

Trabalho



Título em Português:	Aprendizado de máquina e visão computacional aplicadas na automatização da análise fenotípica e quantitativa em pesquisa biotecnológica
Título em Inglês:	machine learning and computer vision applied to the automation of phenotypic and quantitative analysis in biotechnological research
Autor:	Júlio César Martins Cardoso Silva
Instituição:	Universidade de São Paulo
Unidade:	Instituto de Física de São Carlos
Orientador:	Odemir Martinez Bruno
Área de Pesquisa / SubÁrea:	Metodologia e Técnicas da Computação
Agência Financiadora:	Sem fomento



Aprendizado de Máquina e Visão Computacional aplicadas na automatização da análise fenotípica e quantitativa em pesquisa biotecnológica

Júlio César M. C. Silva

Prof. Dr. Odemir Martinez Bruno

Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, SP

juliocesarmcs@usp.br

Objetivos

O objetivo deste projeto é desenvolver um sistema inteligente, automatizado e não invasivo para análise fenotípica e quantitativa em experimentos biológicos, com foco inicial em *Lemna minor*. O sistema empregará técnicas de visão computacional e aprendizado de máquina para viabilizar tarefas como monitoramento do crescimento, estimativa de biomassa, classificação de cores, caracterização morfológica e análise de textura, fornecendo indicadores confiáveis da saúde e do desenvolvimento das plantas. Ao integrar essas diferentes perspectivas analíticas, o projeto busca oferecer uma ferramenta abrangente, capaz de capturar tanto mudanças macroscópicas quanto sutis nas populações vegetais. Embora centrado em *Lemna minor*, o framework é projetado com flexibilidade para ser adaptado a outras espécies e contextos de pesquisa, visando contribuir amplamente para estudos biológicos mais precisos, eficientes e escaláveis.

Métodos e Procedimentos

Este projeto combina técnicas de visão computacional e aprendizado de máquina com fluxos de trabalho estruturados para viabilizar a análise fenotípica automatizada e não invasiva

de *Lemna minor*. A metodologia envolve a integração de modelos de detecção, segmentação e classificação, apoiados por conjuntos de dados curados e por um design modular do sistema [1].

Algoritmos e Modelos

Para detecção de objetos, a família de modelos YOLO foi avaliada para identificar frondes nas imagens. A segmentação por instância é realizada principalmente com o Segment Anything Model 2 (SAM2), complementada por outras abordagens como FastSAM e YOLO-seg. As tarefas de classificação de cores utilizam tanto algoritmos tradicionais (por exemplo, KNN, SVM) quanto redes neurais convolucionais.

Datasets e Extração de *Features*

O projeto envolve um conjunto de dados crescente para detecção de objetos e de um conjunto de dados especializado de recortes segmentados de frondes para classificação de cores. As imagens são analisadas em múltiplos espaços de cor (por exemplo, RGB, HSV, CIELAB) para aprimorar a classificação. Para a extração de características, os classificadores tradicionais utilizam vetores de imagem achatados ou embeddings gerados por backbones de CNN pré-treinadas (por exemplo, ResNet, VGG) [2].

Pipeline do Sistema

O fluxo de trabalho do sistema começa com etapas de pré-processamento para aprimorar a qualidade das imagens, seguido por uma estrutura compartilhada de “Contexto”, que armazena dados e configurações relevantes. As frondes detectadas e segmentadas são então encaminhadas para tarefas de análise modulares, como contagem de frondes, estimativa de biomassa ou análise de cores. Esse design modular garante flexibilidade para futuras extensões e possibilita uma execução eficiente, incluindo processamento paralelo sempre que possível.

Resultados

O sistema encontra-se atualmente em desenvolvimento ativo, com refinamento contínuo de seus módulos centrais de detecção de objetos, segmentação de instâncias e classificação. O trabalho preliminar concentrou-se na validação desses componentes fundamentais para garantir uma extração robusta e precisa de informações fenotípicas a partir de imagens de *Lemna minor*. O design prioriza a análise não invasiva, reduzindo as limitações e o esforço do fenotipagem manual em experimentos biológicos em larga escala.

