
deepMIMO 사용자 매뉴얼

deepMIMO:
a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data

User Manual

Version 1.0

Contents

1. 소개	3
2. deepMIMO 웹서비스 구동	4
2.1. 메인 웹페이지 및 기능 개요	4
(1) Medical Image Browsing	4
(2) Gene Expression Profiling	5
(3) Predictive Model & Builder	5
2.2. Medical Image Browsing.....	6
2.3. Gene Expression Profiling	9
2.4. Predictive Model & Builder.....	11
3. 소프트웨어 문의	14

deepMIMO: a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data

1. 소개

deepMIMO는 과학기술정보통신부 주관 다부처선진화사업의 핵심 프로젝트로, 의료영상과 다중오믹스 데이터의 통합 분석을 지원하는 인공지능 기술 활용 플랫폼입니다. 해당 사업의 추진을 통해 환자에서 유래한 의료영상 및 다중오믹스 데이터를 수집하였고, 이를 기반으로 환자의 진단, 예후 및 면역형을 예측하는 딥러닝 알고리즘 기반 예측모델을 생성하였으며, 사용자가 일반암 데이터로부터 직접 예측모델을 구축할 수 있도록 예측모델 빌더 환경을 구축하였습니다.

DeepMIMO 플랫폼은 웹 서비스 형태로 제공되며, 다음과 같은 특징적인 기능을 제공합니다:

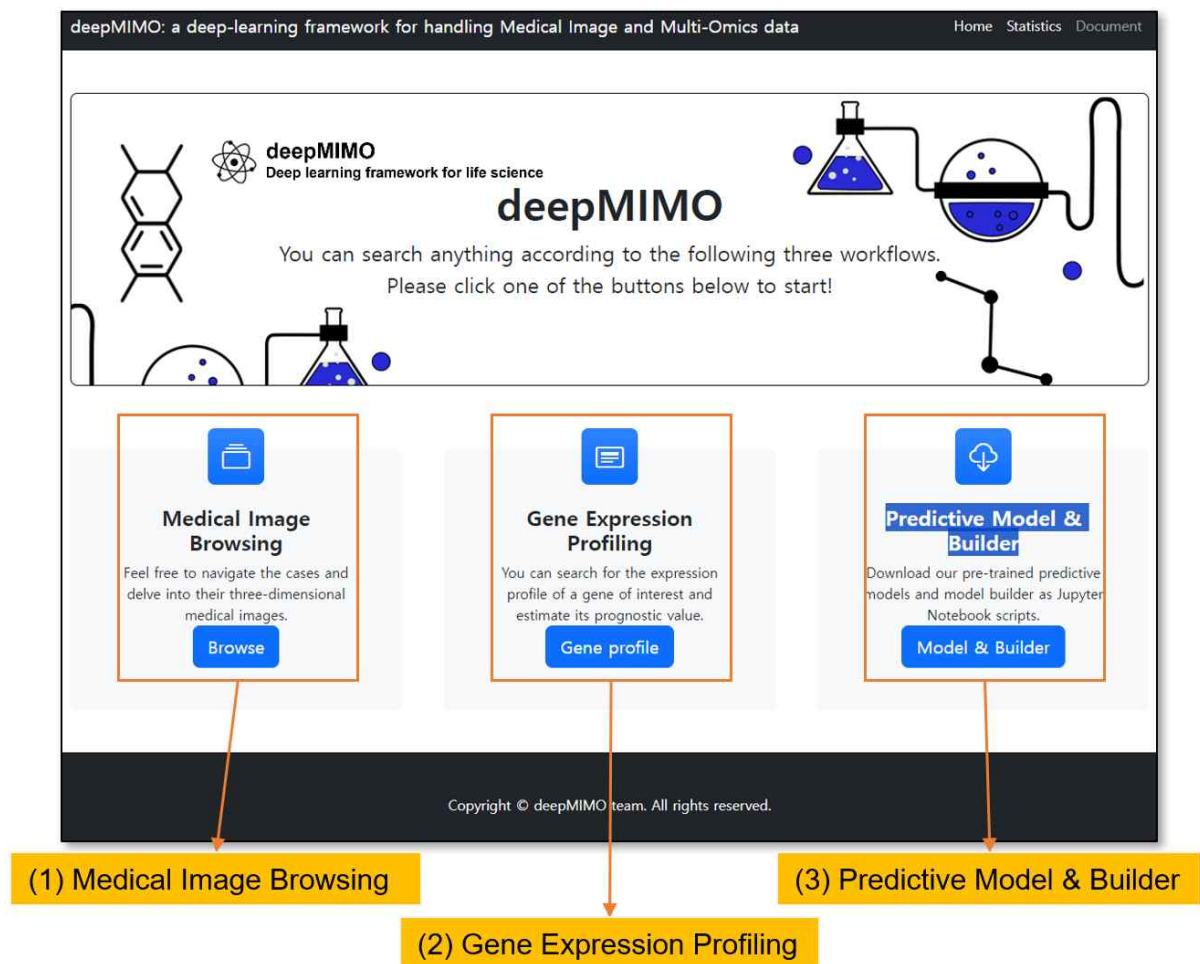
- 1) 프로젝트에서 수집한 의료 영상 데이터 브라우저
- 2) 유전자 발현 프로파일링을 활용한 암 환자 생존 분석 기능
- 3) 사용자의 로컬 환경에서 딥러닝 기반 예측 모델 구동 기능
- 4) 사용자 맞춤형 예측 모델 구축을 위한 모델 빌더 환경

