

ARTIGO DE PESQUISA/RESEARCH PAPER

Classificação de Tumores Cerebrais em Imagens de Ressonância Magnética Utilizando Técnicas de Aprendizado de Máquina

Brain Tumor Classification in Magnetic Resonance Imaging Using Machine Learning Techniques

Rafaela Alexandra Rei Mendes [Centro Universitário UniÚnica | rafa.armendes@gmail.com]
Kennedy Anderson da Costa Damasceno [Centro Universitário UniÚnica | kennedyandersonk2@gmail.com]
Milton dos Santos Guilherme Neto [Centro Universitário UniÚnica | milton.neto@gmail.com]
Letícia Ainoan Nunes de Sousa [Universidade Federal do Rio Grande do Norte | leticia.sousa.057@ufrn.edu.br]

Núcleo de Pesquisa e Iniciação Científica, Centro Universitário UniÚnica, Rua Salerno, 299, Bethânia, Ipatinga - MG, 35164-779, Brasil.

Resumo. Este estudo investigou a aplicação de técnicas de aprendizado de máquina na classificação automática de tumores cerebrais em imagens de ressonância magnética, visando apoiar o diagnóstico médico. As imagens passaram por etapas de pré-processamento, incluindo aumento de dados (rotações, espelhamentos e ajustes de brilho), extração e normalização de características, além de redução de dimensionalidade para preservar apenas as informações mais relevantes. Foram avaliados e comparados os algoritmos *Random Forest* e *Support Vector Machine* (SVM) em diferentes cenários experimentais. O *Random Forest* apresentou o melhor desempenho, alcançando aproximadamente 98% de acurácia e menor taxa de falsos negativos, aspecto fundamental em aplicações clínicas. O SVM também obteve resultados satisfatórios, com acurácia em torno de 94%, embora tenha demonstrado maior sensibilidade às variações dos dados. Os resultados evidenciam o potencial do aprendizado de máquina como ferramenta de apoio à análise de imagens médicas e ao diagnóstico de tumores cerebrais.

Abstract. This study investigated the application of machine learning techniques for the automatic classification of brain tumors from magnetic resonance imaging (MRI) scans to support medical diagnosis. The images underwent preprocessing, including data augmentation (rotations, flips, and brightness adjustments), feature extraction and normalization, as well as dimensionality reduction to retain the most relevant information. Two machine learning algorithms, Random Forest and Support Vector Machine (SVM), were evaluated and compared under different experimental scenarios. Random Forest achieved the best overall performance, reaching approximately 98% classification accuracy while producing fewer false negatives, a critical aspect in clinical applications. SVM also demonstrated satisfactory performance, with an accuracy of approximately 94%, although it was more sensitive to data variations. Overall, the findings highlight the potential of machine learning as a valuable tool for supporting medical image analysis and improving the diagnosis of brain tumors.

Palavras-chave: Tumores cerebrais, Ressonância magnética, Aprendizado de máquina, Random Forest, Classificação de imagens médicas.

Keywords: Brain tumors, Magnetic resonance imaging, Machine learning, Random Forest, Medical image classification.

Recebido/Received: 16 March 2026 • Aceito/Accepted: 12 June 2026 • Publicado/Published: 07 August 2026

1 Introdução

O câncer cerebral é caracterizado pelo crescimento e proliferação anormais de células no cérebro, resultando na formação de tumores. A classificação desses tumores considera diversos fatores, como o tipo de crescimento celular, a origem das células cancerígenas e sua localização específica no cérebro. Com base nesses critérios, tumores com desenvolvimento celular lento e *in situ* são classificados como benignos, enquanto aqueles com maior tamanho e capacidade metastática são denominados malignos [Godoi *et al.*, 2022][Kheirollahi *et al.*, 2015][Louis *et al.*, 2021]. Cada categoria apresenta nomenclaturas distintas; exemplos de tumores benignos incluem meningiomas, tumores meníngeos e mesenquimais, além de lesões não neoplásicas. Por outro lado, os tumores malignos abrangem astrocitomas, oligodendrogliomas, ependimomas, tumores do plexo coróide, meningiomas e neoplasias hemato-

poiéticas [Godoi *et al.*, 2022; Kheirollahi *et al.*, 2015; Louis *et al.*, 2021].

Nesse contexto, o câncer do sistema nervoso central, particularmente o cerebral, tem demonstrado um aumento contínuo na incidência de novos casos ao longo do tempo. Projeções da Globocan indicam que mais de 152 mil novos casos serão registrados até 2045 International Agency for Research on Cancer [2024]. Para enfrentar esse cenário e garantir um diagnóstico preciso e precoce, exames de imagem são indispensáveis. Entre as modalidades disponíveis, como ultrassom, tomografia computadorizada e ressonância magnética (RM), esta última é a preferida pelos profissionais de saúde. A RM destaca-se por sua elevada precisão no diagnóstico e acompanhamento de tumores cerebrais, oferecendo vantagens como o uso de contraste para detecção de anormalidades sutis, alta resolução para visualização detalhada

e precisa das imagens em múltiplos planos (axial, coronal e sagital), além de ser um exame não invasivo e seguro, pois não utiliza radiação ionizante [Rahman *et al.*, 2025; Musthafa *et al.*, 2025; Martínez-Del-Río-Ortega *et al.*, 2024; Tandel *et al.*, 2020; Sisay *et al.*, 2023].

Diante da complexidade do diagnóstico e do desafio da detecção precoce de tumores cerebrais na atual era da medicina de precisão, a inteligência artificial (IA) emerge como uma solução promissora para oferecer respostas mais robustas e eficazes. Nesse contexto, o *Machine Learning* (ML) emprega algoritmos para classificar tumores, baseando-se em sua capacidade de aprender e identificar dados significativos a partir de imagens [Ali *et al.*, 2025; Kusuma and Reddy, 2025; Khan *et al.*, 2023].

