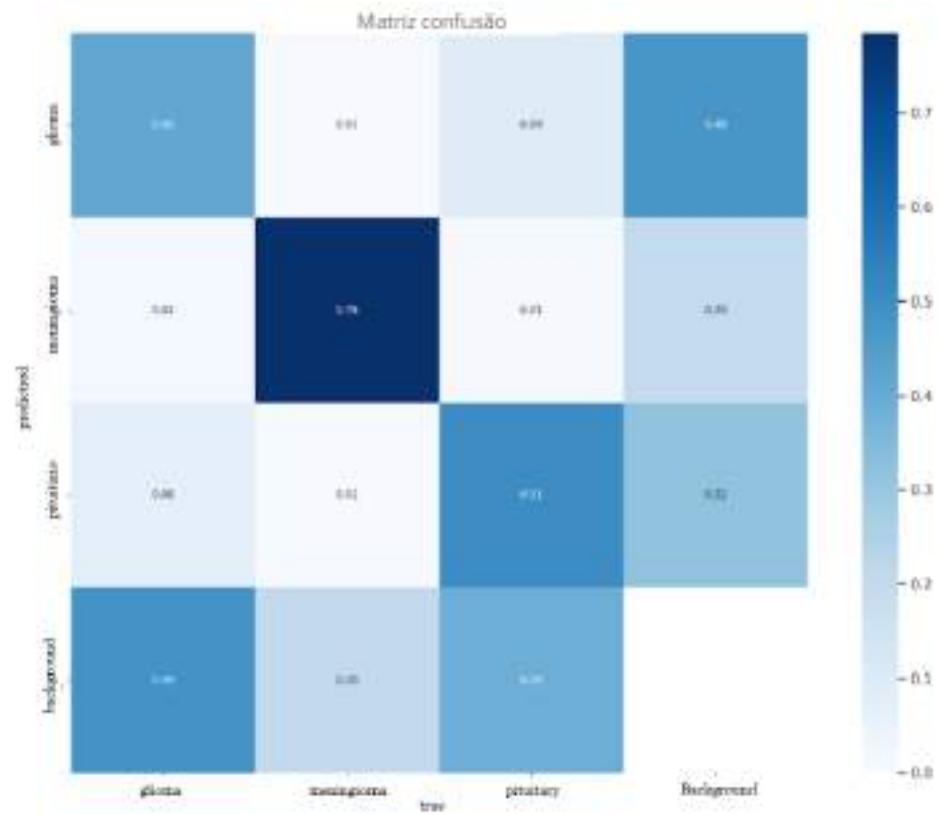
modelo. Ela é composta por uma tabela de contagem, onde cada célula representa a quantidade de previsões feitas pelo modelo em comparação com as verdadeiras classes.

Na matriz de confusão apresentada, as linhas representam as classes reais (o que está presente na imagem), enquanto as colunas representam as classes previstas pelo modelo. Os valores das diagonais principais (da esquerda para a direita) indicam os acertos do modelo, ou seja, o número de vezes que a classe prevista corresponde à classe real. As células fora da diagonal principal indicam os erros de classificação, ou seja, quando o modelo confunde uma classe com outra.

Os valores apresentados na matriz estão em percentual, o que significa que cada número representa a proporção de predições feitas para cada classe. Contudo, é importante observar que, na normalização da matriz de confusão, somente as colunas somam 1, e não as linhas. Isso ocorre porque os valores foram normalizados com base na soma das predições feitas para cada classe prevista. Assim, a soma das colunas é igual a 1, refletindo a proporção de acertos e erros dentro de cada classe prevista.

