

# Agrupamento de Imagens Tumorais de MRI utilizando Extração de Descritores baseados em Séries Temporais

José Gilberto B. de Medeiros Júnior<sup>1</sup>, Carlos Andrés Ferrero<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal de Santa Catarina (IFSC) - Campus Lages  
Rua Heitor Villa Lobos, 222 - 88506-400 - Lages - SC - Brasil

medeiros.gilberto.br@gmail.com, andres.ferrero@ifsc.edu.br

**Abstract.** *In the category of tumors primarily located in the brain, gliomas are the most common and aggressive. The identification of these tumors together with early treatment is the key to the patient's well-being. In this article, a method is proposed for the representation of images as time series, tumor shape descriptors, and the use of clustering methods using Euclidean and DTW distances, obtaining a silhouette coefficient of 0.639 with the DTW distance grouping 60% of cases. The experiments performed showed preliminary results that need to be evaluated by domain experts.*

**Resumo.** *Na categoria de tumores com localização primária no cérebro, os gliomas são os mais comuns e agressivos. A identificação desses tumores junto ao tratamento precoce é a chave para o bem estar do paciente. Neste artigo é proposto um método para a representação de imagens como séries temporais, descritores do formato do tumor, e a utilização de métodos de agrupamento utilizando as distancias euclidiana e DTW, obtendo um coeficiente de silhueta de 0,639 com a distancia DTW, agrupando 60% dos casos. Os experimentos realizados mostraram resultados preliminares que precisam ser avaliados por especialistas do domínio.*

## 1. Introdução

Na década de 2010, os gliomas foram os tipos de tumores cerebrais primários mais frequentes em adultos, afetando as células gliais, responsáveis pela proteção dos neurônios (Bauer et al., 2013). No Brasil, de acordo com o Instituto Nacional de Câncer (INCA), aproximadamente 2% dos tumores têm incidência no cérebro, destes, 42% são gliomas. Os glioblastomas são o subtipo dos gliomas mais comum em adultos e considerado o mais agressivo, classificados como categoria IV pela OMS, possuem uma taxa de mortalidade entre 12 e 18 meses e uma taxa de sobrevivência em 5 anos de 5% (Delgado-López e Corrales-García, 2016) e (Goodenberger e Jenkins, 2012).

A análise de *magnetic resonance imaging* (MRI) é uma forma de diagnóstico utilizado para diversas doenças neurológicas. A segmentação manual é o padrão para análises de imagens *in vivo*, imagens de um organismo ou tecido vivo. Entretanto, essa segmentação manual requer esboçar as estruturas individualmente, o que torna a tarefa não somente extensiva e tediosa, mas suscetível a erros humanos (Akkus et al., 2017).

Segundo Akkus et al. (2017), houve um esforço significativo no desenvolvimento de algoritmos de aprendizado de máquina para a segmentação de tecidos cerebrais normais e anormais em imagens de ressonância magnética. Esses esforços recentes mostraram potencial significativo na utilização de algoritmos de aprendizado profundo para

segmentação automática de imagens de ressonância magnéticas cerebrais. Kanani e Padole (2020) apresentam o uso de técnicas envolvendo séries temporais aplicadas com sucesso em diferentes domínios da saúde. A representação de formas em imagens por meio de séries temporais tem sido aplicada com sucesso para a proposta e avaliação de novos métodos de agrupamento e classificação de séries temporais (Batista et al., 2014).

O objetivo deste trabalho consiste em analisar imagens de tumores de ressonância magnética utilizando técnicas de processamento de imagens e de mineração de séries temporais. Para alcançar esse objetivo é proposto um método para processar imagens de tumores cerebrais de ressonância magnética, que permite representar as formas encontradas nessas imagens no formato de séries temporais e, dessa forma, aplicar técnicas de mineração de séries temporais para descoberta de padrões<sup>1</sup>.

O restante do artigo é organizado como segue: na Seção 2 são apresentados os trabalhos relacionados; na Seção 3 é descrito o método proposto para o desenvolvimento deste trabalho; na Seção 4 são apresentados e discutidos os resultados; e na Seção 5 são relacionadas as conclusões e os trabalhos futuros.

## 2. Trabalhos Relacionados

Trabalhos encontrados na literatura focam principalmente na segmentação de imagens de ressonância magnética por meio do uso de redes neurais convolucionais. A abordagem utilizada por Pereira et al. (2016) coleta as imagens e passam por um *patch extraction* e *patch pre-processing* para serem aplicadas como entradas na rede neural convolucional. Havaei et al. (2016) já apresenta uma abordagem diferente da anterior, ao invés de aplicar a segmentação em uma imagem 3D, formato original da imagem do conjunto de dados, o trabalho foca em gerar imagens 2D a partir da imagem original e aplicar a segmentação em cada uma destas imagens geradas. Sendo assim, o modelo processa cada *slice* gerado.

