Journal of Health Informatics

J Health Inform. 2026;18:e1867
DOI: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1867

ARTIGO COMPLETO
CBIS 2026

Abordagem multimodal híbrida baseada em aprendizado profundo para triagem dermatológica na Atenção Básica

Hybrid multimodal deep learning approach for dermatological screening in primary care

Sérgio Medeiros Fonte[1] ✉, Martony Demes da Silva[1], Keylla Maria de Sá Urtiga Aita[1]

ORCID: 0009-0007-3171-0530 · 0000-0001-5343-2219 · 0000-0002-5388-5303

[1] Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina (PI), Brasil.

FICHA DO ARTIGO

TIPO
Artigo completo · CBIS 2026

IDENTIFICADOR
e1867

DOI
10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1867

RECEBIDO
17/05/2026

APROVADO
20/07/2026

PROCESSO DE AVALIAÇÃO
Double Blind Review

EDITOR RESPONSÁVEL
Juliano de Souza Gaspar

ACESSO
Aberto, CC BY 4.0

AUTOR CORRESPONDENTE
Sérgio Medeiros Fonte
sergio.fonte@ufpi.edu.br

LICENÇA

Este é um artigo publicado em acesso aberto sob a licença Creative Commons CC BY 4.0, que permite uso, distribuição e reprodução em qualquer meio, desde que o trabalho original seja corretamente citado.

CC BY 4.0

RESUMO

Objetivo: avaliar o efeito de decisões metodológicas sobre a confiabilidade de um sistema de apoio à decisão clínica (SADC) para triagem dermatológica na Atenção Básica. **Método:** sobre o HAM10000 (10.015 dermatoscopias, sete classes), adotou-se partição e validação cruzada agrupadas por lesão (sem vazamento) e um desenho fatorial 2×2 cruzando balanceamento de imagem e fusão de metadados; embeddings de uma EfficientNetB3 alimentaram o XGBoost, com calibração do limiar para triagem. **Resultados:** a CNN fim a fim colapsou na classe majoritária; o balanceamento na imagem foi o fator de maior impacto (AUC OVR 0,815→0,853) e o metadado clínico agregou no classificador (AUC 0,883). Calibrado o limiar, a sensibilidade para lesões de alto risco atingiu 90%. **Conclusão:** a abordagem é promissora como ferramenta de segunda opinião, mas ainda sem maturidade para uso clínico autônomo.

Descritores: Aprendizagem Profunda; Melanoma; Sistemas de Apoio a Decisões Clínicas.

ABSTRACT

Objective: to assess the effect of methodological decisions on the reliability of a clinical decision support system (CDSS) for dermatological screening in Primary Care. **Method:** on HAM10000 (10,015 dermoscopic images, seven classes), we adopted lesion-grouped partitioning and cross-validation (leakage-free) and a 2×2 factorial design crossing image balancing and metadata fusion; embeddings from an EfficientNetB3 fed XGBoost, with decision-threshold calibration for screening. **Results:** the end-to-end CNN collapsed onto the majority class; image-space balancing was the highest-impact factor (OVR AUC 0.815→0.853) and clinical metadata helped at the classifier (AUC 0.883). After threshold calibration, sensitivity for high-risk lesions reached 90%. **Conclusion:** the approach is promising as a second-opinion tool, yet not mature for autonomous clinical use.

Keywords: Deep Learning; Melanoma; Decision Support Systems, Clinical.

CBIS 2026 XXI CONGRESSO BRASILEIRO DE INFORMÁTICA EM SAÚDE

Artigo apresentado no XXI Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2026), realizado de 23 a 25 de setembro de 2026, em Brasília (DF), e publicado na seção CBIS 2026 do Journal of Health Informatics.

