

# 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)

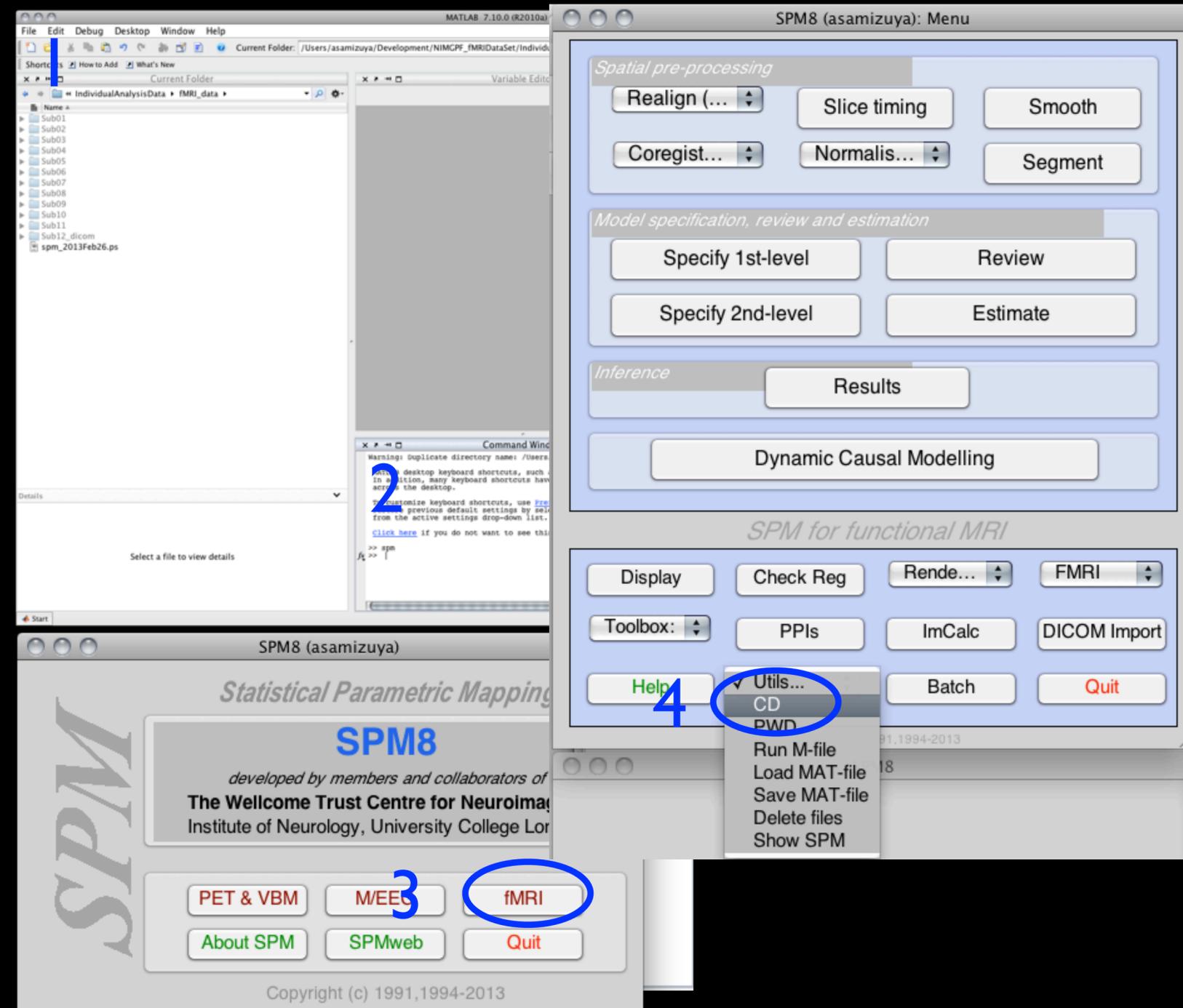
(M) バッチ処理 (スクリプト) (pp.54-58)