Iqbal et al. (2018) explora três modelos pré-treinados e modificados para resolução do problema. No primeiro modelo, é utilizado o *SkipNet* com uma modificação nos blocos internos de *encoder* e *decoder*. No segundo modelo, é utilizado o *Interpolated Network*, implementado com base na arquitetura original do VGG. No terceiro modelo, o SeNet, duas abordagens são utilizadas: a primeira utiliza uma subamostra baseada em *up-Quine*; a segunda utiliza uma extensão de blocos *Squeeze-and-Excitation* do *SkipNet*.

Zhou et al. (2019) propõe uma *One-pass Multi-task neural network*, primeiramente integra as tarefas de segmentação separadas em um modelo. Em seguinte é realizada uma otimização com base na correlação entre as tarefas e uma estratégia de aprendizado. Por ultimo, são compartilhados os resultados das predições entre as tarefas que permite projetar um *cross-task guided attention*. Naser e Deen (2020) utilizam uma abordagem de aprendizado profundo que combina redes neurais convolucionais com base na rede U-Net para segmentação do tumor e *transfer learning* com base em uma rede VGG-16 e um classificador com *fully connected layers*.

A utilização de representações das formas tumorais encontradas nessas imagens baseadas em séries temporais pode possibilitar a aplicação de diversas técnicas de classificação e agrupamento desenvolvidas e avaliadas para esse domínio.

---

<sup>1</sup>Neste trabalho, entende-se 'formato de séries temporais' como a representação de uma série de valores, onde a ordem é importante para o domínio, não necessariamente envolvendo a dimensão tempo.

### 3. Materiais e Métodos

Essa seção cobre os materiais e métodos utilizados para o desenvolvimento do artigo, apresentando o entendimento do problema, ambiente de desenvolvimento, tecnologias, técnicas e transformações utilizadas durante o projeto, bem como todas as informações que são necessárias para o entendimento e a avaliação dos resultados obtidos.

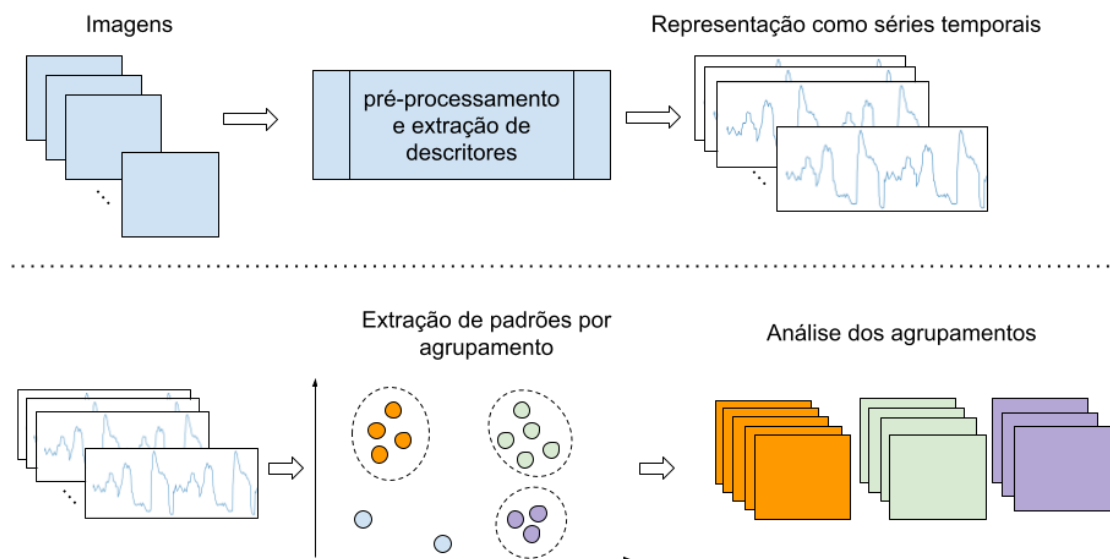


Figura 1. Visão geral do processo utilizado.

