

Visual Cell : 바이오세포 이미지 빅데이터를 위한 이미지 분석 및 시각적 검색 시스템*

Visual Cell : Image Analysis and Visual Retrieval System for Biology Cell Image Bigdata

박범준¹ · 조선희¹ · 이수안² · 신지운³ · 유혁상³ · 김진호^{1†}

강원대학교 컴퓨터학부¹, 강원대학교 SW중심대학사업단², 강원대학교 생물 의소재공학과³

요 약

주변 세포의 구조적, 생화학적 지지체를 제공하는 세포 외 기질은 세포의 분열과 분화 등을 좌우하는 세포 생리 조절인자이다. 바이오 분야에서는 3차원 조직공학 지지체인 스캐폴드를 제작하고, 제작한 스캐폴드에 줄기세포를 배양해 동물에 이식해 조직 재생력을 평가한다. 이는 조직 내 콜라겐과 같은 구성성분에 좌우된다. 따라서 조직 내 구성성분의 포함율 및 분포를 파악하는 것이 매우 중요한데, 이에 관한 데이터를 얻어진 조직 이미지의 색상을 분석함으로써 얻어낸다. 이때 이미지 수집부터 분석까지의 과정이 적지 않은 비용이 소모되고 있고, 수집되고 분석된 데이터를 연구 기관마다 상이한 포맷으로 관리하고 있다. 따라서 데이터 통합관리 및 분석결과 검색 등이 이루어지지 않고 있다. 본 논문에서는 관련 빅데이터를 통합적으로 관리할 수 있는 데이터베이스를 구축하고, 이 연구 분야에서 중요한 분석 척도인 색상을 기준으로 검색할 수 있는 바이오 이미지 통합 관리 및 검색 시스템을 제안한다.

■ 중심어 : 바이오 세포 이미지, 세포의 기질, 이미지 분석, 시각적 검색

Abstract

The extracellular matrix, which provides the structural and biochemical support of surrounding cells, is a cell physiological modulator that controls cell division and differentiation. In the bio sector, the company produces Scapold, a three-dimensional support for tissue engineering, and cultivates stem cells in the produced Scapold to be transplanted into animals to assess tissue regeneration. This depends on components such as collagen in the tissue. Therefore, it is very important to identify the inclusion rate and distribution of components in the tissue, and the data are obtained by analyzing the color of the dyed tissue image. The process from image collection to analysis is costly, and the data collected and analyzed are managed in different formats by different research institutions. Therefore, data integration management and analysis results search are not being performed. In this paper, we establish a database that can manage relevant bigdata in an integrated manner, and propose a bio-image integrated management and retrieval system that can be searched based on color, an important analytical measure in this field of study.

■ Keyword : Bio Cell Image, extracellular matrix, image analysis, visual retrieval

2018년 07월 26일 접수; 2019년 08월 05일 수정본 접수; 2019년 08월 30일 게재 확정.

* 이 논문은 2016년도 정부(미래창조과학부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 지역신산업선도인력양성사업 성과임(NRF-2016H1D5A1908329)

투고자 박범준 ***** pjh8723@gmail.com

† 교신저자 jhkim@kangwon.ac.kr

I. 서론

세포 외 기질(Extracellular matrix, ECM)은 주변 세포의 구조적, 생화학적 지지체를 제공하는 세포 외 거대 분자의 3차원 구조체이다[1,2,3]. 이 세포 외 기질은 세포의 분열과 분화 등을 좌우하는 세포 생리 조절인자[4]로서 세포 부착, 세포 간 소통 등의 역할을 수행한다[5]. 세포외 기질은 다양한 분비 분자와 단백질로 구성되는데, 이중 단백질은 콜라겐, 엘라스틴, 피브로넥틴 및 라미닌과 같은 섬유성 단백질이다. 세포 외 기질을 구성하는 성분 중 가장 많이 존재하고 세포를 지지하는 구조적 지지체로서의 중요한 역할을 수행하는 성분이 콜라겐이다[6,7].