## 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。

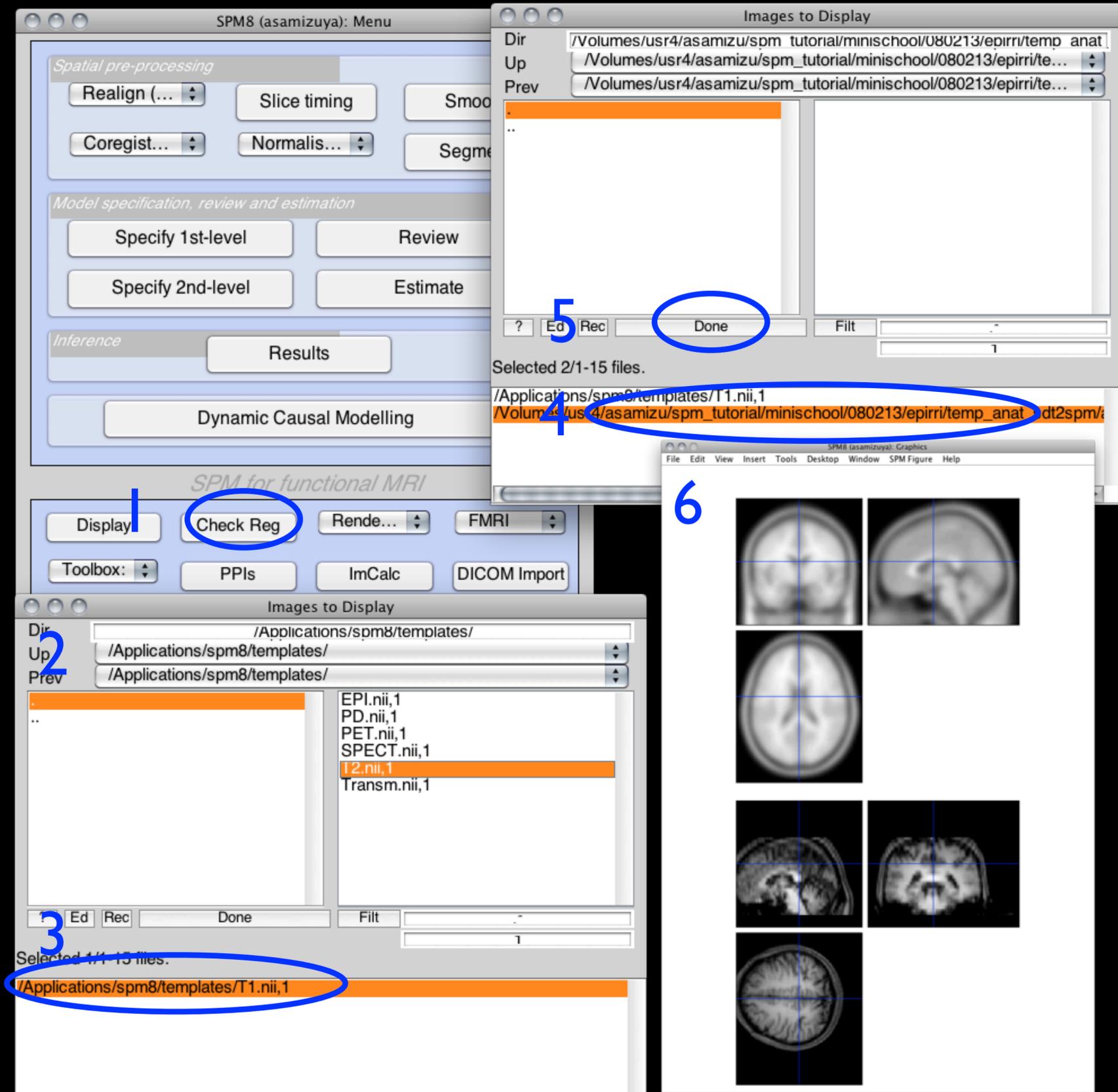
# A.準備・SPM起動

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



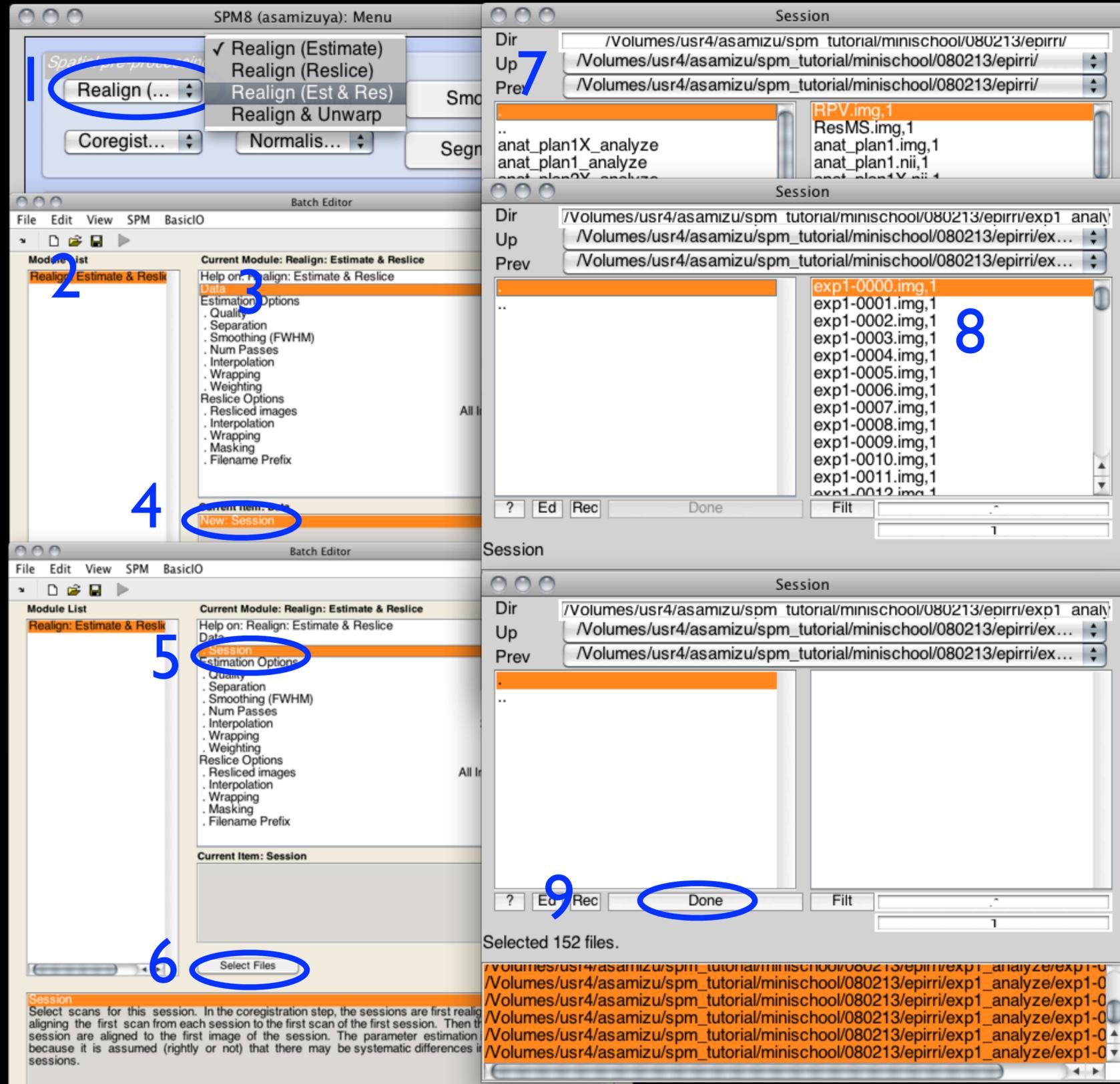
# A.準備・画像の向きの確認

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

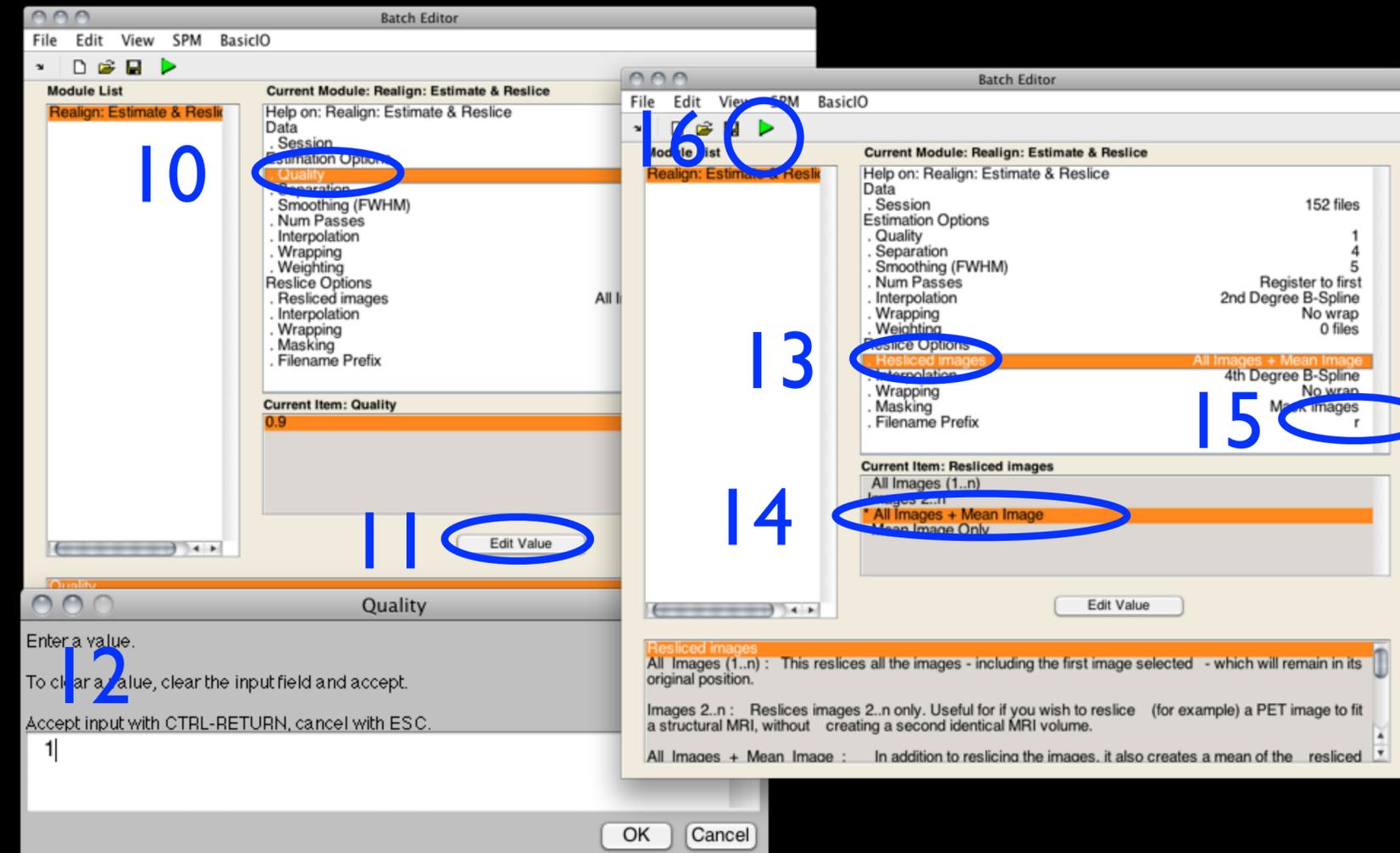
12. 'Quality'のデフォルト値0.9を1に変更、'OK'をクリック

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。

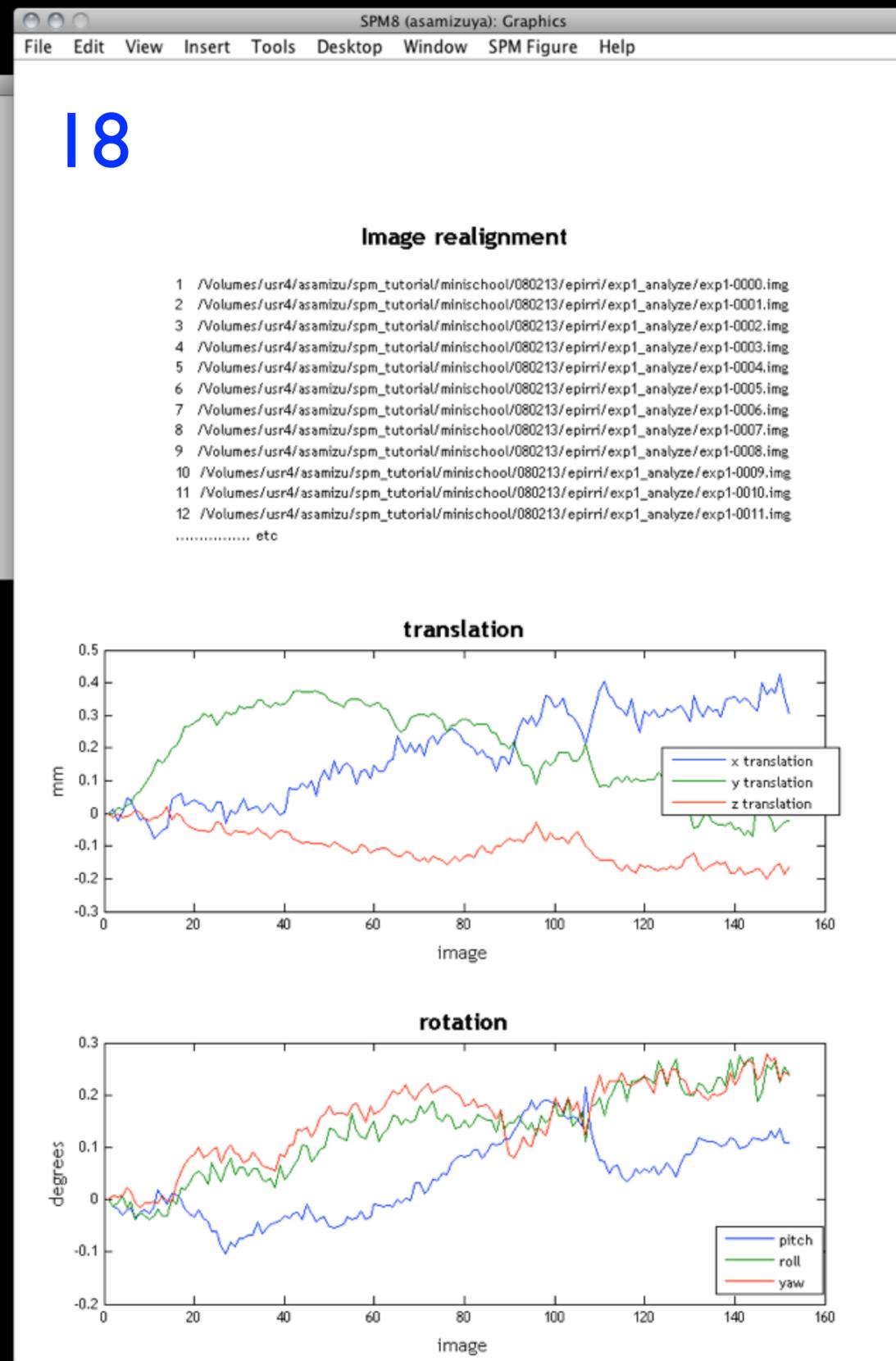
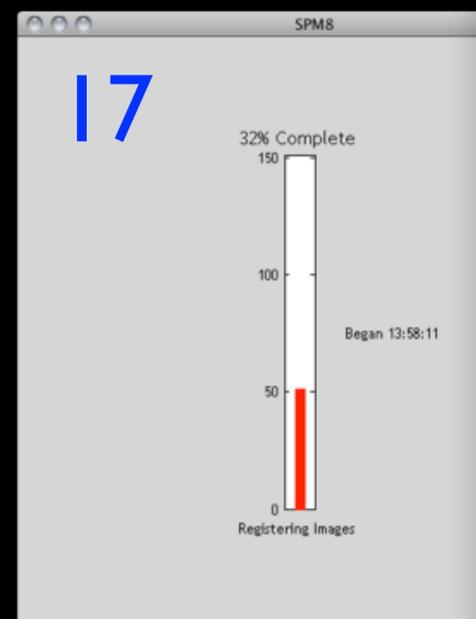
18. プログレスバーが1回目に100%に到達するとGraphicsウィンドウに結果が表示される

