

## SISTEMA AUTOMÁTICO PARA ELIMINAÇÃO DO *BACKGROUND* EM IMAGENS DE METÁFASES DE PEIXE

MATHEUS DE LIMA GOEDERT<sup>1</sup>, DANIEL RODRIGUES BLANCO<sup>2</sup>, PEDRO LUIZ DE PAULA FILHO<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Mestre em Tecnologias Computacionais para o Agronegócio, UTFPR, Professor, Núcleo de Engenharias e Arquitetura, Centro Universitário UNIVEL, Cascavel-PR, Fone: (45) 3036-3636, matgoedert@gmail.com

<sup>2</sup> Biólogo, Professor Doutor, UTFPR, Santa Helena-PR.

<sup>3</sup> Bacharel em Informática, Professor Doutor, Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Computacionais (PPGTCA), UTFPR, Medianeira-PR.

Apresentado no  
XLIX Congresso Brasileiro de Engenharia Agrícola - CONBEA 2020  
23 a 25 de novembro de 2020 - Congresso On-line

**RESUMO:** Este trabalho apresenta uma parte de um sistema para montagem de cariótipo de peixe baseado em processamento digital de imagens, mais especificamente a etapa de eliminação do *background* para futura segmentação dos cromossomos. Para isso, foram utilizados conceitos de visão computacional com o intuito de automatizar esta atividade realizada por citogeneticistas, considerada trabalhosa, além do mais, a construção do cariótipo não é o foco principal do trabalho destes pesquisadores, mas sim a sua análise em si. Assim, o desenvolvimento deste tipo de sistema vem ao encontro da tendência global em buscar-se soluções computacionais para atividades triviais, destinando ao ser humano aquilo que o diferencia dos demais seres vivos, a capacidade intelectual. O algoritmo foi desenvolvido em C++, utilizando-se a biblioteca OpenCV, sendo que a metodologia para automação se baseou na binarização das imagens por meio de limiarização, utilizando-se para isso uma equação obtida por meio de regressão linear para determinar o valor do limiar em função da intensidade de cor do fundo das imagens. O sistema proposto atendeu às expectativas, sendo capaz de eliminar de maneira autônoma, o fundo de 95% das imagens analisadas.

**PALAVRAS-CHAVE:** Processamento Digital de Imagens, Cariótipo, Cromossomo

### AUTOMATIC SYSTEM FOR ELIMINATION OF BACKGROUND IN IMAGES OF FISH METAPHASES

**ABSTRACT:** The present work presents a part of a system for assembling a fish karyotype based on digital image processing, more specifically the stage of elimination of the background for future chromosome segmentation. For this, computer vision concepts were used in order to automate an activity performed by cytogeneticists considered laborious and exhaustive, besides, the construction of the karyotype is not the main focus of the work of these researchers, but its analysis itself. Thus, the development of this type of system meets the global trend to seek computational solutions for trivial activities, targeting human beings that which differentiates them from other living beings, the intellectual capacity. The algorithm was developed in C ++, using the OpenCV library, and the methodology for automation was based on the binarization of images by means of thresholding, using an

equation obtained by means of linear regression to determine the threshold value. depending on the background color intensity of the images. The proposed system met expectations, being able to autonomously eliminate the background of 95% of the analyzed images.

**KEYWORDS:** Digital Image Processing, Karyotype, Chromosome

**INTRODUÇÃO:** Obter informações referentes ao genoma das espécies mostra-se fundamental no processo de validação de algumas teorias. Com isso, nos últimos anos, diversos estudos citogenéticos vêm sendo desenvolvidos nos mais variados grupos de seres vivos, tendo destaque para as pesquisas realizadas em peixes neotropicais. Segundo Nelson (2006), os peixes oferecem várias oportunidades de pesquisa devido, principalmente, a sua diversidade morfológica e de habitats que exploram. Essa grande diversidade justifica o interesse de pesquisadores, fazendo com que diversos estudos de caracterização cromossômica sejam desenvolvidos neste grupo de vertebrados, a fim de subsidiar um melhor entendimento acerca da evolução das espécies fomentando o manejo adequado e a conservação da biodiversidade. Na realização deste tipo de pesquisa os citogeneticistas lançam mão de algumas ferramentas, como a montagem de cariótipos e sua representação gráfica através de cariogramas, conforme proposto por Levan (1964). Esta ferramenta permite ao pesquisador identificar diferenças e semelhanças morfológicas nos cromossomos, de forma relativamente simples. No entanto, a montagem do cariótipo propriamente dita não é o foco do cientista, mas sim a sua interpretação, adicionalmente, esta tarefa pode ser considerada trabalhosa e exaustiva. Frente a isso, diversos sistemas computacionais vêm sendo propostos com o intuito de auxiliar neste processo e sendo assim, este trabalho teve por objetivo desenvolver um sistema baseado nos conceitos de visão computacional para classificação de cromossomos de peixes a partir de imagens individuais de metáfases.

