

Modelagem por redes (grafos) e técnicas de reconhecimento de padrões: estrutura, dinâmica e aplicações

Roberto M. Cesar-Jr (Coordenador)

Junior Barrera (Pesquisador principal)

Departamento de Ciência da Computação - DCC
Instituto de Matemática e Estatística - IME
Universidade de São Paulo - USP, São Paulo
Roberto.Cesar@vision.ime.usp.br , jb@ime.usp.br
<http://www.vision.ime.usp.br/>

Luciano da F. Costa (Pesquisador principal)

Departamento de Física e Informática - DFI
Instituto de Física de São Carlos - IFSC
Universidade de São Paulo - USP, São Carlos
luciano@if.sc.usp.br
<http://cyvision.if.sc.usp.br/>

Resumo

Este documento¹ apresenta um projeto temático envolvendo os grupos de visão do IME-USP e IFSC-USP, além de pesquisadores colaboradores de outras instituições, tratando de problemas de reconhecimento estrutural de padrões e/ou dinâmica, ou seja, problemas em que a informação pode evoluir ao longo de uma variável independente (e.g. tempo). As principais áreas de aplicação das técnicas a serem desenvolvidas são visão computacional e biologia computacional (bioinformática).

¹Esta proposta de projeto temático foi preparada seguindo as diretrizes estabelecidas pela FAPESP quanto a esta modalidade de auxílio (<http://www.fapesp.br/>)

Sumário

1	Introdução	3
2	Objetivos	4
3	Sub-projetos	5
3.1	Imagens estáticas	5
3.1.1	Relações espaciais complexas que dependem do contexto e da forma dos objetos .	5
3.1.2	Projeto de w-operadores usando seleção de características	6
3.1.3	Reconhecimento de faces usando grafos e a abordagem multiescala	8
3.1.4	Análise de estruturas ramificadas por técnicas multiescala	9
3.2	Vídeo	10
3.2.1	Seqüências de vídeo e relações que variam em função do tempo: homomorfismo entre grafos contendo arcos temporais	10
3.2.2	Análise de vídeo digital e pirâmides	11
3.2.3	Análise de <i>range images</i> , formas 3D e vídeo 4D	12
3.2.4	Segmentação de estruturas ramificadas em vídeo	13
3.3	Biologia computacional	13
3.3.1	Identificação de redes de dependência gênica	13
3.3.2	Processamento de sinais e reconhecimento de padrões em bioinformática	14
4	Equipe	15
5	Comentários finais	16

1 Introdução

A ÁREA de reconhecimento de padrões trata da classificação de elementos a partir de medidas extraídas de tais elementos. Trata-se de uma área de pesquisa com aplicações extremamente variadas como análise de imagens, reconhecimento de áudio ou identificação de genes responsáveis por determinadas doenças. Dentre os desafios enfrentados atualmente pela pesquisa em reconhecimento de padrões, cabe ressaltar três linhas fundamentais: (a) problemas em que elementos devem ser descritos estruturalmente através de uma rede² indicando conexões entre tais elementos; (b) problemas envolvendo a evolução da informação ao longo de alguma variável independente (e.g. tempo, no caso de seqüências de vídeo); (c) problemas envolvendo ambos aspectos, i.e. uma rede de elementos cuja dinâmica evolui ao longo de alguma variável independente. O presente projeto temático prevê o estudo, desenvolvimento e aplicação de técnicas de reconhecimento de padrões com esses três itens formando o tema de integração da pesquisa. Além da área de reconhecimento de padrões, o projeto inclui técnicas e problemas de visão computacional, processamento de imagens e de sinais e bioinformática, todas sendo áreas de trabalho dos proponentes.

- **Redes:**

As atividades de pesquisa envolverão aspectos de reconhecimento de padrões e de redes em duas direções: (1) utilização de técnicas de reconhecimento de padrões para auxiliar na análise de redes em aplicações específicas; (2) desenvolvimento de técnicas de reconhecimento de padrões baseadas em redes.

Esta linha de pesquisa incluirá a utilização de grafos em reconhecimento estrutural de padrões e raciocínio espacial (*spatial reasoning*), importantes áreas de pesquisa atuais em visão computacional e inteligência artificial [68, 71]. Os métodos em tais abordagens são marcados pelo fato que a tarefa de reconhecimento não considera apenas os objetos em uma imagem, mas igualmente as relações entre tais objetos. Parte da importância da utilização dessas relações advém do fato que tais relações são frequentemente mais estáveis nas cenas que muitas propriedades dos objetos em si. Em particular, pretende-se explorar técnicas que descrevem a estrutura dos elementos em imagens através de grafos. Nesse caso, a rede é formada por elementos de uma imagem cujos arcos representam relações entre tais elementos. Por exemplo, no caso de reconhecimento de faces, os elementos consistem em características faciais (pupilas, narinas, boca, etc) e algumas relações possíveis são do tipo "pupila abaixo da sobrancelha", e "olhos acima da boca".

- **Dinâmica:**

Trata-se de reconhecimento de padrões aplicado a problemas envolvendo dinâmica, ou seja, desenvolvimento ao longo de alguma variável independente. Por exemplo, uma das áreas que serão cobertas no desenvolvimento do projeto é a análise de vídeo digital, em que a informação visual evolui em função do tempo.

- **Redes e dinâmica:**

Trata-se do problema mais difícil, ou seja, do tipo que pode ser modelado por uma rede de elementos de interesse cujo comportamento evolui com o tempo. A.-L. Barabási, em seu livro *Linked* [3], indica a análise da dinâmica das redes como sendo o próximo passo importante a ser dado na compreensão do comportamento de redes. Um exemplo importante ocorre em bioinformática com as chamadas redes de genes. Nesse caso, os genes são modelados em uma rede em que as ligações representam a capacidade de um gene influenciar no comportamento de outro. A dinâmica de tal rede nasce da evolução do comportamento dos genes na medida que o tempo (ou alguma outra variável) progride. Um outro exemplo concreto pode ser dado considerando-se o problema de representação estrutural de padrões em seqüências de vídeo, um dos sub-projetos descritos neste documento. Nesse problema, o objeto de interesse é representado estruturalmente por um grafo em que seus elementos são associados a nós. A relação espacial entre esses elementos é representada nos arcos que ligam os diferentes elementos. Se o objeto de interesse mudar ao longo da seqüência de vídeo, as relações espaciais entre seus elementos podem modificar-se, levando a uma transformação estrutural ao longo do tempo.

²O termo *rede* é usado neste documento no sentido genérico, como em "redes de neurônios" ou "redes de genes".

As técnicas desenvolvidas serão aplicadas na resolução de problemas nas duas principais áreas de pesquisa dos proponentes: visão computacional e biologia computacional (bioinformática). Em relação à visão computacional, as seguintes aplicações serão abordadas:

- Processamento de imagens por w-operadores;
- Análise de vídeo digital para rastreamento, segmentação e reconhecimento;
- Classificação de formas e reconhecimento estrutural de padrões;
- Análise de estruturas de ramificação formando redes.

Em relação à biologia computacional, as seguintes aplicações serão abordadas:

- Identificação de redes de dependência gênica;
- Aplicação de técnicas de processamento multiescala de sinais e de reconhecimento de padrões em problemas de classificação em bioinformática (por ex. seleção de genes que permitem a distinção entre diferentes estados biológicos).

É importante enfatizar que o presente projeto possui muitos aspectos de continuação do temático "Desenvolvimento e avaliação de métodos originais e precisos em análise de formas e imagens e visão computacional"(FAPESP proc. 99/12765-2), que deverá ser concluído em 2005. Os grupos do IME-USP e IFSC-USP vêm trabalhando em técnicas de análise de formas e reconhecimento de padrões nos últimos 12 anos, tendo desenvolvido modelos e algoritmos em visão aplicados a diversos problemas (por exemplo [4, 12, 14, 20, 22, 23, 24, 27, 29, 34, 35, 40, 50, 70, 76]). O presente projeto temático deverá permitir a continuação das atividades de pesquisa desses grupos.

Este projeto está organizado da seguinte forma. Os objetivos gerais deste projeto são apresentados na Seção 2. O estado-da-arte, objetivos específicos e metodologia são apresentados nos sub-projetos, conforme descrito na seção 3. Os sub-projetos foram divididos em 3 grupos tratando de imagens estáticas (Seção 3.1), seqüências de vídeo (Seção 3.2) e biologia computacional (Seção 3.3). A equipe responsável pelo desenvolvimento deste projeto é apresentada na Seção 4. Os seguintes documentos anexados pelo sistema SAGE-FAPESP complementam este projeto: descrição da infra-estrutura existente nos laboratórios responsáveis; relação do presente projeto com resultados de trabalhos anteriores; cronograma de execução do projeto; lista de processos correntes que serão beneficiados no caso de aprovação deste temático; sumário. Finalmente, este projeto é concluído na Seção 5.