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

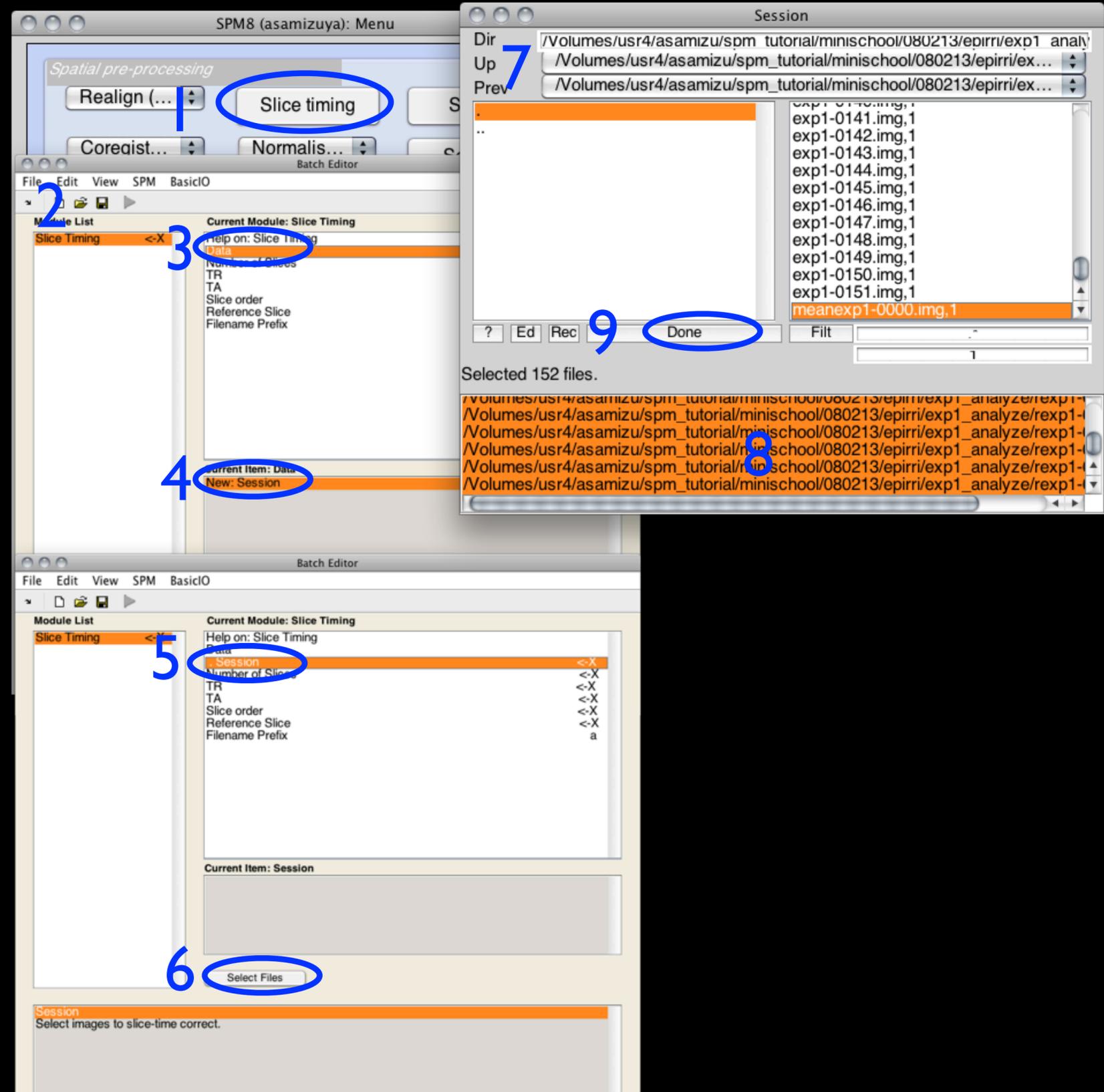
21. 平均画像は'meanexp1-0000.img'として保存される

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]))

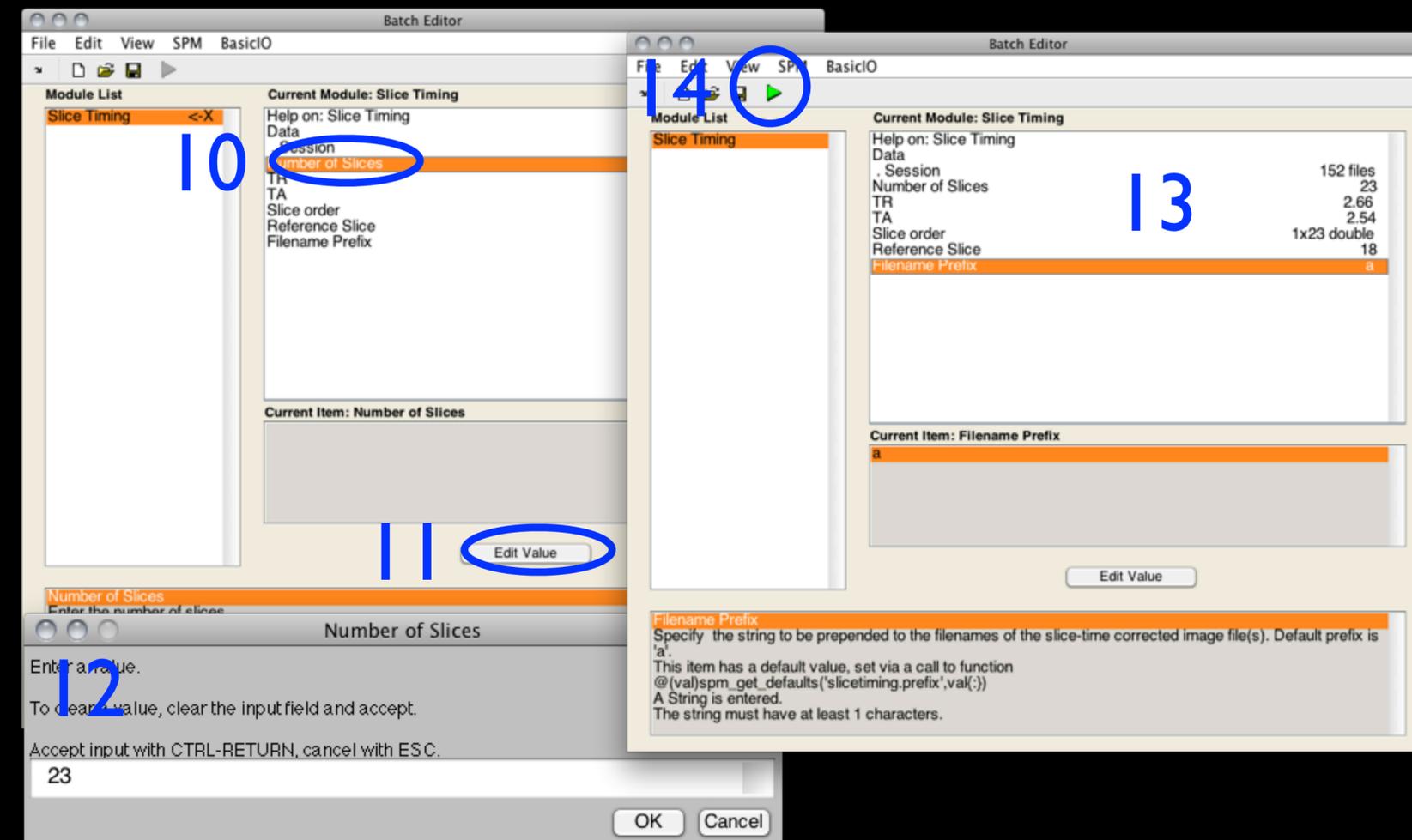
3. Slice order: 1 13 2 14 3 15 4 16 5 17 6 18  
7 19 8 20 9 21 10 22 11 23 12

