

# SPM99/2 を用いた fMRI データ解析マニュアル (第 1.4 版)

作成者 名古屋大学 大学院環境学研究科 心理学講座 飯高哲也

作成日 2004 年 2 月 16 日

注 1 : このマニュアルは岡崎国立共同研究機構生理学研究所の MRI 装置で撮像された event-related 型実験のデータを用いて解析を行うことを想定して書かれたものである。

注 2 : 太字は SPM2 における処理方法を示す。

## 目次

### STEP 1 データの確認と整理

- . フォルダ名の変更とデータの確認
- . 「image」フォルダの中身
- . 「run1」「run2」・・・フォルダの整理

### STEP 2 Pre-processing

- . SPM99 を立ち上げる
- . T1 強調解剖画像の origin (原点) を合わせる
- . EPI 機能画像の origin (原点) を合わせる
- . Slice Timing
- . Realign (coregister only)
- . Realign (reslice)
- . Coregister
- . Normalize (T1 強調解剖画像の標準化)
- . Normalize (EPI 機能画像の標準化)
- . Smoothing

### STEP 3 Statistical Assessment for Individual Subject

- . Default の変更
- . fMRI models
- . Result (コントラストを作成する)
- . Result (結果を表示する)

### STEP 4 Statistical Assessment for Group of Subject

- . Default の変更
- . Basic model
- . Result

## STEP 1 データの確認と整理

目的：解析を始める前に得られた画像データを各フォルダに分け、ファイルが全て揃っているかを確認する。

### ・ フォルダ名の変更とデータの確認

実験後に渡されるデータは被験者ごとにフォルダに入っている。フォルダ名は実験を行った年月日、順番が数字でついているので、フォルダ名を数字から被験者名に変更する。

**注：その数字と被験者名との対応は必ず控えておくこと。**

「image」と「ref1」という2つのフォルダがあるが、「ref1」は空なので削除する。

### ・ 「image」フォルダの中身

SPM 解析では画像データは、analyze フォーマットに変換されている必要がある。analyze フォーマットでは1つの画像は\*\*\*\*\*.img と\*\*\*\*\*.hdr の2種類のファイルから成っている。前者はイメージデータそのもので、後者はヘッダーファイルといい撮像条件が書かれている。

#### 01\*\*\*\*\*.img (hdr)

最初2桁の数字は実験で行ったrunの数だけ存在する。これはscout画像や途中で中止されたrunのデータも含んでいるため、実際に必要なデータはその中の一部である。各実験でのスキャン数を確認し、その数字と一致した数のイメージファイルが存在するrunが我々が必要なものである。各runごとにフォルダを作成し、「image」から「run1」や「run2」などのフォルダにデータを移動する。

その他のファイルは使わないので、そのまま「image」フォルダの中に残しておく。最後の2つのファイル(4つのrunがある場合なら05と06から始まるファイル)は解剖画像です。「anatomy」というフォルダを作成し、それら2つのファイルを移動する。

ここで「run1」、「run2」、「run3」・・・と「anatomy」のフォルダができるので、中のファイルを再度確認すること。

### ・ 「run1」「run2」・・・フォルダの整理

fMRI 実験では、各runの最初に撮像された画像は磁化が平衡状態に達しないためにアーチファクトを多く含んでいる。そのため最初の6画像は解析に用いない。\*\*\*\*\*1.img ~ \*\*\*\*\*6.img と\*\*\*\*\*1.hdr ~ \*\*\*\*\*6.hdrを「no\_use」というフォルダを作成してそこへ移動する。以後の解析は\*\*\*\*\*7.imgから以降を用いる。

## STEP 2 Pre-processing

目的：ここからSPMでの解析に移る。最初は画像の前処理を行うが、まず画像のクオリティをチェックする。次いでslice-timing realignment normalize smoothingの順で進

