

Math-Net.Ru

Общероссийский математический портал

Д. О. Брюхов, С. А. Ступников, Д. Ю. Ковалёв, И. А. Шанин, Архитектура распределенного решения задач анализа данных в области нейрофизиологии, *Информ. и её примен.*, 2021, том 15, выпуск 1, 78–85

DOI: 10.14357/19922264210111

Использование Общероссийского математического портала Math-Net.Ru подразумевает, что вы прочитали и согласны с пользовательским соглашением

<http://www.mathnet.ru/rus/agreement>

Параметры загрузки:

IP: 3.15.5.186

19 ноября 2024 г., 21:26:38



АРХИТЕКТУРА РАСПРЕДЕЛЕННОГО РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ АНАЛИЗА ДАННЫХ В ОБЛАСТИ НЕЙРОФИЗИОЛОГИИ*

Д. О. Брюхов¹, С. А. Ступников², Д. Ю. Ковалёв³, И. А. Шанин⁴

Аннотация: С ростом объема и разнообразия нейрофизиологических данных происходит и рост интереса к применению методов информатики, таких как статистический анализ, машинное обучение, нейронные сети, для анализа этих данных. Появляется потребность в создании инфраструктур, обеспечивающих как хранение большого объема данных в области нейрофизиологии, так и их распределенную обработку и анализ. В данной статье предлагается архитектура средств решения задач на основе технологий распределенного хранения и анализа больших данных Hadoop и высокопроизводительных вычислений с применением графических ускорителей.

Ключевые слова: нейрофизиология; нейроинформатика; интенсивное использование данных; инфраструктуры решения задач; анализ данных

DOI: 10.14357/19922264210111

1 Введение

Понимание работы человеческого мозга становится одной из основных научных задач в настоящее время. Растет количество и качество оборудования в области нейрофизиологии. В связи с этим растет и объем получаемых данных.

Традиционные методы анализа данных не справляются с обработкой большого объема нейрофизиологических данных. В связи с этим происходит рост интереса к использованию методов информатики, таких как статистический анализ, машинное обучение (и, в частности, нейронные сети глубокого обучения). Появляется потребность в создании инфраструктур, позволяющих как хранить большой объем данных, так и обрабатывать и анализировать эти данные.

Первоначально такие инфраструктуры представляли собой веб-каталоги данных и программных средств, где ученые могли делиться своими данными с другими учеными, находить и использовать данные и программы в своих исследованиях. В последнее время стали развиваться инфраструктуры, предоставляющие исследователям средства высокопроизводительных вычислений для обработки и анализа данных в области нейрофизиологии.

В данной статье предлагается архитектура распределенного решения задач в области нейрофизиологии, объединяющая технологии распределенного хранения и анализа больших данных Hadoop и технологии высокопроизводительных вычислений с применением графических ускорителей. Hadoop позволяет хранить данные большого объема (например, нейроизображения) и выполнять распределенную параллельную обработку этих данных на вычислительном кластере.

Ряд методов, включающих сложные вычисления, требует использования графических ускорителей для эффективного выполнения (например, построение моделей в методах машинного обучения). Такие вычисления выполняются на отдельных серверах с мощными графическими ускорителями.

В рамках данной статьи был проведен анализ существующих инфраструктур в области нейрофизиологии, предложена архитектура средств распределенной обработки нейрофизиологических данных, приведен пример использования этой архитектуры при решении задачи поиска значимых различий нелинейной функциональной связности головного мозга для мужчин и женщин.

* Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект 18-29-22096).

¹ Институт проблем информатики Федерального исследовательского центра «Информатика и управление» Российской академии наук, dbriukhov@ipiran.ru

² Институт проблем информатики Федерального исследовательского центра «Информатика и управление» Российской академии наук, sstupnikov@ipiran.ru

³ Институт проблем информатики Федерального исследовательского центра «Информатика и управление» Российской академии наук, dm.kovalev@gmail.com

⁴ Институт проблем информатики Федерального исследовательского центра «Информатика и управление» Российской академии наук, ivan.shanin@gmail.com

2 Инфраструктуры решения задач в области нейрофизиологии

В последнее время стали активно разрабатываться инфраструктуры для запуска различных программ обработки и анализа нейрофизиологических данных в одной среде, позволяющие встраивать существующие программы и библиотеки в создаваемые пользователями программы, решающие конкретные задачи. Ниже рассмотрены основные современные инфраструктуры для решения задач в области нейрофизиологии.