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

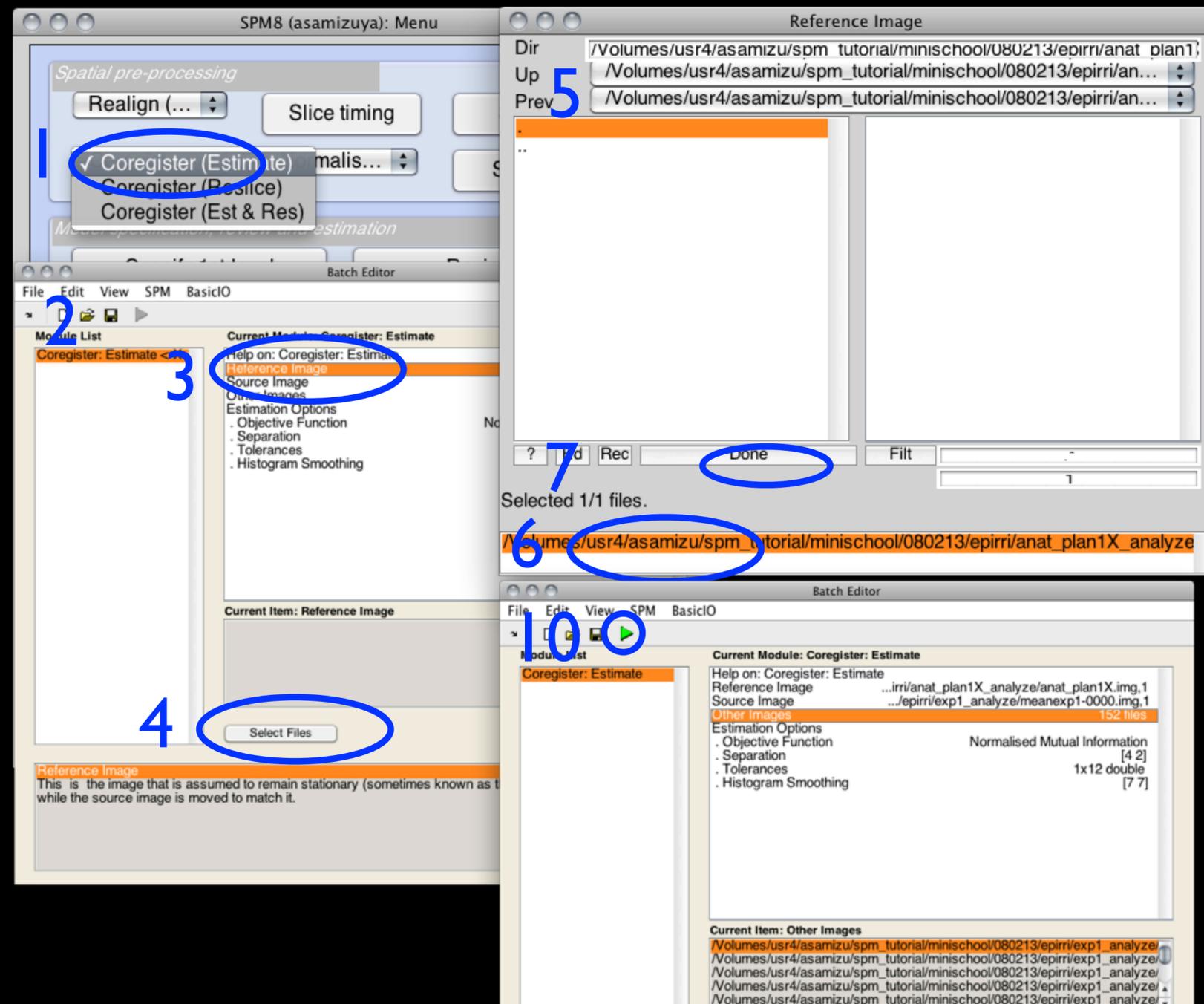
15. 処理済みの画像は元ファイル名の先頭に'a'をつけた'arexpI-\*\*\*\*.nii'として保存される



## D.Coregister

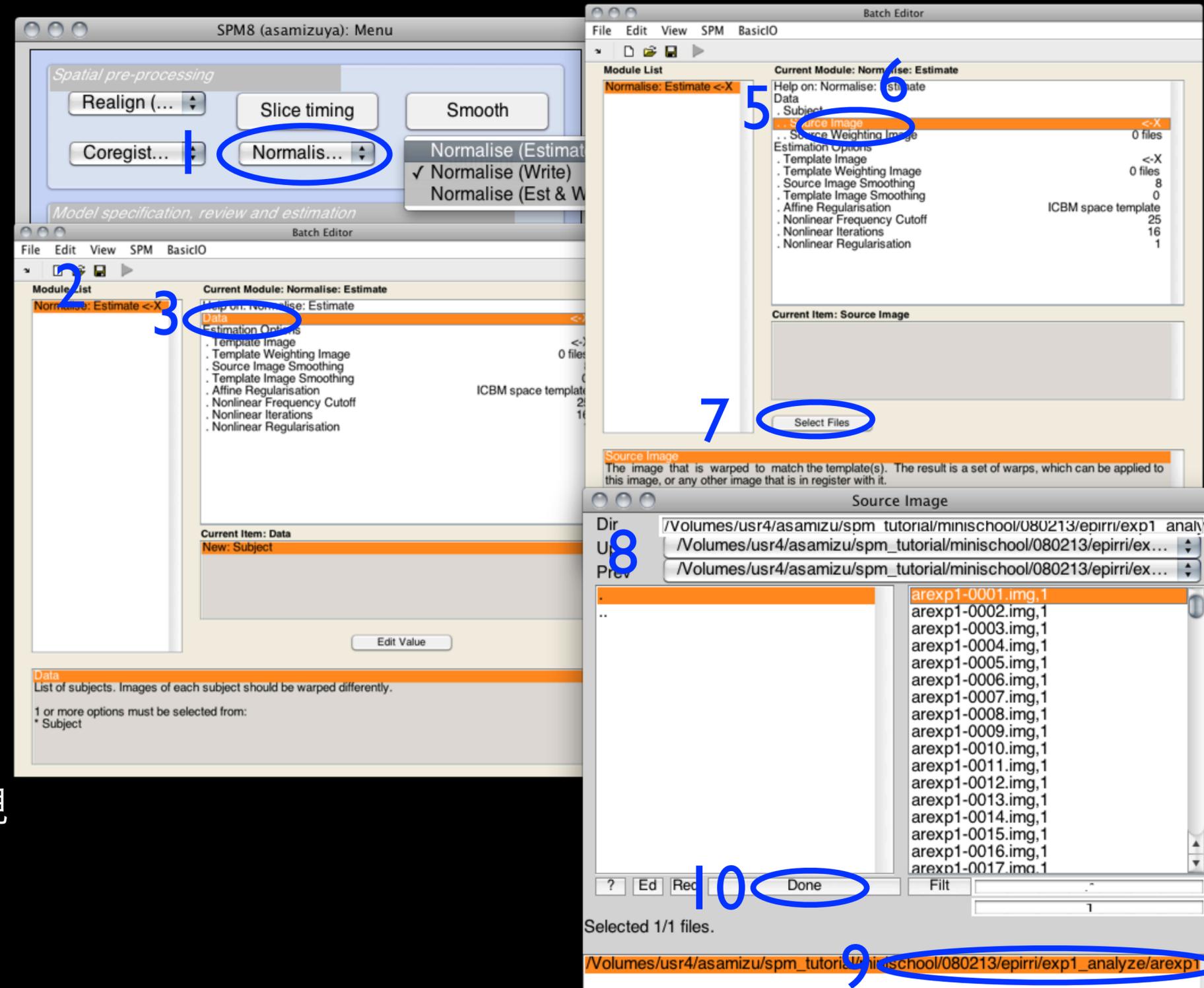
1. 'Coregister(Estimate)'をクリック
2. Batch Editorが出現
3. 'Reference Image'を選択
4. 'Select Files'をクリック
5. ファイルを選択ダイアログが出現
6. 解剖画像'anat\_plan1X.img'を選択
7. 'Done'をクリック
8. 'Source Image'で'meanexp1-0000.img'を選択
9. 'Other Images'で'arexp1-\*\*\*\*.img'を選択