Aprofundando as técnicas de *Machine Learning*, o *Deep Learning* (DL) se destaca como um aprendizado de máquina profundo fundamentado em redes neurais. O DL possui a capacidade de realizar medições objetivas e essenciais para um diagnóstico, planejamento de tratamento e monitoramento mais precisos de tumores cerebrais. Adicionalmente, o *Deep Learning* pode prever certas características do tumor [Dorfner *et al.*, 2025; Heckel *et al.*, 2024; Alzubaidi *et al.*, 2021]. Corroborando essa perspectiva, um estudo [Abdusalomov *et al.*, 2023] propõe um modelo de *Deep Learning* para a identificação de tumores cerebrais, nomeadamente gliomas, meningiomas e tumores da hipófise, a partir de imagens de ressonância magnética. Esse modelo apresenta uma versão refinada e otimizada do modelo YOLOv7 (*You Only Look Once version 7*). Após a aplicação da metodologia, foi verificada uma acurácia superior a 99%. Contudo, os autores ressaltam a necessidade de futuras pesquisas devido à limitação do modelo na detecção de tumores cerebrais de menor tamanho.

De forma complementar, outra pesquisa [Vankdothu and Hameed, 2022] aborda a segmentação de tumores cerebrais em imagens de ressonância magnética utilizando *Machine Learning*. Os principais modelos e técnicas mencionados no estudo foram *Support Vector Machine* (SVM), *Random Forest* (RF), *K-Nearest Neighbors* (KNN), *Fuzzy C-Means* (FCM) e *K-Means*. Além disso, o estudo destaca o uso de *Deep Learning*, especialmente Redes Neurais Convolucionais (CNNs) e a arquitetura U-Net, amplamente utilizada em medicina por permitir a segmentação automática de regiões de interesse. Apesar dos modelos apresentarem bons resultados [Bishop, 2006; Powers, 2011], as principais limitações apontadas incluem a dependência da qualidade das imagens e a fragilidade na segmentação automática, devido às estruturas e características específicas do tumor.

Adicionalmente, na comparação de três modelos de classificação de tumores SVM, RF e ANN [Faradibah *et al.*, 2023], foi utilizado o banco de dados público Brain Tumor Dataset, amplamente referenciado na literatura e hospedado na plataforma figshare. Para análise de viabilidade, o estudo apresentou acurácia de SVM, RF e ANN, respectivamente, de 91%, 97,3% e 98%. Observou-se que o SVM, apesar de apresentar menor acurácia, conseguiu se destacar em relação aos outros dois modelos. Os autores atribuem esse resultado à possível presença de *outliers* e a falhas na captação das imagens, considerando todas as estruturas.

Com base nesse panorama, identificam-se lacunas re-

lacionadas à dificuldade de detecção de tumores de pequenas dimensões, à alta dependência da qualidade das imagens para uma segmentação precisa e à sensibilidade de modelos complexos perante ruídos e *outliers*. Tais limitações justificam uma investigação aprofundada sobre a aplicabilidade dos algoritmos SVM e RF, visando comparar sua robustez e acurácia em cenários de dados variados. A relevância deste estudo reside na sua contribuição para o avanço das técnicas de diagnóstico e prognóstico de tumores cerebrais, buscando otimizar a precisão e a eficácia das ferramentas computacionais disponíveis. Primeiramente, o SVM é caracterizado como um algoritmo de aprendizado de máquina supervisionado e é amplamente empregado para classificação [Guido *et al.*, 2024; Cervantes *et al.*, 2020; Cortes and Vapnik, 1995; Steinwart and Christmann, 2008]. Por sua vez, o *Random Forest* baseia-se na construção de múltiplas árvores de decisão para realizar previsões [Breiman, 2001; Salman *et al.*, 2024; Hastie *et al.*, 2009a], sendo uma metodologia utilizada principalmente para classificação e regressão. Os algoritmos são comparados utilizando uma base de dados multimodal composta por imagens de CT e RM Murtozalikhon [2024], com o objetivo de realizar a classificação binária entre tecidos saudáveis e tumores cerebrais.

Este artigo está organizado da seguinte forma: a seção seguinte apresenta a metodologia, detalhando a aquisição e descrição do *dataset*, as etapas de pré-processamento, a técnica de redução de dimensionalidade (PCA) e a fundamentação dos modelos de classificação *Random Forest* e *Support Vector Machine*. Posteriormente, são apresentados os resultados obtidos e a respectiva discussão dos dados em comparação com a literatura. Por fim, o trabalho é encerrado com as considerações finais e conclusões sobre o estudo realizado.

2 Metodologia

O presente estudo empregou uma abordagem sistemática para a classificação de tumores cerebrais utilizando técnicas de aprendizado de máquina. A metodologia foi delineada para garantir a reprodutibilidade dos resultados e a robustez dos modelos desenvolvidos, conforme detalhado nas subseções a seguir.

2.1 Aquisição e Descrição dos Dados

Para a realização deste trabalho, foi utilizado um conjunto de dados de imagens médicas disponível publicamente no repositório Kaggle, intitulado 'Brain Tumor Multimodal Images (CT & MRI)'. Este dataset compreende exames de ressonância magnética (RM) e tomografia computadorizada (TC) de cérebros, categorizados em casos com diferentes tipos de tumores (Glioma, Meningioma, Pituitária) e casos sem tumor. Embora a base original contenha os três tipos de tumores, este estudo foca exclusivamente na distinção entre imagens com presença de tumor e imagens saudáveis, não realizando a classificação específica por tipo patológico. O conjunto de dados utilizado neste estudo é de caráter multimodal, compreendendo um total de 9.618 imagens, das quais 4.618 provêm de Tomografia Computadorizada (CT) e 5.000 de Ressonância Magnética (RM). Os dados foram organizados nas classes Saudável (4.300 amostras) e Tumor (5.318 amostras). As imagens apresentam-se distribuídas nos planos axial, coronal e sagital. Como limitação, destaca-se o uso de fatias (slices)