XNAT [1] — это открытая информационная платформа для работы с нейроизображениями, разработанная исследовательской группой по нейроринформатике в Вашингтонском университете. Она облегчает общие задачи управления, обеспечения производительности и качества обработки нейроизображений и связанных данных. XNAT позволяет программировать сложные потоки работ с несколькими уровнями автоматизации.

NeuroImaging Tools & Resources Collaboratory (NITRC) [2] — это бесплатный веб-ресурс, который предлагает информацию о постоянно расширяющемся наборе программного обеспечения и данных для нейроринформатики. Он состоит из трех компонентов: реестра ресурсов, репозитория

изображений и вычислительной среды — виртуальной машины, содержащей предустановленный набор программных средств для работы с нейроизображениями.

Программная платформа MIRF (Medical Images Research Framework) [3] — это платформа с открытым исходным кодом для быстрой разработки приложений для обработки медицинских изображений. Основным сценарием использования MIRF является создание пользователем конвейеров — последовательности обработчиков исходных данных.

В рамках проекта Европейского Союза Human Brain Project (HBP) [4] разрабатывается архитектура технологии хранения информации и коммуникации с исследователями ICT (Information and Communication Technology) [5]. Основные компоненты ICT — платформа нейроринформатики NIP и высокопроизводительная аналитическая и вычислительная платформа HPAC. Компонент COLLAB обеспечивает взаимодействие как между компонентами ICT, так и взаимодействие исследователей с ICT.

В таблице приведено сравнение существующих инфраструктур решения задач в области нейрофизиологии.

Можно отметить, что развивающиеся в настоящее время инфраструктуры ориентированы на предоставление возможности повторного исполь-

Сравнение инфраструктур решения задач в области нейрофизиологии

Инфраструктура	XNAT	NTRC	MIRF	HBP ICT	Предлагаемая архитектура
Вид	Веб-приложение	Набор программ	Вычислительная среда	Вычислительная среда	Вычислительная среда
Распределенные технологии		Облако		Облако, HPC	Hadoop, HPC
Способ хранения данных	Файлы	Файлы	Файлы	Файлы	Файлы, базы данных
Распределенное хранение					Да (HDFS)
Распределенные вычисления				Да	Да
Графические ускорители	Да	Да	Да	Да	Да
Набор встроенных библиотек	Да	Да	Да	Да	Да
Атласы				Да	Да
Обработка изображений	Да	Да	Да	Да	Да
Визуализация изображений	Да	Да	Да	Да	
Анализ изображений	Да	Да	Да	Да	Да
Методы машинного обучения	Да	Да	Да	Да	Да
Программная архитектура	Отдельные программы	Отдельные программы	Конвейеры	Программа организуется как сервис (SaaS)	Модули
Взаимодействие с другими программами	Расширения (плагины)	Общие входные/выходные данные	Вызов через API программы	Вызов как сервис (SaaS)	Вызов через API программы
Поддержка баз данных					Да

зования написанных программ и библиотек для решения новых задач в области нейрофизиологии. К основным недостаткам рассмотренных инфраструктур можно отнести отсутствие поддержки распределенного хранения большого объема данных и распределенной параллельной обработки этих данных. Предлагаемая в данной работе (см. разд. 3) архитектура решения задач нацелена на преодоление этих недостатков. Она также нацелена на повторное использование уже реализованных методов анализа нейрофизиологических данных. В архитектуре предусмотрено использование различных баз данных для эффективного хранения часто используемых типов данных, например временных рядов с данными по регионам мозга.

3 Программная архитектура распределенного решения задач анализа данных в области нейрофизиологии

Задача исследования работы головного мозга становится все более актуальной. Растет объем исследований головного мозга, развиваются методы анализа получаемых данных, включая нейроизображения. В работе [6] было продемонстрировано многообразие форматов представления нейроизображений, программных средств обработки и анализа нейроизображений. Активно развиваются методы глубокого обучения, появляется все больше исследований, использующих нейронные сети для анализа нейроизображений. В связи с этим встает вопрос о создании архитектуры, поддерживающей хранение больших объемов данных и методы распределенной обработки этих данных.