行する。

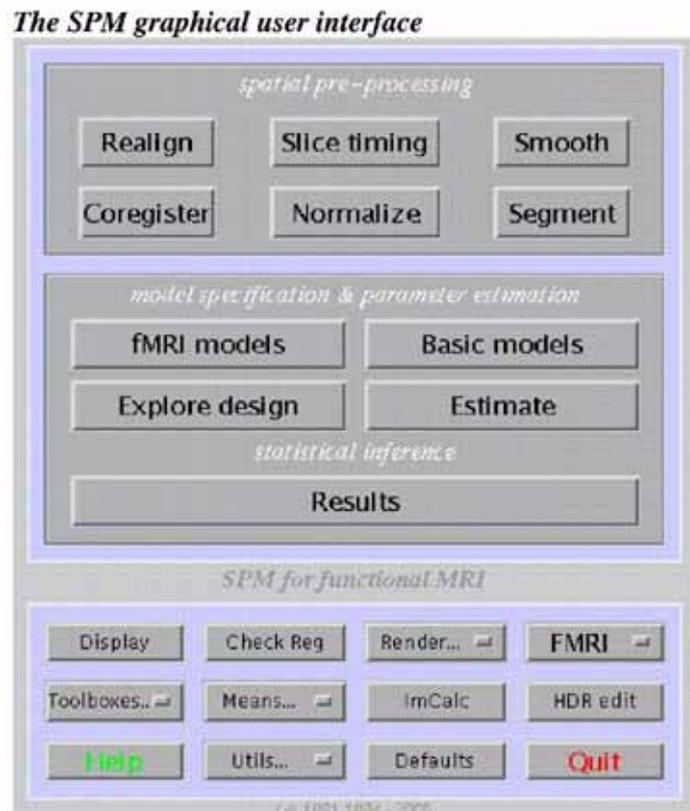
- ・ SPM99 を立ち上げる。

まず MatLab を起動し、処理したいディレクトリに移る。

```
cd d: Return          ファイルの入っているドライブ(d)に移動する。  
ls      Return        どんなファイル、ディレクトリがあるかを確認する。  
cd anatomy (ディレクトリ名) Return  anatomy というディレクトリに移動する。
```

解析したいデータのあるディレクトリまで移動したら、

```
spm_fmri Return      これで SPM が起動し、下記のような window が開く。
```



ちなみに、頻用する MatLab コマンドは、

```
pwd Return          今、どのディレクトリにいるのかを表示する。  
cd .. Return        1 つ上のディレクトリに戻る。  
cd ../../ Return    2 つ上のディレクトリに戻る。  
ls      ファイル名を表示する。  
delete ファイル名 Return  ファイルを削除する。この場合何も注意は出ない。
```

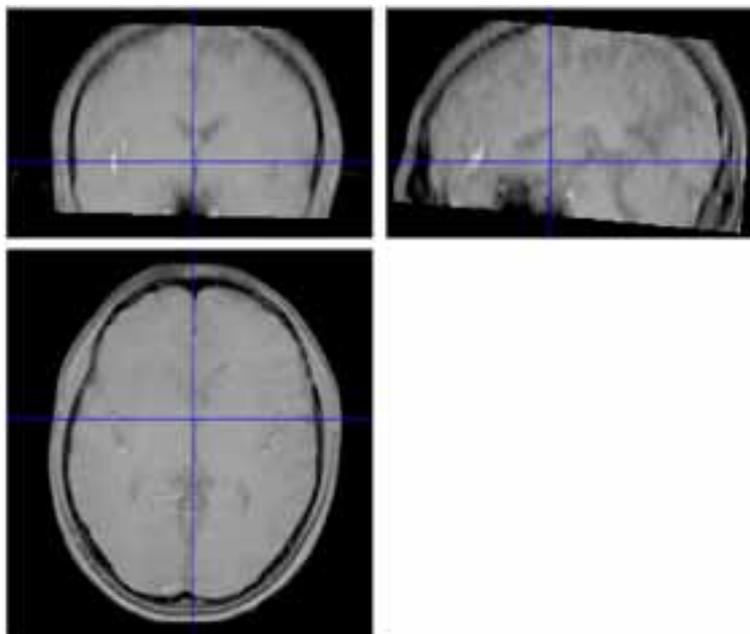
- ・ T1 強調解剖画像の origin (原点) を合わせる。

注：解剖画像は MPRAGE 法で撮像された 2 種類の画像がある。最初の画像は EPI 機能画像

と同じスライス厚で axial 方向に解像度が 256x256 になっているもので、coregister と normalize に用いる。2 番目の画像はさらに高解像度になって (256x256x160) いるが、撮像方向が sagittal になっている。これは主に結果の表示用に用いる。

1. anatomy のディレクトリから SPM99 を起動する
2. Display ボタンを押し、解剖画像ファイル (最後から 2 番目の数字で始まるファイル) を選択し Done を押す。画像が表示される。
3. Origin を前交連 (Anterior Commissure、AC) にカーソルで合わせる (コツがあるので、最初はワカル人に見てもらう！)
4. 合わせたときの crosshair position の vx の数字をメモする。
5. HDR edit ボタンを押し、option から set origin を選ぶ。Window に数字を入力する (小数点 1 桁までで可)。その際、3 つの数字の間はスペースで空ける。
6. Option から apply to image を選び、該当するファイルを選択し、Done を押す。
7. Display ボタンで再度画像を表示し、原点が変更されたか確認する。
8. この時 voxel size、Dimension を確認する。(0.75 × 0.75 × 4、256 × 256 × 24 など)