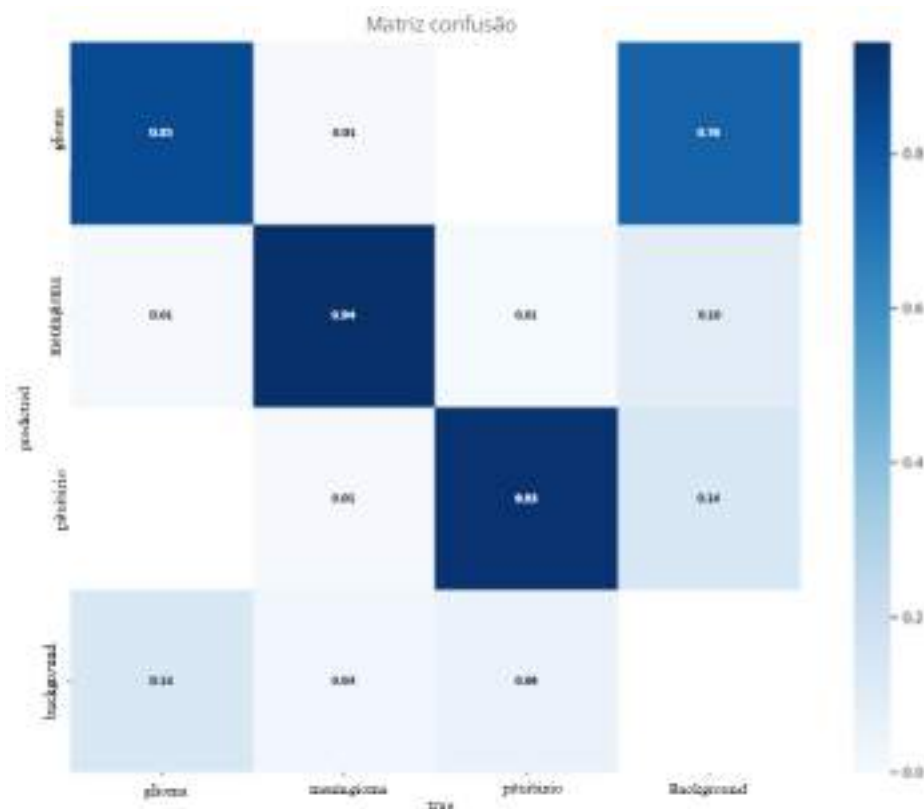
Por outro lado, a soma das linhas pode não ser igual a 1, pois ela representa as proporções em relação ao total de amostras reais em cada classe, o que pode ser afetado por erros de classificação ou por uma distribuição desigual das classes. Isso explica por que, na primeira linha, que representa a classe "glioma", a soma não é 1, uma vez que ela inclui tanto os acertos quanto os erros para essa classe, que podem ter sido distribuídos entre as outras classes.

Figura 13 — Matriz confusão da base bruta



Fonte: Autoria própria, 2025.

Figura 14 — Matriz confusão da base refinada



Fonte: Autoria própria, 2025.

Na Figura 13, observa-se que o modelo apresenta dificuldades significativas em distinguir corretamente algumas classes, com destaque para a quantidade expressiva de falsos positivos rotulados como "background", ou seja, o modelo frequentemente detecta tumores em imagens que não contêm nenhuma anomalia, o que compromete sua confiabilidade em aplicações clínicas. As classes "glioma" e "pituitario" apresentaram acurácia modesta, com 42% e 51% de acertos, respectivamente, segundo o que foi apresentado na matriz confusão, demonstrando dificuldade do modelo em identificar corretamente essas categorias. A única classe com desempenho relativamente satisfatório foi a de "meningioma", que alcançou 78% de acurácia.