Предлагаемая в рамках данной работы архитектура основана на технологиях распределенного хранения и анализа больших данных Hadoop и высокопроизводительных вычислений с применением графических ускорителей. В качестве платформы распределенных вычислений в Hadoop был выбран фреймворк Spark. В зависимости от конкретной задачи анализ нейрофизиологических данных может выполняться как на одной из этих платформ, так и совместно на обеих платформах.

Spark обычно применяется в случаях, когда требуется параллельная обработка большого числа файлов с данными в области нейрофизиологии. При распределенном анализе рекомендуется использовать методы статистического анализа, в частности регрессионный анализ, проверку статистических гипотез, детектирование аномалий. На

Spark также можно реализовывать методы машинного обучения для небольших моделей с малым числом параметров (признаков). Если для анализа данных применяются сложные методы, требующие большого объема вычислений, то эти методы рекомендуется выполнять на графических ускорителях. К таким методам относятся методы глубокого обучения, включая сверточные и рекуррентные нейронные сети, автокодировщики и другие эффективные методы машинного обучения, такие как градиентный бустинг и метод опорных векторов. Для решения ряда задач может применяться комбинация этих подходов, например модели в методах машинного обучения или в нейронных сетях могут строиться на данных из обучающей выборки на отдельном сервере с графическими картами, а дальнейшее применение этих моделей и оценка качества построенных моделей осуществляется в Spark.

Программы анализа данных могут быть реализованы на любых языках программирования, поддерживающих Spark, например Python, Java, Scala, Julia. В реализации предлагаемой в этой статье архитектуры распределенного решения задач будет использован язык Python, также будут использованы библиотеки методов обработки и анализа данных, написанные на Python.

На рис. 1 представлена схема архитектуры решения задач в области нейрофизиологии. В архитектуре выделяются три уровня: уровень данных, уровень поддержки приложений и уровень приложений.

На *уровне данных* обеспечивается надежное хранение большого объема нейрофизиологических данных, включая исходные данные (например, нейроизображения), промежуточные данные (обработанные данные, сгенерированные модели) и результаты работы модулей анализа данных (предсказания, результаты проверки гипотез, результаты классификации данных). Данные могут храниться как в виде файлов в файловой системе, так и в базах данных. Исходные данные загружаются и хранятся в распределенной файловой системе HDFS (Hadoop distributed file system). HDFS автоматически создает несколько копий данных, что обеспечивает надежность их хранения на случай отказа оборудования. Для хранения данных, представленных в виде многомерных временных рядов (например, данные, извлеченные по регионам мозга) используется база данных OpenTSDB.

Часть данных, необходимых для выполнения программ с использованием графических ускорителей, хранится в локальной файловой системе этого сервера. На *уровне поддержки приложений* устанавливаются программы и библиотеки, используемые

