

IDENTIFICAÇÃO AUTOMÁTICA DE REGIÕES DE INTERESSE EM IMAGENS PRÉ-CLÍNICAS UTILIZANDO TÉCNICAS DE SEGMENTAÇÃO INTELIGENTE

Nuno Miguel Mendonça Abilio (PIBIC/CNPq/UEM), Yandre Maldonado e Gomes da Costa (Orientador), Franklin Cesar Flores (Coorientador). E-mail: ra132830@uem.br, ymgcosta@uem.br, fcflores@uem.br

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Tecnologia, Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Ciências Exatas e da Terra / Ciência da Computação / Metodologia e Técnicas da Computação.

Palavras-chave: segmentação de imagens; aprendizado profundo; imagens laboratoriais.

RESUMO

Laboratórios biológicos frequentemente lidam com grandes quantidades de imagens digitais obtidas por microscopia digital para análise de amostras teciduais. A anotação manual dessas imagens é demorada, propensa a erros humanos e pode levar a lesões por esforço repetitivo. Este trabalho propõe o desenvolvimento de um protocolo automatizado para análise de imagens de amostras biológicas usando técnicas inteligentes de segmentação. Empregamos modelos de aprendizado profundo incluindo variantes YOLO (V11, NAS), Roboflow 3.0 e RF-DETR para identificar automaticamente regiões de interesse em imagens microscópicas de tecidos renais e tímicos de animais de laboratório. Nossos resultados experimentais demonstram excelente desempenho na segmentação de tecido renal, alcançando valores de mAP acima de 97% em todos os modelos testados. No entanto, a segmentação de tecido tímico apresentou desafios significativos, com valores iniciais de mAP em torno de 36%. Após melhorar a qualidade das anotações para incluir regiões que intersectam bordas, obtivemos melhores resultados de precisão, mas valores de mAP inferiores. A metodologia inclui pré-processamento estratégico de dados, técnicas de aumento de dados e avaliação abrangente de desempenho usando métricas tradicionais de segmentação. Apesar dos desafios com a segmentação do timo, este trabalho estabelece uma base para análise automatizada de imagens biológicas e identifica fatores-chave para implementação bem-sucedida.

INTRODUÇÃO

A análise de amostras biológicas através de microscopia digital tornou-se fundamental em laboratórios de ciências biológicas, que produzem quantidades substanciais de imagens digitais para apoiar pesquisas. No entanto, o fluxo de trabalho atual depende fortemente de operações manuais, consumindo tempo significativo dos pesquisadores e introduzindo limitações críticas. A anotação manual apresenta desafios como predisposição a lesões por esforço repetitivo, alterações

nos padrões de anotação devido à fadiga e inconsistências que comprometem a reprodutibilidade. Recentes avanços em visão computacional e aprendizado profundo demonstraram sucesso notável em segmentação de imagens, com técnicas como Mask R-CNN e variantes YOLO apresentando alternativas promissoras (HE et al., 2017; REDMON et al., 2016). Neste contexto, identificamos estudos em andamento no Laboratório de Plasticidade Neural Entérica da UEM que requerem identificação automatizada de propriedades morfométricas em imagens microscópicas de tecidos renais e tímicos de ratos de laboratório.

MATERIAIS E MÉTODOS

Utilizamos dois conjuntos de dados do Laboratório de Plasticidade Neural Entérica da UEM: 280 imagens microscópicas de tecido renal com anotações JSON dos folhetos visceral e parietal, e 154 imagens de tecido tímico com demarcações das regiões córtex-medula. O conjunto tímico incluiu espécimes de animais saudáveis e com artrite.

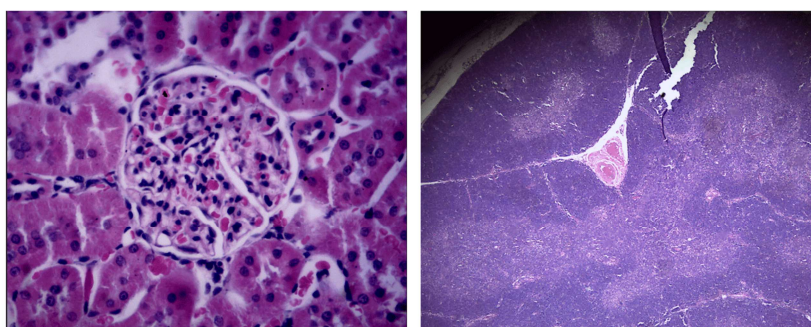


Figura 1 – Exemplos de imagens dos conjuntos de dados do rim e timo, respectivamente.

Para a execução dos experimentos de segmentação, empregamos Roboflow, uma plataforma online que fornece ferramentas abrangentes para rotulagem de imagens, treinamento de modelos, análise de dados e desenvolvimento prático de modelos computacionais. Baseado nas características específicas de nossos conjuntos de dados e nos requisitos da tarefa de segmentação, selecionamos quatro arquiteturas principais de modelo para avaliação comparativa: YOLO V11, YOLO NAS, Roboflow 3.0 e RF-DETR (Small). A família YOLO é reconhecida por sua eficiência na detecção de objetos em tempo real (REDMON et al., 2016).