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

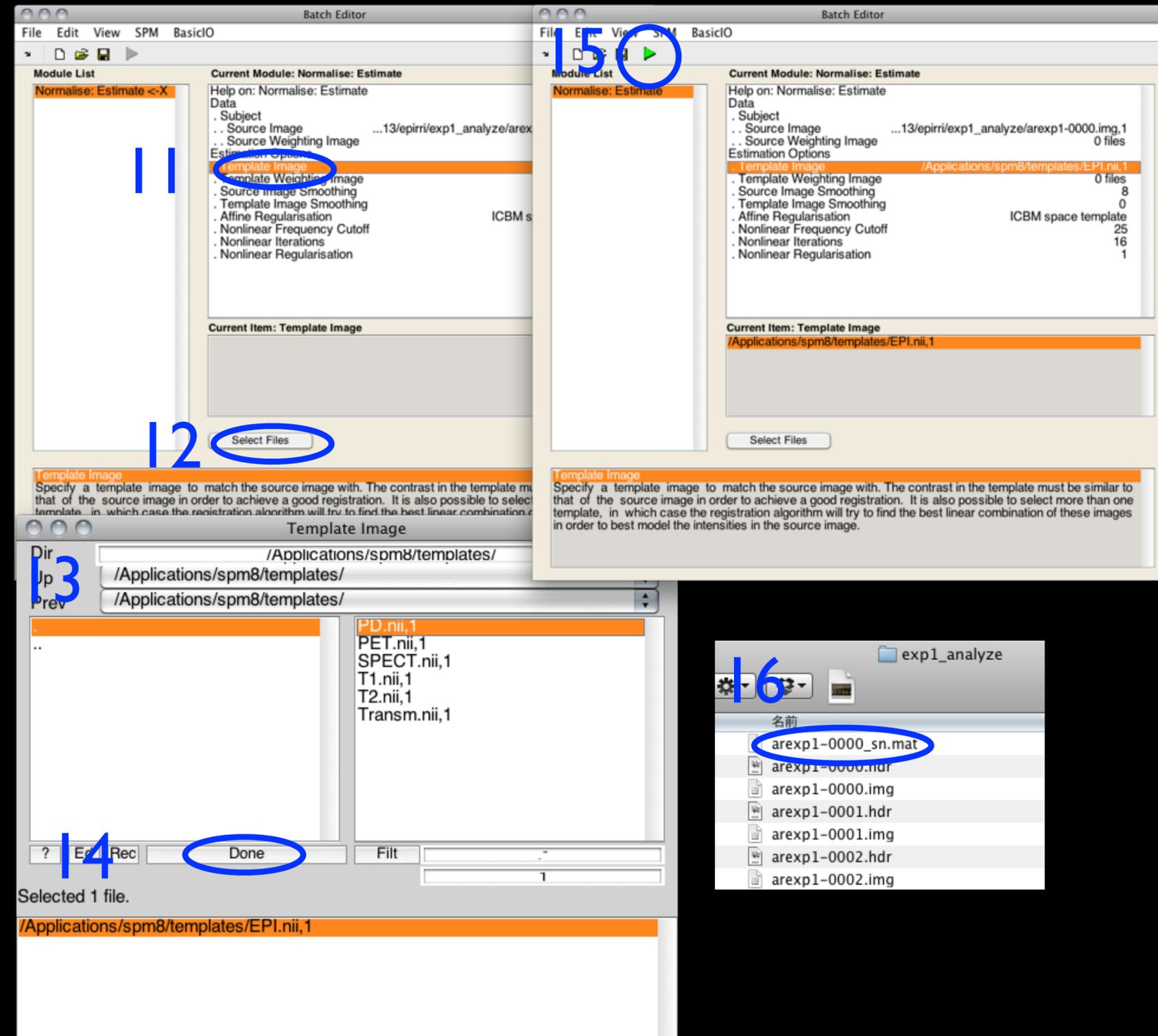
12. ‘Select Files’をクリック

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

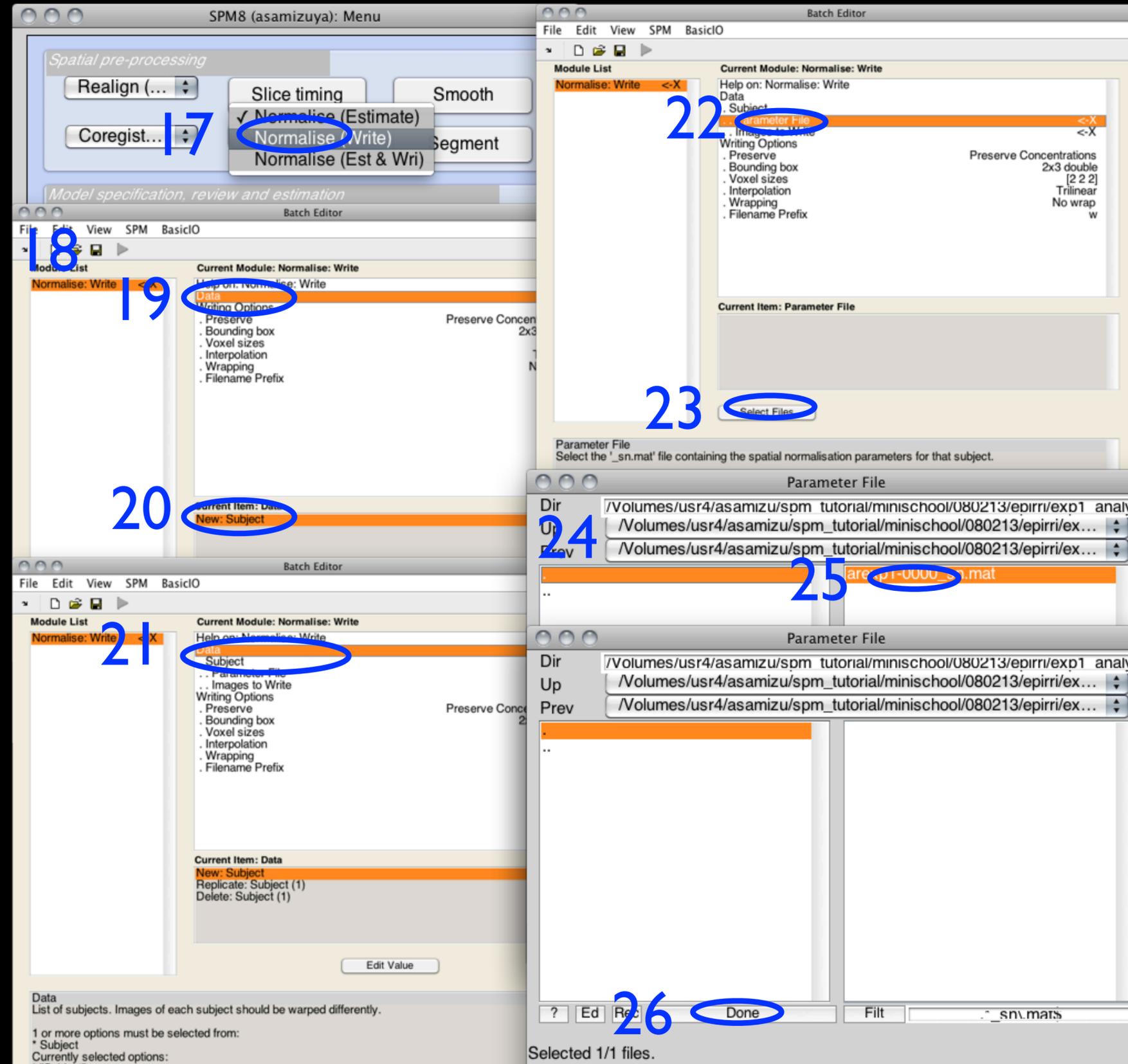
21. Dataの下に‘Subject’欄が出現

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.Normalise

27. 'Images to Write'をクリック

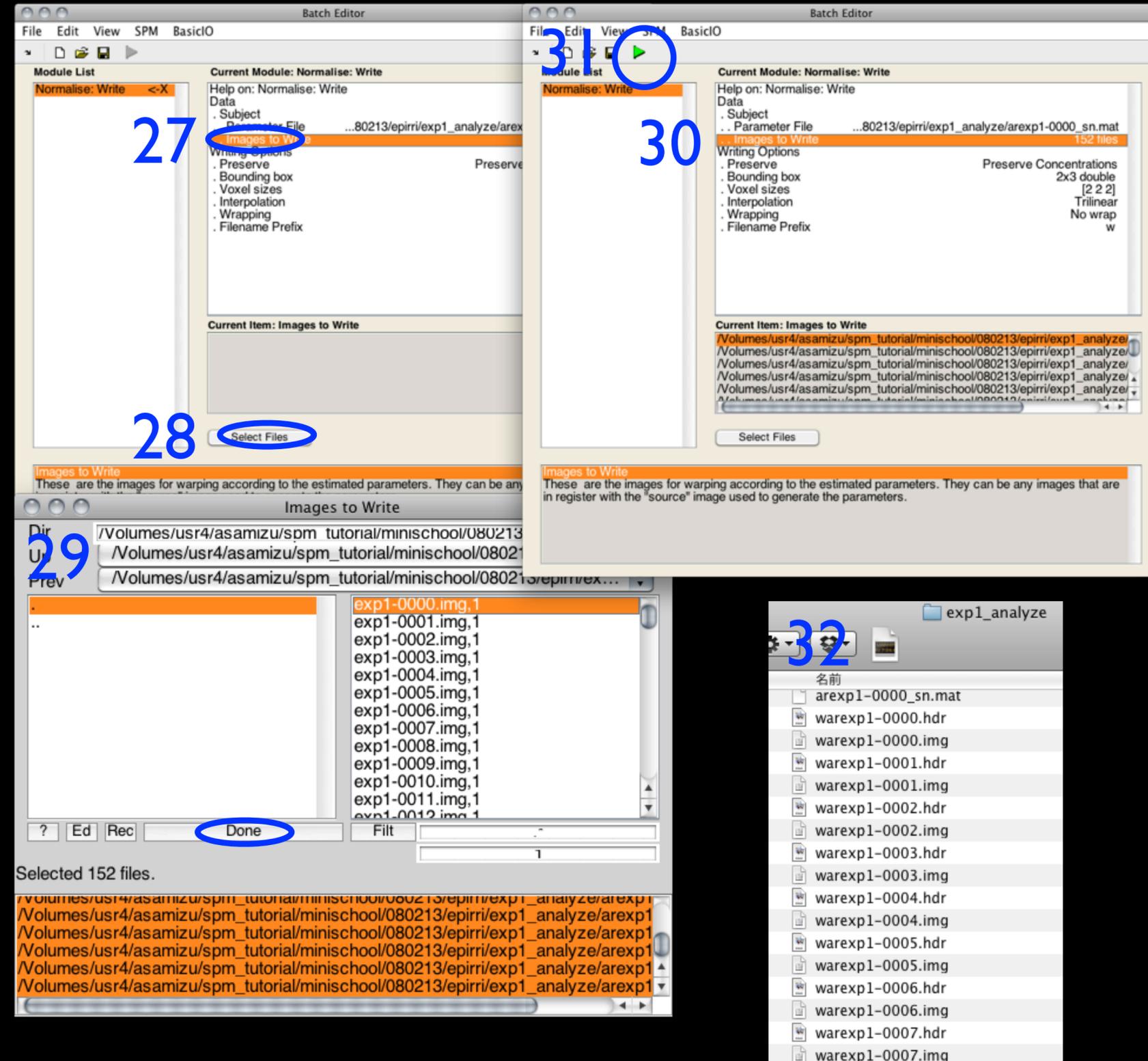