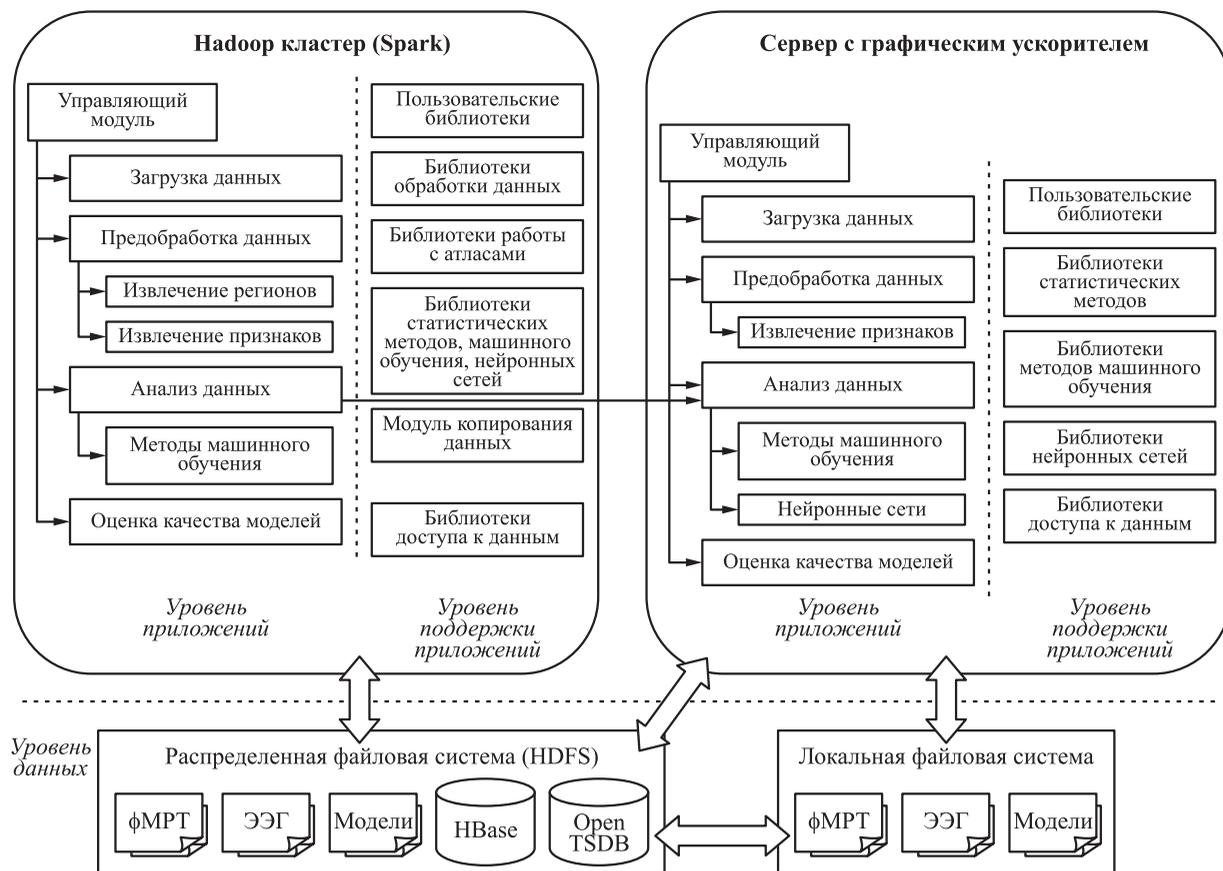


Рис. 1 Общая архитектура распределенного решения задач анализа данных в области нейрофизиологии

для обработки и анализа нейрофизиологических данных. Разработанные программы или их части могут быть оформлены в виде отдельных библиотек и затем повторно использованы при разработке новых программных средств. Такие программы формируют *пользовательские библиотеки*. Примерами таких модулей могут служить: извлечение регионов мозга по заданному атласу, выявление и классификация артефактов в электроэнцефалограмме (ЭЭГ).

Библиотеки обработки данных включают библиотеки по работе (чтению и записи) с различными форматами нейрофизиологических изображений и простыми операциями над ними. Примерами таких библиотек служат NiPy и Nibabel для языка Python. *Библиотеки работы с атласами* используются для извлечения регионов мозга на основе существующих атласов. Для работы с атласами можно использовать как специализированные библиотеки (например, AtlasReader), так и общие библиотеки по анализу нейрофизиологических данных, поддерживающих работу с атласами (например, Nilearn). *Библиотеки доступа к данным* используются для работы с базами данных, в которых хранятся промежуточные данные и резуль-

таты работы программ. Например, библиотека `opentsdb-py` используется для организации доступа из программы, написанной на языке Python, к базе данных `OpenTSDB`. Библиотека `happybase` используется для связи с базой данных `HBase`, для хранения вычисленных нелинейных функций зависимости одних регионов мозга от других. *Модуль копирования данных* предназначен для поддержки копирования данных между распределенной файловой системой `HDFS` и локальной файловой системой сервера с графическим ускорителем.