COMO CITAR ESTE ARTIGO: Fonte SM, da Silva MD, Aita KMSU. Abordagem multimodal híbrida baseada em aprendizado profundo para triagem dermatológica na Atenção Básica. J Health Inform 2026;18:e1867. doi: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1867

1 INTRODUÇÃO

O câncer de pele é a neoplasia mais frequente no Brasil, com estimativa superior a 200 mil novos casos anuais [1]. O melanoma, embora minoritário em incidência, concentra a maior letalidade pela rápida progressão metastática; a detecção precoce eleva a sobrevida em cinco anos para mais de 95% [2], mas depende de avaliação dermatoscópica especializada que, no Sistema Único de Saúde (SUS), é escassa fora das capitais. Na Atenção Básica, a triagem inicial recai sobre médicos generalistas sem treinamento dermatoscópico formal.

Cabe uma delimitação de escopo: este trabalho trata de triagem (classificação e ordenamento de lesões por risco para encaminhamento), e não de diagnóstico definitivo, que permanece atribuição médica. Sistemas de Apoio à Decisão Clínica (SADC) baseados em Aprendizado Profundo demonstram acurácia equiparável à de especialistas na classificação de imagens dermatoscópicas [3,4]. Sua utilidade na rede pública é atuar como filtro probabilístico de segunda opinião, cujo ganho advém da interação humano-IA e não da automação isolada [5], com viabilidade já reportada na própria Atenção Primária [6] e em ensaios prospectivos com não especialistas [7]. Contudo, modelos treinados sobre conjuntos desbalanceados sofrem colapso preditivo (*predictive collapse*): a rede minimiza a perda predizendo a classe majoritária, mantendo alta acurácia global, mas inviabilizando a detecção das classes minoritárias clinicamente críticas [8].

A literatura explora majoritariamente redes neurais convolucionais (CNNs) com aprendizado por transferência, eventualmente combinadas a metadados clínicos por fusão tardia [9,10], ou classificadores clássicos sobre características extraídas da lesão [11]. Três questões, porém, recebem atenção insuficiente: (a) o vazamento de dados (*data leakage*) por lesão, já que o HAM10000 contém múltiplas imagens da mesma lesão; (b) onde integrar os metadados clínicos, na rede ou no classificador; e (c) a calibração do limiar de decisão para triagem, em que falsos negativos são desproporcionalmente custosos. Este trabalho tem por objetivo avaliar o efeito dessas decisões metodológicas sobre a confiabilidade de um SADC dermatológico, sob protocolo livre de vazamento. A Seção 2 apresenta os métodos; a 3, os resultados; a 4, a discussão; e a 5 conclui.

2 MÉTODOS

2.1 Base de dados e amostragem agrupada por lesão

Utilizou-se o HAM10000 [12], com 10.015 imagens dermatoscópicas em sete classes: Ceratose Actínica/Carcinoma Intraepitelial (akiec), Carcinoma Basocelular (bcc), Lesões Queratósicas Benignas (bkl), Dermatofibroma (df), Melanoma (mel), Nevo Melanocítico (nv) e Lesões Vasculares (vasc). A distribuição é severamente desbalanceada (nv ≈ 67%; df e vasc somam < 3%). Cada amostra inclui metadados clínicos (idade, sexo, localização anatômica). As 57 amostras sem metadados demográficos foram excluídas (9.958 imagens); idades faltantes remanescentes receberam a mediana amostral. A classe akiec (pré-maligna/*in situ*) é agrupada com as malignas na triagem por exigir encaminhamento.