의생명과학, 조직공학 등의 바이오 분야에서는 줄기세포 분화를 위한 3차원 조직공학 지지체 연구가 진행되고 있다. 이러한 연구들에서는 줄기세포 분화 및 배양용 스캐폴드를 제조하고, 제작된 스캐폴드에서 배양한 세포를 동물 실험하여 조직재생력을 평가한다. 이식한 조직 및 세포의 기능을 조절하는 중요한 역할을 수행하며 세포의 수축, 이동, 성장, 분화, 사멸 [8,9,10,11,12]과 같은 일련의 과정을 유연하게 조절하는 등 기능성의 중요한 역할을 수행하는 것이 세포 외 기질의 유연성이며, 이는 주로 콜라겐과 엘라스틴의 농도에 의존한다[13].

따라서 이식한 조직에서 콜라겐 및 엘라스틴의 포함율 및 분포를 분석하는 것이 매우 중요하다. 특히 콜라겐은 가장 많은 비율을 차지하면서 또한 가장 중요한 역할을 수행하므로 조직 내에서 콜라겐의 구성 비율을 분석하는 과정은 배양한 세포의 조직재생력을 평가하는 핵심 기초 단계라 할 수 있다. 조직 내 콜라겐의 비율을 분석하기 위해서는 일반적으로 염색된 조직의 현미경 촬영 이미지를 imageJ,¹⁾와 같은 이미지 분석 도구를 이용하여 컬러 히스토그램 분석을

수행한다.

생체모방형 스캐폴드에서 분화 및 배양한 세포의 조직재생력 실험에서는, 세포 배양의 최적의 환경을 조성하기 위한 스캐폴드의 제작 성분 및 구성 비율, 세포 배양 기간 등 여러 복합적인 조건 하에서 세포를 배양하고, 이를 동물에 이식하여 재생된 조직의 샘플을 현미경 촬영한다. 촬영한 조직 샘플에서 분석 대상인 구성 성분을 염색하고 염색된 색상의 분포나 비율을 분석하여 조직재생력을 평가하는데 이때 주로 imageJ와 같은 이미지 분석 도구를 이용한다.

기존 바이오 이미지 관련 검색 시스템은 동물 종이나, 세포의 종류, 배양환경 등 해당 세포 이미지 자체 데이터에 중점을 두고 저장하고 검색하는 기능을 제공하는 것이 대부분이다. 또한 색상 분석에 사용하는 imageJ와 같은 도구는 분석 결과를 체계적으로 저장 관리할 수 있는 기능 또는 향후 참조에 필요한 검색 등의 기능을 제공하지는 않는다.

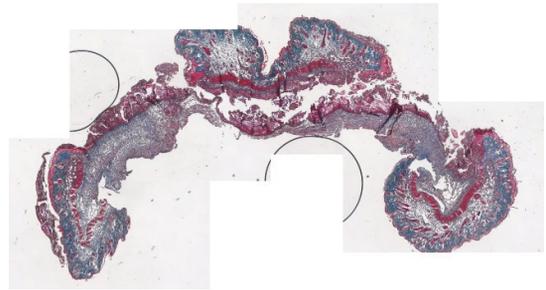
연구 분야의 특성상 줄기세포 확보에서 동물 실험에 이르기까지 데이터 수집 과정이 용이하지 않다. 분석을 위한 이미지 한 개를 확보하기까지 많은 비용이 소요되는 데다 분석한 결과를 체계적으로 관리하는 시스템이 존재하지 않아 관련 데이터의 통합 저장 및 이미지 분석을 통해 추출한 정보를 기반으로 한 검색 등이 거의 이루어지지 않고 있다.

바이오 이미지는 특정 염색제에 반응하여 고유한 색상 정보를 갖는 구성 성분을 분석하는 등, 연구의 특성상 색상 정보가 매우 중요한 의미를 갖는 만큼 이러한 복합적 기능을 갖춘 통합 검색 시스템이 유용하다 할 것이다.