Библиотеки статистических методов, методов машинного обучения и нейронных сетей используются для выполнения анализа нейрофизиологических данных. Примерами таких библиотек могут служить: `Nitime` (для анализа временных рядов), `Nilearn` (для статистического исследования данных нейровизуализации), `MNE-Python` (для статистического анализа и методов машинного обучения над данными магнитно-резонансной томографии (МРТ) и ЭЭГ), `tsfresh` (для анализа временных рядов), `scikit-learn` (для методов машинного обучения и нейронных сетей), `Keras` (для нейронных сетей), `gplearn` (для методов генетического программирования).

ния), XGBoost (для метода градиентного бустинга на деревьях), CatBoost (для метода градиентного бустинга на деревьях). Все библиотеки, используемые в Spark, устанавливаются на каждый узел кластера.

Уровень приложений содержит пользовательские программы для обработки и анализа нейрофизиологических данных. Программы могут быть реализованы либо только на Spark, либо только на графических ускорителях, либо в общей архитектуре. Программы имеют модульную структуру. Центральным является *управляющий модуль*, который отвечает за организацию процесса обработки и анализа данных, взаимодействуя с остальными модулями. Данные могут быть загружены в систему до начала работы программы или может быть использован *модуль загрузки данных* для динамической загрузки данных из внешних ресурсов.

Модуль предобработки данных производит предварительную обработку данных, включая очистку данных, преобразование к формату, используемому при дальнейшем анализе этих данных, разделение данных по заданному критерию (например, для разных групп субъектов), отбор значимых признаков. Особенно следует выделить *подмодуль выявления регионов*, осуществляющий преобразование исходных 4-мерных фМРТ-изображений (фМРТ — функциональная МРТ) в набор многомерных временных рядов для каждого региона мозга. Регионы мозга определяются на основании применения атласов регионов (например, Harvard–Oxford, Automated Anatomical Labeling). Полученные временные ряды сохраняются в базе данных OpenTSDB. Подмодуль *извлечения признаков* выявляет значимые признаки в исходных данных, включая статистики для описания временных рядов. Отобранные признаки подаются на вход методов анализа данных, включая методы машинного обучения и нейронные сети.

Модуль анализа данных использует методы информатики, такие как статистический анализ, машинное обучение, нейронные сети, для анализа нейрофизиологических данных. Модуль может выполняться как на платформе Spark для методов параллельной обработки входных данных (например, параллельная обработка данных по разным объектам исследования), так и на сервере с графическим ускорителем для вычислительно сложных методов, хорошо распараллеливаемых на графических ускорителях (например, нейронных сетей). Связь между модулями, работающими на Spark и на сервере с графическим ускорителем, осуществляется посредством удаленного вызова скрипта на сервере с графическим ускорителем, запускающего необходимый программный модуль анализа данных. Программа может содержать несколько мо-

дулей предобработки и анализа данных, например, для сравнения результатов применения различных методов или использования ансамбля методов для получения более точных результатов.

В *модуле оценки качества* происходит вычисление известных метрик, таких как доля правильно классифицированных объектов, точность и полнота, для построенных моделей.

4 Пример задачи анализа данных в области нейрофизиологии

В качестве примера задачи, реализуемой в рамках представленной архитектуры, рассмотрим задачу поиска значимых различий нелинейной функциональной связности головного мозга для мужчин и женщин в состоянии покоя. Изучение гендерных различий в работе мозга — одна из важных областей когнитивного анализа мозга. Понимание роли гендерных эффектов может помочь в развитии специализированных методов лечения, различающихся для мужчин и женщин. В работе [7] было рассмотрено применение моделирования нелинейной функциональной связности головного мозга для поиска различий между мужчинами и женщинами.

На рис. 2 представлена предлагаемая в работе программная архитектура средств реализации этой задачи, соответствующая общей архитектуре (см. рис. 1). Архитектура включает следующие основные компоненты, соответствующие этапам решения задачи.

Извлечение регионов головного мозга. На данном этапе происходит преобразование 4-мерного изображения головного мозга в двумерный массив, где одним из измерений выступают регионы головного мозга, а другим — время. Извлечение регионов происходит с использованием вероятностного атласа Harvard–Oxford [8]. Полученные данные сохраняются в виде временных рядов в базе данных OpenTSDB.