Expectativas

Espera-se que o sistema ofereça diversos avanços na análise fenotípica automatizada. Ele visa alcançar alta precisão na contagem de frondes, possibilitando a construção de curvas de crescimento populacional em diferentes condições experimentais. Ao correlacionar as áreas segmentadas das frondes com a biomassa, o sistema fornecerá um método confiável e não invasivo para estimar o crescimento das plantas e o acúmulo de biomassa. Os modelos de classificação distinguirão variações de cor das frondes e características morfológicas, como tamanho e forma, oferecendo indicadores quantitativos da saúde das plantas, estresse e respostas

adaptativas a fatores ambientais. Além disso, espera-se que a análise de textura revele alterações microscópicas associadas a poluentes ou outros fatores de estresse, capturando mudanças fenotípicas sutis em nível celular. É importante ressaltar que o sistema também gerará relatórios automatizados com base nas imagens analisadas, fornecendo um resumo claro e de fácil acesso dos resultados para os pesquisadores (veja a Figura 1).

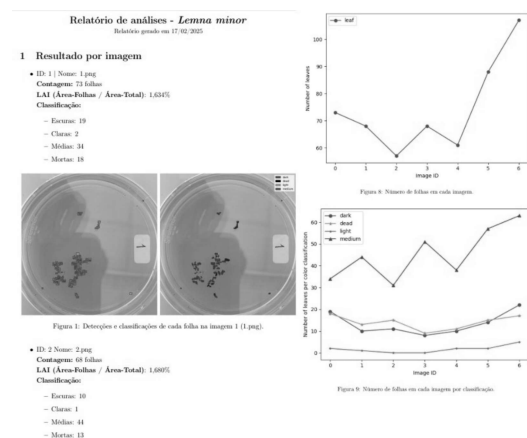


Figura 1: Visão geral da versão conceitual do relatório gerado para uma análise realizada com um conjunto de imagens obtidas em um experimento.

Análise e Avaliação

A avaliação dos resultados combinará abordagens quantitativas e qualitativas para garantir precisão e confiabilidade. Os modelos de classificação serão avaliados por meio de matrizes de confusão e métricas como precisão, recall e F1-score. A detecção de objetos e a segmentação serão avaliadas tanto visualmente quanto com métricas como Intersection over Union (IoU) e mean Average Precision (mAP). Essas avaliações confirmarão o posicionamento preciso das caixas delimitadoras, a segmentação acurada e a classificação confiável. De maneira geral, a eficácia do sistema será demonstrada por sua



capacidade de processar eficientemente grandes conjuntos de imagens e fornecer informações biológicas acionáveis, reduzindo o trabalho manual e aprimorando a reprodutibilidade e o rigor científico dos estudos fenotípicos.

Conclusões

Este projeto apresenta um Sistema Inteligente para Análise Fenotípica que automatiza e aprimora experimentos biológicos, com foco inicial em *Lemna minor* e potencial extensão para outras espécies. Ao combinar visão computacional e aprendizado de máquina, o sistema supera métodos manuais tradicionais, oferecendo maior precisão, eficiência e escalabilidade. Por meio de um design não invasivo e modular, permite análise de alto desempenho do crescimento, biomassa, morfologia e respostas das plantas a condições ambientais, mantendo-se adaptável a novas tarefas. De maneira geral, o sistema fornece uma ferramenta confiável com amplas aplicações em biotecnologia, monitoramento ambiental, fitorremediação e gestão sustentável de recursos.

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Referências

- [1] Zhenbo Li et al. "A review of computer vision technologies for plant phenotyping". Em: *Computers and Electronics in Agriculture* 176 (2020), p. 105672. ISSN: 0168-1699.

- [2] J.-P. Thiran and B. Macq. "Morphological feature extraction for the classification of digital images of cancerous tissues". In: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 43.10 (1996), 1011–1020. ISSN: 0018-9294.



Machine Learning and Computer Vision applied to the automation of phenotypic and quantitative analysis in Biotechnological research

Júlio César M. C. Silva

Prof. Dr. Odemir Martinez Bruno

Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, SP

juliocesarmcs@usp.br

Objectives

The objective of this project is to develop an intelligent, automated, and non-invasive system for phenotypic and quantitative analysis in biological experiments, with an initial focus on *Lemna minor*. The system will employ computer vision and machine learning techniques to enable tasks such as growth monitoring, biomass estimation, color classification, morphological characterization, and texture analysis, providing reliable indicators of plant health and development. By integrating these different analytical perspectives, the project seeks to offer a comprehensive tool capable of capturing both macroscopic and subtle changes in plant populations. Although centered on *Lemna minor*, the framework is designed with flexibility to be adapted for other species and research contexts, aiming to contribute broadly to more precise, efficient, and scalable biological studies

Materials and Methods

This project combines computer vision and machine learning techniques with structured workflows to enable automated and non-invasive phenotypic analysis of *Lemna minor*. The methodology involves the integration of

detection, segmentation, and classification models, supported by curated datasets and modular system design [1].