이에 본 논문에서는 확보한 현미경 촬영 이미지에 대한 컬러 히스토그램 분석을 수행하고, 분석 결과를 관련 이미지와 함께 정보화하여 데이터베이스에 저장하여 관리함으로써 향후 연

1) ImageJ, <https://imagej.nih.gov/ij/index.html>

구 또는 관련 연구에 활용할 수 있는 시스템 Visual Cell 을 설계하고 구축한다. Visual Cell 은 이미지의 색상 정보를 이용하여 검색 및 열람할 수 있는 시스템으로, 이미지의 기본 정보와 함께 OpenCV-python²⁾ 라이브러리를 이용하여 색상 분석한 결과를 통합적으로 관리하는 데이터베이스를 설계하고 연동하였다.

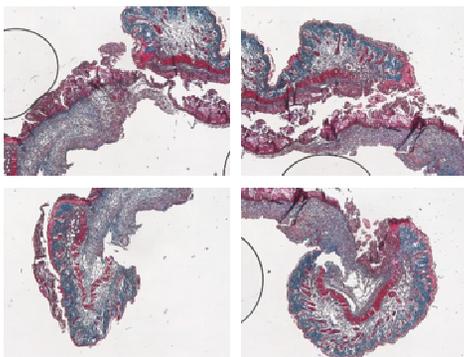


〈그림 2〉 복원된 세포 이미지

II. 바이오 이미지 데이터 분석

2.1 분석을 위한 이미지 복원

바이오 이미지 내에서 유의미한 정보를 추출하기 위하여 구성 성분을 염색하는 작업을 시행한 후 촬영한다. 따라서 바이오 이미지의 색상 정보에 해당 세포의 구성 성분에 대한 정보가 담기게 된다. 이 때 정확한 데이터 수집을 위하여 고해상도의 이미지를 얻을 필요가 있기 때문에, 전체를 촬영하는 것이 아니라 <그림 1>과 같이 분할 하여 촬영한 후에 <그림 2>와 같이 합쳐서 복원하는 과정을 거치는 것이 일반적이다.[14]



〈그림 1〉 분할 촬영 된 이미지

2.2 색상 분포 추출

바이오 이미지를 촬영할 때, 구성 성분을 구분하기 위하여 염색 후 촬영한다. 따라서 특정 색상으로 염색된 부분의 비율을 구하는 것은 해당 조직의 특정 구성성분의 비율을 구하는 것이 된다. 특정 색상이 차지하는 비율을 계산하기 위하여 기존에는 ImageJ, QuPath와 같은 툴을 이용 하였다. 하지만 위와 같은 툴은 웹 시스템 환경에 내장하기 힘들다는 단점이 있다. 본 논문에서는 구현하지 않지만 추후 연구를 통하여 웹 시스템 내 분석기능 내장을 위하여 위와 같은 툴을 이용 하지 않고 이미지를 분석하였다. 이를 위하여 파이썬 라이브러리인 OpenCV-python을 이용한다.

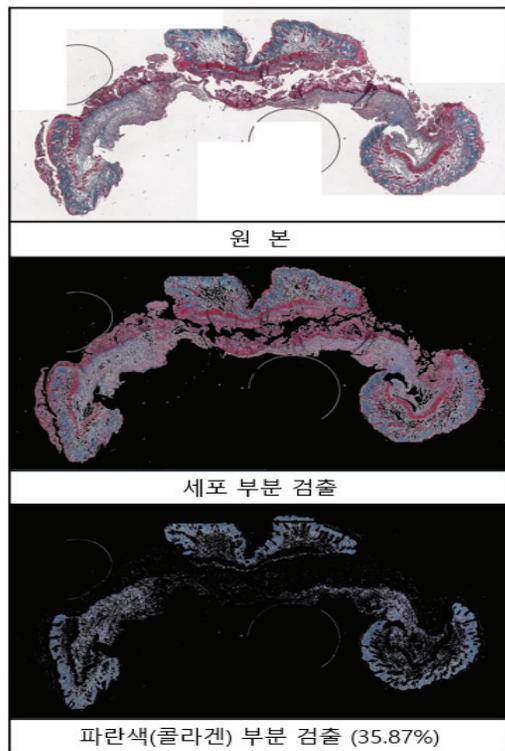
OpenCV를 이용하여 색상을 분석하기 위하여 색을 표현하는 방식을 정할 필요가 있다. 색상 분석에는 명도와 채도를 기준으로 분석하기보다는 색상을 기준으로 표현하는 것이 효과적이기 때문에, 색상(Hue), 채도(Saturation), 명도(Value)를 기준으로 하는 HSV 모델을 사용한다. 세포 내 특정 색상의 분포를 알아내기 위하여 먼저 세포에 해당하는 부분이 아닌 배경부분을 제거 할 필요가 있다. 이를 위해 OpenCV를 이용하여 이미지를 HSV값을 갖는 배열로 반환하고, 배경이 아닌 부분에 해당하는 HSV값의 범위를 설정하여 해당 범위에 포함되는 부분을 반환한