deepMIMO는 지속적인 사용자 피드백과 분야의 최신 트렌드를 반영하여 서비스를 지속적으로 개선함으로써, 보다 심층적이고 유익한 경험을 사용자에게 제공할 예정입니다.

2. deepMIMO 웹서비스 구동

2.1. 메인 웹페이지 및 기능 개요

deepMIMO 웹서비스는 크게 (1) Medical Image Browsing, (2) Gene Expression Profiling, 및 (3) Predictive Model & Builder의 세가지 워크플로우를 제공합니다. deepMIMO 웹서비스의 메인페이지에서 각 버튼 클릭을 통해 해당 기능을 수행할 수 있습니다.



- deepMIMO 웹서비스 메인화면 및 기능 버튼 구성 -

(1) Medical Image Browsing

Medical Image Browsing 기능은 다부처선진화사업 프로젝트 수행을 통해 수집한 실제 유방암 환자 유래 MRI 진단영상 데이터 탐색을 지원합니다. MRI 데이터는 3차원 영상데이터로 volume을 고려한 여러 장의 의료표준 영상 형식(dicom 포맷)의 주로 데이터로 다루지만, deepMIMO 시스템에서는 사용자가 쉽게 의료영상 데이터를 살펴볼 수 있도록 3차원 영상형식인 nifti 형식으로 전처리를 수행하였으며, 환자 별 진단영상을 쉽게 살펴볼 수 있도록 시각화 및 다운로드 기능을 제공합니다.

(2) Gene Expression Profiling

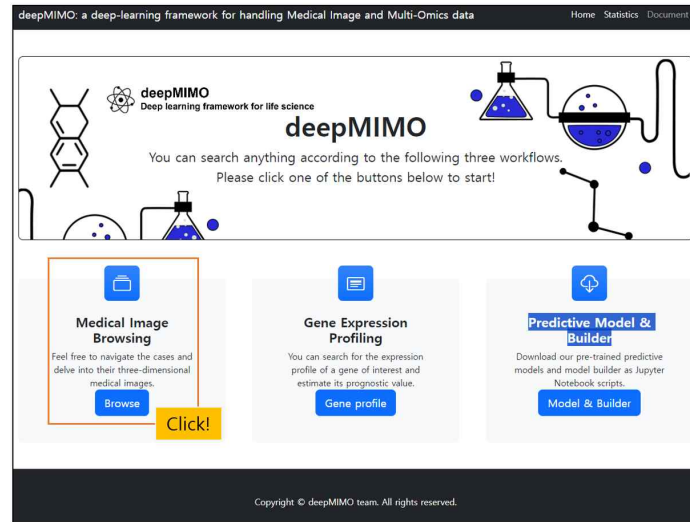
Gene Expression Profiling을 통해 **deepMIMO** 사용자는 간단한 유전자 키워드 입력으로 유방암 환자 유래 유전자 발현 프로파일을 탐색할 수 있습니다. 또한 유전자 발현량에 기반한 환자의 생존 분석을 지원합니다.