28. 'Select File'をクリック

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

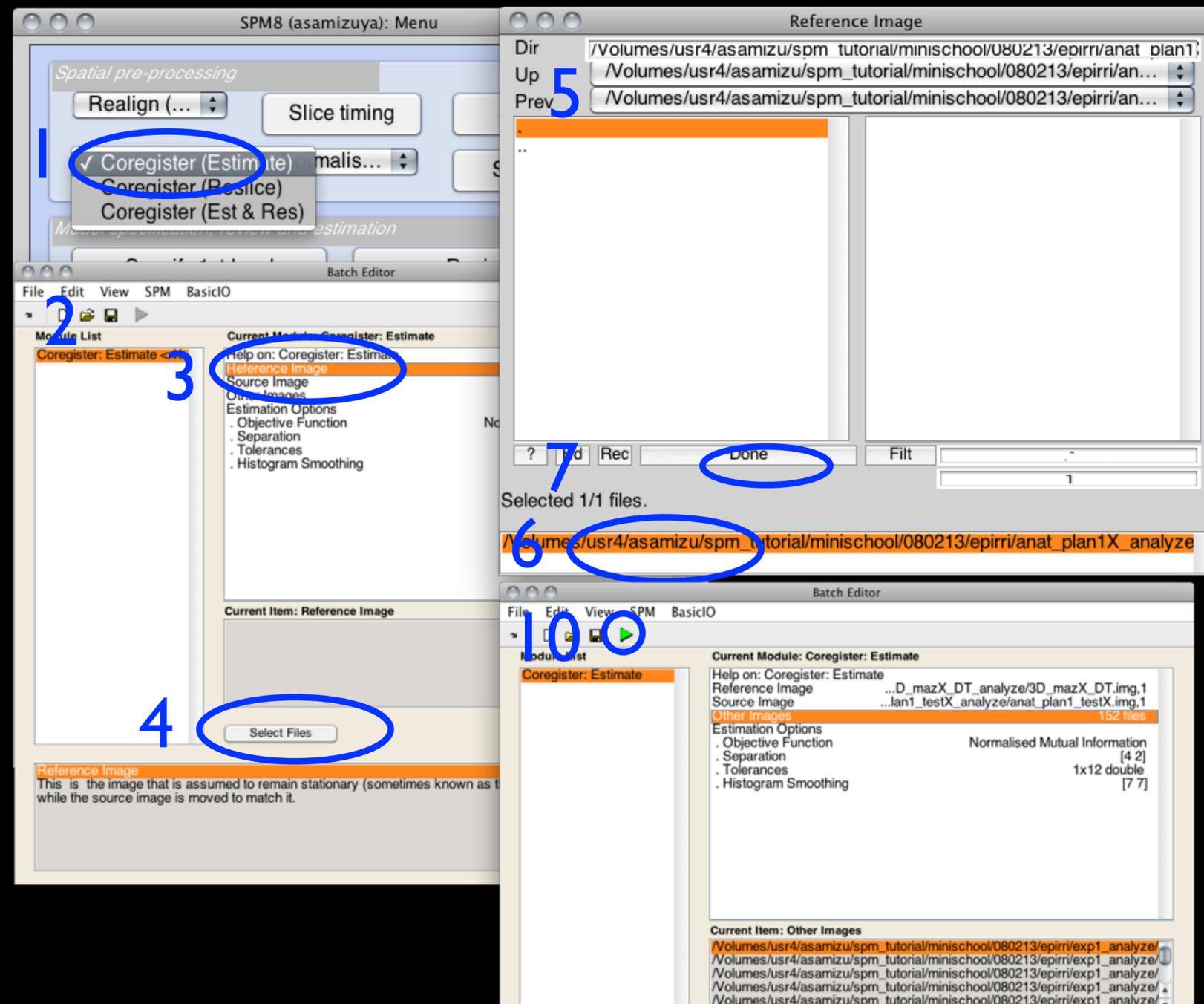


# TI画像を用いたCoregistration

## 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

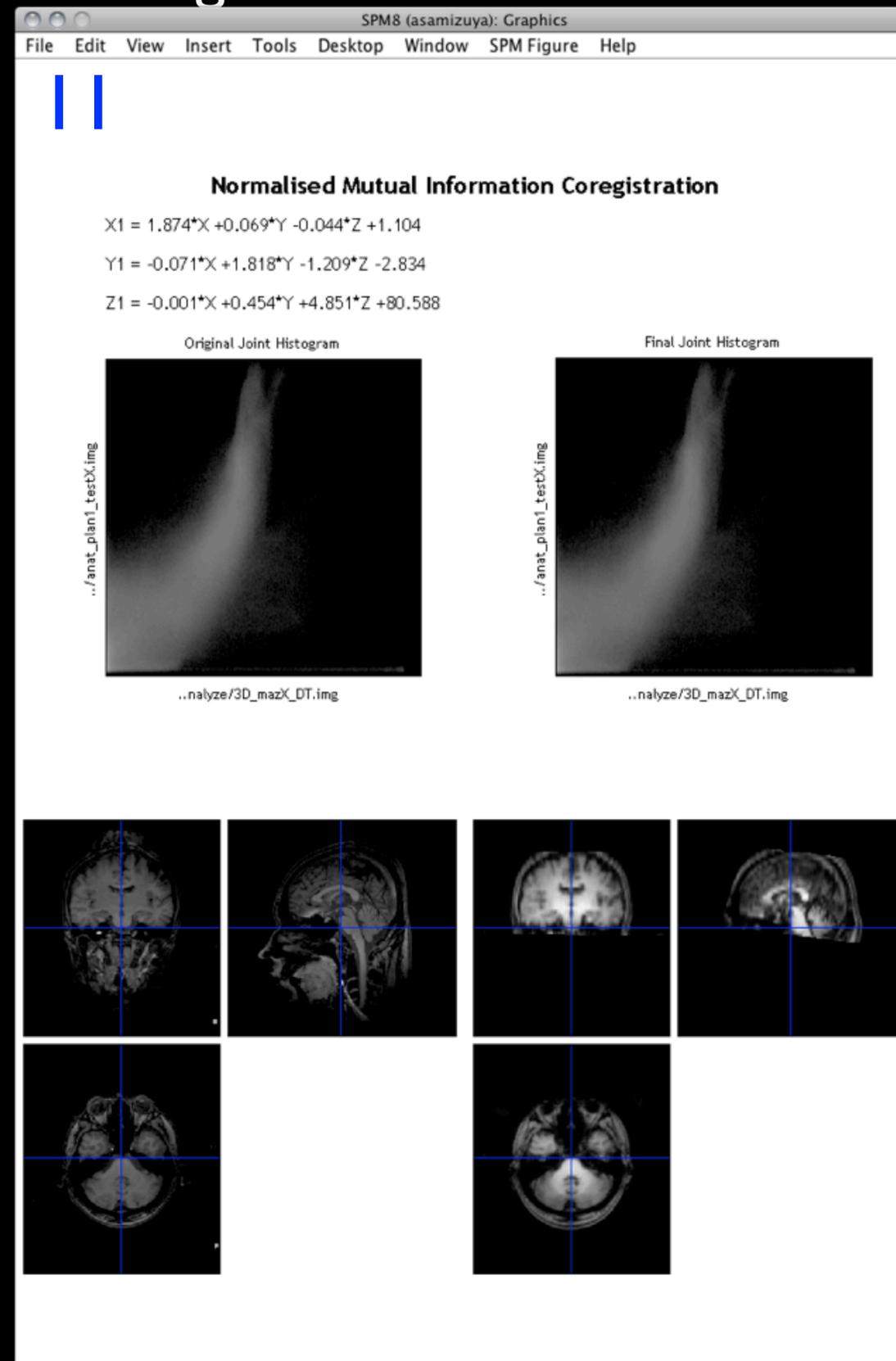
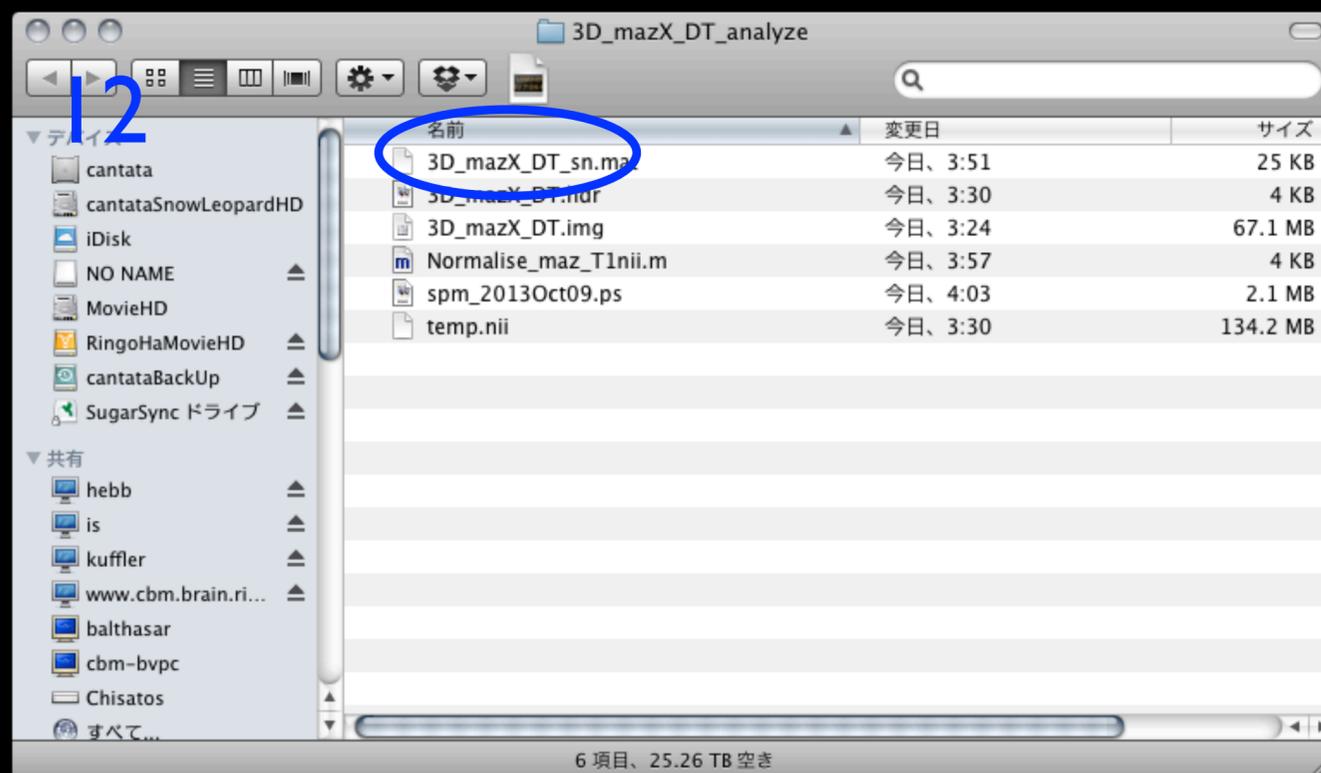
10. これで準備ができたので、緑色に点灯している実行ボタン「▶」をクリックしてバッチ処理を実行する