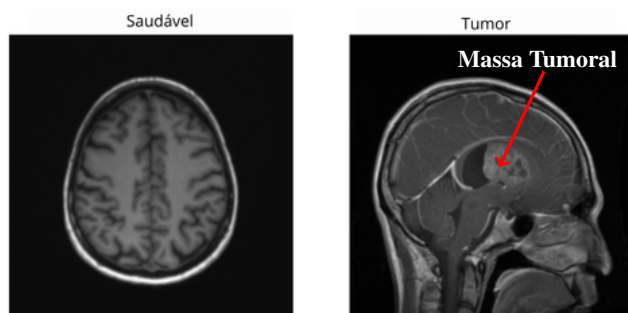


Figura 1. Imagens de ressonância magnética (RM) cerebral utilizadas neste estudo. À esquerda, apresenta-se uma imagem de um cérebro saudável em corte axial, sem alterações visíveis na estrutura cerebral. À direita, observa-se uma imagem de um cérebro com tumor em corte sagital, na qual é possível identificar uma massa tumoral com formato irregular, indicada pela seta vermelha. As imagens demonstram diferenças visuais entre as classes consideradas na tarefa de classificação automática.

isoladas que podem pertencer a um mesmo paciente, o que pode gerar uma redundância de características, além da dependência da qualidade técnica das imagens disponibilizadas publicamente. As imagens originais foram obtidas de bancos de dados de imagens médicas publicamente acessíveis, com todos os dados dos pacientes anonimizados para assegurar a privacidade e a conformidade com os padrões éticos. Exemplos de imagens de ressonância magnética cerebral utilizadas neste estudo podem ser observados na Figura 1.

2.2 Pré-processamento dos Dados

A etapa de pré-processamento foi realizada com o objetivo de melhorar a qualidade e a representatividade do conjunto de dados utilizado no treinamento dos modelos. Inicialmente, o dataset original foi submetido a técnicas de data augmentation, que consistem na geração artificial de novas amostras a partir das imagens existentes, estratégia amplamente utilizada para aumentar a variabilidade dos dados e reduzir o risco de overfitting em tarefas de classificação de imagens [Shorten and Khoshgoftaar, 2019; Perez and Wang, 2017].

Para isso, foram aplicadas transformações geométricas e fotométricas às imagens do conjunto de treinamento. A rotação foi aplicada para simular pequenas variações de posicionamento da cabeça durante a aquisição das imagens; o espelhamento horizontal foi utilizado para ampliar a diversidade espacial das amostras; e os ajustes de brilho foram empregados para representar variações de intensidade decorrentes de diferenças entre equipamentos e protocolos de aquisição. Para cada imagem do conjunto de treinamento foram geradas três novas versões: uma imagem rotacionada, uma imagem espelhada horizontalmente e uma imagem com alteração de brilho. Essas transformações foram aplicadas apenas ao conjunto de treinamento, evitando que imagens derivadas de uma mesma amostra aparecessem simultaneamente nos conjuntos de treino e teste.

Após essa etapa, realizou-se o balanceamento do conjunto de dados com o objetivo de reduzir o viés dos modelos em favor da classe majoritária. A estratégia adotada consistiu no aumento artificial da classe minoritária por meio das técnicas de data augmentation descritas anteriormente, até obter uma distribuição mais equilibrada entre as classes Saudável e Tumor. Dessa forma, buscou-se garantir que ambas as classes tivessem participação semelhante no processo de treinamento

dos classificadores.

Em seguida, as imagens foram convertidas em vetores de características numéricas. Para isso, cada imagem foi redimensionada para 128×128 pixels, convertida para escala de cinza quando necessário e transformada em um vetor unidimensional contendo os valores de intensidade dos pixels. Assim, cada imagem passou a ser representada inicialmente por um vetor de 16.384 características. Essa representação foi utilizada como técnica de extração de características baseada nos níveis de intensidade dos pixels, permitindo que os algoritmos clássicos de aprendizado de máquina processassem as imagens como entradas numéricas estruturadas.

Por fim, os vetores de características foram normalizados utilizando o método StandardScaler, que padroniza os dados para apresentarem média igual a zero e desvio padrão igual a um. Esse procedimento é amplamente utilizado em tarefas de aprendizado de máquina, pois reduz diferenças de escala entre as variáveis e contribui para melhorar o desempenho e a estabilidade de diversos algoritmos de classificação [Bishop, 2006; Pedregosa *et al.*, 2011].

2.3 Redução de Dimensionalidade (PCA)

Após as etapas de pré-processamento e normalização, aplicou-se a técnica de Análise de Componentes Principais (PCA), método estatístico utilizado para redução de dimensionalidade por meio da transformação das variáveis originais em componentes não correlacionados que preservam a maior parte da variância dos dados [Pearson, 1901; Jolliffe, 2002]. Para este estudo, o modelo foi configurado para extrair os 200 componentes principais que melhor representam a variância do conjunto de dados.

O ajuste do PCA foi realizado exclusivamente sobre os dados de treinamento, permitindo que o algoritmo aprendesse as direções de maior variância apenas a partir dessa amostra. Subsequentemente, os dados de teste foram submetidos apenas à transformação, utilizando os parâmetros derivados do treino. Essa abordagem é fundamental para evitar o data leakage (vazamento de dados), garantindo que informações do conjunto de teste não influenciem o processo de aprendizado e assegurando a integridade da avaliação do modelo.

Como resultado, cada imagem passou a ser representada por um vetor de 200 valores numéricos, otimizando significativamente o tempo de processamento computacional e auxiliando na mitigação do risco de overfitting nas etapas subsequentes de classificação.

2.4 Modelos de Classificação

Esta seção descreve os algoritmos de aprendizado de máquina empregados para desenvolver os modelos de classificação binária de tumores cerebrais, destacando seus princípios operacionais e as configurações adotadas. Foram selecionados RF e o SVM por serem métodos clássicos, robustos e amplamente empregados em problemas de classificação, incluindo aplicações envolvendo imagens médicas [Breiman, 2001; Cortes and Vapnik, 1995; Pedregosa *et al.*, 2011]. No contexto deste trabalho, a contribuição desses classificadores está relacionada à comparação entre uma abordagem baseada em ensemble learning, representada pelo RF, e uma abordagem baseada em maximização de margem, representada pelo SVM. Essa comparação permite avaliar o comportamento de mode-

los tradicionais em uma tarefa de classificação binária entre imagens saudáveis e imagens com tumor, considerando desempenho preditivo, sensibilidade a variações nos dados e ocorrência de falsos negativos.

