

Název rámcového tématu česky/anglicky	Anotace (česky)	Anotace (anglicky)	Školitel skolter- specialis	Číslo a název projektu/grantu
<p>Optimalizace a škálovatelnost řetězců pro zpracování biomedicínských dat</p> <p>Optimization and scalability of workflows for biomedical data processing</p>	<p>Softwarové zpracování biomedicínských dat často vyžaduje řetězec na sobě závislých kroků a výpočetně náročných algoritmů od předzpracování až po detekci významných událostí v datech. Využívané nástroje pro zpracování dat mají zpravidla netriviální závislosti, jejichž nastavení na různých systémech, počítačových clustrech či cloudu bývá netriviálním komplexním problémem a komplikuje vývoj a následnou reprodukovatelnost řešení. Výzkum replikovatelnosti a reprodukovatelnosti výsledků v oboru Biomedicínské inženýrství je důležitou oblastí při plánování hodnocení klinických studií stejně jako při vývoji diagnostických aplikací.</p> <p>Cílem disertační práce je analyzovat současné systémy, které umožňují práci s řetězci pro zpracování dat a optimalizovat jejich nasazení na biomedicínských datech jako jsou řetězce pro zpracování radiologických snímků, zpracování elektrofyziologických signálů či analýze dat ze sekvenování nové generace.</p> <p>Zavedení systému a postupu pro tvorbu řetězců pro zpracování biomedicínských dat umožní rychlejší prototypování, vývoj, optimalizaci parametrů a především následnou reprodukovatelnost libovolných řešení v několika aplikačních doménách spolupráce FBMI ČVUT a klinických pracovišť.</p> <p>Literatura k rámcovému tématu: [1] LEIPZIG, Jeremy. A review of bioinformatic pipeline frameworks. Briefings in Bioinformatics [online]. [cit. 2021-04-19]. ISSN 1467-5463. Dostupné z: doi:10.1093/bib/bbw020 [2] WANG, Gao, Bo PENG a Dina SCHNEIDMAN-DUHOVNY. Script of Scripts: A pragmatic workflow system for daily computational research. PLOS Computational Biology [online]. 2019, 15(2) [cit. 2021-04-19]. ISSN 1553-7358. Dostupné z: doi:10.1371/journal.pcbi.1006843 [3] JACKSON, Michael, Kostas KAVOUSSANAKIS, Edward W. J. WALLACE a Francis OUELLETTE. Using prototyping to choose a bioinformatics workflow management system. PLOS Computational Biology [online]. 2021, 17(2) [cit. 2021-04-19]. ISSN 1553-7358. Dostupné z: doi:10.1371/journal.pcbi.1008622</p>	<p>Biomedical data software processing often requires a workflow of interdependent steps and computationally intensive algorithms (from data preprocessing to the detection of significant patterns). The tools used for data processing usually have nontrivial dependencies and their configuration for various operation systems, computer clusters, or the cloud is a nontrivial complex problem and complicates the development and subsequent reproducibility of the solution. Research on the replicability and reproducibility of results in the field of Biomedical Engineering is an important area in planning the evaluation of clinical trials as well as in the development of diagnostic applications.</p> <p>The aim of the dissertation is to analyze current systems that allow working with data processing workflows and optimize their use on biomedical data such as workflows for processing radiological images, electrophysiological signals or analyzing data from next generation sequencing.</p> <p>The implementation of a system and procedure for the creation of workflow for the processing of biomedical data will help faster prototyping, development, optimization of parameters, and especially the subsequent reproducibility of solutions in several application domains of cooperation between FBMI CTU and clinical workplaces</p>	Mgr. Radim Krupička, Ph.D.	Grant Agentury pro zdravotnický výzkum ministerstva zdravotnictví ČR číslo NV18-08-00385

prof. Ing. Karel Roubík, Ph.D.
předseda OR BMI

doc. Ing. Zoltán Szabó Ph.D.
vedoucí škol. pracoviště KBI FBMI