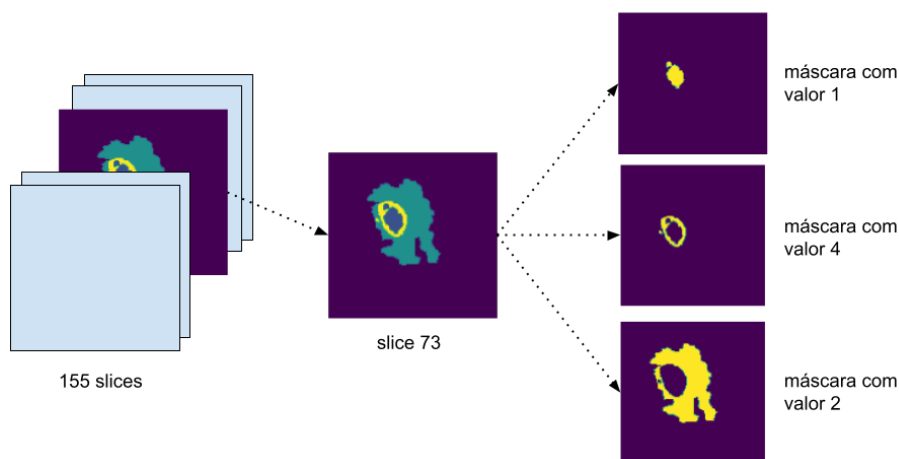
A Figura 1 apresenta uma visão geral do processo utilizado para extração de padrões das imagens. A primeira etapa consiste na aplicação do pré-processamento e do método de extração do descritor nas imagens de MRI. Após essa etapa, com a estrutura semelhante as séries temporais são aplicados algoritmos de agrupamento para a extração dos padrões, possibilitando a análise de cada agrupamento isoladamente ou em conjunto.

Para a realização do estudo e experimentos utilizando as técnicas de extração dos descritores nas imagens foi selecionado o conjunto de dados BRATS<sup>2</sup>, desafio de segmentação de imagem que tem sido realizado anualmente para avaliar o estado da arte na segmentação automática de tumores cerebrais. Consiste em conjunto de MRI de tumores cerebrais compostos de imagens 3D, possuindo imagens de treino com a segmentação já disponível. A Figura 2 exibe um exemplo de *slice* retirado do conjunto de dados. Cada imagem 3D é composta por 155 *slices* que podem ser representados por uma imagem 2D contendo 3 máscaras que representam diferentes regiões tumorais, uma máscara é uma região da imagem na qual contém um valor único para identificá-la.

#### 3.1. Representação de Imagens

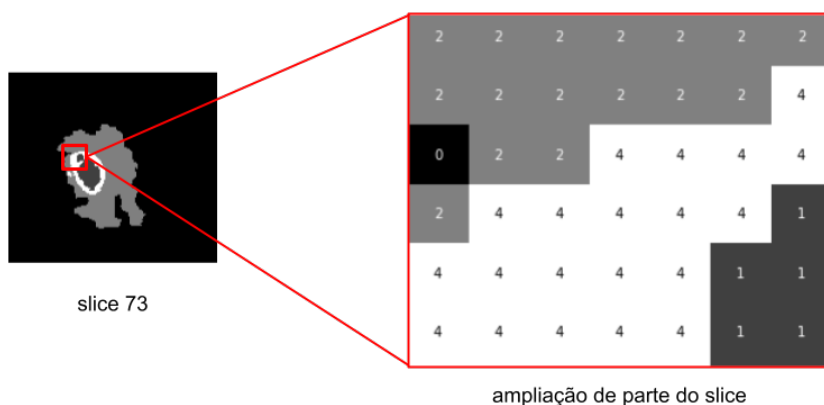
As imagens do conjunto de dados possuem a extensão *.nii* (acrônimo para *Neuroimaging Informatics Technology*), formato utilizado para representação de imagens médicas. Um pré-requisito para a aplicação dos algoritmos utilizados para extração de descritores é que a representação das imagens seja realizada através de *arrays* bidimensionais, sendo

<sup>2</sup><http://braintumorsegmentation.org/>



**Figura 2. Exemplo de *scan* e *slice***

assim, para cada MRI 3D foi calculado o *slice* que contem a maior área tumoral, que será utilizado para a aplicação do algoritmo de extração de descritor.