2 Objetivos

OBJETIVO da pesquisa prevista neste projeto é o desenvolvimento de técnicas de caracterização e reconhecimento de padrões através de métodos que exploram a estrutura em rede, a dinâmica ou ambos aspectos em cada problema considerado. Objetivos específicos serão buscados em cada sub-projeto apresentado na Seção 3, justificados pela importância intrínseca de cada um. Cabe ressaltar que, além do desenvolvimento particular de cada sub-projeto, serão buscados pontos de integração e generalização entre conceitos e métodos criados especificamente para os sub-projetos.

Os objetivos diretamente relacionados aos sub-projetos que compõem este documento são:

- Desenvolvimento de conceitos e algoritmos para reconhecimento estrutural de padrões em conjunto com análise de formas;
- Desenvolvimento de conceitos e algoritmos para reconhecimento de padrões dinâmicos (i.e. que evoluem ao longo de alguma variável independente);
- Desenvolvimento e aprimoramento das técnicas de análise de estruturas de ramificação em imagens estáticas e dinâmicas;
- Desenvolvimento de métodos para análise multiescala de formas em múltiplas dimensões (2D, 3D, 4D);

- Desenvolvimento de métodos de reconhecimento estrutural de faces (estáticas e dinâmicas);
- Desenvolvimento e aplicação de métodos de seleção de características (redução de dimensionalidade);
- Exploração de métodos biologicamente inspirados (por exemplo, transformada de Fourier-Bessel);
- Aplicação e validação das técnicas desenvolvidas em problemas de visão computacional e de biologia computacional.

3 Sub-projetos

3.1 Imagens estáticas

3.1.1 Relações espaciais complexas que dependem do contexto e da forma dos objetos

Pesquisadores: Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Isabelle Bloch (ENST-Paris)

Alunos: Celina M. Takemura (doutorado - IME - USP)

UMA nova linha de pesquisa a ser desenvolvida neste projeto, mas com importante ligação com a área de análise de formas, refere-se à análise da disposição de objetos em uma imagem. Esse projeto será desenvolvido no doutorado da orientanda Celina Maki Takemura em uma colaboração com a professora Isabelle Bloch (ENST-Paris).

Este sub-projeto prevê a utilização de grafos em reconhecimento estrutural de padrões e raciocínio espacial [68], importantes áreas de pesquisa atuais em visão computacional e inteligência artificial. Tarefas de análise e reconhecimento nessa abordagem envolvem não só características sobre os objetos de interesse (por exemplo, forma, cor ou textura), mas igualmente as relações entre tais objetos. Essas relações espaciais possuem a importante vantagem de ser freqüentemente mais estáveis nas cenas que muitas propriedades dos objetos em si. Em particular, pretende-se explorar técnicas que descrevem a estrutura dos elementos em imagens através de grafos [22].

O problema de descrever um cenário através da utilização de relações espaciais de seus componentes envolve a forma dos objetos, direções e distâncias entre eles, e sobretudo, problemas linguísticos. Em termos de imagens digitais e métodos computacionais, existem muitos trabalhos relacionados à visão computacional e inteligência artificial que buscam solucionar essa questão. O objetivo deste sub-projeto é modelar matematicamente preposições de localização associadas a posições relativas entre objetos de uma imagem (ver exemplo abaixo).

A análise computacional de posições relativas engloba desde conceitos de percepção visual até seu mapeamento à linguagem natural, abrangendo estudos de visão computacional, inteligência artificial e psico-linguística. Determinar relações espaciais é uma tarefa importante para processos de visão de alto nível, por exemplo em navegação autônoma, diagnóstico médico e, em termos gerais, interpretação de cenários [54, 73].

O impacto do problema é diminuído e questões computacionais resolvidas pelo cálculo de ângulos no caso de relações entre pontos. Em se tratando de relações entre objetos complexos, muitas abordagens de associação de cenários aos rótulos de localização relativa entre seus componentes utilizam, como representação de formas, entidades elementares tais como centróide ou retângulos envolventes, de modo a facilitar o processo de inferência [63]. No entanto, a *linguagem espacial* é de alguma forma sensível à geometria dos objetos, mas, geralmente, apenas em termos de propriedades espaciais restritas em detrimento da forma precisa do objeto [44].

A teoria *fuzzy* considera aspectos de imprecisão e incerteza, de forma a constituir um ambiente propício para representar informação espacial [7]. Na Figura 1 observa-se exemplos onde posições relativas não podem ser definidas de maneira binária. Verifica-se, também, que a forma do objeto tem importância nas relações espaciais atribuíveis: é mais "difícil" determinar a posição relativa entre A e B na Figura 1 (b) em comparação à (a) (e.g. A está à esquerda de B ? ou abaixo? ou ambos?). Na Figura 1 (c), é possível dizer que B está a direita de A , no entanto, uma relação mais aceitável é inclusão (B está incluso em A).

O enfoque deste sub-projeto será dado a abordagens que não desprezam características essenciais de forma. Alguns trabalhos correlatos fazem uso de histogramas de ângulos [10], histograma de forças [10, 61, 62, 63], e morfologia matemática [8, 9, 55].

Este sub-projeto tem como objetivo modelar matematicamente conceitos "imprecisos" de posições relativas e fazer uso desses modelos para reconhecimento de formas robustas à oclusão, usando as vantagens de análise por partes. Um primeiro passo neste sentido é a definição de relações a serem modeladas e propriedades desejáveis para graus (relacionados à incerteza) que podem assumir. Além disso, as ferramentas desenvolvidas deverão ser aplicadas a problemas específicos de análise de imagens e de formas para que se avalie sua performance em situações concretas. Duas aplicações de interesse dos grupos serão consideradas: análise de imagens médicas e representação de formas por partes [23].

A análise de partes para o entendimento do todo é uma abordagem usada em muitas aplicações tais como modelagem cerebral, onde a relação entre diferentes estruturas pode ser intuita segundo a forma, função e posição relativa (dado o processo de interação através de conexões anatômicas) de zonas cerebrais [56]. Assim, um subproduto esperado é a abstração do problema do estudo de cenas a partir de seus componentes para análise estrutural de formas. Os métodos de análise de formas e de configuração espacial serão implementados em uma biblioteca de funções (Matlab e C) e distribuídas como software livre dentro da Incubadora de Conteúdos Digitais da FAPESP (<http://incubadora.fapesp.br/projects/shape/>).

Exemplo Um exemplo é apresentado para ilustrar os principais aspectos deste sub-projeto. Sejam A_1 e A_2 dois objetos conexos representados em termos de conjuntos. Deseja-se encontrar o grau associado a quanto um terceiro objeto B está **entre** A_1 e A_2 . A idéia é construir uma área β entre A_1 e A_2 e então estimar o grau de sobreposição entre B e β . Esse grau de sobreposição pode ser, por exemplo, baseado na intersecção, com uma normalização apropriada, a ser definida. Desta forma, o problema é definir β , e.g. utilizando *fecho convexo*. Seja $CH(X)$ o fecho convexo de um conjunto X , e X^C seu complemento. Defina-se:

$$\beta = CH(A_1 \cup A_2) \cap A_1^C \cap A_2^C. \quad (1)$$

Esta definição é apropriada para objetos A_1 e A_2 convexos, bem como para objetos que tenham concavidades "uma de frente para outra". Para objetos mais complexos, tem-se que eliminar os componentes conexos de $CH(A_1 \cup A_2)$ que não são adjacentes ao mesmo tempo a A_1 e A_2 .

3.1.2 Projeto de w-operadores usando seleção de características

Pesquisadores: Junior Barrera, Roberto M. Cesar-Jr.

Alunos: David Martins Junior (IME-USP), Marcelo Ris (Bioinformática-USP)

EM diversos problemas de reconhecimento de padrões, a dimensão do espaço de características dos objetos tende a ser grande, tornando a tarefa de classificação bastante complexa e sujeita a erros. Esse fato explica a importância de se estudar o problema de redução de dimensionalidade em reconhecimento de padrões [47]. A redução de dimensionalidade é um problema genérico onde se

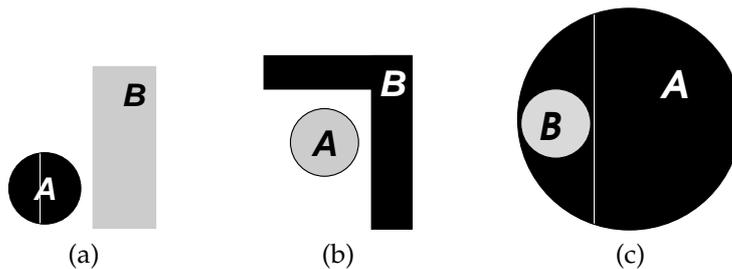


Figura 1: Exemplos de relações espaciais não definíveis de maneira binária

deseja identificar um bom subespaço reduzido de características para representar os padrões de acordo com um determinado critério. A seleção de características é uma técnica de redução de dimensionalidade que pode ser aplicada em várias situações. Trabalhamos recentemente no desenvolvimento de técnicas de seleção de características com base em teoria da informação, tendo obtido resultados bastante promissores [59]. Este sub-projeto prevê a continuação dessa linha de pesquisa, sendo em parte desenvolvido no atual programa de doutorado de David Martins Junior, iniciado recentemente (proc. FAPESP 04/03967-0).