Построение аналитических функций с применением метода генетического программирования [9]. Генетическое программирование — это метод, при помощи которого можно восстановить нелинейную функциональную связь. Метод основан на идее биологической эволюции. Существенный недостаток этого метода заключается в том, что его вычислительная стоимость растет экспоненциально с увеличением размерности, поэтому данный этап выполняется на компьютере с графическим ускорителем. Входные данные берутся из базы данных OpenTSDB. Вычисленные нелинейные функции зависимости одних регионов мозга от других

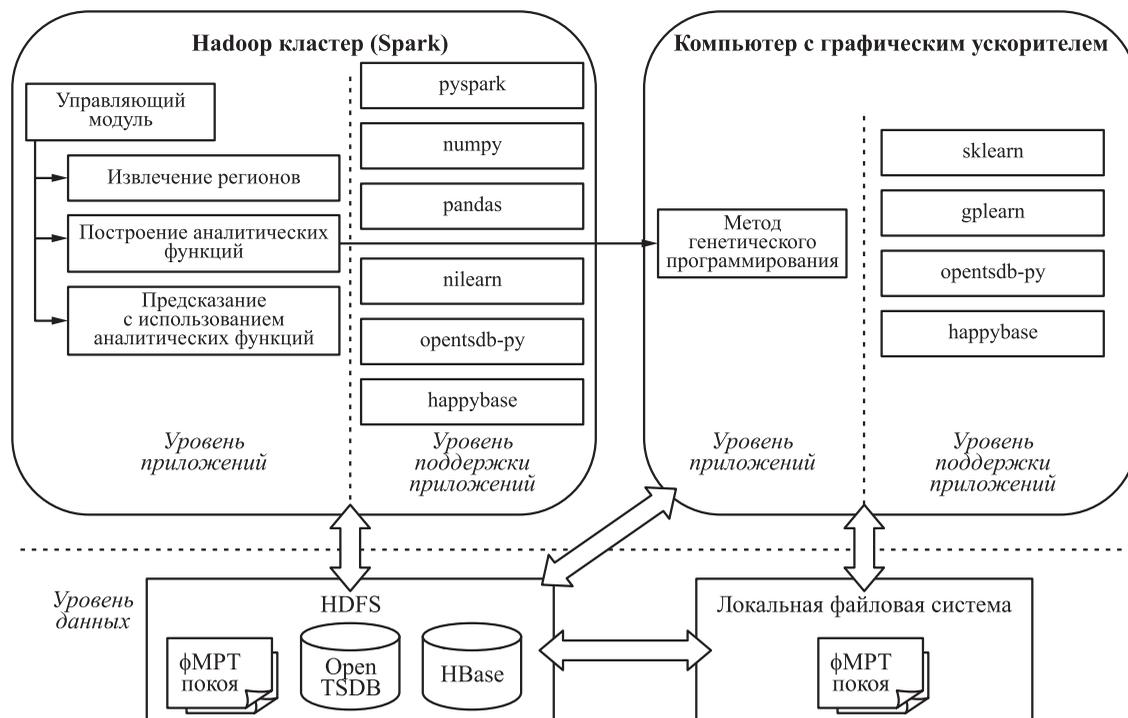


Рис. 2 Архитектура средств поиска значимых различий нелинейной функциональной связности головного мозга для мужчин и женщин

как для мужчин, так и для женщин сохраняются в базу данных HBase.

Проведение статистического анализа для сравнения полученных функций и вывод о схожести или различии того или иного региона головного мозга для мужчин и женщин. Включает в себя построение предсказаний с использованием функций, построенных отдельно для мужчин и отдельно для женщин, и проверку гипотезы о том, что ошибка между предсказаниями функций равна нулю. Входные данные для выполнения этого этапа берутся из базы данных HBase.