(3) Predictive Model & Builder

다부처선진화사업 프로젝트 수행을 통해 총 6가지의 유방암 기반 딥러닝 예측모델을 구축하였고, 일반암 데이터로부터 예측모델을 구축하는 빌더 환경을 구축하였습니다. **Predictive Model & Builder** 기능을 통해, 기 구축한 예측모델, 모델 구동 스크립트, 및 일반암 예측모델을 구축하는 빌더 스크립트를 다운로드 받을 수 있습니다.

2.2. Medical Image Browsing

(1) 본 절에서는 Medical Image Browsing 기능을 상세히 설명합니다. 본 기능의 시작은 사용자가 deepMIMO 웹사이트에 접속한 후, 메인페이지의 'Medical Image Browsing' 버튼을 클릭하면서 시작됩니다.



- deepMIMO 메인페이지에서 Medical Image Browsing 버튼 클릭 -

(2) deepMIMO 소프트웨어는 시스템에서 보유하고 있는 유방암 환자 리스트를 출력합니다. 3차원 MRI 데이터로 연결되는 링크와 함께 각 환자의 주요 임상정보를 화면서 확인할 수 있습니다. 사용자는 PATIENT_ID 컬럼의 환자별 링크 중 하나를 클릭합니다.

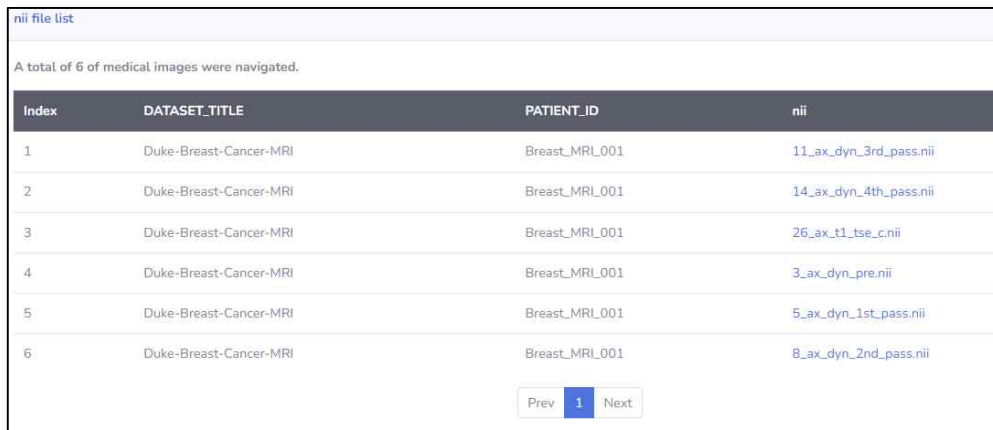
The screenshot shows the 'Case List' page in the deepMIMO application. It features a sidebar with navigation links: Home, Browse, Profiling, Download, Statistics, and Document. The main content area displays a table of breast cancer patients with clinical information. The table has columns for Index, DATASET_TITLE, PATIENT_ID, AGE, T_STAGE, N_STAGE, M_STAGE, ER, PR, HER2, ONCO_DX, DFS, and DFS_m. The table contains 20 rows of patient data. A pagination bar at the bottom shows the current page (1) and the total number of pages (84).

Index	DATASET_TITLE	PATIENT_ID	AGE	T_STAGE	N_STAGE	M_STAGE	ER	PR	HER2	ONCO_DX	DFS	DFS_m
1	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	41.66849315	T2	N1	M0	0	0	1	NA	0	98
2	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_002	38.52328767	T2	N0	M0	0	0	0	NA	0	54.96666667
3	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_003	62.15068493	T2	N1	M0	1	1	0	8	0	56.56666667
4	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_004	58.84657534	T1	N0	M0	1	1	0	14	0	66.33333333
5	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_005	38.16986301	T2	N1	M0	1	0	1	NA	0	61.5
6	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_006	45.84931507	T1	N0	M0	1	1	0	7	0	58.76666667
7	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_007	44.11232877	T1	N0	M0	1	1	1	NA	0	37.6
8	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_008	45.94794521	T1	N0	M0	1	1	1	21	0	87.66666667
9	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_009	56.27671233	T2	N0	M0	0	0	0	NA	0	51.8
10	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_010	67.70410959	T3	N2	M0	0	0	0	NA	1	12.8
11	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_011	53.12054795	T1	N1	M0	0	0	0	NA	0	21.26666667
12	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_012	43.52054795	T2	N2	M1	0	0	0	NA	1	8.533333333
13	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_013	37.38356164	T1	N0	M0	1	1	0	12	0	24.9
14	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_014	38.44109589	T1	N0	M0	1	1	1	NA	0	35.46666667
15	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_015	63.10884932	T2	N1	M0	1	1	1	NA	0	79.33333333
16	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_016	52.21643836	T3	NA	M1	1	1	0	NA	0	35.16666667
17	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_017	79.08493151	T2	N1	M0	0	0	1	NA	0	51.8
18	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_018	79.84931507	T3	N0	M0	1	1	0	NA	0	2.133333333
19	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_019	35.89041096	T1	N1	M1	1	1	0	NA	0	72.76666667
20	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_020	47.60821918	T1	N0	M0	0	0	0	NA	0	74.1