2) OpenCV-python. <https://opencv.org/>, <https://pypi.org/project/opencv-python/>

다. 그 후 원본 이미지와 반환 값의 AND 연산을 취한다. AND연산에 의해 반환 값이 True인 객체 부분을 제외한 배경 부분은 제거된다. 이 때 남아 있는 부분만 추출 해낸 뒤 픽셀 수를 구한다. 그 후 같은 방식으로 특정 HSV 범위에 있는 픽셀 수를 구한 후 그 값을 세포 부분의 픽셀 수로 나누어 해당 색상의 비율을 구한다.

2.3 대표색 추출

바이오 이미지의 색 분포를 한눈에 쉽게 인지하기 위하여 이미지의 대표색을 추출한다. 이 때 이미지는 색상분포 추출 과정에서 배경을 제거된 이미지를 사용한다. 이미지를 HSV 색 공간을 통하여 표현할 때, 이미지는 HSV의 벡터와 가로픽셀, 세로픽셀로 3차원으로 표현된다.



〈그림 3〉 파란색 부분 검출 과정

바이오 이미지의 색상을 클러스터링 하기 위하여 KMeans³⁾ 라이브러리를 사용하는데, 이를 위하여 먼저 3차원 의 배열을 2차원으로 바꾸어주는 작업을 실행하는데, 이때 배열의 크기는 세로픽셀수와 가로픽셀수를 곱한 값과 같다. 2차원으로 축소 된 배열을 Kmeans 라이브러리를 사용하여 이미지를 클러스터링 한다. 그 후 OpenCV를 사용하여 클러스터링 된 색상의 HSV값을 추출한다.

III. 시각적 검색 시스템 구현

3.1 데이터베이스 구축

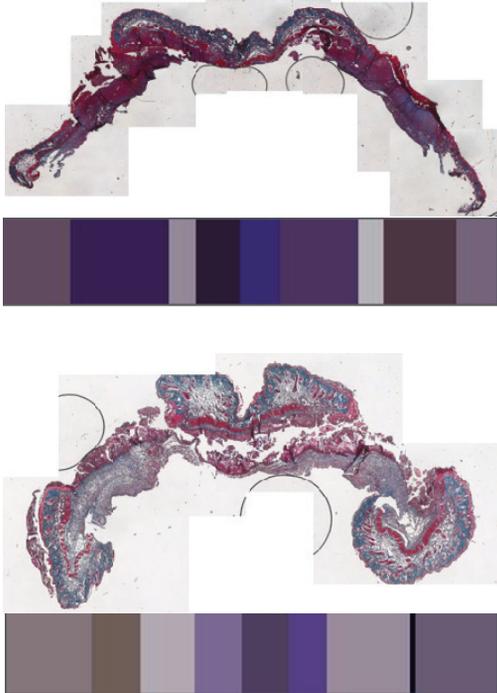
바이오 이미지 데이터와 위에서 처리한 분석 결과를 데이터베이스에 4개의 테이블로 저장한다.

분할 되지 않은 완전한 바이오 이미지와 그에 대한 정보를 저장한다. 그에 대한 구조는 <표 1>과 같다. 시스템에 출력하기 위하여 이미지 파일의 이름과 이미지 주소를 각각 imgname과 image_path에 저장하고, 배양날짜 정보를 incubation, 세포에 대한 설명을 description, 기타 정보를 etc에 저장한다.

