

How To Use SPM

(A) 準備 (pp.2-4)

脳を標準化する場合の流れ

(B) Realign (motion correction) (pp.5-7)

(C) Slice timing correction (pp.8-9)

(D) Coregister (pp.10)

(E) Normalise (pp.11-14)

(F) T1画像を用いたCoregister(pp.16-17)

(G) T1画像を用いたNormalise(pp.18-21)

(H) Smooth (pp.22)

(I) Model specification & parameter estimation
[Block design] (pp.16-35)

脳を標準化しない場合の流れ

(J) Event Related design解析の準備(準備中)

(K) Model specification & parameter estimation
[Event Related design] (pp.37-47)

(L) Normaliseがうまく行かない場合(pp.49-53)

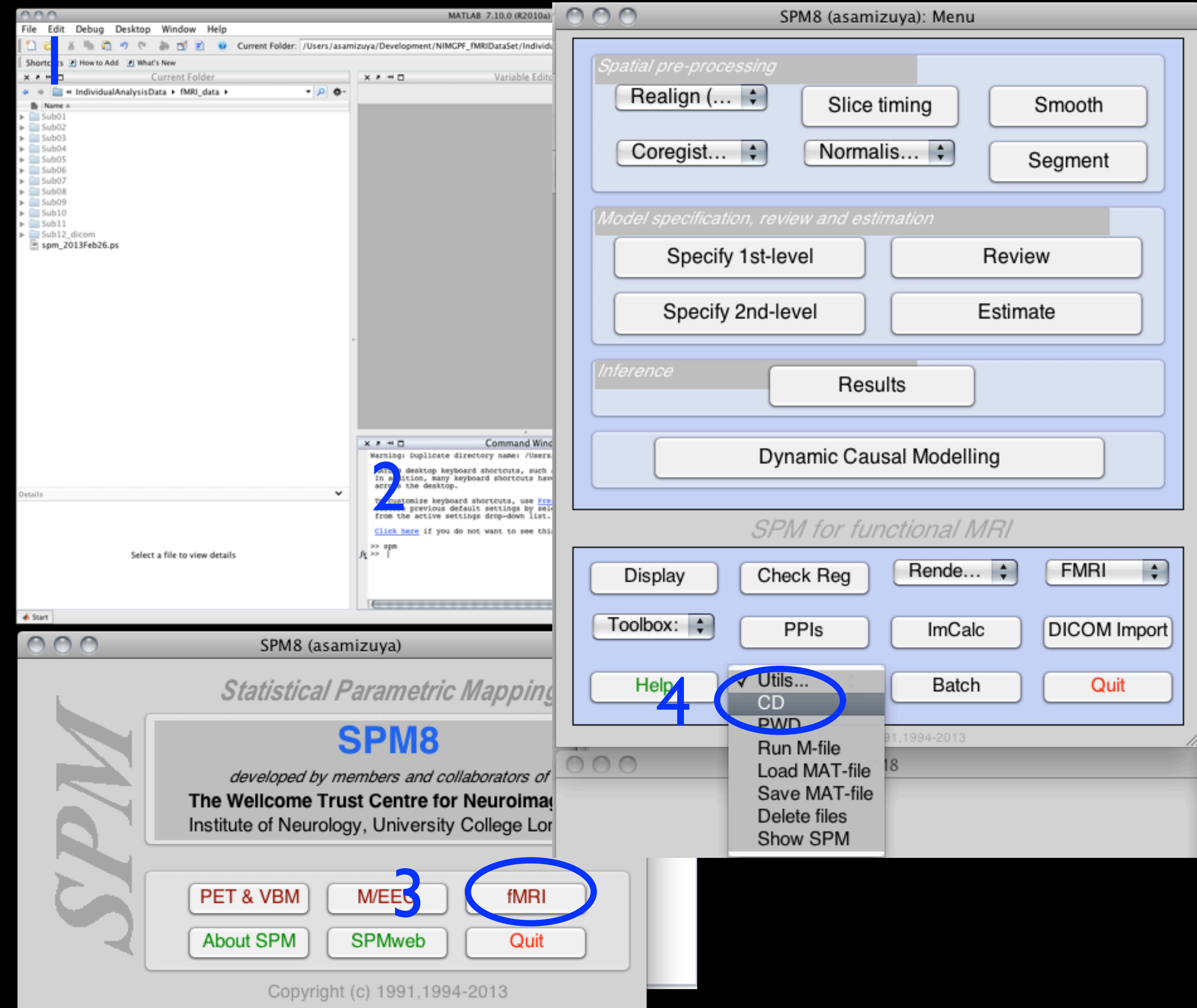
(M) バッチ処理 (スクリプト) (pp.54-58)

A.準備・使用データ

- fMRI mini schoolで撮像したデータ
 - /usr4/minifmri/
 - 作業ディレクトリ：
 - /usr4/asamizu/spm_tutorial/minischool/090213/epirri/
 - EPI data
 - Block Design: run1X_analyze/run1X-****.img(.hdr)
 - FOV: 24cm x 24cm
 - Matrix dimensions: 64 x 64 x 23 x 152 vols
 - resolution: 3.75mm x 3.75mm x 5mm
 - Event Related Design: run2X_analyze / run2X-****.img(.hdr)
 - FOV: 20cm x 20cm x 5 cm
 - Matrix dimensions: 128 x 128 x 10 x 215 vols
 - resolution: 1.5625mm x 1.5625mm x 5mm
- Anatomy data
 - Block Design: anat_plan1X/anat_plan1X.img
 - FOV: 24cm x 24cm
 - Matrix dimensions: 128 x 128 x 23 x 152 vols
 - resolution: 1.875mm x 1.875mm x 5mm
 - Event Related Design: anat_plan2X/anat_plan2X.img
 - FOV: 20cm x 20cm x 5 cm
 - Matrix dimensions: 128 x 128 x 10 x 215 vols
 - resolution: 1.5625mm x 1.5625mm x 5mm
 - 軸合わせ
 - 【注】 slice方向の軸は固定 (SPMでのslice timing correctionができない)
 - *.sdt/.spr形式の段階でraxisを利用して軸を/Application/spm8/templates/ディレクトリにある画像ファイルのものに合わせる。

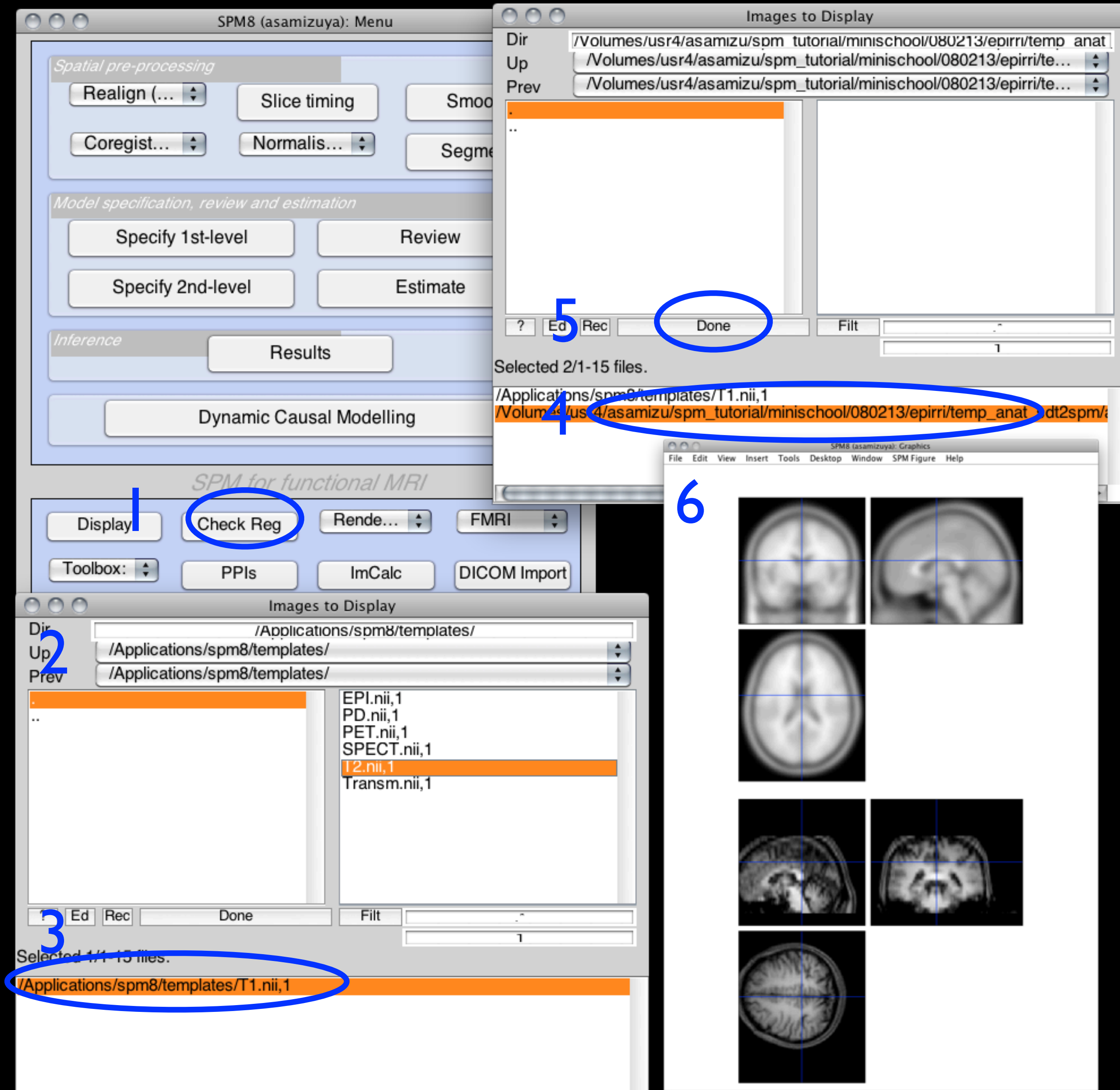
A.準備・SPM起動

1. Matlab起動
2. Command Windowで'spm'と入力
3. 現れたウィンドウ上の'fMRI'ボタンをクリック
4. 'SPM8: Menu'ウィンドウより、[Utils] -> [CD]をクリックしてCurrent Directory (作業ディレクトリ) を選択



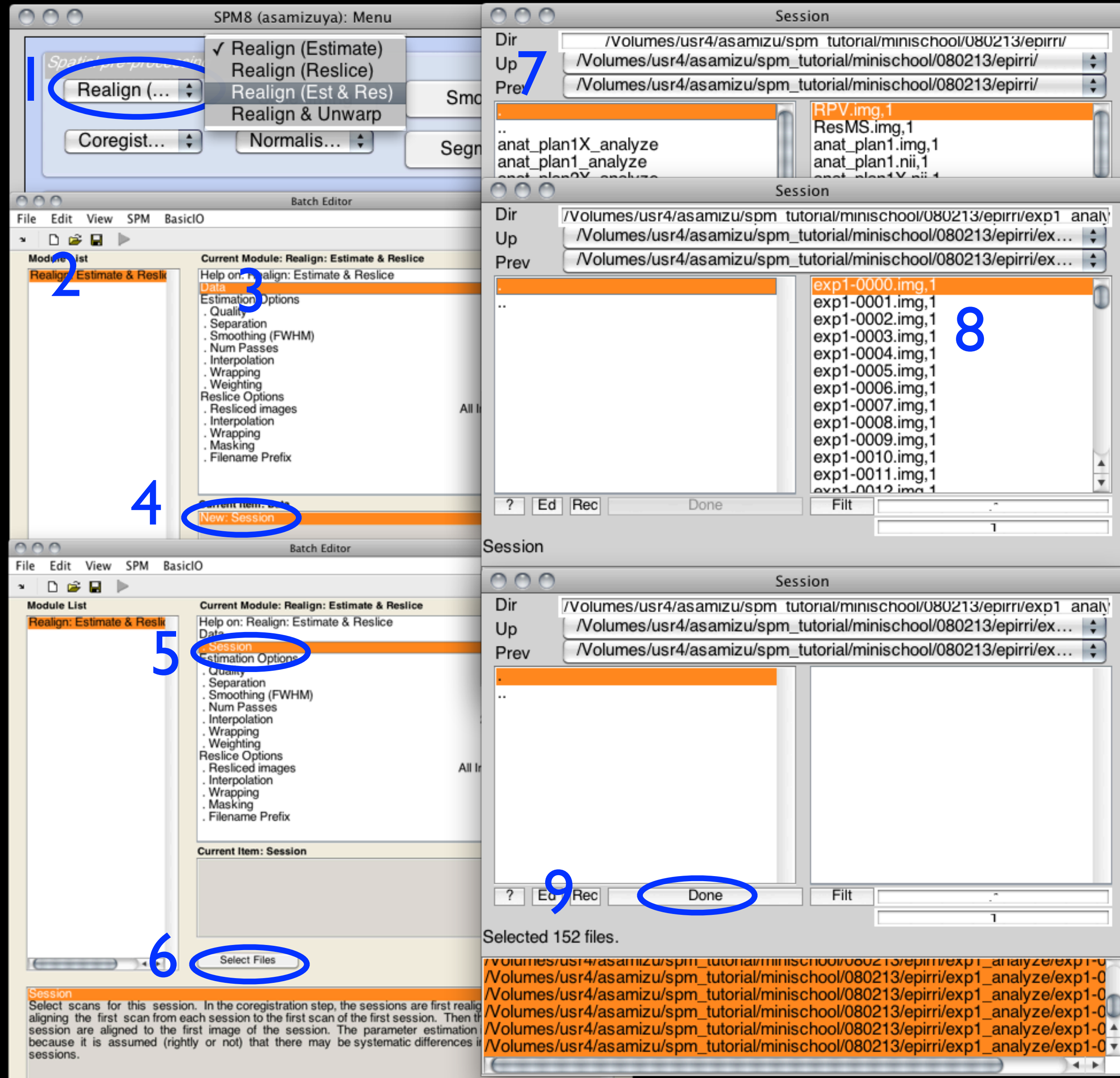
A.準備・画像の向きの確認

1. 'Check Reg'ボタンをクリック
2. ファイル選択ダイアログが出現
3. '/Applications/spm8/templates/'ディレクトリにある'T1.nii'を選択
4. さらに自前の解剖画像'anat_plan1.img'を選択
5. 'Done'をクリック
6. Graphic Windowに二つの画像が並べられて表示される。この時点で画像の向きが異なるようであれば、raxis等を用いて画像の軸変換を施して'T1.nii'に合わせる。
7. EPI画像についても同様の確認を行う



B.Realign

1. プルダウンメニュー‘Realign...’より‘Realign (Est & Res)’を選択
2. Batch Editorが出現
3. ‘Data’を選択
4. ‘New: Session’をクリック
5. ‘Data’の下に‘Session’欄が出現
6. ‘Select Files’をクリック
7. ‘Session’対象のファイルを選択するダイアログが出現
8. 解析の対象となるSessionのEPIファイル‘exp1-****.img’をすべて選択
9. ‘Done’をクリック



B.Realign

10. 'Estimation Options'下の'Quality'を選択

11. 'Edit Value'をクリック

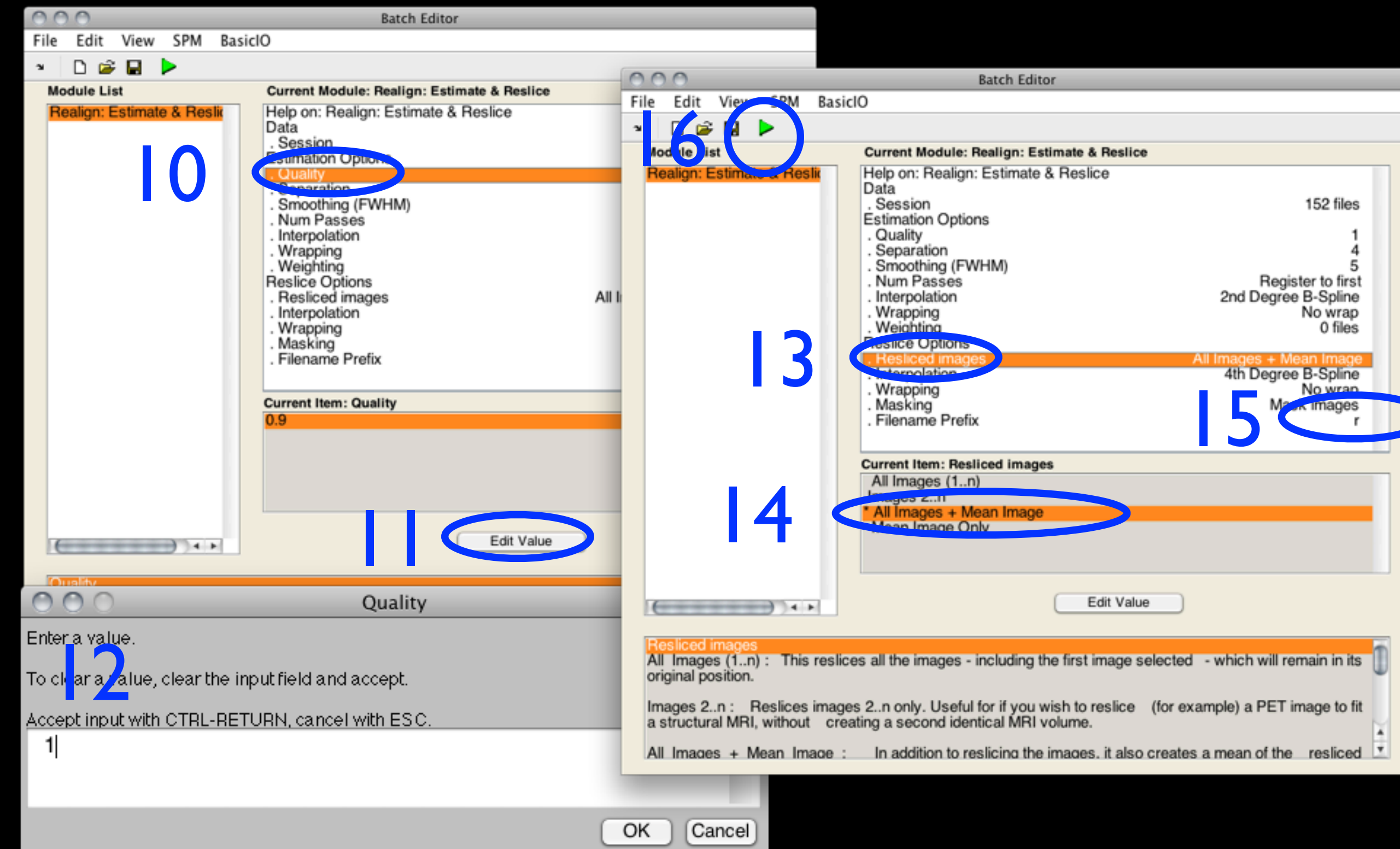
12. 'Quality'のデフォルト値0.9を1に変更、'OK'をクリック

13. 'Reslice Options'下の'Resliced images'をクリック

14. 'All Images + Mean Image'を選択

15. 'Reslice Options'下の'Filename Prefix'は'r'のまま

16. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する



B.Realign

17. Interactiveウィンドウにプログレスバーが表示される。

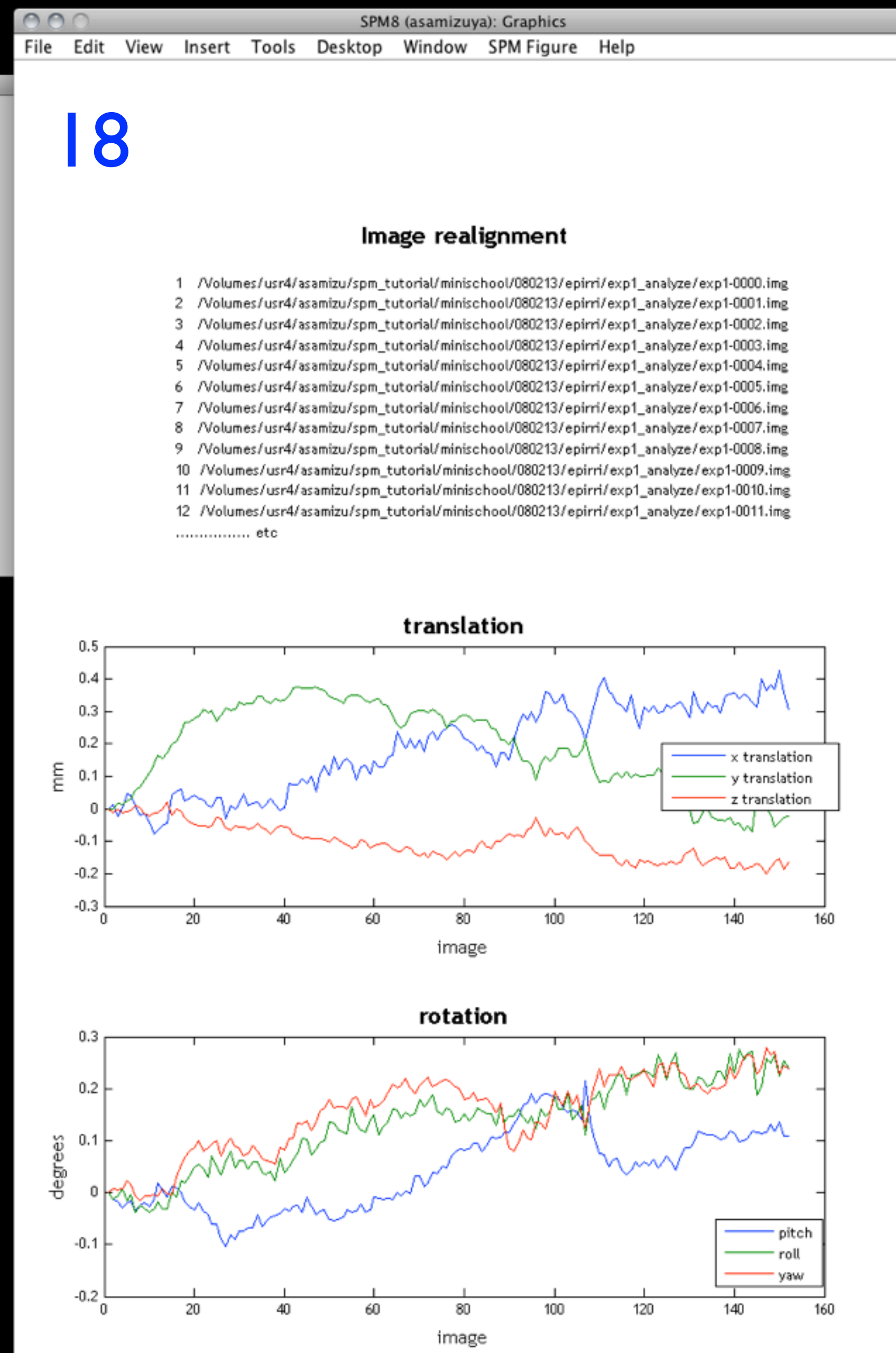
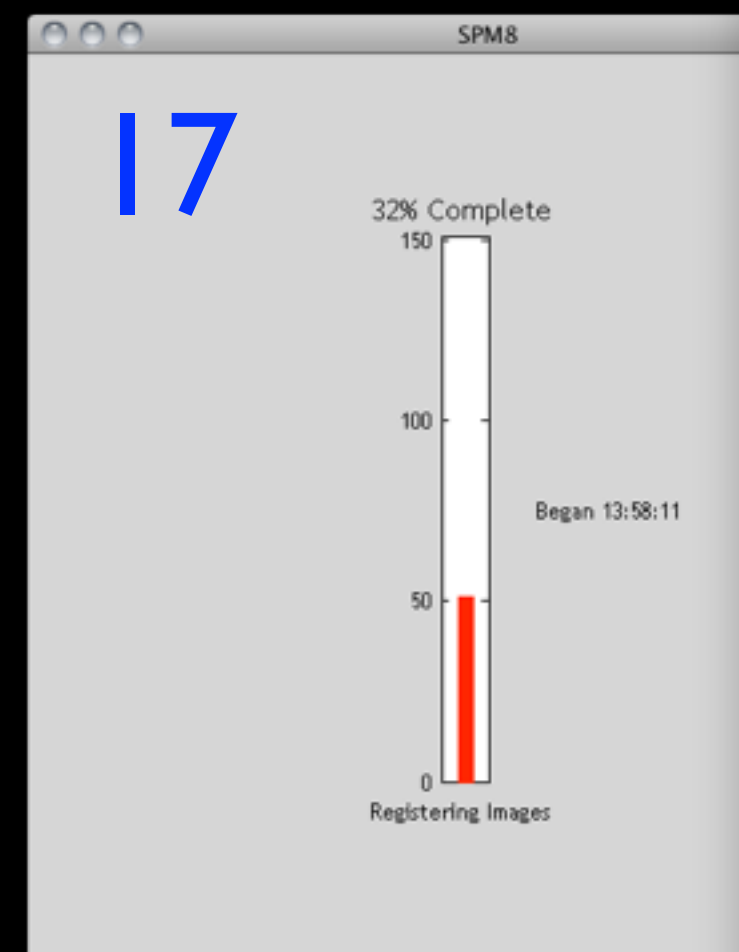
18. プログレスバーが1回目に100%に到達するとGraphicsウィンドウに結果が表示される

19. プログレスバーが2回目に100%に到達するとrealign (Est & Res)の処理は完了

20. 処理済みの画像は元ファイル名の先頭に'r'をつけた'rexp1-****.img'として保存される

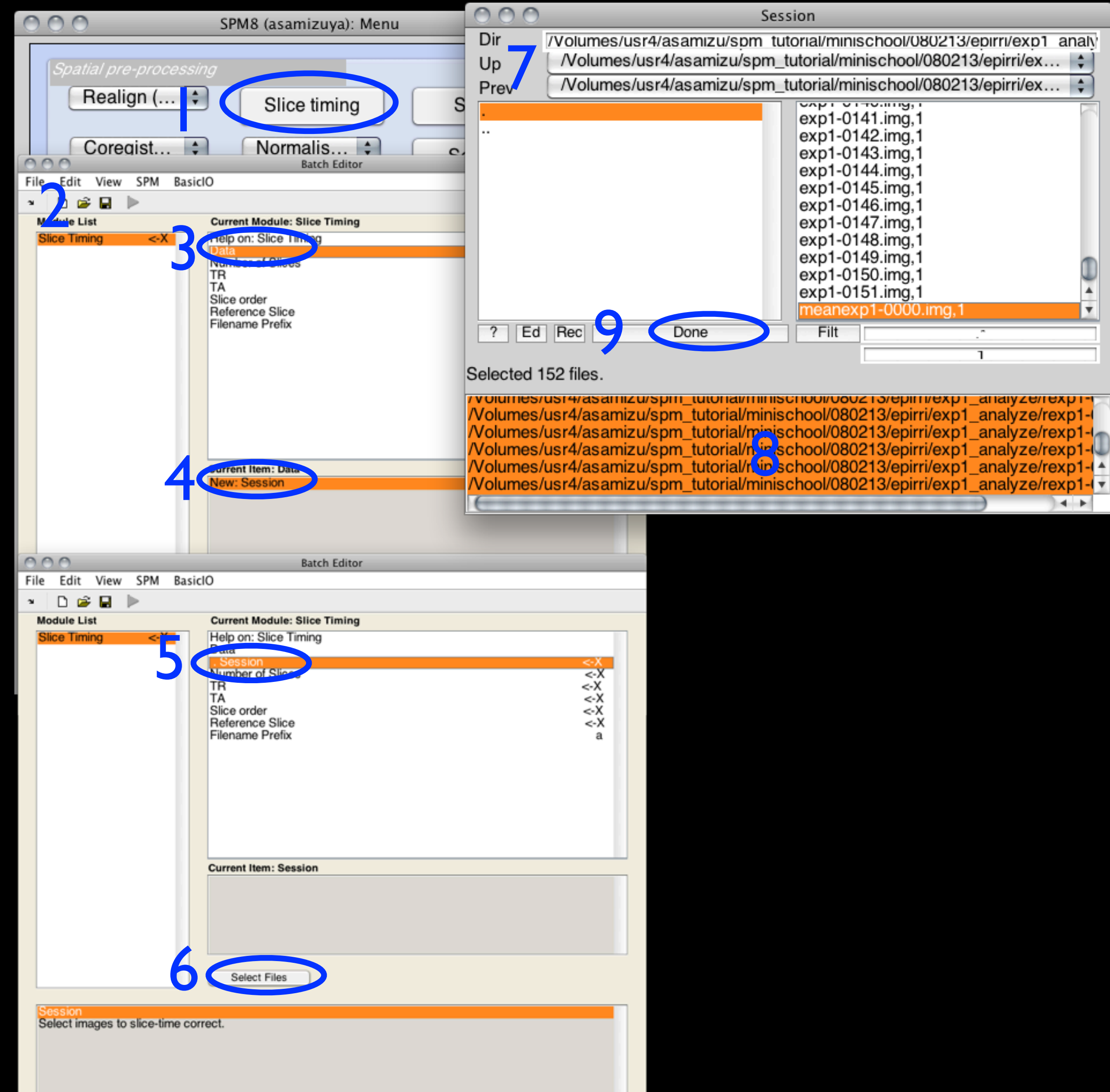
21. 平均画像は'meanexp1-0000.img'として保存される

22. 動きに関する6つのパラメータの記録が'rp_exp1-0000.txt'に保存される。



C.Slice timing correction

1. 'Slice timing'をクリック
2. Batch Editorが出現
3. 'Data'を選択
4. 'New: Session'をクリック
5. 'Data'の下に'Session'欄が出現
6. 'Select Files'をクリック
7. 'Session'対象のファイルを選択するダイアログが出現
8. 解析の対象となるSessionのEPIファイル'rexp1-****.img'をすべて選択
9. 'Done'をクリック