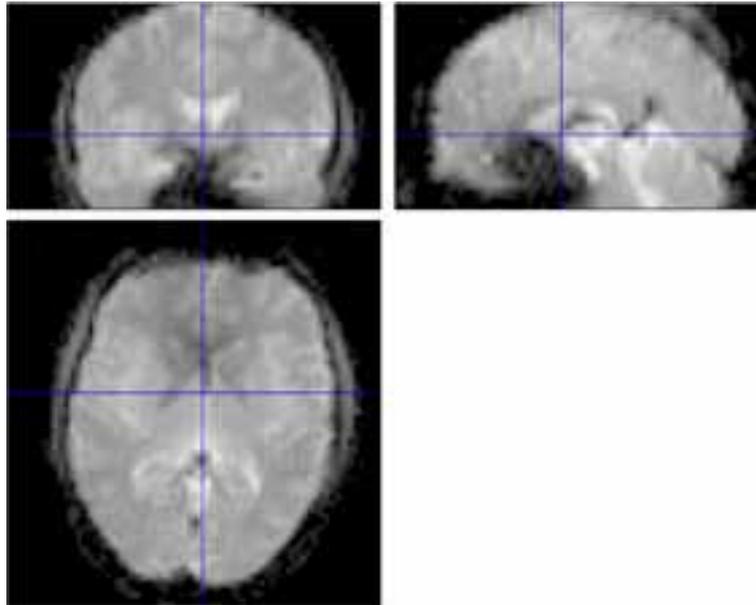
注：下図の青い cross の部分が AC point である。



. EPI 機能画像の origin (原点) を合わせる。

の 1~8 までと同様であるが、2 で EPI 機能画像を 1 つ選択し、6 では全ての run の画像を選択する。

注：下図の青い cross が AC である。



#### . Slice Timing

目的：機能画像は各スライスを順に撮像するため、1番下の画像と1番上の画像では最大で  $TR \times (\text{slice 数} - 1) / \text{slice 数}$  の時間だけずれてしまう。そこで中心のスライスにタイミングが合うように補正する。Block 型の実験では行う必要はない。

1. SPM99 の起動
2. Slice timing ボタンを押す。
3. Number of subject / session run の数を入力
4. Select image to acquisition correct for run 中のファイルを全て選択 Done (2 run 以上の場合 1 run ずつ選択)
5. Select sequence type? user specified を選び次のような数字 (26 スライスの場合の例) を代入する。(2 4 6 8 10 12 14 16 18 20 22 24 26 1 3 5 7 9 11 13 15 17 19 21 23 25) さらに first slice = bottom で OK とする。

#### スライス順序を代入する

6. Reference slice 実験ごとに異なる。スライスの真中の数字 (例：26 slice なら 13)
7. TR 実験ごとに異なる数字を入力する。
8. Acquisition time そのまま。  
各ファイルの先頭に a がついたファイルができる

#### . Realign (coregister only)

目的：連続的に撮像するため、頭の位置が次第にずれてくる。これを補正するため全ての機能画像の位置を最後に撮った機能画像の位置に合わせる。最後というのは解剖画像を機能画像の後に撮っているためである。

1. 機能画像で各 run の最後のファイルをコピーし、コピーしたものの名前を 000 に変更する。例：a030172.img (hdr) a030000.img (hdr)
2. SPM99 の起動。

- 3 . Realign ボタンを押す。
- 4 . number of subject 1 (被験者の数 ; 1 名ずつの場合は 1)
- 5 . number of session for subjects run の数を入力する。
- 6 . ファイルの選択 a から始まるファイルを全て選択する。この時複数の run がある場合は最後の run から順に最初の run に遡ってファイルを選択する。
- 7 . Which option? coregister only を選択する。各ファイルに同名の.mat ファイルができる。

注 : .matファイルは同名の画像ファイルの位置を補正するために作成される。このため 1 度作成されると、その後の表示・処理は全て.matファイルを読み込んだ形で行われる。そのことが問題である場合は、.matファイルを削除しなければいけない。

#### . Realign ( reslice )

注 : この処理は と同時に行うことも可能である ( の 7 で coregister and reslice を選択する ) 。この処理は SPM 解析の中でも所要時間が比較的長い部分である。

