

DeepContact 安装及使用文档

1. 安装

1.1 软硬件配置要求

- (1) 一台装有 GPU 显卡的 Windows 系统工作站（建议性能在 GTX 1080Ti 及以上）
- (2) 安装好对应显卡的 GPU 驱动程序（可先进行第 3 步，不成功再进行本步骤）

网址：<https://www.nvidia.cn/Download/index.aspx?lang=cn>

在桌面右键可以看到‘NVIDIA 控制面板’即为安装成功



- (3) 安装 CUDA 驱动

下载 [cuda_9.0.176_win10.exe](#) 文件

下载地址（两个链接均可）：

<https://pan.baidu.com/s/1JDy08pQ0PIsYkPXtRsOekQ?pwd=v7b4> 提取码：
v7b4

<https://cloud.189.cn/web/share?code=6N7n2qeUvUn2>（访问码：fk72）

下载后打开文件，按默认选项执行安装



(4) 然后安装 cuDNN，具体方式如下

下载 [cudnn-9.0-windows10-x64-v7.zip](#) 文件

下载地址（两个链接均可）：

<https://pan.baidu.com/s/1JDy08pQ0PIsYkPXtRsOekQ?pwd=v7b4> 提取码：
v7b4

<https://cloud.189.cn/web/share?code=6N7n2qeUvUn2>（访问码：fk72）

解压 [cudnn-9.0-windows10-x64-v7.zip](#)，将里面的三个文件复制到对应位置

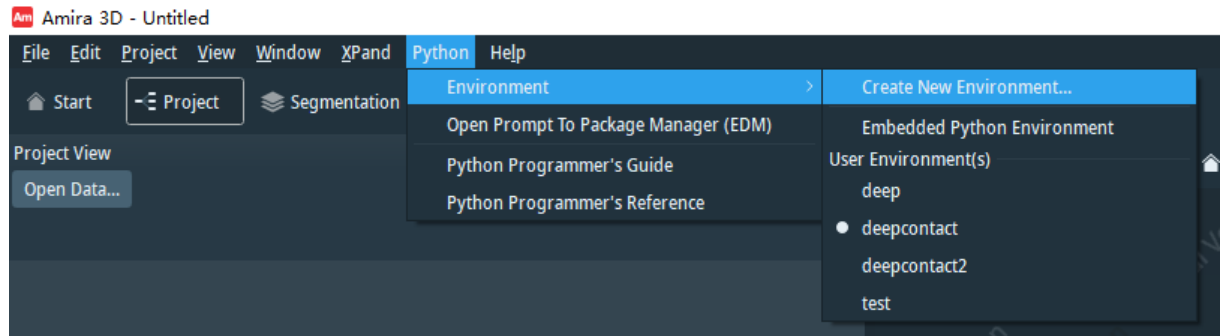
- 复制 `\cuda\bin\cudnn64_7.dll` 到 `C:\Program Files \NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v9.0\bin`.
- 复制 `\cuda\ include\cudnn.h` 到 `C:\Program Files \NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v9.0\include`.
- 复制 `\cuda\lib\x64\cudnn.lib` 到 `C:\Program Files \NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v9.0\lib\x64`.