2.4.1 Random Forest (RF)

O modelo Random Forest (RF) é um método de aprendizado de máquina baseado em ensemble learning, no qual múltiplos modelos são combinados para melhorar o desempenho preditivo em relação a um único modelo isolado. Nesse método, diversos classificadores do tipo árvore de decisão são construídos de forma independente durante a fase de treinamento, e a predição final é obtida por meio de um mecanismo de votação majoritária entre as previsões das árvores individuais [Breiman, 2001]. Esse processo reduz a variância do modelo e aumenta sua capacidade de generalização. Em tarefas de classificação, cada árvore fornece uma predição para a classe da amostra analisada, e a classe mais frequentemente prevista é selecionada como resultado final [James *et al.*, 2013]. O algoritmo é amplamente reconhecido por sua robustez ao overfitting e por sua capacidade de lidar com conjuntos de dados contendo um grande número de features (variáveis ou atributos utilizados na representação dos dados), inclusive em cenários de alta dimensionalidade [Hastie *et al.*, 2009b].

No presente estudo, o Random Forest foi utilizado para a tarefa de classificação das imagens de ressonância magnética (RM) previamente submetidas às etapas de pré-processamento e extração de características. Para otimizar o desempenho do modelo, foram ajustados alguns de seus principais hiperparâmetros, que são definidos antes do treinamento do modelo. Entre eles destacam-se o número de árvores de decisão que compõem a floresta e a profundidade máxima de cada árvore, controlando o nível de complexidade do modelo. A seleção dos valores mais adequados para esses hiperparâmetros foi realizada por meio da técnica de Grid Search com validação cruzada (GridSearchCV), configurada com 5 divisões (5-fold cross-validation) e utilizando a acurácia como métrica de comparação do desempenho médio entre as combinações avaliadas.

2.4.2 Support Vector Machine (SVM)

O Support Vector Machine (SVM) é um algoritmo de aprendizado de máquina supervisionado amplamente utilizado em tarefas de classificação e regressão. O método baseia-se na identificação de um hiperplano ótimo capaz de separar diferentes classes no espaço de características, maximizando a margem entre os pontos de dados pertencentes a classes distintas. Essa estratégia de maximização da margem contribui para melhorar a capacidade de generalização do modelo em novos dados [James *et al.*, 2013; Hastie *et al.*, 2009b]. Para conjuntos de dados que não são linearmente separáveis no espaço original, o SVM utiliza a técnica conhecida como kernel trick, que permite mapear implicitamente os dados para um espaço de características de maior dimensionalidade. Nesse novo espaço, torna-se possível encontrar uma separação linear entre as classes, mesmo quando essa separação não é evidente no espaço original dos dados [Hastie *et al.*, 2009b]. Essa abordagem amplia significativamente a capacidade do modelo de lidar com padrões complexos presentes nos dados.

Neste estudo, o SVM foi treinado utilizando o kernel ra-

dial (Radial Basis Function – RBF), uma das funções de kernel mais utilizadas em problemas de classificação. O kernel RBF permite que o modelo represente fronteiras de decisão não lineares, possibilitando a identificação de padrões complexos entre as classes analisadas. Esse kernel mede a similaridade entre dois pontos de dados com base em sua distância no espaço de características, atribuindo maior influência a pontos mais próximos e menor influência a pontos mais distantes [James *et al.*, 2013]. Embora a otimização dos hiperparâmetros por meio de GridSearchCV não tenha sido concluída para o SVM devido a limitações computacionais, o modelo foi avaliado utilizando a configuração padrão do kernel RBF. Essa configuração inicial permite analisar o comportamento do algoritmo e fornecer uma base de comparação com outros modelos de classificação empregados no estudo.

2.5 Avaliação dos Modelos

Os modelos foram executados em Python, utilizando bibliotecas amplamente reconhecidas na comunidade científica, como scikit-learn para os algoritmos de aprendizado de máquina e métricas de avaliação, NumPy para operações numéricas, Pandas para manipulação de dados, e Matplotlib e Seaborn para visualização dos resultados.

A base de dados foi dividida em conjuntos de treinamento e teste de forma estratificada, preservando a proporção entre as classes Saudável e Tumor. As etapas de data augmentation, balanceamento, normalização e ajuste do PCA foram realizadas exclusivamente sobre o conjunto de treinamento. O conjunto de teste foi mantido separado durante todo o processo de treinamento e utilizado apenas para a avaliação final dos modelos. As matrizes de confusão apresentadas neste estudo correspondem ao conjunto de teste, composto por 400 imagens, sendo 200 da classe Saudável e 200 da classe Tumor.

Visto que o objetivo deste trabalho consiste na distinção entre duas classes, foram utilizadas métricas extraídas da matriz de confusão, tais como Acurácia, Precisão, Revocação (Recall) e F1-Score. A precisão foi calculada pela razão entre verdadeiros positivos e o total de amostras classificadas como positivas, enquanto a revocação foi calculada pela razão entre verdadeiros positivos e o total de amostras realmente positivas.

No fluxograma, RF refere-se ao algoritmo Random Forest, SVM ao Support Vector Machine e PCA à Análise de Componentes Principais. A Figura 2 apresenta um fluxograma detalhado da metodologia proposta neste estudo, ilustrando as etapas sequenciais desde a aquisição dos dados até a avaliação dos modelos de classificação.