〈표 1〉 복원된 세포 이미지를 저장하는 테이블 구조

Cell		
Attribute	Type	Description
imgname	VARCHAR	이미지파일 이름
species	VARCHAR	종
image_path	VARCHAR	이미지파일 주소
incubation_time	INT	배양날짜(일)
description	TEXT	설명
etc	TEXT	기타

3) kmeans. <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.cluster.KMeans.html>



〈그림 4〉 9가지의 색상으로 추출 된 대표색

그리고 각 이미지 별 색상 정보를 Cell 테이블을 참조하는 Color_info 테이블에 저장한다. 그 구조는 <표 2> 와 같다.

이 테이블은 Cell 테이블의 기본키를 참조하는 테이블로, 해당 세포의 색상정보를 color, 그 색상이 가르키는 구성성분과 이미지 내 차지하는 비율을 각각 info, ratio에 저장한다.

〈표 2〉 색상 정보를 저장하는 테이블 구조

Color_info (references table cell)		
Attribute	Type	Description
color	VARCHAR	색
info	VARCHAR	해당 색상 설명
ratio	FLOAT	해당 색상 비율

분할 촬영된 사진 각각을, Cell 테이블을 참조하는 Partial_cell 테이블에 저장한다. 이 테이블

의 구조는 <표 3>과 같으며, Cell table의 기본키를 참조한다. 이미지 파일이름과 이미지 파일 주소를 각각 p_imgname, p_image_path에 저장하고. 분할 된 개수를 total, 해당 분할 이미지의 번호를 num에 저장한다.

〈표 3〉 분할 된 세포 이미지를 저장하는 테이블 구조

Partial_cell		
Attribute	Type	Description
p_imgname	VARCHAR	이미지파일 이름
p_image_path	VARCHAR	이미지파일 주소
num	INT	이미지 번호
total	INT	분리된 이미지 개수

분할 촬영 된 이미지와 복원 된 이미지의 대표 색상과 각 색상 값을 Rep_color_info 테이블에 저장한다. 이 테이블을 Partial_cell 테이블 혹은 Cell 테이블의 기본 값을 참조한다. 대표색 이미지 주소를 rep_color_path, 대표색을 추출 할 때 기준으로 한 색 개수를 palette, 각 palette에 해당하는 hsv값을 각각 hsv_h, hsv_s, hsv_v에 저장한다.

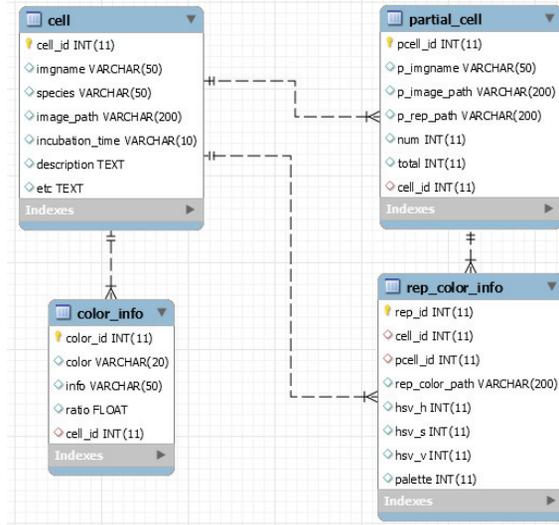
〈표 4〉 대표색에 관한 데이터를 저장하는 테이블 구조

Rep_color_info		
Attribute	Type	Description
rep_color_path	VARCHAR	대표색이미지 주소
hsv_h	INT	hue(색상)값
hsv_s	INT	saturation(채도)값
hsv_v	INT	value(명도)값
palette	INT	대표색 개수

<그림 5>는 데이터 베이스 내 테이블들의 관계를 Workbench⁴⁾내 Reverse Engineer를 통해 나

4) <https://www.mysql.com/products/workbench/>

타낸 관계도이다.