Seja $\mathbf{X} = (X_1, X_2, \dots, X_n)$ um vetor de características e $\mathbf{X}_{\mathcal{Z}}$ um subespaço de \mathbf{X} . Seja Y a variável aleatória denominada *classe* ou *rótulo*. A entropia condicional média é dada pela fórmula [59]:

$$E[H(Y|\mathbf{X}_{\mathcal{Z}})] = \sum_{i=1}^m \frac{H(Y|\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}) \cdot (o_i + 1)}{m + t} \quad (2)$$

em que o_i é o número de ocorrências da instância $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$ no conjunto de treinamento, t é o número de amostras do conjunto de treinamento e m é o número de instâncias possíveis de $\mathbf{X}_{\mathcal{Z}}$. O valor de m é dado por p^d , em que p é o número de valores discretos que cada característica pode assumir, e d é a dimensão de $\mathbf{X}_{\mathcal{Z}}$ (número de características). $H(Y|\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i})$ é a entropia condicional de Y dado $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$.

A Figura 2 ilustra o potencial da entropia como critério para seleção de características. Nesses gráficos, os rótulos Y são representados pela abscissa e a probabilidade de uma instância $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$ ser rotulada como y representada pela ordenada. Quando o gráfico apresenta um pico saliente (massa de probabilidades bem concentrada), isso significa que a entropia condicional $H(Y|\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i})$ é pequena, ou seja, a instância $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$ prediz os rótulos de Y com boa confiança. Por outro lado, quando o gráfico apresenta-se achatado (massa de probabilidades bastante distribuída), a entropia $H(Y|\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i})$ é alta, significando que a instância $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$ não tem bom poder de previsão sobre Y .

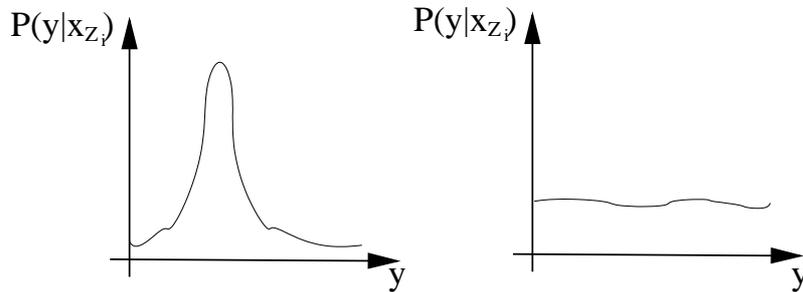


Figura 2: Entropia pequena (esq.) e entropia alta (dir.)

A idéia central por trás da Equação 2 é que a entropia condicional mede o quanto se ganha de informação sobre uma determinada variável (Y), dada a ocorrência de um determinado padrão (instância $\mathbf{x}_{\mathcal{Z}_i}$). Assim, basta calcular a entropia condicional para cada instância possível de $\mathbf{X}_{\mathcal{Z}}$ e aplicar a média das entropias ponderada pelo número de ocorrências de cada instância no conjunto de treinamento. Quanto menor a entropia condicional média, melhor o subespaço de características $\mathbf{X}_{\mathcal{Z}}$ consegue prever o valor de Y .

Neste sub-projeto, pretende-se aplicar a entropia condicional média no desenvolvimento de W -operadores a serem aplicados em processamento de imagens [45, 46]. Considerando uma máscara que define as variáveis que podem ser usadas no desenvolvimento de um W -operador como uma matriz $M \times N$ de valores discretos, seu número de características é justamente o produto de M por N . Devido a essa elevada quantidade de características, em determinados problemas de análise e processamento de imagens, a seleção de características pode ser útil para obter um W -operador com um conjunto ideal de características (pixels) relevantes para realizar uma determinada operação em uma imagem [45, 46].

A seleção de características por entropia condicional média tem mostrado resultados bastante animadores com relação a construção de W -operadores para realizar uma filtragem (restauração) de uma imagem com ruído, bem como para reconhecer texturas [59, 60]. A Figura 3 mostra, da esquerda para a direita, respectivamente, uma imagem ideal, a imagem ruidosa observada e a imagem final, que é o resultado de aplicar o W -operador obtido da seleção de características por entropia condicional média

na imagem ruidosa.

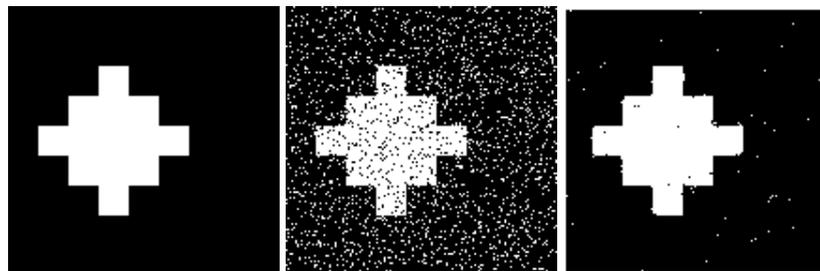


Figura 3: Imagem original (esq.), imagem ruidosa (centro) e imagem resultado (dir.)

Neste sub-projeto, pretende-se continuar esse mesmo estudo aprimorando a técnica e estendendo a mesma idéia para a construção de W -operadores por multiresolução. Trata-se de um avanço previsto original em relação ao estado da arte dessa teoria [39].

3.1.3 Reconhecimento de faces usando grafos e a abordagem multiescala

Pesquisadores: Roberto M. Cesar-Jr., Luciano da Fontoura Costa

Pesquisadores colaboradores: Isabelle Bloch (ENST-Paris), Yossi Zana (IME-USP), Rogério Feris (UCSB-USA), Teófilo E. Campos (Oxford University), Luis Augusto Consularo (UNIMEP)

Alunos: Ana Beatriz V. Graciano (IME - USP)

O GRUPO do IME-USP vem trabalhando em diferentes problemas de reconhecimento de faces nos últimos anos, tendo tratado problemas envolvendo imagens estáticas e seqüências de vídeo. Existe uma pesquisa em colaboração com a professora Bloch em que foi desenvolvida uma metodologia para segmentação de características faciais baseada em homomorfismos entre grafos [22]. Embora esse método para imagens estáticas tenha avançado nos últimos anos, existem pontos em aberto que serão tratados no desenvolvimento do presente temático.

O grupo do IME-USP tem igualmente desenvolvido técnicas de caracterização e reconhecimento de faces baseadas na transformada de Fourier-Bessel [76]. Esse trabalho vem sendo desenvolvido pelo pós-doutorando Yossi Zana (proc. FAPESP 03/07519-0). Pretende-se continuar o desenvolvimento dessa técnica de Fourier-Bessel e, eventualmente, incorporá-la ao método de segmentação de características faciais. Dentre os pontos de interesse dessa linha de pesquisa, salienta-se: (1) Comparação de técnicas de reconhecimento de faces usando Fourier-Bessel e Transformada de Fourier usando coordenadas polares; (2) Incorporação de algoritmos de detecção automática de características faciais ao sistema de verificação de faces baseado em Fourier-Bessel; (3) Desenvolvimento de um esquema de reconhecimento de faces baseado em wavelets usando coordenadas polares. Aspectos biologicamente inspirados são de especial interesse neste tópico.

Uma outra linha de pesquisa que será considerada refere-se ao uso de novos conceitos e métodos em *Redes Complexas* [1, 3, 65] para segmentação, caracterização e reconhecimento de imagens e objetos em imagens, dando continuidade a trabalhos preliminares [25, 31]. Tais metodologias requerem a transformação de uma imagem numa rede complexa, o que tem sido feito considerando cada pixel como um nó do grafo e cada diferença entre os níveis de cinza como o peso do arco estabelecido entre os dois nós respectivos. A caracterização topológica das redes assim obtidas será feita, por exemplo, utilizando-se o conjunto de medidas hierárquicas descrito em [26, 27, 28], que envolvem extensões do grau do nó e coeficiente de agrupamento (*clustering*). Estatísticas obtidas destas medidas podem fornecer informações importantes tanto para a classificação do tipo de imagem (por exemplo, texturas), como para a segmentação dos objetos. De particular interesse será a aplicação de métodos relacionados ao problema de estabelecer correspondências entre pontos de referência utilizados para representação e análise de faces. Experimentos preliminares realizados pelos Profs. Luciano e Roberto já forneceram indicações de que redes complexas extraídas de imagens de faces parecem levar a distribuições de graus de nós que obedecem leis de potência, sugerindo o uso dos respectivos *hubs* como referência para casamento entre grafos representado faces.

3.1.4 Análise de estruturas ramificadas por técnicas multiescala

Pesquisadores: Luciano da F. Costa, Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Herbert F. Jelinek (Charles Sturt University, Australia)

Alunos: João V. B. Soares (IME-USP), Jorge J. G. Leandro (IME-USP)

ESTE projeto consiste na análise de formas de estruturas que crescem por ramificação, como vasos sanguíneos e neurônios [50, 57]. Uma das linhas de atuação deste sub-projeto conta com a colaboração com o professor Herbert Jelinek, da School of Community Health - Charles Sturt University, Albury, Australia. Nesse trabalho, pudemos desenvolver um novo método de segmentação de imagens de retina baseado em classificadores estatísticos (ver exemplo na Figura 4). Distribuições baseadas em misturas de Gaussianas e o algoritmo *expectation-maximization* foram adotados nessa abordagem [57].