3 Resultados

Os resultados foram obtidos a partir da aplicação dos modelos clássicos de machine learning Random Forest e SVM ao conjunto de imagens de ressonância magnética (MRI) cerebral, possibilitando uma avaliação comparativa do desempenho de cada técnica empregada. A análise considerou as métricas de Acurácia, Precisão, Revocação e F1-Score. Durante a etapa de treinamento, os modelos apresentaram desempenho elevado em todas as métricas, indicando aprendizado satisfatório. Contudo, os resultados obtidos na base de teste, que refletem a capacidade de generalização dos algoritmos, estão detalhados na Tabela 1.

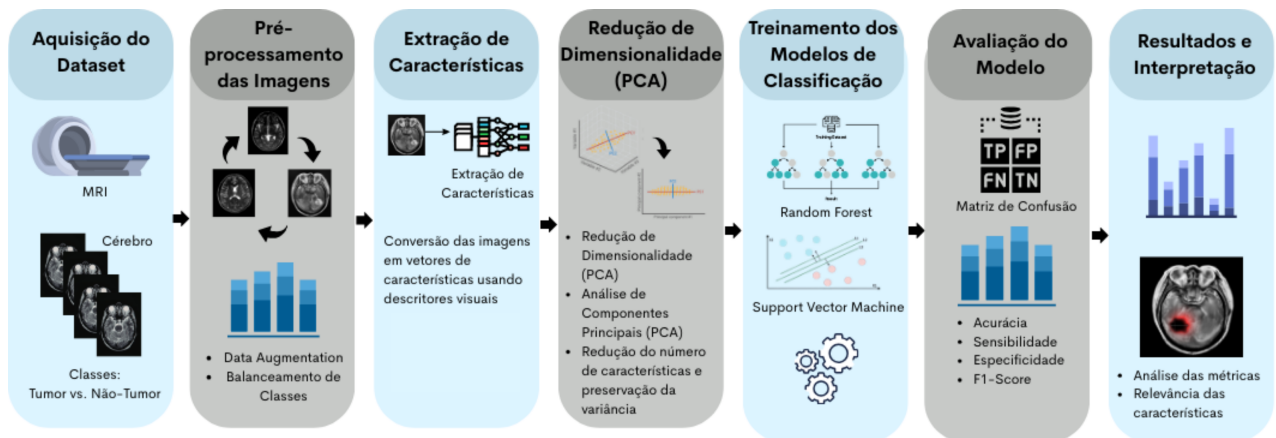


Figura 2. Visão geral do pipeline de classificação de imagens de ressonância magnética cerebral. O fluxo de trabalho ilustra as etapas sequenciais de aquisição de dados (classes tumor vs. não-tumor), pré-processamento e análise de características, treinamento e otimização de modelos de aprendizado de máquina (RF, SVM), e avaliação de desempenho final.

Tabela 1. Desempenho dos modelos de classificação Random Forest e SVM no conjunto de teste.

Métrica	Random Forest	SVM
Acurácia	0,9750	0,9450
Precisão	0,9897	0,9684
Revocação	0,9600	0,9200
F1-Score	0,9746	0,9436

Essa análise permite identificar diferenças relevantes no comportamento de cada técnica, destacando suas potencialidades e limitações no contexto da classificação de imagens de MRI.

3.1 Support Vector Machine (SVM)

O modelo SVM demonstrou uma acurácia de 94,50% no conjunto de teste. A precisão de 96,84% indica que, entre as imagens classificadas como tumor, a maioria correspondia de fato a casos positivos. Já a revocação de 92,00% mostra que o modelo identificou 184 dos 200 casos reais de tumor, deixando de detectar 16 imagens positivas. A diferença entre a acurácia de treino (96,5%) e a acurácia de teste (94,50%) sugere a presença de um leve overfitting, indicando que o modelo pode ter se ajustado excessivamente aos dados de treinamento, o que pode comprometer sua capacidade de generalização para dados não vistos. A Figura 3 apresenta a matriz de confusão correspondente ao conjunto de testes demonstrando os resultados desse modelo.

Conforme a Figura 3, o modelo SVM classificou corretamente 194 casos como saudáveis (Verdadeiros Negativos - TN) e 184 casos como tumor (Verdadeiros Positivos - TP). Foram identificados 6 Falsos Positivos (FP), onde imagens saudáveis foram erroneamente classificadas como tumor, e 16 Falsos Negativos (FN), onde tumores reais não foram detectados. A acurácia geral de 94,5% é confirmada pela soma das predições corretas. Esta análise detalhada, juntamente com a divergência entre a acurácia de treino e teste, reforça a necessidade de estratégias futuras para mitigar o overfitting observado, visando melhorar a generalização do modelo para dados clínicos não vistos.

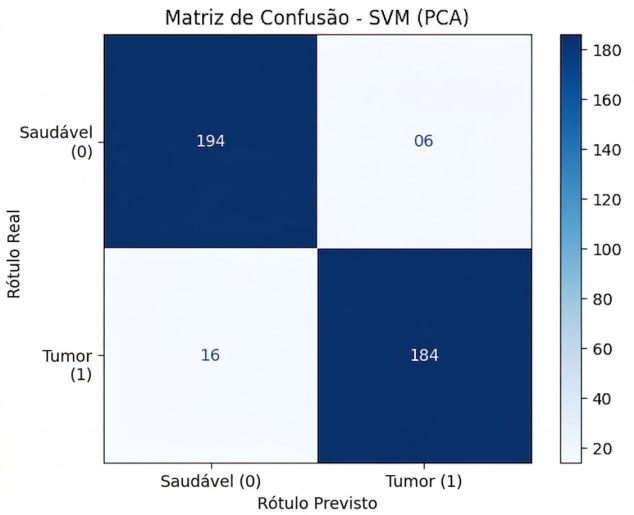


Figura 3. Matriz de Confusão do Modelo SVM no Conjunto de Testes.