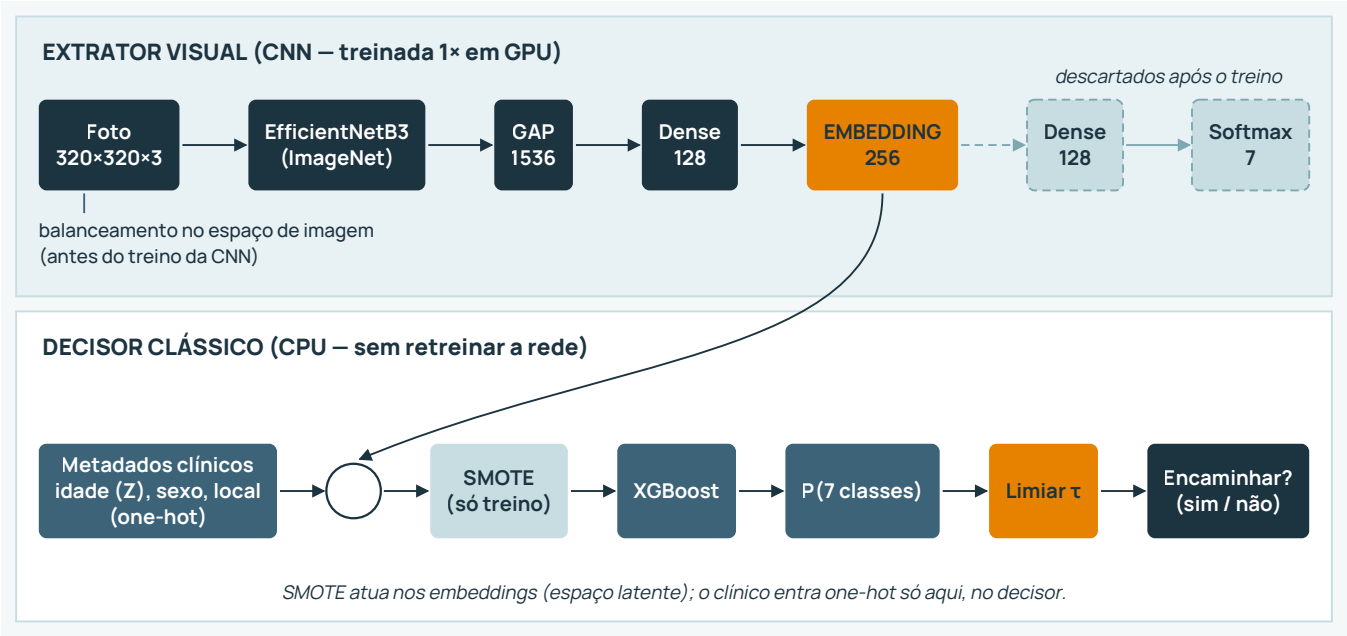
O HAM10000 contém ≈ 7.470 lesões para 10.015 imagens. Uma divisão por imagem coloca fotos de uma mesma lesão em treino e teste, configurando vazamento de dados e superestimação. Para evitá-lo, a divisão foi estritamente agrupada pelo identificador da lesão (lesion_id) via GroupShuffleSplit (70/10/20; random_state=42). A restrição de agrupamento é prioritária sobre a estratificação por classe no *split* inicial; para mitigar a instabilidade das classes minoritárias, a validação cruzada usou Stratified Group K-Fold (cinco dobras), também agrupada por lesão.

2.2 Arquitetura, pré-processamento e desenho fatorial

As imagens foram redimensionadas para 320×320 pixels (a EfficientNetB3 é totalmente convolucional e aceita entradas de dimensão variável; a resolução um pouco acima da nativa de 300×300 preserva detalhes finos da lesão), com aumento de dados (*data augmentation*) estocástico restrito ao treino (rotações, espelhamentos, brilho/contraste, matiz/saturação, desfoque e oclusão). A idade recebeu normalização Z-Score; a localização foi codificada de forma ordinal no ramo neural e *one-hot* na fusão pelo classificador.

