

BDTB 解説資料

Ver. 1.1

2011/08/03

[はじめに](#)

[著作権および免責事項](#)

[処理の流れ](#)

[Mat ファイル作成](#)

[デコーディング](#)

[サンプルプログラム](#)

[make_fmri_mat.m](#)

[decode_basic.m](#)

[関数一覧](#)

[更新履歴](#)

[連絡先](#)

はじめに

本資料は、Brain Decoder Toolbox (BDTB) の解説資料です。

BDTB は、各条件における脳活動パターンの違いを学習し、その結果をもちいて脳活動を分類することにより、脳活動の“デコーディング”を実現します。

BDTB は、Matlab の M-ファイルからなる関数群です。

OS に依存することなく、Matlab 上で使用可能です。

なお、動作確認は、Windows7 Professional, Matlab R2010a の環境で行っております。

BDTB 内の関数には、“SPM5”の関数を使用するものがあります。

また、BDTB は現在、“LIBLINEAR”、“LIBSVM”、“OSU-SVM”、“SLR”を分類器として使用可能です。

同梱されていないツールにつきましては、各自でご用意ください。

- SPM5

<http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/software/spm5/>

- LIBLINEAR

<http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/liblinear/>

- LIBSVM

<http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>

- OSU-SVM

<http://svm.sourceforge.net/download.shtml>

- SLR

http://www.cns.atr.jp/~oyamashi/SLR_WEB.html

著作権および免責事項

本ソフトウェアは GPL に準拠しています。

そのため、本ソフトウェアの複製物を所持している者に、以下のことが許可されています。

1. プログラムの実行
2. プログラムの動作を調べ、それを改変すること
3. プログラムを改良し、改良を公衆にリリースする権利
4. 複製物の再頒布

なお、GPL はコピーレフトのため、GPL でライセンスされた著作物の派生的著作物に関しても GPL でライセンスされなければなりません (※)。

※ 本ソフトウェアに限れば、改変済みのソースコードを再頒布する際に、全てのソースコードが改変可能な状態で再頒布されることに該当します。

処理の流れ

BDTB を用いて脳活動をデコーディングする処理の流れは、以下の通りです。

1. Mat ファイル作成
 - a. 実験デザインの読み込み
 - b. 脳情報の読み込み
 - c. Mat ファイルへの書き出し

2. デコーディング
 - a. データの前処理
 - b. モデルの学習
 - c. データの分類

Mat ファイル作成

脳情報や実験デザインを Matlab に読み込み, BDTB で処理可能な構造体に格納したうえで, Mat ファイルに書き出します.

BDTB で想定している構造体の仕様は, 以下の通りです.

D 構造体 (データ)

フィールド名	内容	フォーマット
data	脳情報	[時間(sample)×空間(ch/vox)] の実数
label	提示刺激や運動の種類などの条件	[時間×ラベル種類] の整数
label_type	条件の種類	{1×ラベル種類} の文字列
label_def	各条件の名前	{1×ラベル種類}{1×条件数} の文字列
design	何番目の run/session/block などの実験デザイン	[時間×デザイン種類] の整数
design_type	各実験デザインの名前	{1×デザイン種類} の文字列
stat	各サンプルの統計量	[統計量種類×空間] の実数
stat_type	各統計量の名前	{1×統計量種類} の文字列
xyz	ch/vox の座標値	[3(x,y,z)×空間] の実数
roi	ch/vox が ROI(Region Of Interest) に含まれているか否か	[ROI 種類×空間] の 0/1
roi_name	各 ROI の名前	{1×ROI 種類} の文字列

デコーディング

作成した Mat ファイルから D 構造体を Matlab に読み込み、トレーニング用データとテスト用データに分け、

- ・トレーニング用データで、脳情報とラベルの対応関係を学習
 - ・テスト用データで、学習モデルによるラベルの推定
- を行います。

BDTB には、クロスバリデーションによりテストを行う関数や、データに適用する各種フィルタなどが用意されています。

これらを使用するためには、[Mat ファイル作成](#) にて説明しました D 構造体に脳情報や実験デザインを格納し、各関数のパラメータを P 構造体に格納し、各関数に引数として渡す必要があります。

BDTB で想定している P 構造体の仕様は、以下の通りです。

フィールド名	内容	フォーマット
<関数名>. <パラメータ名>	パラメータ値	関数名ごとの構造体
(例)		
selectChanByTvals.num_chans	200	
selectChanByTvals.tvals_min	3.2	
reduceOutliers.std_thres	4	