3.2 Random Forest (RF)

O modelo Random Forest demonstrou desempenho robusto no conjunto de teste, alcançando acurácia de 97,50%, precisão de 98,97% e revocação de 96,00%. Esses valores foram calculados a partir da matriz de confusão, na qual o modelo classificou corretamente 198 imagens saudáveis e 192 imagens com tumor. A acurácia de treino de 100% indica que o modelo foi capaz de aprender integralmente os padrões presentes nos dados de treinamento; entretanto, esse resultado deve ser interpretado com cautela, pois pode indicar forte ajuste aos dados vistos. Ainda assim, o RF manteve desempenho superior no conjunto de teste e apresentou menor número de falsos negativos em comparação ao SVM, sugerindo boa capacidade relativa de generalização neste conjunto avaliado. A Figura 4 apresenta a matriz de confusão correspondente ao conjunto de teste.

A Figura 4 revela que o modelo RF classificou corretamente 198 instâncias como saudáveis (TN) e 192 como tumor (TP). Foram registrados apenas 2 Falsos Positivos (FP) e 8 Falsos Negativos (FN). O baixo número de Falsos Negativos é particularmente relevante em contextos médicos, pois indica uma alta capacidade de detectar a presença de tumores

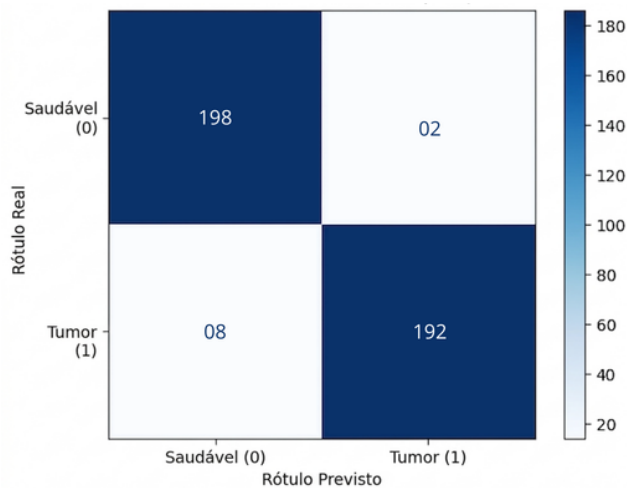


Figura 4. Matriz de Confusão do Modelo Random Forest no Conjunto de Testes.

quando eles realmente existem. A acurácia total de 97,50% é corroborada pela soma das classificações corretas. A robustez do Random Forest em generalizar para dados não vistos, com possível sobreajuste no treinamento, destaca-o como uma ferramenta promissora para a classificação de tumores cerebrais.

4 Discussão

O presente estudo teve como objetivo analisar um conjunto de dados de imagens de tumores cerebrais, avaliando e comparando o desempenho de dois modelos clássicos de Machine Learning, RF e SVM. A análise concentrou-se na capacidade desses modelos em classificar tumores cerebrais a partir de imagens de ressonância magnética, considerando principalmente o desempenho de classificação e a redução de erros críticos em um contexto clínico.

Os resultados indicaram que o modelo Random Forest apresentou desempenho superior, alcançando acurácia de 97,50%, além de um número significativamente menor de falsos negativos. Esse aspecto possui grande relevância clínica, uma vez que falsos negativos podem resultar em atrasos no diagnóstico e, conseqüentemente, comprometer o tratamento e o prognóstico dos pacientes. O desempenho superior do Random Forest pode ser atribuído à sua abordagem baseada em ensemble learning, na qual múltiplas árvores de decisão são combinadas para gerar a predição final. Essa estratégia tende a reduzir a variância do modelo e melhorar sua capacidade de generalização, características particularmente importantes ao lidar com conjuntos de dados complexos e de alta dimensionalidade, como imagens médicas de RM.

Por outro lado, o modelo SVM apresentou acurácia de 94,50%. Embora esses resultados também sejam considerados competitivos, o modelo demonstrou indícios de overfitting, sugerindo maior sensibilidade às variações presentes nos dados, à escolha dos parâmetros do kernel e à presença de características altamente correlacionadas. Essa sensibilidade pode impactar negativamente a capacidade de generalização do modelo para dados não observados durante o treinamento, o que representa um desafio importante em aplicações médicas, onde robustez e confiabilidade são fundamentais.

Os resultados obtidos neste estudo estão em consonância

com achados recentes da literatura [Kumar and Jyoti, 2024; Wang and Li, 2025; Begum and Chokkalingam, 2025; Alalahem *et al.*, 2025]. De modo geral, esses trabalhos investigaram a aplicação de modelos de aprendizado de máquina e aprendizado profundo na classificação ou segmentação de tumores cerebrais em imagens médicas, reportando desempenhos elevados em bases públicas. A diferença principal em relação ao presente estudo está no foco comparativo entre dois classificadores clássicos, RF e SVM, aplicados a uma tarefa binária com uso de PCA para redução de dimensionalidade. Enquanto parte da literatura recente explora arquiteturas profundas mais complexas, este trabalho avalia modelos tradicionais com menor custo computacional e maior simplicidade de implementação, destacando seu comportamento em termos de acurácia, precisão, revocação e falsos negativos.

Apesar dos resultados promissores, este estudo apresenta algumas limitações. Uma das principais refere-se ao uso de um banco de dados clínico público, que, embora favoreça a reprodutibilidade e a transparência da pesquisa, pode não representar plenamente a diversidade e a complexidade dos dados encontrados em ambientes clínicos reais. Além disso, a ausência de validação externa com conjuntos de dados independentes limita a generalização dos resultados obtidos. Dessa forma, estudos futuros devem considerar a validação dos modelos em bases de dados mais amplas e heterogêneas, bem como investigar estratégias adicionais de otimização de hiperparâmetros para o SVM e a integração com abordagens baseadas em Deep Learning, visando aumentar a robustez e a capacidade de generalização dos modelos em cenários clínicos reais.

Mesmo diante do avanço de técnicas baseadas em Deep Learning para análise de imagens médicas [LeCun *et al.*, 2015; Litjens *et al.*, 2017], o Random Forest continua sendo uma abordagem relevante em diversas aplicações biomédicas, especialmente em cenários que demandam modelos robustos, interpretáveis e com menor propensão à ocorrência de falsos negativos.