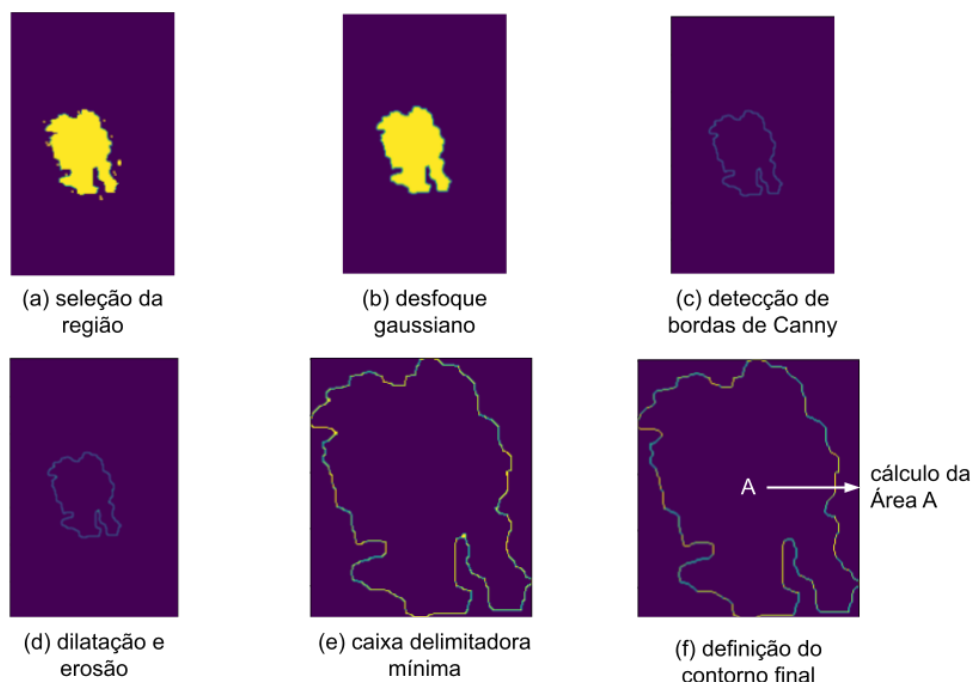
**Figura 3. Representação do conteúdo de uma imagem.**

Os algoritmos consideram que cada imagem é representada por um *array* onde cada *pixel* é representado por uma posição nesse *array*. A Figura 3 mostra um exemplo do conteúdo amplificado de uma imagem com o formato correto. Para aplicação dos algoritmos faz-se necessária uma conversão das imagens para escala de cinzas, possibilitando uma representação de um *pixel* por um único valor em cada posição do *array*, com diferentes valores únicos para cada máscara.

### 3.2. Pré-processamento e Transformações

Para a definição da região de interesse utilizada pelo algoritmo para extração do descritor é realizada uma série de transformações aplicadas na imagem original. A Figura 4 mostra as transformações utilizadas a fim de prepará-las para extração dos descritores. Entre as transformações utilizadas destacam-se o Algoritmo de Canny (Canny, 1986), utilizado para detecção de bordas, o desfoque gaussiano que segundo Gonzalez e Woods (2009) é um pré-requisito para aplicação do algoritmo de Canny, e a dilatação e erosão aplicados para remover os *gaps* restantes da detecção de bordas. As etapas de pré-processamento

são aplicadas para seleccionar qual dentre os 155 *slices* contém a maior área tumoral e que será utilizado como base para extrair o descritor em formato de série temporal.



**Figura 4. Etapas do Pré-processamento**

### 3.3. Extração do Descritor

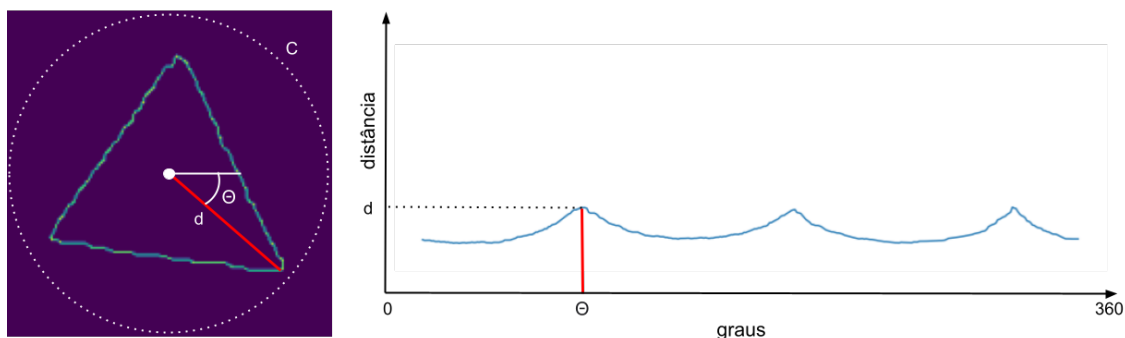
Uma vez selecionado o *slice* com maior área tumoral e definido seus contornos, é possível extrair o descritor. Um descritor de imagens permite representar a imagem em outro domínio, através de uma função de transformação. A técnica implementada e utilizada neste estudo foi proposta por Keogh et al. (2006) para transformar cada contorno da imagem em um descritor que pode ser representado como uma série temporal. Dessa forma, tornando possível a aplicação de técnicas de análises de séries temporais baseadas em similaridade para extração de padrões (Keogh et al., 2006; Batista et al., 2010).