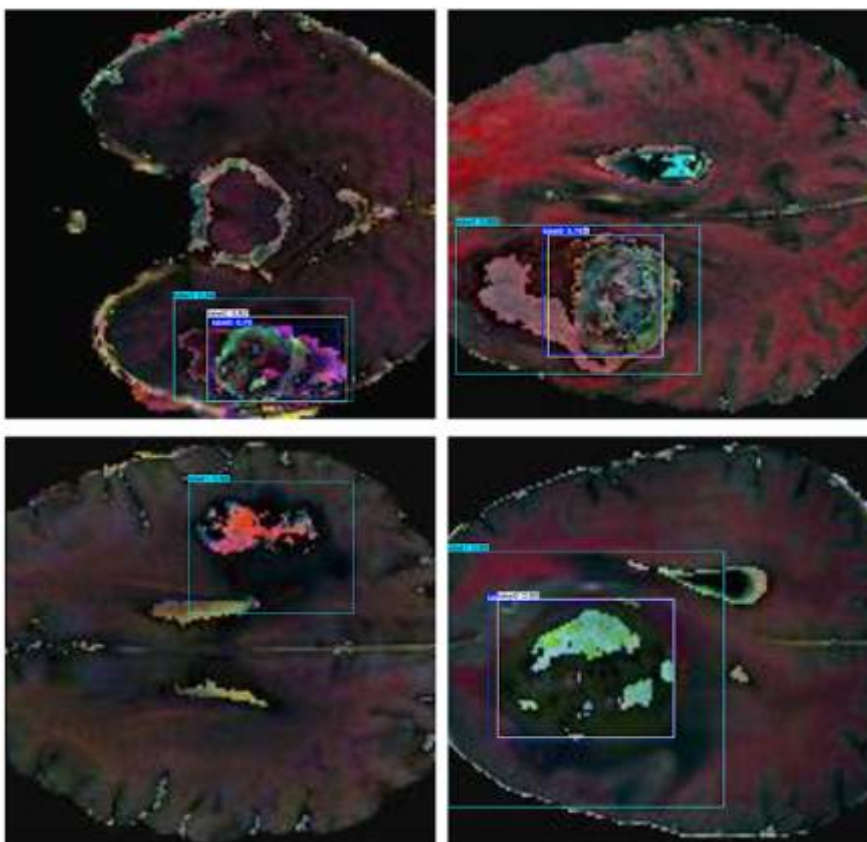
Já na Figura 14, que representa os resultados obtidos após o uso da base refinada, nota-se que a matriz de confusão evidencia avanços significativos na capacidade de detecção do sistema. A classe "meningioma" alcançou o melhor desempenho, com uma taxa de acerto de 94%, seguida por "pituitario" com 93% e "glioma" com 85%, representando um aumento considerável em relação à base bruta. Esses

resultados foram obtidos a partir da matriz de confusão, reduzindo significativamente os falsos positivos quando comparado ao modelo anterior. É notável que o modelo ainda confunde gliomas com fundo (background), provavelmente pela variabilidade visual dessas regiões. Esse padrão já havia sido identificado em trabalhos anteriores, o que reforça a necessidade de abordagens específicas para essa classe em projetos futuros. Esses resultados reforçam a eficácia do refinamento da base como etapa essencial na construção de uma ferramenta robusta e confiável para apoio ao diagnóstico por imagem.

4.4 Comparação e Análise Visual das Detecções por Imagem

Além das métricas quantitativas, a avaliação qualitativa dos resultados obtidos pelo modelo também é essencial para validar seu desempenho em cenários reais. A Figura 15 apresenta amostras de detecção da versão treinada com a base bruta, enquanto a Figura 16 exibe os resultados gerados pela versão treinada com a base refinada. Essas figuras foram mostradas com o intuito de destacar a diferença na qualidade das detecções entre as duas etapas do treinamento.