- 1 . SPM99 を起動する。
- 2 . Realign ボタンを押す。
- 3 . number of subject 1 (被験者の数 ; 1 名ずつの場合は 1)
- 4 . Number of session for subjects run の数を入力する。
- 5 . ファイルの選択 a から始まるファイルを全て選択する。
- 6 . Which option? reslice only を選択する。
- 7 . reslice interpolation method? sinc interpolation を選択する。
- 8 . create what? all image + mean image を選択する。
- 9 . adjust sampling error yes を選択する。

r から始まるファイルができる ( mean image は 5 で最初に選択したファイルのディレクトリにできる ) display で確認する。mean image とは全ての機能画像を平均した画像である。

#### . Coregister

目的 : EPI 画像は解像度が悪く、信号欠損部位もあるため正しい位置情報が得にくい。そこで、normalize の前に EPI 画像と解剖画像の位置を合わせる。ここでは EPI 画像を target として、それに T1 画像を合わせる方法を取る。

- 1 . anatomy のディレクトリから SPM99 を起動する。
- 2 . Coregister ボタンを押す。
- 3 . Number of subject? 1
- 4 . Which option? coregister only
- 5 . Modality of first target image? EPI を選ぶ。
- 6 . Modality of first object image? T1 mri を選ぶ。
- 7 . select target image realignment の過程で作成された mean. img を選ぶ。
- 8 . select object image anatomy の T1 image を選ぶ。
- 9 . Other object image ? 何も選択せず done を押す。

注：EPI 画像と T1 強調画像を同時に確認するには、Check Reg ボタンを押し、これら複数のファイルを選択する。

#### . Normalize ( T1 解剖画像の標準化 )

目的：個々人の脳の形状が異なるため、結果を比較するにはそれぞれの脳を標準脳に合わせることが必要になる。これを解剖学的標準化 ( anatomical normalization ) と呼ぶ。まず T1 解剖画像の標準化を行い、パラメーターを決定する。

- 1 . anatomy のディレクトリから SPM99 を起動する .
- 2 . Normalize ボタンを押し。
- 3 . Which option? Determine parameter & write normalize を選択する。
- 4 . Number of Subject 1 ( 被験者の数 )
- 5 . Image to determine parameter T1 解剖画像を選択する。 done
- 6 . Image to write normalized 同じ T1 解剖画像を選択する。 done
- 7 . Template image T1 image を選択する。 done
- 8 . Bilinear interpolation を選択する。

標準化された解剖画像と template の T1 image を比較して欠損や歪みがないか確認する。  
Anatomy のフォルダに \*\*\*\*\_sn3d.mat というファイルが作成されていることを確認する。  
先頭に n の付いたファイルが作成される。  
**先頭に w の付いたファイルが作成される。**

#### . Normalize ( EPI 機能画像の標準化 )

目的：次いで EPI 画像を標準化するが、最初に Realign で作成した mean image を用いて標準化を行い、画像に問題がないかチェックしてから全ての EPI 画像を標準化する。

- a) mean image で試す。
- 1 . Normalize ボタンを押し。
  - 2 . Which option? write normalize only を選択する。
  - 3 . Number of Subject 1
  - 4 . anatomy のディレクトリに移り、\*\*\*\* sn3d.mat ファイルを選択する。 done
  - 5 . mean image のあるディレクトリに移り、mean image を選択する。 done
  - 6 . Interpolation method Bilinear interpolation を選択する。

nmean.img が作成されるので欠損や歪みがないかどうか確認する。

- b) 全ての EPI 画像の normalize を行う。
- 1 . Normalize ボタンを押し。
  - 2 . Which option? write normalize only
  - 3 . Number of Subject 1
  - 4 . anatomy のディレクトリに移り、\*\*\*\* sn3d.mat ファイルを選択する。 done
  - 5 . すべての run の ra から始めるファイルを全て選択する。 done
  - 6 . Interpolation method? Bilinear interpolation を選択する。  
nra から始まるファイルが作成される。

この処理も比較的長時間要する。

#### . Smoothing

目的：補正しきれない個人間の脳構造の違いを緩和し、データを正規化するために画像を平滑化する。

1. Smooth ボタンを押す。
2. smoothing {FWHM in mm} フィルターをかけたい数値を入力する。8 mm が標準であるが、細かい構造物を見たい場合は 6 mm などの場合もある。
3. nra\*\*\*から始まるファイル (normalize されたファイル) を全て選択する。 done snra\*\*\*から始まるファイルが作成される。FWHM の数値 (8mm など) を付けたディレクトリを各 run のフォルダの中に作り、snra から始まるファイルを全てそこへ移動する。