〈그림 5〉 테이블들의 관계도

3.2 Visual Cell

‘Visual Cell’은 이미지 분석 결과를 바이오 관련 연구에 보다 쉽게 활용하기 위한 웹 시스템이다. 웹 구현으로 Node JS를 사용하였다. 바이오 이미지의 경우 분할 촬영된 이미지가 많으며, 실제로 복원된 이미지보다 분할상태인 이미지의 개수가 더 많다. 따라서 분할된 이미지와 복원된 이미지 둘 다 출력하되, 복원된 이미지에는 Merged라고 적혀있는 태그를 달아 출력한다. Merged 태그가 되어 있는 이미지를 클릭할 시 해당 이미지의 분할된 부분을 출력한다. 이미지와 그 정보를 출력할 때 해당 이미지의 색상분포를 쉽게 파악하기 위하여 대표색을 분석한 팔레트를 동시에 보여주며, 해당 이미지 내의 색상 정보 및 비율을 함께 출력한다.

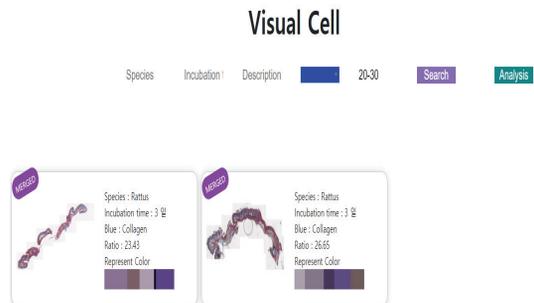
바이오 관련 차후 연구에 유용하게 쓰이기 위해서 기존 바이오 이미지 검색 시스템에서 쓰이는 검색 조건(종, 이름, 설명 등)과 색상 정보를 통하여 검색하는 기능을 제공한다. 해당 조직을 추출한 생물의 종은 Species, 배양 날씨는

Incubation, 설명은 Description 항목으로 검색이 가능하며, 색상 정보는 Color 항목으로 가능하다. Color 항목을 이용할 시, 미리 설정한 세가지 색상을 통하여 검색하게 된다. 미리 설정된 색상은 빨강, 파랑, 초록이고, 각각 색상(Hue)의 범위를 <표 5>와 같이 정한다. 이를 이용하여 특정 색상을 검색 할 시, Rep_color_info테이블의 hsv_h값을 검색하여, 검색 조건 색상의 범위 내에 있는 데이터를 보여준다.

특정 색상정보로 이미지를 검색할 때, Color_info 테이블을 참조하여, 해당 색상의 실제 구성 성분 및 비율을 출력한다. 이때 비율을 조건으로 추가 할 수 있는데, Ratio항목에 정해진 형식(min-max)으로 숫자를 색상과 함께 입력한다면, 기존 색상 검색에 Color_info테이블의 Ratio컬럼을 이용하여 검색범위 이내의 바이오 이미지만 출력된다. <그림 5>는 파란색 색상이 20%-30%사이에 있는 바이오 이미지만을 검색한 결과이다.

〈표 5〉 대표색의 색상(Hue) 범위

색상	범위
빨강	0-20 or 160-180
파랑	100-140
초록	40-80



〈그림 5〉 파란색 20%–30%으로 검색한 예시

IV. 결론 및 향후 연구

바이오 분야에서는 줄기세포 분화를 위한 3차원 인공 지지체를 제조하고 배양한 세포의 조직재생력을 평가하는 연구가 진행되고 있다. 세포 및 조직의 재생력 평가 실험에서는 조직 샘플에서 분석 대상이 되는 성분을 염색하고 현미경 촬영한다. 촬영한 이미지에 대해서 염색제에 반응한 특정 성분의 색상 분포를 분석하여 재생력을 평가한다.

실험으로 확보하는 이미지들은 해당 분야 연구의 특성상 대량 확보가 용이하지 않은데다 유사한 연구를 수행하는 기관들이 데이터를 공유할 수 있는 통합적인 시스템도 존재하지 않는다. 조직 샘플 이미지 데이터와 색상 분석을 통한 실험의 결과들을 체계적으로 저장하고 공유하고 검색하는 통합 관리 시스템이 필요한 이유라 하겠다. 이에 본 논문에서는 바이오 관련 세포 및 조직 이미지의 시각적 요소들을 효과적으로 분석하고 체계적으로 저장할 수 있는 시스템인 Visual Cell을 설계하였다. Visual Cell은 바이오 분야 이미지들의 통합 저장 관리 뿐만 아니라 색상 또는 색상에 반응한 조직의 특정 구성 성분을 입력 조건으로 하는 통합 검색이 가능하다.

