

課題名 (タイトル) :

非負制約モデルに基づくカルシウムイメージングデータからのスパイク時系列推定

利用者氏名 : ○竹川 高志\*, 佐藤 正晃\*\*

所属 : \* 和光研究所 脳科学総合研究センター 回路機能メカニズムコア 脳回路機能理論研究チーム

\*\*和光研究所 脳科学総合研究センター 回路機能メカニズムコア 記憶メカニズム研究チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

本課題では、マウス脳のイメージング実験で得られる数百個の神経細胞像を含む大規模画像データから、代表者らの開発した非負制約モデルに基づく新規画像解析プログラムを用いて、個々の細胞の活動時系列の推定を行った。デスクトップパソコン (64 ビット版 Ubuntu 12.04LTS、Intel Core i7-2600 プロセッサ、RAM 32GB) による従来の解析では 1 回に 8~24 時間を要していたことから、解析の効率化に RICC が有用かどうかを、簡易利用で評価した。

2. 具体的な利用内容、計算方法

画像解析プログラム (CellDeconv) を多目的 PC クラスタ上でコンパイルし、8 コアを用いてサンプルデータ (512x256 ピクセルの画像を 8724 枚含む) の解析を行った。

3. 結果

RICC での計算により、デスクトップパソコンでの解析と同一の結果 (406 個の空間フィルタの抽出) が得られた。デスクトップパソコンでの計算時間が約 17 時間だったのに対し、RICC での計算時間はそれよりもやや長い約 17 時間半であった。

4. まとめ

本課題で使用したコア数では計算時間の短縮が見られないこと、およびジョブの待ち時間の発生や RICC へのデータのアップロードと結果のダウンロードに追加の手間がかかることを考慮すると、この課題で RICC を利用するメリットは乏しいと考えられた。

5. 今後の計画・展望

代表者の所属する脳回路機能理論研究チームが所有する計算機を活用して解析を行う計画である。