A arquitetura adota fusão tardia: o ramo visual emprega a EfficientNetB3 [13], pré-treinada em ImageNet (saída por Global Average Pooling de 1.536 dimensões), escolhida pelo compromisso entre capacidade e custo computacional (compatível com a GPU T4 do Google Colab); o ramo clínico processa os três atributos por uma rede de múltiplas camadas (MLP). As representações concatenam-se em uma camada densa de 256 unidades, seguida de softmax. O treinamento usa Categorical Focal Loss (γ=2,0; α=0,75) [14] e Adam (lr 10^{-4}). Para isolar cada componente, treinaram-se quatro variantes em desenho fatorial 2×2 (apenas imagem vs. multimodal na rede × com/sem balanceamento no espaço de imagem). O balanceamento na imagem reamostra o treino para um alvo comum por classe, deixando o *augmentation* gerar variabilidade na origem.

Figura 1. Visão geral do *pipeline* de melhor desempenho: a EfficientNetB3 (só-imagem, balanceada) gera *embeddings* de 256 dimensões que o XGBoost funde aos metadados clínicos *one-hot*, comparando a probabilidade de alto risco ao limiar de triagem τ.



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

2.3 Pipeline híbrido, mitigação de desbalanceamento e limiar

A camada densa de 256 dimensões da CNN treinada foi usada como extratora de vetores de características (*embeddings*). Sobre eles treinaram-se classificadores clássicos (XGBoost [15], Random Forest [16], SVM, Naive Bayes), reportando-se acurácia, F1-Score Macro e AUC (área sob a curva) ROC no esquema One-versus-Rest (OVR), priorizando as duas últimas por penalizarem o viés à classe majoritária. Compararam-se dois eixos de mitigação de desbalanceamento: o SMOTE [17] sobre os *embeddings* (k=5) e o balanceamento no espaço de imagem. Para a triagem, definiu-se a detecção de qualquer lesão de alto risco clínico (P(mel)+P(bcc) +P(akiec) ≥ τ) e variou-se o limiar τ para atingir sensibilidade clinicamente aceitável (≥ 85%). A Figura 1 sintetiza o *pipeline*.

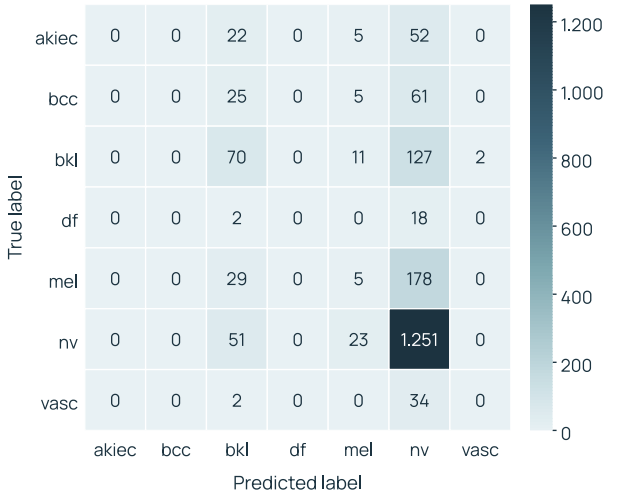
2.4 Aspectos éticos

O estudo utilizou exclusivamente o HAM10000, base pública, aberta e anonimizada [12]. Conforme a Resolução CNS 510/2016, o uso de dados públicos secundários sem possibilidade de identificação dispensa submissão a Comitê de Ética em Pesquisa (CEP). Declara-se conformidade com a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD). Os scripts estão disponíveis em: https://github.com/sfonte23/triagem-derma-multimodal.

3 RESULTADOS

A avaliação usou o teste reservado por lesão (1.973 imagens, 382 de alto risco). A configuração de partida (CNN multimodal fim a fim) sofre colapso preditivo, concentrando as predições em Nevo Melanocítico (Figura 2), com sensibilidade criticamente baixa nas classes de alto risco. Contudo, o XGBoost sobre os mesmos *embeddings* recupera essa sensibilidade: a rede não colapsou na extração de características, mas na camada de decisão (softmax) sob a pressão do gradiente majoritário. A projeção t-SNE (Figura 3) confirma que as classes de alto risco formam agrupamentos próprios no espaço latente, validando o desacoplamento CNN-extratora + classificador clássico.