※ 各関数のパラメータにつきましては、[関数一覧](#) や、各関数のヘルプを参照ください。

サンプルプログラム

web サイト(<http://www.cns.atr.jp/dni/download/brain-decoder-toolbox/>)からダウンロード可能なサンプルプログラムの解説を行います。

サンプルプログラムでは、実験データとして fMRI データを用い、上記 [処理の流れ](#) に従って、[Mat ファイルの作成](#) , [デコーディング](#) を行います。

サンプルデータの実験内容は、以下の通りです。

被験者：1名

MRI 設定：1.5 T MRI(Shimadzu-Marconi), FOV 192 mm, 64×64 matrix, 3×3
×3 mm, 50 slices, TE 50 ms, FA 90 ° , TR 5 s

MRI 内の被験者に、ジャンケンの手の形を作ってもらった。

どの形を作るかは画像を提示して指示した。

1 秒間隔の音声指示に従い、脱力状態から指示された形へと手の変形を繰り返させた。実験開始から 20 秒間の rest 期間の後、20 秒ごとに手の形の指示を変更し、最後に再び 20 秒間の rest をもって、1 run とする。

手の形の指示は、次の順序で行った。

Run 1 :	rest	チョキ	グー	パー	グー	パー	チョキ	rest
Run 2 :	rest	チョキ	パー	グー	グー	チョキ	パー	rest
Run 3 :	rest	グー	チョキ	パー	グー	パー	チョキ	rest
Run 4 :	rest	パー	グー	チョキ	グー	チョキ	パー	rest
Run 5 :	rest	チョキ	パー	グー	グー	チョキ	パー	rest
Run 6 :	rest	パー	チョキ	グー	パー	グー	チョキ	rest
Run 7 :	rest	パー	グー	チョキ	グー	パー	チョキ	rest
Run 8 :	rest	チョキ	パー	グー	チョキ	グー	パー	rest
Run 9 :	rest	チョキ	グー	パー	グー	パー	チョキ	rest
Run10 :	rest	グー	チョキ	パー	チョキ	パー	グー	rest

make_fmri_mat.m

この関数は、脳情報と実験デザインを読み込み、D 構造体に格納したうえで、Mat ファイルを作成します。

D 構造体につきましては、[Mat ファイル作成](#) を参照ください。

各設定項目は、以下のとおりです。

P. subj_id = 'SS100511'

被験者 ID. 大文字イニシャルと実験日時 (YYMMDD フォーマット) で指定。

P. paths. to_lib = ''

P. paths. to_dat = ''

BDTB/実験データのルートディレクトリへのパスを指定。
未設定の場合、スクリプト実行時に、ダイアログにて指定。

P. fMRI. TR = 5

MRI 計測の TR を指定。

P. fMRI. begin_vols = 3

各 run の最初のファイル番号を指定 (サンプルでは、2 ファイル削除しているので 3)。
run ごとに異なる場合は、[1×run 数] のリストで指定。

P. fMRI. run_names = { 'a' , ' b' , ' c' , ' d' , ' e' , ' f' , ' g' , ' h' , ' i' , ' j' }

ファイル名に含まれる、run 数を示す文字を指定。 ([※1](#))

P. fMRI. base_file_name = ['r' P. subj_id]

ファイルのベースとなる名前を指定。 ([※1](#))

P. prctl. labels_runs_blocks = ... (1: rest, 2: グー, 3: チョキ, 4: パー)

ブロックごとの条件/ラベル (整数) を、run ごとにセルにまとめ、ラベルの種類ごとにセルを分けて指定。 ([※2](#))

P. prctl. labels_type = { 'rock-paper-scissors' }

条件/ラベルの種類を、セル配列の文字列で指定。

P. prctl. labels_def = { 'rest' , ' rock' , ' scissors' , ' paper' }

各条件／ラベルの名前を，ラベルの種類ごとに，セル配列の文字列で指定．

P. prctl. samples_per_label = {4}

Labels_runs_blocks で指定した各ラベルに割り当てるサンプル数を，ラベルの種類ごとに指定．

全 run，全ラベルで等しい場合は[1×1]の数字で指定，ラベルごとに異なるが run では同じ場合は[1×ラベル数]で指定，run でも異なる場合は全 run 分を指定．(※2)

P. prctl. samples_per_block = 4

ブロックごとのサンプル数を指定．

ラベルとブロックが一致する場合は，samples_per_label と同じ値を指定．

P. rois. spm_ver = 5

ROI 作成に使用した SPM のバージョンを指定．

(SPM のバージョンにより，左右の定義が変わるため)