**注：この時先頭の \*\*\*\*000.img (hdr)のファイルを忘れずに削除すること。**

### STEP 3 Statistical Assessment for Individual Subject

目的：最初に被験者ごとの統計処理を行う。Fixed effects model または 1st stage analysis と呼ばれる。

**注：統計処理の過程では多くのファイルが新たに作成される。従って 1 つの統計処理に対して 1 つのフォルダ (例えば result01 という名のフォルダ) を作成し、常にこのディレクトリから SPM99 を起動するようにする。これを怠ると異なった処理で同名のファイルが作成されてしまい、結果がまったく分からなくなってしまうおそれがある。**

#### . Default の変更

目的：後に興味のある領域から信号を取り出して解析するために、fMRI 信号の raw データをできるだけ多く保存する。また各 event がスキャンの TR の中央で発生したこととする。

1. Defaults ボタンを押す。
2. Statistics fMRI を選ぶ。
3. Upper tail F prob threshold 0.5 (例) を入力する。ここで 1 を入力すると全ての raw データを保存できるが、処理時間が長くなる可能性がある。
4. Number of Bins/TR 16 (そのまま)
5. Sampled bin 8 を入力

#### . fMRI models

目的：各 voxel における信号の time course を、各 event により生じると予想される hemodynamic response (HDR) をモデルとして最小二乗法によりフィッティングを行う。

1. fMRI models を押す。

- 2 . What would you like to do? specify and estimate a model を押す。
- 3 . Number of session? run の数を入れる
- 4 . ファイルを選択 snra\*\*\*から始まるファイルを各 run のフォルダから選択する。
- 5 . Inter scan revel TR を入力する。
- 6 . Are condition replicated? 通常は no を選択する。(複数の run が同一ではない場合)

まずここでは最初の run に対する入力を行う。

- 7 . Number of condition or trial 用いる regressor の数 (条件の数) を入力する。

**注: ミスまたは不正解などのeventは別個に 1 つのregressorとして扱うので、例えばTaskがAとBで、ミスがあれば全部で 3 条件となる。)**

- 8 . Name for trial 条件ごとの名前を入力する。  
例: trial1 A\_correct、trial2 B\_correct、trial4 miss
- 9 . SOA variable を選択する。
- 10 . Vector of onset scan no を text file からコピーしてはりつける。
- 11 . Variable duration? no を選択する。
- 12 . Parametric modulation? none を選択する。
- 13 . Are these trial? event 型の場合は event、block 型の場合は epoch を選択する。
- 14 . Select basis set hrf ( with time derivate ) を選択する。

注: ここでは通常の hrf によるモデルと、それより早期に反応するモデルの 2 つを regressor として用いている。

- 15 . Interaction among trial? no を選択する。
- 16 . User specified regressor? 何も用いなければ no を選択する。  
注: 最近の研究では頭部の動きにより生じる artifact を統計的に減らす目的で、realignment 時に作成された 6 つ位置補正の parameter ( x, y, z, pitch, roll, yaw ) をここで covariate としてモデルに入れることも行われている。No. of regressor? 6 を代入し、各位置補正の数値を 6 回 window に入れる。さらにそれらに名前をつける作業を 6 回行う。

注: 複数の run がある場合は 7 へ戻って繰り返す。

- 17 . Remove global effect scale を選択する。
- 18 . High pass specify を選択する。
- 19 . Session cutoff period default の値をそのまま入力する。
- 20 . Low pass filter hrf を選択する。
- 21 . Model intrinsic correlation none を選択する。
- 22 . Set up trial specific F-contrasts no を選択する。
- 23 . Estimate now を選択する。later を選択するとこの時点で処理を中断する。

これで統計処理が開始され、棒グラフでその進行度合が示される。

***fMRI をクリックする。***

***Design か data かという選択ではまず design をクリックする。***

***ISI には TR を代入する。***

***Scan per session では各セッションのスキャン数を代入する。***

***Replication ? には yes/no で答える。***

*Specify design in scan/second* には今までの方法では *scan* をクリックする。  
モデル関数を選ぶ (*hrf + time derivative* など)  
*Voltera kernel* は *no*  
*Number of condition* には条件の数を入れる。  
*Vector of onsets* には各条件の *event* のスキャン番号を入れる。  
*Duration* は *event* であれば *0* を代入。  
*Parametric modulation* は *none* をクリック。  
以上をセッション数だけ繰り返す。ここまですべて *spm.mat* が出来上がる。

次いで再び *fMRI* をクリックする。  
*Design* か *data* で *data* を選ぶ。  
*Select data* ではセッションの順に *s* ファイルを選ぶ。  
*Global scaling* を行う。  
*Hi-pass filtering* は *default* で行う。