Figura 2. Matriz de confusão da CNN multimodal fim a fim (teste por lesão): predições concentradas em Nevo Melanocítico.



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Tabela 1. Desenho fatorial do XGBoost com SMOTE sobre embeddings (teste por lesão). A última linha é a configuração de melhor desempenho.

Tipo	Ramo clínico	Balanc. imagem	Acur.	F1-Macro	AUC OVR
Multimodal	Na rede	Não	61,7%	0,290	0,763
Apenas imagem	Sem	Não	67,7%	0,313	0,815
Apenas imagem	Sem	Sim	68,8%	0,373	0,853
Multimodal	Na rede	Sim	70,5%	0,402	0,868
Multimodal	No classificador	Sim	71,3%	0,409	0,883

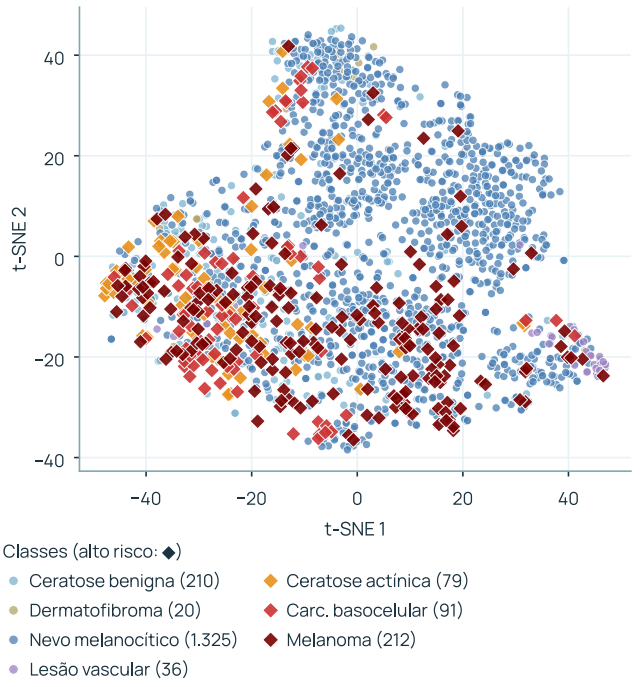
Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Tabela 2. Pontos de operação do pipeline de melhor desempenho para triagem de qualquer lesão de alto risco clínico (teste por lesão). Em negrito, o ponto adotado (τ=0,02).

Ponto	τ	Sensib.	Especif.	PPV	Encam.	mel/bcc/akiec
Padrão	0,50	42%	92%	56%	15%	36/51/49%
Triagem	0,05	85%	71%	41%	40%	78/92/95%
Adotado	0,02	90%	62%	36%	49%	84/97/99%

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Figura 3. Projeção t-SNE dos *embeddings* de 256 dimensões (teste). Cores quentes: classes de alto risco (mel, bcc, akiec); cores frias: benignas.



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

O XGBoost apresentou a maior AUC OVR em todas as quatro configurações do desenho fatorial (superando Random Forest e SVM), sendo adotado como decisor. A Tabela 1 consolida o fatorial. Três efeitos destacam-se: (i) o balanceamento no espaço de imagem é o fator de maior impacto (AUC OVR 0,815→0,853 no apenas imagem), superando o SMOTE latente; (ii) sem balanceamento, o clínico fundido na rede degrada o desempenho (apenas imagem, 0,815, supera o multimodal na rede, 0,763); (iii) com balanceamento, o clínico agrega independentemente de onde é fundido, com as duas variantes multimodais em empate técnico (0,868 na rede vs. 0,883 no classificador; faixas de validação cruzada sobrepostas). Adotou-se a fusão *one-hot* no classificador não por superioridade estatística, mas por não exigir retreinar a rede, tornando o *pipeline* modular e auditável (AUC OVR 0,883; F1-Macro 0,409).