C.Slice timing correction

10. Batch Editor上で'Number of Slices'を選択

11. 'Edit Value'をクリック

12. 'Number of Slices'に'23'を入力。'OK'をクリック

13. 同様にその他のパラメタの値を入力

1. TR: 2.66

2. TA: 2.54 (=TR-(TR/[#of slices]))

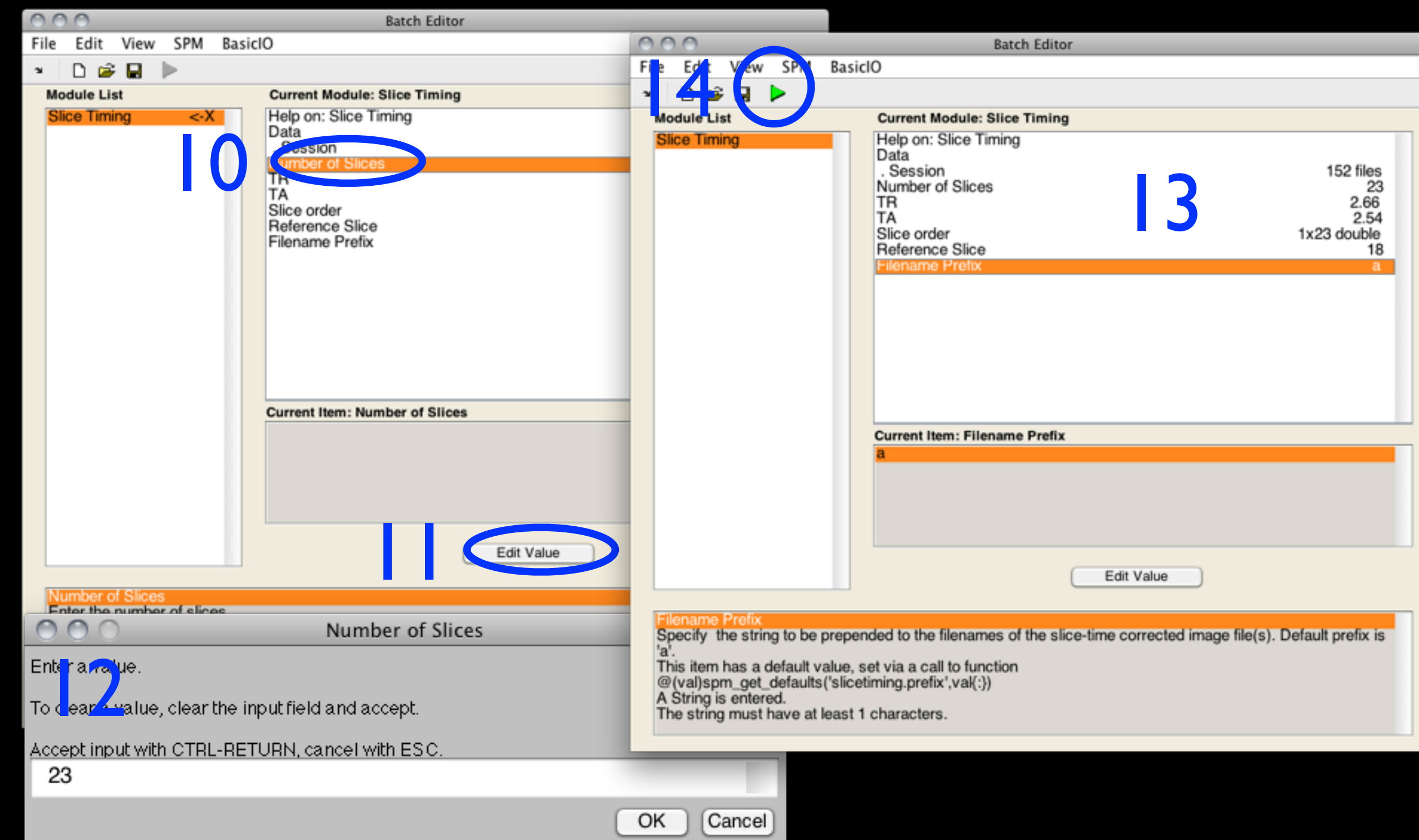
3. Slice order: 1 13 2 14 3 15 4 16 5 17 6 18
7 19 8 20 9 21 10 22 11 23 12

4. Reference Slice : 18 (順番上中央のスライス)

5. Filename Prefix : a

14. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する

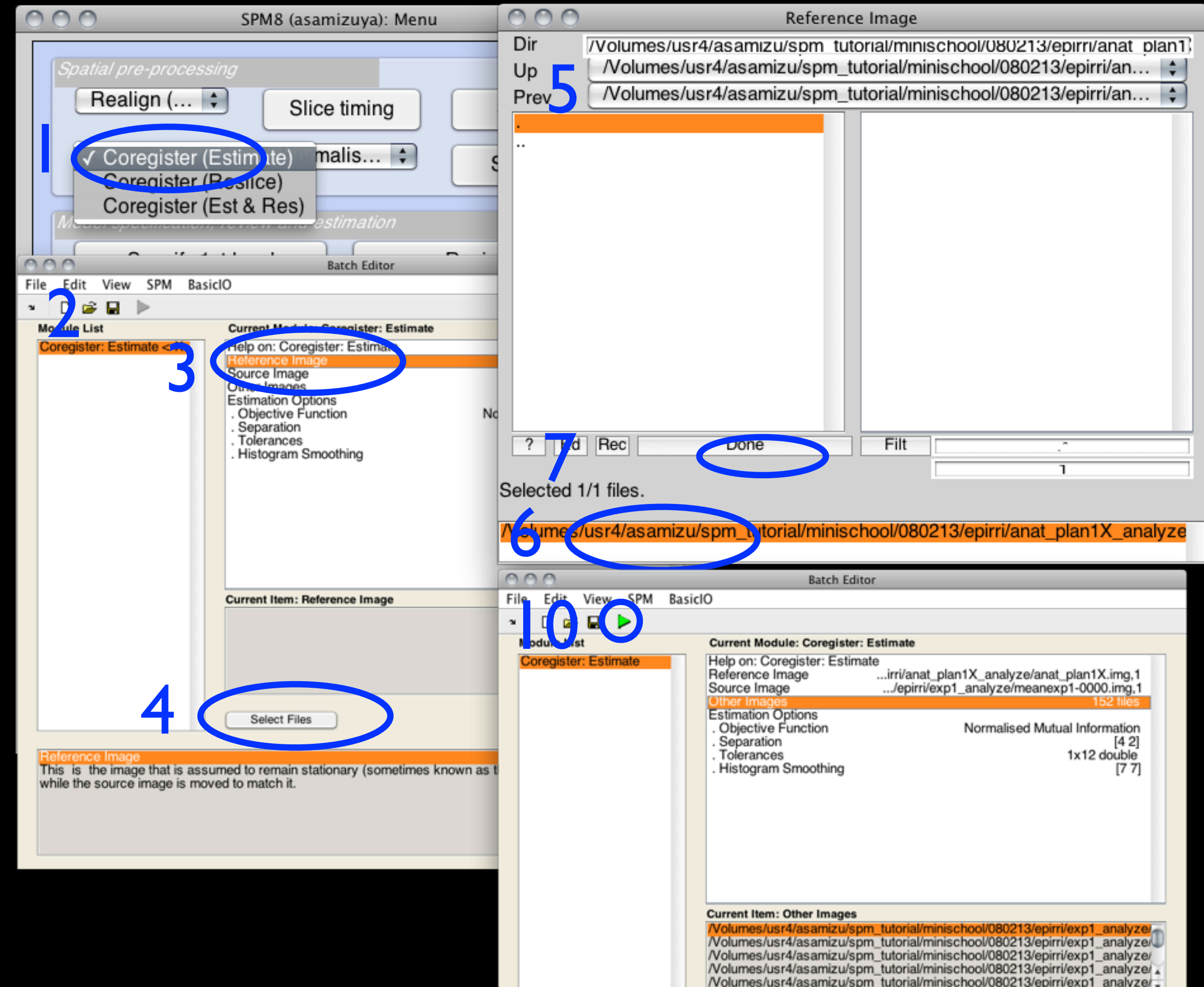
15. 処理済みの画像は元ファイル名の先頭に'a'をつけた'arexpI-****.nii'として保存される



D.Coregister

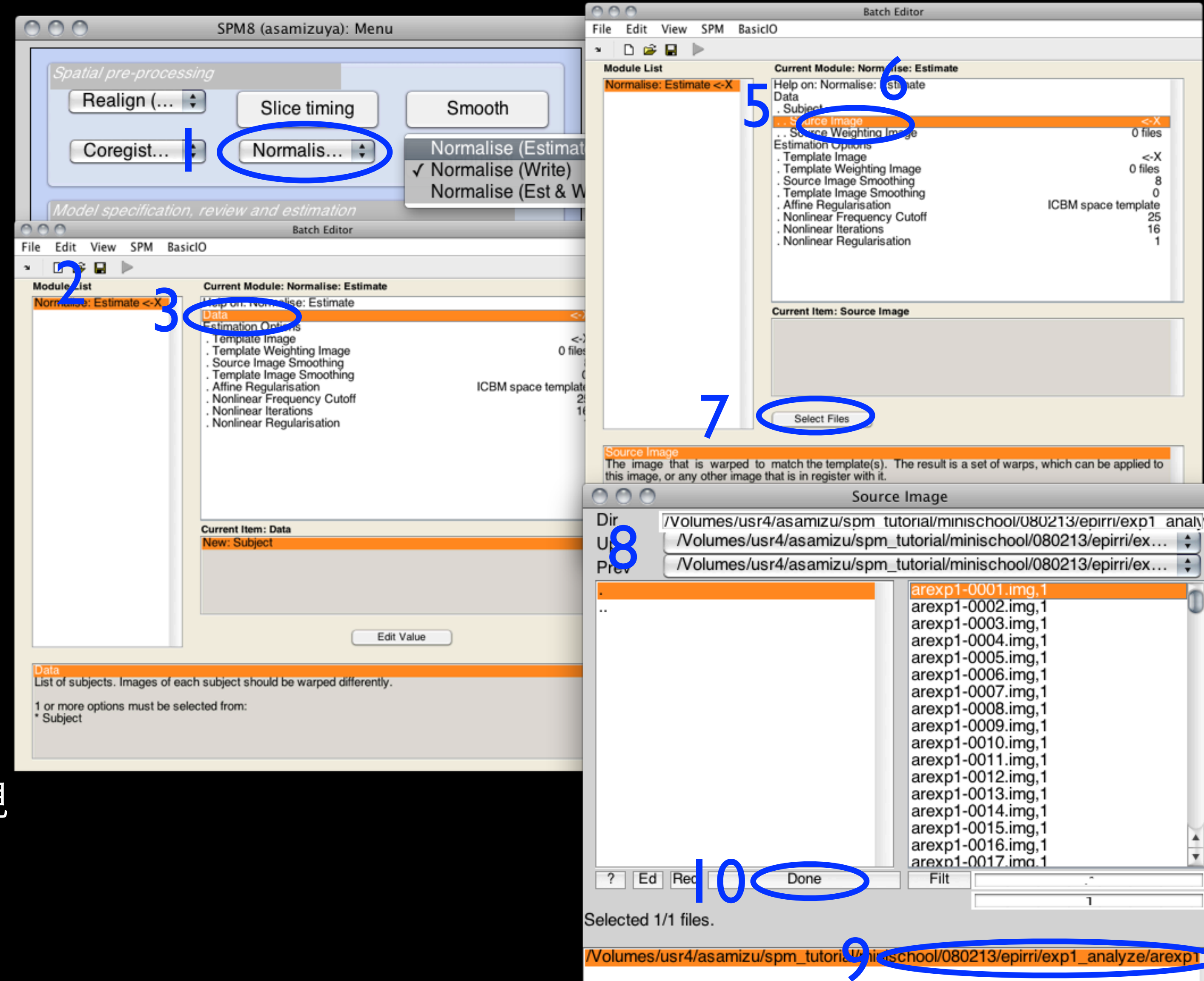
1. 'Coregister(Estimate)'をクリック
2. Batch Editorが出現
3. 'Reference Image'を選択
4. 'Select Files'をクリック
5. ファイルを選択ダイアログが出現
6. 解剖画像'anat_plan1X.img'を選択
7. 'Done'をクリック
8. 'Source Image'で'meanexp1-0000.img'を選択
9. 'Other Images'で'arexp1-****.img'を選択

10. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する



E.Normalize

1. プルダウンメニュー‘Normalis...’より Normalize (Estimate)を選択
2. Batch Editorが出現
3. ‘Data’を選択
4. ‘New: Subject’をクリック
5. ‘Data’の下に‘Subject’欄が出現
6. ‘Source Image’を選択
7. ‘Select Files’をクリック
8. ‘Source Image’選択のダイアログが出現
9. 1st volumeのimgファイル（ここでは‘arexp1-0000.img’）を選択
10. ‘Done’をクリック



E.Normalise

11. Batch Editor上の‘Template Image’を選択

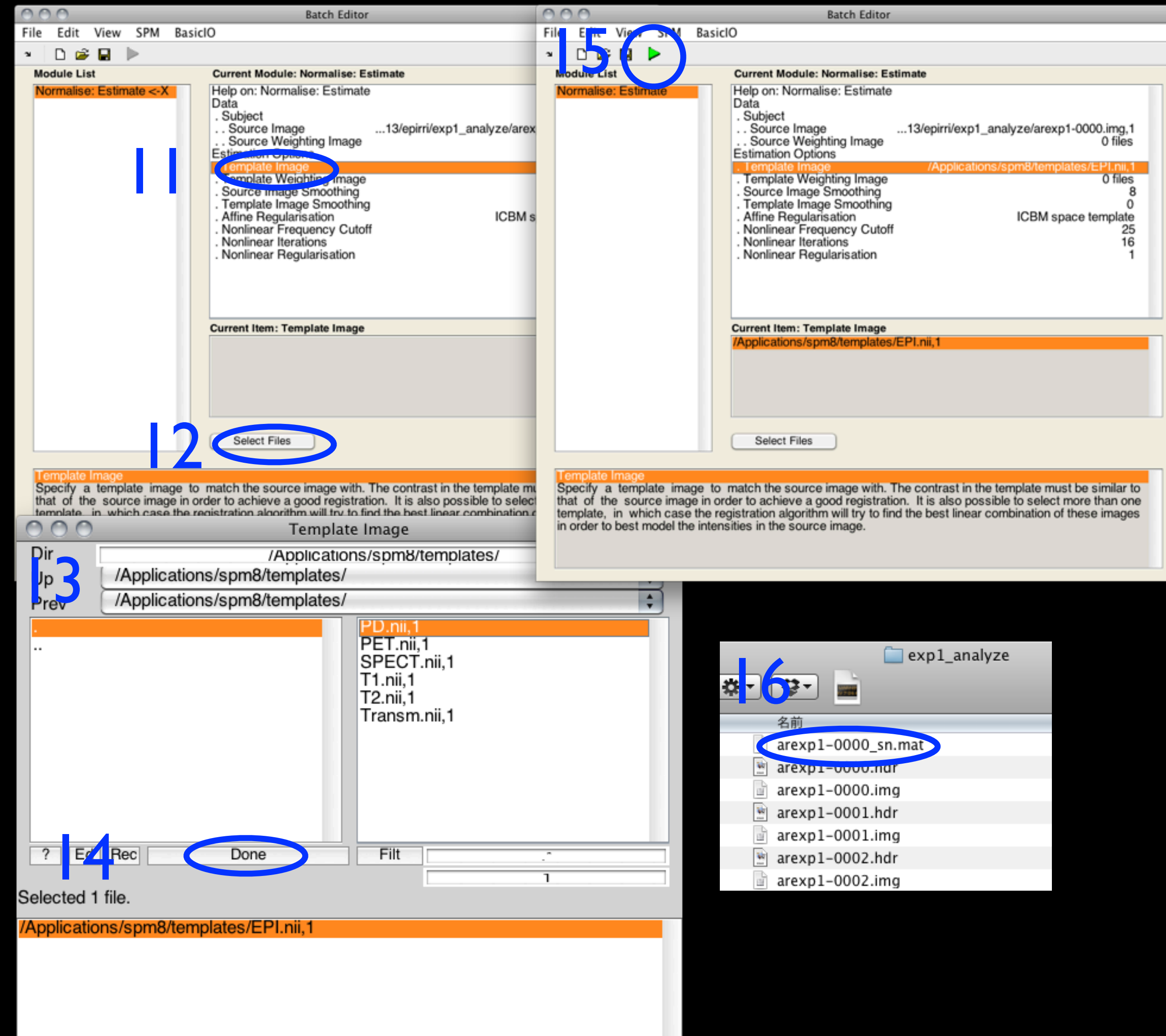
12. ‘Select Files’をクリック

13. ‘Template Image’ダイアログにて‘/Applications/spm8/templates/’上の‘EPI.nii’を選択

14. ‘Done’ボタンをクリック

15. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

16. Normalise(Estimate)が完了すると、‘***_sn.mat’ファイルができる。



E.Normalize

17. プルダウンメニュー‘Normalis...’から Normalize (Write)を選択

18. Batch Editorが開く

19. Dataを選択

20. ‘New: Subject’をクリック

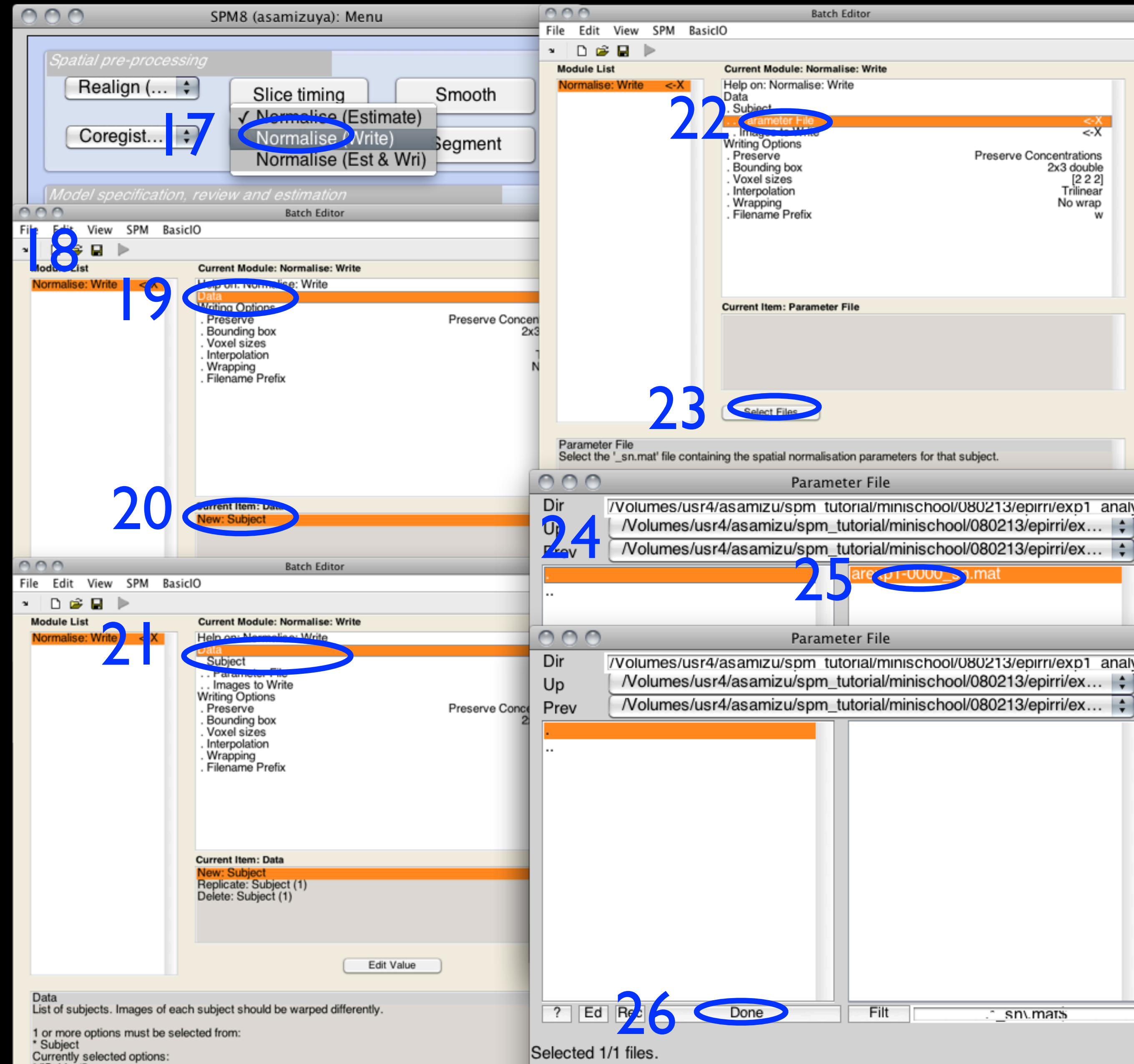
21. Dataの下に‘Subject’欄が出現

22. ‘Parameter File’をクリック

23. ‘Select File’をクリック

24. ‘Source Image’選択のダイアログが出現

25. 14でできた‘arexp1-0000_sn.mat’ファイルを選択



E.Normalize

27. 'Images to Write'をクリック

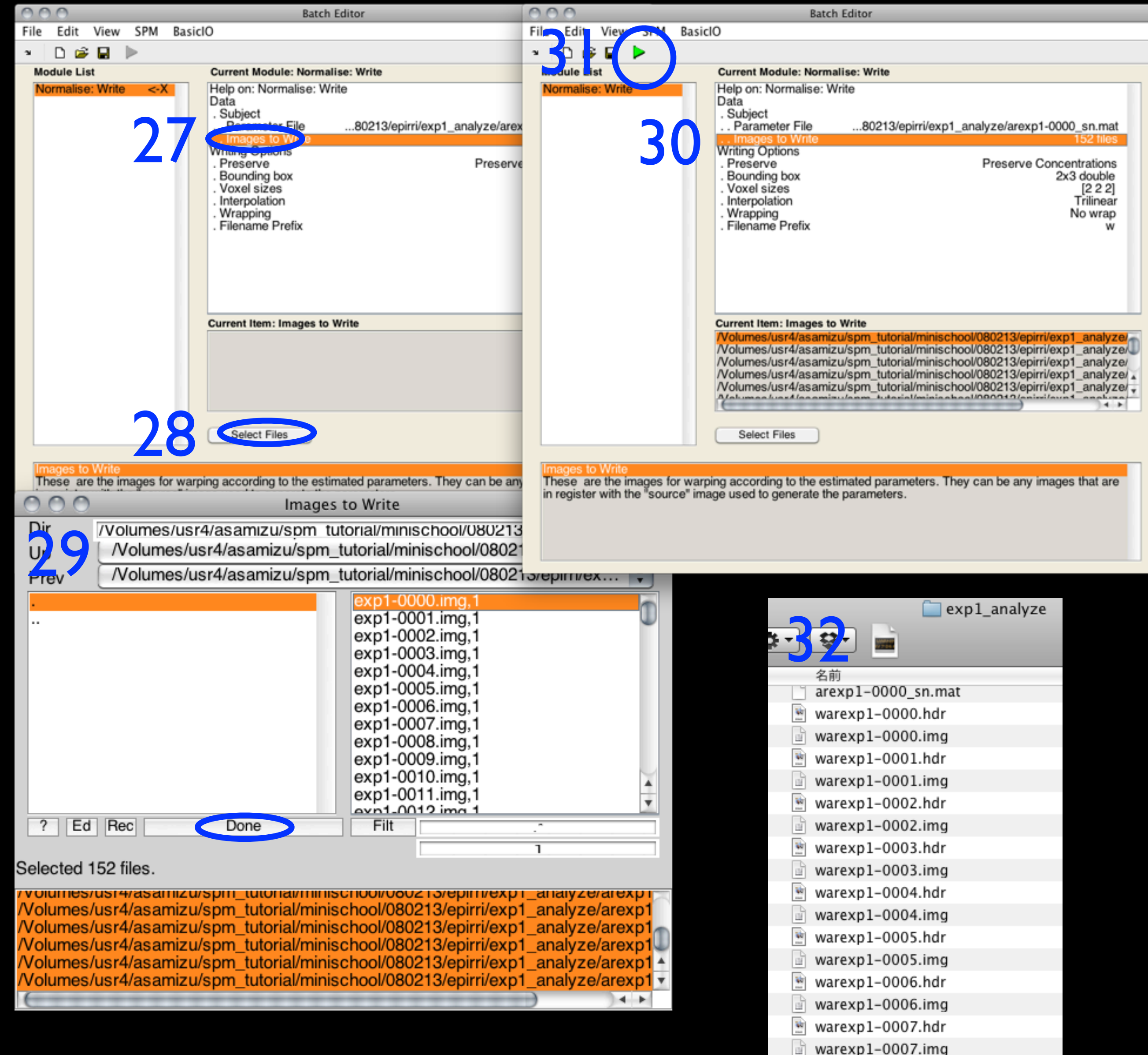
28. 'Select File'をクリック

29. normaliseするEPIデータを全て選択して'Done'をクリック

30. 'Image to Write'欄にEPI画像が登録さる。

31. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

32. 元のEPI画像のファイル名'rexp1-****.img'の先頭に'w'の付いたファイル名'warexp1-****.img'でNormaliseされた画像が保存される

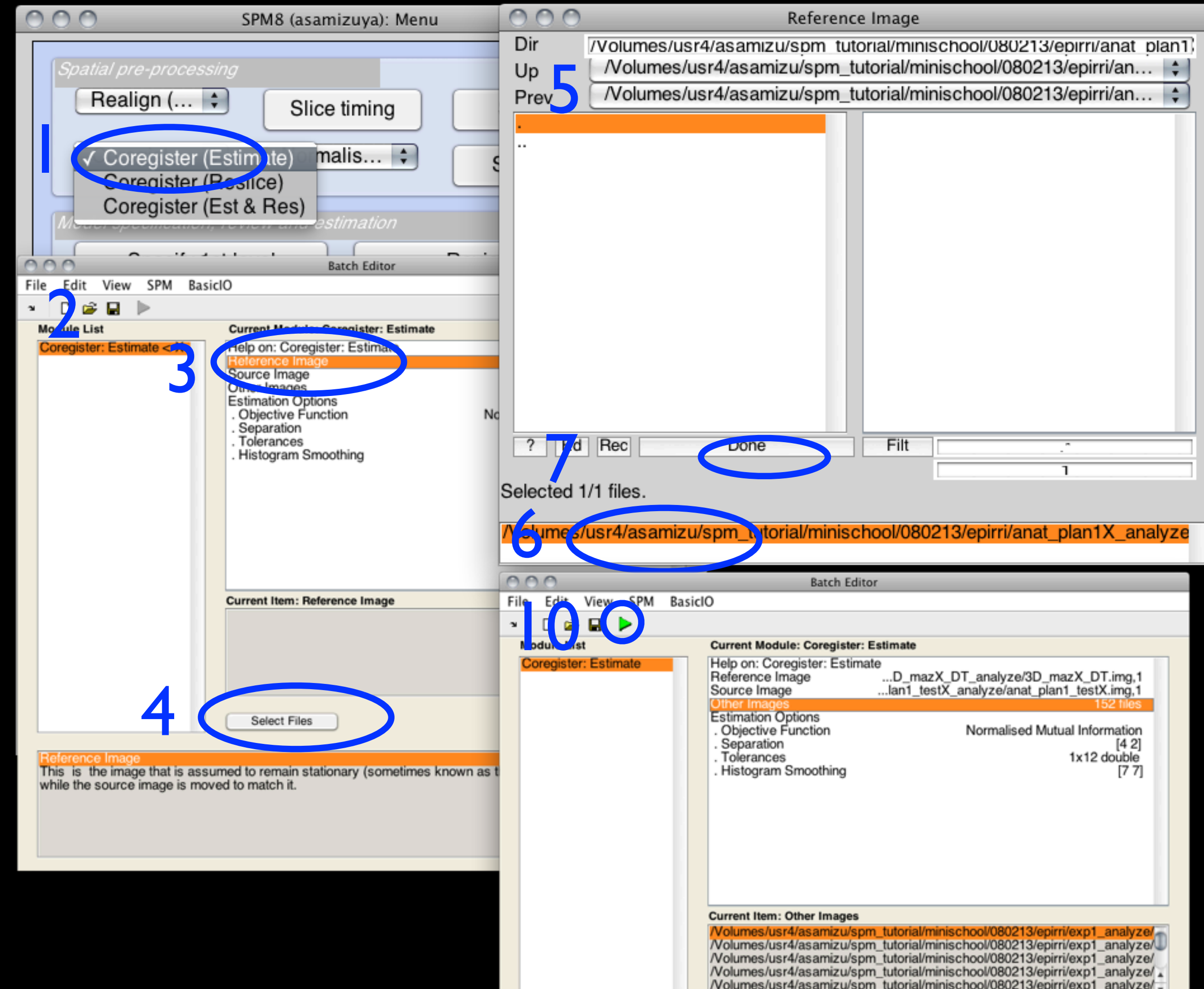


TI画像を用いたCoregistration

F.Coregister by use of T1 images

1. 'Coregister(Estimate)'をクリック
2. Batch Editorが出現
3. 'Reference Image'を選択
4. 'Select Files'をクリック
5. ファイルを選択ダイアログが出現
6. 高解像度解剖画像'3D_mazX_DT.img'を選択
7. 'Done'をクリック
8. 'Source Image'で'anat_plan1_testX.img'を選択
9. 'Other Images'で'arexp1-****.img'を選択