O pré-processamento, uma etapa crítica para bons resultados (NELSON, 2020) incluiu particionamento estratégico (70% treino, 20% teste, 10% validação) e padronização para 640×640 pixels. Para imagens renais, aplicamos preenchimento com bordas pretas para manter proporções. Para imagens tímicas, utilizamos redimensionamento proporcional, considerando as características morfológicas específicas do tecido.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O desempenho do modelo foi avaliado usando três métricas fundamentais comumente empregadas em tarefas de detecção de objetos e segmentação: mAP (Precisão Média), Precisão e Recall, sendo mAP a mais importante, pois captura tanto a precisão da detecção quanto a localização dos objetos, avaliando quão bem um modelo detecta e localiza objetos através do cálculo da precisão em múltiplos limiares de Intersecção sobre União (IoU) (LYNN, 2025).

Os resultados experimentais para segmentação de tecido renal demonstraram desempenho notavelmente promissor em todas as arquiteturas testadas. Todos os três modelos alcançaram ótimo desempenho, com valores de mAP excedendo 97%. O modelo YOLO NAS demonstrou o maior mAP em 98.9%, enquanto o Roboflow 3.0 alcançou a melhor precisão em 91.3%. Resultados completos na Tabela 1.

Tabela 1 – Resultados de desempenho para segmentação de tecido renal.

Modelo	Pré-processamento	Augmentation	mAP (%)	Precisão (%)	Recall (%)
Roboflow 3.0	Bordas pretas	Não	98.0	91.3	98.2
YOLO V11	Bordas pretas	Não	97.9	89.6	97.8
YOLO NAS	Bordas pretas	Não	98.9	84.4	99.4

Os experimentos iniciais de segmentação de tecido tímico apresentaram desafios significativos, como evidenciado por métricas de desempenho substancialmente menores em todos os modelos testados. Seguindo a hipótese de que a completude das anotações impacta significativamente a eficácia do treinamento, conduzimos experimentos adicionais usando o conjunto de dados tímico melhorado que inclui regiões que intersectam bordas. Resultados completos na Tabela 2.

Tabela 2 – Resultados de desempenho para segmentação de tecido tímico.

Modelo	Dataset	Augmentation	mAP (%)	Precisão (%)	Recall (%)
Roboflow 3.0	Original	Não	36.8	28.6	50.0
Roboflow 3.0	Original	Sim	36.5	28.0	49.1
YOLO V11	Original	Não	34.1	24.0	54.1
Roboflow 3.0	Melhorado	Não	27.8	37.3	32.7
Roboflow 3.0	Melhorado	Sim	27.1	23.7	29.4
RF-DETR	Melhorado	Não	20.7	24.0	33.0
RF-DETR	Melhorado	Sim	22.3	26.3	33.0

Os resultados revelaram dificuldades consideráveis na segmentação de tecido tímico, com valores de mAP variando de 20.7% a 36.8%. A disparidade substancial entre os conjuntos de dados do rim e timo revela a importância de características como contraste, bordas e tamanho do dataset no sucesso da abordagem, conforme mostrado na Figura 2.

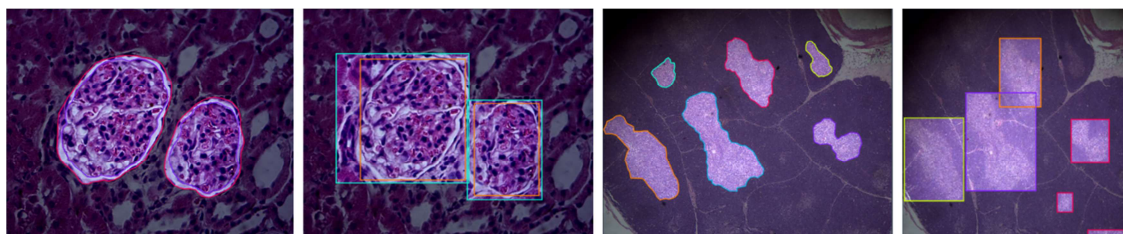


Figura 2 – Comparação visual entre segmentação original e automatizada, respectivamente, para conjunto de dados do rim e timo, respectivamente.

CONCLUSÕES

Este trabalho demonstrou o potencial significativo da segmentação automatizada para imagens biológicas pré-clínicas, alcançando desempenho excepcional na análise de tecido renal ($mAP > 97\%$) com todas as arquiteturas testadas (YOLO V11, YOLO NAS, Roboflow 3.0). Os desafios encontrados na segmentação de tecido tímico revelaram que características do dataset como contraste, qualidade das anotações e tamanho impactam mais o desempenho que a escolha arquitetural. O trabalho estabelece metodologia sistemática para avaliação de técnicas de segmentação em imagens biológicas e fornece diretrizes práticas para implementação em laboratórios, demonstrando viabilidade para automação de tarefas repetitivas de análise morfométrica.

AGRADECIMENTOS

Este estudo foi financiado pelo CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e Fundação Araucária através de bolsas de iniciação científica. Agradecemos ao Laboratório de Plasticidade Neural Entérica da UEM por fornecer os conjuntos de dados de imagens utilizados nesta pesquisa.

REFERÊNCIAS

HE, K.; GKIOXARI, G.; DOLLÁR, P.; GIRSHICK, R. Mask R-CNN. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision, 2017. p. 2961-2969.

REDMON, J.; DIVVALA, S.; GIRSHICK, R.; FARHADI, A. You only look once: Unified, real-time object detection. In: Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2016. p. 779-788.

NELSON, J. You Might Be Resizing Your Images Incorrectly. Disponível em: <https://blog.roboflow.com/you-might-be-resizing-your-images-incorrectly/>, 2020.

LYNN, T. Launch: Verified Model Metrics. Disponível em: <https://blog.roboflow.com/roboflow-verified-model-metrics/>, 2025.