

Aceleração de Registro Não-Linear de Imagens Médicas em Três Dimensões

Thiago de Gouveia Nunes

QUALIFICAÇÃO APRESENTADA
AO
INSTITUTO DE MATEMÁTICA E ESTATÍSTICA
DA
UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
PARA
OBTENÇÃO DO TÍTULO
DE
MESTRE EM CIÊNCIAS

Programa: Ciência da Computação
Orientador: Prof. Dr. Marcel Parolin Jackowski

Durante o desenvolvimento deste trabalho o autor recebeu auxílio financeiro da CAPES

São Paulo, fevereiro de 2015

Resumo

SOBRENOME, A. B. C. **Título do trabalho em português**. 2010. 120 f. Tese (Doutorado) - Instituto de Matemática e Estatística, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010.

O registro de imagens em 3D é uma etapa essencial em várias aplicações na área médica que incluem desde análises populacionais até planejamentos cirúrgicos e de terapias. Como grande parte da constituição física humana é de tecidos moles, as deformações que ocorrem durante cirurgias ou mesmo na comparação da mesma estrutura entre diferentes indivíduos são de natureza não linear. Atualmente, estudos clínicos que envolvem milhares de indivíduos estão se tornando cada vez mais comuns, sugerindo que técnicas de aceleração de registro sejam desenvolvidas de forma a minimizar o tempo de análise. Como as técnicas de registro não linear são tradicionalmente custosas computacionalmente, o uso de *graphic processing units* (GPUs) possibilita a aceleração das diversas etapas do processo registro, como a extração de características, determinação de correspondências e cálculo das funções de deformação. Este trabalho tem como objetivo o estudo e a paralelização de técnicas de registro não linear mais utilizadas na área médica, aplicadas à arquiteturas modernas de GPU, e a avaliação de sua eficiência.

Palavras-chave: registro, palavra-chave2, palavra-chave3.

Abstract

SOBRENOME, A. B. C. **Título do trabalho em inglês**. 2010. 120 f. Tese (Doutorado) - Instituto de Matemática e Estatística, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010.

The 3D image registration is an essential step in a great number of applications in medical image, that include from population studies to surgical and therapy planing. As a big part of the human body is compose of soft tissues, the deformations that take place over a medical procedure or even in the comparison of a same body structure of different patients have a non linear nature. Presently clinical studies that involve thousands of individuals are becoming very usual, suggesting that acceleration techniques be developed to decrease the analysis time. Registration techniques are usually very computational demanding, so the use of *graphic processing units* (GPUs) creates a possibility to speedup several steps of the registration process, like the extraction of features, determination of feature correlation and the calculate of the deformation function. This project has the objective of studding and parallelizing non linear techniques that are largely used in medical imaging, apply then to an modern GPU architecture and valuate theirs efficiency.

Keywords: keyword1, keyword2, keyword3.

Sumário

Lista de Abreviaturas	ix
Lista de Símbolos	xi
Lista de Figuras	xiii
Lista de Tabelas	xv
1 Introdução	1
1.1 Objetivos	1
1.2 Organização do Trabalho	1
2 Conceitos	3
2.1 Fundamentos	3
2.1.1 Ácidos Nucléicos	3
2.1.2 Aminoácidos	3
2.2 Exemplo de Código-Fonte em Java	4
2.3 Algumas Referências	4
3 Conclusões	7
3.1 Considerações Finais	7
3.2 Sugestões para Pesquisas Futuras	7
A Sequências	9
Referências Bibliográficas	11
Índice Remissivo	12

Lista de Abreviaturas

CFT	Transformada contínua de Fourier (<i>Continuous Fourier Transform</i>)
DFT	Transformada discreta de Fourier (<i>Discrete Fourier Transform</i>)
EIIP	Potencial de interação elétron-íon (<i>Electron-Ion Interaction Potentials</i>)
STFT	Transformada de Fourier de tempo reduzido (<i>Short-Time Fourier Transform</i>)

Lista de Símbolos

ω	Frequência angular
ψ	Função de análise <i>wavelet</i>
Ψ	Transformada de Fourier de ψ

Lista de Figuras

2.1 Descrição da figura mostrada. 3

Lista de Tabelas

2.1	Códigos, abreviaturas e nomes dos aminoácidos.	4
A.1	Exemplo de tabela.	10

Capítulo 1

Introdução

O registro de imagens é uma área bem firmada e amplamente utilizada para alinhar duas ou mais imagens. Os algoritmos de registro são amplamente aplicados em várias áreas de pesquisa em visão computacional, como em imagens médicas, com o objetivo de reverter os movimentos naturais do corpo entre tomadas de imagens de um paciente, ou em reconhecimento de padrões, onde o registro é aplicado para unificar várias imagens obtidas de um satélite para formar um mapa por exemplo.