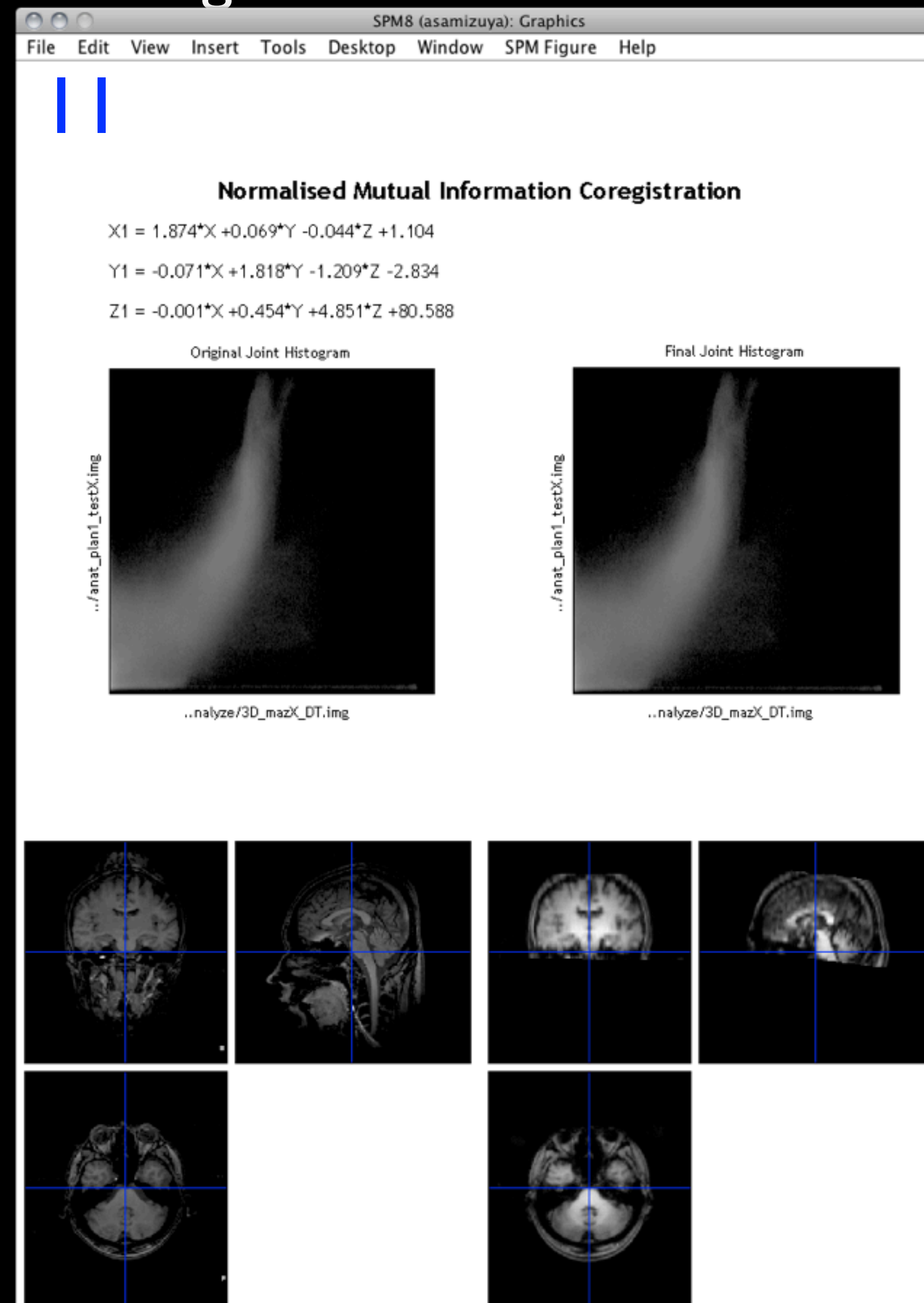
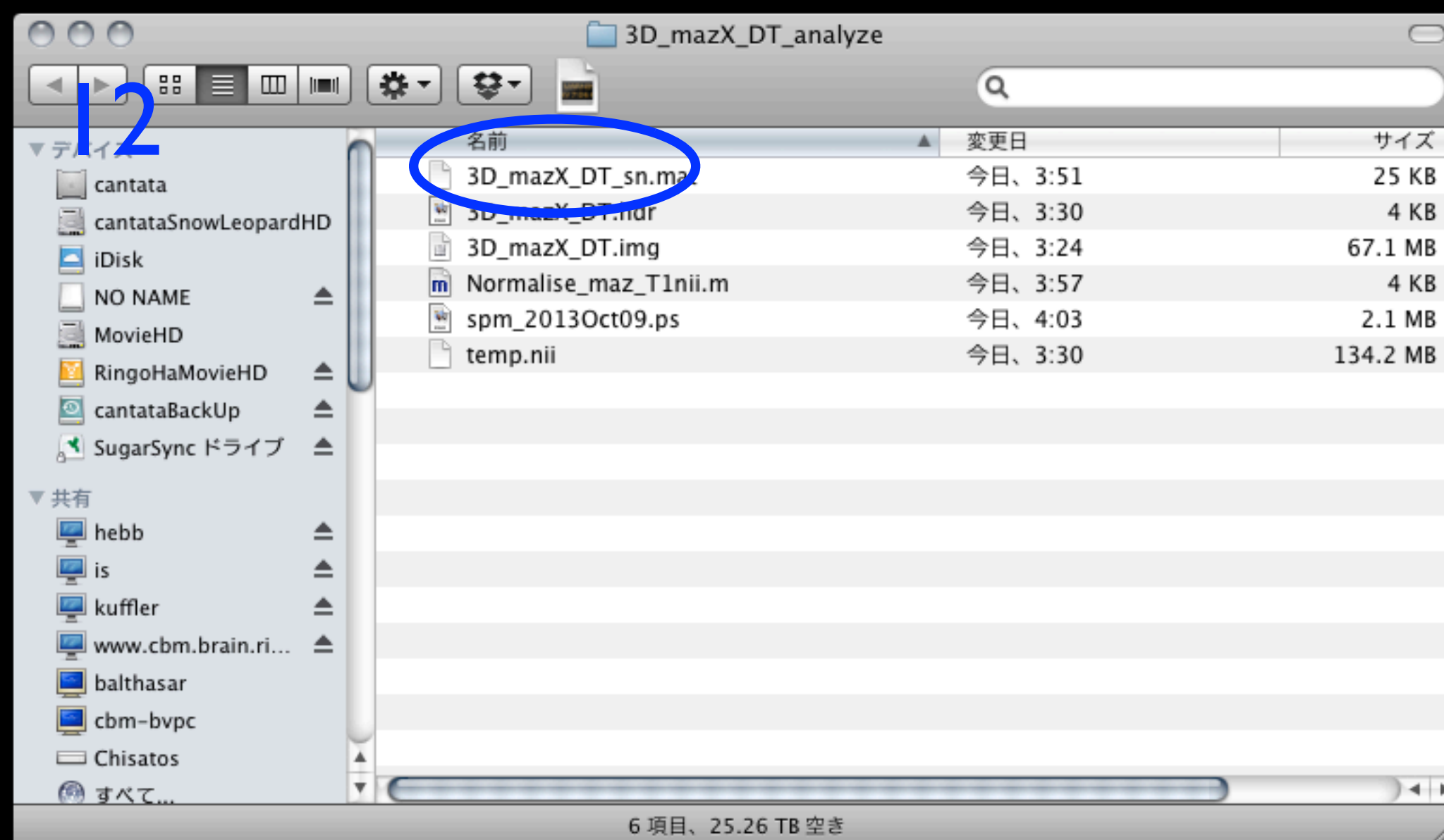
10. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する



F.Coregister by use of T1 images

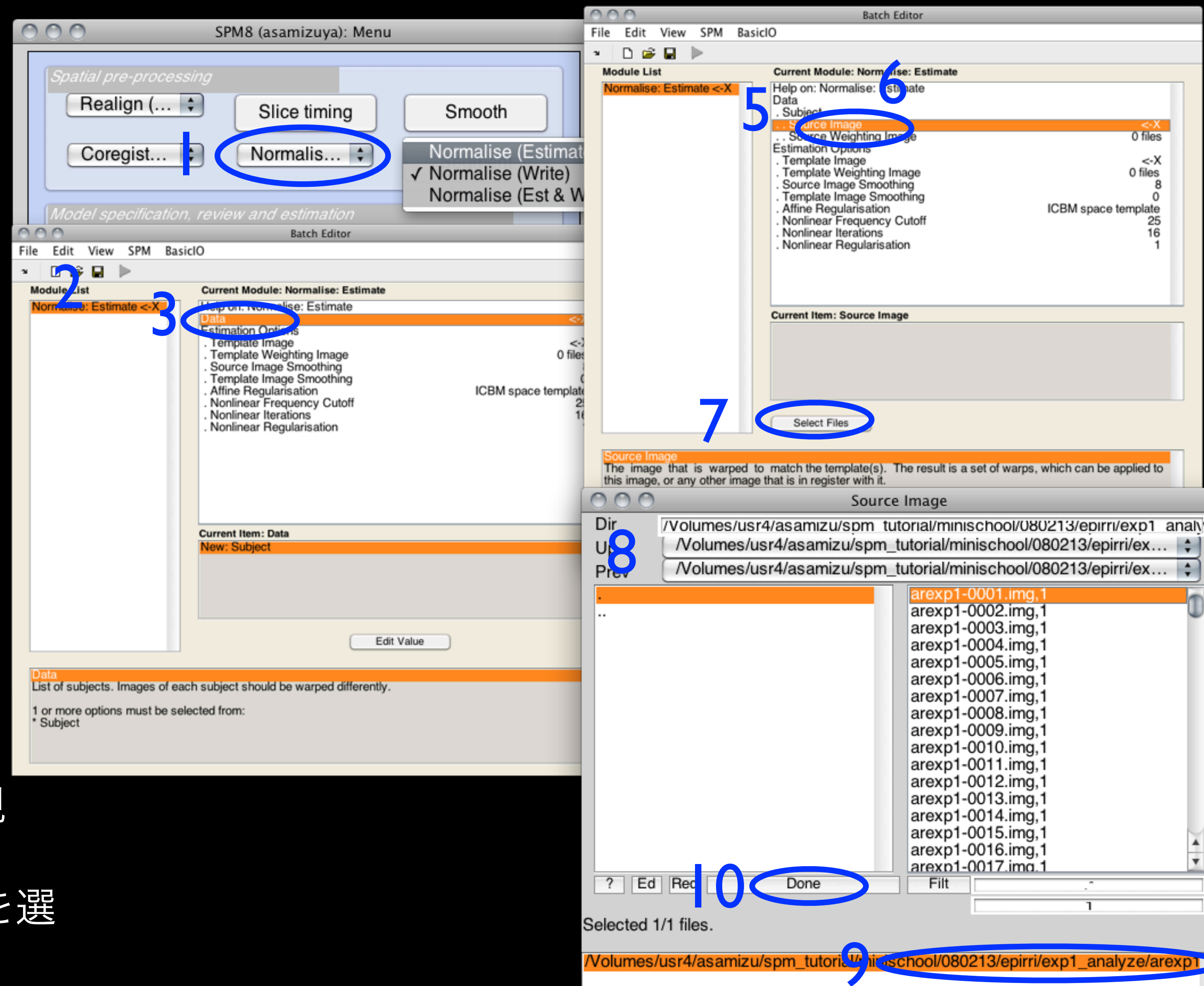
11. Graphicsウィンドウに

12. 変換行列が生成される



G. Normalise by use of T1 images

1. プルダウンメニュー‘Normalis...’より Normalize (Estimate) を選択
2. Batch Editor が出現
3. ‘Data’ を選択
4. ‘New: Subject’ をクリック
5. ‘Data’ の下に ‘Subject’ 欄が出現
6. ‘Source Image’ を選択
7. ‘Select Files’ をクリック
8. ‘Source Image’ 選択のダイアログが出現
9. 高解像度解剖画像 ‘3D_mazX_DT.img’ を選択
10. ‘Done’ をクリック



G. Normalise by use of T1 images

11. Batch Editor上の‘Template Image’を選択

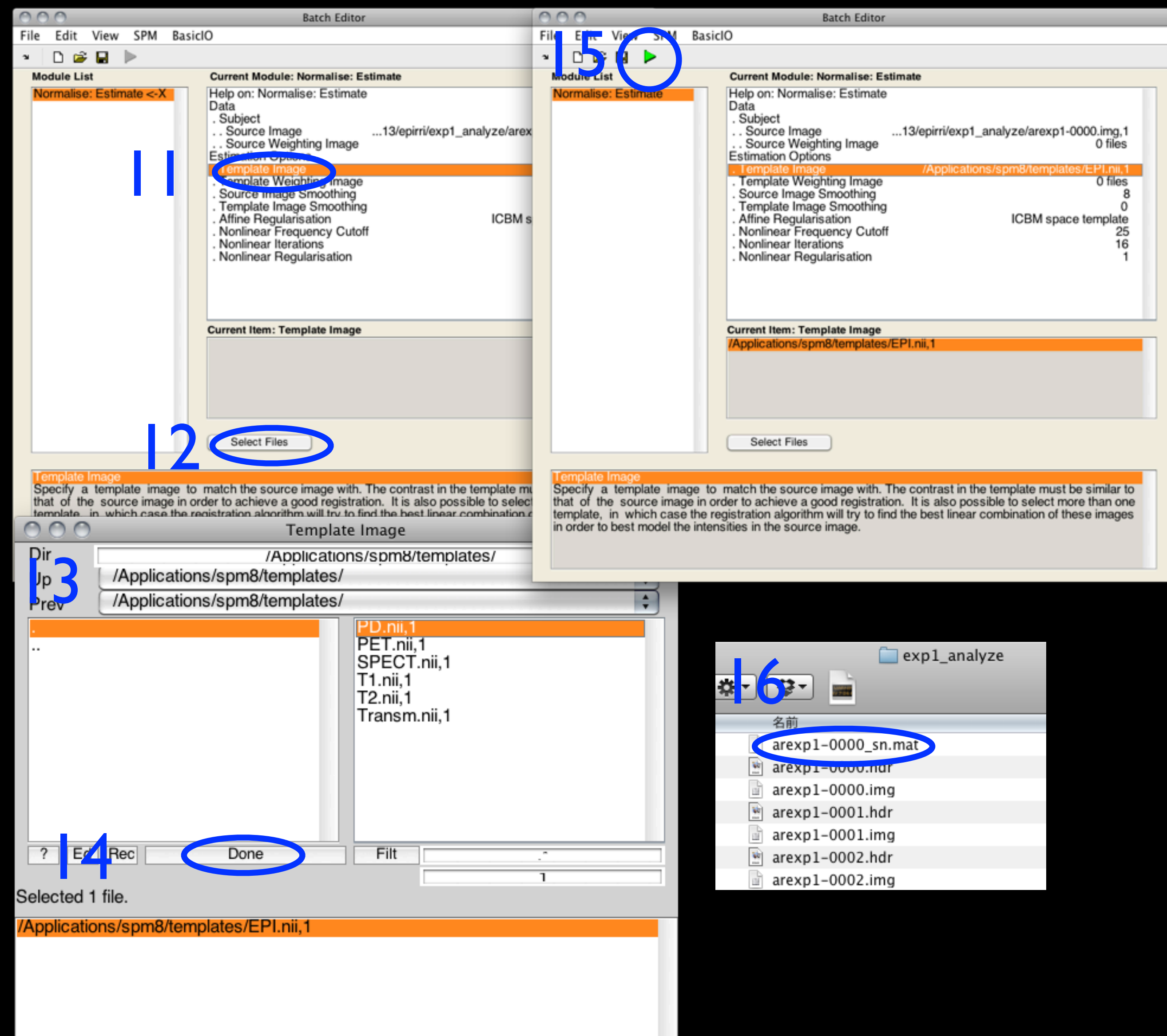
12. ‘Select Files’をクリック

13. ‘Template Image’ダイアログにて‘Application/spm8/templates/’上の‘T1.nii’を選択

14. ‘Done’ボタンをクリック

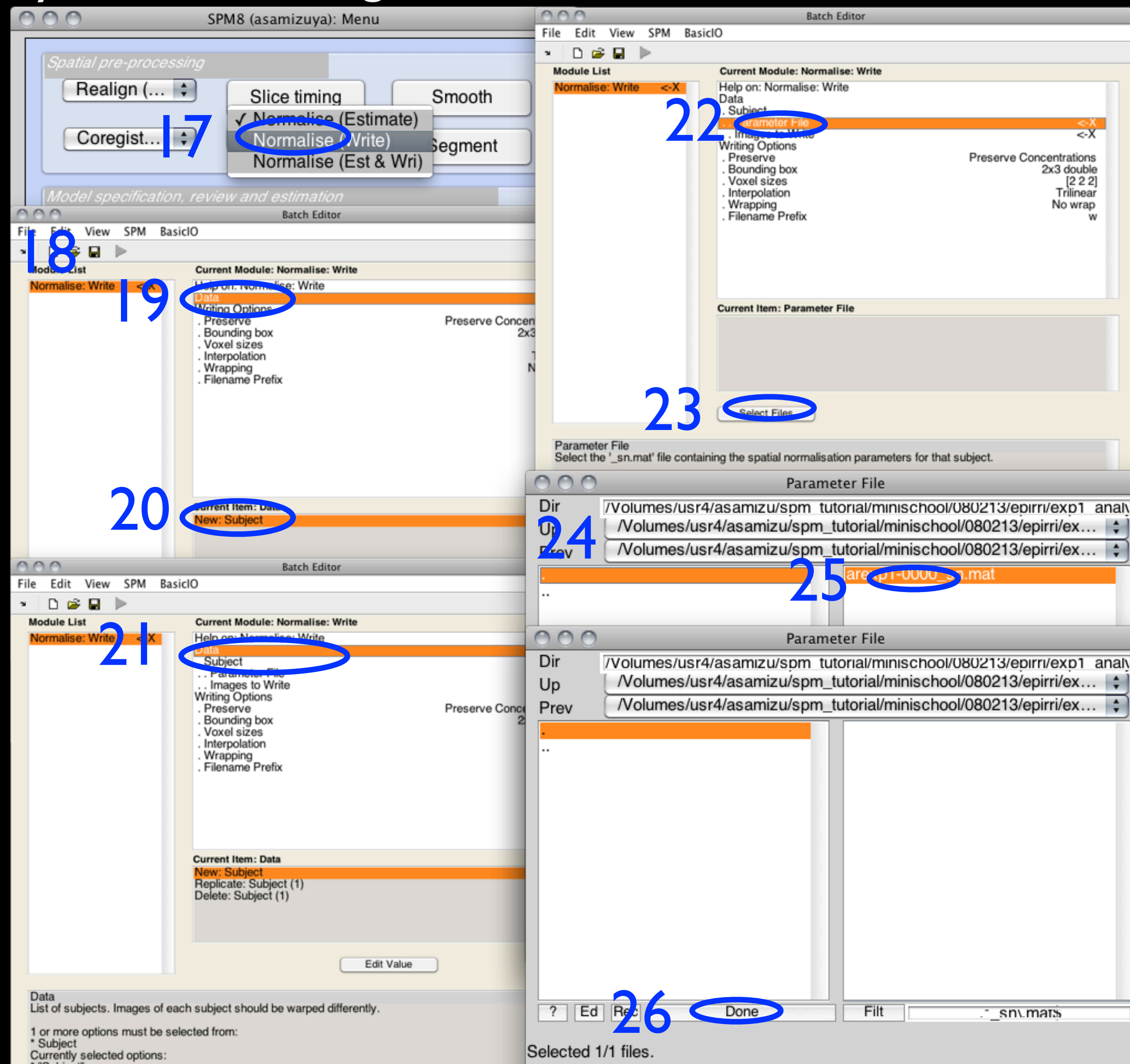
15. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

16. Normalise(Estimate)が完了すると、‘***_sn.mat’ファイルができる。



G.Normalize by use of T1 images

17. プルダウンメニュー‘Normalis...’から Normalize (Write)を選択
18. Batch Editorが開く
19. Dataを選択
20. ‘New: Subject’をクリック
21. Dataの下に‘Subject’欄が出現
22. ‘Parameter File’をクリック
23. ‘Select File’をクリック
24. ‘Source Image’選択のダイアログが出現
25. 14でできた‘3D_mazX_DT_sn.mat’ファイルを選択



G. Normalise by use of T1 images

27. 'Images to Write'をクリック

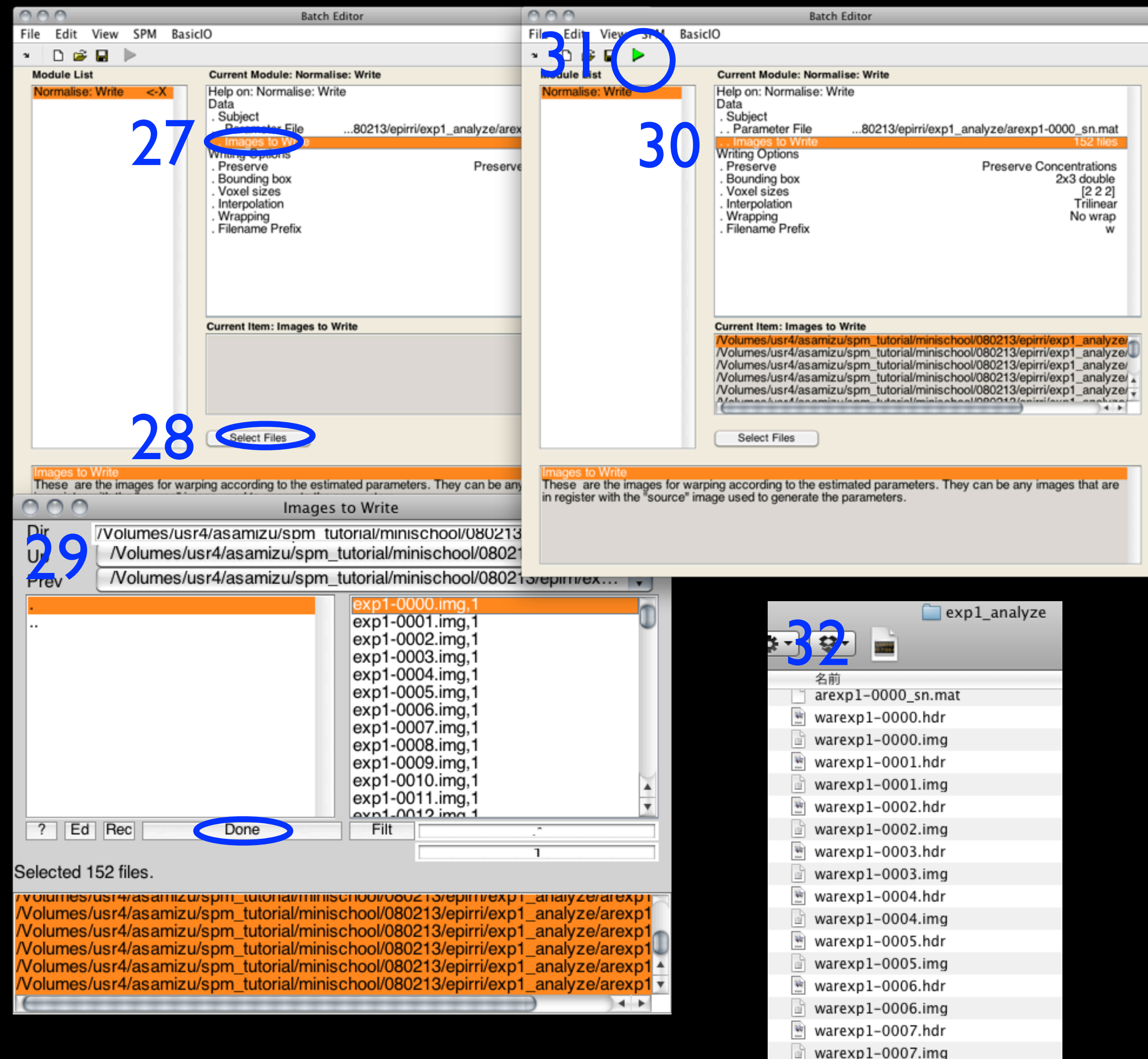
28. 'Select File'をクリック

29. normaliseするEPIデータを全て選択して'Done'をクリック

30. 'Image to Write'欄にEPI画像が登録さる。

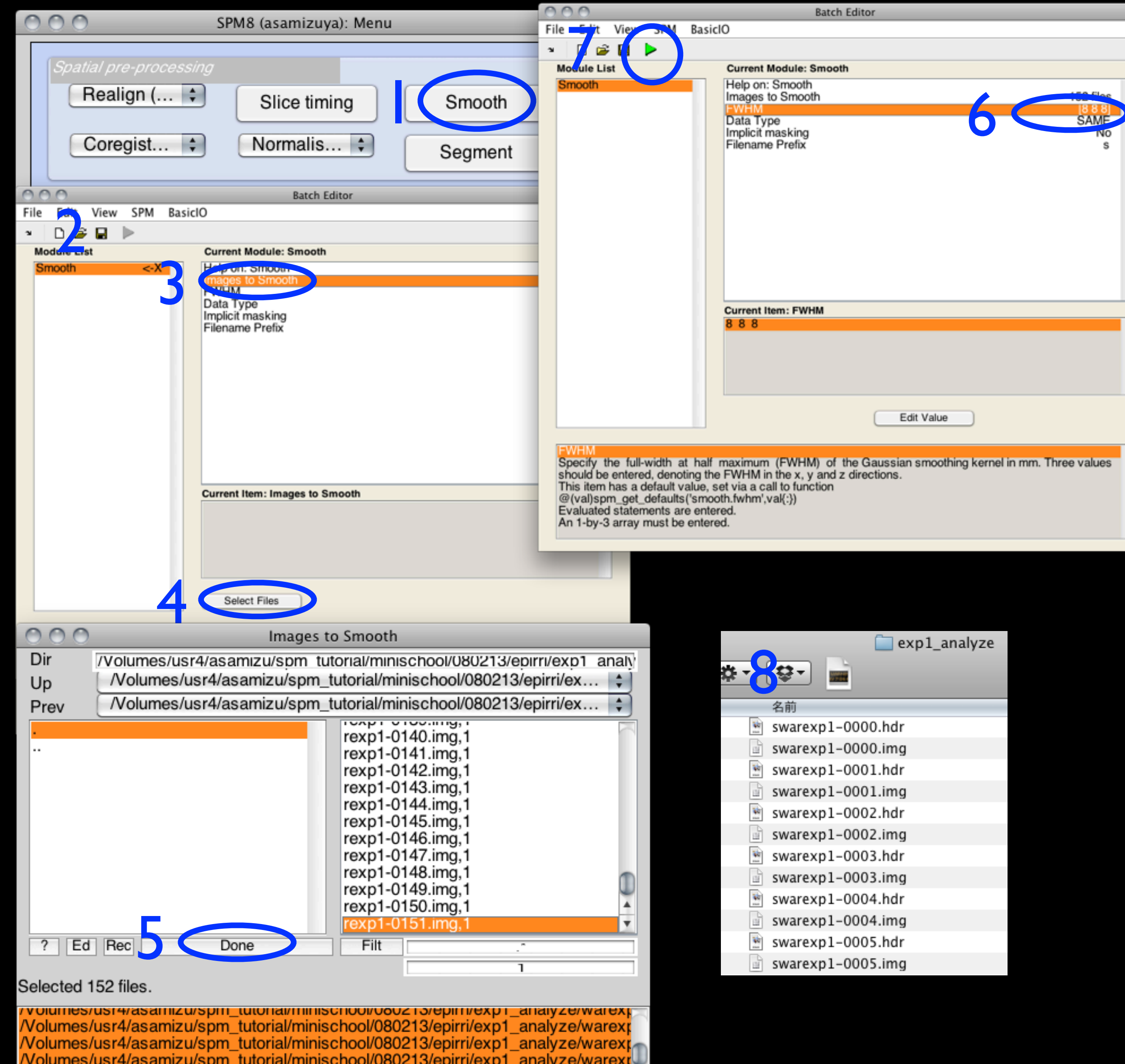
31. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

32. 元のEPI画像のファイル名'rexp1-****.img'の先頭に'w'の付いたファイル名'warexp1-****.img'でNormaliseされた画像が保存される