- Medical Image Browsing에서 유방암 환자 리스트 출력-

deepMIMO: a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data

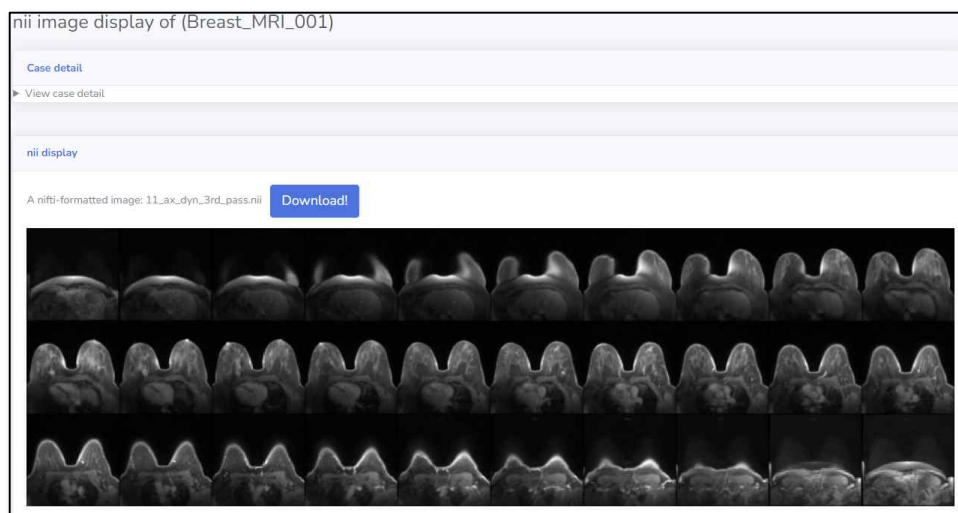
(3) deepMIMO 소프트웨어는 클릭한 환자에 해당하는 3차원 진단영상 리스트를 화면에 출력합니다. 모든 영상 데이터는 nii 확장자로 끝나는 파일명으로 구성됩니다. 사용자는 그 중 하나를 클릭합니다.



A total of 6 of medical images were navigated.			
Index	DATASET_TITLE	PATIENT_ID	nii
1	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	11_ax_dyn_3rd_pass.nii
2	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	14_ax_dyn_4th_pass.nii
3	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	26_ax_t1_tse_c.nii
4	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	3_ax_dyn_pre.nii
5	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	5_ax_dyn_1st_pass.nii
6	Duke-Breast-Cancer-MRI	Breast_MRI_001	8_ax_dyn_2nd_pass.nii
Prev 1 Next			

-nifti 형식의 3차원 진단영상 리스트 출력화면-

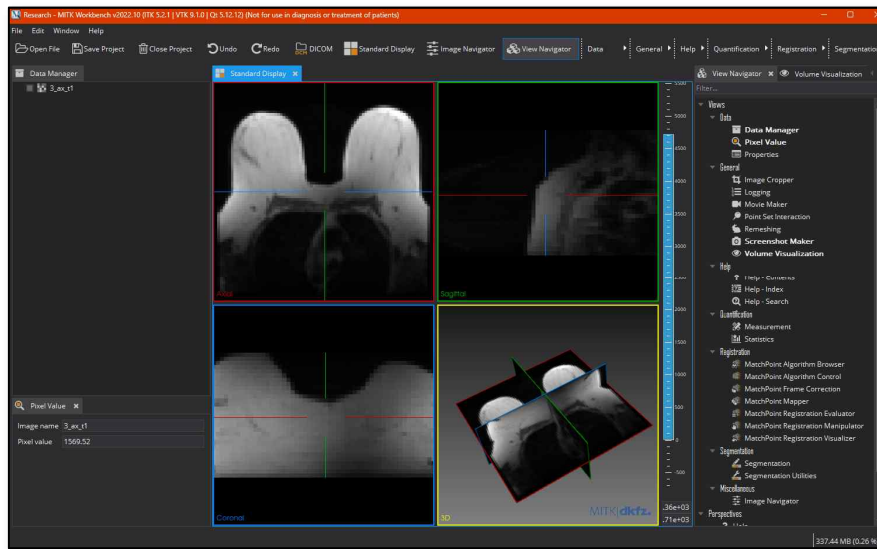
(4) deepMIMO 시스템은 사용자가 클릭에 해당하는 nifti 형식의 진단영상을 화면에 출력합니다.