(5) 安装最新版的 Amira 3D 软件

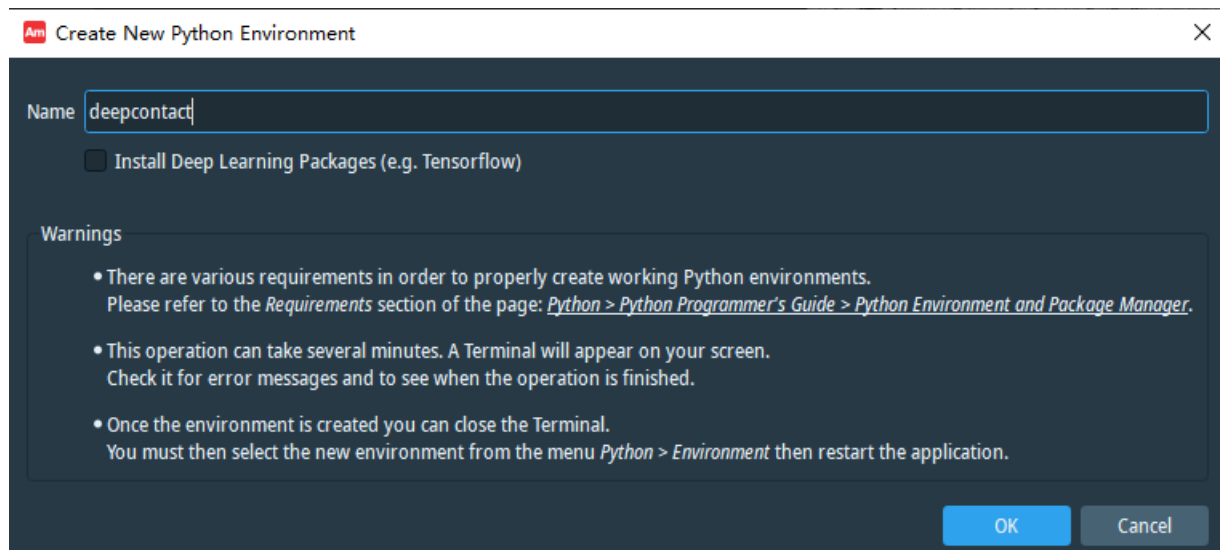
1.2 DeepContact 运行环境安装

(1) 创建 Python 运行环境

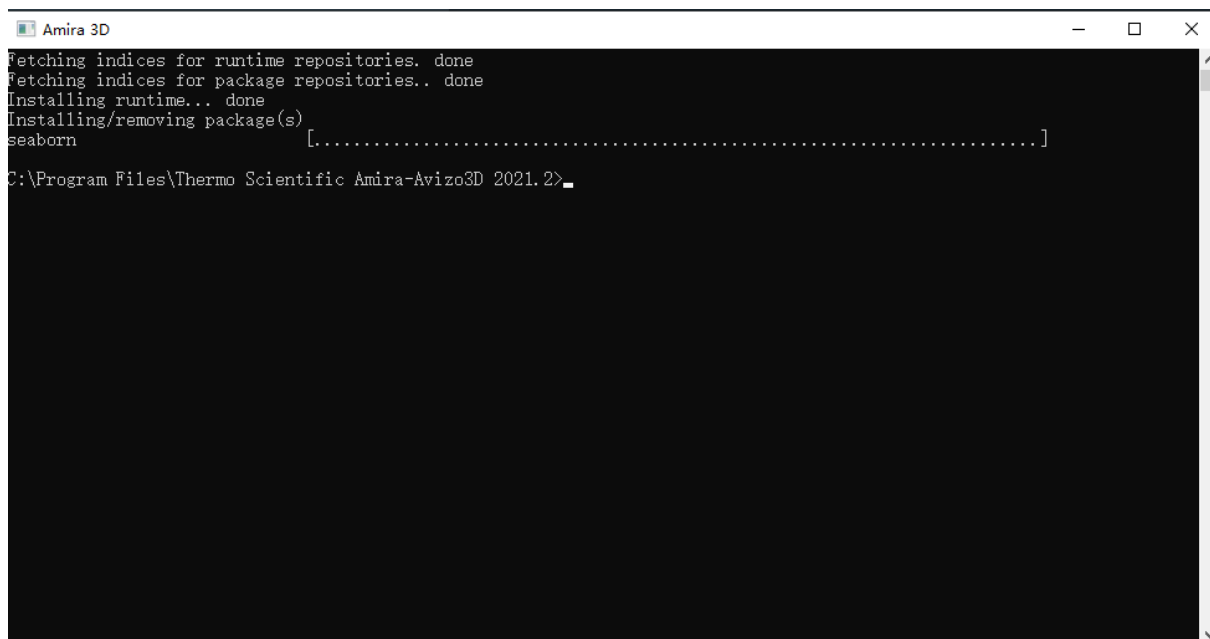
点击菜单栏 “Python” -> “Environment” -> “Create New Environment”