Figura 15 — Detecção por imagem da base bruta

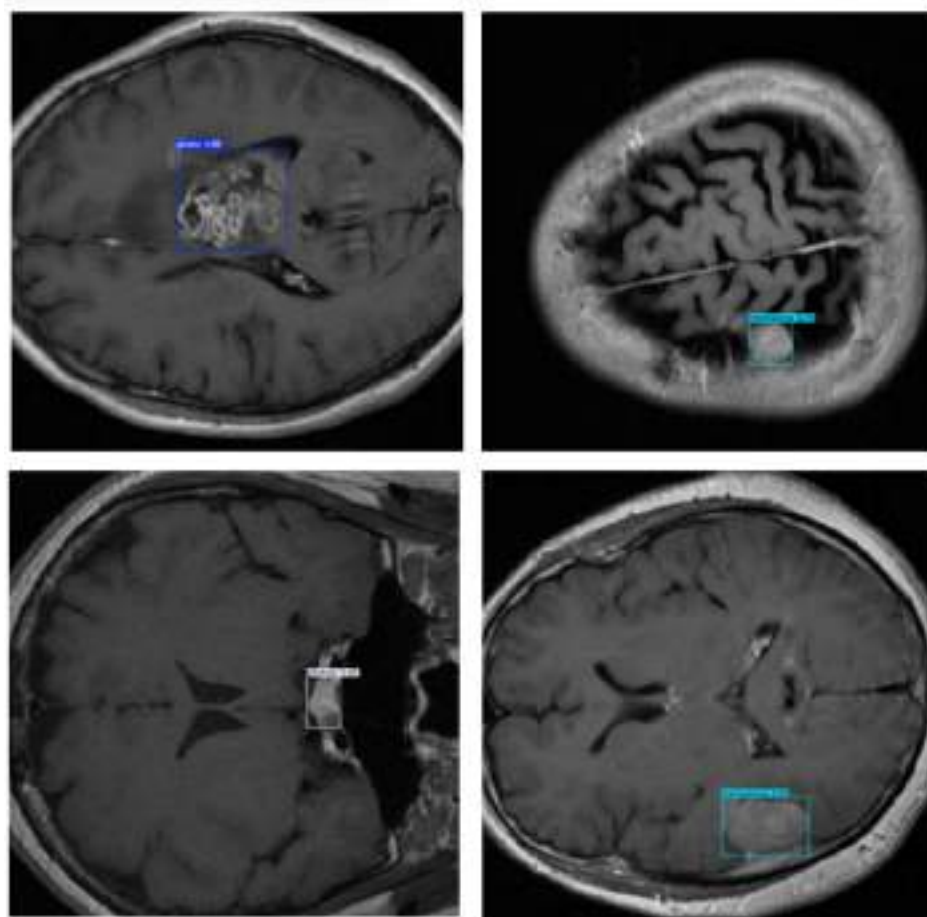


Fonte: Autoria própria, 2025.

Na Figura 15, é mostrado um exemplo do resultado do treinamento realizado com as imagens da base bruta, nas quais é possível observar que passaram por pré-processamento automático. Nas figuras da linha superior, é possível perceber que a caixa delimitadora mostra a detecção dos tumores, com o glioma representado pela cor azul escuro, o pituitário na cor branca e o meningioma em azul claro. O modelo foi capaz de identificar parcialmente a área do tumor, mas o ruído visual ainda está presente, o que prejudica a qualidade da predição. Já na linha inferior, as detecções acertaram a área do tumor, destacando o alto contraste característico, mas também capturaram outras regiões que não são tumores, sugerindo uma confusão do modelo ao identificar áreas de interesse.

Essas imagens apresentam um nível elevado de ruído visual, evidenciado por colorações artificiais e flutuações de intensidade. Além disso, nota-se que algumas detecções apresentam sobreposição de rótulos ou baixa confiança, indicando incerteza por parte do modelo. A presença de múltiplas caixas delimitadoras próximas umas das outras sugere uma menor generalização do modelo e confusão entre regiões de interesse.

Figura 16 — Detecção por imagem da base refinada



Fonte: Autoria própria, 2025.

Por outro lado, a Figura 16 demonstra os resultados obtidos a partir da base refinada, composta por imagens de ressonância magnética em tons de cinza, com maior uniformidade e qualidade visual. Embora as imagens geradas após o teste do modelo tenham sido aleatórias e, portanto, não idênticas às selecionadas na base bruta, elas servem para ilustrar como as melhorias nos parâmetros influenciaram a detecção dos tumores na prática.

Nas imagens da figura, as caixas delimitadoras estão bem posicionadas, refletindo uma maior assertividade do modelo na detecção dos tumores. A primeira imagem (superior esquerda) mostra a detecção de glioma, com a caixa azul escuro bem ajustada à área tumoral. A confiança do modelo nesta predição é alta, indicando uma detecção precisa do tumor. A segunda imagem (superior direita) apresenta a detecção de meningioma, com a caixa azul claro corretamente posicionada na região de interesse. O

modelo conseguiu identificar essa área com boa precisão, refletindo a melhoria na capacidade de detecção.

Na linha inferior, a terceira imagem (inferior esquerda) mostra a detecção de pituitário, com a caixa branca bem ajustada à área correspondente. O modelo foi capaz de localizar corretamente o tumor, com alta confiança na predição. Na quarta imagem (inferior direita), o modelo novamente detectou meningioma, ajustando a caixa azul claro corretamente à região do tumor. A detecção é precisa, demonstrando a melhoria na qualidade do modelo ao lidar com tumores com alto contraste, como o glioma.