Para que seja possível realizar a extração do descritor, é necessário que um ponto de referência seja localizado e que o mesmo esteja incluído dentro da região de interesse que será transformada. Para isso é calculado o ponto central de massa a partir do Momentum ( $M$ ) da imagem, onde  $M_{10}$  e  $M_{00}$  representam respectivamente os pontos  $x$  e  $y$  do ponto central de massa. A partir desse ponto é então criada uma circunferência artificial ao redor da nossa região de interesse baseada na equação 1:

$$C = (x_1 + \cos(\theta) \cdot r; y_1 - \sin(\theta) \cdot r) \quad (1)$$

Na qual  $C$  denota a circunferência artificial criada,  $\theta$  representa cada um dos ângulos de abertura utilizado para criação do descritor,  $x_1$  e  $y_1$  representam respectivamente os valores  $x$  e  $y$  do centro de massa da imagem e o  $r$  representa um valor de raio para criação desta circunferência artificial, o valor adotado pelo  $r$  depende diretamente da maior dimensão da imagem, seja ela altura ou largura.

Com essa estratégia é possível obter os pontos de intersecção desta reta criada com o valor do raio e o contorno detectado na imagem. Uma vez obtido esses pontos de intersecção é então calculada a distancia euclidiana entre ele e o ponto central de massa. A Figura 5 representa visualmente o processo de extração do descritor de uma imagem de exemplo.



**Figura 5. Exemplo de extração do descritor.**

Ao final do processo é gerado uma lista de distâncias onde cada valor representa um valor do eixo y e sua posição na lista representa um valor no eixo x. Gerando uma série como a representada na direita da Figura 5 na qual podemos observar valores do eixo x entre 0 e 360 e os valores variando no eixo y de acordo com a distancia ( $d$ ) até o contorno, representada pela reta em vermelho.

Uma outra abordagem é considerar o raio ( $r$ ) como um valor fixo maior que ambas as dimensões da imagem para gerar uma circunferência com tamanho superior a região de interesse e de mesmo tamanho para todas as imagens. Ambas as abordagens geram estruturas semelhantes a séries temporais podendo haver diferenças somente no formato das séries geradas.

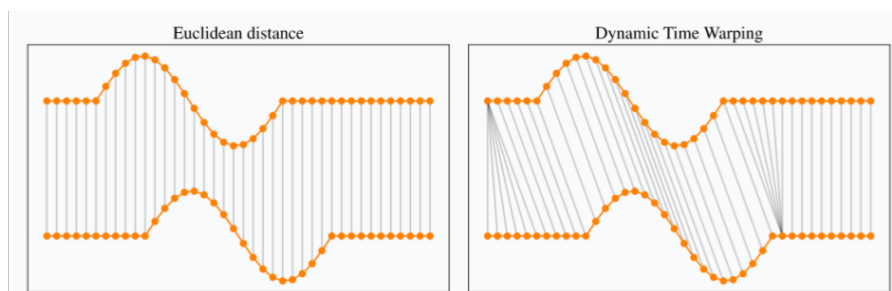
### 3.4. Agrupamento de Séries Temporais

*Clustering* é uma série de técnicas utilizadas para o agrupamento de dados baseado no seu grau de semelhança. Como resultado tem-se grupos de instâncias, também chamados de *clusters*. Para medir a similaridade das instâncias é utilizada uma medida de distância, quanto menor a distância entre as instâncias maior a similaridade entre elas.

O uso de algoritmos de *clustering* em séries temporais surge quando há a necessidade de observar um conjunto de séries temporais e deseja-se agrupá-las. Como a medida de distância é fundamental para produzir esses agrupamentos, deve-se utilizar alguma medida apropriada para séries temporais, e uma das medidas mais utilizadas para esse fim é a distância DTW (*Dynamic Time Warping*).

### 3.5. Distância DTW

A distância DTW, proposta por Berndt e Clifford (1994), tem como principal objetivo encontrar o melhor alinhamento entre duas séries temporais. De acordo com Silva e Batista (2016), tratando-se de análises de séries temporais a distância DTW é um dos algoritmos mais interessantes para medir e avaliar a distância entre duas séries. A Figura 6 apresenta a aplicação da medida de distância euclidiana, que é uma das medidas clássicas, e a DTW para duas séries temporais de exemplo com tamanho  $m$ .



**Figura 6. Comparação entre as medidas de distância Euclidiana e DTW feita por Tavenard (2021).**

Na Figura 6 é possível observar que a distância euclidiana apenas mede a distância entre os  $i$ -ésimos pontos de cada uma das séries ( $i \in [1, m]$ ), já a distância DTW procura encontrar um melhor alinhamento dos pontos para que possa minimizar o valor total da distância. Dessa forma, a distância DTW retorna um valor de distância menor ou igual (no pior dos casos) em relação a distância euclidiana.