在下面的框中输入新建的运行环境名称，此处设置为 “deepcontact”，然后点击 “OK”

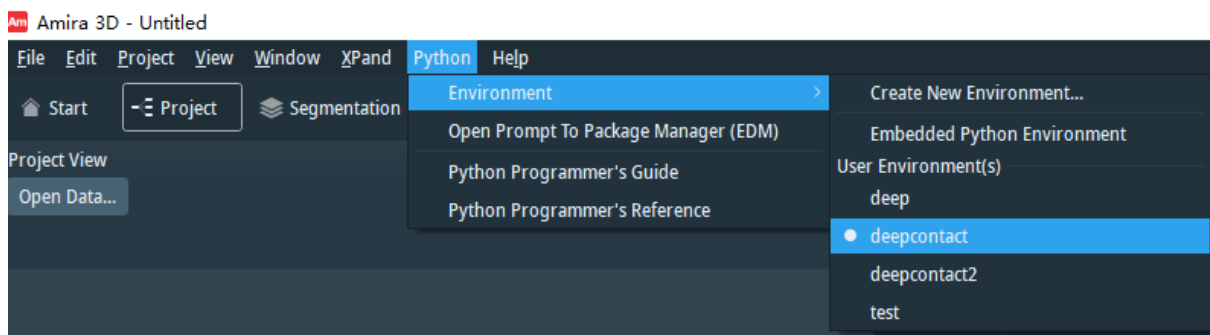


然后会出现安装的命令行界面，Amira 会自动运行基础环境安装，出现如下结果即为安装成功。



```
Amira 3D
Fetching indices for runtime repositories. done
Fetching indices for package repositories.. done
Installing runtime... done
Installing/removing package(s)
seaborn [.....]
C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2>
```

然后在菜单栏 “Python” -> “Environment” 中选中新创建的 deepcontact 环境，系统提示重启 Amira，重启后新环境生效。



（2）安装 DeepContact 所需的特定运行环境

1）打开下载的 Deepcontact 安装包

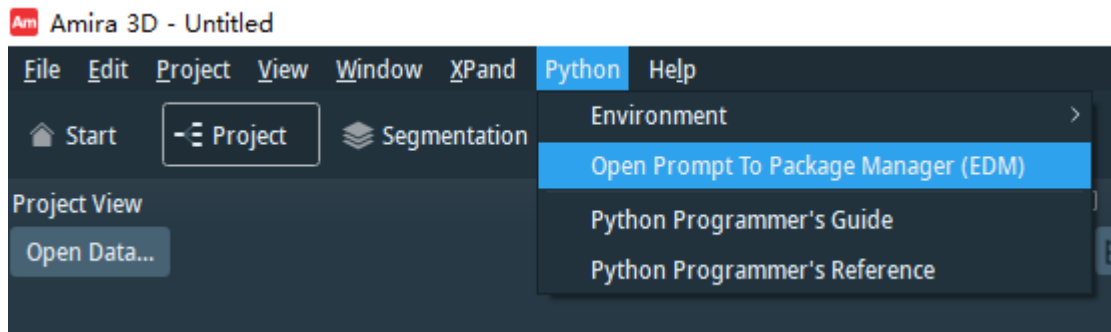
- i. 复制 requirements.txt 文件到 C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\bin 文件夹下
- ii. 运行 rustup-init.exe 文件，按默认选项安装

下载地址（两个链接均可）：

<https://pan.baidu.com/s/1JDy08pQ0PIsYkPXtRsOekQ?pwd=v7b4> 提取码：v7b4

<https://cloud.189.cn/web/share?code=6N7n2qeUvUn2>（访问码：fk72）

2) 在菜单栏 “Python” -> “Open Prompt To Package Manager(EDM)”