Esses resultados ilustram como a base refinada permitiu ao modelo aprender padrões mais claros e confiáveis, com maior assertividade na detecção dos tumores e uma redução na ocorrência de falsos positivos. A melhora na generalização do modelo é evidente, proporcionando uma detecção mais precisa e confiável das diferentes classes tumorais.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esse trabalho teve como objetivo principal o desenvolvimento de uma ferramenta automatizada para a detecção de tumores cerebrais em imagens de ressonância magnética (MRI), com aplicação de técnicas de pré-processamento de imagens e utilizando o modelo YOLOv8. A partir da análise crítica de uma base de dados pública previamente disponibilizada, foi identificado que o conjunto original havia passado por etapas automatizadas de pré-processamento que distorciam significativamente a qualidade visual e diagnóstica das imagens. Diante disso, optou-se por utilizar os dados em seu estado original, realizando uma reestruturação dos dados e aplicando técnicas clássicas de pré-processamento, como normalização de intensidade, equalização adaptativa de histograma (CLAHE), redimensionamento com padding. Essa abordagem permitiu preservar melhor as características visuais relevantes à tarefa de detecção, resultando em uma base de dados mais adequada ao treinamento da rede neural.

Após o refinamento da base, o modelo foi treinado por 50 épocas e apresentou desempenho significativamente superior em relação à versão treinada sobre a base bruta. Como mostrado na seção de resultados do modelo, o mAP@0.5 alcançou 92,5%, e o F1-score máximo atingiu 89%. As curvas de precisão e revocação indicaram estabilidade e equilíbrio ao longo dos limiares de confiança, e as inferências visuais demonstraram caixas delimitadoras bem posicionadas nas três principais classes tumorais (meningioma, glioma e pituitária). A matriz de confusão reforçou esse resultado, evidenciando acurácia superior de predição por classe. Conclui-se, portanto, que a qualidade da base de dados utilizada no treinamento exerce influência direta sobre a performance de modelos de visão computacional em contextos médicos. A ferramenta proposta mostra-se promissora como um recurso de suporte inicial à

detecção de tumores cerebrais, capaz de oferecer ao paciente uma visualização rápida e automática de possíveis anormalidades em suas imagens de ressonância. Essa funcionalidade pode auxiliar como um alerta prévio para pacientes que, por diversas razões, não têm acesso imediato a um laudo profissional.

Diversos trabalhos da literatura utilizaram o modelo YOLO para detecção de tumores cerebrais em imagens de MRI, como os estudos de YOLO-NeuroBoost [36], YOLO NAS [37], YOLO-BT [38] e Shuffled-YOLO [39]. A principal vantagem do YOLO é sua capacidade de realizar a detecção em tempo real, com boa acurácia e robustez. Contudo, ele apresenta dificuldades em identificar lesões pequenas e pode ter a precisão afetada pela qualidade da base de dados utilizada para o treinamento, como observado neste trabalho. Essas limitações destacam a importância de um pré-processamento eficiente e de uma base de dados bem estruturada.

Como trabalhos futuros, recomenda-se a expansão da base de dados por meio de técnicas semi-supervisionadas de anotação, além da investigação de estratégias específicas para a detecção de gliomas, dada sua complexidade morfológica. Também é sugerida a adaptação do modelo para identificar outras patologias neurológicas com apresentação radiológica semelhante, ampliando seu escopo clínico. Além disso, a precisão alcançada indica que a ferramenta tem potencial para, futuramente, ser integrada a fluxos hospitalares automatizados, contribuindo para a triagem e análise preliminar de exames em tempo real.