-3차원 진단영상 화면 출력 및 다운로드 버튼 제공-

(5) 사용자는 출력된 진단영상 이미지 상단의 download 버튼을 클릭합니다. 이를 통해, 해당 진단영상 데이터가 탑재된 nifti 형식(*.nii 확장자)의 데이터를 다운로드 받을 수 있습니다. 다운로드 받은 데이터는 “MITK Workbench”와 같은 상용 소프트웨어로 읽고 편집 및 분석이 가능합니다.

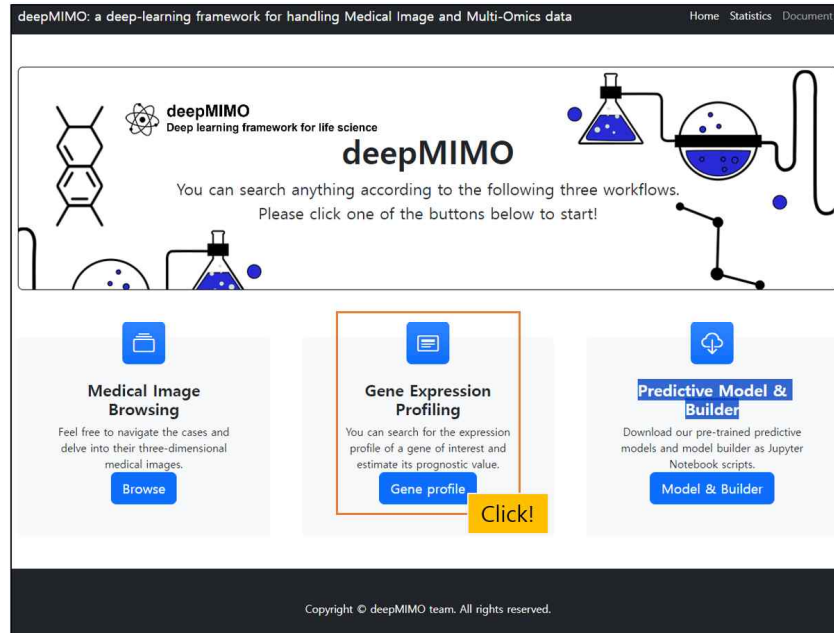
deepMIMO: a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data



-본 시스템이 제공하는 nifti 형식 진단영상의 MITK Workbench 로딩 화면 예시-

2.3. Gene Expression Profiling

(1) 본 절에서는 Gene Expression Profiling 기능을 상세히 설명합니다. 본 기능의 시작은 사용자가 deepMIMO 웹서비스의 메인페이지에서 'Gene Expression Profiling' 버튼을 클릭하면서 시작됩니다.