3) 在出现的命令行界面依次输入以下命令安装，在需要确认的地方输入“Y”进行确认

```
edm install pycocotools -e deepcontact
```

```
edm install pywinpty -e deepcontact
```

```
Amira 3D
Microsoft Windows [版本 10.0.19044.1706]
(c) Microsoft Corporation。保留所有权利。

C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\bin>edm install pycocotools -e deep
Fetching indices for package repositories.. done

The following packages will be installed:

  pycocotools  2.0.0-5  91 KiB

The following packages will be updated:

  cython      0.29.13-1 --> 0.29.24-1   2.37 MiB
  imageio     2.9.0-2   --> 2.9.0-3   3.44 MiB
  matplotlib  3.2.1-4   --> 3.3.4-1   9.92 MiB
  pillow      5.2.0-4   --> 6.2.2-1   1.32 MiB
  scikits.image 0.17.1-6 --> 0.17.1-8  12.24 MiB
  seaborn     0.11.1-1  --> 0.11.1-2   655 KiB

Do you want to continue ? [Y/n]: Y
Installing/removing package(s)
seaborn [.....]
C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\bin>_
```

3) 然后继续输入 `edm shell -e deepcontact` 激活 Python 环境，再激活后输入以下命令安装剩余的 Python 包

```
pip install labelme
```

```
pip install -r requirements.txt
```

```
Amira 3D - edm shell -e deep - pip install -r requirements.txt
Detected EDM prefix : c:\program files\thermo scientific amira-avizo3d 2021.2\bin
If you cannot make `edm shell` work, you may consider using the
`edm-activate` script instead.
Starting new shell in EDM environment 'deep'.
Type 'exit' to return.
Microsoft Windows [版本 10.0.19044.1706]
(c) Microsoft Corporation。保留所有权利。
(deep)C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\bin>pip install -r requirements.txt
Looking in indexes: https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/simple
Requirement already satisfied: numpy in c:\users\aspensstars\.edm\envs\deep\lib\site-packages (from -r requirements.txt (
line 1)) (1.17.4)
Requirement already satisfied: scipy in c:\users\aspensstars\.edm\envs\deep\lib\site-packages (from -r requirements.txt (
line 2)) (1.4.1)
Requirement already satisfied: Pillow in c:\users\aspensstars\.edm\envs\deep\lib\site-packages (from -r requirements.txt
(line 3)) (6.2.2)
Requirement already satisfied: cython in c:\users\aspensstars\.edm\envs\deep\lib\site-packages (from -r requirements.txt
(line 4)) (0.29.24)
Requirement already satisfied: matplotlib in c:\users\aspensstars\.edm\envs\deep\lib\site-packages (from -r requirements.
txt (line 5)) (3.3.4)
Collecting scikit-image
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/09/e2/39fd2aad9858c764bc260acdf4bb63f8096415ee2b782cc2f7ea47a12
c79/scikit-image-0.17.2-cp36-cp36m-win_amd64.whl (11.5 MB)
    | 11.5 MB 435 kB/s
Collecting tensorflow-gpu==1.5.0
  Downloading https://pypi.tuna.tsinghua.edu.cn/packages/26/1e/067fa5a334df570f7ea060450585568d9d4e3847f85dcf01f4ecc9c68
14f/tensorflow-gpu-1.5.0-cp36-cp36m-win_amd64.whl (82.1 MB)
    | 43.7 MB 2.2 MB/s eta 0:00:18
```

4) 然后依次输入运行以下四条命令

`pip uninstall protobuf`

`pip uninstall google`

`pip install google`

`pip install protobuf`

(3) 在 Amira 中安装 DeepContact

打开 Amira 的安装路径：**C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\share**

解压 DeepContact 的安装包，将里面三个文件夹下的文件，复制到上面路径对应名字的文件夹中（复制文件夹中第一级的文件或文件夹），然后重启 Amira 即可完成安装。