### 3.6. Algoritmo HDBSCAN

O algoritmo HDBSCAN (*Hierarchical Density Based Spatial Clustering of Application with Noise*), proposto por Campello et al. (2013), é uma extensão do algoritmo DBSCAN que o transforma em um algoritmo de agrupamento hierárquico. A ideia básica deste algoritmo é detectar se a vizinhança de uma instância (ponto no espaço) dado um determinado raio ( $\epsilon$ ) contém outras instâncias. As instâncias podem ser classificadas em núcleo, borda e ruído (*noise*), sendo que as instâncias classificadas como núcleo e borda serão agrupadas e as instâncias classificadas como ruído não são agrupadas em nenhum grupo. As instâncias a serem agrupadas passam por uma representação em grafos para extração de uma árvore geradora mínima e identificação de componentes conectados.

Os agrupamentos podem ser avaliados com o Coeficiente de Silhueta (Rousseeuw, 1987). Esse coeficiente leva em consideração (a) a média da distância intra-*cluster* (distância comparada com os elementos dentro do *cluster* ao qual a instância faz parte) e (b) a média da distância com o *cluster* mais próximo. Para cada instância é calculado o coeficiente de silhueta como  $(b - a) / \max(a, b)$ . O valor do coeficiente de silhueta pode variar de -1 a 1, sendo que quanto mais próximo de 1 melhor é o agrupamento. Valores negativos significam que os *clusters* foram atribuídos de maneira incorreta.

## 4. Resultados e Discussão

Nessa seção serão apresentados os resultados obtidos a partir da aplicação da metodologia proposta em um conjunto de amostra contendo 150 MRI retirados do conjunto de dados BRATS. Os métodos e algoritmos propostos foram implementados utilizando a linguagem de programação *Python*<sup>3</sup> e está disponibilizado publicamente no *GitHub*<sup>4</sup>.

A Tabela 1 apresenta os resultados da avaliação experimental do método proposto utilizando o algoritmo HDBSCAN para realizar agrupamentos, comparando as técnicas de raio fixo e variável. Cada configuração experimental foi avaliada pelo (a) percentual

<sup>3</sup><https://www.python.org/>

<sup>4</sup><https://github.com/jose-gilberto/fishts>

de instâncias agrupadas, os coeficientes de silhueta considerando (b) todas as instâncias e (c) considerando apenas as instâncias agrupadas, onde quanto maior o valor melhor a configuração.

Configuração min samples	Distância	Coeficiente de Silhueta					
		Instâncias agrupadas		Todas as instâncias		Apenas agrupadas	
		Fixo	Variável	Fixo	Variável	Fixo	Variável
2	Euclidiana	44% <sup>4°</sup>	58% <sup>2°</sup>	0,031 <sup>4°</sup>	0,226 <sup>1°</sup>	0,472 <sup>6°</sup>	0,637 <sup>6°</sup>
3	Euclidiana	36% <sup>5°</sup>	55% <sup>4°</sup>	-0,033 <sup>5°</sup>	0,204 <sup>4°</sup>	0,492 <sup>5°</sup>	0,645 <sup>4°</sup>
4	Euclidiana	29% <sup>6°</sup>	56% <sup>3°</sup>	-0,073 <sup>6°</sup>	0,209 <sup>3°</sup>	0,553 <sup>3°</sup>	0,648 <sup>3°</sup>
2	DTW	48% <sup>1°</sup>	60% <sup>1°</sup>	0,066 <sup>1°</sup>	0,210 <sup>2°</sup>	0,579 <sup>1°</sup>	0,639 <sup>5°</sup>
3	DTW	46% <sup>3°</sup>	53% <sup>5°</sup>	0,043 <sup>2°</sup>	0,146 <sup>6°</sup>	0,570 <sup>2°</sup>	0,673 <sup>2°</sup>
4	DTW	48% <sup>1°</sup>	50% <sup>6°</sup>	0,041 <sup>3°</sup>	0,174 <sup>5°</sup>	0,517 <sup>4°</sup>	0,793 <sup>1°</sup>