5 Conclusão e Trabalhos Futuros

Este estudo avaliou o desempenho dos modelos Random Forest e Support Vector Machine na classificação de tumores cerebrais a partir de imagens de ressonância magnética. Os resultados indicaram que ambos os métodos apresentam potencial para aplicação em análise de imagens médicas. No entanto, o Random Forest apresentou desempenho superior, alcançando acurácia de 97,50% e menor ocorrência de falsos negativos, demonstrando maior robustez e capacidade de generalização para esse conjunto de dados.

Embora o SVM tenha apresentado desempenho competitivo, observou-se maior sensibilidade às variações dos dados e à parametrização do modelo. Apesar dos resultados promissores, limitações como o uso de um banco de dados público e a ausência de validação externa indicam a necessidade de estudos futuros com conjuntos de dados mais amplos e validação em cenários clínicos reais, a fim de ampliar a robustez e a aplicabilidade dessas abordagens em sistemas de apoio ao diagnóstico.

Declarações complementares

Agradecimentos

Os autores agradecem à Universidade UNICA – Centro Universitário, pelo apoio institucional e suporte acadêmico que contribuíram para a realização deste estudo.

Contribuições dos autores

L. A. N. Sousa: Conceitualização, Metodologia, Supervisão, Redação – revisão e edição. R. A. R. Mendes: Redação – rascunho original, Redação – revisão e edição. K. A. C. Damasceno: Redação – rascunho original, Redação – revisão e edição. M. S. G. Neto: Investigação, Análise formal, Desenvolvimento de software, Metodologia.

Conflitos de interesse

Não há conflito de interesses.

Disponibilidade de dados e materiais

Os conjuntos de dados utilizados neste estudo estão disponíveis publicamente no repositório Kaggle: “Brain Tumor Multimodal Image (CT and MRI) Dataset”. O dataset pode ser acessado em: <https://www.kaggle.com/datasets/murtozalikhon/brain-tumor-multimodal-image-ct-and-mri>.

Referências

- Abdusalomov, A. B., Mukhiddinov, M., and Whangbo, T. K. (2023). Brain tumor detection based on deep learning approaches and magnetic resonance imaging. *Cancers*, 15(16):4172. DOI: 10.3390/cancers15164172.
- Ali, A., Li, X., Mashwani, W. K., Abiad, M., Karim, F. K., and Mostafa, S. M. (2025). Multi-class brain tumor MRI segmentation and classification using deep learning and machine learning approaches. *Cancer Imaging*, 25(1):131. DOI: 10.1186/s40644-025-00953-2.
- Allahem, H., Abd El-Ghany, A. A. S. A. E.-A., Aldughayfiq, B., Alshammeri, M., and Alamri, M. (2025). A hybrid model of feature extraction and dimensionality reduction using vit, pca, and random forest for multi-classification of brain cancer. *Diagnostics*, 15(11). DOI: 10.3390/diagnostics15111392.
- Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A. J., Al-Dujaili, A., Duan, Y., Al-Shamma, O., Santamaría, J., Fadhel, M. A., Al-Amidie, M., and Farhan, L. (2021). Review of deep learning: concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *Journal of Big Data*, 8(1):53. DOI: 10.1186/s40537-021-00444-8.
- Begum, D. J. and Chokkalingam, S. P. (2025). Mri-based brain tumour detection and classification using random forest algorithm. In *Smart Innovation, Systems and Technologies*, volume 417. DOI: 10.1007/978-981-97-8355-7_7.
- Bishop, C. M. (2006). *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer.
- Breiman, L. (2001). Random forests. *Machine Learning*, 45(1):5–32. DOI: 10.1023/A:1010933404324.
- Cervantes, J., García-Lamont, F., Rodríguez, L., and Lopez-Chau, A. (2020). A comprehensive survey on support vector machine classification: Applications, challenges and trends. *Neurocomputing*, 408:189–215. DOI: 10.1016/j.neucom.2019.10.118.
- Cortes, C. and Vapnik, V. (1995). Support-vector networks. *Machine Learning*, 20(3):273–297. DOI: 10.1007/BF00994018.
- Dorfner, F. J., Patel, J. B., Kalpathy-Cramer, J., Gerstner, E. R., and Bridge, C. P. (2025). A review of deep learning for brain tumor analysis in MRI. *npj Precision Oncology*, 9(1):2. DOI: 10.1038/s41698-024-00789-2.
- Faradibah, A., Widyawati, D., Syahar, A. U., and Jabir, S. (2023). Comparison analysis of random forest classifier, support vector machine, and artificial neural network performance in multiclass brain tumor classification. *Indonesian Journal of Data and Science*, 4:54–63. DOI: 10.56705/ijodas.v4i2.73.
- Godoi, B. B., Ramos Junior, S. P., Machado Filho, G. d. M., Gomes, L. F. M., Martins, C. F. C., Costa, H. S., Figueiredo, P. H. S., and Gusmão, S. N. S. (2022). Brain tumors epidemiology in a low-income health region of brazil. *Jornal Brasileiro de Neurocirurgia*, 33(2):165–171. Available at: <https://www.jbnc.org.br/artigo/brain-tumors-epidemiology-in-a-low-income%2Dhealth-region-of-brazil/1464> Accessed: 2026-07-31.
- Guido, R., Ferrisi, S., Lofaro, D., and Conforti, D. (2024). An overview on the advancements of support vector machine models in healthcare applications: A review. *Information*, 15(4). DOI: 10.3390/info15040235.
- Hastie, T., Tibshirani, R., and Friedman, J. (2009a). *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*, volume 2. Springer, New York, 2 edition.
- Hastie, T., Tibshirani, R., and Friedman, J. (2009b). *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*. Springer, 2 edition.
- Heckel, R., Jacob, M., Chaudhari, A., Perlman, O., and Shmiron, E. (2024). Deep learning for accelerated and robust mri reconstruction. *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine*, 37:335–368. DOI: 10.1007/s10334-024-01173-8.
- International Agency for Research on Cancer (2024). Gco cancer tomorrow. Available at: <https://gco.iarc.who.int/tomorrow> Accessed: 2026-01-25.
- James, G., Witten, D., Hastie, T., and Tibshirani, R. (2013). *An Introduction to Statistical Learning with Applications in R*. Springer.
- Jolliffe, I. T. (2002). *Principal Component Analysis*. Springer, 2 edition.
- Khan, M. K. H., Guo, W., Liu, J., Dong, F., Li, Z., Patterson, T. A., and Hong, H. (2023). Machine learning and deep learning for brain tumor mri image segmentation. *Experimental Biology and Medicine*, 248(21):1974–1992. DOI: 10.1177/15353702231214259.
- Kheirollahi, M., Dashti, S., Khalaj, Z., Nazemroaia, F., and Mahzouni, P. (2015). Brain tumors: Special characters for research and banking. *Advanced Biomedical Research*, 4:4. DOI: 10.4103/2277-9175.148261.
- Kumar, K. and Jyoti, K. (2024). Machine learning for brain tumor classification: Evaluating feature extraction and algorithm efficiency. *Discover Artificial Intelligence*, 4:112. DOI: 10.1007/s44163-024-00214-4.
- Kusuma, P. V. and Reddy, S. C. M. (2025). Brain tumor segmentation and classification using mri: Modified segnet