A discriminação alta, porém, só se converte em sensibilidade clínica pela calibração do limiar. A Tabela 2 apresenta pontos de operação para a detecção binária de alto risco (AUC 0,85). No limiar padrão (τ=0,50), a sensibilidade é de apenas 42%, inadequada para triagem. Reduzindo τ, a sensibilidade cresce ao custo da especificidade. Adotou-se τ=0,02, atingindo 90% de sensibilidade (84% Melanoma, 97% Carcinoma Basocelular, 99% Ceratose Actínica), com especificidade de 62%, valor preditivo positivo (PPV) de 36% e ≈ 49% de encaminhamento.

4 DISCUSSÃO

Os achados sustentam que o método determina a confiabilidade: as mesmas redes, sob decisões metodológicas corretas, passam de um desempenho inflado por vazamento a um resultado honesto e útil. O balanceamento no espaço de imagem supera o SMOTE no espaço latente porque a interpolação sintética em 256 dimensões tende a gerar amostras em regiões de fronteira, aumentando a sobreposição entre classes; a reamostragem na imagem deixa o *augmentation* gerar variabilidade realista na origem. O metadado clínico só agrega após o balanceamento, pois, sem ele, a dominância de gradiente da classe majoritária dissipa o sinal clínico durante o treino conjunto.

Em triagem, a métrica que importa não é a acurácia global (enganosa sob desbalanceamento), mas a sensibilidade às classes de alto risco, cujo complemento é o falso negativo (FN): uma lesão maligna não encaminhada. O FN é assimetricamente mais grave que

o falso positivo (FP), um encaminhamento posteriormente revisado. Por isso, o limiar baixo adotado (τ=0,02) não é arbitrário: é a consequência de calibrar o ponto de operação para a sensibilidade-alvo sobre escores não calibrados, comportamento esperado sob desbalanceamento e sensível a vieses de calibração em imagem médica [18].

Limitações. Quatro limitações delimitam o alcance. A primeira é intrínseca ao ponto de operação: a sensibilidade de Melanoma (84%) é a menor entre as classes de alto risco (1 em 6 escapa), e o PPV de 36% com 49% de encaminhamento impõe carga operacional. As outras três decorrem da dependência do HAM10000: (a) base eurocêntrica, com sub-representação dos fototipos III a VI de Fitzpatrick (escala de I, mais clara, a VI, mais escura), sobre os quais tanto o desempenho quanto o próprio benefício do apoio por IA diferem [19-21], um risco de equidade para a população brasileira; (b) imagens dermatoscópicas, não de *smartphone*, como seria na Atenção Básica; e (c) ausência de validação externa em base independente.

5 CONCLUSÕES

Avaliou-se uma arquitetura multimodal híbrida para triagem dermatológica no HAM10000, sob protocolo livre de vazamento por lesão. A partição agrupada por lesão é indispensável; o balanceamento no espaço de imagem supera o SMOTE latente; e a fusão clínica *one-hot* no classificador agrega por modularidade e custo, não por superioridade estatística. A melhor configuração atinge AUC OVR de 0,883 e, calibrada para triagem, 90% de sensibilidade para lesões de alto risco. Em virtude da especificidade limitada e do viés de domínio do conjunto de treino, a solução ainda não possui maturidade clínica para uso autônomo; seu papel é o de filtro conservador de segunda opinião, sob supervisão médica, apoiando a priorização das filas de regulação dermatológica no SUS. Como trabalhos futuros, propõem-se a validação em base brasileira com diversidade de fototipos, a comparação sistemática de arquiteturas extratoras, a calibração assimétrica focada em falsos negativos, a adaptação de domínio para *smartphone* e a varredura do k do SMOTE.