最終的には *estimate* をクリックして、*spm.mat* を選択すると解析が始まる。

#### . Result (コントラストを作成する)

目的：関心のある条件または条件間のコントラストを作り、各 voxel の統計値である T-value または Z-value を計算する。

##### a. データの欠損部位を確認する。

ここでは統計閾値を 1 として F-contrast を行い、何らかの結果の出た領域を表示する。

1. result01 のディレクトリから SPM99 を起動する。
2. Result ボタンを押す。
3. Select SPM.mat SPM.mat を選択する。 done
4. SPM contrast manager F-contrast のボタンを押す。
5. Effect of interest を選択する。 done
6. Mask with other contrast No を選択する。
7. Title for comparison そのまま。
8. Corrected high threshold no を選択する。
9. Threshold 1 を入力する。 done

注：黒く表示された領域がSPMのtemplateに当てはまっているかどうかを確認する。ここで白く表示される部分は、そもそもデータが欠損していたことを意味している。後のGroup解析においては 1 名でもデータの欠損している領域は、統計処理が行われないことに注意すること。

##### b. 各コントラストを立てて、それぞれの結果を出す。

1. result01 ディレクトリから SPM99 を起動する。
2. Result ボタンを押す。
3. Select SPM.mat SPM.mat を選択する。 done
4. SPM contrast manager の window が表示される。 t-contrast を押す。
5. Define new contrast を押す。

- 6. Name 立てるコントラストに名前を付ける。(条件名, サブトラクション名など)
- 7. Contrast に数値を入力する。

例 1 : run が 2 つでそれぞれ 2 条件の実験の場合 (Task A と B でそれぞれに time derivative が加わっている) を想定する。Task A の activation を出すには、1 0 0 0 1 0 0 0 と入力する。各数字の間はスペースをあける。

run1 run2

はじめの 1 0 が Task A 条件 (hrf に 1 を、time derivative に 0 を入力している) を表す。

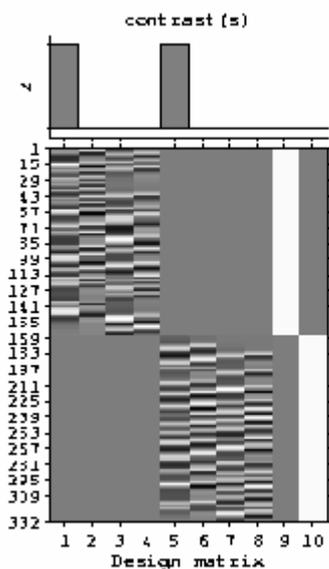
- 8. Submit を押す。 1 と数字を入れたところに棒が立つ。下左図を参照。
- 9. OK を押す。各コントラストに対応した con\_\*\*\*.img (hdr)が作成される。

例 2 : Task A minus Task B のサブトラクションを出すには、1 0 -1 0 1 0 -1 0 と入力する。  
引かれる条件は 1 で引く条件は -1 で表す。下中図を参照。

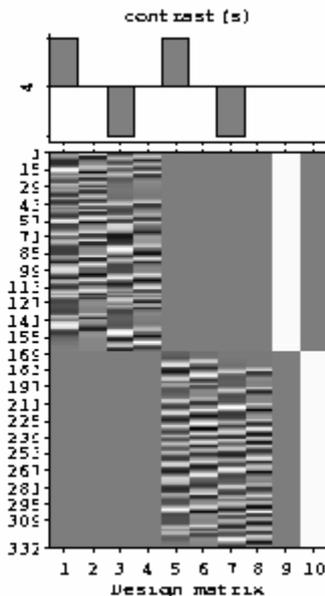
例 3 : run1 の Task A minus Task B のサブトラクションから run2 の同じサブトラクションを引く (即ち Task と run の interaction を見る場合) には、

$$\begin{aligned}
 & \text{run1(A - B) - run2(A - B)} \\
 &= \text{run1 (1 0 - 1 0) - run2 (1 0 - 1 0)} \\
 &= (1 0 - 1 0) - (1 0 - 1 0) \\
 &= \underline{1 0 - 1 0 - 1 0 1 0} \text{ を入力する。下右図を参照。}
 \end{aligned}$$