例如：

i. 将安装包中 **python_modules** 下的 **Deepcontact** 文件夹复制到 **C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\share\python_modules** 文件夹下

ii. 将安装包中 **python_script_objects** 下的两个文件复制到 **C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\share\python_script_objects** 文件夹下

iii. 将安装包中 **xml** 下的 **Deepcontact_config** 文件复制到 **C:\Program**

Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D 2021.2\share\xml 文件夹下

- (4) 下载对应的模型文件

下载地址（百度网盘地址上传完成后更新）：

<https://cloud.189.cn/web/share?code=Fju2uarqqUje>（访问码：0su3）

Cell：下载 `cell_er.pth` 和 `cell_mito.h5`

Tissue SEM：下载 `sem_er.pth` 和 `sem_mito.h5`

Tissue TEM：下载 `tem_er.pth` 和 `tem_mito.h5`

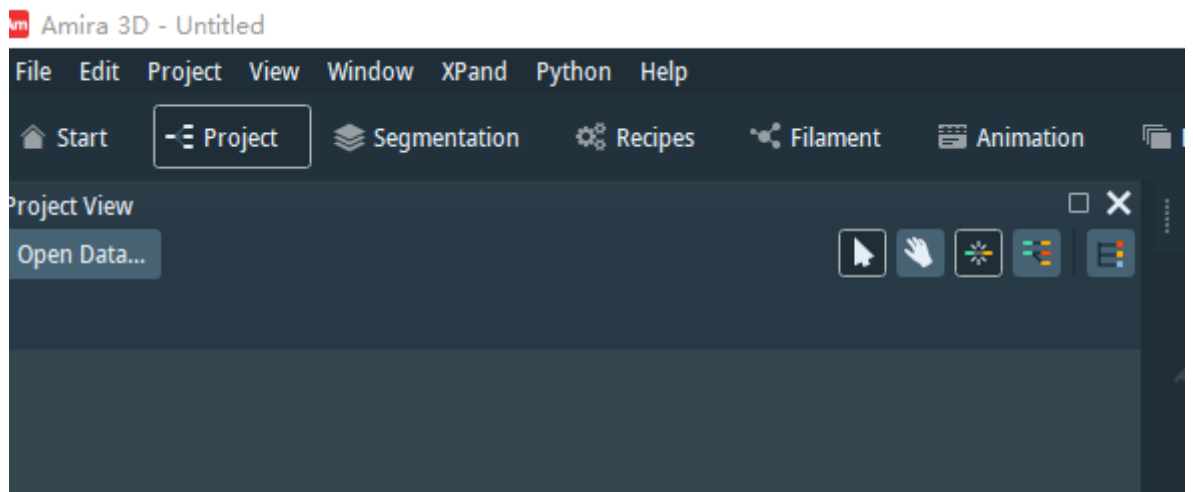
然后复制到 `C:\Program Files\Thermo Scientific Amira-Avizo3D`