**Tabela 1. Resultados da avaliação experimental. Comparação raio fixo e variável.**

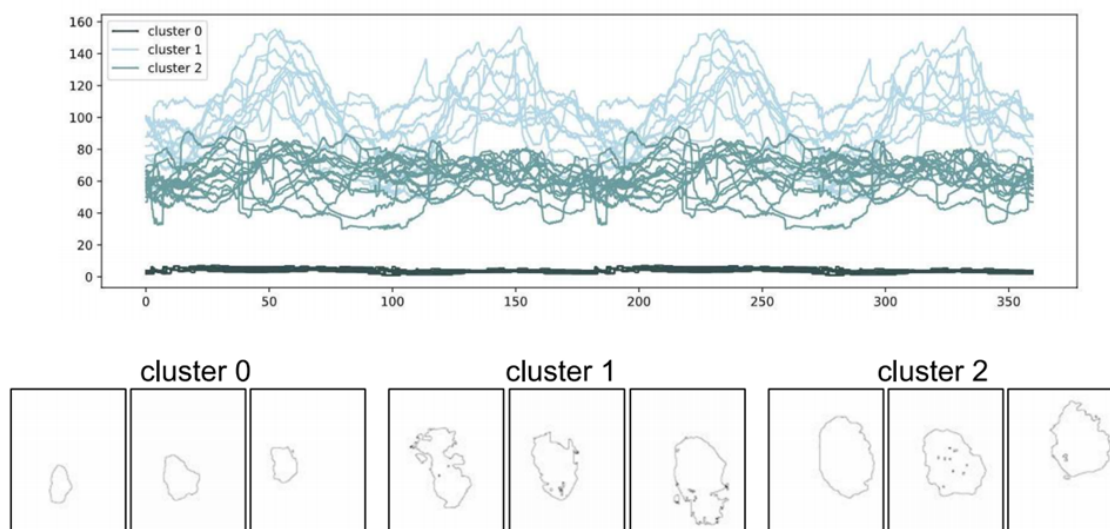
A partir dos resultados apresentados na Tabela 1 observa-se que para qualquer configuração do algoritmo HDBSCAN os valores de raio variável são maiores do que o de raio fixo, para as três medidas avaliadas. Esse fato demonstra que o raio variável permite extrair um descritor que agrupa mais instâncias e com melhor qualidade. Vale ressaltar que para todas configurações utilizadas o número resultante de agrupamentos foi 3.

É desejável que o resultado dos agrupamentos do HDBSCAN incluam mais instâncias com coeficiente de silhueta maior, no entanto o algoritmo tem tendência de agrupar apenas as instâncias que tem maior aderência ao grupo, por isso, por exemplo, ao usar min samples 4 e distância DTW foram agrupadas apenas 50% para raio variável (o menor valor para essa técnica), no entanto observa-se o maior valor de coeficiente de silhueta para essas instâncias agrupadas, 0,79. Por esse fato, para escolher a melhor configuração para cada técnica de raio utilizada foram usados os postos (*rank*) das configurações para cada técnica (sinalizado em sobrescrito ao lado de cada valor de 1 a 6). Para o raio fixo a melhor configuração foi min\_samples 2 e distância DTW, com ranking médio de 1, agrupando 48% das instâncias e coeficiente de silhueta de 0,07 considerando todas as instâncias e 0,58 considerando apenas as instâncias agrupadas. Já para o raio variável a melhor configuração foi também para min samples 2 e distância DTW, com ranking médio de 2,33, agrupando 60% das instâncias, com coeficiente de silhueta 0,210 para todas as instâncias e 0,639 para as instâncias agrupadas.

Na Figura 7 é apresentado um gráfico que mostra exemplos de instâncias pertencentes a cada agrupamento para a melhor configuração utilizando a técnica de raio variável, min samples 2 e distâncias DTW. Nessa figura é possível observar que o *cluster* 0 é composto por séries temporais com valores menores e que são semelhantes entre si, essas séries correspondem a tumores menores em relação aos outros *clusters*. Já o *cluster* 1 apresenta um intervalo de valores maior que os outros *clusters*, e observam-se semelhanças interessantes *intra-cluster* relacionadas ao formato da série temporal, que possui forte relação com o formato do tumor ao qual representa. Já o *cluster* 2 tem maior



variabilidade intra-*cluster*, em relação ao formato das séries temporais, mas ainda apresenta diferenças em comparação aos outros agrupamentos, principalmente em relação ao tamanho dos tumores os quais representam, tratam-se de tumores medianos e com alguma semelhança nos formatos.



**Figura 7. Demonstração visual dos agrupamentos encontrados.**

## 5. Conclusão e Trabalhos Futuros

Neste trabalho foi apresentado um método para minerar imagens de tumores de ressonância magnética. O método envolve técnicas de processamento de imagens e técnicas de mineração de dados de séries temporais. O método foi aplicado em um conjunto de dados de imagens pacientes diagnosticados com glioblastomas e possibilitou o estudo dos padrões nas séries. Foi realizada uma avaliação de duas técnicas utilizadas no processo de transformação de uma forma em uma imagem para o formato de série temporal, em que foi constatado que a técnica de raio dinâmico apresentou melhor desempenho do que raio constante. A aplicação de técnicas de *clustering* alcançou um coeficiente de silhueta de 0,639, o que reflete na semelhança das formas encontradas nos agrupamentos, que podem auxiliar no estudo da relação dos agrupamentos e o tempo de sobrevivência do paciente. É importante ressaltar que esses resultados ainda precisam ser discutidos e avaliados por especialistas do domínio.

