

【SPM 解析の前に】

フォルダーの作成

被験者一人あたりにつき一つの解析用フォルダーをあらかじめ作成しておく。

解析フォルダー名は撮像した日付および被験者名とする。ex. 020410_SaitoNaohiro

各解析フォルダーの下に解剖画像用フォルダー(3D、T1)、機能画像用フォルダー(EPI)、解析結果保存用フォルダー(Result1、Result2、...)を作成する。

raw data を各フォルダーに分けて保存しておく。

- ④ SPM は半角英数字しか使用できない。スペースも使用不可。
パス名(ex.C:\¥Data¥020410_SaitoNaohiro¥S1)にそれ以外の文字が入らないようにする。

ファイル名の変更

Raw data からファイル名を変更する。使用ソフト:syngo_converter

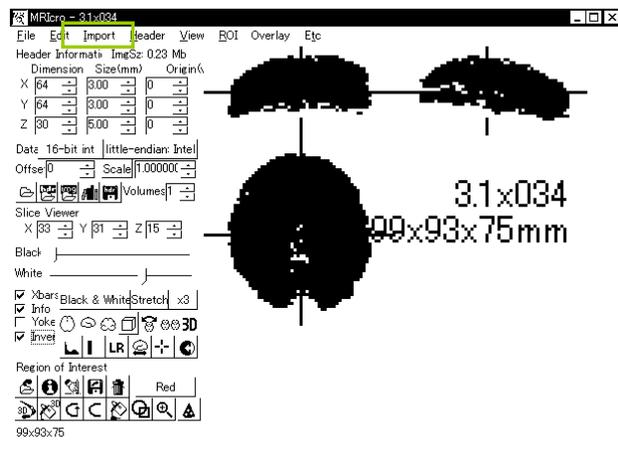
Raw data が格納されているフォルダを指定し、convert ボタンで実行。被験者名の入ったファイル名から連番数字のファイル名に変更される。

Ex.SAITONAOHIRO041112.301.....21.ima → 3.10021.ima

- ④ 通常の状態では data は被験者名、撮像日時等の名前がついている。

Analyze format への変換

SPM で扱える形式にデータを変換する。使用ソフト:MRicro(ver1.36)



MRicro 画面

機能画像(EPI 画像)の場合

- ① MRicro を起動する。
- ② 「Import」→「foreign to Analyze [DICOM...]」でダイアログパネルを出す。
- ③ パラメータを代入する。
Number of Files = 425
Slice Increment = 1
Volume Increment = 1
Volume = 425
下記以外のチェックは全て外す。
Autodetect Mosaics = checked
- ④ 「select」ボタンを押し、最初のファイルを選択する。
- ⑤ 変換したファイル(.hdr、.img)の保存先を指定し

て保存する。

- ⑥ 「File」→「Open Image」で保存したファイルを開く。
- ⑦ 「File」→「Save as [rotate/clip/format/4D->3D]」を選択し、「Save as Rotated/Clipped」パネルを出す。
- ⑧ Flip Top/Bottom = checked とし、「Save [Intel]」ボタンを押す。
- ⑨ File name の形式を選択し、保存する。