H.Smooth

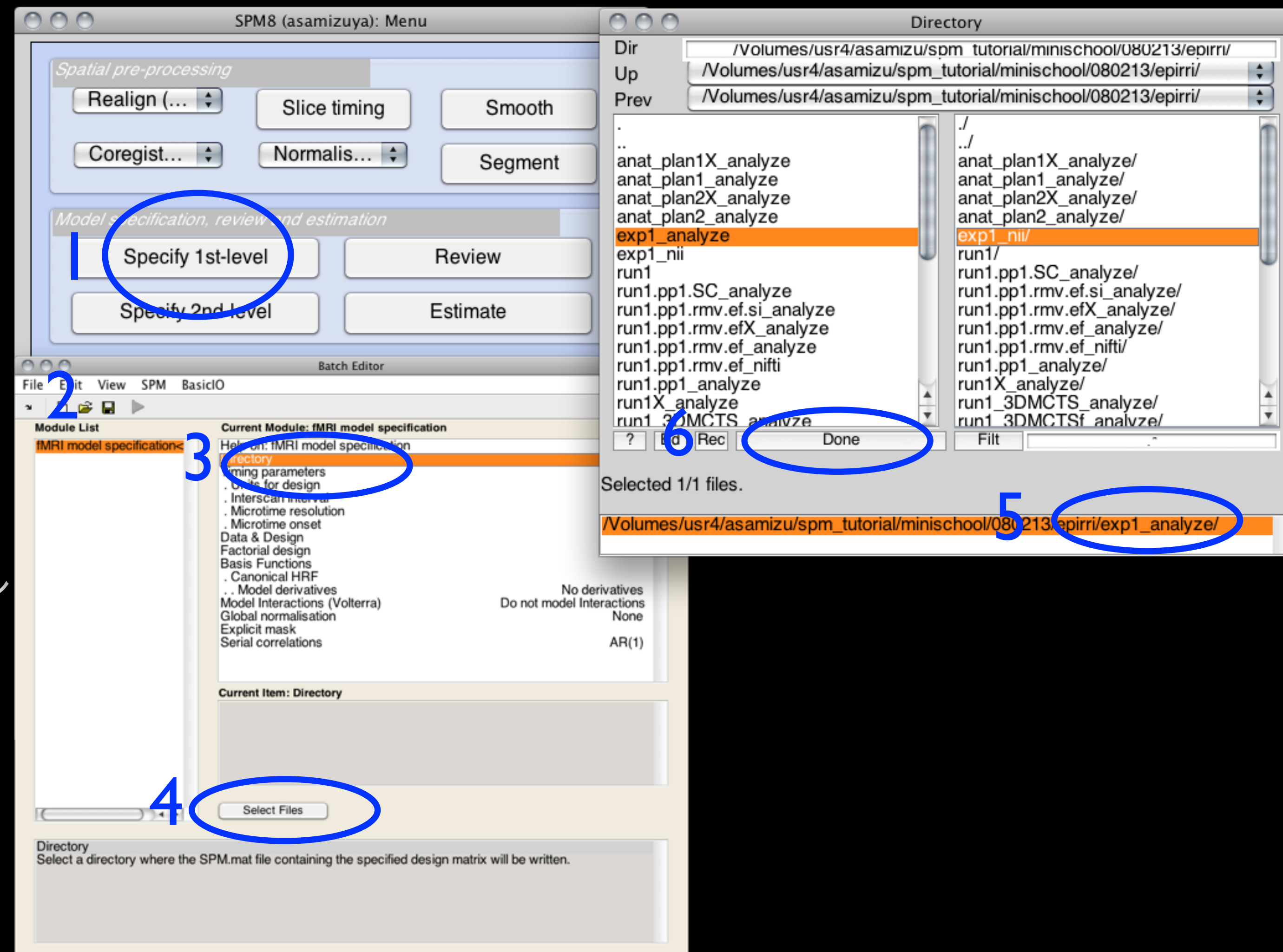
1. Menuより'Smooth'ボタンをクリック
2. Batch Editorが開く
3. 'Image to Smooth'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが開き、そこで先程NormaliseしたEPI画像 'warexp1-****.img' 全てを選択して'Done'を
6. smoothing[FWHM]は8mm (デフォルト)のまま
7. 緑色になった矢印ボタンを押して実行
8. smoothされたEPI画像が ファイル名の先頭に's'のついた'swarexp1-****.img'として保存される



Block Design

I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

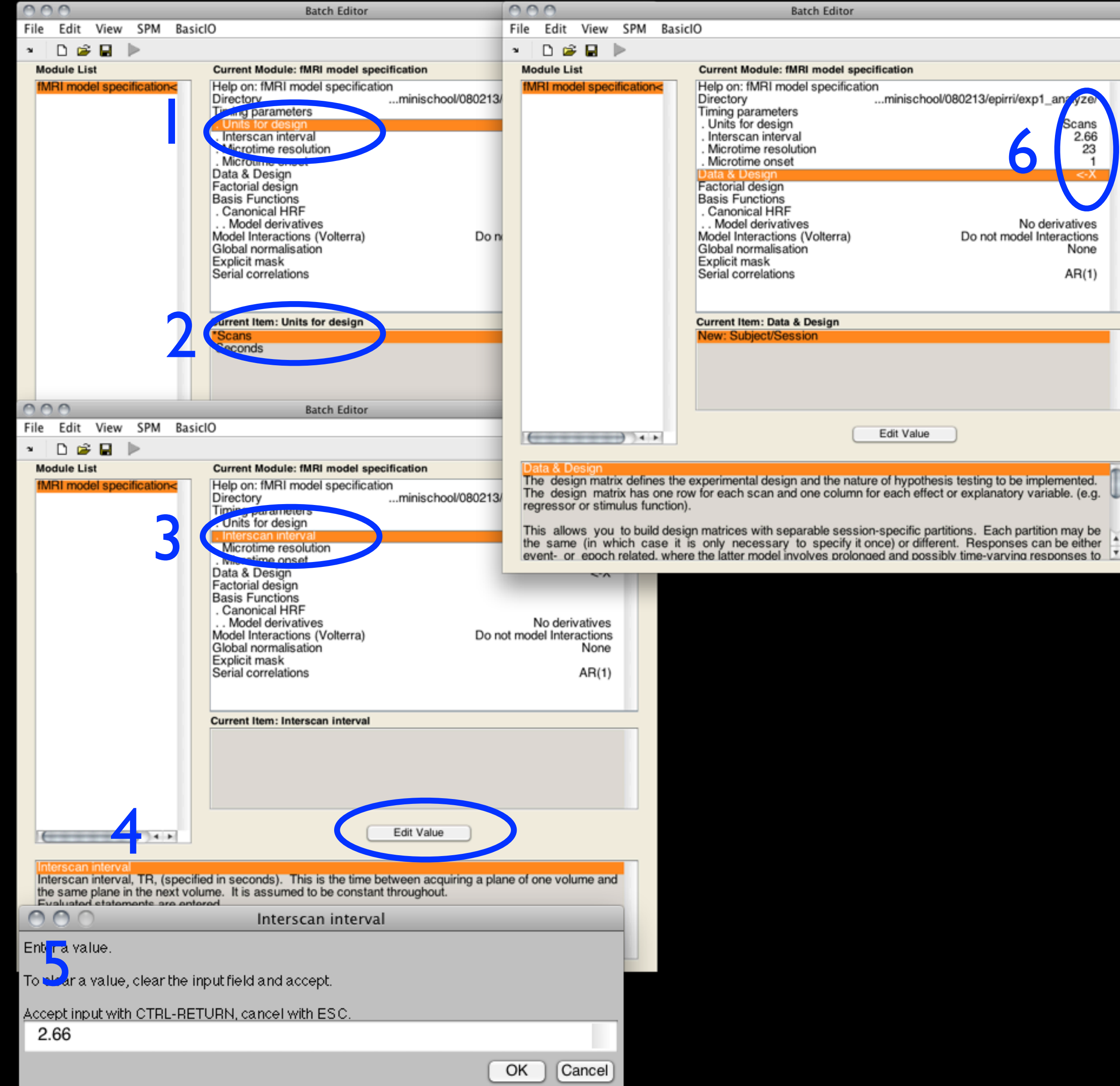
- 作業ディレクトリ指定
 1. 'Specify 1st-level'ボタンをクリック
 2. Batch Editor起動
 3. 'Directory'欄をクリック
 4. 'Select Files'をクリック
 5. 解析結果'***.mat'の保存先となるディレクトリを選択
 6. 'Done'をクリック



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Timing parameterの設定

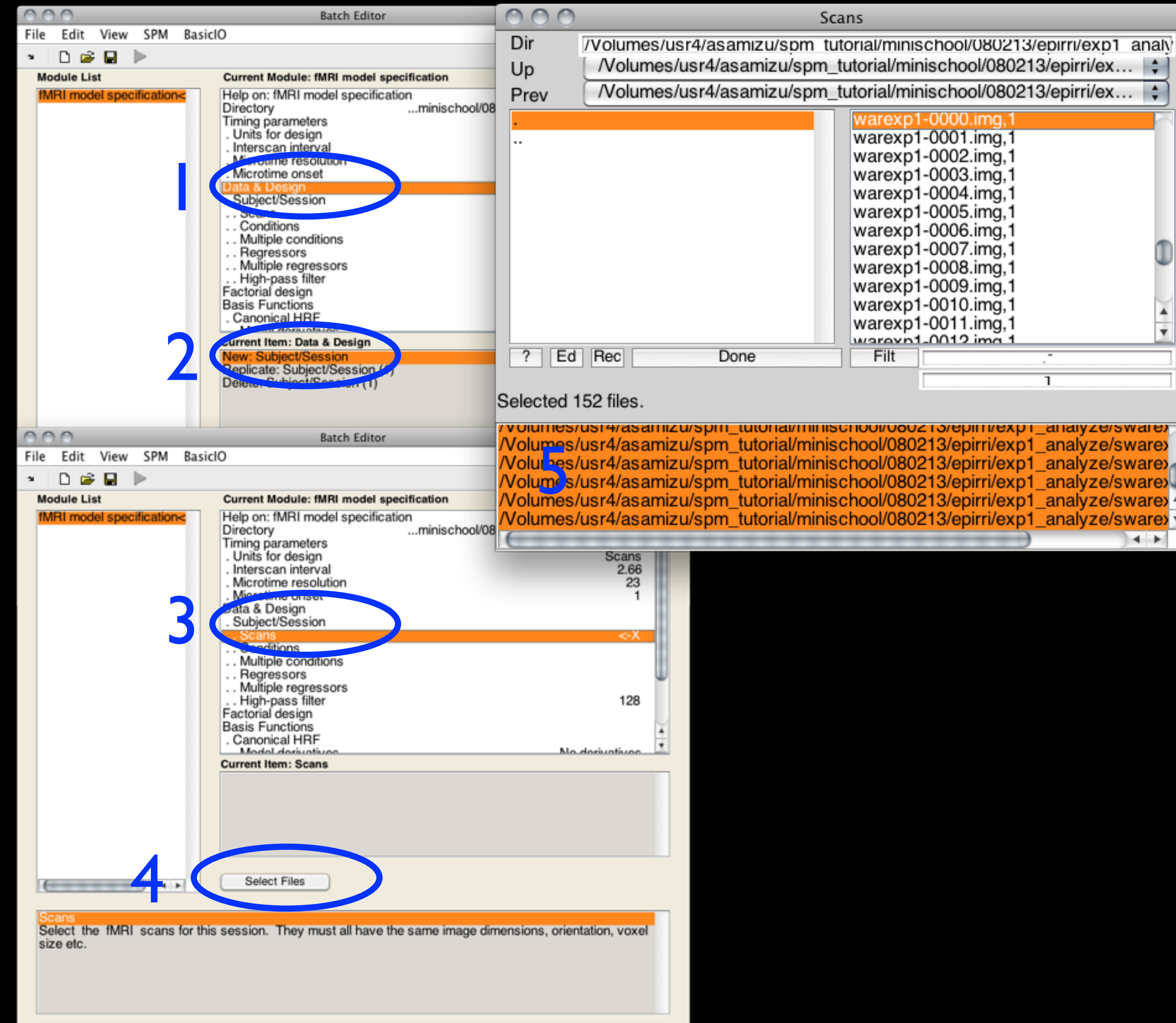
1. 'Timing parameter'下の'Units for design'をクリック
2. [Scans],[Seconds]が選択可能になる。ここでは[Scans]を選択
3. 'Interscan interval'をクリック
4. 'Edit Value'をクリック
5. Volume TRを秒単位（ここでは2.66秒）で入力、'OK'をクリック
6. 同様に'Microtime resolution'にslice数である'23'、'Microtime onset'に'1'を入力



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

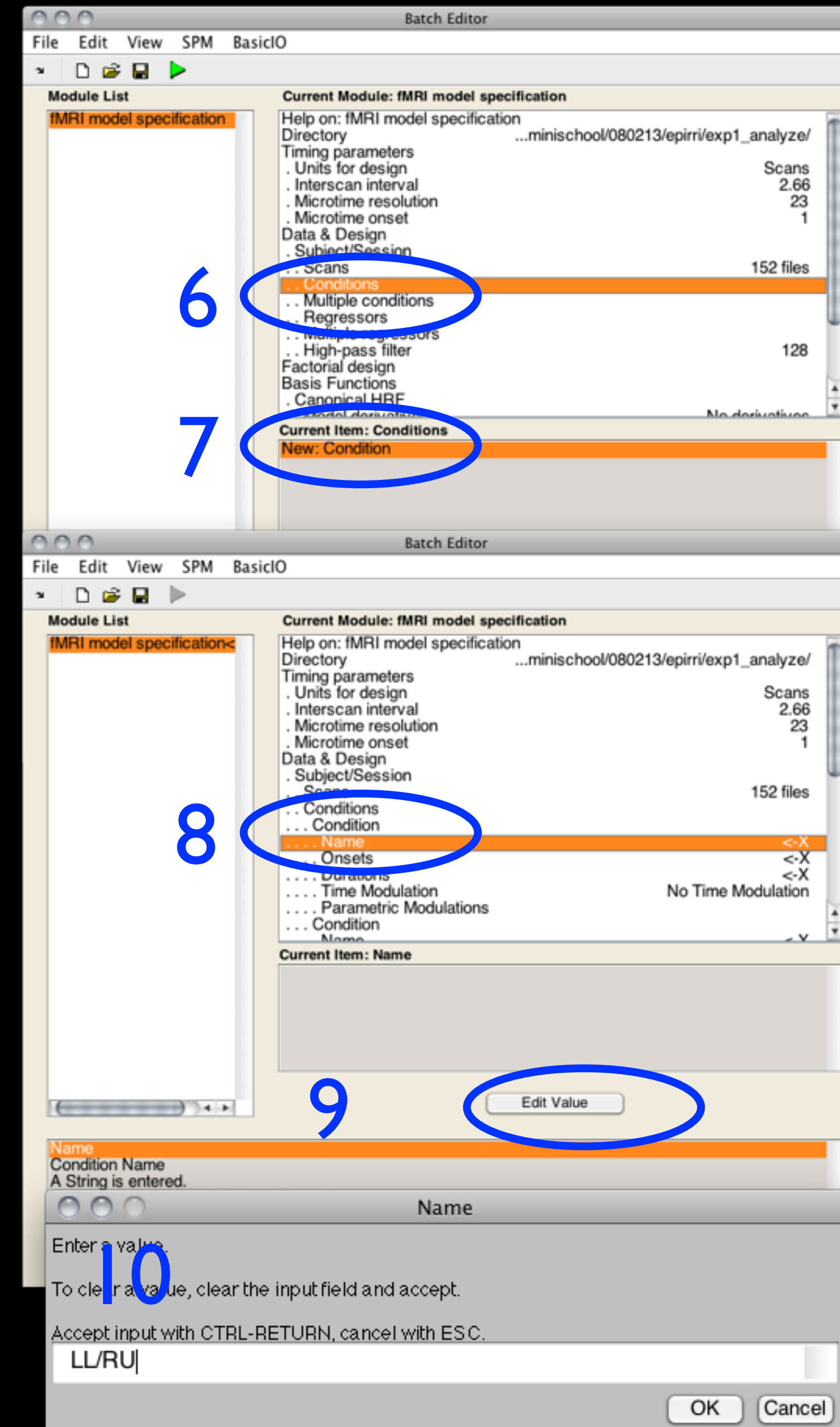
- Data & Designの設定

1. 'Data & Design'をクリック
2. 'New: Subject/Session'をセッション分をクリック。ここでは1回
3. 'Scans'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、そこでEPIデータ'swarexp1-***.img'をすべて（152枚）選択して'Done'をクリック



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Data & Designの設定
6. 'Conditions'をクリック
 7. 'New: Conditions'を条件の数だけクリック。ここでは2回
 8. 'Conditions'-'>'Condition'一つ目->'Name'をクリック
 9. 'Edit Value'をクリック
 10. 'Name'ウィンドウが現れるので条件の名前を記す。ここでは'LL/RU'



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Data & Designの設定

11. 'Onsets'をクリック、'Edit Value'をクリック

12. 'Onsets'入力ウィンドウが開き、条件'LU/RU'刺激のonset volumeを入力する。ここでは'9 41 57 89 105 137'と入力。'OK'をクリック

13. 'Conditions'下の'Durations'をクリック、'Edit Value'をクリック

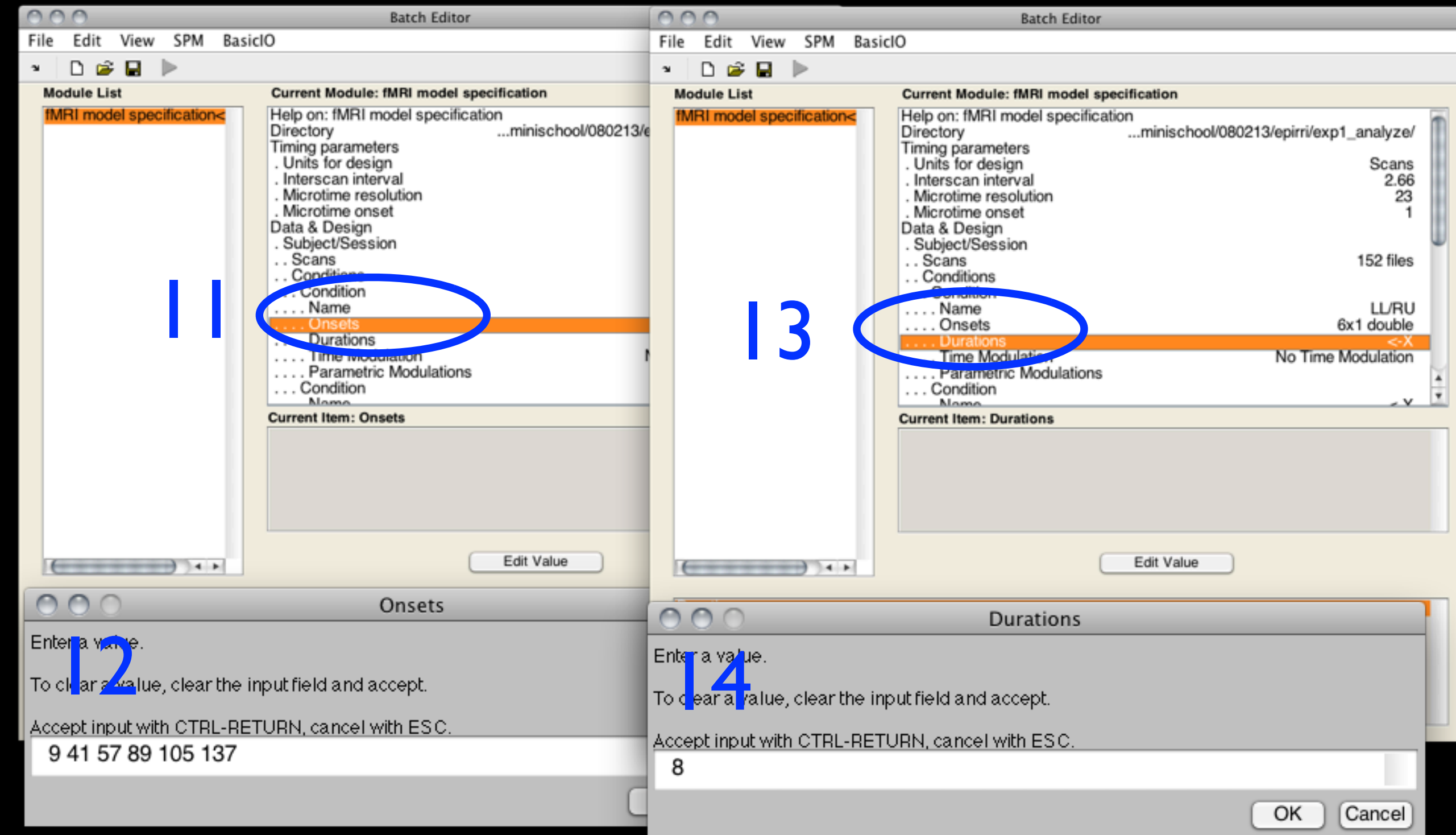
14. 'Durations'に刺激提示のvolume数'8'を入力

15. 同様に条件'LU/RL'についても入力する

1. Name: LU/RL

2. Onsets: 25 41 57 73 121 137

3. Durations: 8



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Data & Designの設定

16. 'Basis Functions'をクリック

17. 'Canonical HRF'を選択

18. Batch Editorにある▶ボタンが緑色になり、スクリプトが実行可能になる。

19. [File] -> [Save Batch]で処理の内容を、例えば'Design.mat'という名前を付けて保存すれば、同じ条件の実験データについても[Specify 1st-level]->[File]->[Load Batch]で利用できる

20. 緑色の▶ボタンをクリック、Design Matrixが計算され、'SPM.mat'として自動保存される

21. Design Matrixが表示される

The image displays two screenshots from the SPM8 software interface. The left screenshot shows the 'Batch Editor' window with the 'fMRI model specification' module selected. A green play button is visible in the top right corner. The right screenshot shows the 'Statistical analysis: Design' window, which displays a design matrix with columns for '5n(1) LU/RU*bf(1)', '5n(1) LU/RL*bf(1)', and '5n(1) constant'. Below the matrix is a 'parameter estimability' plot and a 'Design description...' section.

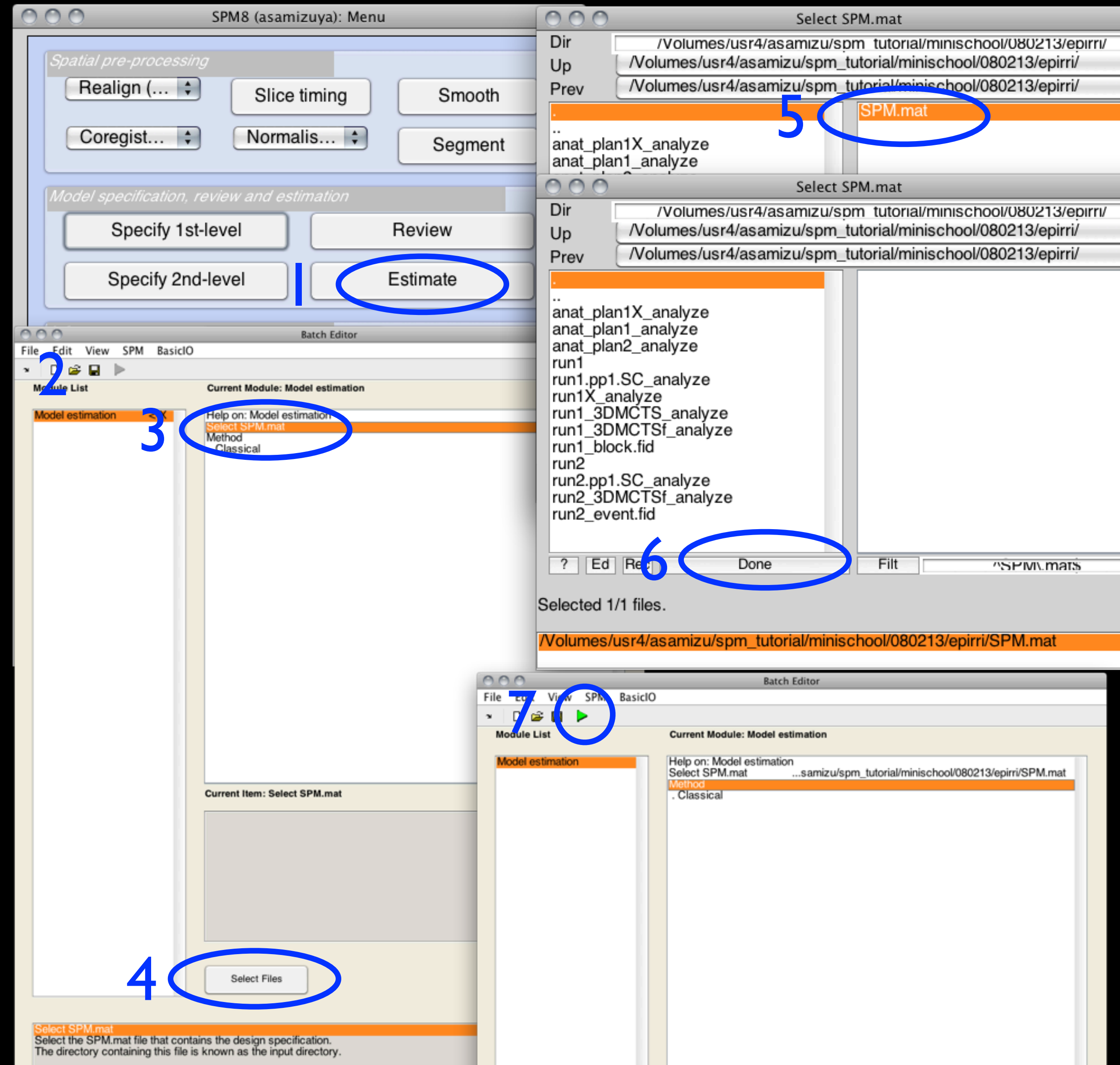
Design description...

- Basis functions : hrf
- Number of sessions : 1
- Trials per session : 2
- Interscan interval : 2.66 [s]
- High pass Filter : Cutoff: 128 [s]
- Global calculation : mean voxel value
- Grand mean scaling : session specific
- Global normalisation : None

I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Estimation

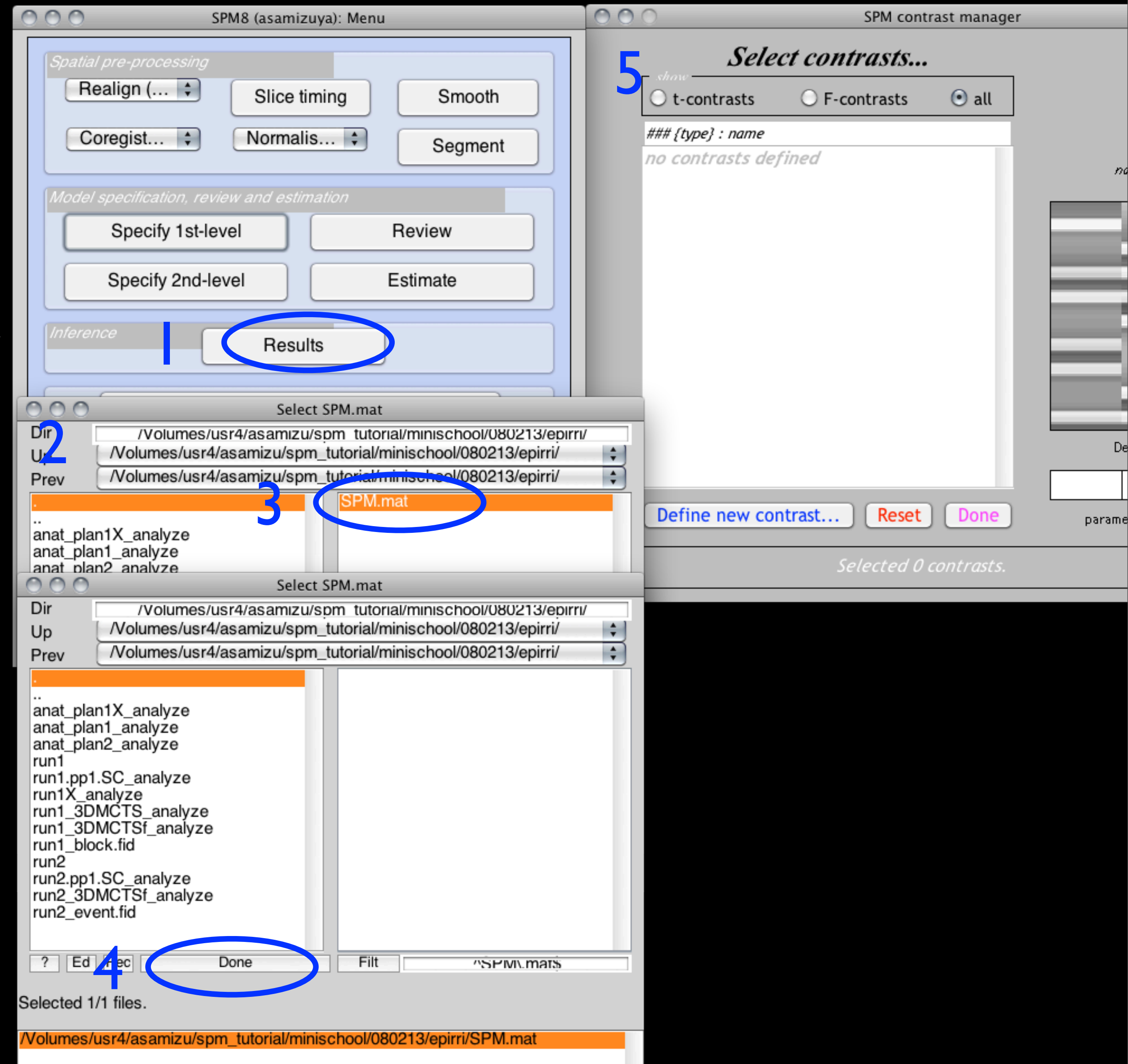
1. 'Estimate'をクリック
2. Batch Editorが表示される
3. 'Select SPM.mat'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
6. 'Done'をクリック
7. 矢印ボタンをクリックして実行



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Results

1. 'Results'をクリック
2. ファイル選択のダイアログが現れる
3. 'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
4. 'Done'をクリック
5. 'SPM contrast manager'が現れる