P. rois. roi_set = 'roi'

ROI の名前を指定 (作成する Mat ファイル名に使用)．

P. rois. roi_dir = 'roi/'

ROI ファイルがあるディレクトリ名を指定．

P. rois. roi_files = { 'M1_RHand' , ' SMA_RHand' , ' CB_RHand' , ... }

ROI ファイル名を，セル配列の文字列で指定 (拡張子.mat は不要)．

ROI を使用しない場合は，空のセル配列を指定．

P. stats. stat_dir = 'roi/'

統計量が保存されたファイルがあるディレクトリ名を指定

P. stats. stat_files = {{ 'VOX_CB_RHand.mat' , ' VOX_M1_RHand.mat' , ... }}

統計量が保存されたファイル名を，セル配列の文字列で指定．

複数ファイルの統計量を統合する場合は，セルにまとめて指定．

P. stats. stat_type = { 'tval' }

統計量の名前を，セル配列の文字列で指定．

P.output.verbose = 0

スクリプト実行時のメッセージ出力レベルを指定.

0 (出力なし) ~2 (全て出力)

P.output.save_ver = 7

作成する Mat ファイルのフォーマットを指定.

P.output.file_name = [P.sbj_id ‘_fmri_’ P.rois.roi_set ‘_v’ ...]

作成する Mat ファイル名を指定.

※1 サンプルでは, fMRI ファイル名は,

[接頭文字][被験者 ID][run を表す文字][4 ケタのファイル番号].hdr/.img

となっております.

そのため, run_names には[run を表す文字(a, b, ..., j)] を, base_file_name には[接頭文字][被験者 ID] を指定します.

※2 各サンプルに対応するラベル D.label は, labels_runs_blocks と samples_per_label を組み合わせて作成します.

samples_per_label が[1×1]のとき :

labels_runs_blocks の各ラベルを samples_per_label 数だけ繰り返し, label とします

samples_per_label が[1×n]のとき :

labels_runs_blocks の各 run, i 番目のラベルを, samples_per_label(i)数だけ繰り返し, label とします

samples_per_label が{1×m}[1×n]のとき :

labels_runs_blocks の j 番目の run, i 番目のラベルを, samples_per_label{j}(i) 数だけ繰り返し, label とします

decode basic.m

この関数は、[Mat ファイル作成](#) で説明しました D 構造体を読み込み、各種フィルタを適用したのち、クロスバリデーションによってデコーディング精度を求めます。

各設定項目は、以下のとおりです。

P. script_name = mfilename

P. date_time = datestr(now, 'yyyy-mm-dd HH:MM:SS')

実行関数名と実行日時を格納。

P. paths. to_lib = ''

P. paths. to_dat = ''

BDTB/実験データのルートディレクトリへのパスを指定。
未設定の場合、スクリプト実行時に、ダイアログにて指定。

P. procs1 = {...}

クロスバリデーション前に適用するフィルタの名前を指定。
指定した順序に適用される。 ([※3](#))

P. procs2 = {...}

クロスバリデーション中に適用するフィルタの名前を指定。
指定した順序に適用される。 ([※3](#))

P. <関数名>. <パラメータ名> = ...

各フィルタのパラメータを設定。 ([※4](#))

P. models = { 'libsvm_bdtb' }

学習モデルを、セル配列の文字列で指定。
複数のモデルを指定したときは、各モデルで並行にデコーディングを行う。

P. <モデル名>. <パラメータ名> = ...

各モデルのパラメータを設定。 ([※4](#))

- ※3 procs1 に指定したフィルタは、クロスバリデーション前に適用されます。
つまり、トレーニング用データとテスト用データに分ける前に適用されますので、トレーニング時には分からないはずのテスト用データの情報が含まれてしまわないよう、注意が必要です（情報漏洩）。
procs2 に指定したフィルタは、クロスバリデーション中に、トレーニング用データとテスト用データに別々に適用します（トレーニング時のパラメータをテスト時に引き継ぐことも可能です）。
- ※4 各フィルタ、モデルで設定可能なパラメータにつきましては、[関数一覧](#) や、各関数のヘルプを参照ください。

関数一覧

BDTB で提供している関数の一覧です.