Algorithms and Models

For object detection, the YOLO family of models was evaluated to identify frondes within images. Instance segmentation is performed mainly with the Segment Anything Model 2 (SAM2), complemented by other approaches such as FastSAM and YOLO-seg. Color classification tasks employ both traditional algorithms (e.g., KNN, SVM) and convolutional neural networks.

Datasets and Feature Extraction

The project relies on a growing dataset for object detection, and a specialized dataset of segmented fronde crops for color classification. Images are analyzed in multiple color spaces (e.g., RGB, HSV, CIELAB) to improve classification. For feature extraction, traditional classifiers use either flattened image vectors or embeddings generated by pre-trained CNN backbones (e.g., ResNet, VGG) [2].

System Workflow

The system workflow begins with pre-processing steps to enhance image quality,

followed by a shared “Context” structure that stores relevant data and configurations. Detected and segmented frondes are then passed to modular analysis tasks such as fronde counting, biomass estimation, or color analysis. This modular design ensures flexibility for future extensions and supports efficient execution, including parallel processing where possible.

Results

The system is currently under active development, with continuous refinement of its core modules for object detection, instance segmentation, and classification. Preliminary work has focused on validating these foundational components to ensure robust and accurate extraction of phenotypic information from images of *Lemna minor*. The design prioritizes non-invasive analysis, reducing the limitations and effort of manual phenotyping in large-scale biological experiments.

aims to achieve high accuracy in fronde counting, enabling the construction of population growth curves under diverse experimental conditions. By correlating segmented fronde areas with biomass, it will provide a reliable and non-invasive method to estimate plant growth and biomass accumulation. Classification models will distinguish fronde color variations and morphological traits such as size and shape, offering quantitative indicators of plant health, stress, and adaptive responses to environmental factors. Additionally, texture analysis is expected to reveal microscopic changes linked to pollutants or other stressors, capturing subtle phenotypic alterations at the cellular level. Importantly, the system will also generate automated reports based on the analyzed images, providing a clear and easily accessible summary of the results for researchers (see Figure 1).

Analysis and Evaluation

The evaluation of results will combine quantitative and qualitative approaches to ensure accuracy and reliability. Classification models will be assessed with confusion matrices and metrics such as precision, recall, and F1-score. Object detection and segmentation will be evaluated both visually and with metrics such as Intersection over Union (IoU) and mean Average Precision (mAP). These evaluations will confirm accurate bounding box placement, precise segmentation, and reliable classification. Overall, the system’s efficacy will be demonstrated through its ability to efficiently process large image datasets and deliver actionable biological insights, thus reducing manual labor while enhancing the reproducibility and scientific rigor of phenotypic studies.

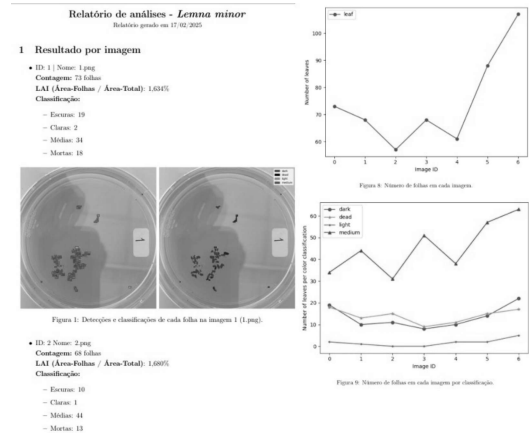


Figure 1: Brief overview of the conceptual version of the report generated for an analysis made with a set of images taken from an experiment.

Expected Outcomes

The system is expected to deliver several advances in automated phenotypic analysis. It

Conclusions

This project presents an Intelligent System for Phenotypic Analysis that automates and improves biological experiments, with initial focus on *Lemna minor* and potential extension to other species. By combining computer vision and machine learning, the system surpasses traditional manual methods, offering greater precision, efficiency, and scalability. Through a non-invasive and modular design, it enables high-throughput analysis of growth, biomass, morphology, and plant responses to environmental conditions, while remaining adaptable to new tasks. Overall, the system provides a reliable tool with broad applications in biotechnology, environmental monitoring, phytoremediation, and sustainable resource management.

The authors declare no conflict of interest.

References

- [1] Zhenbo Li et al. "A review of computer vision technologies for plant phenotyping". In: *Computers and Electronics in Agriculture* 176 (2020), p. 105672. ISSN: 0168-1699.

- [2] J.-P. Thiran and B. Macq. "Morphological feature extraction for the classification of digital images of cancerous tissues". In: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 43.10 (1996), 1011–1020. ISSN: 0018-9294.