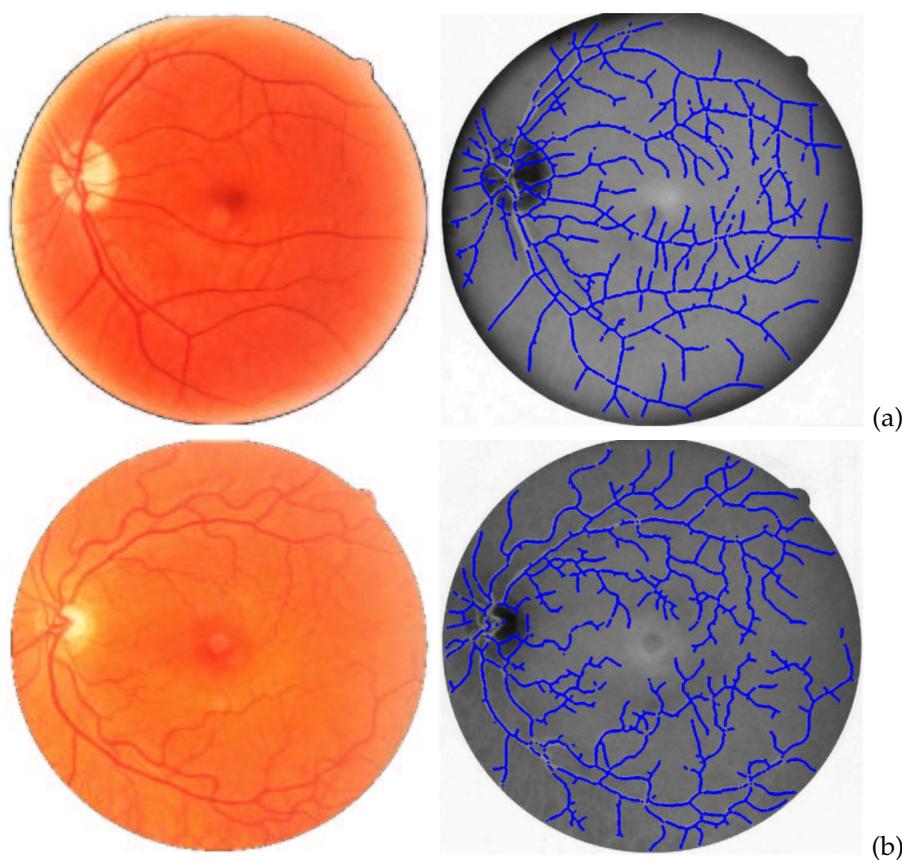


Figura 4: Resultados da segmentação (adaptado de [48]).

Esta abordagem, apesar de já ter produzido vários resultados bastante animadores, precisa de determinados avanços para que possa ser usada amplamente em situações práticas de exames médicos. Dentre os algoritmos para segmentação de imagens, frequentemente encontramos classes de algoritmos muito similares, que possuem vários procedimentos em comum, às vezes diferindo apenas pela escolha de parâmetros reguladores. No trabalho, serão desenvolvidos métodos de segmentação baseados em aprendizado computacional e inteligência artificial que sejam capazes de adaptar-se a diferentes tipos de imagens e que aprendam com a intervenção humana, automatizando aplicações subseqüentes do mesmo algoritmo.

Será desenvolvido um software com interface gráfica amigável que facilite o uso dos algoritmos de segmentação desenvolvidos ao mesmo tempo que permita que o programa aprenda parâmetros e modelos simples através das interações de usuários através pela interface. O programa será desenvolvido como software livre dentro da Incubadora de Conteúdos Digitais da FAPESP (<http://incubadora.fapesp.br/projects/retina/>).

Particularmente, serão estudadas e implementadas técnicas para a segmentação de vasos sanguíneos em imagens de fundo óptico, um problema desafiador e muito importante para fornecer indicadores de saúde aos médicos. Entre as aplicações principais da segmentação está o diagnóstico da retinopatia diabética, uma das causas mais comuns de cegueira em adultos.

Este sub-projeto também prevê a continuação da pesquisa sobre análise multiescala de neurônios, incluindo estudos sobre a relação forma-função das células. Essa tem sido uma linha de intensa atuação dos pesquisadores deste projeto [18, 20, 32, 49, 50]. Em particular, pretendemos obter métodos semi-automáticos para a segmentação de imagens de neurônios em crescimento, conforme explicado na Seção 3.2.4.

3.2 Vídeo

3.2.1 Sequências de vídeo e relações que variam em função do tempo: homomorfismo entre grafos contendo arcos temporais

Pesquisadores: Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Isabelle Bloch (ENST-Paris)

Alunos: Ana Beatriz V. Graciano (IME-USP)

UM dos temas principais desse projeto consiste nos problemas de segmentação e de reconhecimento de características faciais em sequências de vídeo, ressaltando que o termo reconhecimento é utilizado aqui no sentido de classificar uma característica facial como sendo uma certa componente da face (ex.: lábios, narinas, sobrancelhas). Tal problema é abordado através de uma metodologia [19] baseada em homomorfismo entre grafos que estende aquela apresentada para imagens estáticas em [16, 17]. A abordagem para imagens estáticas havia sido desenvolvida em uma colaboração entre os dois grupos através de um projeto Capes / Cofecub (369/01). Este novo projeto será desenvolvido como parte do mestrado (e continuado em um futuro doutorado) de Ana Beatriz Vicentim Graciano, em co-orientação com a professora Isabelle Bloch (ENST-Paris).

De modo geral, características faciais são modeladas através de um *grafo relacional com atributos*, ou ARG (do inglês, *attributed relational graph*), a cujos vértices e arestas são associados vetores de atributos. Para os fins do projeto, dois tipos de ARGs são usados: *intra-quadros* e *inter-quadros*.

Nos grafos intra-quadros, vértices representam regiões conexas de características faciais e arestas denotam relações entre as mesmas, ou seja, carregam informações sobre o arranjo espacial de tais características. Esses grafos representam efetivamente as características faciais encontradas em um único quadro da sequência de vídeo. Também são usados para gerar um grafo modelo a partir de uma imagem modelo (máscara) em que as características faciais de interesse foram previamente escolhidas.

Já nos grafos inter-quadros, há também um outro tipo de aresta, que será chamada de *aresta temporal*, sendo usada como medida para a distância entre vértices relacionados provenientes de quadros diferentes da sequência. Esse grafo é formado por uma sequência de grafos intra-quadros $G_{i-j}^{intra}, \dots, G_i^{intra}, \dots, G_{i+j}^{intra}, j \geq 0$, que constituem os ARGs derivados de cada j -ésimo quadro da sequência.

O processo de reconhecimento das características faciais consiste em buscar um homomorfismo apropriado entre o grafo inter-quadros e o grafo modelo, levando-se em consideração o conjunto de informações carregadas por quadros dentro de uma dada vizinhança e ponderando possíveis influências através do atributo temporal presente na estrutura. Para realizar esse processo, é utilizado um algoritmo de otimização baseado em busca em árvores e numa função critério pré-definida, caracterizando casamento inexato de grafos. Outras alternativas possíveis são abordadas em [16, 66, 75].

Abaixo, mostramos alguns dos resultados obtidos a partir da aplicação da metodologia estudada. Os testes foram realizados a partir de sequências de vídeo com mudanças consideráveis na face ao longo do tempo, tais como sorrisos, piscar de olhos, movimentação da cabeça, entre outras. A Figura 5 exhibe os resultados obtidos da projeção da máscara do modelo sobre alguns quadros de uma sequência composta por 96 imagens coloridas de tamanho 512×512 , que foram convertidas para níveis de cinza para o propósito do algoritmo.