フィルタ

averageBlocks	ブロックごとにデータを平均化
averageLabels	ラベルごとにデータを平均化
balanceLabels	ラベルごとのサンプル数の平衡化
convertLabel	ラベルの置換
detrend_bdtb	時間方向のトレンド除去
highPassFilter	ハイパスフィルタ
normByBaseline	ベースラインによる正規化
poolSample	ラベルごとにデータを平均化
reduceOutliers	外れ値の除去
removeBlockSample	block 単位でのデータ削除
selectBlockSample	block 単位でのデータ選択
selectChanByTvals	t 値によるチャンネル選択
selectConds	ラベルによるデータ選択
selectLabelType	ラベル種類の選択
selectTopFvals	F 値によるデータ選択
shiftData	時間方向のデータ移動
zNorm_bdtb	z スコアに正規化

モデル

liblinear_bdtb	liblinear によるデコーディング
libsvm_bdtb	libsvm によるデコーディング
slr_lap_bdtb	SLR-LAP-1vsR によるデコーディング
slr_var_bdtb	SLR-VAR-1vsR によるデコーディング
smlr_bdtb	Multinomial SLR によるデコーディング
svm11lin_bdtb	OSU SVM によるデコーディング

評価

crossValidate	クロスバリデーションの実行
validate	バリデーションの実行

averageBlocks ブロックごとにデータを平均化

[D, pars] = averageBlocks(D, pars)

同一ブロック内のデータを1つにまとめ、平均化します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- D.design — 実験デザイン (block 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('block' を探す)

Optional :

- pars.begin_off — 平均化に使わず削除する, 各ブロックの先頭からのサンプル数 (デフォルト: 0)
- pars.end_off — 平均化に使わず削除する, 各ブロックの末尾からのサンプル数 (デフォルト: 0)
- pars.target_labels — 平均化する label (デフォルト: 全ラベル)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト: 1)

Output :

- D.data — 平均化された脳情報
- D.label — 平均化されたサンプルに合わせたラベル
- D.design — 平均化されたサンプルに合わせた実験デザイン

averageLabels ラベルごとにデータを平均化

[D, pars] = averageLabels(D, pars)

連続するラベルに対応するデータを1つにまとめ、平均化します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.begin_off — 平均化に使わず削除する、各ブロックの先頭からのサンプル数 (デフォルト: 0)
- pars.end_off — 平均化に使わず削除する、各ブロックの末尾からのサンプル数 (デフォルト: 0)
- pars.target_labels — 平均化する label (デフォルト: 全ラベル)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト: 1)

Output :

- D.data — 平均化された脳情報
- D.label — 平均化されたサンプルに合わせたラベル
- D.design — 平均化されたサンプルに合わせた実験デザイン

balanceLabels ラベルごとのサンプル数の平衡化

[D, pars] = balanceLabels(D, pars)

ラベルごとのサンプル数を, 同一にそろえます

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.method — サンプル数のそろえ方
 - 1 : 平均にそろえる, 2 : 最小にそろえる (デフォルト),
 - 3 : 最大にそろえる
- pars.doTest — テスト時にサンプル数をそろえるか?
 - 0 : no, 1 : yes (デフォルト)
- pars.mode — 1 : トレーニング, 2 : テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 0)

Output :

- D.data — 新しいラベルに合った脳情報
- D.label — サンプル数がそろえられたラベル

convertLabel ラベルの置換

[D, pars] = convertLabel(D, pars)

与えられた置換テーブルに従い、ラベルを置換します

Input :

- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- pars.list — 置換テーブル
 {[元ラベル 1, 新ラベル 1], [元ラベル 2, 新ラベル 2], ...} フォーマット

Output :

- D.label — 置換されたラベル

detrend_bdtb 時間方向のトレンド除去

[D, pars] = detrend_bdtb(D, pars)

時間方向のトレンドを除去します

Input :

D.data — 脳情報

Optional :

D.design — 実験デザイン (run 情報を取得)

D.design_type — 実験デザインの名前 ('run' を探す)

pars.sub_mean — 平均値を引くか?

0 : no (デフォルト), 1 : yes

pars.method — 除去手法

linear : 線形トレンドの除去 (デフォルト),

constant : 平均値の除去

pars.breaks — 時間の区分 (サンプル) を指定

[開始点 1, 開始点 2, ...; 終了点 1, 終了点 2, ...]フォーマット

pars.break_run — run 情報を時間の区分として使うか?