현재는 보다 많은 바이오 이미지 데이터를 확보하기 위한 방안을 검토하고 있으며 이 분야 연구자들이 보다 편리하게 시스템을 이용할 수 있도록 요구사항을 확보하고 기능을 확장하기 위한 작업을 수행하고 있다.

특성 상 대량의 이미지 데이터를 단기간에 확보가 어려워 이미 다양한 이미지 분석에서 획기적인 연구 결과들을 산출하고 있는 딥러닝 기법들을 적용하는데 한계가 있다. 세포가 성장할 수 있는 구조적 기능적 역할을 수행하는 세포 외 기질 및 인공 지지체 제작 등의 연구에서, 다양한 세포 외 기질의 빅데이터 시스템 구축은 중요한 의미를 갖는다.

세포 및 세포 외 기질, 조직 재생 등의 데이터를 통합 빅데이터 시스템은 현미경 촬영 중 빛의 간섭이나 이물질이 포함되어 훼손 및 손상된 이미지의 복원, 부분 조각 이미지의 원 이미지 병합 복원 등의 딥러닝 기술의 소스가 될 수 있다. 또한 세포의 분화 및 배양을 위한 스캐폴드 제작을 위한 정보를 효율적으로 생산할 있다.

이미지 자체의 해상도를 높이는 문제, 손상된 이미지의 복원 등의 기술들을 적용하여 분석의 질을 높이는 기법의 탑재 방법 등을 향후 연구 과제로 남긴다. 제안하는 시스템을 통하여 해당 분야 연구자들이 이미지 분석의 효율을 높이고, 체계적으로 저장된 기존 분석 결과를 활용하여 필요한 지식 및 정보들을 효과적으로 획득할 수 있기를 기대한다.

참 고 문 헌

- [1] Theocharis AD, Skandalis SS, Gialeli C, Karamanos NK (February 2016). "Extracellular matrix structure". *Advanced Drug Delivery Reviews*. 97: 4 - 27. doi:10.1016/j.addr.2015.11.001. PMID 26562801.
- [2] Bonnans C, Chou J, Werb Z (December 2014). "Remodelling the extracellular matrix in development and disease". *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*. 15 (12): 786 - 801. doi:10.1038/nrm3904. PMC 4316204. PMID 25415508.
- [3] Michel G, Tonon T, Scomet D, Cock JM, Kloareg B (October 2010). "The cell wall polysaccharide metabolism of the brown alga *Ectocarpus siliculosus*. Insights into the evolution of extracellular matrix polysaccharides in Eukaryotes". *The New Phytologist*. 188 (1): 82 - 97. doi:10.1111/j.1469-8137.2010.03374.x. PMID 20618907.open access
- [4] 이재호, 김해원 "조직의 재생과 세포 외 기질의

중요성 (Tissue Regeneration and Importance of Extracellular Matrices (ECMs)).” 생화학분자생물학뉴스 (구 생화학뉴스) 31.3 (2011): 40-48.

[5] Abedin, M., & King, N. (2010). Diverse evolutionary paths to cell adhesion. *Trends in cell biology*, 20(12), 734-742.

[6] Di Lullo, G. A., Sweeney, S. M., Körkkö, J., Ala-Kokko, L., & San Antonio, J. D. (2002). Mapping the ligand-binding sites and disease-associated mutations on the most abundant protein in the human, type I collagen. *Journal of Biological Chemistry*, 277(6), 4223-4231.

[7] Di Lullo, G. A., Sweeney, S. M., Körkkö, J., Ala-Kokko, L., & San Antonio, J. D. (2002). Mapping the ligand-binding sites and disease-associated mutations on the most abundant protein in the human, type I collagen. *Journal of Biological Chemistry*, 277(6), 4223-4231.