Contribuição dos autores. Os autores contribuíram igualmente em todas as etapas de construção do artigo: concepção e delineamento do estudo; coleta, análise e interpretação dos dados; redação e revisão crítica do manuscrito; e aprovação da versão final.

Agradecimentos. À Universidade Federal do Piauí (UFPI) e ao Centro de Educação Aberta e a Distância (CEAD) pelo apoio institucional.

Financiamento. À coordenação do projeto +Saúde (PI 13148-2025) e ao programa de Iniciação Científica Voluntária (ICV) da UFPI pela oportunidade de pesquisa.

Disponibilidade de dados e materiais. Os dados estão disponíveis no site https://www.kaggle.com/datasets/kmader/skin-cancer-mnist-ham10000 para utilização pública.

Conflitos de interesse. Os autores não têm vínculos com instituições que tenham interesse comercial na pesquisa e seus resultados.

Declaração de uso de IA. Declara-se o uso de ferramentas de IA generativa (Anthropic Claude, Google Gemini e OpenAI ChatGPT) para apoio à revisão linguística, organização estrutural e geração de scripts em Python para análise e visualização de dados. O autor revisou e editou todo o conteúdo, assumindo integral responsabilidade. Todos os resultados quantitativos foram gerados pelo autor com bibliotecas científicas auditáveis (TensorFlow, scikit-learn, XGBoost, imbalanced-learn). Nenhum dado, tabela, resultado ou referência foi fabricado por IA.

REFERÊNCIAS

1. Santos MO, Lima FCS, Martins LFL, Oliveira JFP, Almeida LM, Cancela MC. Estimativa de Incidência de Câncer no Brasil, 2023-2025. Rev Bras Cancerol. 2023;69(1):e-213700. doi: https://doi.org/10.32635/2176-9745.rbc.2023v69n1.3700
2. Siegel RL, Giaquinto AN, Jemal A. Cancer statistics, 2024. CA Cancer J Clin. 2024;74(1):12-49. doi: https://doi.org/10.3322/caac.21820
3. Esteva A, Kuprel B, Novoa RA, Ko J, Swetter SM, Blau HM, et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. Nature. 2017;542(7639):115-8. doi: https://doi.org/10.1038/nature21056
4. Haenssle HA, Fink C, Schneiderbauer R, Toberer F, Buhl T, Blum A, et al. Man against machine: diagnostic performance of a deep learning convolutional neural network for dermoscopic melanoma recognition in comparison to 58 dermatologists. Ann Oncol. 2018;29(8):1836-42. doi: https://doi.org/10.1093/annonc/mdy166
5. Krakowski I, Kim J, Cai ZR, Daneshjou R, Lapins J, Eriksson H, et al. Human-AI interaction in skin cancer diagnosis: a systematic review and meta-analysis. NPJ Digit Med. 2024;7(1):78. doi: https://doi.org/10.1038/s41746-024-01031-w
6. Escalé-Besa A, Yélamos O, Vidal-Alaball J, Fuster-Casanovas A, Miró Catalina Q, Börve A, et al. Exploring the potential of artificial intelligence in improving skin lesion diagnosis in primary care. Sci Rep. 2023;13(1):4293. doi: https://doi.org/10.1038/s41598-023-31340-1
7. Dreiseitl S, Binder M, Hable K, Kittler H. Computer versus human diagnosis of melanoma: evaluation of the feasibility of an automated diagnostic system in a prospective clinical trial. Melanoma Res. 2009;19(3):180-4. doi: https://doi.org/10.1097/CMR.0b013e32832a1e41
8. Johnson JM, Khoshgoftaar TM. Survey on deep learning with class imbalance. J Big Data. 2019;6(1):27. doi: https://doi.org/10.1186/s40537-019-0192-5