Falar sobre registro - áreas que usam registro, como ele é usado gigapixel - o que é em linhas gerais, onde começou, onde é usado registro + gigapixel - o problema de desempenho, como resolver.

1.1 Objetivos

ME QUALIFICAR

1.2 Organização do Trabalho

No Capítulo 2, apresentamos os conceitos ... Finalmente, no Capítulo 3 discutimos algumas conclusões obtidas neste trabalho. Analisamos as vantagens e desvantagens do método proposto ...

As sequências testadas no trabalho estão disponíveis no Apêndice A.

Capítulo 2

Conceitos

Explicar gigapixel explicar gpgpu explicar registro explicar os algoritmos estudados

2.1 Fundamentos

[illegible]

2.1.1 Ácidos Nucléicos

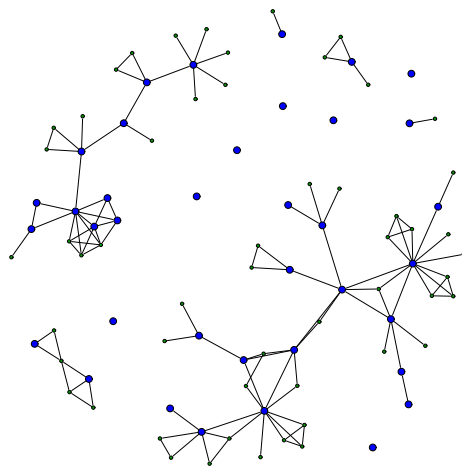
[illegible]

Figura 2.1: *Descrição da figura mostrada.*

2.1.2 Aminoácidos

Veja na Tabela 2.1... texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto
texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto
texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto
texto texto texto texto texto texto texto texto texto texto.


```
@Article{MenaChalco08,
  author   = {Jesús P. Mena-Chalco and Helaine Carrer and Yossi Zana and
              Roberto M. Cesar-Jr.},
  title    = {Identification of protein coding regions using the modified
              (G)abor-wavelet transform},
  journal  = {IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics},
  volume   = {5},
  pages    = {198-207},
  year     = {2008},
}
```

- @InProceedings: (Alves *et al.*, 2003).

```
@InProceedings{alves03:simi,
  author    = {Carlos E. R. Alves and Edson N. Cáceres and Frank Dehne and
              Siang W. Song},
  title     = {A Parallel Wavefront Algorithm for Efficient Biological
              Sequence Comparison},
  booktitle = {ICCSA '03: The 2003 International Conference on Computational Science
              and its Applications},
  year      = {2003},
  pages     = {249-258},
  month     = May,
  publisher = {Springer-Verlag}
}
```

- @InCollection: (Babaoglu e Marzullo, 1993).

```
@InCollection{bobaoglu93:concepts,
  author    = {Ozalp Babaoglu and Keith Marzullo},
  title     = {Consistent Global States of Distributed Systems: Fundamental Concepts
              and Mechanisms},
  editor    = {Sape Mullender},
  booktitle = {Distributed Systems},
  edition   = {segunda},
  year      = {1993},
  pages     = {55-96}
}
```

- @Conference: (Bronevetsky *et al.*, 2003).

```
@Conference{bronevetsky02,
  author    = {Greg Bronevetsky and Daniel Marques and Keshav Pingali and
              Paul Stodghill},
  title     = {Automated application-level checkpointing of {MPI} programs},
  booktitle = {PPoPP '03: Proceedings of the 9th ACM SIGPLAN Symposium on Principles
              and Practice of Parallel Programming},
  year      = {2003},
  pages     = {84-89}
}
```

- @PhdThesis: (Garcia, 2001).

```
@PhdThesis{garcia01:PhD,
  author    = {Islene C. Garcia},
  title     = {Visões Progressivas de Computações Distribuídas},
  school    = {Instituto de Computação, Universidade de Campinas, Brasil},
  year      = {2001},
  month     = {Dezembro}
}
```