`2021.2\share\python_modules\Deepcontact\checkpoint` 文件夹下

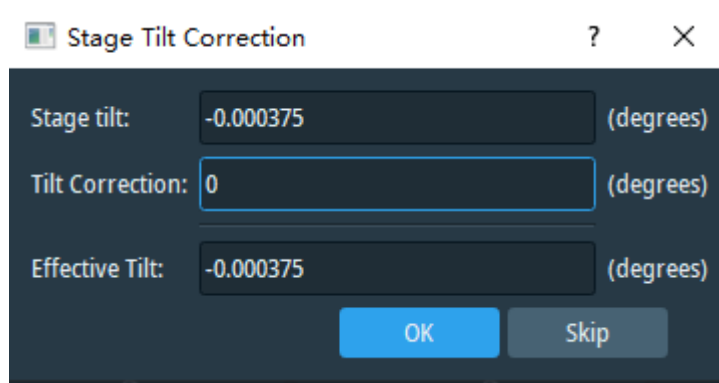
2. 使用

- (1) 选择文件

点击 Project -> open data 选择一个待处理的文件

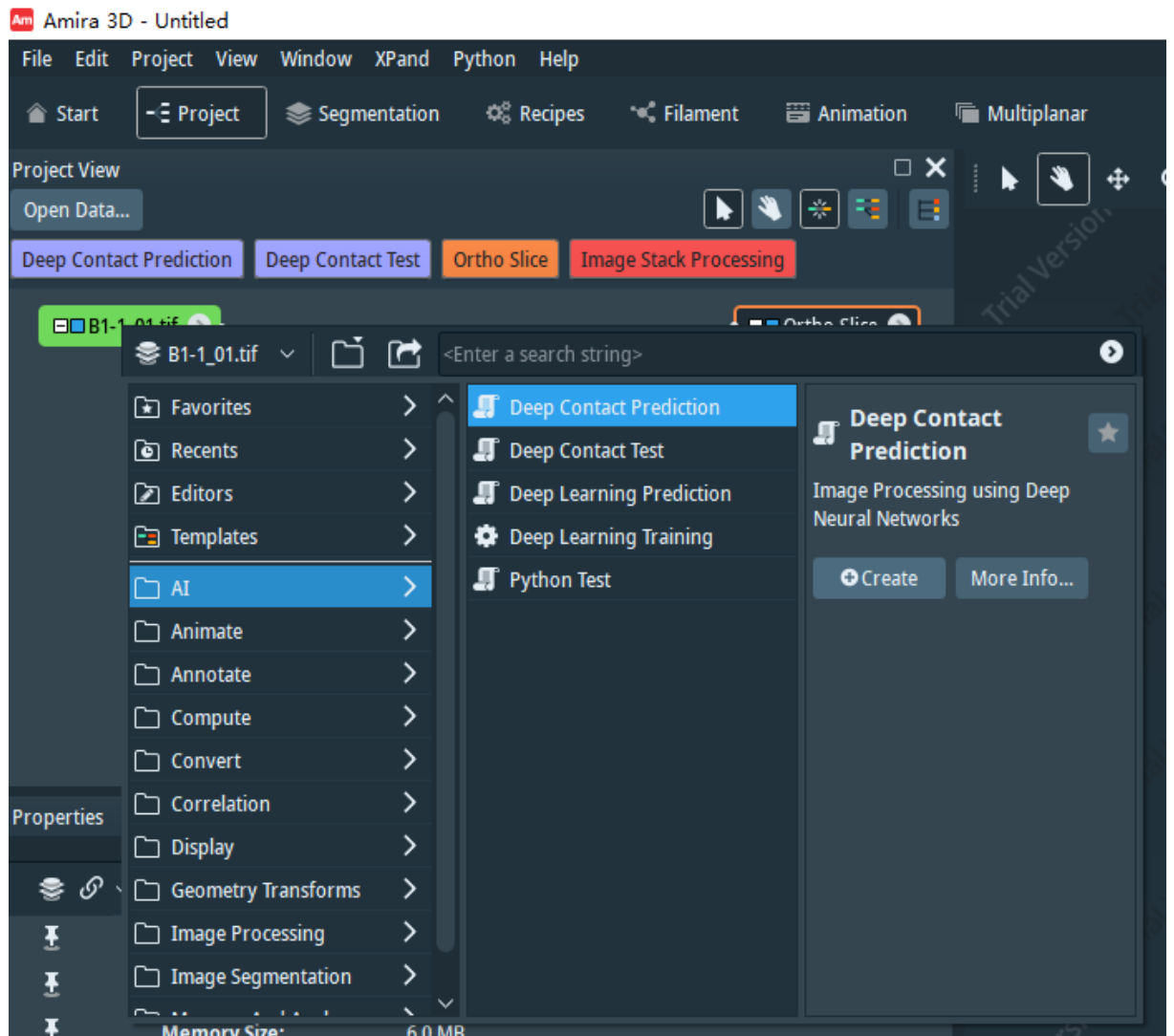


- (2) 设置好文件参数，点击 OK



(3) 创建 Deep Contact Prediction 对象

在图片对象上右键，选择 AI -> Deep Contact Prediction -> Create



(4) 设置 Deep Contact Prediction 运行参数

Properties

Deep Contact Prediction

Data: B1-1_01.tif →

Inputs

Single/Batch: Batch

Information: You should select a folder to process.

Data Folder: /AspenStars/Desktop/cell_data/data ...

Outputs

Save to folder: Yes

Information: You should select a folder to save the results.

Output Folder: AspenStars/Desktop/cell_data/output ...

Args

Data Type: Cell

Crop Size: 2048

Resolution: 5

Model

Mito Weight File: Deepcontact/checkpoint/cell_mito.h5 ...