0 : no, 1 : yes (デフォルト)

pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

D.data — トレンド除去された脳情報

※ 時間方向のトレンド除去のため、時間が連続でなければ正しく働きません。

時間の区分を pars.breaks で指定するか、D.design から run 情報を取得する必要があります。

highPassFilter ハイパスフィルタ

[D, pars] = highPassFilter(D, P)

ハイパスフィルタを適用します

Input :

D.data — 脳情報

Optional :

D.design — 実験デザイン (run 情報を取得)
D.design_type — 実験デザインの名前 ('run' を探す)
pars.dt — サンプリング間隔 [sec] (デフォルト : 2)
pars.cutoff — カットオフ周波数 [sec] (デフォルト : 128)
 区分ごとに変わる場合はリストで指定 ([128, 128, ...])
pars.app_dim — 適用次元
 1 : 時間方向 (デフォルト), 2 : 空間方向
pars.linear_detrend — トレンド除去を前に実行するか?
 0 : no, 1 : yes (デフォルト)
pars.breaks — 時間の区分 (サンプル) を指定
 [開始点 1, 開始点 2, ...; 終了点 1, 終了点 2, ...]フォーマット
pars.break_run — run 情報を時間の区分として使うか?
 0 : no, 1 : yes (デフォルト)
pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

D.data — フィルタを適用された脳情報

※ 時間方向に適用する場合は、時間が連続でなければ正しく働きません。
時間の区分を pars.breaks で指定するか、D.design から run 情報を取得する必要があります。

normByBaseline ベースラインによる正規化

[D, pars] = normByBaseline(D, pars)

時間方向のベースラインを求め、その値で正規化します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- D.design — 実験デザイン (run 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('run' を探す)
- pars.base_conds — ベースラインの導出に使用するラベル (デフォルト : 1)
- pars.zero_thres — ベースラインを 0 とみなす閾値 (デフォルト : 1)
- pars.breaks — 時間の区分 (サンプル) を指定
 [開始点 1, 開始点 2, ...; 終了点 1, 終了点 2, ...]フォーマット
- pars.break_run — run 情報を時間の区分として使うか?
 0 : no, 1 : yes (デフォルト)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)
- pars.mode — 正規化手法
 0 : 平均を引き, 平均で割る (% signal change, デフォルト),
 1 : 平均で割る, 2 : 平均を引く,
 3 : 平均を引き, 標準偏差で割る (z score)

Output :

- D.data — 正規化された脳情報

※ 時間方向に正規化するため、時間が連続でなければ正しく働きません。
時間の区分を pars.breaks で指定するか、D.design から run 情報を取得する必要があります。

poolSample ラベルごとにデータを平均化

[D, pars] = poolSample(D, pars)

同一ラベルのデータをまとめ、平均化します

パラメータ設定により、異なる block（不連続）のラベルの平均化にも対応します

Input :

- | | |
|----------------|----------------------------------|
| D.data | — 脳情報 |
| D.label | — 提示刺激や運動の種類などの条件 |
| D.design | — 実験デザイン (block, run 情報を取得) |
| D.design_type | — 実験デザインの名前 ('block', 'run' を探す) |
| pars.nPool | — まとめるサンプル数 |
| pars.poolLabel | — まとめるラベル |

Optional :

- | | |
|---------------|--|
| pars.poolSep | — 異なる block のサンプルもまとめるか?
0 : no, 1 : yes (デフォルト) |
| pars.useResid | — 最後に余ったサンプルをどうするか?
0 : 削除, 1 : 最後のグループに追加 (デフォルト),
2 : 新たなグループとして追加 |

Output :

- | | |
|----------|------------------------|
| D.data | — 平均化された脳情報 |
| D.label | — まとめられたラベル |
| D.design | — まとめられたラベルに合わせた実験デザイン |

※ データをまとめるにあたり、実験デザインを作り直します。

(各 run において、非対象ラベルを先に、まとめたラベルをその後ろに)
時間方向の順序が変わりますので、適用タイミングにはご注意ください。

reduceOutliers 外れ値の除去

[D, pars] = reduceOutliers(D, pars)

時間／空間方向の外れ値を除去します

Input :

D.data — 脳情報

Optional :

- D.design — 実験デザイン (run 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('run' を探す)
- pars.app_dim — 適用次元
 1 : 時間方向 (デフォルト), 2 : 空間方向
- pars.remove — 外れ値を含むチャンネルを削除するか?
 0 : 値の修正のみ, 1 : チャンネルを削除
- pars.method — 外れ値の判定方法
 1 : 最大標準偏差のみ, 2 : 指定した最大値・最小値のみ,
 3 : 両方 (デフォルト)
- pars.std_thress — 閾値を標準偏差の何倍にするか (デフォルト : 3)
- pars.num_its — 繰り返し回数 (デフォルト : 10)
- pars.max_val — 最大値の指定 (デフォルト : inf)
- pars.min_val — 最小値の指定 (デフォルト : -inf)
- pars.breaks — 時間の区分 (サンプル) を指定
 [開始点 1, 開始点 2, ...; 終了点 1, 終了点 2, ...]フォーマット
- pars.break_run — run 情報を時間の区分として使うか?
 0 : no, 1 : yes (デフォルト)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