以上で撮像データが SPM99 で解析が行える状態となった。撮像データは XXX.img と XXX.hdr で一つの image ファイルとなっている。

SPM99 で解析を行うには MATLAB が必要であり、その際 SPM99 のフォルダがパス設定されている必要がある。

【SPM99 による解析手順】

MATLAB を起動させる。
Matlab コマンドウィンドウに

》 spm_fmri

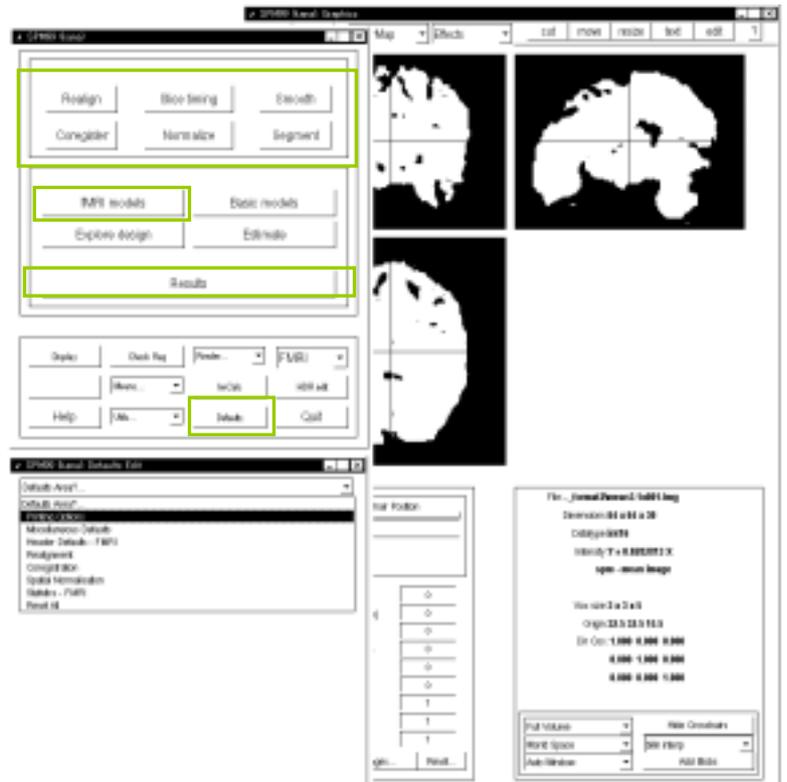
と入力し、SPM99 を起動させる。



Matlab 画面

SPM99 を使った解析は以下のような流れになる。

- ① Defaults の設定
- ② Realign
- ③ Slice timing
- ④ Normalize
- ⑤ Smooth
- ⑥ fMRI models
- ⑦ Result



SPM99 画面

① Defaults の設定

解析作業を行う前に各種「Defaults」の設定を行う。

② Defaults の設定は SPM を起動するたびに初期設定に戻ってしまうので毎回設定を行う必要がある。

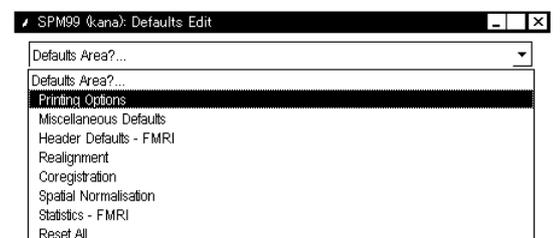
「defaults」ボタンをクリックし、ウィンドウのプルダウンメニューから設定したい項目を選択する。

1. Print 画像ファイルの設定

- i. 「Defaults Area ? : Printing Options」
- ii. 「Printing Mode ? : Other Format to File」
- iii. 「Postscriptfilename ? : anything(default で OK)」
- iv. 「Graphics Type ? : Baseline JPEG image」

2. Statistics – fMRI

- i. 「Upper tail F prob. threshold ? : 0.001 (Default) 1 (recommend)」
- ii. 「Number of Bins/TR ? : 30(撮影スライス枚数)」
- iii. 「sampled bins ? : 15(撮影枚数の中央値)」



② Realign

以下の処理を行うことができる。

- (ア) 撮像した画像の motion artifact を調べる。
- (イ) 撮像した画像の motion artifact を補正する。 → 撮像時の頭部の動きを補正する。
- (ウ) 撮像した画像の mean image を作成する。

「Realign」ボタンをクリックして行う。

- i. 「Number of Subject ? : n (一度に realign したい被験者数)」
- ii. 「num sessions for subjects ? : n (一度に realign したいセッション数)」
- iii. ファイルを選択 (subject, session ごとに選択。)
- iv. 「Which Options ? : Coregister & Reslice (default)」
- v. 「Reslice interpolation method ? : Sign interpolation(default)」
- vi. 「Create what ? : All images + Mean image(default)」
- vii. 「Adjust sampling errors? : NO 」
- viii. →→→ 計算 →→→「Done」完了
- ix. realign された image ファイル (rXXX.hdr と rXXX.img) と mean image ファイル (meanXXX.hdr と meanXXX.img) が作成される。
- x. Graphics 画面の「print」をクリックし結果を保存する。