É possível verificar que a máscara do modelo é satisfatoriamente projetada sobre a face, permitindo o rastreamento da mesma ao longo da sequência. Grande parte das características faciais que podem

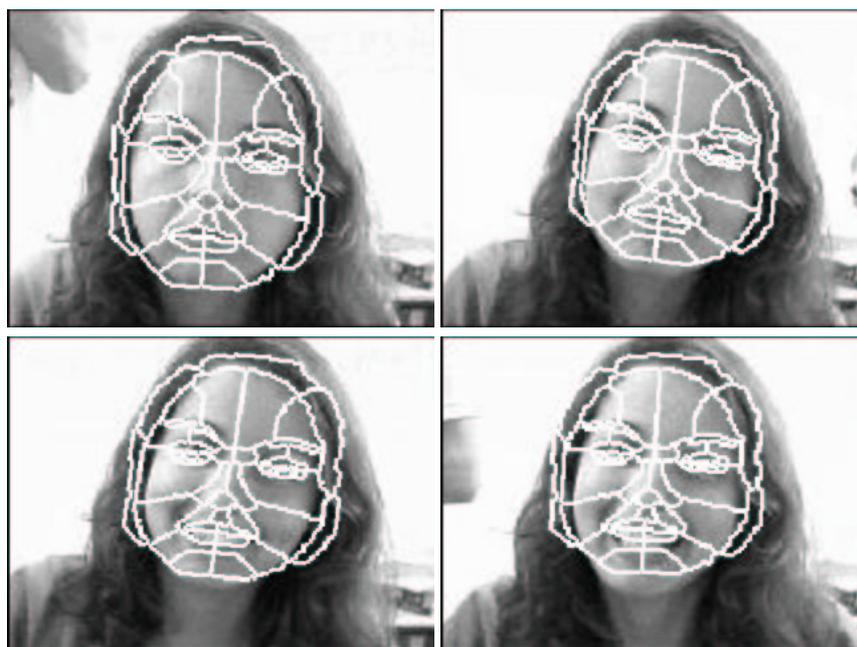


Figura 5: Máscaras do modelo projetadas sobre seus respectivos quadros segmentados e reconhecidos, de acordo com as transformações afins encontradas.

ser de interesse (ex: sobrancelhas, narinas, nariz, lábios) são corretamente rastreadas, comprovando a validade do processo de reconhecimento e da atualização dos marcadores.

No entanto, certos refinamentos ainda são necessários à metodologia, especialmente em relação a mudanças bruscas entre quadros e às ações que devem ser tomadas quando novas características faciais são introduzidas na seqüência.

3.2.2 Análise de vídeo digital e pirâmides

Pesquisadores: Junior Barrera

Pesquisadores colaboradores: Roberto Hirata-Jr. (IME-USP)

Alunos: Daniel André Vaquero (IME-USP)

Ao olharmos para uma imagem, em geral observamos regiões de texturas, cores ou níveis de cinza similares, que se combinam para formar objetos. Se os objetos são pequenos ou possuem baixo contraste, pode ser necessário examiná-los em alta resolução; se eles são grandes ou possuem alto contraste, uma visão mais grosseira é suficiente. Se ambos os tipos de objetos aparecem em uma imagem, pode ser vantajoso analisá-los em múltiplas resoluções [42]. A mudança de resolução também pode levar à criação, eliminação ou fusão de características da imagem. Isto serve como motivação para um importante paradigma em visão computacional e processamento de imagens: o processamento multiresolução.

As pirâmides de imagens [15, 51] constituem um mecanismo bastante utilizado para decompor uma imagem em múltiplos níveis de resolução. Uma forma bastante conhecida para se obter uma imagem com uma resolução menor é a de se fazer uma filtragem com o objetivo de remover altas frequências seguida de uma sub-amostragem [51].

Formalmente, podemos definir um esquema piramidal como a decomposição de uma imagem $x \in D_0$ em uma seqüência de imagens $x_j \in D_j$ para $j = 1, 2, \dots$ de menor resolução [43], onde D_i denota o domínio das imagens. Este conceito é acompanhado de uma família de *operadores de análise* $\psi_j^\dagger : D_j \rightarrow D_{j+1}$ tal que $x_{j+1} = \psi_j^\dagger(x_j)$. Nos esquemas tradicionais de decomposição piramidal de imagens, os operadores de análise são lineares e podem ser implementados por meio de convoluções, sendo que a aplicação de um operador de análise implica em perda de informação.

As estruturas piramidais podem ser utilizadas em diversas aplicações reais. Entre elas, podemos citar: compressão e codificação de imagens [15, 21, 67], transmissão progressiva [15], projeto automático de operadores de imagens a partir de exemplos [13, 36, 37, 52] e localização de objetos [58, 69, 77]. Algoritmos baseados em pirâmides de imagens em geral se aproveitam do fato de que o volume de dados reduz-se de um nível para outro na pirâmide, o que permite realizar implementações eficientes. Como exemplo temos as estratégias de busca *coarse-to-fine* [58, 69, 77], que consiste em iniciar a busca por objetos em imagens de menor resolução e então refinar o resultado progressivamente utilizando as imagens de maior resolução. Desta forma, não é necessário examinar toda a imagem na resolução maior. Isto pode ser de grande valia nas aplicações em vídeo digital [77], onde em geral manipula-se enormes quantidades de dados. Este sub-projeto concentra-se no desenvolvimento de técnicas de análise de vídeo digital através do projeto automático de pirâmides, em parte desenvolvido no atual programa de mestrado de Daniel Vaquero (proc. FAPESP 03/10066-7).

3.2.3 Análise de *range images*, formas 3D e vídeo 4D

Pesquisadores: Luciano da F. Costa, Roberto M Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Luiz Velho (IMPA-RJ), Hélder Araújo (IPR-Coimbra)

Alunos: David S. Pires (IME-USP), mais dois pós-graduandos a serem recrutados em 2006

A OBTENÇÃO de sistemas e técnicas de visão e processamento de imagens mais flexíveis, confiáveis e precisas é uma tarefa de suma importância, principalmente sob o ponto de vista do seu grande potencial de aplicação, incluindo medicina, robótica móvel, sistemas de vigilância e segurança, automação industrial e tarefas de fundo social, para citar apenas algumas. Em relação à criação de técnicas mais precisas para sistemas de visão, é importante ressaltar que a maior parte da pesquisa na área tem se concentrado no tratamento de imagens em níveis de cinza ou coloridas em coordenadas espaciais 2D. Os avanços da tecnologia e da própria pesquisa em visão têm apontado para a utilização de outros modos de aquisição de imagens como complementos importantes para o avanço do estado da arte na área, incluindo as imagens de profundidade (*range images* ou 2.5D e imagens verdadeiramente 3D) [72] e as seqüências de vídeo, a partir das quais pode-se incluir e explorar a informação do movimento dos objetos. Desta maneira, o presente sub-projeto destaca-se pela ênfase no desenvolvimento e validação de técnicas para processamento e análise de imagens e seqüências de vídeo de quadros 2.5D, 3D e de mais dimensões. Pretende-se desenvolver técnicas para segmentação e localização de objetos multi-dimensionais em seqüências de imagens também multi-dimensionais. Uma aplicação importante que será considerada neste projeto é o de rastreamento e interpretação de gestos através da aplicação de wavelets [41, 64]

Um outro problema correlato será tratado neste sub-projeto através de uma colaboração com o professor Luiz Velho (IMPA-RJ). O trabalho a ser desenvolvido envolve a reconstrução de objetos maleáveis e móveis no espaço (tanto em relação ao fundo como um objeto perante outro) em tempo real de vídeo, com integração da informação em torno do tempo. Trata-se da continuação do desenvolvimento do método descrito em [74].

O processamento envolve a segmentação de componentes conexas, a qual pode ser realizada segundo a distância no eixo das cotas. A exploração da coerência espaço-temporal se dará por meio da aplicação de dois algoritmos:

- *Iterative Closest Point (ICP)* [6]: trata-se de um algoritmo para rastreamento que converge para um máximo local e que pode ser muito bem aplicado a casos em que ocorre a intersecção de objetos, realizando-se uma união na região comum. Um desafio deste estágio é a parte topológica, caso que trata, por exemplo, do que ocorre numa esfera quando, a partir de componentes que são desconexos no R^2 se passa para componentes que são conexos no S^2 .
- Filtro preditivo de Kalman [53]: um filtro de Kalman combina todos os dados de medida disponíveis, além do conhecimento prévio sobre o sistema e os dispositivos mensuradores, a fim de produzir uma estimativa dos valores das variáveis desejadas de tal modo que o erro seja minimizado estatisticamente. Neste trabalho, o intuito de seu uso é realizar a predição da posição dos objetos em um quadro do vídeo em questão baseando-se nas posições verificadas em quadros anteriores, inferindo assim o movimento.

3.2.4 Segmentação de estruturas ramificadas em vídeo

Pesquisadores: Luciano da Fontoura Costa, Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Dania H. Brito (ICB-USP), Marinilce Silva, (ICB-USP), David Schubert, (Salk Institute, EUA)

Alunos: Leandro Carrijo (Bioinformática, USP)

DANDO continuidade a colaborações correntes entre o Grupo do Prof. Luciano Costa e o Salk Institute (Grupo de Neurociências) e o Instituto de Ciências Biomédicas (ICB-USP), pretendemos melhorar procedimentos de segmentação semi-automática de estruturas ramificadas, mais particularmente neurônios em crescimento, através do uso de técnicas de segmentação de objetos em vídeo. Imagens de neurônios em desenvolvimento sob influências diversas, incluindo alterações genéticas e induzidas intracelularmente relacionadas a estudos do Mal de Alzheimer [20, 30] e efeito de proteínas no desenvolvimento e adesão diferencial celular, são coletadas através da metodologia *time-lapse chamber* e consideradas para segmentação (ver exemplo na Figura 6). A presença intensa de artefatos, falta de contraste e uma série de ruídos implica dificuldades substanciais para a segmentação dos neurônios relativamente ao fundo da imagem (*background*). Pretendemos desenvolver e/ou utilizar métodos em que a segmentação manual de um dos quadros de referência possa servir de base para uma melhor segmentação automática dos quadros seguintes. Neste sentido, será importante a colaboração com o Grupo do Prof Roberto dentro dos subprojetos de análise de vídeo e ramificações.