6. REFERÊNCIAS

- [1] Barman, Sourav & Ahmed, Tasniya & Sultan, Sunaan & Sharmin, Shaila & Omit, Shudeb. (2025). Brain Tumor Diagnosis: Reviewing Modern Methods of Detection, Classification, and Segmentation. 10.1007/978-981-96-2721-9_4.
- [2] Brady, A.P. Error and discrepancy in radiology: inevitable or avoidable?. *Insights Imaging* 8, 171–182 (2017). <https://doi.org/10.1007/s13244-016-0534-1>
- [3] Hall KK, Shoemaker-Hunt S, Hoffman L, et al. Making Healthcare Safer III: A Critical Analysis of Existing and Emerging Patient Safety Practices [Internet]. Rockville (MD): Agency for Healthcare Research and Quality (US); 2020 Mar. 1, Diagnostic Errors. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK555525/>
- [4] GAYAP, H. T.; AKHLOFI, M. A. Deep Machine Learning for Medical Diagnosis, Application to Lung Cancer Detection: A Review. *Diagnostics*, v. 13, n. 15, p. 2581, 2023.
- [5] LI, L. et al. A review of the application of deep learning in medical image classification and segmentation. *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*, v. 11, n. 8, p. 2235-2246, 2021.
- [6] Sohan, Mupparaju & Ram, Thotakura & Ch, Venkata. (2024). A Review on YOLOv8 and Its Advancements. 10.1007/978-981-99-7962-2_39.
- [7] SOLIKIN, S. et al. Review of Application YOLOv8 in Medical Imaging. *Indonesian Applied Physics Letters*, v. 5, n. 1, p. 18-29, 2024.
- [8] RAHMAN, T. et al. A Systematic Review and Identification of the Challenges of Deep Learning Techniques for Undersampled Magnetic Resonance Image Reconstruction. *Applied Sciences*, v. 14, n. 1, p. 413, 2024.
- [6] Alexander, Robert & Waite, Stephen & Bruno, Michael & Krupinski, Elizabeth & Berlin, Leonard & Macknik, Stephen & Martinez-Conde, Susana. (2022). Mandating Limits on Workload, Duty, and Speed in Radiology. *Radiology*. 304. 212631. 10.1148/radiol.212631.
- [7] SECRETARIA DE SAÚDE DO DISTRITO FEDERAL – SES-DF. *Câncer de cérebro: dados apontam mais de 11 mil novos casos ao ano*. *Secretaria de Saúde do Distrito Federal*, 6 maio 2024. Disponível em : <https://www.saude.df.gov.br/web/guest/w/câncer-de-cérebro-dados-apontam-mais-de-11-mil-novos-casos-ao-ano>. Acesso em: 28 ago. 2025.
- [8] Ostrom QT, Price M, Neff C, Cioffi G, Waite KA, Kruchko C, Barnholtz-Sloan JS. CBTRUS Statistical Report: Primary Brain and Other Central Nervous System Tumors Diagnosed in the United States in 2016-2020. *Neuro Oncol*. 2023 Oct 4;25(12 Suppl 2):iv1-iv99. doi: 10.1093/neuonc/noad149. PMID: 37793125; PMCID: PMC10550277.

- [9] SHEN, D.; WU, G.; SUK, H. Deep Learning in Medical Image Analysis. Annual Review of Biomedical Engineering, v. 19, p. 221-248, 2017.
- [10] TULTJAEV, N. et al. A Review of the YOLO Architectures in Medical Image Analysis. Journal of Imaging, v. 9, n. 12, p. 253, 2023.
- [11] Committee on Diagnostic Error in Health Care; Board on Health Care Services; Institute of Medicine; The National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine; Balogh EP, Miller BT, Ball JR, editors. Improving Diagnosis in Health Care. Washington (DC): National Academies Press (US); 2015 Dec 29. 3, Overview of Diagnostic Error in Health Care. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK338594/>
- [12]. R. Najjar, "Redefining Radiology: A Review of Artificial Intelligence Integration in Medical Imaging," Diagnostics (Basel), vol. 13, no. 17, p. 2760, Aug. 2023, doi: 10.3390/diagnostics13172760. PMID: 37685300; PMCID: PMC10487271.
- [13]. D. U. S., M. V. R., H. G., D. N., M. G. R., P. H. K., and V. Jain, "An updated review on brain tumour," *J. Integral Sci.*, vol. 6, no. 2, pp. 42-52, 2023, doi: 10.37022/jis.v6i2.55.
- [14].N. K. Rahul, S. Suresh, and K. Sreekumar, "Detection of Brain Tumors—A Comparative Analysis of Various Transfer Learning Methods," *Smart Innovation, Systems and Technologies*, 2021. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:242116415>.
- [15] Musthafa, N.; Memon, Q.A.; Masud, M.M. Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis. Eng 2025, 6, 82. <https://doi.org/10.3390/eng6050082>
- [16] Maleki Varnosfaderani S, Forouzanfar M. The Role of AI in Hospitals and Clinics: Transforming Healthcare in the 21st Century. Bioengineering (Basel). 2024 Mar 29;11(4):337. doi: 10.3390/bioengineering11040337. PMID: 38671759; PMCID: PMC11047988.
- [17] Zhou N, Zhang CT, Lv HY, Hao CX, Li TJ, Zhu JJ, Zhu H, Jiang M, Liu KW, Hou HL, Liu D, Li AQ, Zhang GQ, Tian ZB, Zhang XC. Concordance Study Between IBM Watson for Oncology and Clinical Practice for Patients with Cancer in China. Oncologist. 2019 Jun;24(6):812-819. doi: 10.1634/theoncologist.2018-0255. Epub 2018 Sep 4. PMID: 30181315; PMCID: PMC6656482.
- [18]. J. Rao, S. Zheng, and Y. Yang, "Integrating supercomputing and artificial intelligence for life science," *Patterns*, vol. 3, no. 12, p. 100653, 2022, doi: 10.1016/j.patter.2022.100653. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666389922002938>.