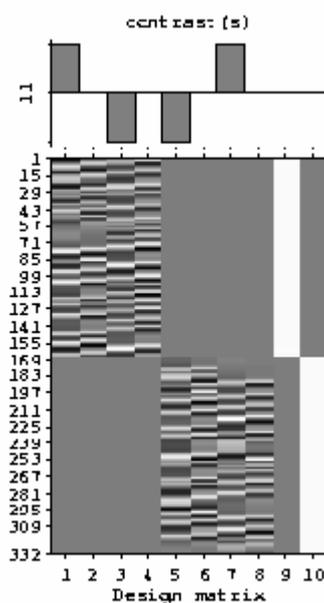
例 1 : Task A のみ



例 2 : Task A - Task B



例 3 : Task と run の相互作用



**注 : コントラストの種類とその順番は全ての被験者で同一にすること。これは後のGroup解析**

において、ここで作成されたcon\*\*\*.img (hdr)を用いるためである。

注：1 度作成されたコントラストの削除はできない。間違えた場合はresult01 内の全てのファイル  
を削除し、STEP3 を最初からやり直すことになる。

Result (結果を表示する)

1. Mask with other contrast no を選択する。
2. Title for comparison 通常はそのままよい。
3. Corrected high threshold 多重比較検定を行わない場合は no を選択する。
4. Threshold と voxels は任意の数値を入力する。

画面の右に結果が表示される。

## STEP 4 Statistical Assessment for Group of Subject

目的:通常は12名程度の被験者数を要する。Random effects modelまたは2nd stage analysis と呼ばれる。

注:個人解析のフォルダとは別に、例えば「group」というフォルダを作成する。このフォルダの中に結果を出したい条件またはサブトラクションの名前をつけたフォルダをさらに作成する。該当するフォルダに移動してから SPM99 を起動する。

. デフォルトの変更

1. Default ボタンを押す。 statistics fmri を選択する。
2. Threshold 0.9 とし、多くの raw データを保存できるようにする。
3. TR そのまま
4. Sample 8

. Basic model

目的:STEP 3 で解析した被験者ごとの統計処理で作成された con\*\*\*.img (hdr) を用いる。例えば全ての被験者において Task A での賦活を見るコントラストが con\_002.img (hdr)であると。12名で Group 解析を行うことを想定すると、

1. Basic Model Select design type One sample t-test を選択する。
2. Select image 全12名の被験者の con\_002.img を選択する。 Done
3. GMsca: grand mean scaling no grand mean scaling を選択する。(これは既に各被験者の個人解析で済んでいるからである。)
4. Explicitly mask images No を選択する。
5. Global calculation Omit を選択する。(これは既に各被験者の個人解析で済んでいるからである。)
6. Estimate? now を選択する。

. Result

1. Group ディレクトリの中の出したい結果のフォルダに移り SPM99 を起動する。
2. Result ボタンを押す。
3. Select SPM.mat SPM.mat を選択する。 done
4. Name 結果に名前をつける(サブトラクション名など)。
5. Define new contrast activation を見るには 1、deactivation を見るには - 1 を入力する。
6. Mask with other contrast no を選択する。
7. Title for comparison そのまま。
8. Corrected high threshold 多重比較検定を行わない場合は no を選択する。
9. Threshold と voxels は任意の数値を入力する。

画面の右に結果が出力される。

謝辞：このマニュアルは当講座の羽田薫子・松本敦両氏の協力により作成された。

## Optimized Voxel-based morphometry (VBM)

ここでは Good et. al. ( NeuroImage 14,21-36,2001 ) の方法に準拠した VBM の方法を示す。

- STEP 1 Custom Template の作成
  - . T1image を T1Template へ normalize する。
  - . mean image を作成する。
  - . smoothing する。
  
- STEP 2 Segmentation 1
  - . T1 image を Custom Template へ normalize する。
  
- STEP 3 Clean Up と GM Template の作成
  - . Clean up と GM Template の作成
  - . mean GM image を作成する。
  - . smoothing する。
  
- STEP 4 Grey Matter の Normalize
  - . GM image を GM Template を用いて normalize する。
  - . optimized された sn3d.mat ( optimized ) の作成。
  
- STEP 5 Hi-resolution MRI の Normalize
  - . T1 image に sn3d.mat ( optimized ) を用いて normalize を行う。
  
- STEP 6 Segmentation 2
  - . T1 image(optimized)を Segmentation する。
  
- STEP 7 Clean Up
  - . Clean Up の実行。
  
- STEP 8 Modulation
  - . Modulation の実行。
  
- STEP 9 Smoothing
  - . smoothing する。
  
- STEP 10 Global value の算出
  - . Global value を算出する。
  
- STEP 11 Statistics

## STEP 1 Custom Template の作成

- . 各被験者の高解像度の T1 image を通常の SPM99 の T1 Template へ normalize する。この時には Default で non-linear の処理を行わないように設定する。また書き出す image の voxel-size を 1x1x1mm へ変更する。
- . 各被験者の normalize された T1 image の mean image を作成する。
- . 作成された mean image を 8mm で smoothing する。これを Custom Template とする。