- deepMIMO 메인페이지에서 Gene Expression Profiling 버튼 클릭 -

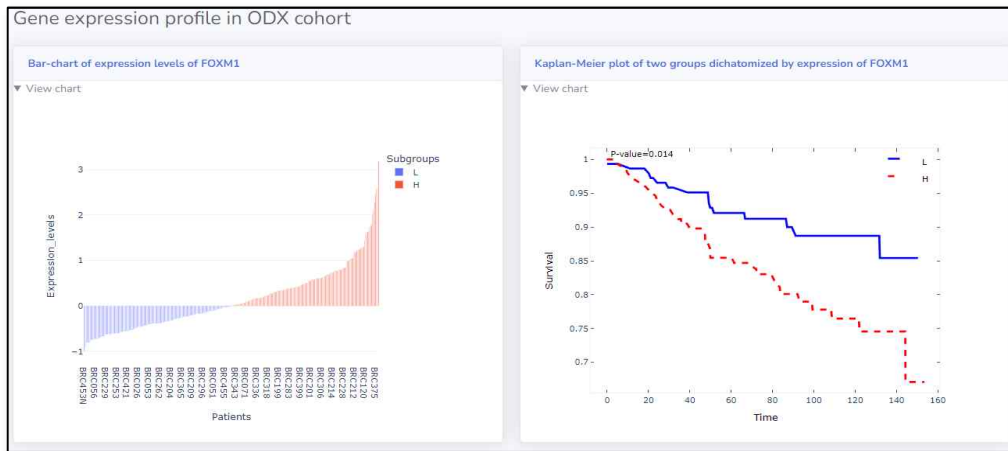
(2) deepMIMO 소프트웨어는 전체 유방암 및 삼중음성유방암 데이터를 구분하여 유전자 키워드 입력창을 제공합니다. 사용자는 두 범주 중 하나를 선택하여 관심 유전자명을 입력하고 "Search" 버튼을 클릭합니다.

This screenshot displays the 'Gene Profile' section of the application. It is divided into two panels. The left panel, titled '1. Gene profile in the ODX dataset (n=301)', contains a text input field with 'FOXMI' entered and a blue 'Search!' button. The right panel, titled '2. Gene profile in the TNBC dataset (n=196)', contains an empty text input field and a similar blue 'Search!' button. Both panels include instructions on how to use the search function.

-Gene Expression Profiling의 유전자 키워드 입력화면-

(3) deepMIMO 소프트웨어는 사용자가 입력한 키워드를 탐색하여 해당 유전자의 발현 패턴을 bar-chart의 형태로 출력합니다. 또한 해당 유전자의 중간값을 기준으로 환자를 두개 그룹으로 구분하고, 각 환자그룹의 전체 생존(Overall Survival) 양상을 비교 분석하고 통계적 유의성을 검증합니다.

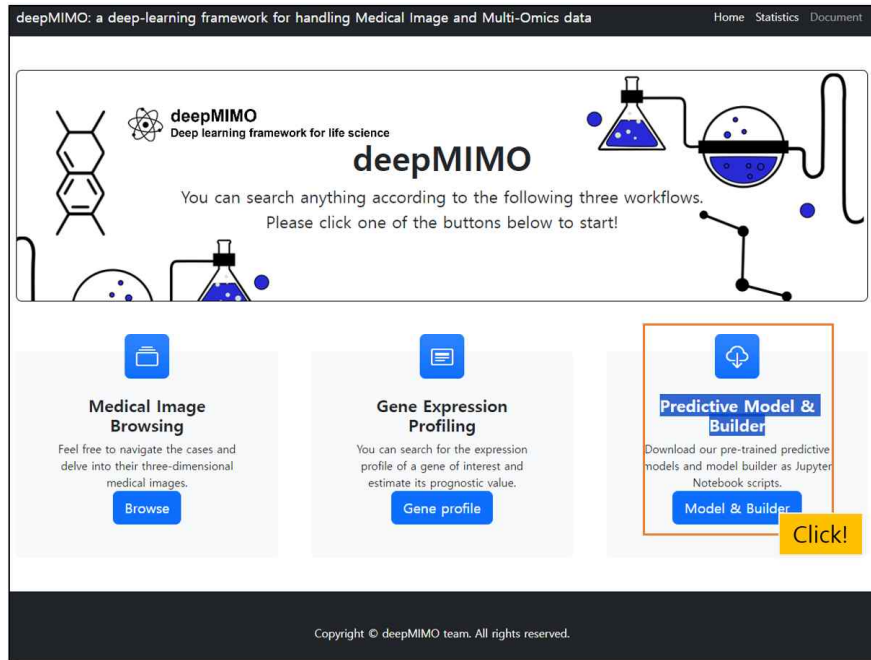
deepMIMO: a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data