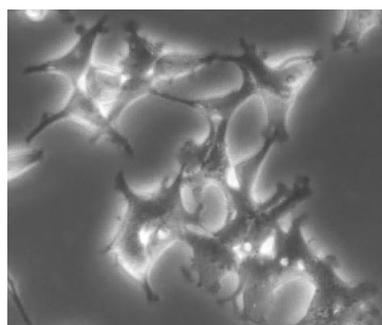


Figura 6: Exemplo de imagem de neurônio a ser segmentada.

3.3 Biologia computacional

3.3.1 Identificação de redes de dependência gênica

Pesquisadores: Junior Barrera, Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Hernando Del Portillo (ICB-USP), João Eduardo Ferreira (IME-USP)

Alunos: David Martins Junior (IME-USP)

CONFORME mencionado na Seção 3.1.2, um dos principais resultados de mestrado de David M. Jr (IME-USP, bolsista FAPESP proc. 02/04611-0) foi a elaboração de uma função critério baseada em entropia condicional para redução de dimensionalidade. Com base nos avanços obtidos da pesquisa de mestrado, pretende-se estender a aplicação desse método para identificação de arquiteturas de redes de regulação gênica. A arquitetura de uma rede consiste de ligações representando conexões biomoleculares e regras ou funções que representam as interações moleculares na célula [33]. Em síntese, a arquitetura define como cada variável depende das outras. Essas variáveis podem representar valores de atividade molecular como, por exemplo, níveis de expressão de genes, em um dado modelo. A arquitetura de uma rede possui implicações importantes em sua dinâmica (funcionamento) (por ex. se se trata de uma rede aleatória ou *scale-free*, se possui hubs, etc. [3]).

A técnica de seleção de características por entropia condicional média proposta em [59] foi aplicada para identificar a arquitetura da rede de regulação gênica para os dados de *microarray* obtidos do

genoma seqüenciado do *Plasmodium falciparum*, um agente parasita causador da malária [11]. Este trabalho foi desenvolvido em conjunto com outros pesquisadores do IME-USP e também com a equipe do Prof. Dr. Hernando Del Portillo do Instituto de Ciências Biomédicas (ICB-USP). Cabe ressaltar que esse trabalho foi apresentado na *fifth international conference for the Critical Assessment of Microarray Data Analysis (CAMDA 2004)* (<http://www.camda.duke.edu/camda04/>), tendo recebido o *Best Presentation Award* da conferência [5].

O modelo adotado para representar redes gênicas é a Rede Gênica Probabilística (PGN - Probabilistic Genetic Network). Esta rede é uma cadeia de Markov com algumas propriedades adicionais. O modelo imita as propriedades de um gene como uma porta estocástica não-linear e os sistemas construídos pelo acoplamento dessas portas. O objetivo desta pesquisa é estimar uma PGN [38] representando um subsistema da rede de expressão gênica a partir de medidas de expressões de *microarray*. A estimativa do PGN é feita através da minimização da entropia condicional média (ou, equivalentemente, maximização da informação mútua) na busca de descobrir um subconjunto de genes que melhor prediz um determinado gene alvo Y no instante de tempo posterior. Este sub-projeto prevê a continuação dessa pesquisa.

No processo de identificação de arquitetura de redes gênicas, a preparação dos dados de entrada é um dos passos iniciais. Independentemente da técnica de aquisição dos dados (por exemplo: *microarray*, SAGE), teremos inicialmente que formatar os dados de tal forma que tenhamos uma matriz de $m \times n$ de expressões, onde m é o número de instantes de tempo observados e n é o número de genes considerados. Ou seja, cada gene terá um vetor temporal de expressões associado.

A fase seguinte à de preparação é a de pré-processamento dos dados. Duas tarefas cruciais dessa fase são:

- *Normalização*: é necessária em casos onde os vetores de expressões de cada gene assumem uma escala diferente de medidas ou possuem variações de valores bastante diferentes entre si. Uma técnica de normalização que deve ser usada é a transformação normal [23];
- *Discretização*: geralmente as expressões gênicas são valores reais (contínuos). Discretizar é dividir os valores em faixas ou intervalos e atribuir um único valor representante para cada uma dessas faixas. Por exemplo, em um modelo de redes Booleanas, divide-se os valores das expressões em dois intervalos e atribui-se valor 0 às expressões que estão abaixo de um certo limiar considerado normal, e valor 1 às expressões que estão acima desse limiar.

Com os dados pré-processados, a próxima tarefa é tentar identificar a arquitetura da rede. A primeira abordagem que será utilizada para tal é a aplicação do método de seleção de características por entropia condicional média [59]. Isso permite verificar de quais genes um determinado gene depende observando apenas dois instantes de tempos consecutivos. Deve-se aplicar iterativamente este método para cada gene, obtendo uma arquitetura inicial da rede.

Outras alternativas também deverão ser estudadas para utilizá-las e combiná-las entre si e com seleção de características por entropia condicional para obter um refinamento da arquitetura. Devemos validar os resultados obtidos utilizando modelos simulados de redes de regulação gênica (por exemplo [2]) e posteriormente analisá-los com dados reais.

3.3.2 Processamento de sinais e reconhecimento de padrões em bioinformática

Pesquisadores: Junior Barrera, Roberto M. Cesar-Jr.

Pesquisadores colaboradores: Helaine Carrer (ESALQ-USP), Helena Brentani (Instituto Ludwig)

Alunos: David Martins Junior (IME-USP), Jesus Mena-Chalco (IME-USP)

O GRUPO do IME-USP deverá continuar o desenvolvimento de técnicas de processamento de sinais e de reconhecimento de padrões para a resolução de problemas em bioinformática. Uma das linhas de atuação refere-se à colaboração com Helena Brentani (Instituto Ludwig) para análise de dados de SAGE. Nesse trabalho, temos utilizado a técnica de seleção de características usando entropia, bem como máquinas de suporte vetorial [59] para a seleção de genes fortes, ou seja, genes que permitem a distinção, com maior confiança, entre diferentes estados biológicos. Um exemplo de ques-

tão de interesse a ser respondida pelas técnicas em desenvolvimento é: quais genes melhor distinguem tecidos com glioblastoma dos tecidos com astrocitoma graus II e III?

Para calcular a entropia condicional média sobre um determinado subconjunto de genes, é necessária a realização de uma etapa de discretização das expressões logo após a etapa de normalização. Tal passo não é necessário caso seja aplicada a técnica de MSV, mas é fundamental no cálculo das entropias. Por exemplo, para cada gene, pode-se atribuir 0 às expressões normalizadas que tenham valor negativo (isto é, que tenham valor abaixo de suas próprias expressões), e atribuído 1 caso contrário. Portanto, a discretização adotada seria de grau 2 (dois valores possíveis para cada expressão). O resultado final da discretização é uma matriz Booleana que serve como entrada para calcular a entropia condicional média. A pesquisa nessa linha deverá continuar a ser desenvolvida como parte deste temático.

Pretende-se desenvolver um trabalho análogo em conjunto com a professora Helaine Carrer (ESALQ-USP). O grupo do IME-USP já vem trabalhando em colaboração com a professora Helaine através da co-orientação de Jesus Mena-Chalco (mestrado - IME - USP). A primeira fase desse projeto de mestrado envolveu o desenvolvimento e manutenção de um pipeline para aquisição, processamento e armazenamento de plastomas de Eucalyptus (<http://malariaadb.ime.usp.br:8026/pipeline/>). O projeto de deverá ser concluído com a aplicação de técnicas de processamento de sinais (Fourier e wavelets) para análise de seqüências genômicas (para mais detalhes, consultar http://www.vision.ime.usp.br/~jmena/seminarios/11_19-mena.pdf.gz). O doutorado de Jesus, a ser desenvolvido no IME-USP igualmente em co-orientação entre os professores Roberto e Helaine, deverá permitir a continuação da pesquisa em processamento de sinais e bioinformática, bem como tratar de problemas de análise de expressão gênica em uma seqüência natural do projeto de mestrado.