На основе этой архитектуры был разработан прототип поиска значимых различий нелинейной функциональной связности головного мозга для мужчин и женщин. Основная часть прототипа была реализована на языке Python в среде Spark с применением библиотеки `pyspark`, а метод генетического программирования был реализован на компьютере с графическим ускорителем. Для извлечения регионов мозга на основе атласа Harvard-Oxford использовалась библиотека `nilearn`. Для обработки полученных данных по регионам мозга использовались библиотеки `numpy` и `pandas`. Полученные данные в виде временных рядов сохранялись в базу данных OpenTSDb при помощи библиотеки `opentsdb-py`. При анализе этих временных рядов с помощью методов генетического программирования

использовались библиотеки `gplearn` и `sklearn`. Данные по полученным в результате анализа аналитическим функциям записывались в базу данных HBase при помощи библиотеки `happybase`. Разработанный прототип был опробован на данных из проекта Human Connectome Project (HCP) [10].

5 Заключение

Рост объема данных в области нейрофизиологии приводит к тому, что использование одного компьютера уже недостаточно для их обработки и анализа. Анализ существующих систем выявляет потребность создания архитектуры, позволяющей как хранить большой объем данных, так и обрабатывать эти данные с применением распределенных технологий. В статье предложена программная архитектура распределенного решения задач в области нейрофизиологии над данными больших объемов, объединяющая технологии распределенного хранения и анализа больших данных Hadoop и технологии высокопроизводительных вычислений с применением графических ускорителей. Хранение данных осуществляется в распределенной файловой системе HDFS. Параллельная распределенная обработка и анализ нейрофизиологических данных выполняются на Hadoop/Spark-кластере. Выпол-

нение вычислительно сложных алгоритмов, требующих графических ускорителей, осуществляется на отдельных серверах, содержащих графические карты.

Предложенная архитектура была использована при решении задач по обработке нейрофизиологических изображений, включая анализ функциональной связности отделов мозга на основе данных фМРТ состояния покоя, выявления шаблонов гендерных различий в работе мозга на основе данных фМРТ состояния покоя, определения активности человека с использованием фМРТ действия, обнаружения артефактов в ЭЭГ.

Литература

1. Marcus D., Olsen T. R., Ramaratnam M., Buckner R. L. The extensible neuroimaging archive toolkit (XNAT): An informatics platform for managing, exploring, and sharing neuroimaging data // *Neuroinformatics*, 2007. Vol. 5. P. 11–34.
2. NITRC. <https://www.nitrc.org>.
3. Musatian S., Lomakin A., Chizhova A. Medical images research framework // *CEUR Workshop Procee.*, 2019. Vol. 2372. P. 60–66.
4. Human brain project. <https://www.humanbrainproject.eu>.
5. Amunts K., Ebell C., Muller J., Telefont M., Knoll A., Lippert L. The human brain project: Creating a European research infrastructure to decode the human brain // *Neuron*, 2016. Vol. 92. P. 574–581.
6. Брюхов Д. О., Ступников С. А., Ковалёв Д. Ю., Шанин И. А. Нейрофизиология как предметная область для решения задач с интенсивным использованием данных // *Информатика и её применения*, 2020. Т. 14. Вып. 1. С. 40–47.
7. Kovalev D., Tirikov E., Sergeev D., Ponomareva N. V. Methods and tools for analyzing human brain signals based on functional magnetic resonance imaging data // *CEUR Workshop Procee.*, 2020. Vol. 2790. P. 214–229.
8. Desikan R. S., Segonne F., Fischl B., et al. An automated labeling system for subdividing the human cerebral cortex on MRI scans into gyral based regions of interest // *NeuroImage*, 2006. Vol. 31. No. 3. P. 968–980.
9. Allgaier N., Banaschewski T., Barker G., et al. Nonlinear functional mapping of the human brain // *arXiv.org*, 2015. arXiv:1510.03765. 21 p.
10. Elam J. S., Van Essen D. Human connectome project // *Encyclopedia of computational neuroscience* / Eds. D. Jaeger, R. Jung. — New York, NY, USA: Springer, 2013. doi: 10.1007/978-1-4614-7320-6_592-1.

