

1 Introdução

Esta pesquisa começa com o objetivo de melhorar a escalabilidade de sistemas computacionais para o estudo de imagens biomédicas de alta resolução assim como melhorar a qualidade das análises elaboradas por estes sistemas. O foco principal é direcionado para os sistemas que trabalham com a análise de imagens de secções microscópicas de tecidos. Analisar essas imagens possibilita o estudo de doença em nível celular ou sub-celular. Estas análises podem auxiliar na caracterização da morfologia dos tecidos sub-celulares e pode facilitar o entendimento dos mecanismos de doenças e facilitar a avaliação da resposta aos tratamentos de uma doença. Isto é possível, pois muitas informações sobre células e morfologia celular podem ser obtidas a partir das análises destas imagens.

Entretanto, capturar e analisar essas informações em imagens de larga escala mostra-se um desafio, uma vez que é necessário a revisão humana subjetiva [1]. Como alternativa, a análise de imagens computadorizadas provém uma oportunidade de análise das características anatômicas de entidades biológicas em secções de imagens de tecido [2].

Uma plataforma disponível para realizar análise de imagens médicas é o desenvolvida pelo grupo XXXX é o *Region Template Framework* (RTF) [3]. Esse sistema pode analisar imagens de tecidos de forma a extrair informações de elementos das imagens (como células ou núcleos celulares) e algumas de suas características, como tamanho, formato e aspectos da textura. Essas características são utilizadas para desenvolver modelos morfológicos que podem ser utilizados para o ganho de novos conhecimentos. Um exemplo da utilidade desta plataforma é na análise de gliomas difusos, os núcleos das células do tumor são de interesse significativo para a comunidade científica [4].

Um workflow padrão desta plataforma consiste nas seguintes etapas: normalização, segmentação, computação de características, refinamento das características e classificação. As três primeiras etapas tipicamente são as mais custosas em termos computacionais.

Como citado no início deste documento, esta pesquisa busca melhorar a escalabilidade de sistemas de análise biomédicas. Para melhorarmos a escalabilidade do RTF, podemos buscar estratégias que possibilitem substituir a computação por uma modelagem de características e assim esperamos diminuir o custo computacional total do sistema. A etapa seguinte depois da computação de características é a etapa de refinamento das características, apesar de não ser custosa computacionalmente, influi diretamente na qualidade das análises do modelo. Especialmente no caso da substituição da computação de características por um modelo, esta etapa passa a ter uma importância ainda mais significativa na qualidade das análises feitas pelo RTF.

Table 1: My caption

Atividade	2017		2018	
	1°	2°	1°	2°
Cursar Disciplinas de Mestrado	X			
Revisão Bibliográfica	X	X		
Implementação das tarefas X, Y		X	X	
Implementação de W, Z			X	
Escrita Da Dissertação			X	X

2 Justificativa

3 Objetivos

3.1 Objetivos Específicos

4 Revisão da Literatura

5 Metodologia

Inicialmente, será conduzida uma investigação mais detalhada da literatura sobre caracterização e previsão de custos de tarefas computacionais, sobre métodos de refinamento de parâmetros, com foco em algoritmos genéticos e os presentes na plataforma RTF, e sobre modelagem de características de células e núcleos celulares. Também será estudado mais profundamente o domínio de workflows de tratamento de imagens médicas. Em seguida, serão incorporados os modelos de características de células e núcleos celulares em conjunto com as técnicas de refinamento de parâmetros mais promissoras da literatura e os já presentes na plataforma RTF.

6 Plano de Trabalho

7 Cronograma

References

- [1] Jun Kong, Lee Cooper, Fusheng Wang, Candace Chisolm, Carlos Moreno, Tahsin Kurc, Patrick Widener, Daniel Brat, and Joel Saltz. A comprehensive framework for classification of nuclei in digital microscopy imaging: An application to diffuse gliomas. In *2011 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, pages 2128–2131. IEEE, 2011.
- [2] Jun Kong, Lee Cooper, Ashish Sharma, Tahsin Kurc, Daniel J Brat, and Joel H Saltz. Texture based image recognition in microscopy images of diffuse gliomas with multi-class gentle boosting mechanism. In *2010 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*, pages 457–460. IEEE, 2010.

- [3] George Teodoro, Tony Pan, Tahsin Kurc, Jun Kong, Lee Cooper, Scott Klasky, and Joel Saltz. Region templates: Data representation and management for high-throughput image analysis. *Parallel computing*, 40(10):589–610, 2014.
- [4] Meenakshi Gupta, Azita Djalilvand, and Daniel J Brat. Clarifying the diffuse gliomas. *American journal of clinical pathology*, 124(5):755–768, 2005.