-Gene Expression Profiling에서 유전자 발현 패턴 도식 및 생존 비교분석 결과-

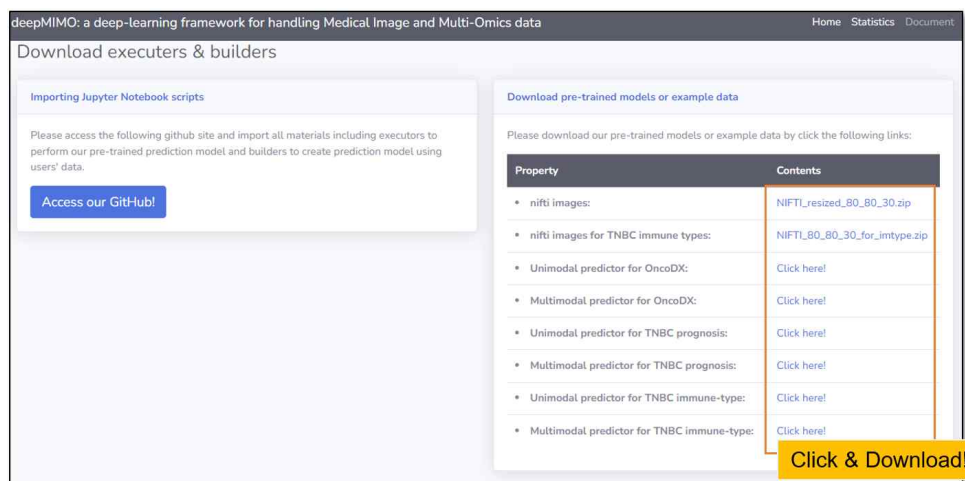
2.4. Predictive Model & Builder

(1) 본 절에서는 Predictive Model & Builder 기능을 상세히 설명합니다. 본 기능의 시작은 사용자가 deepMIMO 웹사이트 접속 후 메인페이지의 'Predictive Model & Builder' 버튼을 클릭하면서 시작됩니다.



- deepMIMO 메인페이지에서 Predictive Model & Builder 버튼 클릭 -

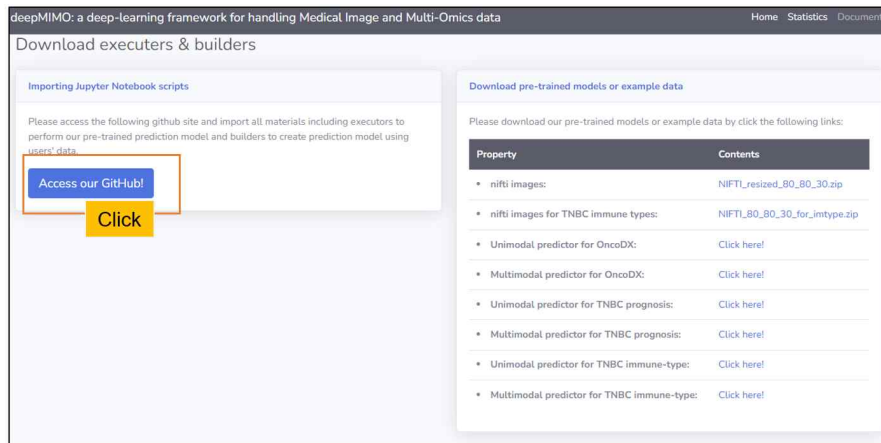
(2) deepMIMO 소프트웨어는 본 프로젝트가 구축한 6가지 딥러닝 예측모델을 사용자에게 제공합니다. 또한 사용자가 직접 테스트 해볼 수 있도록 nifti 형식의 진단영상 데이터 예시도 제공합니다.



-Predictive Model & Builder 화면에서 예측모델 및 예시 데이터 다운로드-

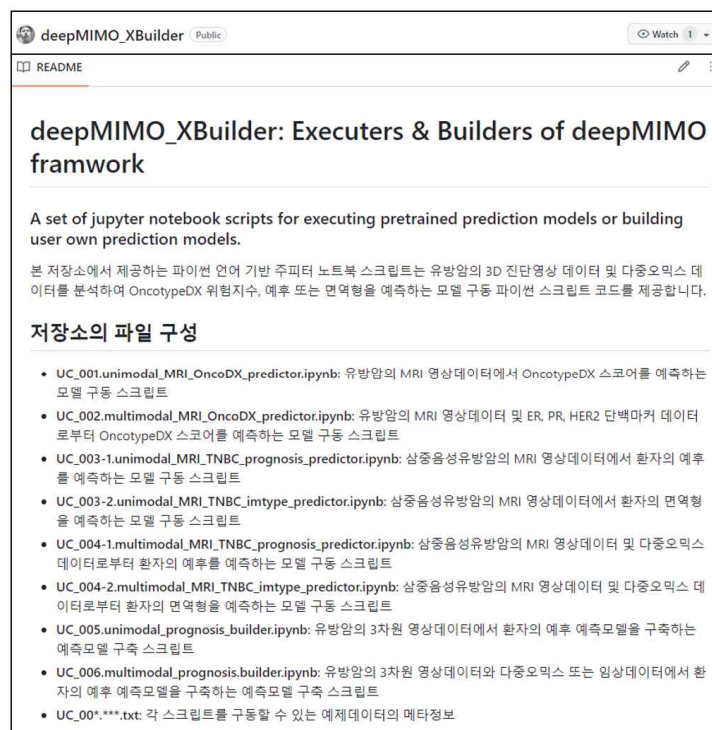
deepMIMO: a deep-learning framework for handling Medical Image and Multi-Omics data