Trabalhos futuros incluem, estudar a existência de correlação entre os agrupamentos gerados e o tempo de sobrevivência do paciente pós-diagnóstico, que é uma informação disponível no conjunto de dados utilizado neste trabalho; apresentar o método proposto e os resultados a algum profissional especialista do domínio, no intuito de aprimorar o método e consolidar uma linha de pesquisa nessa área; e aplicar e comparar o método proposto com outras técnicas para extração de descritores de contorno presentes na literatura de processamento de imagens.

## Referências

- Akkus, Z., Galimzianova, A., Hoogi, A., Rubin, D. L., e Erickson, B. J. (2017). Deep learning for brain mri segmentation: State of the art and future directions. *JDI*, 20:449–459.
- Batista, G., Campana, B., e Keogh, E. (2010). Classification of live moths combining texture, color and shape primitives. In *2010 Ninth ICMLA*, pages 903–906.
- Batista, G. E., Keogh, E. J., Tataw, O. M., e de Souza, V. (2014). Cid: an efficient complexity-invariant distance for time series. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 28(3):634–669.
- Bauer, S., Wiest, R., Nolte, L.-P., e Reyes, M. (2013). A survey of mri-based medical image analysis for brain tumor studies. *PMB*, 58(13):R97–R129.
- Berndt, D. J. e Clifford, J. (1994). Using Dynamic Time Warping to Find Patterns in Time Series. In *Proceedings of the Workshop on KDD*, volume 10, pages 359–370.
- Campello, R. J. G. B. et al. (2013). Density-based clustering based on hierarchical density estimates. In *Adv. in Knowl. Discov. and Data Min.*, pages 160–172. Springer Berlin Heidelberg.
- Canny, J. (1986). A computational approach to edge detection. *IEEE PAMI*, 8(6):679–698.
- Delgado-López, P. D. e Corrales-García, E. M. (2016). Survival in glioblastoma: a review on the impact of treatment modalities. *Clinical and Translational Oncology*, 18.
- Gonzalez, R. C. e Woods, R. C. (2009). *Processamento digital de imagens*. Pearson Prentice Hall, 3 ed. edition.
- Goodenberger, M. L. e Jenkins, R. B. (2012). Genetics of adult glioma. *Cancer Genetics*, 205:P613–621.
- Havaei, M., Davy, A., Warde-Farley, D., Biard, A., Courville, A., Bengio, Y., Pal, C., Jodoin, P.-M., e Larochelle, H. (2016). Brain tumor segmentation with deep neural networks. *MedIA*, 35:18–31.
- Iqbal, S., Ghani, M. U., Saba, T., e Rehman, A. (2018). Brain tumor segmentation in multi-spectral mri using convolutional neural networks (cnn). *Microsc. Res. Tech.*, 81(4):419–427.
- Kanani, P. e Padole, M. (2020). Ecg heartbeat arrhythmia classification using time-series augmented signals and deep learning approach. *Procedia Comput. Sci.*, 171:524–531.
- Keogh, E., Wei, L., Xi, X., Lee, S.-H., e Vlachos, M. (2006). Lb.keogh supports exact indexing of shapes under rotation invariance with arbitrary representations and distance measures. In *Proceedings of the 32nd VLDB*, pages 882–893.
- Naser, M. A. e Deen, M. J. (2020). Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in mri images. *Comput. Biol. Med.*, 121:103758.
- Pereira, S., Pinto, A., Alves, V., e Silva, C. A. (2016). Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in mri images. *IEEE T-MI*, 35(5):1240–1251.
- Rousseeuw, P. J. (1987). Silhouettes: a graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. *J. Comput. Appl. Math.*, 20:53–65.
- Silva, D. F. e Batista, G. E. (2016). Speeding up all-pairwise dynamic time warping matrix calculation. *Proceedings of the 2016 SDM*.
- Tavenard, R. (2021). An introduction to dynamic time warping. <https://rtavenard.github.io/blog/dtw.html>. Acesso em: 03/02/2022.
- Zhou, C., Ding, C., Wang, X., Lu, Z., e Tao, D. (2019). One-pass multi-task networks with cross-task guided attention for brain tumor segmentation. *CoRR*, abs/1906.01796.