- @MastersThesis: (Schmidt, 2003).

```
@MastersThesis{schmidt03:MSc,
  author    = {Rodrigo M. Schmidt},
  title     = {Coleta de Lixo para Protocolos de \emph{Checkpointing}},
  school    = {Instituto de Computação, Universidade de Campinas, Brasil},
  year      = {2003},
  month     = Oct
}
```

- @Techreport: (Alvisi *et al.*, 1999).

```
@Techreport{alvisi99:analysisCIC,
  author   = {Lorenzo Alvisi and Elmootazbellah Elnozahy and Sriram S. Rao and
              Syed A. Husain and Asanka Del Mel},
  title    = {An Analysis of Communication-Induced Checkpointing},
  institution= {Department of Computer Science, University of Texas at Austin},
  year     = {1999},
  number   = {TR-99-01},
  address  = {Austin, {USA}}
}
```

- @Manual: (Object Management Group, 2002).

```
@Manual{CORBA:spec,
  title   = {{CORBA v3.0 Specification}},
  author  = {{Object Management Group}},
  month   = Jul,
  year    = {2002},
  note    = {{OMG Document 02-06-33}}
}
```

- @Misc: (Allcock, 2003).

```
@Misc{gridftp,
  author = {William Allcock},
  title  = {{GridFTP} protocol specification. {Global Grid Forum}
            Recommendation ({GFD}.20)},
  year   = {2003}
}
```

- @Misc: para referência a artigo online (Fowler, 2004).

```
@Misc{fowler04:designDead,
  author = {Martin Fowler},
  title  = {Is Design Dead?},
  year   = {2004},
  month  = May,
  note   = {Último acesso em 30/1/2010},
  howpublished= {\url{http://martinfowler.com/articles/designDead.html}},
}
```

- @Misc: para referência a página web (Foundation).

```
@Misc{FSF:GNU-GPL,
  author = {Free Software Foundation},
  title  = {GNU general public license},
  year   = {2007},
  note   = {Último acesso em 30/1/2010},
  howpublished= {\url{http://www.gnu.org/copyleft/gpl.html}},
}
```

Capítulo 3

Conclusões

[illegible]

3.1 Considerações Finais

[illegible]

3.2 Sugestões para Pesquisas Futuras

[illegible]

Finalmente, leia o trabalho de [Alon \(2009\)](#) no qual apresenta-se uma reflexão sobre a utilização da Lei de Pareto para tentar definir/escolher problemas para as diferentes fases da vida acadêmica. A direção dos novos passos para a continuidade da vida acadêmica deveriam ser discutidos com seu orientador.

¹Exemplo de referência para página Web: www.vision.ime.usp.br/~jmena/stuff/tese-exemplo

Apêndice A

Sequências

[illegible]

<i>Limiar</i>	MGWT			AMI			<i>Spectrum</i> de Fourier			Características espectrais		
	<i>Sn</i>	<i>Sp</i>	<i>AC</i>	<i>Sn</i>	<i>Sp</i>	<i>AC</i>	<i>Sn</i>	<i>Sp</i>	<i>AC</i>	<i>Sn</i>	<i>Sp</i>	<i>AC</i>
1	1.00	0.16	0.08	1.00	0.16	0.08	1.00	0.16	0.08	1.00	0.16	0.08
2	1.00	0.16	0.09	1.00	0.16	0.09	1.00	0.16	0.09	1.00	0.16	0.09
2	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10
4	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10	1.00	0.16	0.10
5	1.00	0.16	0.11	1.00	0.16	0.11	1.00	0.16	0.11	1.00	0.16	0.11
6	1.00	0.16	0.12	1.00	0.16	0.12	1.00	0.16	0.12	1.00	0.16	0.12
7	1.00	0.17	0.12	1.00	0.17	0.12	1.00	0.17	0.12	1.00	0.17	0.13
8	1.00	0.17	0.13	1.00	0.17	0.13	1.00	0.17	0.13	1.00	0.17	0.13
9	1.00	0.17	0.14	1.00	0.17	0.14	1.00	0.17	0.14	1.00	0.17	0.14
10	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15
11	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15	1.00	0.17	0.15
12	1.00	0.18	0.16	1.00	0.18	0.16	1.00	0.18	0.16	1.00	0.18	0.16
13	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17
14	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17	1.00	0.18	0.17
15	1.00	0.18	0.18	1.00	0.18	0.18	1.00	0.18	0.18	1.00	0.18	0.18
16	1.00	0.18	0.19	1.00	0.18	0.19	1.00	0.18	0.19	1.00	0.18	0.19
17	1.00	0.19	0.19	1.00	0.19	0.19	1.00	0.19	0.19	1.00	0.19	0.19
17	1.00	0.19	0.20	1.00	0.19	0.20	1.00	0.19	0.20	1.00	0.19	0.20
19	1.00	0.19	0.21	1.00	0.19	0.21	1.00	0.19	0.21	1.00	0.19	0.21
20	1.00	0.19	0.22	1.00	0.19	0.22	1.00	0.19	0.22	1.00	0.19	0.22