**MATERIAL E MÉTODOS:** Este trabalho apresenta a parte de eliminação do fundo (*background*) de imagens de metáfases de peixe de um sistema computacional desenvolvido para classificação de cromossomos de peixes, conforme Levan (1964). O sistema foi construído em linguagem C++, utilizando uma biblioteca aberta (*open source*) multiplataforma denominada OpenCV. Para isso, foram utilizadas imagens de metáfases de *Hoplias malabaricus* (traíra), já obtidas por citogeneticistas do Laboratório de Biodiversidade Molecular e Cromossômica do campus Santa Helena da UTFPR, onde foram capturadas por meio de uma câmera (Color Q – 5M pixels) acoplada à um microscópio trinocular (Olympus BX51). Por sua vez, a eliminação do fundo das imagens compõe a etapa de segmentação dos cromossomos da imagem, sendo esta, considerada a mais morosa, frente às diferentes características das imagens de entrada, principalmente devido às diversidades de cores e tonalidades dos seus respectivos fundos. Portanto, foram utilizadas onze imagens obtidas por amostragem sistemática de um total de 100 imagens organizadas em escala crescente de intensidade de cor do fundo. Vale destacar que as demais 89 imagens foram utilizadas para validar a eficiência do sistema proposto. A eliminação do fundo, baseou-se na binarização das imagens por limiarização, tornando o fundo branco e as Regiões de Interesse (ROI) pretas. Nas 11 imagens de referência, este processo ocorreu de forma manual com o auxílio de um *trackbar* para variar o limiar e determinar tal valor. Feito isso, para executar a binarização de forma automática em todas as imagens realizou-se uma regressão linear, com o intuito de obter-se uma equação para determinar o valor do limiar em função da intensidade do fundo. A Figura 1 a seguir, apresenta os histogramas de intensidade das 11 imagens referência, em que é possível perceber os valores de intensidade dos fundos, representados pelos picos, tendo em vista que o fundo representa a maior área da imagem.

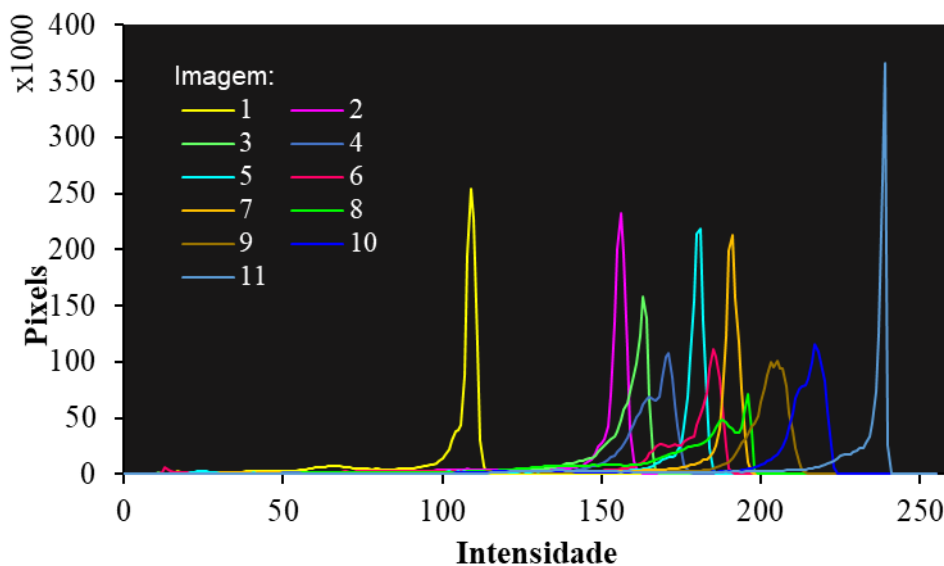


FIGURA 1. Histogramas de intensidade de cor das 11 imagens referências.

**RESULTADOS E DISCUSSÃO:** Conforme a metodologia supracitada, de posse dos valores de fundo e dos limiares das 11 imagens analisadas, realizou-se a regressão linear para obtenção de uma equação da reta que representasse a relação entre essas variáveis, conforme observado no gráfico da Figura 2. A análise visual do gráfico, sugere que os resultados, representados pela linha de tendência, foram satisfatórios, fato reforçado pelo valor de  $R^2$  que demonstrou que 94,71% da variável dependente (limiar) pode ser expressa pela equação.