# F.Coregister by use of T1 images

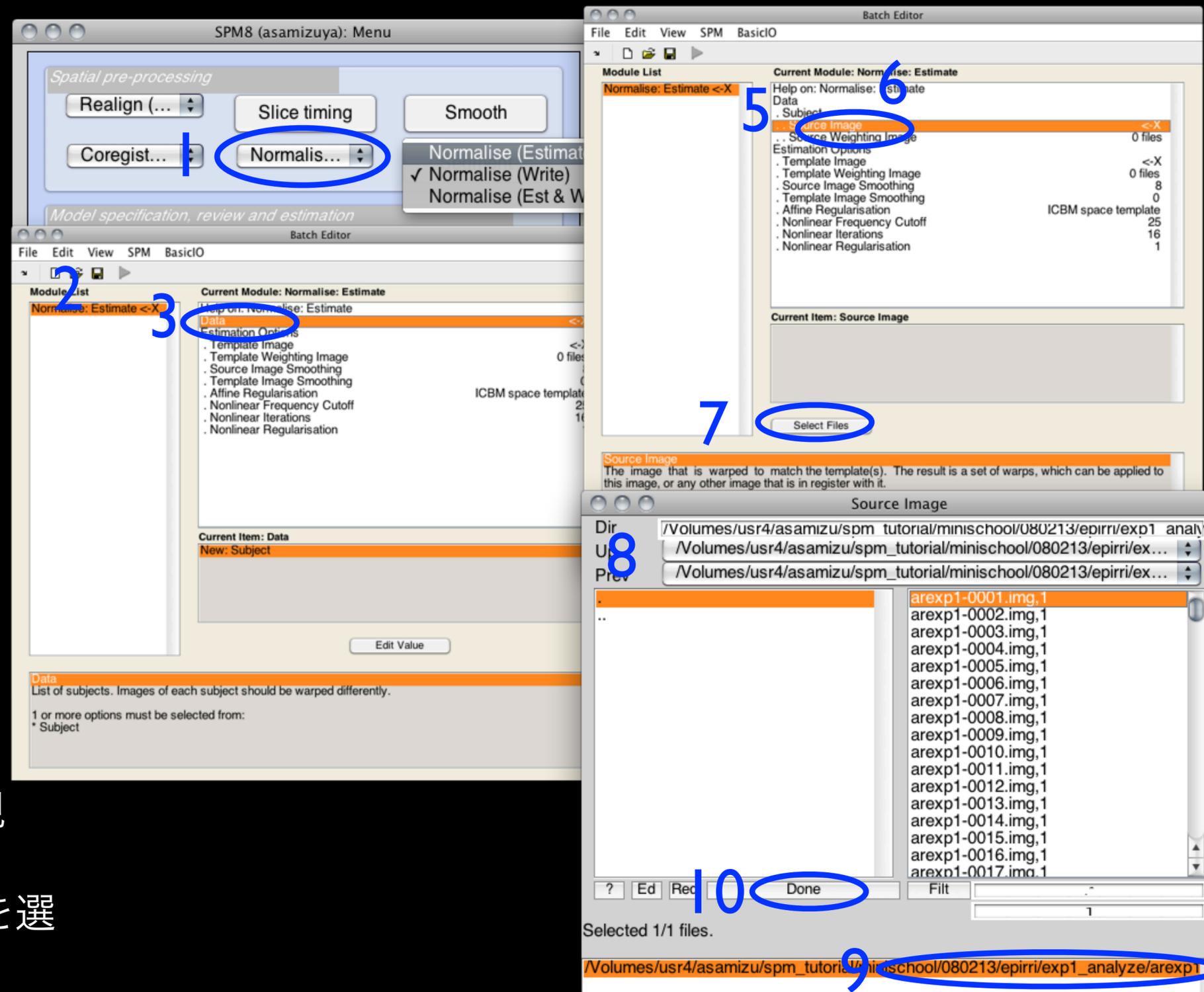
11. Graphicsウィンドウに

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

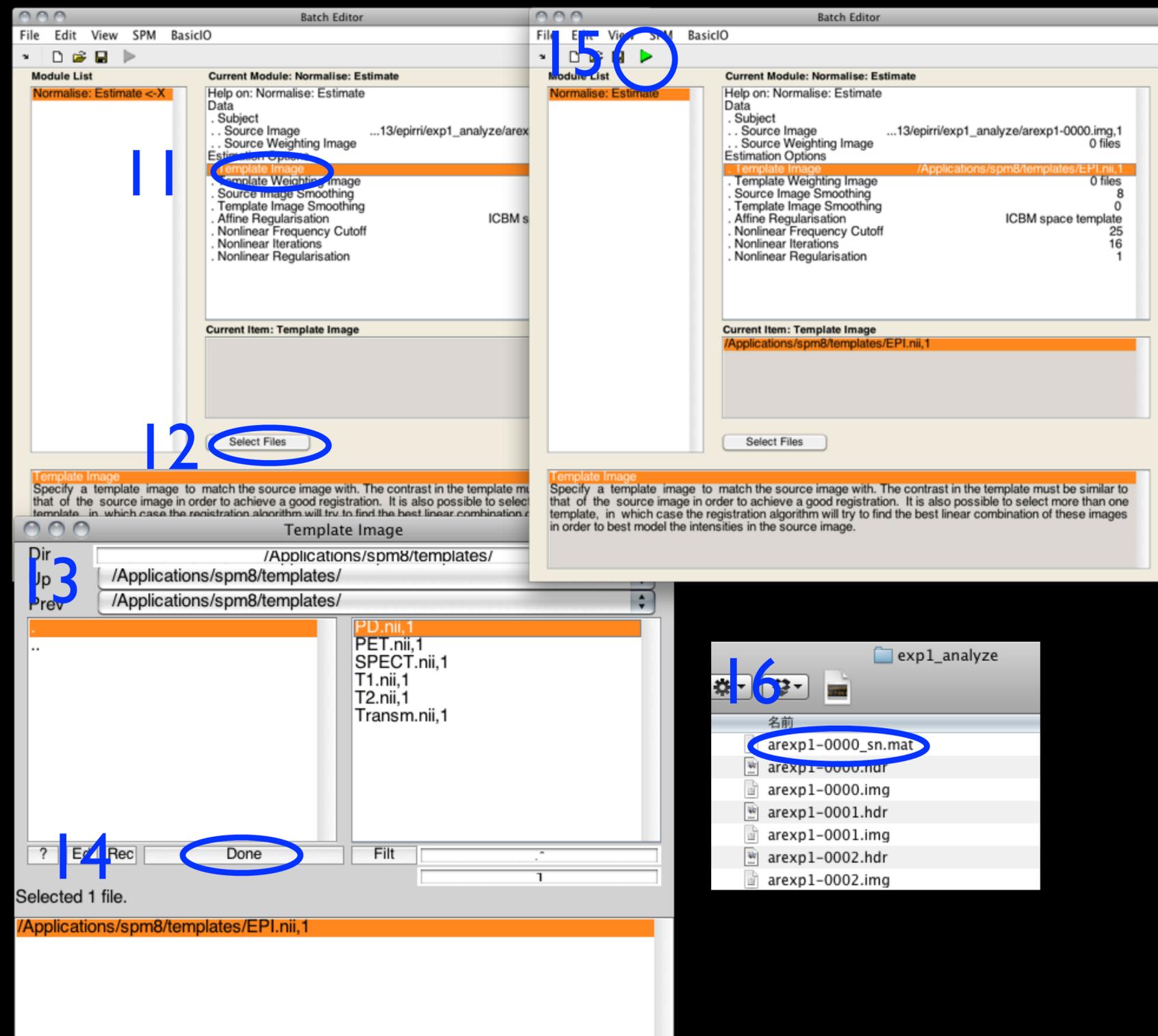
12. ‘Select Files’をクリック

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

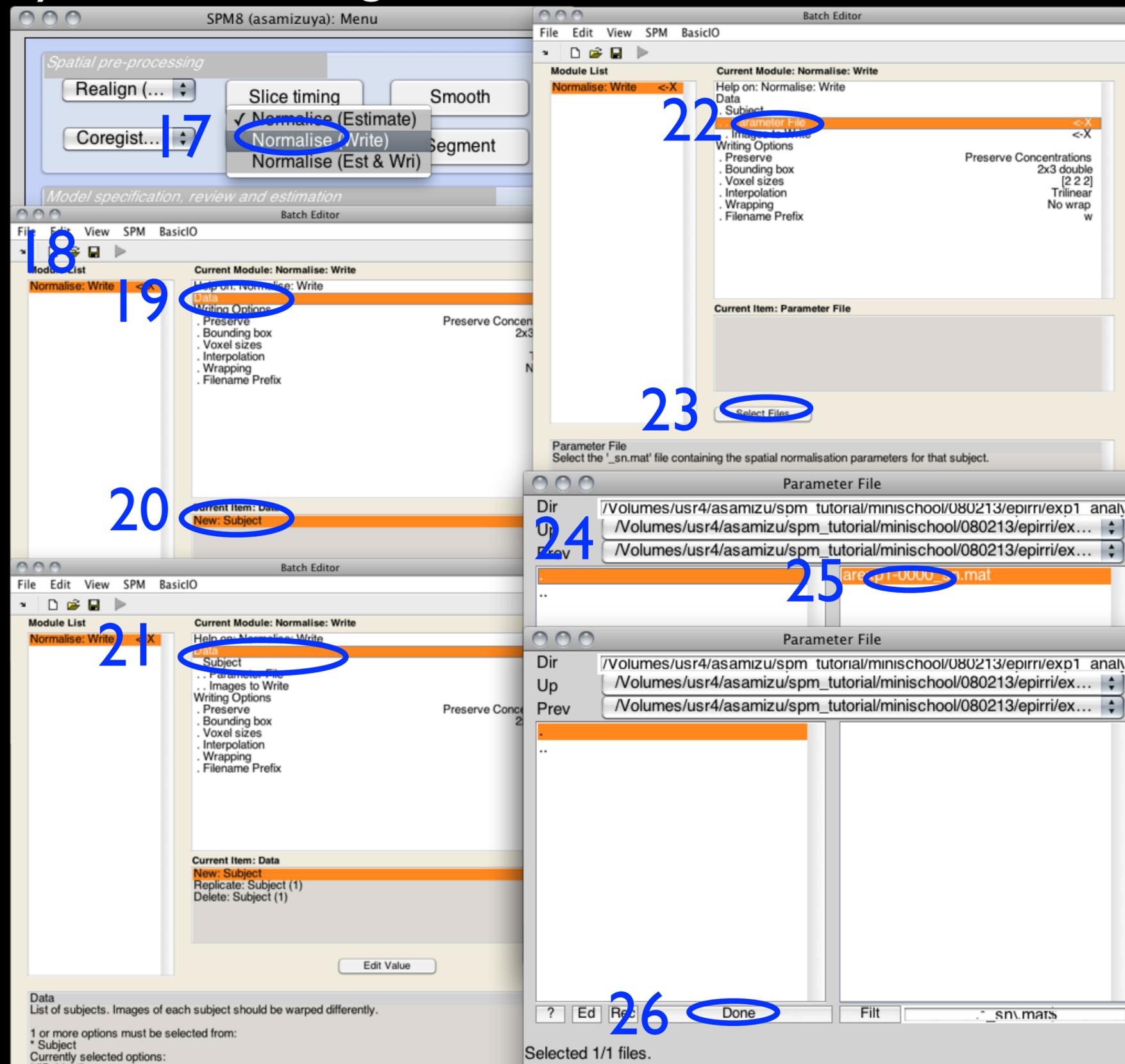
15. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