9. Gessert N, Nielsen M, Shaikh M, Werner R, Schlaefer A. Skin lesion classification using ensembles of multi-resolution EfficientNets with meta data. MethodsX. 2020;7:100864. doi: https://doi.org/10.1016/j.mex.2020.100864
10. Tang P, Yan X, Nan Y, Xiang S, Krammer S, Lasser T. FusionM4Net: A multi-stage multi-modal learning algorithm for multi-label skin lesion classification. Med Image Anal. 2022;76:102307. doi: https://doi.org/10.1016/j.media.2021.102307
11. Ruiz D, Berenguer V, Soriano A, Sánchez B. A decision support system for the diagnosis of melanoma: A comparative approach. Expert Systems with Applications. 2011;38(12):15217-23. doi: https://doi.org/10.1016/j.eswa.2011.05.079
12. Tschandl P, Rosendahl C, Kittler H. The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions. Sci Data. 2018;5:180161. doi: https://doi.org/10.1038/sdata.2018.161
13. Tan M, Le QV. EfficientNet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks. In: Proceedings of the International Conference on Machine Learning (ICML); 2019. p. 6105-14.
14. Lin TY, Goyal P, Girshick R, He K, Dollar P. Focal Loss for Dense Object Detection. In: 2017 IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV). [s.l.]: IEEE; 2017. p. 2999-3007. doi: https://doi.org/10.1109/iccv.2017.324
15. Chen T, Guestrin C. XGBoost. In: Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining. New York, NY, USA: ACM; 2016. p. 785-94. doi: https://doi.org/10.1145/2939672.2939785
16. Breiman L. Random Forests. Machine Learning. 2001;45(1):5-32. doi: https://doi.org/10.1023/a:1010933404324
17. Chawla NV, Bowyer KW, Hall LO, Kegelmeyer WP. SMOTE: Synthetic Minority Over-sampling Technique. J Artif Intell Res. 2002;16:321-57. doi: https://doi.org/10.1613/jair.953
18. Ricci Lara MA, Mosquera C, Ferrante E, Echeveste R. Towards Unraveling Calibration Biases in Medical Image Analysis. In: Lecture Notes in Computer Science. Cham: Springer Nature Switzerland; 2023. p. 132-41. doi: https://doi.org/10.1007/978-3-031-45249-9_13
19. Daneshjou R, Vodrahalli K, Novoa RA, Jenkins M, Liang W, Rotemberg V, et al. Disparities in dermatology AI performance on a diverse, curated clinical image set. Sci Adv. 2022;8(32):eabq6147. doi: https://doi.org/10.1126/sciadv.abq6147
20. Adamson AS, Smith A. Machine Learning and Health Care Disparities in Dermatology. JAMA Dermatol. 2018;154(11):1247-8. doi: https://doi.org/10.1001/jamadermatol.2018.2348
21. Groh M, Badri O, Daneshjou R, Koochek A, Harris C, Soenksen LR, et al. Deep learning-aided decision support for diagnosis of skin disease across skin tones. Nat Med. 2024;30(2):573-83. doi: https://doi.org/10.1038/s41591-023-02728-3

NOTAS EDITORIAIS

O Journal of Health Informatics é uma publicação científica mantida pela Sociedade Brasileira de Informática em Saúde, associação científica sem fins lucrativos dedicada ao desenvolvimento da Informática em Saúde e da Saúde Digital no Brasil. O processo editorial é conduzido com independência científica, sem interferência institucional, comercial ou de patrocinadores, e segue as boas práticas internacionais de ética em publicação científica.

Este artigo foi avaliado por pares, em sistema duplo-cego, por especialistas da área. A equipe editorial usou ferramentas de inteligência artificial, com supervisão humana, na triagem inicial, na conferência do texto, das referências e dos números e, quando necessário, no redesenho de figuras, quadros e tabelas, aprovado pelos autores na prova. As ferramentas e as salvaguardas estão na Política de uso de inteligência artificial da revista. As decisões editoriais foram tomadas por pessoas.

SBIS Sociedade Brasileira de Informática em Saúde