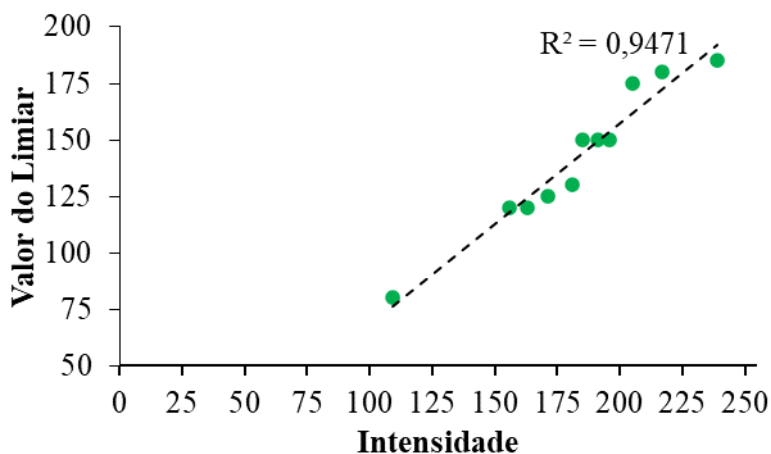


FIGURA 2. Gráfico do valor do limiar em relação a intensidade do fundo.

Na prática, rodando o algoritmo nas 100 imagens, o sistema apresentou uma eficiência de 95,00%, acompanhando o valor de  $R^2$ , haja vista que cinco imagens perderam cromossomos, total ou parcialmente, durante este processo. Isso ocorreu devido ao fato de alguns cromossomos possuírem pixels com valores de intensidade iguais, ou muito próximos, aos valores do fundo. Vale destacar que para obter-se um cariótipo, todos os cromossomos da imagem da metáfase devem ser preservados. Quanto mais distante foi o valor do limiar calculado em relação ao valor do limiar ótimo, positivamente, maior a quantidade de cromossomos unidos, pois mais pixels com cores claras (como o fundo) foram selecionados (Figura 3 a). Quanto mais distante foi o valor de maneira negativa, mais cromossomos foram

perdidos no processo, pois somente os pixels com intensidades mais baixas (escuras) foram selecionados, conforme Figura 3 (b).

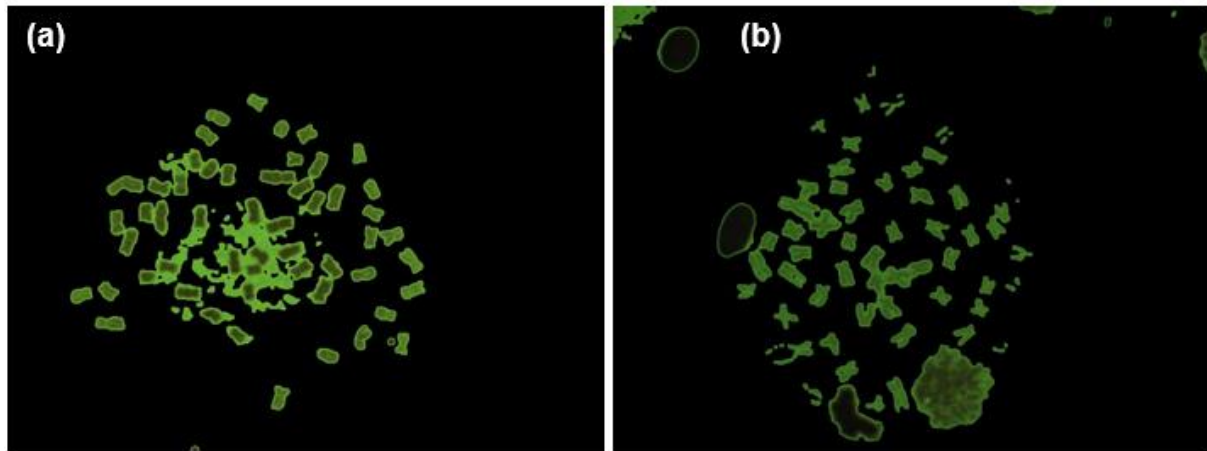


FIGURA 3. Imagens após a eliminação do fundo com (a) limiar alto e (b) limiar baixo.

**CONCLUSÕES:** O sistema de eliminação do fundo das imagens por meio do método proposto, baseado na variação do limiar em função da intensidade do fundo, apresentou resultados satisfatórios, haja vista que todas as 100 imagens analisadas tiveram o fundo totalmente ou quase totalmente eliminado, sendo que destas, cinco foram condenadas por perderem cromossomos, fato que inviabilizaria a utilização destas. Diante do exposto é possível afirmar que esta metodologia pode ser utilizada para tal aplicação.

**AGRADECIMENTOS:** A Universidade Tecnológica Federal do Paraná, campus Medianeira (UTFPR-MD) pelo suporte e estrutura disponibilizada, e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela concessão de bolsa de mestrado (CAPES) para realização desta pesquisa.

#### **REFERÊNCIAS:**

NELSON, Joseph S. **Fishes of the world**. 4. ed. New Jersey: John Wiley & Sons, 2006

LEVAN, Albert. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. **Hereditas**. v. 52, p. 201-220, 1964.