## STEP 2 Segmentation 1

- . 各被験者の高解像度 T1 image を STEP 1 で作成した Custom Template へ normalize する。この時には Default で non-linear の処理を行わないように設定する。また書き出す image の voxel-size を 1x1x1mm へ変更する。
- . Normalize した高解像度 T1 image を Segmentation する。この時には “ Are they spatially normalized ? ”には “ No ” とする。また Homogeneity correction を “ A little homogeneity correction ”で行う。ここで Seg1 ( Grey Matter )/Seg2 ( White Matter )/Seg3 ( CSF ) へ segment される。

## STEP 3 Clean Up と GM Template の作成

- . ImCalc から Seg1 と Seg2 を選び、ファイル名を \*\*brain などと指定した後に i1+i2 の処理を行う。ここで brain mask ( GM + WM ) の画像ができる。次いで ImCalc で Seg1、Seg2、Seg3、\*\*brain の 4 つの image を選び ( 順番を間違えないこと ) ファイル名を \*\*GM などと指定した後に i1.\*i4./(i1+i2+i3+eps) の処理を行う。
- . すべての GM image から mean image を作成する。
- . 作成された mean image を 8mm で smoothing する。これを GM Template とする。

## STEP 4 Grey Matter の Normalize

- . STEP3 の で作成された各被験者の clean up された GM image を GM Template を用いて normalize する。この時には Default で neurological convention ( R is R ) とし、さらに non-linear の処理を行わないように設定する。また “ Mask brain when registering ”を No brain mask にする。書き出す image の voxel-size を 1x1x1mm へ変更する。
- . この過程でできた sn3d.mat が optimized された sn3d.mat ( optimized ) である。

## STEP 5 Hi-resolution MRI の Normalize

- . STEP2 の で作成した normalize された T1 image に STEP4 の で作成された sn3d.mat を用いて通常の non-linear を含めた normalize を行う。この時には Default で neurological convention ( R is R ) とし、書き出す image の voxel-size

を 1x1x1mm へ変更する。これが optimize された高解像度 T1 image ( optimize ) である。

## STEP 6 Segmentation 2

. STEP5 の で作成した高解像度 T1 image(optimized)を Segmentation する。この時は“ Spatially normalized?”に Yes とする。また Homogeneity correction を“ A little homogeneity correction ”で行う。ここで Seg1 ( Grey Matter )/Seg2( White Matter ) /Seg3( CSF )へ segment される。ここで作成された Seg1 が optimize された GM image ( optimized ) である。

## STEP 7 Clean Up

. ImCalc から Seg1 と Seg2 を選び、ファイル名を\*\*brain などと指定した後に i1+i2 の処理を行う。ここで brain mask ( GM + WM ) の画像ができる。次いで ImCalc で Seg1、Seg2、Seg3、\*\*brain の 4 つの image を選び ( 順番を間違えないこと ) ファイル名を\*\*GM などと指定した後に i1.\*i4./(i1+i2+i3+eps) の処理を行う。ここで作成された各被験者の GM image が optimize され clean up された GM image である。

## STEP 8 Modulation

.SPM99 には既に spm\_preserve\_quantity という mat file があるので、下記の script を Matlab 上で実行する。まず STEP4 の で作成された sn3d.mat ( optimized ) を選び、次いで同じ被験者の STEP6 の で作成された GM image ( optimized ) を選ぶとファイル名に m がついた m\*\*GM image が作成される。

```
-----  
Mats = spm_get(Inf,'*_sn3d.mat','Select sn3d.mat files');  
Images = spm_get(size(Mats,1),'*.img','Select images to modulate');  
  
for i=1:size(Mats,1),  
    spm_preserve_quantity(deblank(Mats(i,:)),deblank(Images(i,:)));  
end;  
-----
```

## STEP 9 Smoothing

. STEP 8 の で作成された m\*\*GM image を 12mm で smoothing する。この sm\*\*GM image が optimize され modulate された最終的な GM image であり、次の統計処理に用いる。

## STEP 10 Global value の算出

若年者と高齢者などの異なった群間での比較には各被験者の GM image 内の総 GM volume を算出して共変量として用いることがある。その値 ( Global value ) を算出す

る方法を示す。

. SPM99 にはそのために `get_integrals.mat` という名のファイルがある。SPM99 の Utility 中の Run mFile からそのファイルを選び、さらに算出したい `sm**GM image` を選ぶと Matlab 内に値が表示される。

## STEP 1 1 Statistics

注：本マニュアルは講座内の使用に限る。非売品