確認！ work フォルダ内に Graphics 画面の画像が jpeg 形式で保存されたか

③ Slice Timing 「Slice timing」ボタンをクリックして行う。

- i. 「number of subjects/sessions ? : 1」
- ii. 「select sequence type ? : ascending (first slice = bottom)「Reference slice : 15」
- iii. 「acquisition time (TA): 2.9」
- iv. Slice timing された image ファイル (arXXX.hdr と arXXX.img) が作成される。

④ Normalize 「Normalize」ボタンをクリックして行う。

- i. 「Which option ? : Determine parameters & Write normalised」
- ii. 「Subject ? : n」
- iii. mean image ファイルを選択し、「Done」をクリックする。
- iv. rXXX image ファイルを選択し、「Done」をクリックする。
- v. Template image で EPI.img を選択する。
- vi. 「interpolation method ? : Bilinear interpolation」
- vii. →→→ 計算 →→→「Done」完了
- viii. narXXX image ファイル (narXXX.hdr と narXXX.img) が作成される。
- ix. Graphics 画面の「print」をクリックし結果を保存する。

確認！ work フォルダ内に Graphics 画面の画像が jpeg 形式で保存されたか

⑤ Smooth 「Smooth」ボタンをクリックして行う。

- i. 「smoothing(FWHMmm) ? : 6 mm」
⑧ 通常は voxel size の 2~3 倍の値を入力する。
- ii. narXXX image ファイルを選択する。
- iii. →→→ 計算 →→→ 「Done」完了
- iv. snarXXX image ファイル (snarXXX.hdr と snarXXX.img) が作成される。

⑥ fMRI model 「fMRI model」ボタンをクリックして行う。

- ⑧ 作成されたファイルは MATLAB の work フォルダに保存されるので、以前に作成したデータを上書きしたくない場合はあらかじめ別フォルダ(ex.Result1 フォルダ)に保存しておく。

以下の処理を行うことができる。

- (ア) specify a model: 計算式を立てる。
- (イ) estimate a specified model: 計算式で実際の計算を行う。
- (ウ) review a specified model: 作成された model を確認する。

今回すでに立てられたモデル(計算式)を使うので(イ)から行う。

ア) Specify a model

- i. 「Interscan interval{sec} ? : TR を秒単位で入力する。」
- ii. 「scan per session eg.64 64 64 ? : session ごとの総スキャン数(scan series)を space をあけて連続して入力する(ex. S1 が 151、S2 が 151 のときは「151 151」)。
- iii. 「are conditions replicated ? : yes」
- iv. 「are timing/parameters the same ? : yes (session 間で同じ場合)」
- v. 「number of conditions or trials ? : epoch / event の数を入力する。」
- vi. 「name for condition/trial 1...n ? : 適当に epoch / event ごとに名前を付けて入力する。」
- vii. 「stochastic design ? : no」
- viii. 「SOA ? : Fixed(event 間の時間をふっていない場合) / Variable(ふっている場合)」
 - I. Fixed の場合
 - 「SOA(scans) for trial 1 ? : 最初の epoch / event が再び出現するまでのスキャン回数を入力する。」
ex. On(grasping)が 30 秒、Off(rest)が 30 秒を 5 回繰り返し TR3 秒で撮影した場合。
10 スキャンごとに On と Off が切り替わる。前の On から次の On が出現するまでのスキャン回数は 20 なので、20 と入力する。ある condition が出現するスキャンサイクルに相当する。
仮に 3 つの条件下で比較したい場合、On1(10 スキャン)、On2(5 スキャン)、Off(10 スキャン)であれば、3 条件のスキャン数の合計である 25 を入力する。
 - 「time to 1st trial(scans)? : 各 epoch / event の最初のスキャンが SOA 内の何番目かを入力する。」
 - ⑧ 最初の epoch / event は 1 ではなく 0 にする。
 - 上記を epoch / event の数だけ繰り返す。
 - 「parametric modulation ? : none」
 - 「are these trials ? : epoch / event」
- A) epoch の場合
 - 「select type of response ? : fixed response(Box-Car)」
 - 「convolve with hrf ? : yes」
 - 「add temporal derivatives ? : no」
 - 「epoch length{scans} for trial 1...n ? : 各 epoch のスキャン数を入力する。」
- B) event の場合
 - 「select basis set ? : hrf (alone)」
 - 「interaction among trials (Volterra) ? : no」
 - 「user specified regressors ? : 0」