- D.data — 外れ値が除去された脳情報
- D.xyz — 削除されなかったチャンネルの XYZ 座標値
- D.stat — 削除されなかったチャンネルの統計量
- D.roi — 削除されなかったチャンネルの ROI 情報

- ※ 時間方向の処理のため、時間が連続でなければ正しく働きません。
時間の区分を `pars.breaks` で指定するか、`D.design` から `run` 情報を取得する必要があります。

- ※ チャンネル削除を選択した場合、削除されなかったチャンネルに従って、`xyz`, `stat`, `roi` の内容が更新されます。

removeBlockSample block 単位でのデータ削除

[D, pars] = removeBlockSample(D, pars)

block ごとに、指定した数のデータを削除します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- D.design — 実験デザイン (block 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('block' を探す)
- pars.begin_off — block の先頭からの、削除するサンプル数 (デフォルト: 0)
- pars.end_off — block の末尾からの、削除するサンプル数 (デフォルト: 0)

Optional :

- pars.target_labels — 処理対象のラベル (デフォルト: 全ラベル)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト: 1)

Output :

- D.data — 削除された脳情報
- D.label — 削除された脳情報に合わせたラベル
- D.design — 削除された脳情報に合わせた実験デザイン

selectBlockSample block 単位でのデータ選択

[D, pars] = selectBlockSample(D, pars)

block ごとに、指定した数のデータを選択します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- D.desing — 実験デザイン (block 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('block' を探す)
- pars.inds — 選択するサンプルのインデックス

Optional :

- pars.target_labels — 処理対象のラベル (デフォルト : 全ラベル)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

- D.data — 選択された脳情報
- D.label — 選択された脳情報に合わせたラベル
- D.design — 選択された脳情報に合わせた実験デザイン

selectChanByTvals t 値によるチャンネル選択

[D, pars] = selectChanByTvals(D, pars)

t 値が指定した範囲内にあるチャンネルから、指定した数／割合を選択します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.stat — 統計量 (t 値を取得)
- D.stat_type — 統計量の名前 ('tval' を探す)

Optional :

- pars.num_chans — 選択するチャンネル数 (整数), または割合 (1 以下の小数)
 (デフォルト: 全チャンネル)
- pars.tvals_min — t 値の最小値 (デフォルト: -inf)
- pars.tvals_max — t 値の最大値 (デフォルト: inf)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト: 1)

Output :

- D.data — 選択された脳情報
- D.xyz — 選択されたチャンネルの XYZ 座標
- D.stat — 選択されたチャンネルの統計量
- D.roi — 選択されたチャンネルの ROI 情報

selectConds ラベルによるデータ選択

`[D, pars] = selectConds(D, pars)`

指定したラベルに対応するデータを選択します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- pars.conds — 選択するラベル

Optional :

- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

- D.data — 選択された脳情報
- D.label — 選択されたラベル

selectLabelType ラベル種類の選択

[D, pars] = selectLabelType(D, pars)

複数のラベル種類から、解析対象とするラベルを1つだけ選択します

Input :

- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件
- pars.target — 選択するラベル種類のインデックス (整数)

Output :

- D.label — 選択されたラベル
- D.label_type — 選択されたラベル種類の名前
- D.label_def — 選択されたラベルの条件名

※ D 構造体には複数のラベル種類が格納可能ですが、デコーディング解析には、トレーニング・テストに使用するラベルを1種類のみ選択する必要があります。

selectTopFvals F 値によるデータ選択

[D, pars] = selectTopFvals(D, pars)

F 値を計算し、指定した範囲内にあるデータから、指定した数／割合を選択します

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.indxs_fvals — F 値で並べられたチャンネルのインデックス
 (トレーニング時に格納し、テスト時に使用)
- pars.fvals — 求めた F 値 (降順)
- pars.mode — 1 : トレーニング (F 値を計算, データを選択),
 2 : テスト (inds_fvals でデータを選択)
- pars.app_dim — 適用次元
 1 : 時間方向, 2 : 空間方向 (デフォルト)
- pars.num_comp — 選択するデータ数 (整数), または割合 (1 以下の小数)
 (デフォルト : すべて)
- pars.fvals_min — F 値の最小値 (デフォルト : `-inf`)
- pars.fvals_max — F 値の最大値 (デフォルト : `inf`)
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

