

下面逐个详细解释 Suite2P 中最核心、最常调的三个模块的参数：**tau**（去卷积）、**Registration**（配准）、**ROI detection & extraction**（细胞检测与信号提取）。这些参数直接决定你最后 F、Fneu、spks 信号的质量。

### 1. tau（去卷积时间常数）—— 影响 spks（尖峰）和 deconvolved 信号



				典型值 意 义	(GCaMP 系 列)
	参数	位置			
tau	Main settings	钙指示剂的衰减时间常数(秒), 用于OASIS去卷积把荧光信号转成估计的尖峰率(spks)	GCaMP6f: 0.7 GCaMP6s: 1.2~1.5 GCaMP7f: 0.6~0.7 GCaMP7s: 1.4~1.9 jGCaMP7f: 0.55 jGCaMP8: 0.55~0.65 OGB-1: 0.4~0.6	最重 要! 必须 和你 的指 示剂 匹 配。 如果 tau 设小 了 → spks 过度 锐 化, 出现 很多 假尖 峰 如果 tau 设大 了 → spks	

spns  
变得  
很平  
滑，  
瞬态  
事件  
丢失  
不知  
道确  
切值  
时，  
先用  
文献  
推荐  
值，  
再用  
肉眼  
看  
spks  
是否  
和原  
始  
 $\Delta F/F$   
瞬态  
对得  
上。

---

**do\_bidiphase Main** 双向扫描 通常 0~30 1P

/ bidiphase	settings	的相位偏移校正 (只在双向扫描仪上需要)	像素数据 基本必开, 2P几乎不用
-------------	----------	-------------------------	-------------------------

## 2. Registration (配准) —— 决定运动校正效果

这是 Suite2P 最强的部分，参数非常多，但真正常调的就以下几个：

参数	默认值	意义	什么时候改
do_registration	1 (True)	是否开配准	几乎永远开
align_by_chan	1	用哪个通道来配准 (1=绿色功能通道, 2=红色解剖通道)	红色通道有稳定解剖结构 (如 tdTomato) 时改成 2, 配得更准
nimg_init	300	计算参考图像用的帧数	动物特别活跃、漂移大时改成 500~1000
nonrigid	True	是否开非刚性配准	1P 数据、幼鼠、清

		(刀状向邵达切仪 正)	醒1丁八必次才，成平 鼠 2P 安静时可以关 (会更快)
<b>block_size</b> [128,128]	非刚性 块大小 (像素)	块越小能校正越精 细的局部运动，但 容易过拟合噪声	1P 常用 [64,64] 或 [96,96] 2P 成年鼠常用 [128,128] 或 [192,192]
<b>maxregshiftNR</b>	5.0	非刚性每个块最大 允许偏移 (% of <b>block_size</b> )	剧烈运动时可以提到 8~10
<b>1P reg</b>	False	1P 专用的预处理 (高通 + 锥化)	1P 数据必须勾上！
<b>spatial_hp_reg</b>	42	1P 高通滤波窗口 (像素)	1P 一般 25~50，视 视野大小调
<b>smooth_sigma</b>	1.15	相位相关前的空间 高斯平滑	信噪比很低时加大到 1.5~2.0
<b>smooth_sigma_time</b>	0	时间维高斯平滑	极低信噪比时可以开 到 1~2

最常用的 1P 和 2P 配准配置总结：

- 1P 数据 (清醒小鼠)： nonrigid=True, block\_size=[64,64], 1P

`reg=True, spatial_hp_reg=42`

- 2P 成年麻醉：`nonrigid=False` 或 `True+block_size=[192,192]`
- 2P 幼鼠/清醒：`nonrigid=True, block_size=[96,96]` 或 `[128,128]`

### 3. ROI Detection & Extraction (细胞检测与提取) —— 决定找到多少细胞、信号纯不纯

#### 3.1 主要开关

参数	默认	意义	建议
<code>roidetect</code>	<code>True</code>	是否运行细胞检测	永远开
<code>sparse_mode</code>	<code>True</code>	是否用稀疏算法 (2022 年后默认更快更准)	永远开
<code>spatial_scale</code>	0 (自动) 动)	细胞检测的空间尺度 0=自动, 1=~6px, 2=~12px, 3=~25px, 4=全图	0 基本够用；如果漏掉很 多小细胞改 1；如果很多 假阳性改 2

#### 3.2 阈值类参数 (最常调！)

参数	默认	意义	调参方向
----	----	----	------

<b>threshold_scaling</b>	1.0	所有检测 阈值的全 局乘数	想多找细胞 → 降 低到 0.6~0.8 假阳性太多 → 提 高到 1.2~1.5
--------------------------	-----	---------------------	--

<b>max_iterations</b>	20~50	细胞提取 最大迭代 次数	细胞非常密集时 提到 50~100
-----------------------	-------	--------------------	----------------------

### 3.3 解剖通道检测 (Cellpose 模式)

参数	意义	常用设置
<b>anatomical_only</b>	0=功能+解剖混合, 1~3=只用红色通道 +Cellpose	有稳定红色标记 (如 tdTomato) 时设 2 或 3, 细 胞分割极准
<b>diameter</b>	Cellpose 估计细胞直 径, 0=自动	0 基本够用; 如果明显偏大/ 偏小手动填 12~15
<b>pretrained_model</b>	cyto / cyto2 / nuclei	红色通道细胞用 cyto2 最好

### 3.4 神经突周 (Neuropil) 校正 —— 决定 Fneu 是否干净

参数	默认	建议
----	----	----

inner_neuropil_radius	2	细胞体和 neuropil 环 之间的空隙 (像素)	1P 建议 1~2, 2P 建议 2~3
min_neuropil_pixels	350	每个细胞最 少采集的 neuropil 像 素数	细胞很小或视 野边缘细胞可 降到 200
allow_overlap	False	是否允许 neuropil 区 域互相重叠	细胞非常密集 时可以开 (True)，能采 集更多背景

## 实际调参顺序建议（最实用的流程）

1. 先确定 tau (根据指示剂)
2. 先跑一次配准，看运动校正是否干净 (重点看 nonriaid +

block\_size)

3. 配准满意后，用默认检测参数跑一次，看找到的细胞数量和假阳性情况
4. 细胞太少 → 降低 **threshold\_scaling** 到 0.6~0.8
5. 假阳性太多 → 提高 **threshold\_scaling** 到 1.2~1.5，或把 **spatial\_scale** 从 0 改到 2
6. 有红色解剖通道 → 开 **anatomical\_only=2** + **pretrained\_model='cyto2'**，基本一次到位

这样调完后，90% 的数据集都能得到非常干净的信号。需要我给你一份针对 GCaMP8 + 1P 清醒小鼠的完整推荐 ops 参数表吗？