

Cariotipagem automática baseada em visão computacional e classificadores inteligentes

Proposta de Tese de Mestrado em Engenharia Mecânica (MEMec)

Orientador:

Nome: José Borges,
Nº Mec. 4036
E-mail: jborges@ist.utl.pt
Telefone: 218 417 545

Co-orientador:

Nome: João Caldas Pinto,
Nº Mec.
E-mail: jcpinto@dem.ist.utl.pt
Telefone: 218 417 543

Descrição e enquadramento da tese:

O trabalho enquadra-se na Área Científica de Controlo, Automação e Informática Industrial e visa a utilização de ferramentas automáticas de processamento de imagem e classificação ao processo de construção do cariótipo, denominado por cariotipagem.

A cariotipagem é um procedimento laboratorial que consiste na agregação dos cromossomas em pares, ver Figura 1, de acordo com características inerentes ao indivíduo ou espécie: o número de cromossomas, a sua dimensão, forma e disposição. Um cariótipo normal é constituído por 46 cromossomas e um par XY, no caso masculino, ou um par XX, no caso feminino. Do estudo do cariótipo resulta o diagnóstico do paciente pelo levantamento de eventuais anomalias cromossómicas.

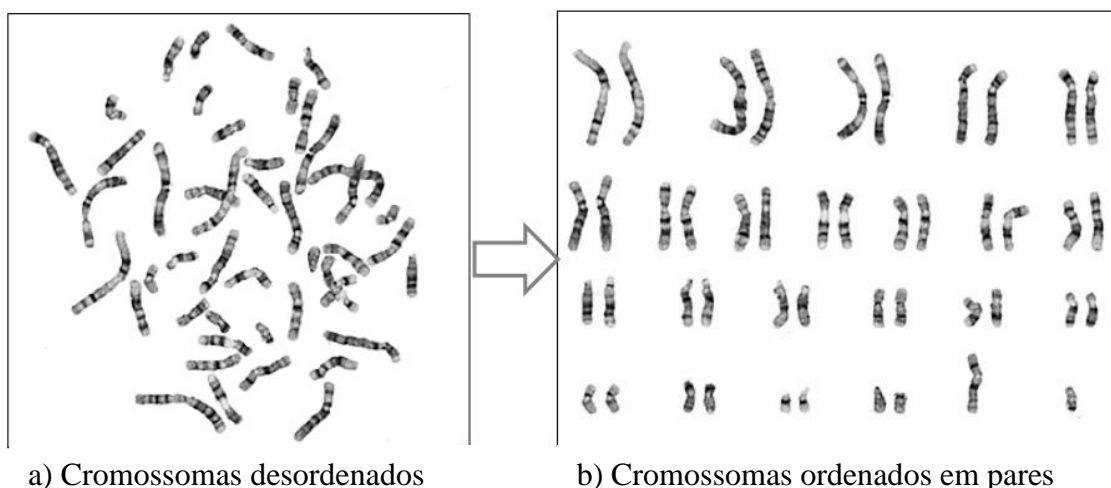


Figura 1: processo de cariotipagem.

O estudo do cariótipo permite identificar alterações cromossómicas, numéricas e estruturais, tornando mais efectivo o diagnóstico. Para produzir um cariótipo é necessário começar por processar uma imagem digital onde os vários cromossomas se apresentam de forma

desordenada, ver Figura 1.a). O processamento desta imagem resulta no conjunto das pares ordenados em termos das características relevantes, ver Figura 1.b). Este processo de ordenação é normalmente feito pela via manual e exige pessoal altamente treinado.

O desenvolvimento de ferramentas automáticas para cariotipagem, denominado por Cariotipagem Automática, é uma área de investigação que tem suscitado um grande interesse na comunidade científica [Pap1]. O processo consiste na utilização de ferramentas automáticas de processamento de imagem para levantamento das características mais significativas de cada cromossoma e posterior classificação automática em termos das classes do cariótipo.

Pretende-se deste modo avaliar a eficiência destas metodologias no desempenho das tarefas enunciadas, bem como quantificar eventuais benefícios decorrentes da redução no tempo de diagnóstico e robustez dos resultados.

Objectivos:

- Implementar processos para cariotipagem automática [Pap2, Pap3] em termos de:
 - processamento de imagem, o que inclui: pré-processamento da imagem, segmentação, processamento/individualização dos cromossomas e extracção de características;
 - desenvolvimento de classificadores, o que inclui: selecção de características e aplicação de algoritmos de classificação baseados em modelos com Redes Neurais e modelos Fuzzy.
- Caracterizar estatisticamente os classificadores descritos no ponto anterior, tendo em conta a sua prestação e adequação ao fim em vista.

Resultado esperado:

- Condução dos trabalhos descritos nos objectivos com sucesso.
- Produção científica:
 - tese de mestrado,
 - artigo de conferência,
 - toolbox de Matlab.
- Provas públicas com júri e nota final para apresentação da tese de mestrado.

Planeamento:

- FASE I (início a 1.3.2010) – elaboração de um estado da arte relativo à aplicação de ferramentas da área de sistemas às ciências da vida.
- FASE II (início a 5.3.2010) – implementação das ferramentas relativas aos pontos descritos nos objectivos.
- FASE III (início a 1.3.2010) – elaboração do documento de tese.
- CONCLUSÃO (data a definir) – apresentação e discussão da tese.

Datas	1.3.2010	5.4.2010	15.9.2010	A definir
FASE I				
FASE II				
FASE III				
CONCLUSÃO				

Observações:

- Frequência com aprovação das disciplinas: Sistemas Inteligentes.

Local de realização dos trabalhos:

- O trabalho deverá ser realizado no laboratório de Controlo Automação e Robótica, Pavilhão de Mecânica III – IST.

Referências base:

- [Pap1] X. Wang, B. Zheng, M. Wood, S. Li, W. Chen and H. Liu, "Development and evaluation of automated systems for detection and classification of banded chromosomes: current status and future perspectives", J Phys D: Appl Phys 38 (2005)
- [Pap2] Xingwei Wang, Bin Zheng, Shibo Li, John J. Mulvihill, Marc C. Wood, Hong Liu, "Automated classification of metaphase chromosomes: Optimization of an adaptive computerized scheme", J Biomedical Informatics, Vol. 42(1), (February 2009)
- [Pap3] Boaz Lerner, "Toward A Completely Automatic Neural Network Based Human Chromosome Analysis", IEEE TRANS. on Systems, Man and Cybernetics, Vol. 28, nr 4 (August 1998).