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Results

6. 't-contrast'をクリック
7. 'Define new contrast...'ボタンをクリック
8. name欄に'LL/RU'と入力
9. contrast欄に'1 0'と入力
10. 'OK'ボタンをクリック
11. contrasts欄に出来上がったコントラストが表示される
12. 同様に'LU/RL'コントラストについてもつくる (name:'LU/RL', contrast:'0 1')



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Results

13. '001{T}:LL/RU'を選択

14. 'Done'ボタンをクリック

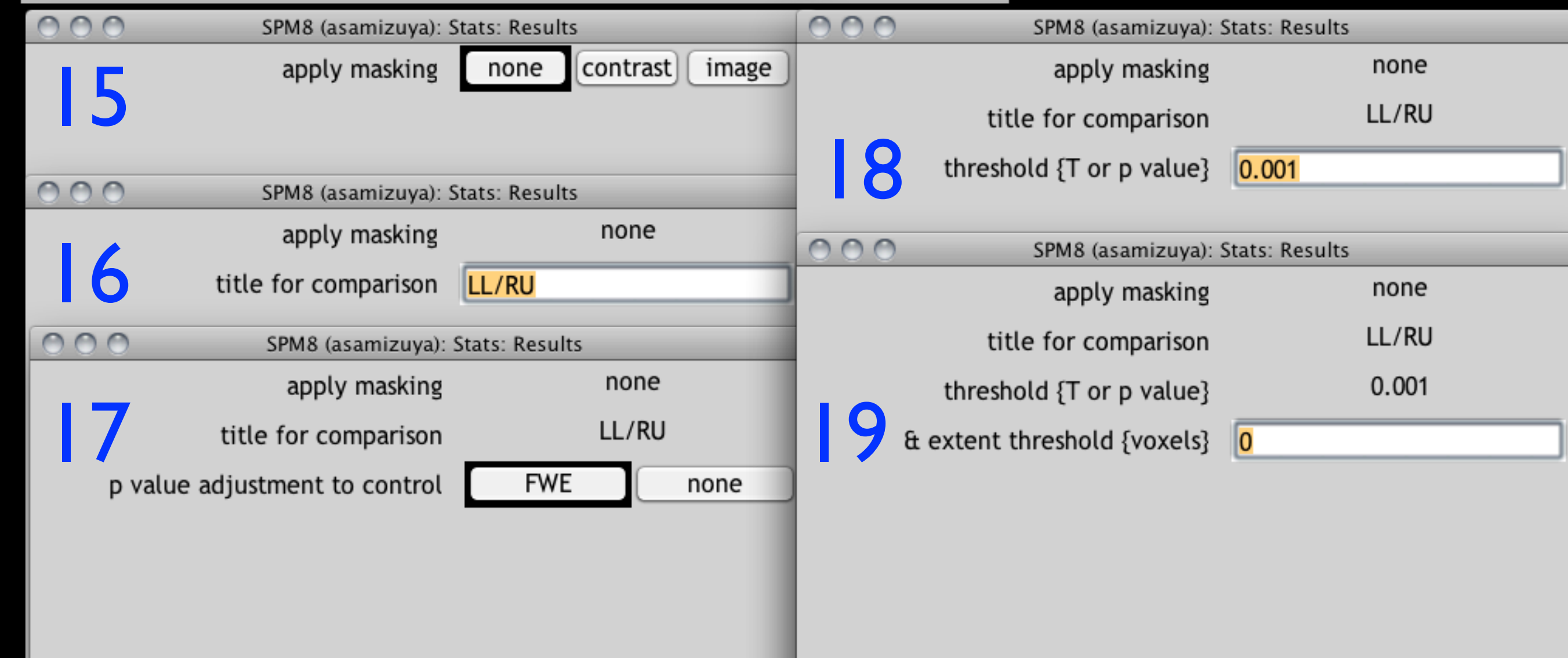
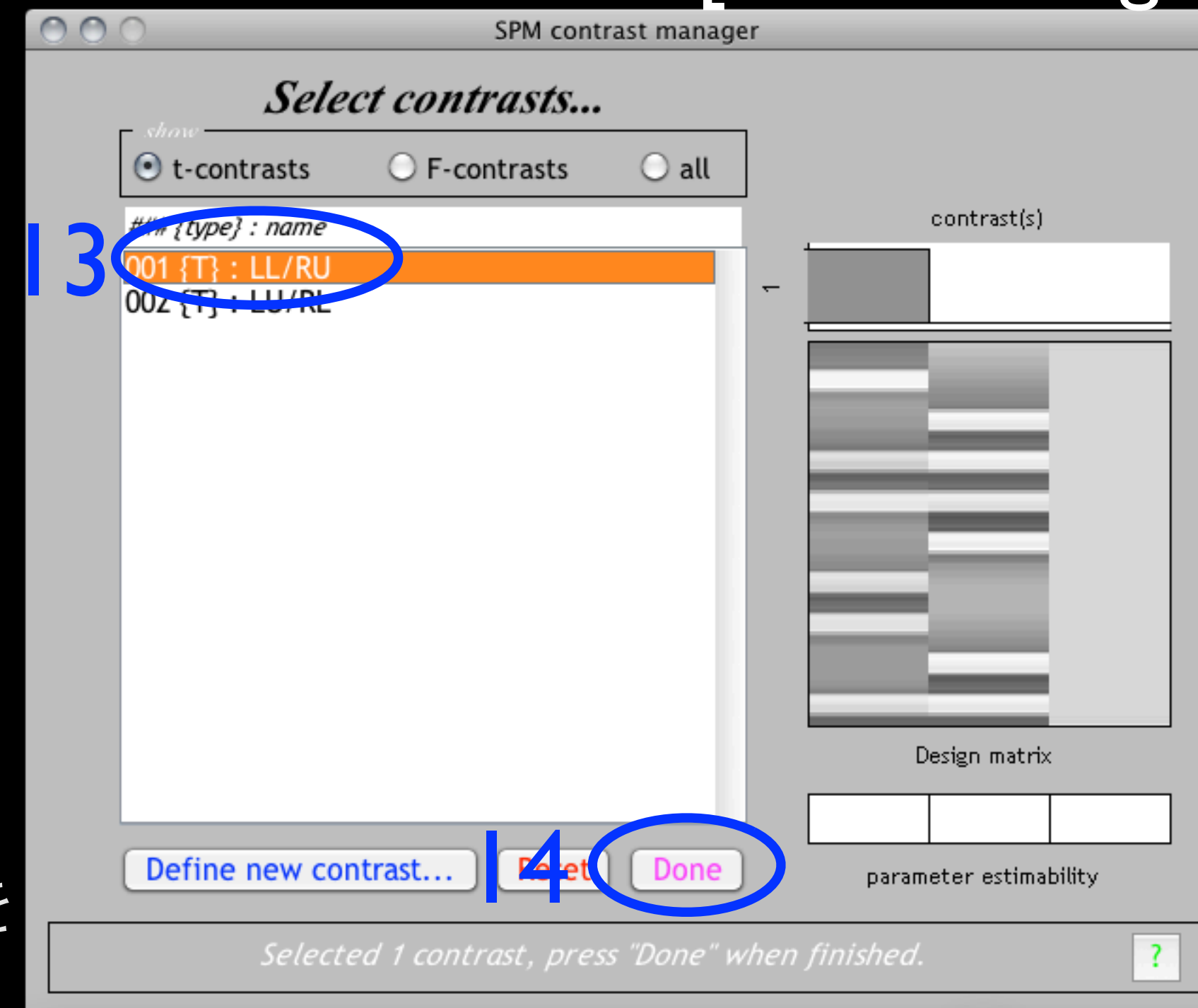
15. 'apply masking'では'none'をクリック

16. 'title for comparison'に'LL/RU'と入力

17. 'p value adjustment to control'では'none'をクリック

18. 'threshold {T or p value}'にp値'0.001' (デフォルト) を入力

19. 'extent threshold {voxels}'に'0' (デフォルト) と入力



I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Results

20. Graphic windowにactivation mapが表示される

21. 'whole brain'ボタンをクリックする

22. Graphic windowに全体のactivated clustersが表示される

SPM8 (asamizuya): Graphics

File Edit View Insert Tools Desktop Window SPM Figure Help

20 LL/RU contrast[s]

SPM{ T_{143} }

SPMresults: ./minischool/080213/epirri
Height threshold $T = 3.148202$ ($p < 0.001$ (unc.))

SPM8 (asamizuya): SPM{T}: Results

Design Contrasts

21 whole brain

Multivariate eigenvari... CVA plot

current cluster multivariate Bayes overlays...

small volume BMS p-value save...

Hemodynamics clear exit ?

co-ordinates $x = 0.00$ $y = 0.00$ $z = 0.00$ statistic

Statistics: *p-values adjusted for search volume*

set-level		cluster-level				peak-level					mm mm mm		
p	c	$p_{FWE-corr}$	$q_{FDR-corr}$	k_E	p_{uncorr}	$p_{FWE-corr}$	$q_{FDR-corr}$	T	(Z_2)	p_{uncorr}			
0.006	8	0.000	0.000	4323	0.000	0.000	0.000	11.74	Inf	0.000	6	-98	-4
						0.000	0.000	11.74	Inf	0.000	-22	-90	-26
						0.000	0.000	8.69	7.76	0.000	-10	-82	-18
		0.364	0.681	193	0.170	0.000	0.000	5.85	5.53	0.000	8	-90	40
						0.494	0.399	3.67	3.59	0.000	12	-80	52
		0.699	0.920	58	0.452	0.516	0.399	3.65	3.56	0.000	40	-78	38
		0.706	0.920	56	0.460	0.780	0.721	3.38	3.31	0.000	2	46	12
		0.875	0.948	10	0.782	0.850	0.848	3.29	3.22	0.001	-46	48	18
		0.913	0.948	2	0.919	0.875	0.873	3.25	3.19	0.001	-50	14	-42
		0.913	0.948	2	0.919	0.926	0.909	3.16	3.10	0.001	0	60	30
		0.920	0.948	1	0.948	0.928	0.909	3.15	3.09	0.001	20	66	0

table shows 3 local maxima more than 8.0mm apart

Height threshold: $T = 3.15$, $p = 0.001$ (0.930) Degrees of freedom = [1.0, 143.0]
Extent threshold: $k = 0$ voxels, $p = 1.000$ (0.930) FWHM = 20.5 24.3 15.5 mm mm mm; 10.2 12.2 7.8 (voxels)
Expected voxels per cluster, $\langle c \rangle = 108.850$ Volume: 1746560 = 218320 voxels = 210.2 resels
Expected number of clusters, $\langle c \rangle = 2.66$ Voxel size: 2.0 2.0 2.0 mm mm mm (resel = 966.08 voxels)
FWEp: 4.489, FDRp: 5.854, FWEc: 4323, FDRc: 4323

I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Results

23. プルダウンメニュー‘overlays...’より

24. ‘sections’を選択

25. ダイアログにて‘/Applications/spm8/canonical/’ディレクトリ内の‘single_subj_T1.nii’を選択、‘Done’ボタンをクリック

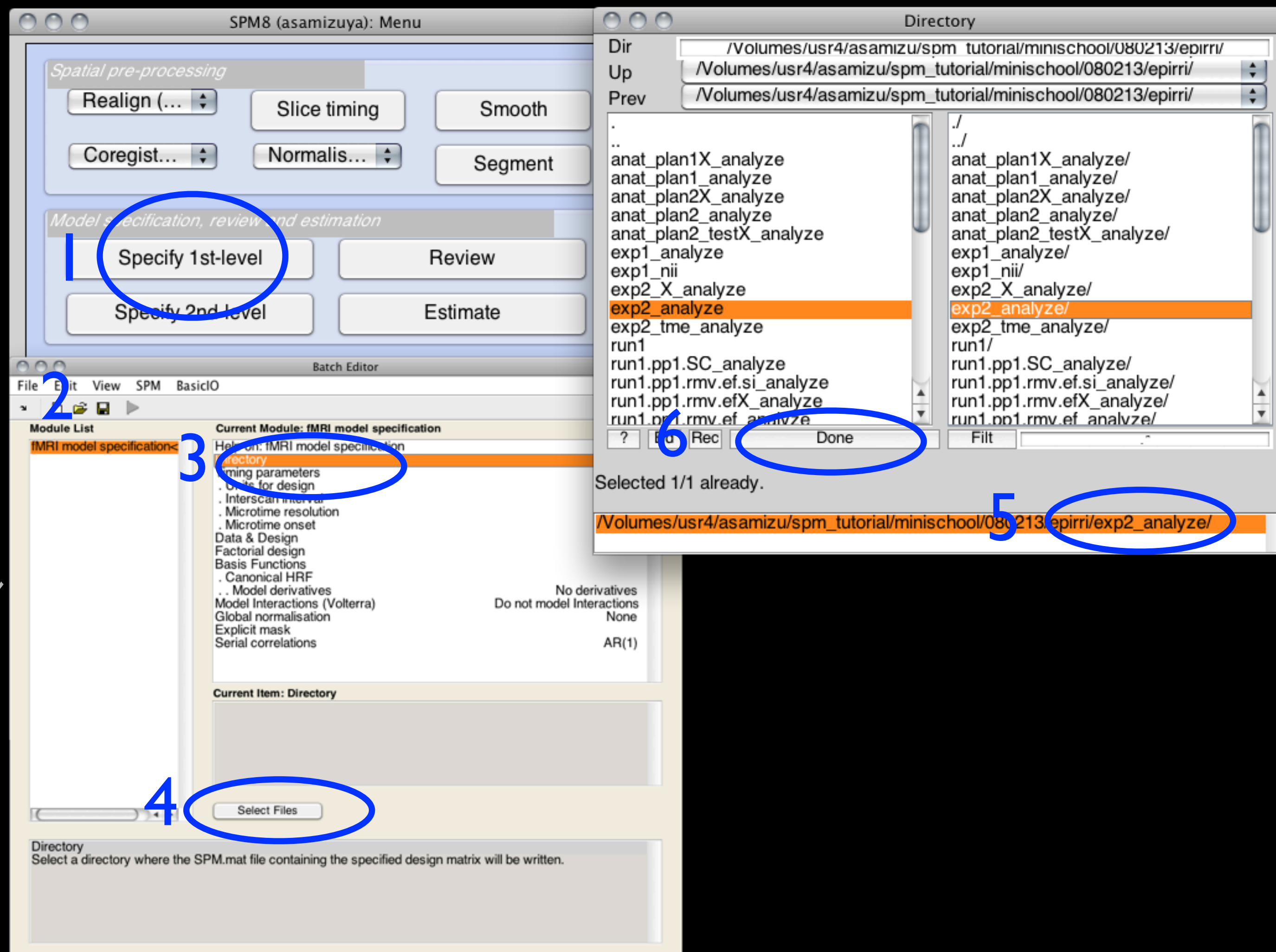
26. T1強調画像の上にactivationが重ねて表示される

The image displays the SPM8 software interface. The main window is titled 'SPM8 (asamizuya): SPM{T}: Results' and shows the 'Design' and 'Contrasts' tabs. The 'Design' tab is active, showing a list of design matrices. The 'Contrasts' tab is also visible, showing a list of contrasts. The 'overlays...' button is circled in blue, and a dropdown menu is open, showing 'sections' selected. The 'Graphics' window is also visible, showing brain slices with activation overlaid on a T1 image. A color scale on the right indicates the intensity of the activation. A file selection dialog is also visible, showing the path '/Applications/spm8/canonical/' and the file 'single_subj_T1.nii,1' selected.

Event - Related Design

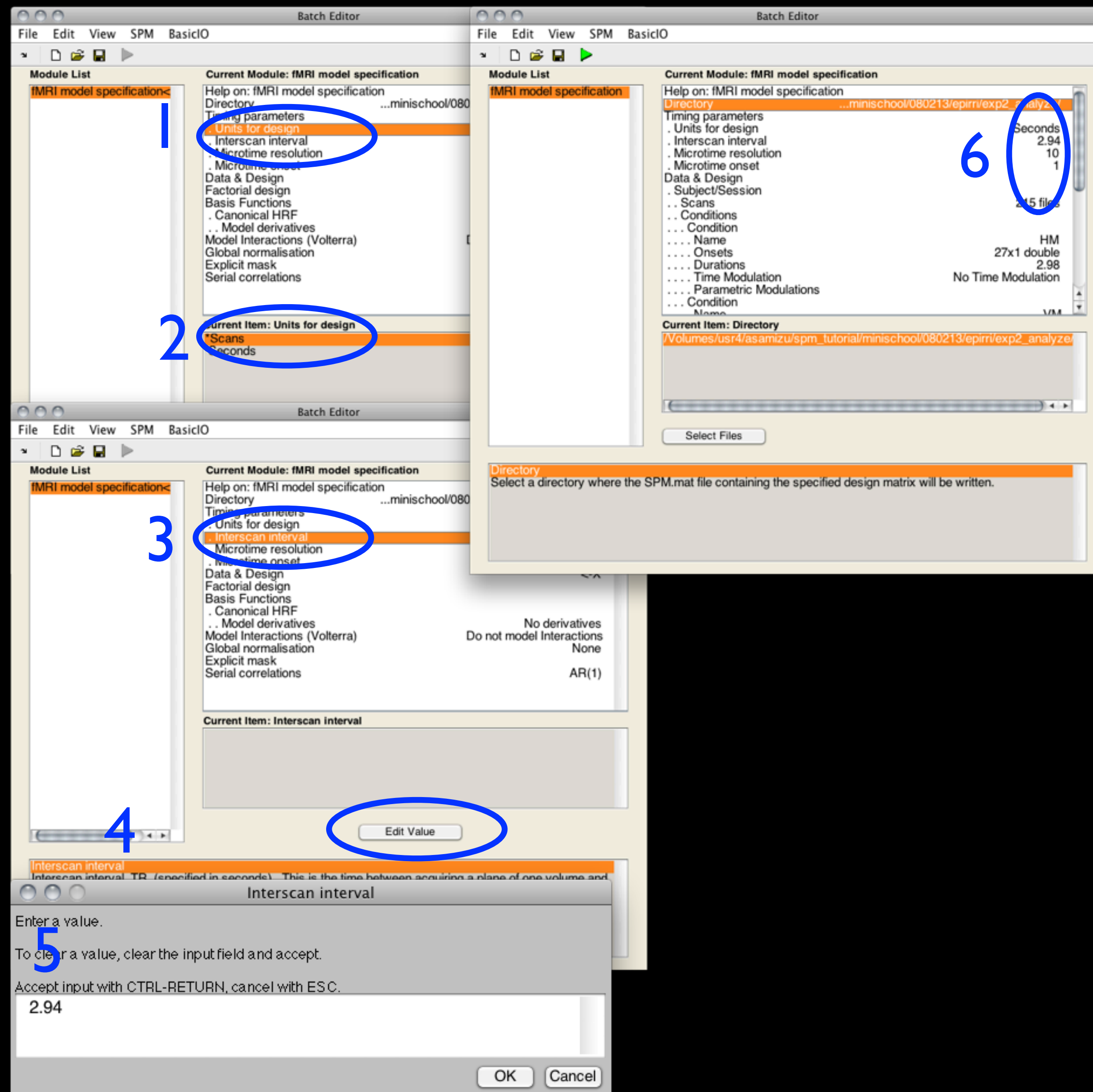
K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- 作業ディレクトリ指定
 1. 'Specify 1st-level'ボタンをクリック
 2. Batch Editor起動
 3. 'Directory'欄をクリック
 4. 'Select Files'をクリック
 5. 解析結果'***.mat'の保存先となるディレクトリを選択
 6. 'Done'をクリック



K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

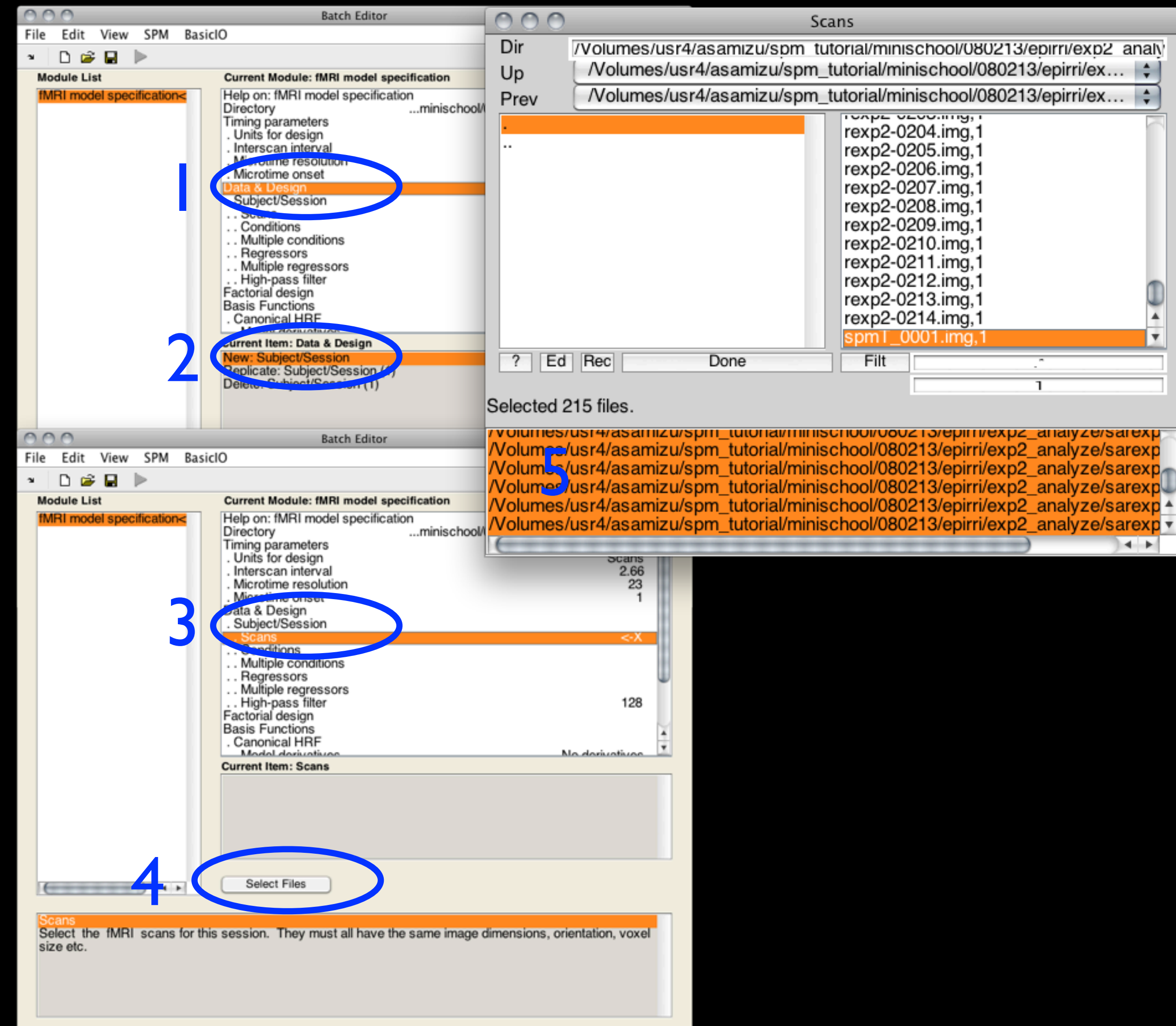
- Timing parameterの設定
 1. 'Timing parameter'下の'Units for design'をクリック
 2. [Scans],[Seconds]が選択可能になる。ここでは[Seconds]を選択
 3. 'Interscan interval'をクリック
 4. 'Edit Value'をクリック
 5. Volume TRを秒単位（ここでは2.94秒）で入力、'OK'をクリック
 6. 同様に'Microtime resolution'にslice数である'23'、'Microtime onset'に'1'を入力



K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

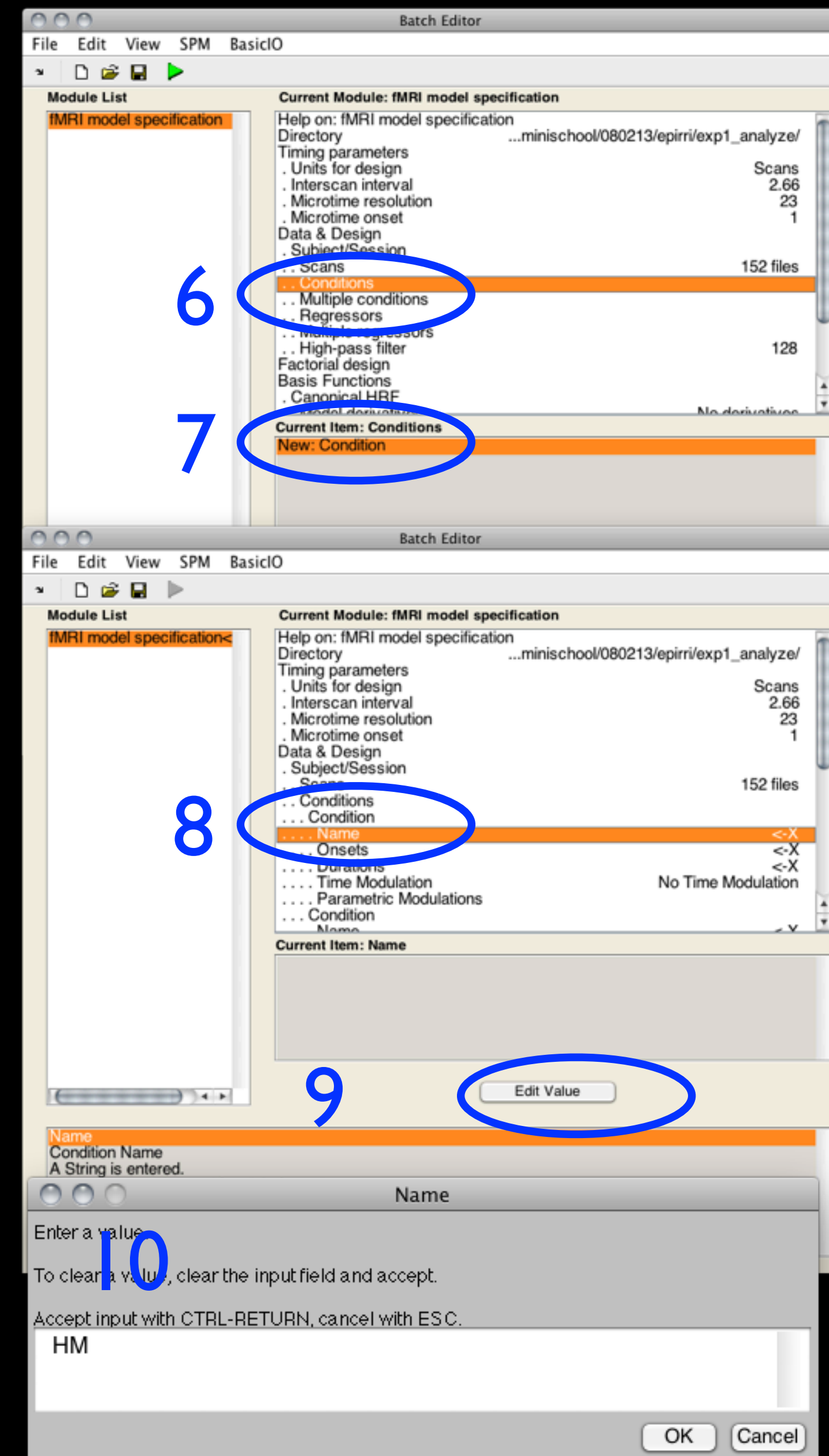
- Data & Designの設定

1. 'Data & Design'をクリック
2. 'New: Subject/Seesion'をセッション分をクリック。ここでは1回
3. 'Scans'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、そこでEPIデータ'sarexp2-****.img'をすべて(215枚)選択して'Done'をクリック



K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Data & Designの設定
6. 'Conditions'をクリック
 7. 'New: Conditions'を条件の数だけクリック。ここでは2回
 8. 'Conditions'-'>'Condition'一つ目->'Name'をクリック
 9. 'Edit Value'をクリック
 10. 'Name'ウィンドウが現れるので条件の名前を記す。ここでは'HM'



