

平成27年3月31日

プログラム名：セレンディピティの計画的創出による新価値創造

PM名： 合田 圭介

プロジェクト名： 細胞同定技術開発

委 託 研 究 開 発

実 施 状 況 報 告 書 (成 果)

平成26年度

研究開発課題名：

セレンディピター用の細胞検出アルゴリズムの高速化

研究開発機関名：

国立大学法人千葉大学

研究開発責任者

下馬場 朋禄

[当該年度における計画と成果]

1. 当該年度の担当研究開発課題の目標と計画

本年度はプロジェクト3から得られる画像情報や分光情報から得られる知見をもとにアルゴリズムの選定やGPU/FPGAへの高速ハードウェア実装方式の検討を目標とする。具体的には、プロジェクト3の計測装置の1つであるSTEAMの画像再構成・細胞同定処理のGPU/FPGA実装、および、分光イメージング装置(SRS)の成分分離の信号処理の高速化をプロジェクト3と連携しながら調査する。具体的な目標は以下のとおりである。

- (1) STEAM用の画像再構成・細胞同定処理のGPU/FPGAへの実装方法の検討
- (2) 細胞サイズの変化を高速かつ正確に検出可能なアルゴリズムの選定もしくは開発
- (3) 上記アルゴリズムのファントムデータでの検証
- (4) ファントムデータではなくプロジェクト3から提供された実データをもとにアルゴリズムの検証
- (5) 分光イメージング計測装置(SRS)で使用されている成分分離のための信号処理の高速化。
- (6) 試験的に細胞サイズ変化検出のGPU実装を行い、秒間1,000個程度のスループットで細胞を同定可能かどうか検証
- (7) FPGAへの実装方法を検証
- (8) プロジェクト4とプロジェクト5間でのインターフェースの検証
- (9) 計算機環境とソフトウェア環境の整備

2. 当該年度の担当研究開発課題の進捗状況と成果

2-1 進捗状況

プロジェクト3・チーム1で開発を行っているSTEAMに関して、その画像再構成回路のFPGA実装を行っている。FPGAにはSP Devices社製のADQ108ボードを使用している。このボードにはSTEAMのフォトディテクタからくる信号を7GHzでサンプリングできるADコンバータとそのデジタルデータを信号処理するためのFPGA(Xilinx社製Virtex6)が搭載されており、本年度はこのFPGAに画像再構成回路の実装を行っており、画像再構成ができることを確認した。この画像再構成の確認にあたっては、プロジェクト3・チーム1から提供された実測サンプリングデータを使用した。また実際にSTEAMの光学系とFPGAボードを接続した実験も行った。

FPGAで画像再構成を行ったあとに、流路内を流れる細胞をある基準に沿って高速に分取する必要があるが、その細胞同定回路のアルゴリズムの検討も行っている。ここでは、同定基準として細胞サイズの大小を検出するアルゴリズムの検討を行っている。回路実装を適しており、正確に細胞分取をすることができる方式として、下記の3方式をソフトウェア上で検討している。

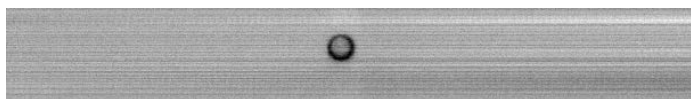
- 分散マップ方式。再構成画像をブロック操作し、各ブロックの分散値を計算することで細胞のサイズを検出するアルゴリズム
- 輪郭抽出アルゴリズム。細胞の輪郭を抽出することで細胞サイズを計測。
- 回転不変位相相関法。再構成画像に対して、Log-Polar変換を行い、その後、位相限定相関法を適用することで、細胞のサイズや角度の変化を検出することができるアルゴリズム。

また、細胞同定回路の FPGA 実装以外に、GPU によるより高度な同定処理を可能にするための検討も行っている。FPGA ボードで STEAM の生信号をサンプルすると 7GByte/s ものデータをホストコンピュータ及び GPU に送る必要がありボトルネックとなる。このデータレートを下げるには STEAM のパルスレーザ一周期を下げるのが効果的だが、再構成画像の SN が低下する問題が生じる。そのため開発している画像再構成回路はパルスレーザ一周期を下げることなく、細胞の存在する部分だけを画像化することで大幅にデータレートを下げることができる（想定では 10~20Kbyte）。この再構成画像を GPU に送ることで秒間 1,000 個程度の細胞をリアルタイム同定できると予想している。

プロジェクト 3・チーム 1 で開発を行っている SRS に関しても、GPU 上での成分分離のための信号処理の高速化を検討した。成分分離のためには計測分光画像にあらかじめ求めた基底関数の擬似逆行列をかければよい。本年度はこの計測分光画像と擬似逆行列の乗算を GPU 上で高速化する検討を行っている。GPU には NVIDIA 社の GPU を使用しており、行列計算を高速に行えるライブラリ (cuBLAS) を利用した。

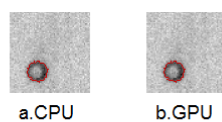
2-2 成果

下図はプロジェクト 3・チーム 1 から提供された実測サンプリングデータを FPGA 内の画像再構成回路に送った際に得られた再構成画像となっている。ビーズが正しく再構成されていることがわかる。



下図は STEAM で得られたビーズ画像を、GPU を用いて輪郭抽出を行った際の CPU と GPU での処理時間の比較 (左図)、および、輪郭抽出結果 (右図) である。再構成画像の背景ノイズが右図程度であれば正しく輪郭抽出及び輪郭線長が計算できていることがわかる。また、GPU を用いた場合は、0.78ms の処理時間であるため、秒間 1,000 個程度の細胞分取に期待ができる。

輪郭抽出	計算時間[ms]	輪郭線の長さ
CPU	1.96	78.76
GPU	0.78	78.76



作成画像(輪郭抽出)

2-3 新たな課題など

2-2 で示した STEAM の再構成画像は信号の SN を改良前の STEAM を用いた計測データでオフライン処理により得られた再構成結果である。SN を改善後の STEAM と FPGA の接続実験も行ったが、この際に問題になったのは、流路内のビーズ画像をオンラインで計測することには成功したが、再構成画像のコントラストが低いこと、また、細胞の存在していない部分を含めて画像再構成を行っているためデータレートや細胞同定に要する時間が多くなる問題点があげられる。次年度はこれらの問題点を解決し、FPGA によるリアルタイムでの細胞分取が行えるセレンディピター・ミニの開発を急ぎたい。

3. アウトリーチ活動報告

なし