Tabela A.1: *Exemplo de tabela.*

Referências Bibliográficas

- Allcock (2003)** William Allcock. GridFTP protocol specification. Global Grid Forum recommendation (GFD.20), 2003. Citado na pág. 6
- Alon (2009)** Uri Alon. How To Choose a Good Scientific Problem. *Molecular Cell*, 35(6):726–728. doi: 10.1016/j.molcel.2009.09.013. Citado na pág. 7
- Alves et al. (2003)** Carlos E. R. Alves, Edson N. Cáceres, Frank Dehne e Siang W. Song. A parallel wavefront algorithm for efficient biological sequence comparison. Em *ICCSA '03: The 2003 International Conference on Computational Science and its Applications*, páginas 249–258. Springer-Verlag. Citado na pág. 5
- Alvisi et al. (1999)** Lorenzo Alvisi, Elmootazbellah Elnozahy, Sriram S. Rao, Syed A. Husain e Asanka Del Mel. An analysis of communication-induced checkpointing. Relatório Técnico TR-99-01, Department of Computer Science, University of Texas at Austin, Austin, USA. Citado na pág. 6
- Babaoglu e Marzullo (1993)** Ozalp Babaoglu e Keith Marzullo. Consistent global states of distributed systems: Fundamental concepts and mechanisms. Em Sape Mullender, editor, *Distributed Systems*, páginas 55–96. Second ed. Citado na pág. 5
- Bronevetsky et al. (2003)** Greg Bronevetsky, Daniel Marques, Keshav Pingali e Paul Stodghill. Automated application-level checkpointing of MPI programs. Em *PPoPP '03: Proceedings of the 9th ACM SIGPLAN Symposium on Principles and Practice of Parallel Programming*, páginas 84–89. Citado na pág. 5
- Foundation ()** Free Software Foundation. GNU general public license. <http://www.gnu.org/copyleft/gpl.html>. Último acesso em 30/1/2010. Citado na pág. 6
- Fowler (2004)** Martin Fowler. Is design dead? <http://martinfowler.com/articles/designDead.html>, Maio 2004. Último acesso em 30/1/2010. Citado na pág. 6
- Garcia (2001)** Islene C. Garcia. *Visões Progressivas de Computações Distribuídas*. Tese de Doutorado, Instituto de Computação, Universidade de Campinas, Brasil. Citado na pág. 5
- Johnson e Wichern (1983)** Richard A. Johnson e Dean W. Wichern. *Applied Multivariate Statistical Analysis*. Prentice-Hall. Citado na pág. 4
- Mena-Chalco et al. (2008)** Jesús P. Mena-Chalco, Helaine Carrer, Yossi Zana e Roberto M. Cesar-Jr. Identification of protein coding regions using the modified Gabor-wavelet transform. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 5:198–207. Citado na pág. 4
- Object Management Group (2002)** Object Management Group. *CORBA v3.0 Specification*, Julho 2002. OMG Document 02-06-33. Citado na pág. 6
- Schmidt (2003)** Rodrigo M. Schmidt. Coleta de lixo para protocolos de *Checkpointing*. Dissertação de Mestrado, Instituto de Computação, Universidade de Campinas, Brasil. Citado na pág. 5

Índice Remissivo

ácido

amino, [3](#)

nucléico, [3](#)

área do trabalho

fundamentos, [3](#)

DFT, *veja* transformada discreta de Fourier

DSP, *veja* processamento digital de sinais

Fourier

transformada, *veja* transformada de Fourier

nucleotídeos, [3](#)

STFT, *veja* transformada de Fourier de tempo
reduzido

TBP, *veja* periodicidade região codificante