K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Data & Designの設定

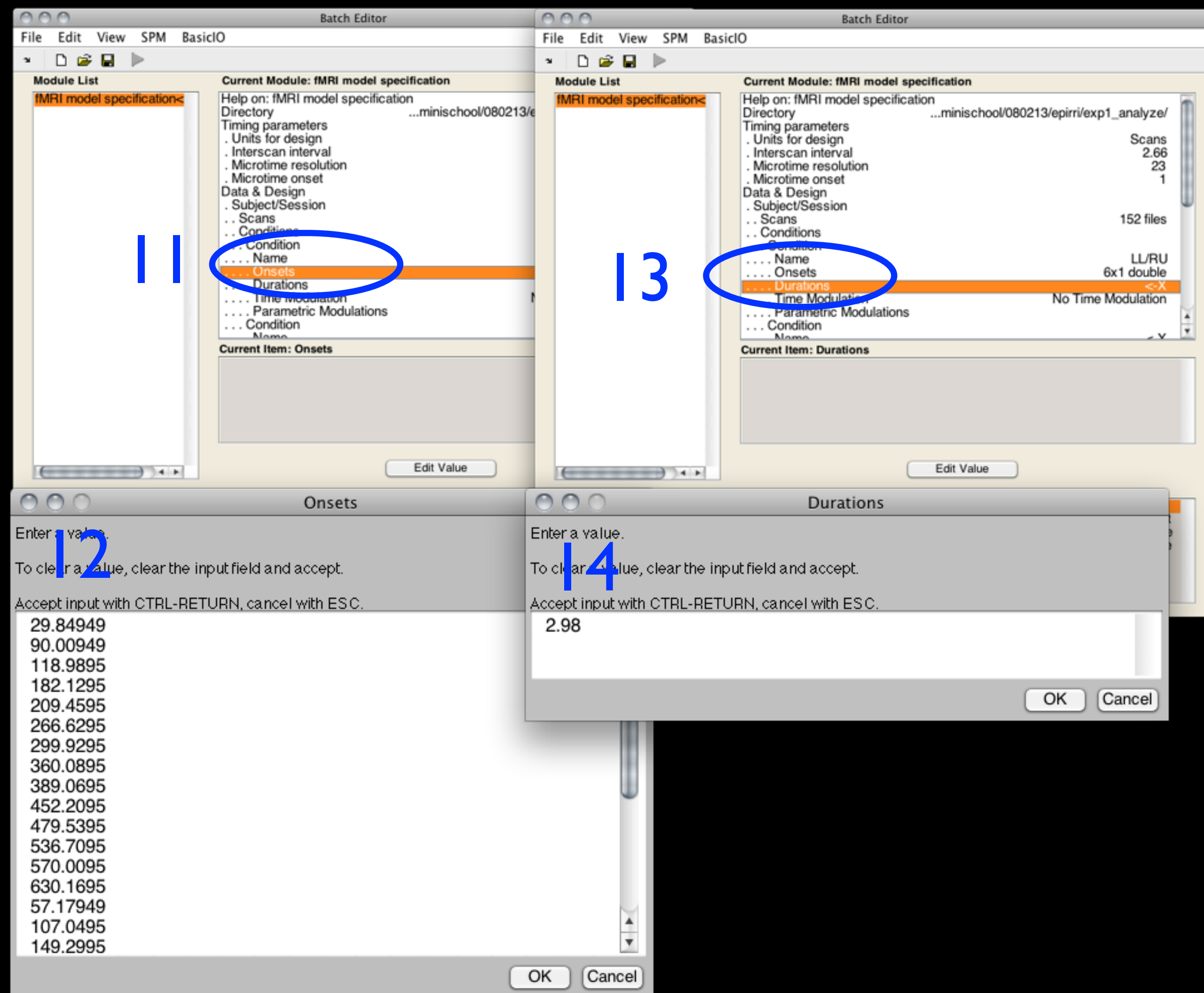
11. 'Onsets'をクリック、'Edit Value'をクリック

12. 'Onsets'入力ウィンドウが開き、条件'HM'刺激のonset volumeを入力する。ここでは？で作られたテキストファイルの中身をコピー&ペーストして入力。'OK'をクリック

13. 'Conditions'下の'Durations'をクリック、'Edit Value'をクリック

14. 'Durations'に刺激提示時間'2.98'を入力

15. 同様に条件'VM'についても入力する



K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Data & Designの設定

16. 'Basis Functions'をクリック

17. 'Canonical HRF'を選択

18. Batch Editorにある▶ボタンが緑色になり、スクリプトが実行可能になる。

19. [File] -> [Save Batch]で処理の内容を、例えば'Design.mat'という名前を付けて保存すれば、同じ条件の実験データについても[Specify 1st-level]->[File]->[Load Batch]で利用できる

20. 緑色の▶ボタンをクリック、Design Matrixが計算され、'SPM.mat'として自動保存される

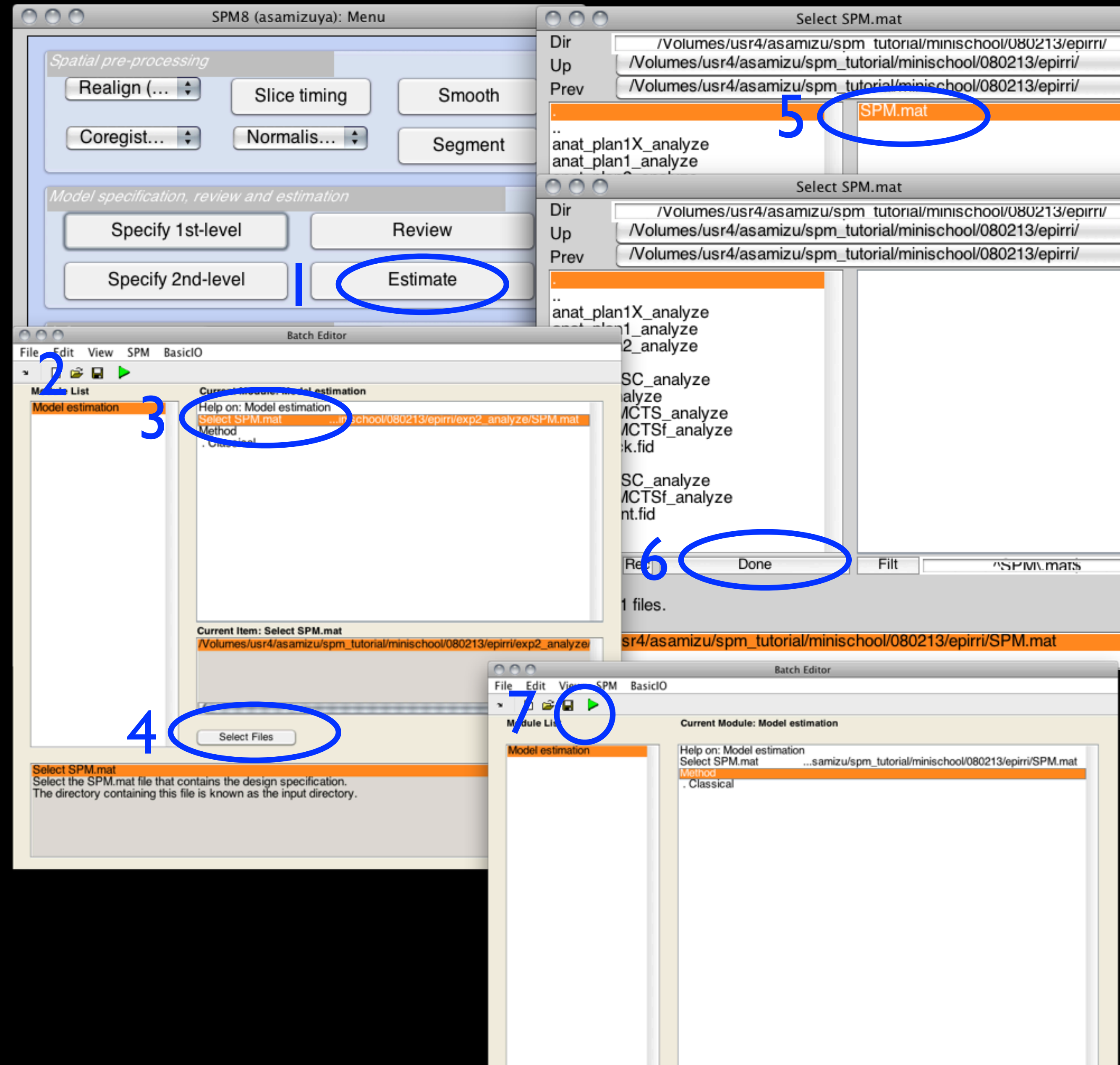
21. Design Matrixが表示される

The image displays two screenshots from the SPM8 software interface. The left screenshot shows the 'Batch Editor' window with the 'fMRI model specification' module selected. A green play button is visible in the top right corner of the window. The right screenshot shows the 'Statistical analysis: Design' window, which displays a design matrix with columns for 'Sn(1) Hwbf(1)', 'Sn(1) Vwbf(1)', and 'Sn(1) constant'. Below the matrix, there is a 'Design description...' section with the following parameters: Basis functions: hrf, Number of sessions: 1, Trials per session: 2, Interscan interval: 2.94 [s], High pass Filter: Cutoff: 128 [s], Global calculation: mean voxel value, Grand mean scaling: session specific, Global normalisation: None.

K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Estimation

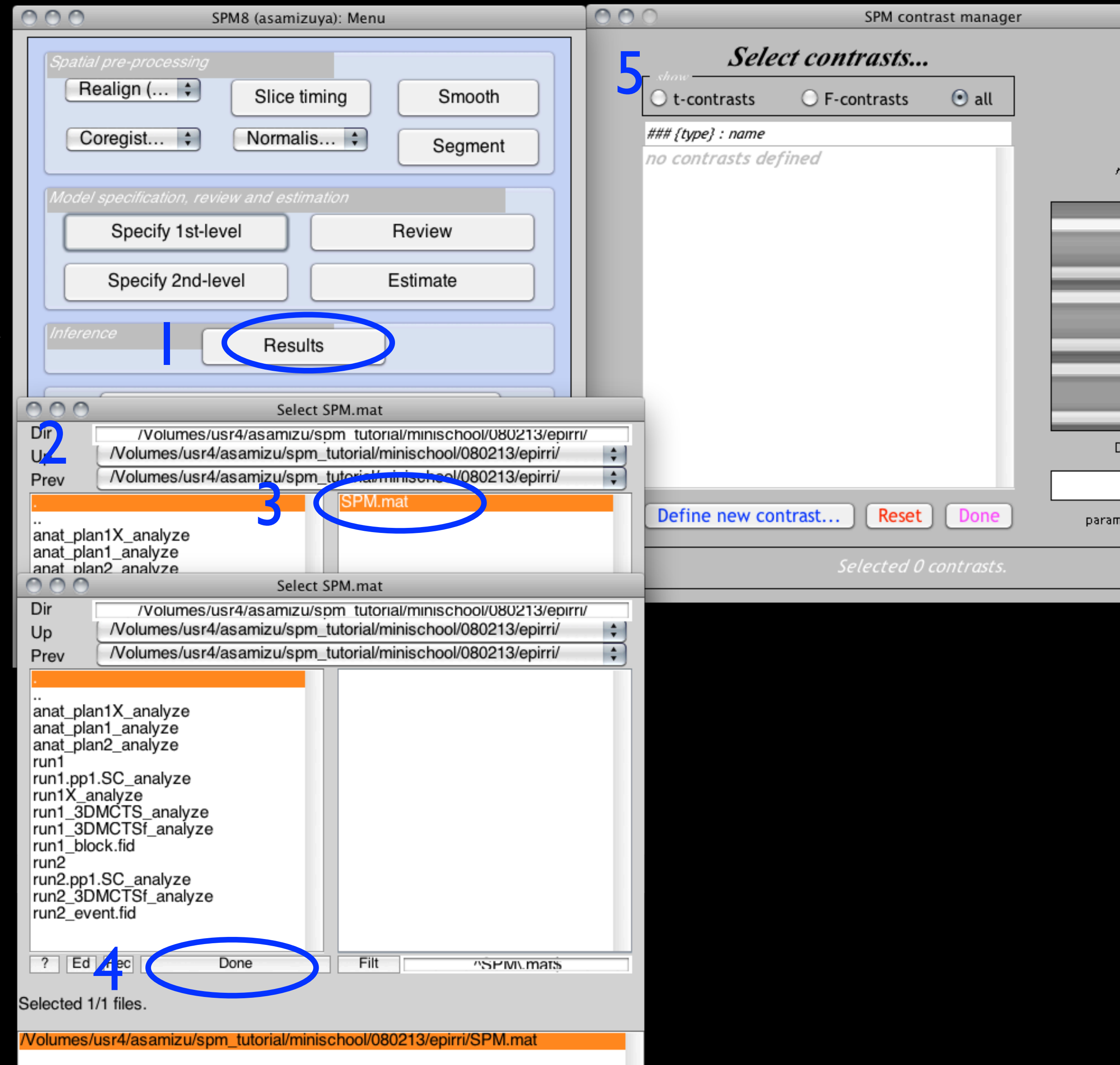
1. 'Estimate'をクリック
2. Batch Editorが表示される
3. 'Select SPM.mat'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
6. 'Done'をクリック
7. 矢印ボタンをクリックして実行



K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Results

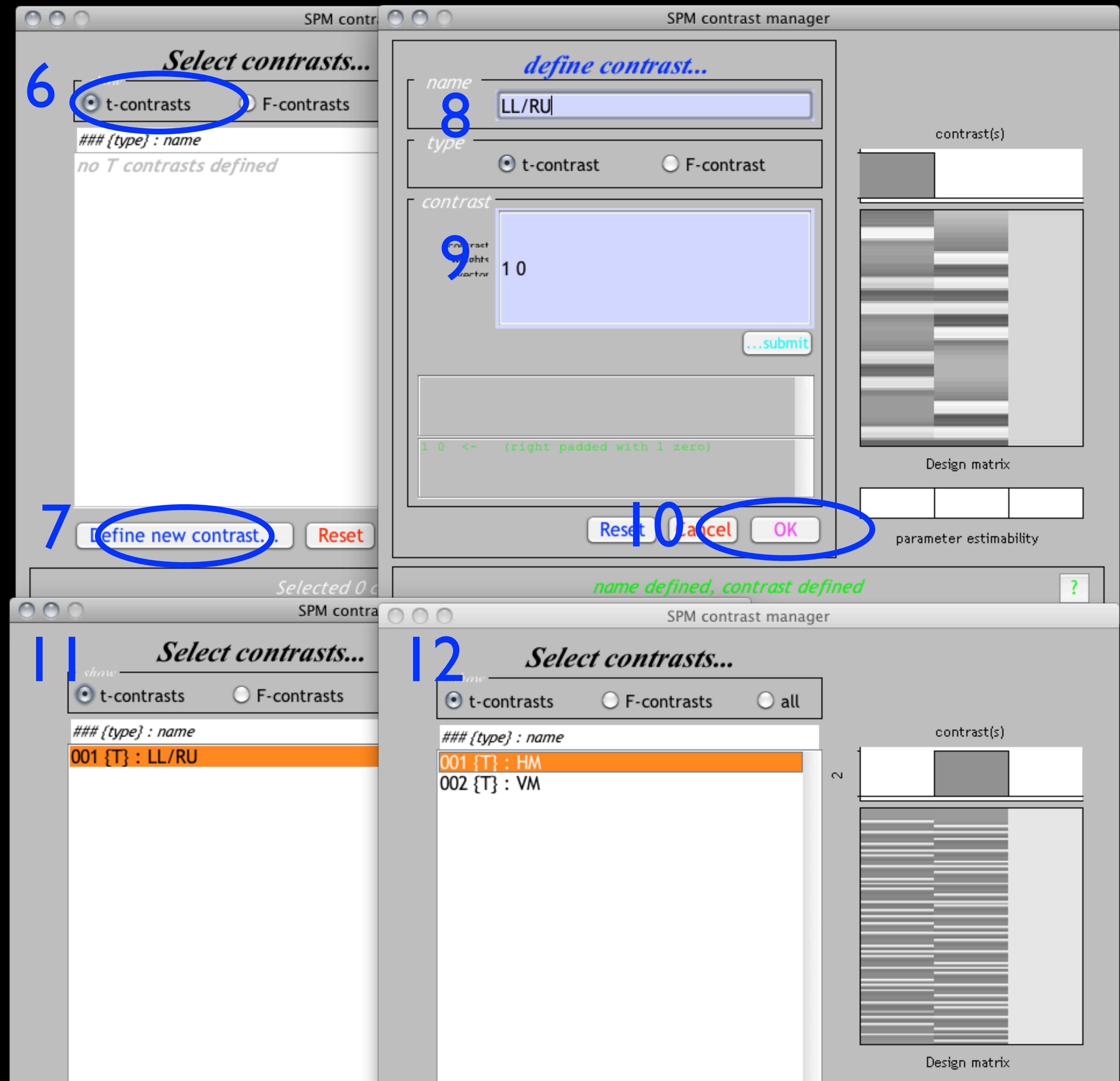
1. 'Results'をクリック
2. ファイル選択のダイアログが現れる
3. 'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
4. 'Done'をクリック
5. 'SPM contrast manager'が現れる



K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Results

6. 't-contrast'をクリック
7. 'Define new contrast...'ボタンをクリック
8. name欄に'HM'と入力
9. contrast欄に'1 0'と入力
10. 'OK'ボタンをクリック
11. contrasts欄に出来上がったコントラストが表示される
12. 同様に'VM'コントラストについてもつくる (name:'VM', contrast:'0 1')



K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Results

13. '001{T}:HM'を選択

14. 'Done'ボタンをクリック

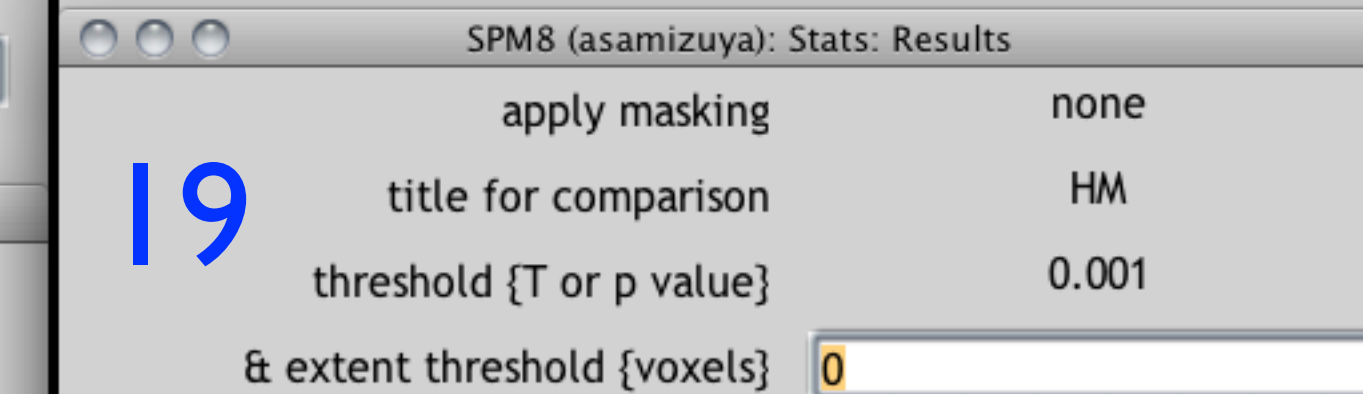
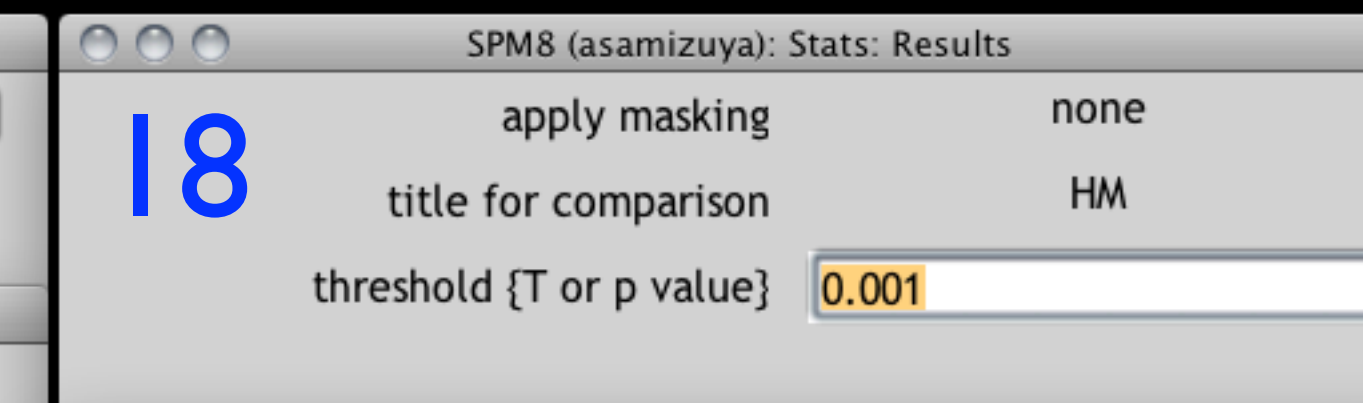
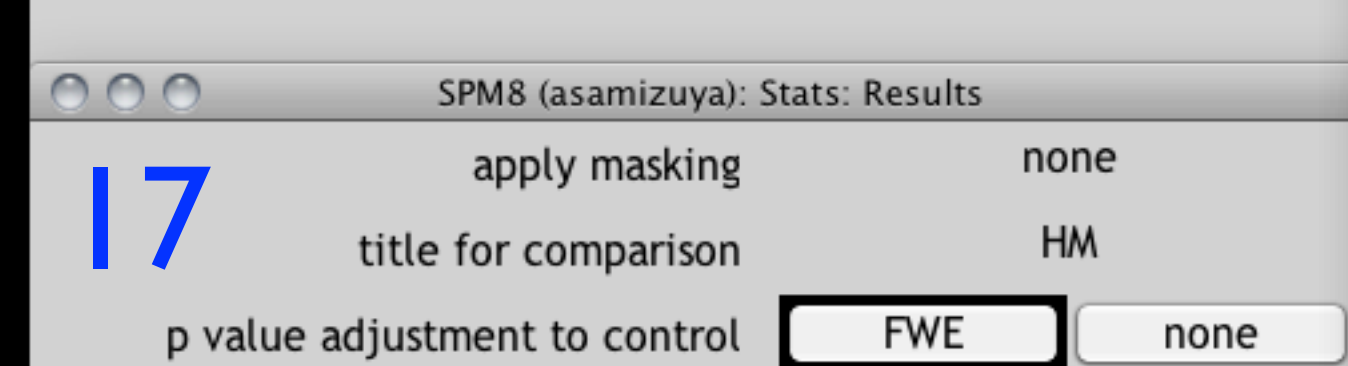
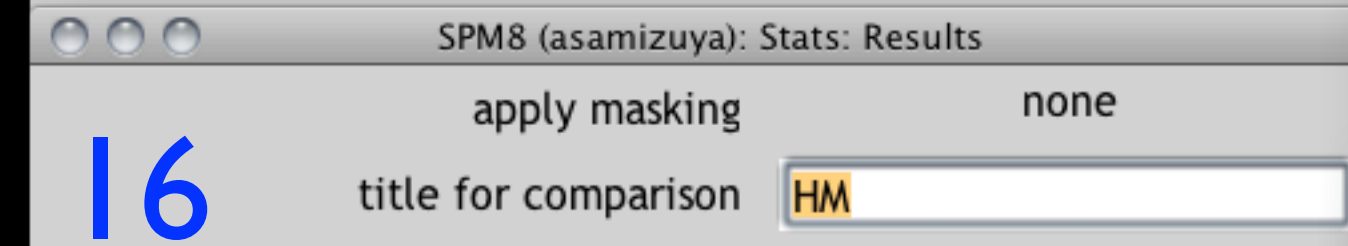
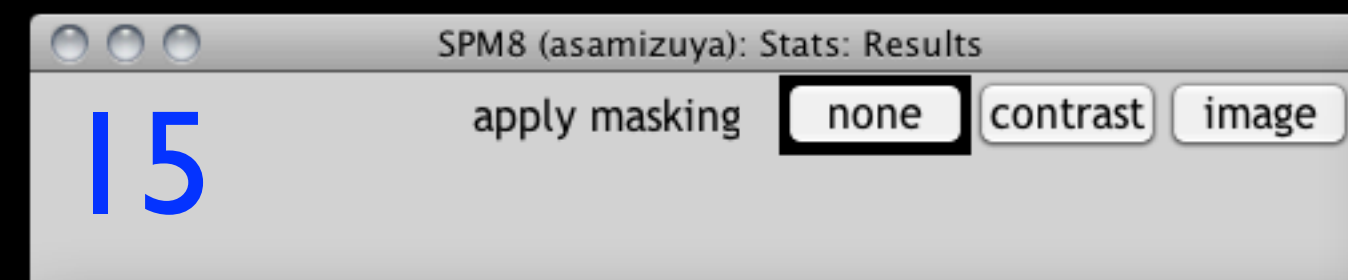
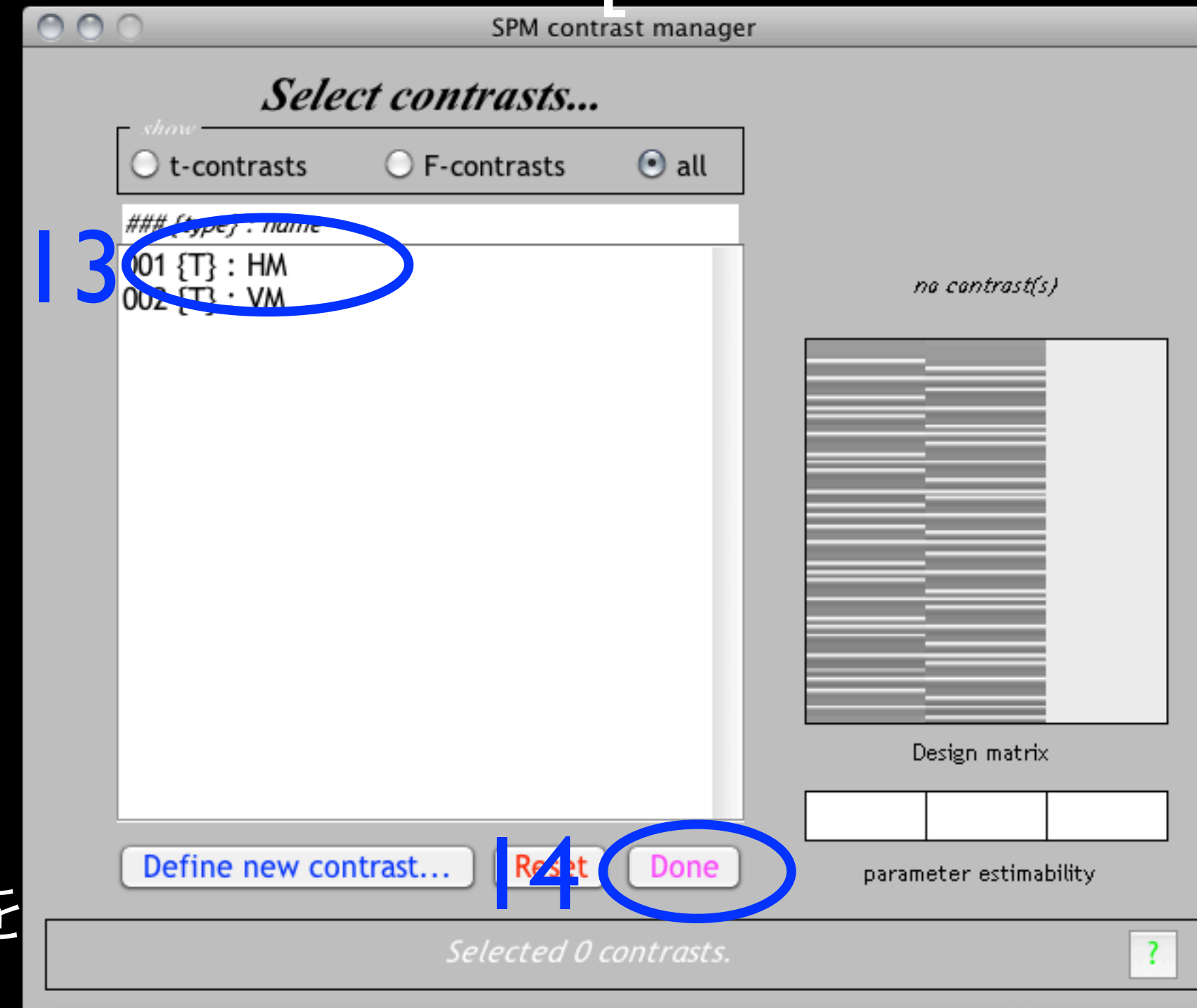
15. 'apply masking'では'none'をクリック

16. 'title for comparison'に'HM'と入力

17. 'p value adjustment to control'では'none'をクリック

18. 'threshold {T or p value}'にp値'0.001' (デフォルト) を入力

19. 'extent threshold {voxels}'に'0' (デフォルト) と入力



K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- Results

20. Graphic windowにactivation mapが表示される。ただしCoregistrationしていないので位置関係に意味は無い

21. 'whole brain'ボタンをクリックする

22. Graphic windowに全体のactivated clustersが表示される。ただしCoregistrationしていないので位置関係に意味は無い

The screenshot shows the SPM8 software interface. The top part displays two windows showing activation maps (SPM{203}) with contrast plots. The middle part shows the 'Design' window with the 'whole brain' button circled in blue. The bottom part shows the 'Statistics' window with a table of p-values adjusted for search volume.

set-level	p	c	cluster-level				peak-level				mm mm mm	
			p _{FWE-corr}	p _{FDR-corr}	k _E	p _{uncorr}	p _{FWE-corr}	p _{FDR-corr}	T	(Z ₂)		p _{uncorr}
0.026	23	0.000	0.000	0.000	707	0.000	0.000	0.000	16.50	Inf	0.000	68 -12 8
									10.86	Inf	0.000	65 4 0
									9.20	Inf	0.000	65 4 -2
		0.005	0.004	0.000	32	0.000	0.000	0.000	4.62	4.50	0.000	85 5 2
									4.52	4.41	0.000	77 15 0
		0.768	0.350	5	0.100	0.329	0.063	4.31	4.22	0.000	88 26 22	
		0.314	0.148	10	0.026	0.449	0.076	4.22	4.13	0.000	35 -26 22	
		0.256	0.148	11	0.020	0.802	0.199	3.92	3.84	0.000	46 24 8	
		0.866	0.350	4	0.137	0.857	0.231	3.86	3.79	0.000	18 -5 -22	
		0.464	0.196	8	0.043	0.944	0.330	3.73	3.67	0.000	37 2 22	
		0.985	0.454	2	0.286	0.995	0.557	3.52	3.46	0.000	-45 -34 -18	
		0.942	0.446	3	0.194	0.999	0.660	3.44	3.39	0.000	55 21 22	
		0.999	0.454	1	0.454	0.999	0.660	3.42	3.37	0.000	32 -1 2	
		0.866	0.350	4	0.137	0.999	0.660	3.42	3.37	0.000	48 32 -2	
		0.985	0.454	2	0.286	0.999	0.674	3.40	3.35	0.000	62 49 22	
		0.866	0.350	4	0.137	1.000	0.751	3.34	3.29	0.000	24 9 22	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.841	3.28	3.24	0.001	32 -1 22	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.841	3.28	3.23	0.001	38 24 -18	
		0.985	0.454	2	0.286	1.000	0.924	3.21	3.17	0.001	82 18 12	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.924	3.21	3.17	0.001	66 23 -2	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.924	3.21	3.17	0.001	54 13 22	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.933	3.18	3.14	0.001	43 -4 -18	
		0.999	0.454	1	0.454	1.000	0.933	3.18	3.14	0.001	74 21 -2	

K. Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

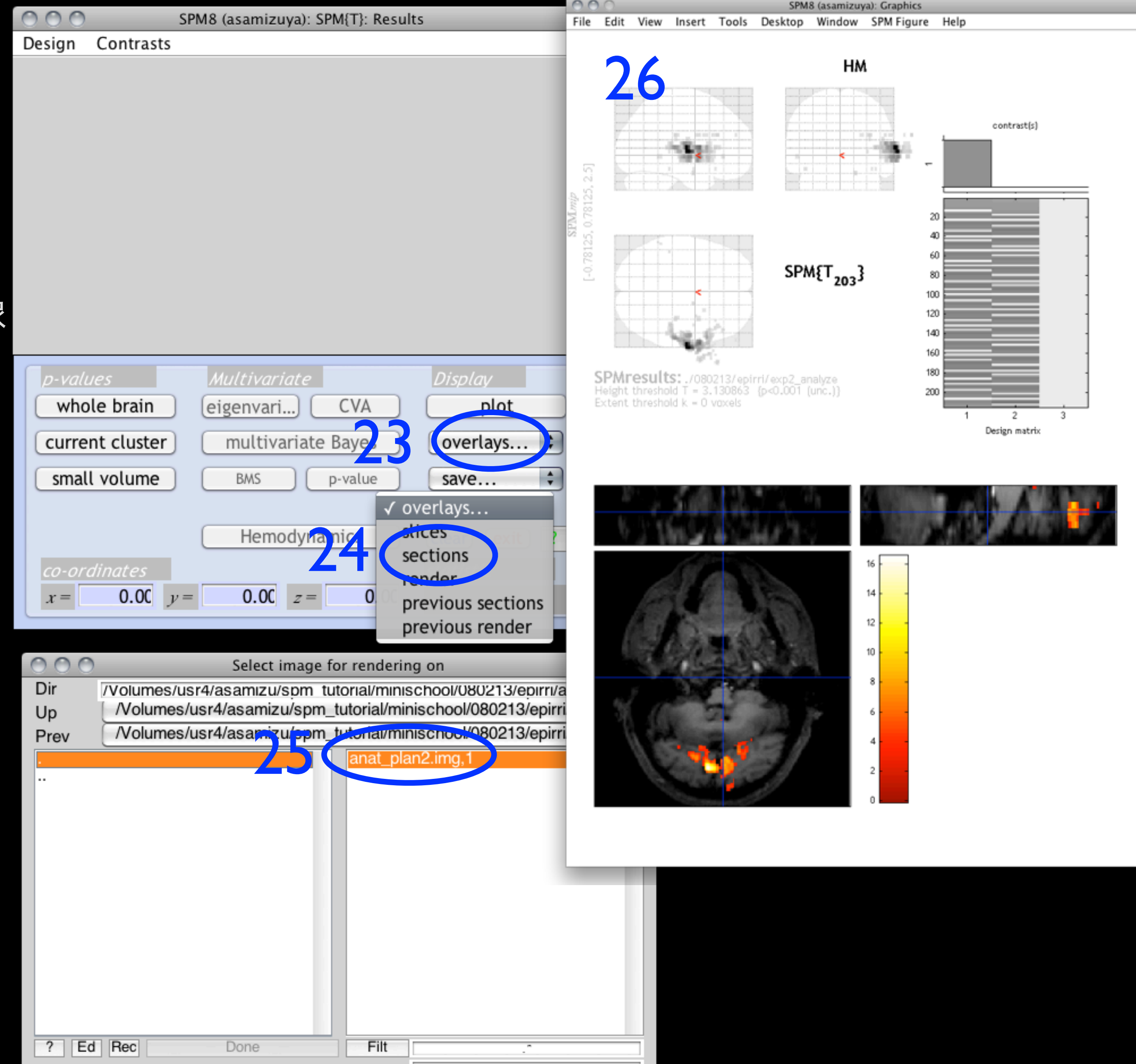
- Results

23. プルダウンメニュー‘overlays...’より

24. ‘sections’を選択

25. ダイアログにてEPIと同一スライスで撮像した解剖画像‘anat_plan2.img’を選択、‘Done’ボタンをクリック

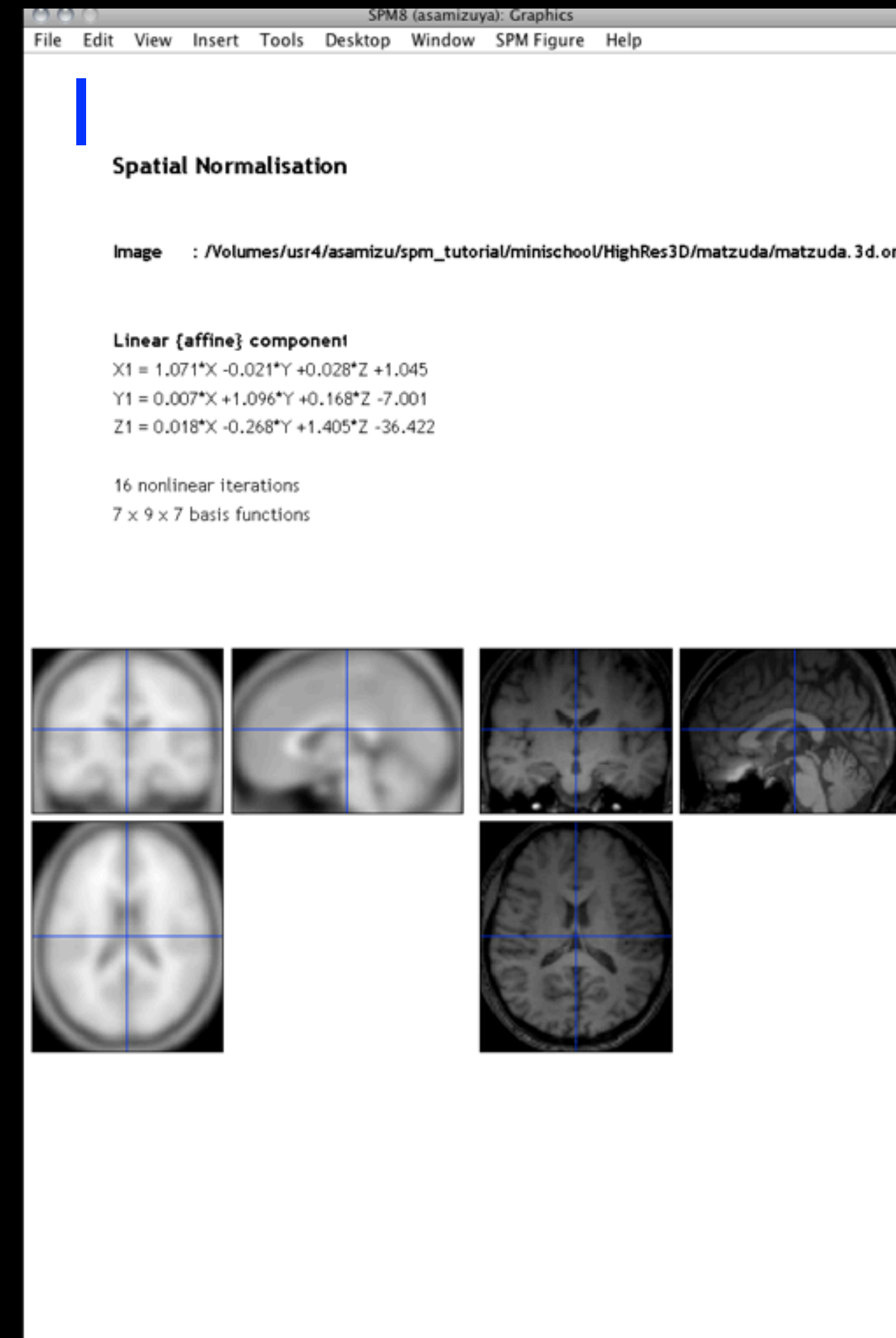
26. 解剖画像の上にactivationが重ねて表示される



L.Normaliseがうまくいかない場合：Segmentation

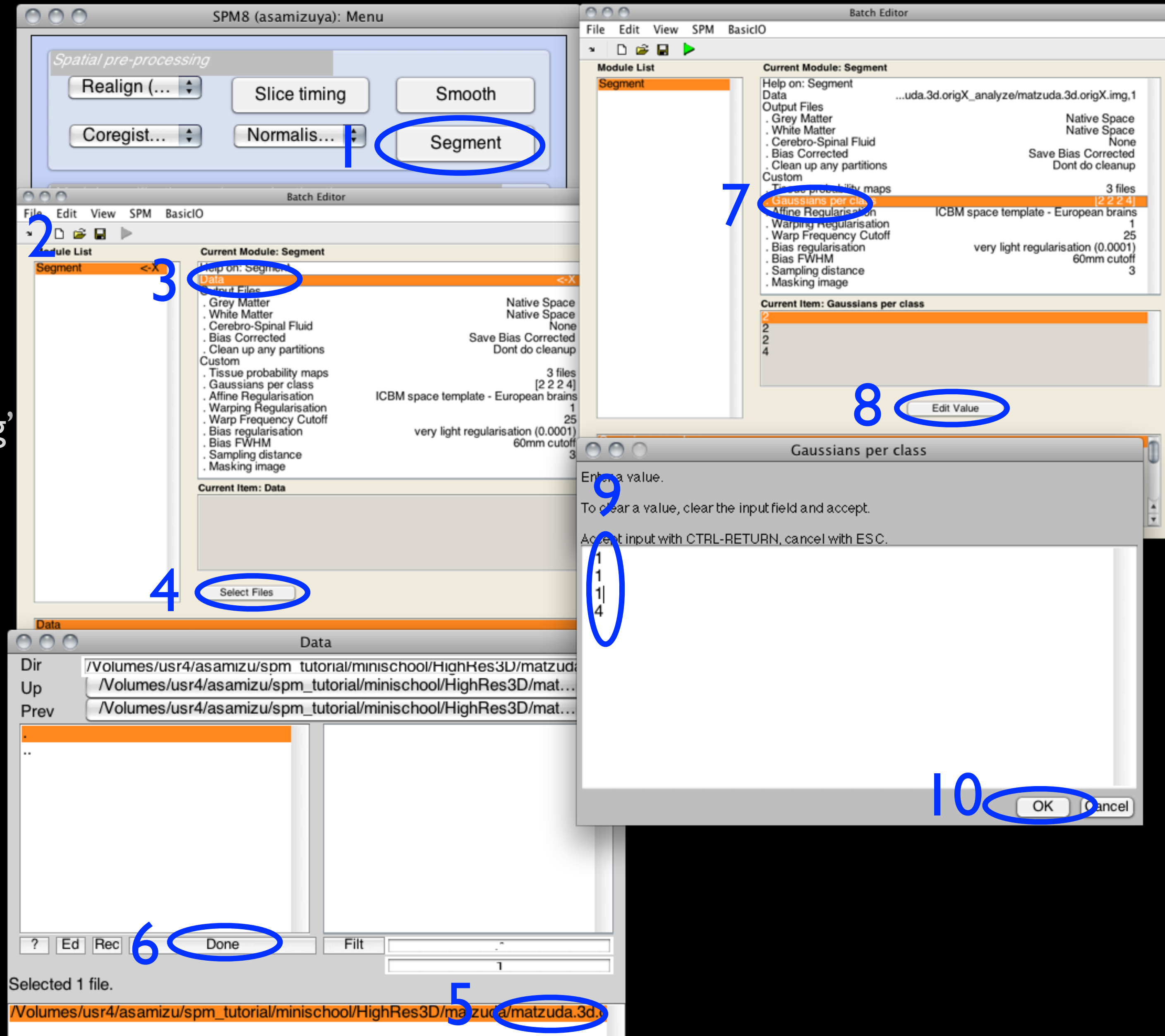
A～Eの手順で Normaliseがうまくいかない例：

→定石：Segmentationの結果でやり直す。



L.Normalizeがうまくいかない場合：Segmentation

1. ボタン“Segment”をクリック
2. Batch Editorが出現
3. ‘Data’をクリック
4. ‘Select Files’をクリック
5. 高解像度解剖画像‘mazuda.3d.origX.img’
選択
6. ‘Done’をクリック
7. ‘Custom’->‘Gaussian per class’を選択
8. ‘Edit Value’をクリック
9. デフォルトの‘2 2 2 4’を‘1 1 1 4’に変更
10. ‘OK’をクリック



L.Normalizeがうまくいかない場合：Segmentation

11. 緑色になった▶ボタンをクリック

12. Segmentationが終了すると各種ファイルが生成される

13. 'Normalise (Write)'を選択

14. Batch Editorが開く。'Data'をクリック

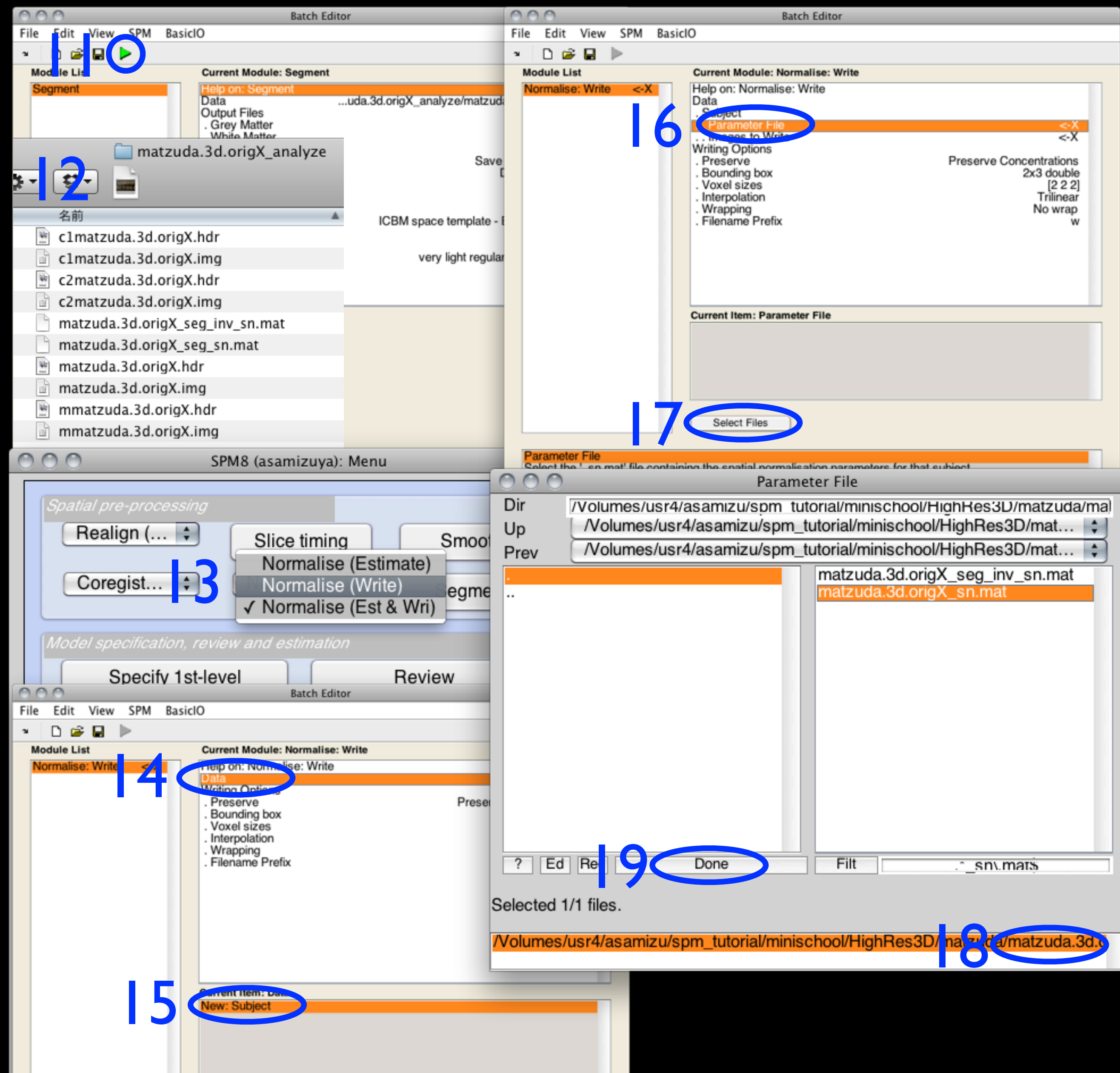
15. 'New: Subject'を1回クリック

16. 'Data'-'>'-'Subject'-'>'-'Parameter File'を選択

17. 'Select Files'をクリック

18. 12でできたファイルのうち、'matzuda.3d.origX_seg_sn.mat'を選択

19. 'Done'をクリック



L.Normaliseがうまくいかない場合：Segmentation

20. 'Images to Write'を選択

21. 'Select Files'をクリック

22. 12でできたファイルのうち、'matzuda.3d.origX.img'を選択

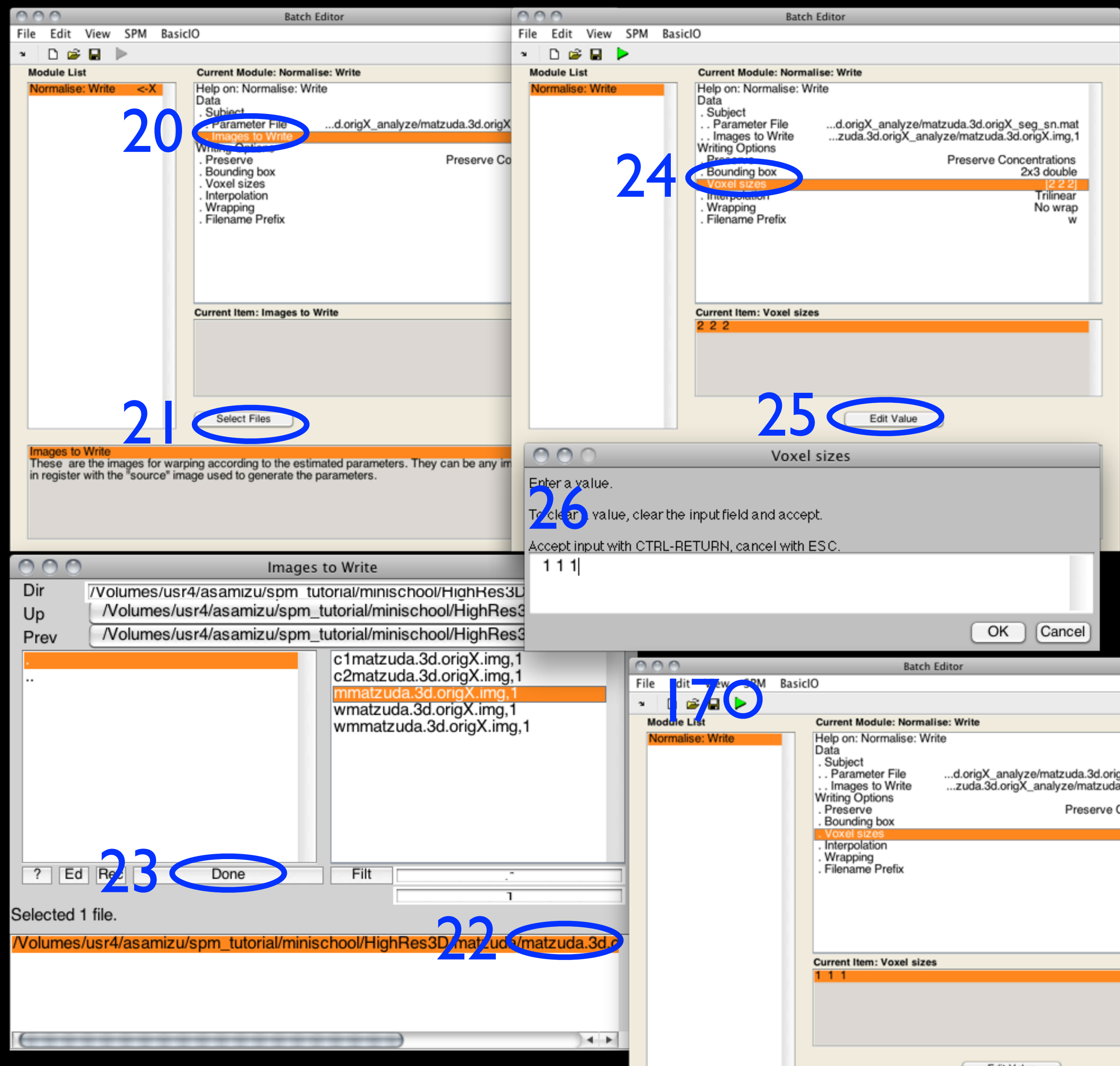
23. 'Done'をクリック

24. 'Writing Options'-'>'-'Voxel sizes'を選択

25. 'Edit Value'を選択

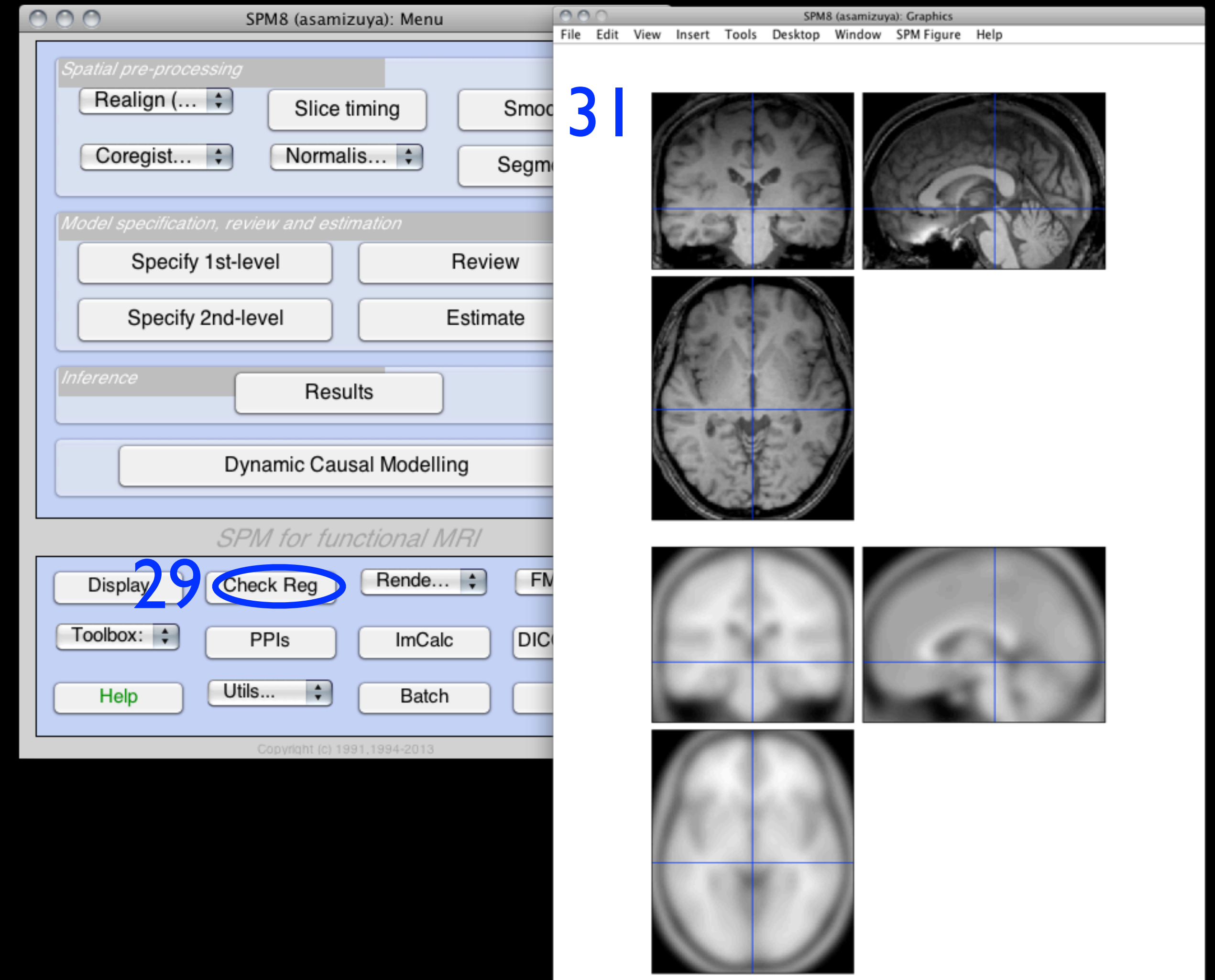
26. 高解像度解剖画像の解像度を記す。ここでは'111'。

27. 準備が整ったので、緑色になった▶ボタンをクリック



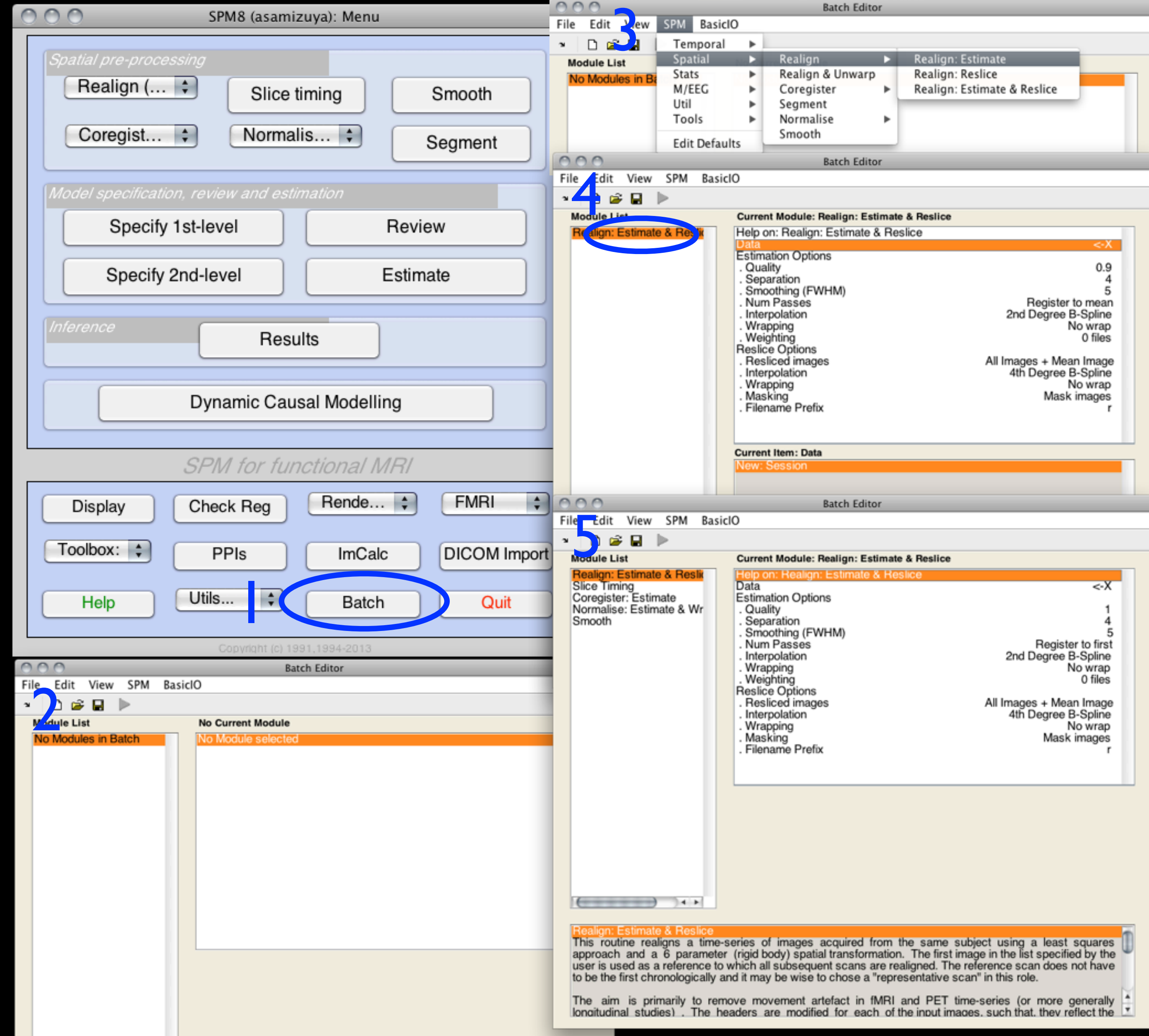
L.Normalizeがうまくいかない場合：Segmentation

28. Normaliseの結果は 'matzuda.3d.origX.img'の頭に'w'の付いた 'wmatzuda.3d.origX.img'として保存される
29. 結果'wmatzuda.3d.origX.img'と標準脳'T1.nii'の位置合わせを確認するため、'Check Reg'をクリック
30. ファイル選択のダイアログで'wmatzuda.3d.origX.img'と'T1.nii'とを続けて選択
31. Graphicsウィンドウに二つの画像が表示される。いろいろな箇所をクリックして位置合わせの精度を確認する。