(3) 사용자는 Predictive Model & Builder 화면에서 왼쪽에 위치한 “Access our GitHub” 버튼을 클릭하여, 다운로드 받은 예측모델을 구동할 수 있는 Jupyter Notebook 스크립트를 제공하는 github 사이트에 접속합니다.



-Predictive Model & Builder 화면에서 구동 스크립트 제공 GitHub 접속-

(4) deepMIMO 소프트웨어는 본 프로젝트가 제작한 모델 구동 스크립트 및 일반암 대상 예측모델 빌더 스크립트 제공 Github (https://github.com/tonyskim/deepMIMO_XBuilder)로 이동합니다. 본 사이트에서는 제공된 6가지 예측모델을 구동하는 구동 스크립트 6종과 사용자가 직접 예측모델을 구축하는 예측모델 빌더 2종을 제공합니다.



-deepMIMO_XBuilder GitHub 사이트 메인페이지 화면-

(5) deepMIMO가 제공하는 구동 및 빌더 스크립트는 사용자의 로컬 환경에서 실행을 위해 환경 설정이 필요합니다. 해당 사용방법은 스크립트 제공 Github 사이트의 “사용방법” 부분을 참조하시기 바랍니다(https://github.com/tonyskim/deepMIMO_XBuilder).

사용방법

(1) 본 저장소의 코드를 사용하려면 콘다 (Conda) 기반 가상환경을 생성해야 합니다.

```
$> conda create -n [your_vitural_envriment_name]
$> conda activate [your_vitural_envriment_name]
```

(2) 사용자의 콘다 환경을 활성화(activation)한 후, 사용자는 다음과 같은 필수 패키지를 conda 또는 pip 명령을 이용하여 설치해야 합니다:

```
#넘파이, 판다스, 맷플롯립 설치
$> conda install numpy pandas matplotlib

#주피터 노트북 설치
$> conda install jupyter notebook

#OpenCV 설치
$> conda install -c conda-forge opencv

#케라스 설치
$> pip install keras

#텐서플로 설치
$> pip install tensorflow

#기타 패키지 설치
$> pip install scikit-learn lifelines pydot np_utils
$> conda install pymysql
$> conda install nibabel graphviz tabulate

#패키지 목록 최종 확인
$> conda list

#본 저장소가 제공하는 'environment.yml'에 노트북 스크립트를 구동에 필요한 패키지 정보가 기술되어 있습니
```

(3) 본 저장소에서 제공하는 ipynb 노트북 스크립트 및 예제 환자 메타정보데이터 (*.txt) 파일을 임포트 합니다.

(4) deepMIMO 웹사이트 (<http://deepMIMO.appex.kr>) 에서 제공하는 사전구축 예측모델 (*.hdf5) 및 nifti 형식의 예제 MRI 데이터를 다운로드 받아, ipynb 노트북 스크립트가 위치한 동일 폴더에 위치 시킵니다.

(5) 마지막으로, 다음 명령어로 주피터 노트북 프로그램을 실행하십시오. 제공된 노트북 스크립트를 구동할 수 있습니다.

```
$> jupyter notebook
```

-deepMIMO_XBuilder Github 사이트에서 스크립트 사용방법 설명 화면-

3. 소프트웨어 문의

한국생명공학연구원 노화융합연구단

홈페이지: <https://www.kribb.re.kr>

이메일: seonkyu (at) kribb.re.kr

[대전본원] (34141) 대전광역시 유성구 과학로 125 (TEL:042-879-8107)

Copyright © KRIBB. All rights reserved.