Поступила в редакцию 27.12.2020

AN ARCHITECTURE FOR DISTRIBUTED DATA ANALYSIS PROBLEM SOLVING IN NEUROPHYSIOLOGY

D. O. Briukhov, S. A. Stupnikov, D. Yu. Kovalev, and I. A. Shanin

Institute of Informatics Problems, Federal Research Center “Computer Science and Control” of the Russian Academy of Sciences, 44-2 Vavilov Str., Moscow 119333, Russian Federation

Abstract: The growth of volume and variety of data in the field of neurophysiology increases the need of the application of computer science methods such as statistical analysis, machine learning, and neural networks for the data analysis. Infrastructures providing storage of a large volume of data in neurophysiology as well as data distributed processing and analysis are required. This article proposes a software architecture for the problem solving based on the Hadoop distributed storage and analysis framework and GPU-assisted high-performance computing technologies.

Keywords: neurophysiology; neurophysiological resources; neuroinformatics; data intensive research; problem solving infrastructure; analysis of neurophysiological data

DOI: 10.14357/19922264210111

Acknowledgments

This research was financially supported by the Russian Foundation for Basic Research (project 18-29-22096).

References

1. Marcus, D., T.R. Olsen, M. Ramaratnam, and R. L. Buckner. 2007. The extensible neuroimaging archive toolkit (XNAT): An informatics platform for managing, exploring, and sharing neuroimaging data. *Neuroinformatics* 5:11–34.
2. NITRC. Available at: <https://www.nitrc.org/> (accessed January 14, 2021)

3. Musatian, S., A. Lomakin, and A. Chizhova. 2019. Medical images research framework. *CEUR Workshop Procee.* 2372:60–66.
4. Human brain project. Available at: <https://www.humanbrainproject.eu> (accessed January 14, 2021).
5. Amunts, K., C. Ebell, J. Muller, M. Telefont, A. Knoll, and L. Lippert. 2016. The human brain project: Creating a European research infrastructure to decode the human brain. *Neuron* 92:574–581.
6. Bryukhov, D. O., S. A. Stupnikov, D. Yu. Kovalev, and I. A. Shanin. 2020. Neyrofiziologiya kak predmetnaya oblast' dlya resheniya zadach s intensivnym ispol'zovaniem dannykh [Neurophysiology as a subject domain for data intensive problem solving]. *Informatika i ee Primeneniya — Inform. Appl.* 14(1):40–47.
7. Kovalev, D., D. Sergeev, E. Tirikov, and N. Ponomareva. 2020. Methods and tools for analyzing human brain signals based on functional magnetic resonance imaging data. *CEUR Workshop Procee.* 2790:214–229.
8. Desikan, R. S., F. Segonne, B. Fischl, *et al.* 2006. An automated labeling system for subdividing the human cerebral cortex on MRI scans into gyral based regions of interest. *NeuroImage* 31(3):968–980.
9. Allgaier, N., T. Banaschewski, G. Barker, *et al.* 2015. Nonlinear functional mapping of the human brain. 21 p. Available at: <https://arxiv.org/abs/1510.03765> (accessed January 14, 2021).
10. Elam, J. S., and D. Van Essen. 2013. Human connectome project. *Encyclopedia of computational neuroscience*. Eds. D. Jaeger and R. Jung. New York, NY: Springer. doi: 10.1007/978-1-4614-7320-6_592-1.

Received December 27, 2020

Contributors

Briukhov Dmitry O. (b. 1971) — Candidate of Science (PhD) in technology, senior scientist, Institute of Informatics Problems, Federal Research Center “Computer Science and Control” of the Russian Academy of Sciences, 44-2 Vavilov Str., Moscow 119333, Russian Federation; dbriukhov@ipiran.ru

Stupnikov Sergey A. (b. 1978) — Candidate of Science (PhD) in technology, leading scientist, Institute of Informatics Problems, Federal Research Center “Computer Science and Control” of the Russian Academy of Sciences, 44-2 Vavilov Str., Moscow 119333, Russian Federation; sstupnikov@ipiran.ru

Kovalev Dmitry Y. (b. 1988) — scientist, Institute of Informatics Problems, Federal Research Center “Computer Science and Control” of the Russian Academy of Sciences, 44-2 Vavilov Str., Moscow 119333, Russian Federation; dkovalev@ipiran.ru

Shanin Ivan A. (b. 1991) — junior scientist, Institute of Informatics Problems, Federal Research Center “Computer Science and Control” of the Russian Academy of Sciences, 44-2 Vavilov Str., Moscow 119333, Russian Federation; v08shanin@gmail.com