ER Weight File: /Deepcontact/checkpoint/cell_er.pth ...

Console: Show

☐ auto-refresh **Apply**

- a. Inputs：可以选择处理单张（Single）或批量（Batch）
 - 单张：处理上一步选择的图片，结果直接显示在 Amira 软件中
 - 批量：必须选择一个文件夹，会自动处理文件夹里的所有图片，同时需要选择一个 output 文件夹用于保存输出结果
- b. Outputs:
 - 是否将结果保存到文件夹，若需保存需要选择一个文件夹保存输出的结果
- c. Args：
 - Data Type: 选择数据类型（Tissue TEM / Tissue SEM / Cell），选择数据类型后下方的模型文件路径会自动更新（也可以手动选择自己的模型文件）
 - Crop Size: 文件裁剪大小，系统根据 Resolution 自动计算，无法修改（建议在

输入时将图片裁剪为显示大小，否则将随机选择区域进行裁剪)

Resolution：文件分辨率，系统将根据输入的分辨率，将图片转换为标准大小

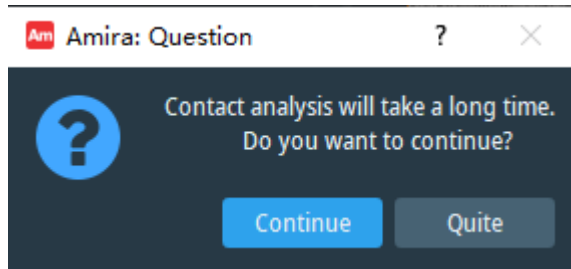
d. Model：

Mito Weight File: 选择线粒体对应的模型文件（可修改系统默认的文件）

ER Weight File: 选择内质网对应的模型文件（可修改系统默认的文件）

e. Console: 点击 Show 显示控制台

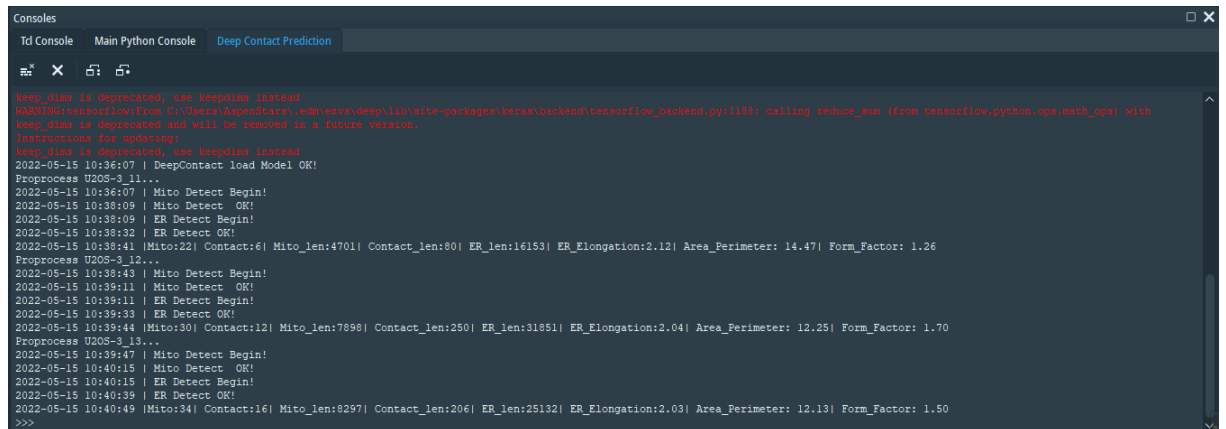
(5) 设置好参数后点击 Apply



由于第一次运行将加载模型文件，将花费较长时间，需要用户确认，点击 Continue 立即执行分析，点击 Quite 退出执行

(6) 运行结果

运行后的统计结果将显示在控制台，其中红色的提示信息可以忽略，不影响程序运行



单张模式下图片结果将显示在操作区，添加 Ortho Slice 即可在 Amira 中查看



批量模式下，所有结果将输出到 Outputs 中指定的文件夹下