[8] Discher, D. E., Janmey, P., & Wang, Y. L. (2005). Tissue cells feel and respond to the stiffness of their substrate. *Science*, 310(5751), 1139-1143.

[9] Lo, C. M., Wang, H. B., Dembo, M., & Wang, Y. L. (2000). Cell movement is guided by the rigidity of the substrate. *Biophysical journal*, 79(1), 144-152.

[10] Hadjipanayi, E., Mudera, V., & Brown, R. A. (2009). Close dependence of fibroblast proliferation on collagen scaffold matrix stiffness. *Journal of tissue engineering and regenerative medicine*, 3(2), 77-84.

[11] Engler, A. J., Sen, S., Sweeney, H. L., & Discher, D. E. (2006). Matrix elasticity directs stem cell lineage specification. *Cell*, 126(4), 677-689.

[12] Wang, H. B., Dembo, M., & Wang, Y. L. (2000). Substrate flexibility regulates growth and apoptosis of normal but not transformed cells. *American Journal of Physiology-Cell Physiology*,

279(5), C1345-C1350.

[13] Bruce, A., Alexander, J., Julian, L., Martin, R., Keith, R., & Peter, W. (2002). *Molecular biology of the cell* Garland Science. New York, 749-753.

[14] 오원진, 손세원, 배연성. (2000). 현미경에 의한 초근접 수치사진측량. 한국지적정보학회지, 57-64.

저자 소개



박 범 준(Beomjun Park)

- 2012~현재 강원대학교 컴퓨터과학과(학사과정)
- 관심분야 : 영상처리, 텍스트 마이닝



조 선 화(Sunhwa Jo)

- 2000년 강원대학교 컴퓨터과학과 학사
- 2005년 강원대학교 컴퓨터과학과 석사
- 2015년 강원대학교 컴퓨터과학과 박사수료
- 관심 분야 : OLAP, 데이터 마이닝, 빅데이터 분석, 그래프 마이닝, 텐서 마이닝, 데이터 시각화



이 수 안(Suan Lee)

- 2008 강원대학교 컴퓨터 과학과(학사)
- 2010 강원대학교 컴퓨터 과학과(전산학석사)
- 2012 강원대학교 컴퓨터 과학과(전산학박사수료)
- 2015 (주)알티베이스 연구개발본부 연구원
- 2017 강원대학교 컴퓨터과학과(전산학박사)
- 2018 강원대학교 정보통신연구소 박사후연구원
- 2019~현재 강원대학교 SW중심대학 연구교수
- 관심분야: 빅데이터, 분산병렬컴퓨팅, 머신러닝, 딥러닝, 그래프, 추천시스템, 데이터마이닝, 데이터베이스, 클라우드컴퓨팅



신 지 운(Jiwoon Shin)

- 2017 강원대학교 생물 의 소 재 공 학 과(학사)
- 2017-현재 강원대학교 의생명과학대학(석사과정생)
- 관심분야 : 조직공학, 고분자 합성, 나노 파티클 합성



유 혁 상(Hyuk Sang Yoo)

- 1996 KAIST 생명과학과 (생물과학) (학사)
- 1998 KAIST 생명과학과 (생화학) (석사)
- 2002 KAIST 생명과학과 (나노생체재료) (박사)
- 2005~현재 강원대학교 생물 의 소 재 공 학 과 교수
- 관심분야 : 나노약물전달, 조직공학, 생체 재료



김 진 호(Jinho Kim)

- 1982 경북대학교 전자공학과(학사)
- 1985 KAIST 전산학과(전산학석사)
- 1990 KAIST 전산학과 (전산학박사)
- 1990~현재 강원대학교 컴퓨터과학과 교수
- 관심분야 : 대용량 빅데이터 저장 및 처리, 하둡/맵리듀스 분산/병렬처리 기술, 빅데이터 분석 기법, 데이터 마이닝, 클라우드 컴퓨팅, 데이터 웨어하우스/OLAP 다차원 분석, 데이터베이스 시스템 개발