- model and hybrid deep learning architecture with improved texture features. *Computational Biology and Chemistry*, 117. DOI: 10.1016/j.compbiolchem.2025.108381.
- LeCun, Y., Bengio, Y., and Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521:436–444. DOI: 10.1038/nature14539.
- Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., van der Laak, J. A., van Ginneken, B., and Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 42:60–88. DOI: 10.1016/j.media.2017.07.005.
- Louis, D. N., Perry, A., Wesseling, P., Brat, D. J., Cree, I. A., Figarella-Branger, D., Hawkins, C., Ng, H.-K., Pfister, S. M., Reifenberger, G., Soffietti, R., von Deimling, A., and Ellison, D. W. (2021). The 2021 who classification of tumors of the central nervous system: a summary. *Neuro-Oncology*, 23(8):1231–1251. DOI: 10.1093/neuonc/noab106.
- Martínez-Del-Río-Ortega, R., Civit-Masot, J., Luna-Perejón, F., and Domínguez-Morales, M. (2024). Brain tumor detection using magnetic resonance imaging and convolutional neural networks. *Big Data and Cognitive Computing*, 8(9):123. DOI: 10.3390/bdcc8090123.
- Murtozalikhon, M. (2024). Brain tumor multimodal image (ct and mri). Kaggle Datasets. Available at: <https://www.kaggle.com/datasets/murtozalikhon/brain-tumor-multimodal-image-ct-and-mri>. Accessed: 2025-11-09.
- Musthafa, N., Memon, Q. A., and Masud, M. M. (2025). Advancing brain tumor analysis: Current trends, key challenges, and perspectives in deep learning-based brain mri tumor diagnosis. *Eng*, 6(5):82. DOI: 10.3390/eng6050082.
- Pearson, K. (1901). On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Philosophical Magazine*, 2(11):559–572. DOI: 10.1080/14786440109462720.
- Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., Blondel, M., Müller, A., Nothman, J., Louppe, G., Prettenhofer, P., Weiss, R., Dubourg, V., VanderPlas, J., Passos, A., Cournapeau, D., Brucher, M., Perrot, M., and Duchesnay, (2011). Scikit-learn: Machine learning in python. *Journal of Machine Learning Research*, 12:2825–2830. DOI: 10.48550/arXiv.1201.0490.
- Perez, L. and Wang, J. (2017). The effectiveness of data augmentation in image classification using deep learning. *arXiv preprint*. Available at: <https://arxiv.org/abs/1712.04621>.
- Powers, D. M. W. (2011). Evaluation: From precision, recall and f-measure to roc, informedness, markedness and correlation. *Journal of Machine Learning Technologies*, 2(1):37–63. DOI: 10.48550/arXiv.2010.16061.
- Rahman, A., Hayat, M., Iqbal, N., Alarfaj, F. K., Alkhalaf, S., and Alturise, F. (2025). Enhanced MRI brain tumor detection using deep learning in conjunction with explainable AI SHAP based diverse and multi feature analysis. *Scientific Reports*, 15(1):29411. DOI: 10.1038/s41598-025-14901-4.
- Salman, H., Kalakech, A., and Steiti, A. (2024). Random forest algorithm overview. *Babylonian Journal of Machine Learning*, 2024:69–79. DOI: 10.58496/BJML/2024/007.
- Shorten, C. and Khoshgoftaar, T. M. (2019). A survey on image data augmentation for deep learning. *Journal of Big Data*, 6(1):60. DOI: 10.1186/s40537-019-0197-0.
- Sisay, A. B., Sultan, F., Abdu, M. E., and Olalekan, S. A. (2023). Magnetic resonance imaging-based brain tumor image classification performance enhancement. *Scientific African*, 22. DOI: 10.1016/j.sciaf.2023.e01963.
- Steinwart, I. and Christmann, A. (2008). *Support Vector Machines*. Springer.
- Tandel, G. S., Balestrieri, A., Jujaray, T., Khanna, N. N., Saba, L., and Suri, J. S. (2020). Multiclass magnetic resonance imaging brain tumor classification using artificial intelligence paradigm. *Computers in Biology and Medicine*, 122:103804. DOI: 10.1016/j.compbiomed.2020.103804.
- Vankdothu, R. and Hameed, M. A. (2022). Brain tumor segmentation of mr images using svm and fuzzy classifier in machine learning. *Measurement: Sensors*, 24:100440. DOI: 10.1016/j.measen.2022.100440.
- Wang, S. and Li, M. (2025). Comparative analysis of machine learning techniques on the brats dataset for brain tumor classification. *Frontiers in Oncology*, 15. DOI: 10.3389/fonc.2025.1596718.