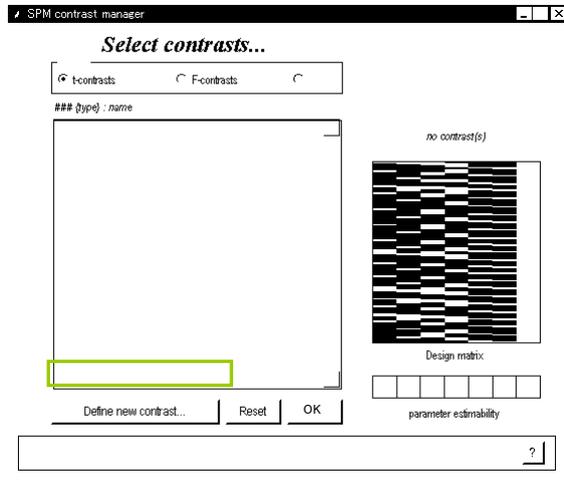
イ) estimate model:

- i. 「Select SPM fMRIDesMtx.mat ? : specify model で作成した SPM_fMRIDesMtx.mat を選択する」
- ii. 「Select scans for session 1 ? : snarXXX.img ファイルを選択し、決定する(Done)」
- iii. 「Remove Global effects ? : scale」
- iv. 「High-pass filter ? : specify」
- v. 「(2) sessions cutoff period(secs) ? : defaults 値のまま or TR × scan series / 2 secs を入力する」
- vi. 「Low-pass filter ? : hrf」
- vii. 「Model intrinsic correlations ? : None」

- viii. 「Setup trial-specific F-contrasts ?: yes」
- ix. 「estimate ?: Now」 注意:ウィンドウ最下部に表示される。
- x. →→→ 計算 →→→「Done」完了