4 Equipe

- Pesquisadores principais:
 - Roberto M. Cesar-Jr (IME-USP, coordenador)
 - Junior Barrera (IME-USP)
 - Luciano da F. Costa (IFSC-USP)
- Pesquisadores colaboradores:
 - Anderas Schierwagen, (Univ. Leipzig, Alemanha)
 - Dania H. Brito (ICB-USP)
 - David Schubert (Salk Institute, EUA)
 - Dietrich Stauffer (Univ. Colonia, Alemanha)
 - Fernando Rocha (Instituto de Psicologia - USP)
 - Helaine Carrer (ESALQ-USP)
 - Hélder Araújo (IPR-Coimbra)
 - Helena Brentani (Instituto Ludwig)
 - Herbert F. Jelinek (Charles Sturt University, Australia)
 - Hernando Del Portillo (ICB-USP)
 - Isabelle Bloch (ENST-Paris)
 - João Eduardo Ferreira (IME-USP)
 - Luiz Velho (IMPA-RJ),
 - Marcelo E. Beletti (UFU-Uberlândia)
 - Marililce Silva (ICB-USP)
 - Osvaldo N. Oliveira (IFSC-USP)
 - Roberto Hirata-Jr. (IME-USP)
 - Rogério Feris (UCSB-USA)

- Teófilo E. Campos (Oxford University)
- Pós-doutorandos:
 - Luis A. Diambra (IFSC-USP)
 - Marconi S. Barbosa (IFSC-USP)
 - Yossi Zana (IME-USP)
- Alunos de doutorado:
 - Celina M. Takemura (IME-USP)
 - Bruno N. Travencolo (Bioinformática-USP)
 - David Martins Junior (IME-USP)
 - Erbe Pandini (IFSC-USP)
 - Leandro C. Cintra (Bioinformática-USP)
 - Linder C. Silva (IFSC-USP)
 - Marcelo Ris (Bioinformática-USP)
 - Thomas Chalumeau (Univ. Bourgogne, França)
- Alunos de mestrado:
 - Ana Beatriz V. Graciano (IME - USP)
 - Daniel André Vaquero (IME-USP)
 - David S. Pires (IME - USP)
 - João V. B. Soares (IME - USP)
 - Jorge J. G. Leandro (IME - USP)
 - Jesus Mena-Chalco (IME - USP)
 - Matheus Viana (IFSC-USP)
- Funcionários
 - Adenilza Aparecida Alves (IME-USP)
 - Edna Torres (IME-USP)
 - Elizabeth Felício Bimbatti (IME-USP)
 - Maria Cláudia Amato (IFSC-USP)
 - Núbia Nascimento (IME-USP)
 - Paulo Dantas (IME-USP)

5 Comentários finais

COMO pode-se perceber, a submissão do presente projeto temático ocorre de maneira que sua realização consista em uma continuação natural e integradora de diferentes atividades de pesquisa e de formação de alunos de pós-graduação dos grupos de visão no IME-USP e IFSC-USP, em colaboração com outras instituições de pesquisa. A concessão desta solicitação irá permitir a manutenção dos laboratórios dos respectivos institutos e o conseqüente desenvolvimento de novas e instigantes linhas de pesquisa em reconhecimento de padrões.

Referências

- [1] R. Albert and A. L. Barabási. Statistical mechanics of complex network. *Reviews of Modern Physics*, 74:47–97, 2002.
- [2] H. A. Armelin, J. Barrera, E. R. Dougherty, M. D. Gubitoso, J. E. Ferreira, N. S. T. Hirata, and E. J. Neves. A simulator for gene expression networks. In *SPIE Microarrays: Optical Technologies and Informatics*, volume 4266, pages 248–259, San Jose, 2001.
- [3] A.L. Barabasi. *Linked*. Plume, 2003.
- [4] J. Barrera, R. M. Cesar-Jr., J. E. Ferreira, and M. D. Gubitoso. An environment for knowledge discovery in biology. *Computers in Biology and Medicine*, 34(5):371–459, 2004.
- [5] J. Barrera, R. M. Cesar-Jr, D. C. Martins-Jr, E. F. Merino, R. Z. N. Vencio, F. G. Leonardi, M. M. Yamamoto, C. A. B. Pereira, and H. A. Portillo. A new annotation tool for malaria based on inference of probabilistic genetic networks. In *Proceedings of CAMDA*, 2004.
- [6] P. J. Besl and N. D. McKay. A method for registration of 3-d shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–256, 1992.
- [7] I. Bloch. Fuzzy sets in image processing. In *Proceedings of the 1994 ACM symposium on Applied computing*, pages 175 – 179, New York, NY, USA, 1994. ACM Press.
- [8] I. Bloch. Fuzzy relative position between objects in images: a morphological approach. In *Proceedings of International Conference on Image Processing*, volume 1, pages 987 – 990, 1996.
- [9] I. Bloch. Fuzzy relative position between objects in image processing: a morphological approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(7):657 – 664, 1999.
- [10] I. Bloch and A. Ralescu. Directional relative position between objects in image processing: a comparison between fuzzy approaches. *Pattern Recognition*, 36(7):1563 – 1582, 2003.
- [11] Z. Bozdech, M. Llinás, B. L. Pulliam, E. D. Wong, J. Zhu, and J. L. DeRisi. The transcriptome of the intraerythrocytic developmental cycle of plasmodium falciparum. *Plos Biology*, 1(1), Oct 2003.
- [12] M. Brun, E. R. Dougherty, R. Hirata-Jr., and J. Barrera. Design of optimal binary filters under joint multiresolution-envelope constraint. *Pattern Recognition Letters*, 24(7):937–945, 2003.
- [13] M. Brun, E. R. Dougherty, R. Hirata Jr., and J. Barrera. Design of optimal binary filters under joint multiresolution-envelope constraint. *Pattern Recognition Letters*, 24(7):937–945, 2003.
- [14] M. Brun, R. Hirata-Jr., J. Barrera, and E. R. Dougherty. Nonlinear filter design using envelopes. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 21(1):81–97, 2004.
- [15] P. J. Burt and E. H. Adelson. The Laplacian Pyramid as a Compact Image Code. *IEEE Transactions on Communications*, COM-31(4):532–540, April 1983.
- [16] R.M. Cesar-Jr, E. Bengoetxea, and I.Bloch. Inexact graph matching using stochastic optimization techniques for facial feature recognition. In *16th International Conference on Pattern Recognition*, volume 2, pages 465–468, August 2002.
- [17] R.M. Cesar-Jr. and I. Bloch. First results on facial feature segmentation and recognition using graph homomorphisms. In *Proc. VI Simpósio Ibero-Americano de Reconhecimento de Padrões*, pages 95–99, Florianópolis, Brazil, 2001.
- [18] R.M. Cesar-Jr. and L. da F. Costa. Dendrogram generation for neural shape analysis. *The Journal of Neuroscience Methods*, 93:121–131, 1999.
- [19] R.M. Cesar-Jr., A. Graciano, and I.Bloch. Inexact graph matching for facial feature segmentation and recognition in video sequences: results on face tracking. In *8th Iberoamerican Congress on Pattern Recognition - CIARP'03*, volume 2905 of *Lecture Notes on Computer Science*, pages 71 – 78, Havana, 2003. Springer-Verlag.

- [20] Q. Chen, T. J. Chen, P. C. Letourneau, L. F. Costa, and D. Schubert. Moca regulates n-cadherin-mediated cell-cell adhesion and neurite outgrowth. *Journal of Neuroscience*, 2004 (accepted).
- [21] H. Ching-Han and C.-C. J. Kuo. Multiresolution Image Decomposition and Compression Using Mathematical Morphology. In *1993 Conference Record of The Twenty-Seventh Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers*, volume 1, pages 21–25, Pacific Grove, CA, USA, November 1993.
- [22] O. Colliot, A.V. Tuzikov, R.M. Cesar-Jr., and I. Bloch. Approximate reflectional symmetries of fuzzy objects with an application in model-based object recognition. *Fuzzy Sets and Systems*, 147(1):141–163, 2004.
- [23] L. F. Costa and R.M. Cesar-Jr. *Shape Analysis and Classification: Theory and Practice*. CRC Press, 2001.
- [24] L. F. Costa, R. S. Torres, and A. X. Falcão. A graph-based approach for multiscale shape analysis. *Pattern Recognition*, 37:1163–1174, 2004.
- [25] L. da F. Costa. Complex networks, simple vision. cond-mat/0403346, Mar 2004.
- [26] L. da F. Costa. A generalized approach to complex networks. cond-mat/0408076, Ago 2004.
- [27] L. da F. Costa. The hierarchical backbone of complex networks. *Physical Review Letters*, 93:98702–, 2004.
- [28] L. da F. Costa. Hierarchical characterization of complex networks. cond-mat/0412761, Jan 2005.
- [29] L. da F. Costa, M. S. Barbosa, E. T. M. Manoel, J. Streicher, and G. B. Muller. Mathematical characterization of three-dimensional gene expression patterns. *Bioinformatics*, 20:1653–1662, 2004.
- [30] L. da F. Costa, G. Mutinari, and D. Schubert. Characterizing width uniformity by wave propagation. *Physical Review E*, 68:67041 – 67047, 2003.
- [31] L. da F. Costa and G. Travieso. Strength distribution in derivative networks. cond-mat/0501252, Jan 2005.
- [32] L. da F. Costa and T.J. Velte. Automatic characterization and classification of ganglion cells from the salamander retina. *Journal of Comparative Neurology*, 404(1):35–51, 1999.
- [33] P. D’haeseleer, S. Liang, and Roland Somgyi. Tutorial: Gene expression data analysis and modeling. In *Pacific Symposium on Biocomputing*, Hawaii, January 1999.
- [34] E. R. Dougherty and J. Barrera. Pattern recognition theory in nonlinear signal processing. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 16(3):181–197, 2002.
- [35] E. R. Dougherty, J. Barrera, M. Brun, S. Kim, R.M. Cesar-Jr, Y. Chen, M. Bittner, and J.M. Trent. Inference from clustering with application to gene-expression microarrays. *Journal of Computational Biology*, 9(1):105–126, 2002.
- [36] E. R. Dougherty, J. Barrera, G. Mozelle, S. Kim, and M. Brun. Multiresolution Filter Design. In *Proc. SPIE Vol. 3961, p. 12-21, Nonlinear Image Processing XI, Edward R. Dougherty; Jaakko T. Astola; Eds.*, pages 12–21, March 2000.
- [37] E. R. Dougherty, J. Barrera, G. Mozelle, S. Kim, and M. Brun. Multiresolution Analysis for Optimal Binary Filters. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 14(1):53–72, 2001.
- [38] E. R. Dougherty, M. L. Bittner, Y. Chen, S. Kim, K. Sivakumar, J. Barrera, P. Meltzer, and J. M. Trent. Nonlinear filters in genomic control. In *IEEE-NSIPP*, pages 10–15, Turkey, 1999. Antalya.
- [39] E. R. Dougherty, S. Kim, G. Mozelle, J. Barrera, and M. Brun. Multiresolution filter design. In *Non Linear Image Processing XI. Electronic Imaging ’2000*, San Jose, 2000.
- [40] L. F. Estrozi, L. G. Rios, A. G. C. Bianchi, R.M. Cesar-Jr., and L. da F. Costa. 1D and 2D Fourier-based approaches to numeric curvature estimation and their comparative performance assessment. *Digital Signal Processing*, 13:172–197, 2003.