[19]. Massachusetts Institute of Technology, "Making AI models more trustworthy in high-stakes settings," [Online]. Available: <https://news.mit.edu/2025/making-ai-models-more-trustworthy-high-stakes-settings-0501>. [Accessed: 19-Jul-2025].

[20] AKINGBOLA, Adewunmi; ADELEKE, Oluwatimilehin; IDRIS, Ayotomiwa; ADEWOLE, Olajumoke; ADEGBESAN, Abiodun. Artificial Intelligence and the dehumanization of patient care. *Journal of Medicine, Surgery, and Public Health*, v. 3, p. 100138, 2024. ISSN 2949-916X. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2949916X24000914>. Acesso em: 27 ago. 2025. <https://doi.org/10.1016/j.glmedi.2024.100138>

[21] World Health Organization, "Harnessing artificial intelligence for health," [Online]. Available: <https://www.who.int/teams/digital-health-and-innovation/harnessing-artificial-intelligence-for-health>. [Accessed: 19-Jul-2025].

[22]. M. L. Ali and Z. Zhang, "The YOLO framework: A comprehensive review of evolution, applications, and benchmarks in object detection," **Computers**, vol. 13, no. 336, pp. 1-37, Dec. 2024, doi: 10.3390/computers13120336.

[21] GOODFELLOW, Ian; BENGIO, Yoshua; COURVILLE, Aaron. *Aprendizado profundo*. Cambridge: MIT Press, 2016. Disponível em: <http://www.deeplearningbook.org>. Acesso em: 28 ago. 2025.

[22] DataCamp, "Introduction to Convolutional Neural Networks (CNNs)," [Online]. Available: <https://www.datacamp.com/pt/tutorial/introduction-to-convolutional-neural-networks-cnns>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[23] Medium, "Redes Neurais Convolucionais," [Online]. Available: <https://medium.com/itau-data/redes-neurais-convolucionais-2206a089c715>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[24] DigitalOcean, "Pooling in Convolutional Neural Networks," [Online]. Available: <https://www.digitalocean.com/community/tutorials/pooling-in-convolutional-neural-networks>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[25] Erdem, "Understanding Region of Interest (ROI) Pooling," [Online]. Available: <https://erdem.pl/2020/02/understanding-region-of-interest-ro-i-pooling/>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[26] Ultralytics, "Non-Maximum Suppression (NMS)," [Online]. Available: <https://www.ultralytics.com/pt/glossary/non-maximum-suppression-nms>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[27] Ultralytics, "Intersection over Union (IoU)," [Online]. Available: <https://www.ultralytics.com/pt/glossary/intersection-over-union-iou>. [Accessed: 4-Sep-2025].