- D.data — 選択された脳情報

※ F 値は解析データから導出されるため、トレーニング用とテスト用を分ける前に計算を行うと、テスト用データの情報が含まれてしまいます (情報漏洩)。

F 値の導出はトレーニング用データのみで行い、選択するデータを決めたのち、そのインデックスに従ってテスト用データを処理する必要があります。

shiftData 時間方向のデータ移動

```
[D, pars] = shiftData(D, pars)
```

データを時間方向に移動します (データとラベルの対応をずらしません)

Input :

- D.data — 脳情報
- D.design — 実験デザイン (block, run 情報を取得)
- D.design_type — 実験デザインの名前 ('block', 'run' を探す)
- pars.shift — データの移動量 (正の整数)

Optional :

- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

- D.data — 移動された脳情報
- D.label — 移動された脳情報に合わせたラベル
- D.design — 移動された脳情報に合わせた実験デザイン

※ fMRI データの解析では、血流変化による遅延を考慮する必要があります。
そのため、脳情報をラベルに対してずらす処理を行います。

※ 時間方向の処理のため、時間が連続でなければ正しく働きません。
時間の区分を D.design から取得します。

zNorm_bdtb z スコアに正規化

[D, pars] = zNorm_bdtb(D, pars)

z スコアへの正規化を行います

Input :

D.data — 脳情報

Optional :

pars.mode — 1 : トレーニング (平均・標準偏差の計算),
 2 : テスト (平均・標準偏差の使用)

pars.smode — 計算モードか? (mode を上書き)
 0 : no (デフォルト), 1 : yes

pars.app_dim — 適用次元
 1 : 時間方向, 2 : 空間方向 (デフォルト)

pars.sub_mean — 平均を引くか?
 1 : yes (デフォルト), 2 : no

pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 0)

pars.mu — 平均 (トレーニング時に格納し, テスト時に使用)

pars.sd — 標準偏差 (トレーニング時に格納し, テスト時に使用)

Output :

D.data — 正規化された脳情報

liblinear bdtb liblinear によるデコーディング

```
[result, pars] = liblinear_bdtb(D, pars)
```

liblinear を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.model — 学習結果（トレーニング時に格納し，テスト時に使用）
- pars.mode — 1：トレーニング，2：テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル（デフォルト：0）
- pars.ops — “liblinear” のオプション設定
 詳細は，liblinear の README を参照

Output :

- result.model — ‘liblinear_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.weight — ウェイトとバイアス

libsvm_bdtb libsvm によるデコーディング

```
[result, pars] = libsvm_bdtb(D, pars)
```

libsvm を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.model — 学習結果（トレーニング時に格納し，テスト時に使用）
- pars.mode — 1：トレーニング，2：テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル（デフォルト：0）

LIBSVM pars :

- “libsvm” のオプション設定
- pars.kernel — 詳細は，libsvm の README を参照
- pars.cost
- pars.gamma
- pars.coef
- pars.degree
- pars.prob

Output :

- result.model — ‘libsvm_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.dec_val — 判別予測値
- result.weight — ウェイトとバイアス

slr_lap_bdtb SLR-LAP-1vsR によるデコーディング

```
[result, pars] = slr_lap_bdtb(D, pars)
```

SLR-LAP (with Laplace approximation) -1vsR を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.conds — 対象ラベル
- pars.mode — 1 : トレーニング, 2 : テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 0)

SLR pars :

- pars.scale_mode — “SLR” のオプション設定
- pars.mean_mode — 詳細は, SLR の README を参照

SLR pars for test :

- pars.weight
- pars.ix_eff
- pars.norm_scale
- pars.norm_base
- pars.norm_sep

SLR pars for train :

- pars.nlearn
- pars.ax0
- pars.amax

Output :

- result.model — ‘slr_lap_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.dec_val — 判別予測値
- result.weight — ウェイトとバイアス

slr_var_bdtb SLR-VAR-1vsR によるデコーディング

```
[result, pars] = slr_var_bdtb(D, pars)
```

SLR-VAR (with variational approximation) -1vsR を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.conds — 対象ラベル
- pars.mode — 1 : トレーニング, 2 : テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 0)

SLR pars :

- “SLR” のオプション設定
- pars.scale_mode — 詳細は, SLR の README を参照
- pars.mean_mode

SLR pars for test :

- pars.weight
- pars.ix_eff
- pars.norm_scale
- pars.norm_base
- pars.norm_sep

SLR pars for train :

