

# 1 Introdução

Esta pesquisa tem como objetivo melhorar a qualidade das análises realizadas pelos sistemas computacionais para o estudo de imagens biomédicas de alta resolução. 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 observação das características anatômicas de entidades biológicas em secções 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 aprendizado 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 qualidade das análises de sistemas de análise biomédicas. Para melhorarmos a qualidade das análises do RTF, iremos buscar estratégias que auxiliem na avaliação da computação de características. A partir das melhores estratégias estudadas poderemos desenvolver modelos capazes de avaliar com alta precisão das características obtidas pelos métodos computacionais. Esses modelos podem ser utilizadas na a etapa de refinamento das características, uma vez que seremos capazes de comparar os diversos resultados obtidos. Ela é uma etapa que influi diretamente na qualidade dos resultados das análises, ao ajustar os parâmetros buscando resultados com maior acurácia.

A etapa de refinamento de características pode ser separada em duas fases. A primeira, é a aplicação de métodos e técnicas de análise de sensibilidade (SA). Esses métodos e técnicas permitem ao usuário entender e quantificar a variabilidade dos resultados de um sistema computacional e pode apontar quais são os parâmetros de entrada que causaram essas variabilidades. A SA pode ser útil por exemplo para entender os limites dos resultados, para a remoção de parâmetros com baixa influência nos resultados, etc.

Já a segunda fase é o refinamento dos parâmetros. Nesta fase os parâmetros de entrada tem seus valores alterados sistematicamente os resultados são comparados. Essas comparações são utilizadas para ajustar o conjunto de parâmetros.

O objetivo final é encontrar dentro as possíveis combinações de resultados o conjunto de valores dos parâmetros que melhor influência no resultado final.

## 2 Justificativa

É imprescindível a busca de maneiras eficientes para se realizar processamento de alto desempenho para tarefas de análise de imagens. As análises de imagens de tecido de larga escala são problemas computacionalmente desafiadores. Um dos desafios é obter a escalabilidade dos vários fluxos de trabalho e/ou de grandes conjuntos de imagens com ganhos de qualidade.

O *National Institute of Health's The Cancer Genome Atlas* (TCGA) disponibiliza uma grande quantidade de dados multimodais que contém contendo imagens patologia, radiologia, genômica e dados clínicos para o glioblastoma (gliomas cancerígenos) e outros tipo de tumor [5]. Atualmente, o RTF contém um banco de dados com mais de 600 imagens cada com uma com uma média de 400 mil núcleos por secção. O processo de caracterizar as morfologias celulares produz cerca de 1.5GB/secção de meta-dados que descrevem os parâmetros dos algoritmos, os limites dos objetos e as características das células [6].

Uma vez que a quantidade de dados gerada é elevada, não é humanamente possível conferir todos resultados da caracterização das células e núcleos. Para isso, buscamos criar modelos capaz de avaliar o conjunto de características.

O desenvolvimento desses modelos é necessário para que as fases de refinamento de parâmetros e a análise de sensibilidade possam ser aplicados no contexto da computação de características. Após a implementação do modelo mais representativo capaz de avaliar a qualidade de um conjunto de características, podemos comparar os resultados obtidos entre os diversos conjuntos de parâmetros.

No contexto da análise de sensibilidade a utilização dos modelos é fundamentada na necessidade de quantificar a variabilidade dos resultados e verificar a influência dos parâmetros na aplicação. O refinamento de parâmetros é a fase com maior impacto nos recursos computacionais, uma vez que quanto mais combinações forem consideradas, melhor o espaço de busca é explorado. Porém, podemos ter parâmetros cuja influência nos resultados das análises seja baixa. Para verificar quais são os parâmetros mais com maior influência e eliminar os de menor influência pode-se utilizar a análise de sensibilidade. Assim, teremos um espaço de busca potencialmente menor e com o conjunto de parâmetros reduzidos diminui-se o impacto do refinamento de parâmetros nos recursos computacionais.

## 3 Objetivos

A partir do trabalho já realizado em [como citar um trabalho em submmited], pretende-se melhorar a otimização de avaliação de parâmetros com foco direcionado para a etapa de classificação das características. Dessa forma espera-se incrementar a qualidade das análises realizadas pelo sistema e, se possível, com ganhamos computacionais de tempo.

### 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

Este trabalho será realizado em XXX etapas:

1. Implementação da modelagem das características de células e núcleos celulares;
2. Implementação de métodos de refinamento de parâmetros;
3. Análise do reuso dos métodos de refinamento de parâmetros do RTF;
4. Realização de testes para avaliar o desempenho obtido por cada otimização individualmente e em conjunto;
5. análise de resultados de testes e escrita da dissertação.

## 7 Cronograma

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

## 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.
  - [5] Roger McLendon, Allan Friedman, Darrell Bigner, Erwin G Van Meir, Daniel J Brat, Gena M Mastrogianakis, Jeffrey J Olson, Tom Mikkelsen, Norman Lehman, Ken Aldape, et al. Comprehensive genomic characterization defines human glioblastoma genes and core pathways. *Nature*, 455(7216):1061–1068, 2008.
  - [6] Lee AD Cooper, Jun Kong, Fusheng Wang, Tahsin Kurc, Carlos S Moreno, Daniel J Brat, and Joel H Saltz. Morphological signatures and genomic correlates in glioblastoma. In *2011 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, pages 1624–1627. IEEE, 2011.