M.バッチ処理

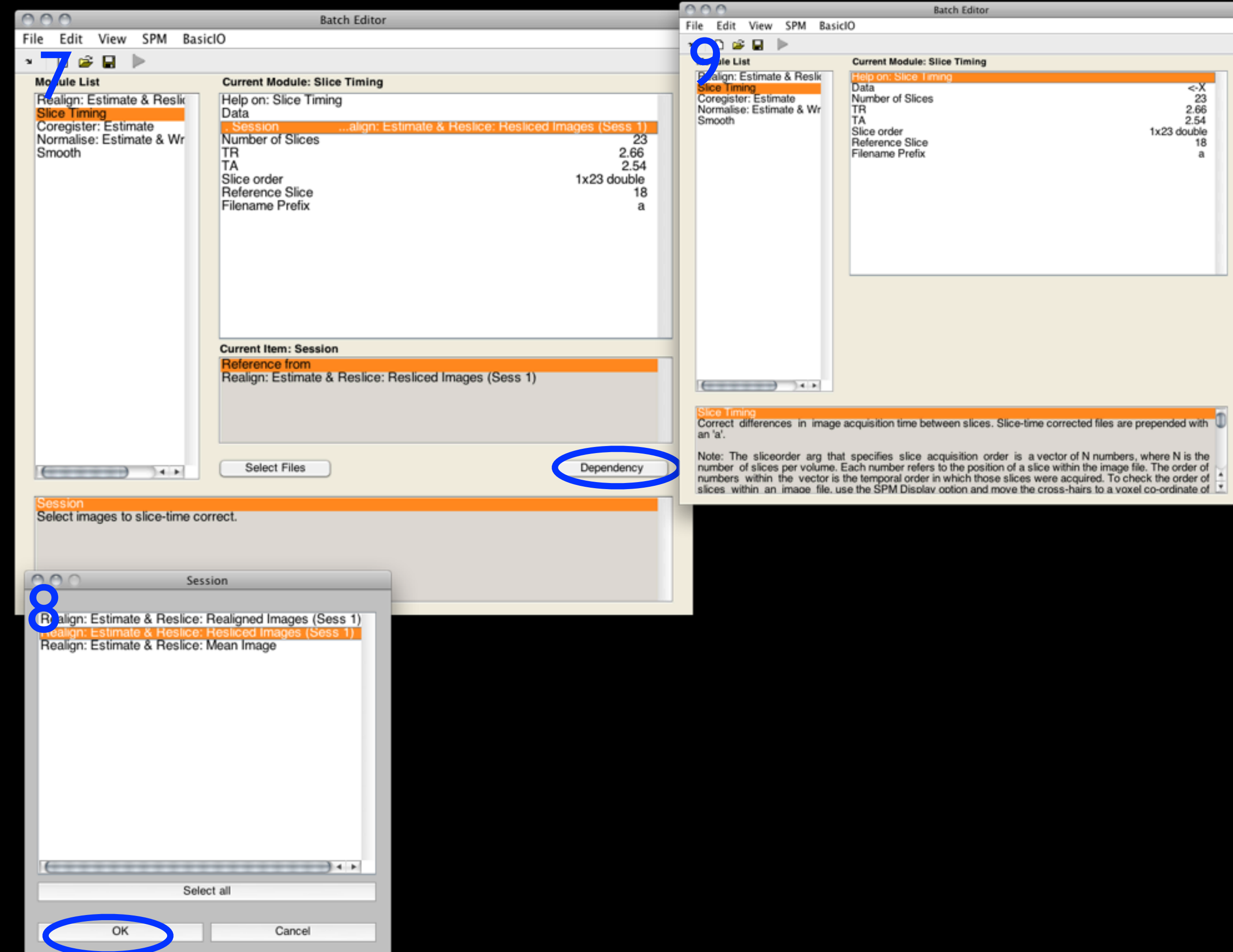
1. ボタン‘Batch’をクリック
2. Batch Editorが出現
3. ‘SPM’タブをクリック。プルダウンメニュー‘Spatial’->‘Realign’->‘Realign: Estimate & Reslice’を選択
4. Batch Editorに‘Realign: Estimate & Reslice’が追加される
5. 同様に必要な処理を順番に追加する。 :
‘Temporal’->‘Slice Timing’,
‘Coregister: Estimate’,
‘Normalise: Estimate & Write’,
‘Smooth’



M.バッチ処理

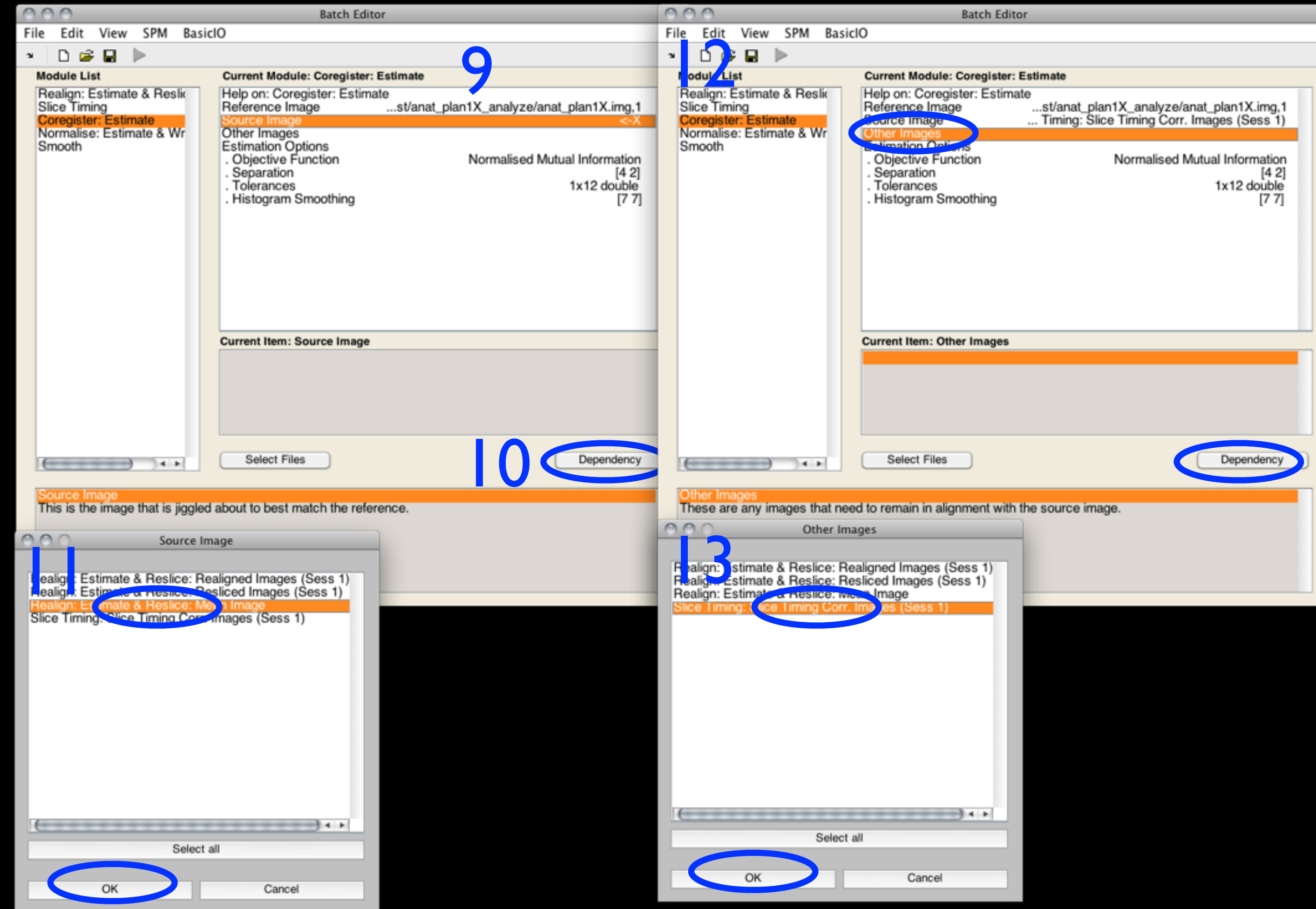
被験者に依存しないパラメタから設定する

6. 'Slice Timing'で'Data'を選択し'New: Session'をクリックして追加。'Session'を選択した上で、'Dependency'をクリック
7. 'Session'選択ウィンドウが現れるので、そこで'Realign: Estimate & Reslice: Resliced Images (Sess 1)'を選択して'OK'ボタンをクリック
8. その他のパラメタを'C.Slice Timing Correction'にならって記入



M.バッチ処理

9. 'Coregister: Estimate'で'Reference Image'に解剖画像'anat_plan1X.img'を選択
10. 'Source Image'選択->'Dependency'クリック
11. 'Source Image'選択ウィンドウが現れるので、'Realign: Estimate & Reslice: Mean Image'を選択して'OK'ボタン
12. 'Other Images'選択->'Dependency'クリック
13. 'Other Images'選択 ダイアログが現れるので、'Slice Timing: Slice Timing Corr. Images (Sess 1)'を選択して'OK'ボタン



M.バッチ処理

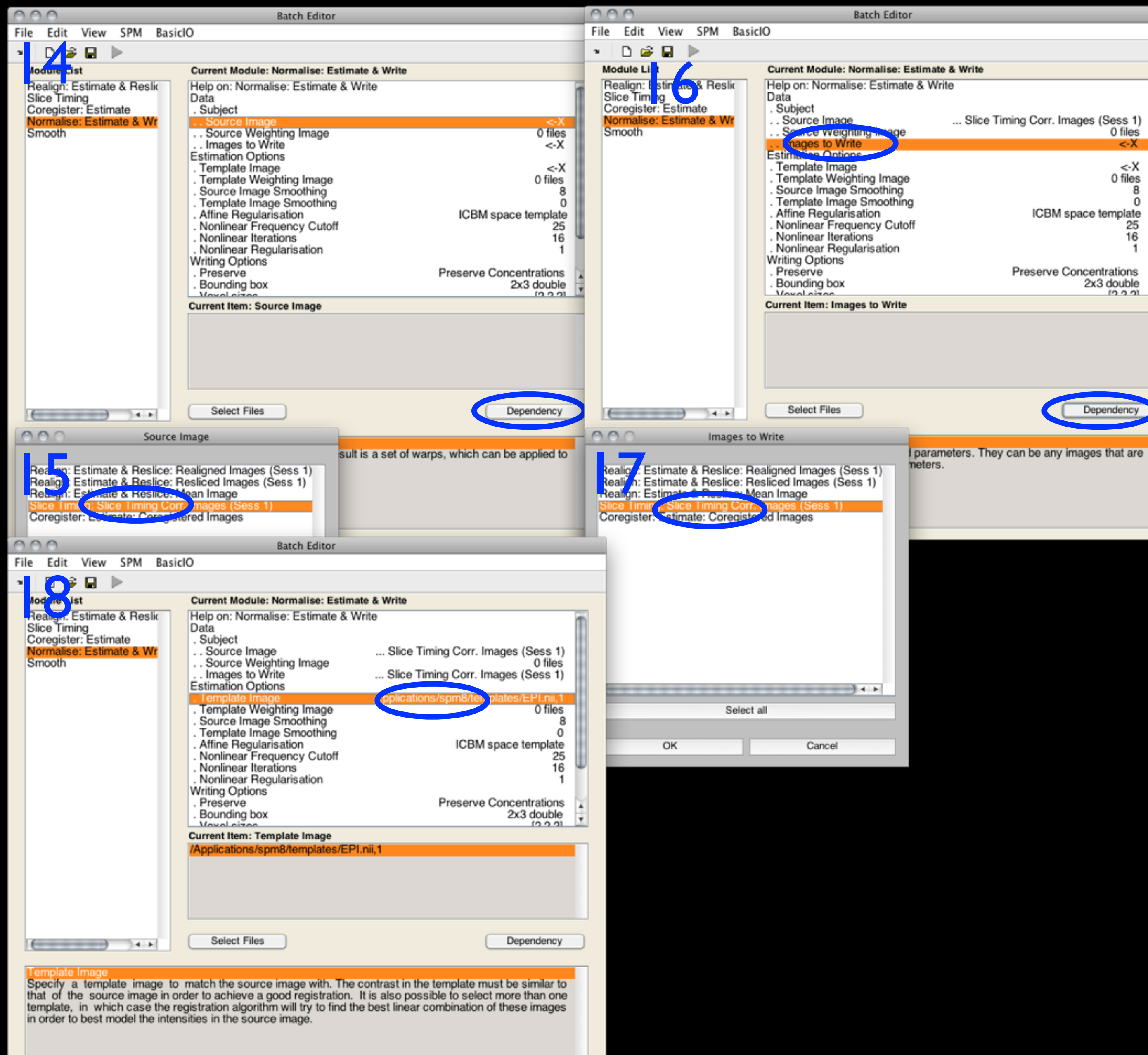
14. 'Normalise: Estimate & Write'で
で'Data'を選択し'New: Subject'をクリック
して追加。'Subject'->'Source Image'を
選択した上で、'Dependency'をクリック

15. 'Source Image'選択ダイアログが現れる
ので、'Slice Timing: Slice Timing Corr.
Images (Sess 1)'を選択して'OK'ボタン

16. 'Subject'->'Images to Write'を選択した上
で、'Dependency'をクリック

17. 'Images to Write'選択ダイアログが現れ
るので、'Slice Timing: Slice Timing Corr.
Images (Sess 1)'を選択して'OK'ボタン

18. 'Template Image'として'/Application/spm8/
templates/EPI.nii'を選択



M.バッチ処理

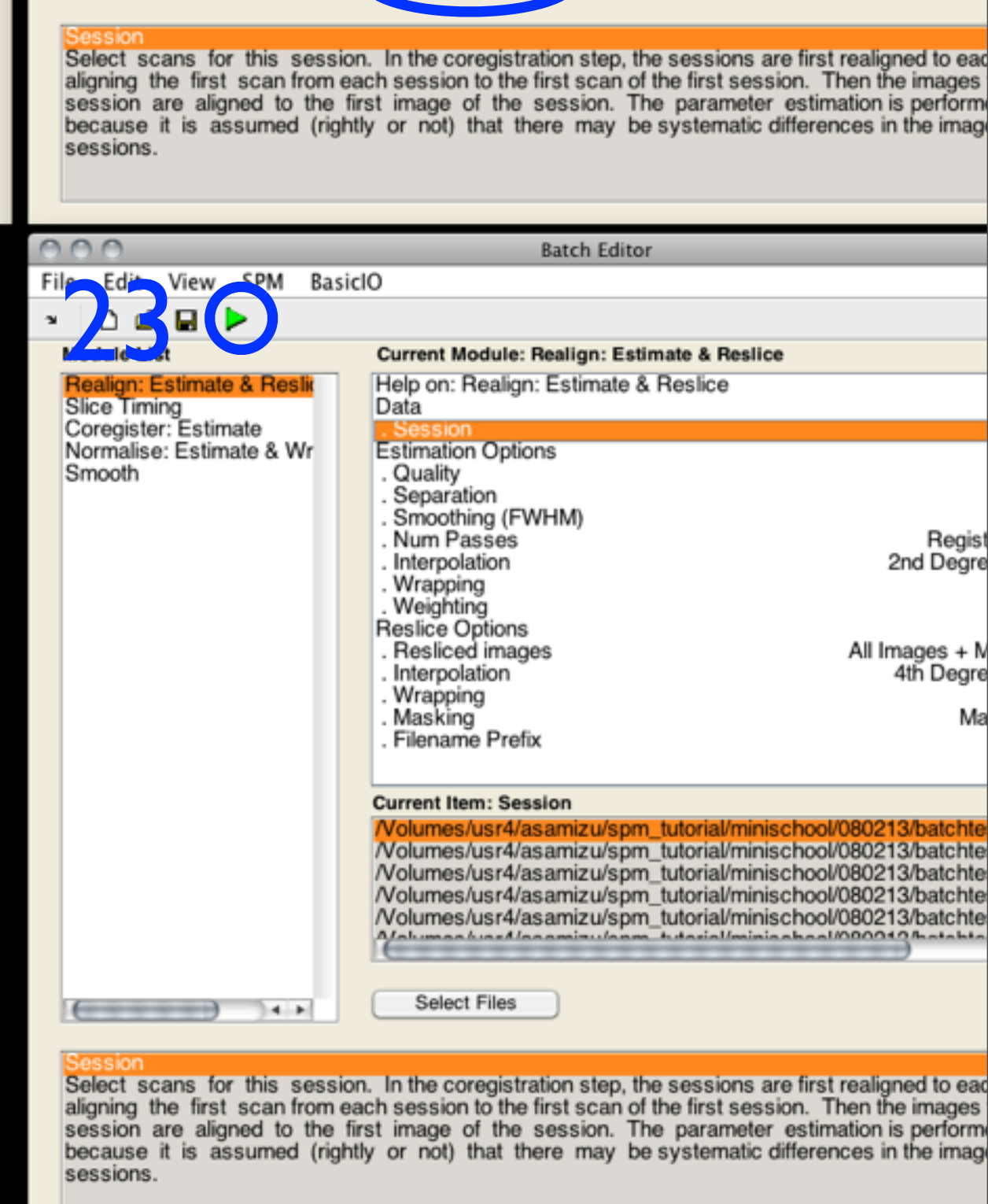
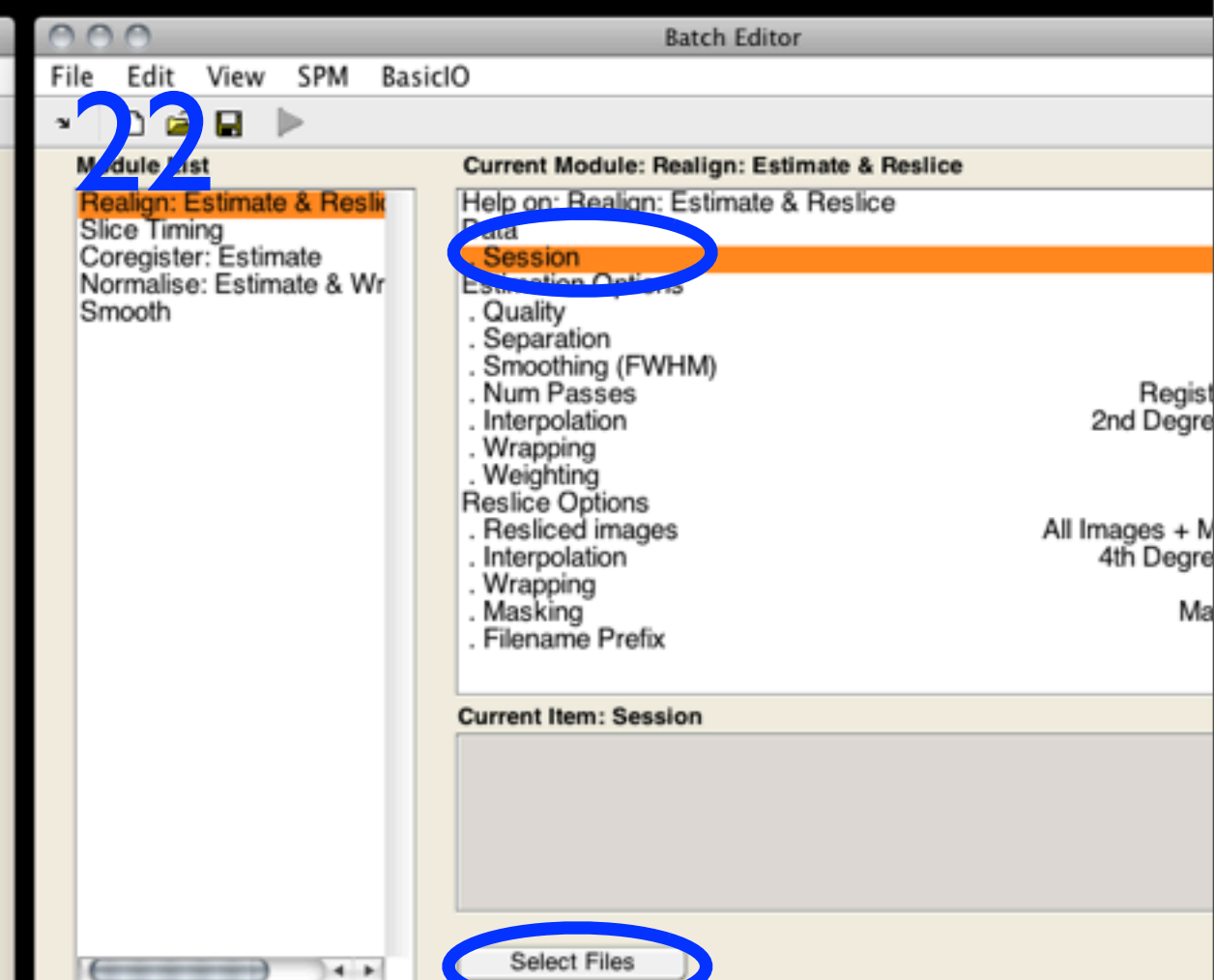
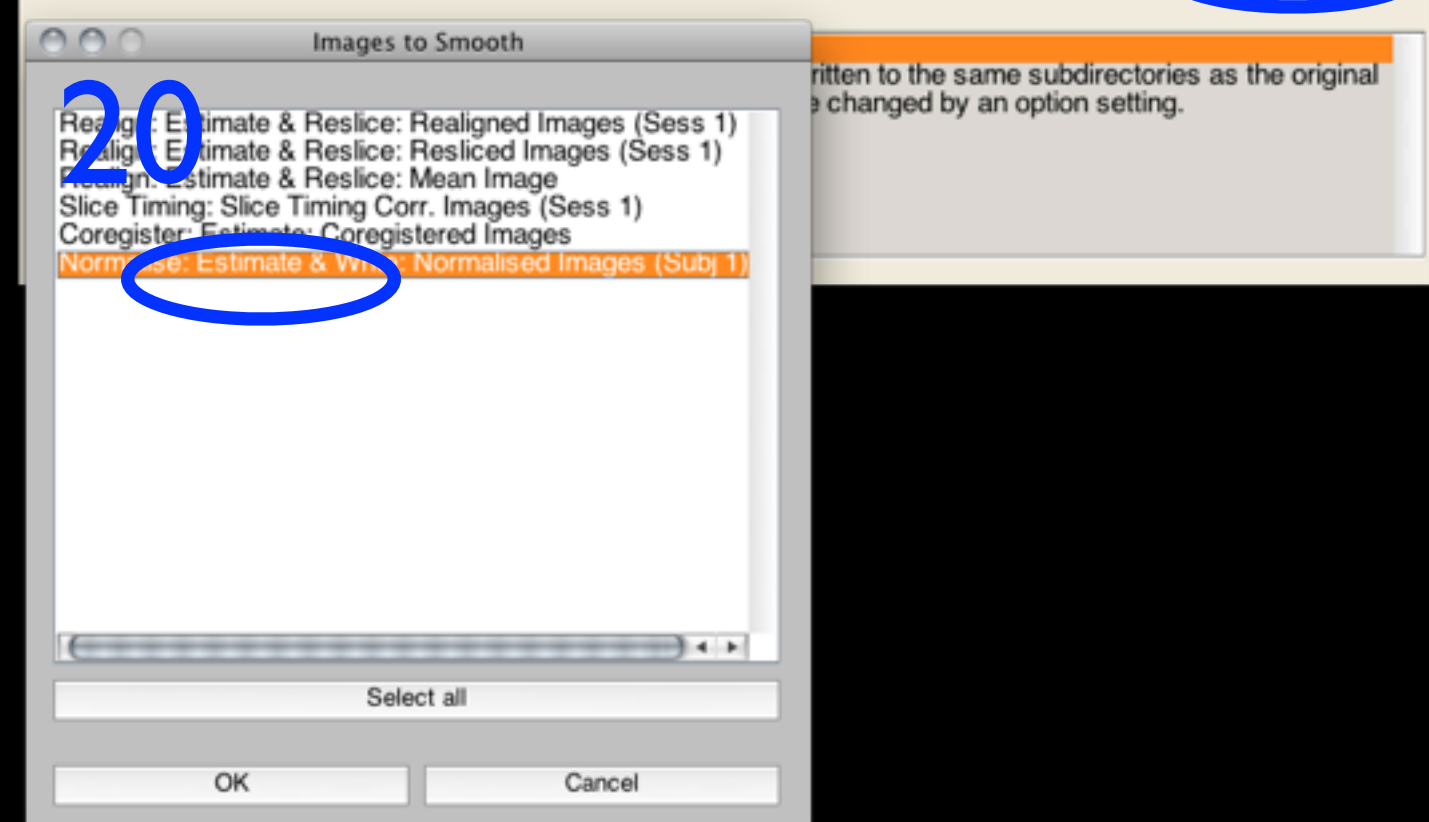
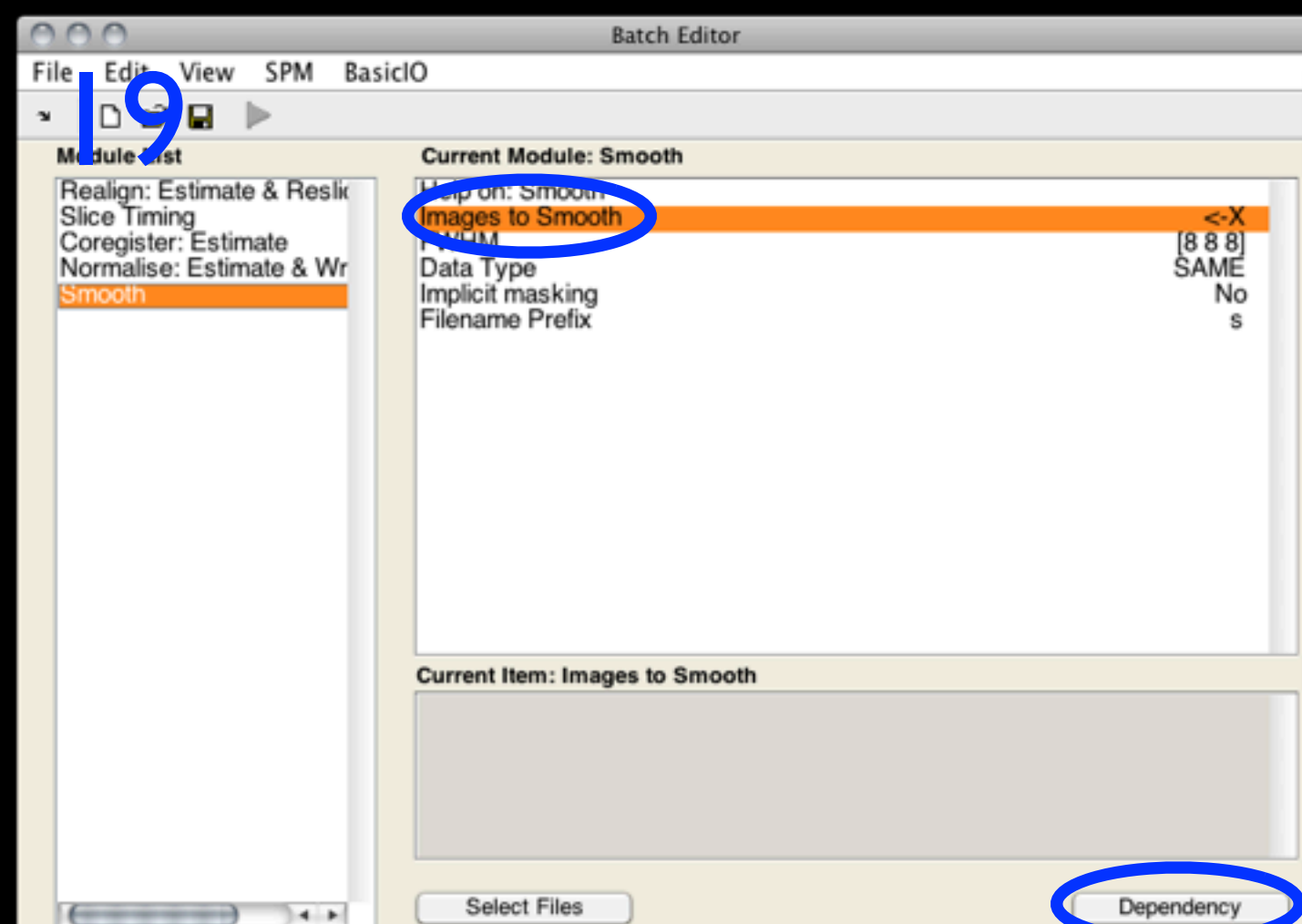
19. 'Smooth'で'Images to Smooth'を選択し'Dependency'をクリック

20. 'Images to Smooth'選択ダイアログが現れるので、'Normalise: Estimate & Write: Normalised Images (Subj 1)'を選択して'OK'ボタン

21. これで一通りのパラメタは設定できたので、バッチデータを保存する

22. 最後に'Realign: Estimate & Reslice'に戻り、'Data'-'>'-'Session'-'>'-'Select Files'で対象となる実験データ(exp1-****,img)を選択

23. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する



【付録】 FDR検定機能追加 (activation)

1. “/Applications/spm8/spm_defaults.m”を開く
2. ‘defaults.stats.topoFDR = 1;’を
‘defaults.stats.topoFDR = 0;’に修正
3. MatLab再起動&SPM起動
4. Results: ‘p value adjustment to control’の
際、‘FDR’ボタンが追加されている事が確認できる