[28] KOCAK, Burak; KLONTZAS, Michail E.; STANZIONE, Arnaldo; MEDDEB, Aymen; DEMIRCIOĞLU, Aydın; BLUETHGEN, Christian; BRESSEM, Keno K.; UGGA, Lorenzo; MERCALDO, Nathaniel; DÍAZ, Oliver; CUOCOLO, Renato. Evaluation metrics in medical imaging AI: fundamentals, pitfalls, misapplications, and recommendations. *European Journal of Radiology Artificial Intelligence*, v. 3, p. 100030, 2025. ISSN 3050-5771. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S3050577125000283>. Acesso em: 27 ago. 2025. <https://doi.org/10.1016/j.ejrai.2025.100030>

[29]. J. Huang, W. Ding, T. Zhong, and G. Yu, "YOLO-TumorNet: An innovative model for enhancing brain tumor detection performance," **Alexandria Eng. J.**, vol. 119, pp. 211-221, 2025, doi: 10.1016/j.aej.2025.01.062. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1110016825000894>.

[30]. R. U. Gudigar, A. Paul, T. S. Goutham, M. A. Inamdar, A. Hegde, A. Devi, C. P. Ooi, R. C. Deo, P. D. Barua, F. Molinari, E. J. Ciaccio, and U. R. Acharya, "Brain tumor detection and screening using artificial intelligence techniques: Current trends and future perspectives," **Comput. Biol. Med.**, vol. 163, p. 107063, Sep. 2023, doi: 10.1016/j.combiomed.2023.107063.

[31]. M. Rahimi, M. Mostafavi, and A. Arabameri, "Automatic detection of brain tumor on MRI images using a YOLO-based algorithm," **2024 13th Iranian/3rd International Machine Vision and Image Processing Conference (MVIP)**, 2024, pp. 1-5. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:269034721>.

[32]. S. Deepak and P. M. Ameer, "Brain tumor classification using deep CNN features via transfer learning," **Comput. Biol. Med.**, vol. 111, p. 103345, 2019. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:195820068>.

[33] Parisa Karimi Darabi, "Medical Image DataSet: Brain Tumor Detection", IEEE Dataport, March 10, 2025, doi:10.21227/x3bv-p922

- [34] D. Wahyudi, I. Soesanti, and H. A. Nugroho, "Optimizing hyperparameters of YOLO to improve performance of brain tumor detection in MRI images," *2023 6th International Conference on Information and Communications Technology (ICOIACT)*, 2023, pp. 413-418. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:268255150>.
- [35]. National Center for Biotechnology Information, "Brain tumor detection and screening using artificial intelligence techniques," [Online]. Available: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7640807/>. [Accessed: 19-Jul-2025].
- [36] Enhancing brain tumor detection in MRI images using YOLO-NeuroBoost model. *Frontiers in Neurology*, 2024. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11374633/>. [Acesso em: 4 ago. 2025].
- [37] Detection and classification on MRI images of brain tumor using YOLO NAS deep learning model. *ScienceDirect*, 2024. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1687850724002978>. [Acesso em: 4 ago. 2025].
- [38] Efficient Brain Tumor Segmentation for MRI Images Using YOLO-BT. *MDPI Sensors*, 2024. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/25/12/3645>. [Acesso em: 4 ago. 2025].
- [39] Brain tumor segmentation using a deep Shuffled-YOLO network. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 2022. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ima.22832>. [Acesso em: 4 ago. 2025].

	INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DA PARAÍBA
	Campus João Pessoa - Código INEP: 25096850
	Av. Primeiro de Maio, 720, Jaguaribe, CEP 58015-435, João Pessoa (PB)
	CNPJ: 10.783.898/0002-56 - Telefone: (83) 3612.1200

Documento Digitalizado Ostensivo (Público)

TCC

Assunto:	TCC
Assinado por:	Tayanara Paiva
Tipo do Documento:	Anexo
Situação:	Finalizado
Nível de Acesso:	Ostensivo (Público)
Tipo do Conferência:	Cópia Simples

Documento assinado eletronicamente por:
▪ Tayanara Paiva Layme Barbosa, DISCENTE (20212610039) DE BACHARELADO EM ENGENHARIA ELÉTRICA - JOÃO PESSOA, em 17/09/2025 18:10:33.

Este documento foi armazenado no SUAP em 17/09/2025. Para comprovar sua integridade, faça a leitura do QRCode ao lado ou acesse <https://suap.ifpb.edu.br/verificar-documento-externo/> e forneça os dados abaixo:

Código Verificador: 1613119
Código de Autenticação: a3f42180fe