- pars.nlearn
- pars.ax0
- pars.amax

Output :

- result.model — ‘slr_var_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.dec_val — 判別予測値
- result.weight — ウェイトとバイアス

smlr_bdtb Multinomial SLR によるデコーディング

```
[result, pars] = smlr_bdtb(D, pars)
```

Multinomial SLR を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional :

- pars.conds — 対象ラベル
- pars.mode — 1 : トレーニング, 2 : テスト
- pars.verbose — メッセージ出力レベル (デフォルト : 0)

SLR pars :

- “SLR” のオプション設定
- pars.scale_mode — 詳細は, SLR の README を参照
- pars.mean_mode

SLR pars for test :

- pars.weight
- pars.ix_eff
- pars.norm_scale
- pars.norm_base
- pars.norm_sep

SLR pars for train :

- pars.nlearn
- pars.ax0
- pars.amax

Output :

- result.model — ‘smlr_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.dec_val — 判別予測値
- result.weight — ウェイトとバイアス

svm11lin_bdtb OSU SVM によるデコーディング

```
[result, pars] = svm11lin_bdtb(D, pars)
```

OSU SVM を用いてデコーディングを行います

Input :

- D.data — 脳情報
- D.label — 提示刺激や運動の種類などの条件

Optional

- pars.weight — 計算したウェイト（トレーニングで格納，テストで使用）
- pars.mode — 1：トレーニング，2：テスト
- pars.num_boot — ブートストラップサンプル数
0：ブートストラップしない（デフォルト），正：サンプル数，
負：-num_boot×length(label)をサンプル数に
- pars.verbose — メッセージ出力レベル（デフォルト：0）

Output :

- result.model — ‘svm11lin_bdtb’
- result.pred — 予測されたラベル
- result.label — 正解のラベル
- result.dec_val — 判別予測値
- result.weight — ウェイトとバイアス

※ 配布されている mex ファイルが 32bit 用のため，32bit 環境でのみ使用可能です。

crossValidate クロスバリデーションの実行

[result, P] = crossValidate(D, P, procs, models)

leave-one-out クロスバリデーションを実行します

Input :

D.data	— 脳情報
D.label	— 提示刺激や運動の種類などの条件
D.design	— 実験デザイン (データのグループ分けの基準を取得)
procs	— 適用する関数名の配列
models	— 使用するモデル名の配列

Optional :

P.<function>	— procs や models に指定した処理のパラメータ
P.crossValidate.fold_ind	— 実験デザインの何番目の情報をグループ分けに使用するか (デフォルト : 1)
P.crossValidate.res_train	— トレーニング結果も返すか? 0 : no (デフォルト), 1 : yes
P.crossValidate.verbose	— メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

result{}.model	— 使用したモデル名
result{}.pred	— 予測されたラベル
result{}.label	— 正解のラベル
result{}.dec_val	— 判別予測値
result{}.weight	— ウェイトとバイアス
result{}.freq_table	— 度数分布表
result{}.correct_per	— 正答率

※ fold_ind に指定した実験デザインによってデータをグループに分け、クロスバリデーションを行います。

run を指定すれば leave-‘one run’-out に、block を指定すれば leave-‘one block’-out になります。

validate バリデーションの実行

```
[result, P] = validate(D_tr, D_te, P, procs, models)
```

トレーニング用データでトレーニングしたモデルを用い、テスト用データを評価します

Input :

D_tr.data	— トレーニング用脳情報
D_tr.label	— トレーニング用提示刺激や運動の種類などの条件
D_te.data	— テスト用脳情報
D_te.label	— テスト用提示刺激や運動の種類などの条件
procs	— 適用する関数名の配列
models	— 使用するモデル名の配列

Optional :

P.<function>	— procs や models に指定した処理のパラメータ
P.validate.res_train	— トレーニング結果も返すか? 0 : no (デフォルト), 1 : yes
P.validate.verbose	— メッセージ出力レベル (デフォルト : 1)

Output :

result}.model	— 使用したモデル名
result}.pred	— 予測されたラベル
result}.label	— 正解のラベル
result}.dec_val	— 判別予測値
result}.weight	— ウェイトとバイアス
result}.freq_table	— 度数分布表
result}.correct_per	— 正答率

更新履歴

Ver. 1.1 2011/08/03
間違いを一部訂正

Ver. 1.0 2011/07/15

連絡先

村田 賢 (むらた さとし)

(株)国際電気通信基礎技術研究所 脳情報研究所 神経情報学研究室
研究技術員

satoshi-m@atr.jp