これにより計算結果である SPM.mat ファイルが work フォルダ内に作成される。

⑦ Result 「result」ボタンをクリックして行う。



SPM.mat file を選択する。

→ Select contrasts

t-contrasts: 比較する2つのコントラストの有意差のうち正のもののみ

F-contrasts: 比較する2つのコントラストの有意差のうち正負両方

1) コントラストモデルの作成

① new

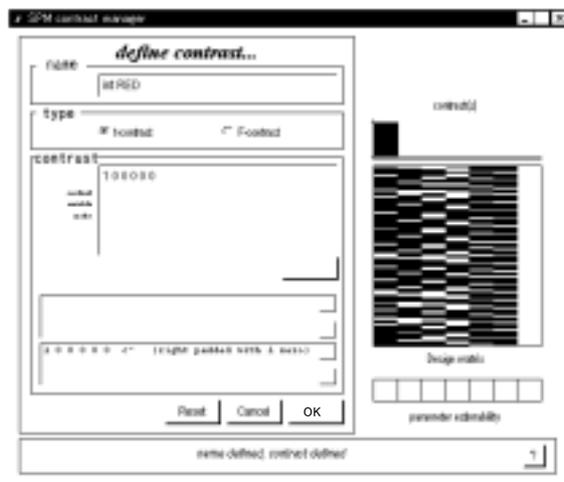
② naming

③ 各 phase を-1、0、1 で表し、比較するモデルを作成

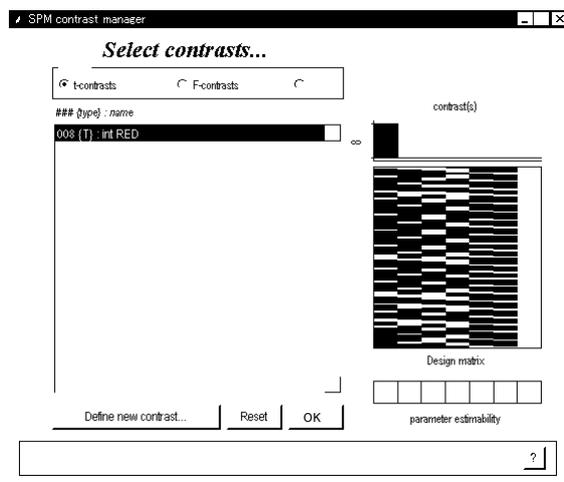
2) コントラストモデルの選択

今回は t-contrasts を用いる。

「define new contrast」をクリックしてコントラストモデルダイアログを表示させる。



- i. 「mask with other contrasts ?: No」
- ii. 「title ?: 表示されるタイトル (Defaults はコントラストモデルの名前 ex: int RED)」
- iii. 「corrected height threshold ?: Yes (補正して評価) → $p < 0.05$ 」
- iv. 「corrected height threshold ?: No (通常の評価) → $p < 0.001$ 」
- v. 「& extent threshold {voxels} ?: 0 (default)」



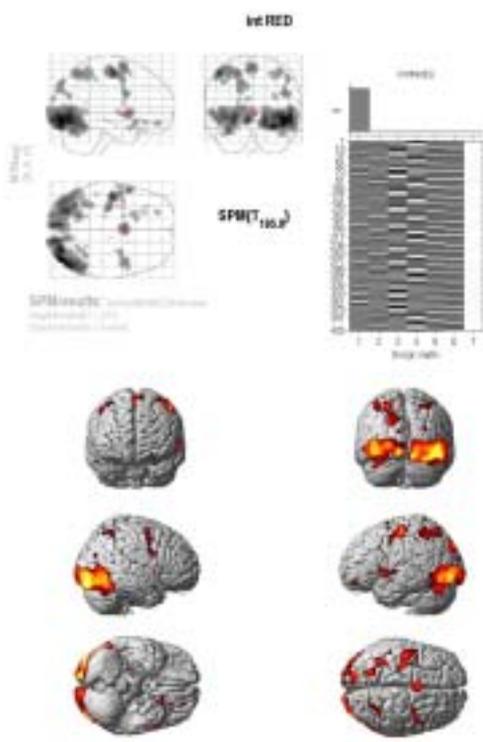
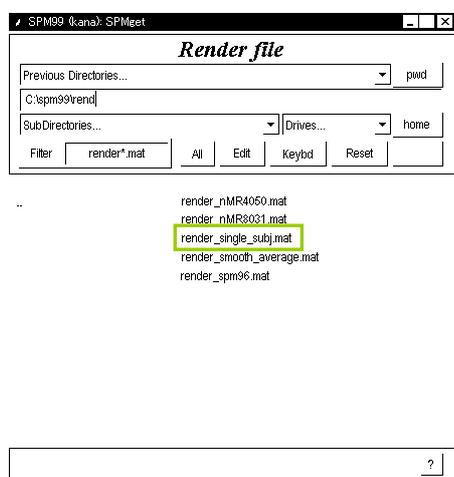
RENDER

標準化された脳画像と賦活部位画像とを重ねることで、脳のどの部位が賦活しているのかを表示させる。



Spm 画面

- i. 「overlays」のプルダウンメニューから「render」を選択。
- ii. Render file を選択する。spm99 のフォルダ内 rend フォルダを開く。
(ex: C:/spm/rend)
- iii. render_single_subj.mat を選択。
- iv. Style: old



左図のような画像が得られる。