- [41] R. S. Feris, T. E. Campos, and R. M. Cesar-Jr. Detection and tracking of facial features in video sequences. In *Lecture Notes in Artificial Intelligence*, volume 1973, pages 129–137, 2000.
- [42] R. C. Gonzalez and R. E. Woods. *Digital Image Processing*. Addison-Wesley Publishing Company, 2nd edition, 2002.
- [43] J. Goutsias and H. J. A. M. Heijmans. Nonlinear Multiresolution Signal Decomposition Schemes – Part I: Morphological Pyramids. *IEEE Transactions on Image Processing*, 9(11):1862–1876, November 2000.
- [44] W. G. Hayward and M. J. Tarr. Spatial language and spatial representation. *Cognition*, 55(1):39–84, 1995.
- [45] N. S. T. Hirata. *Projeto Automático de Operadores: Explorando Conhecimentos a Priori*. PhD thesis, Instituto de Matemática e Estatística - USP, Rua do Matão, 1010, 2000.
- [46] N. S. T. Hirata, E. R. Dougherty, and J. Barrera. Iterative design of morphological binary image operators. *Optical Engineering*, 12(39):3106–3123, December 2000.
- [47] A. Jain and D. Zongker. Feature selection - evaluation, application, and small sample performance. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(2):153–158, 1997.
- [48] H. Jelinek and R. M. Cesar-Jr. Segmentation of retinal fundus vasculature in non-mydratic camera images using wavelets. In J. Suri and T. Laxminarayan, editors, *Angiography Imaging: State-of-the-Art Acquisition, Image Processing and Applications Using Magnetic Resonance, Computer Tomography, Ultrasound and X-rays*, chapter 5. CRC Press, 2003.
- [49] H. Jelinek, R. M. Cesar-Jr, and J. J. G. Leandro. Exploring the structure-function relationship of cat retinal ganglion cells using wavelets. *Brain and Mind*, 4(1):67–90, 2003.
- [50] H. Jelinek, R. M. Cesar-Jr, J. J. G. Leandro, and I. Spence. Automated computational morphometric analysis of the cat retinal α/y , β/x and δ ganglion cells using clustering algorithms. *Journal of Integrative Neuroscience*, 3(4):415–432, 2004.
- [51] J. M. Jolion and A. Rosenfeld. *A Pyramid Framework for Early Vision*. Kluwer Academic Publishers, 1994.
- [52] R. Hirata Jr., M. Brun, J. Barrera, and E. R. Dougherty. Multiresolution Design of Aperture Operators. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 16(3):199–222, 2002.
- [53] <http://www.cs.unc.edu/~welch/kalman/>.
- [54] R. Krishnapuram and J.M. Keller. Fuzzy set theoretic approach to computer vision: An overview. *IEEE International Conference on Fuzzy Systems*, 1992., pages 135 – 142, 1992.
- [55] R. Krishnapuram, J.M. Keller, and Y. Ma. Quantitative analysis of properties and spatial relations of fuzzy image regions. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, 1(3):222 – 233, 1993.
- [56] V. Labatut, J. Pastor, S. Ruff, J. Démonet, and P. Celsis. Cerebral modeling and dynamic bayesian networks. *Artificial Intelligence in Medicine*, 30:119 – 139, 2004.
- [57] J. J. G. Leandro, J. V. B. Soares, R. M. Cesar-Jr., and H. Jelinek. Blood vessels segmentation in non-mydratic images using wavelets and statistical classifiers. In *Proc. 16th Brazilian Conference on Computer Graphics, Image Processing - Sibgrapi03*, pages 262–269. IEEE Computer Society Press, 2003.
- [58] J. MacLean and J. Tsotsos. Fast Pattern Recognition Using Gradient-Descent Search in an Image Pyramid. In *Proceedings of the 15th International Conference on Pattern Recognition*, Barcelona, Spain, September 2000.
- [59] D. Martins-Jr. Redução de dimensionalidade utilizando entropia condicional média aplicada a problemas de bioinformática e de processamento de imagens. Master’s thesis, Instituto de Matemática e Estatística, IME-USP, São Paulo, Brasil, 2004.

- [60] D. C. Martins-Jr, R. M. Cesar-Jr, and J. Barrera. W-operator window design by maximization of training data information. In *Proceedings of 17th Proc. Brazilian Symposium on Computer Graphics, Image Processing - SIBGRAPI*, pages 162–169. IEEE Computer Society Press, 2004.
- [61] P. Matsakis, J.M. Keller, O. Sjahputera, and J. Marjamaa. The use of force histograms for affine-invariant relative position description. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26(1):1 – 18, 2004.
- [62] P. Matsakis, J.M. Keller, L. Wendling, J. Marjamaa, and O. Sjahputera. Linguistic description of relative positions in images. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 31(4):573 – 588, 2001. Part B.
- [63] P. Matsakis and L. Wendling. A new way to represent the relative position between areal objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(7):634 – 643, 1999.
- [64] W. W. Mayol, B. J. Tordoff, T. E. de Campos, A. J. Davison, and D. W. Murray. Active vision for wearables. In *Proceedings of Euroearable'03*, Birmingham, 2003. IEE.
- [65] M. E. J. Newman. The structure and function of complex networks. *SIAM Review*, 45:167–256, 2003.
- [66] A. Perchant and I. Bloch. Fuzzy morphisms between graphs. *Fuzzy Sets and Systems*, 128(2):149–168, 2002.
- [67] M. M. Reid, R. J. Millar, and N. D. Black. Second-Generation Image Coding: An Overview. *ACM Computing Surveys*, 29(1):3–29, 1997.
- [68] J. Renz and B. Nebel. On the complexity of qualitative spatial reasoning: a maximal tractable fragment of the region connection calculus. *Artificial Intelligence*, 108(1-2):69–123, 1999.
- [69] C. A. Segall, W. Chen, and S. T. Acton. Nonlinear Pyramids for Object Identification. In *Thirtieth Asilomar Conference on Systems, Signals and Computers*, Pacific Grove, California, November 1996.
- [70] C.M. Takemura, R.M. Cesar-Jr, R.A.T. Arantes, L. da F. Costa, E. Hingst-Zaher, V. Bonato, and S.F. dos Reis. Morphometrical data analysis using wavelets. *Journal of Real-Time Imaging*, 10(4):239–250, 2004.
- [71] T.Pavlidis. *Structural Pattern Recognition*. Springer-Verlag, NY, 1977.
- [72] E. Trucco and A. Verri. *Introductory Techniques for 3-D Computer Vision*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1998.
- [73] M. Vazirgiannis. Uncertainty handling in spatial relationships. In *Proceedings of the 2000 ACM symposium on Applied computing*, pages 494 – 500, New York, NY, USA, 2000. ACM Press.
- [74] M. B. Vieira, L. Velho, A. M. E. Sa, and P. C. P. Carvalho. Real time 3d video. In *Visual Proceedings of SIGGRAPH*, 2004.
- [75] R.C. Wilson and E.R. Hancock. A Bayesian compatibility model for graph matching. *Pattern Recognition Letters*, 17(3):263–276, 1996.
- [76] Y. Zana and R. M. Cesar-Jr. Face recognition based on cartesian and polar features. *ACM Transactions on Applied Perception*, 2005 (to appear).
- [77] J. Z. Zhang and Q. M. J. Wu. A Pyramid Approach to Motion Tracking. *Real-Time Imaging*, 7(6):529–544, December 2001.