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.Normalize by use of T1 images

27. 'Images to Write'をクリック

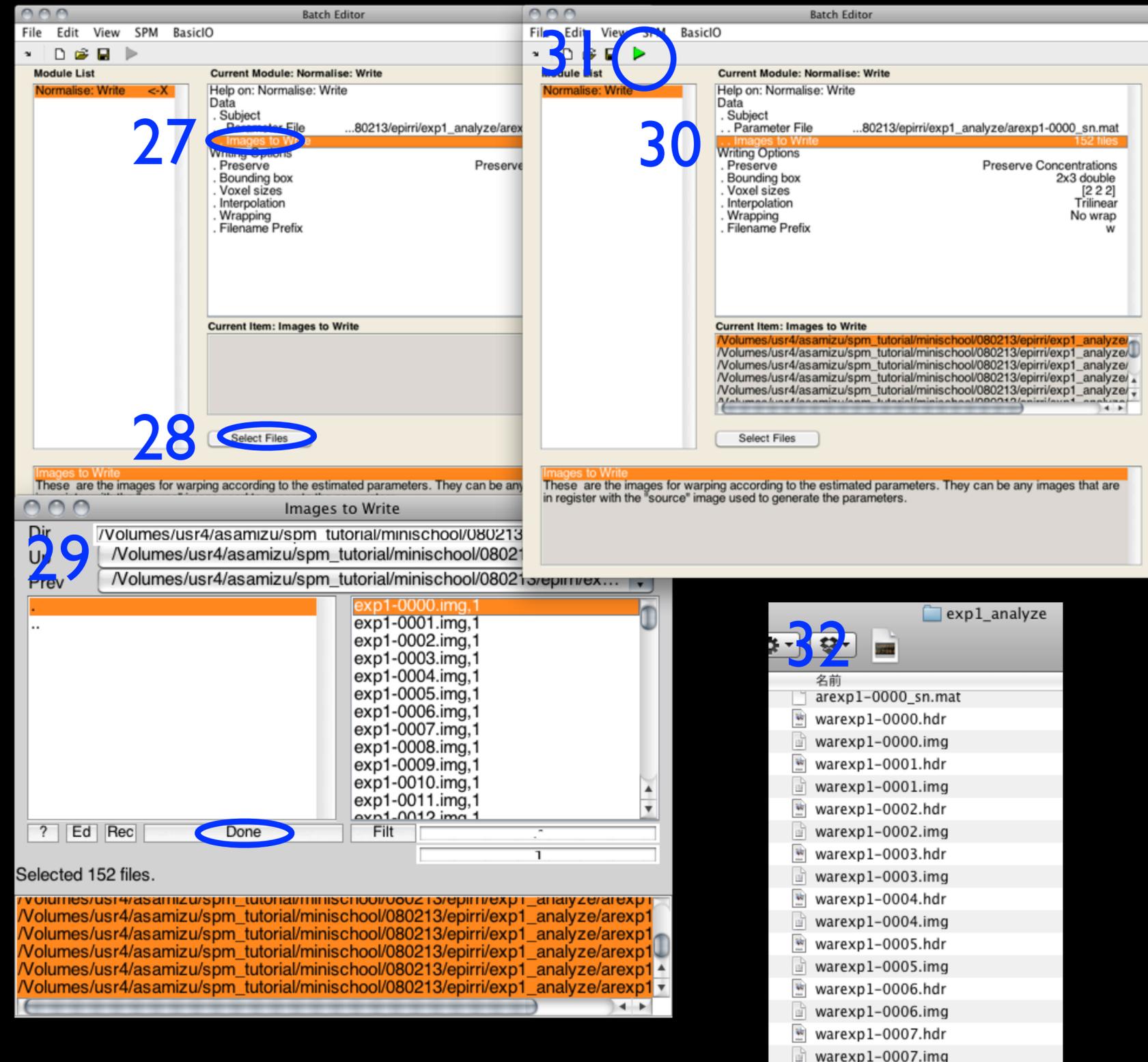
28. 'Select File'をクリック

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。

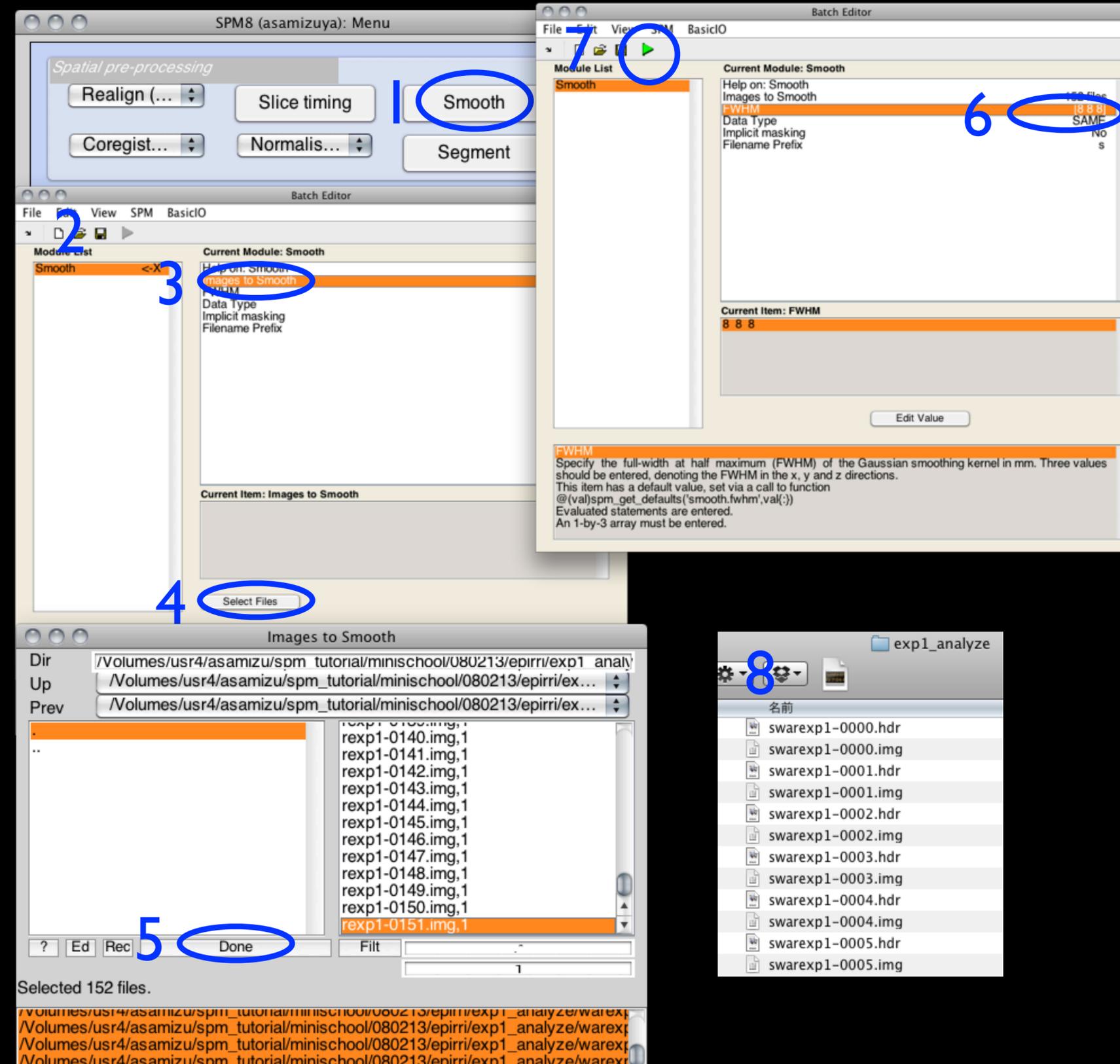
31. Batch Editorにある矢印ボタンが緑色になり、実行可能な状態なる。矢印ボタンをクリックしてNormaliseを実行

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

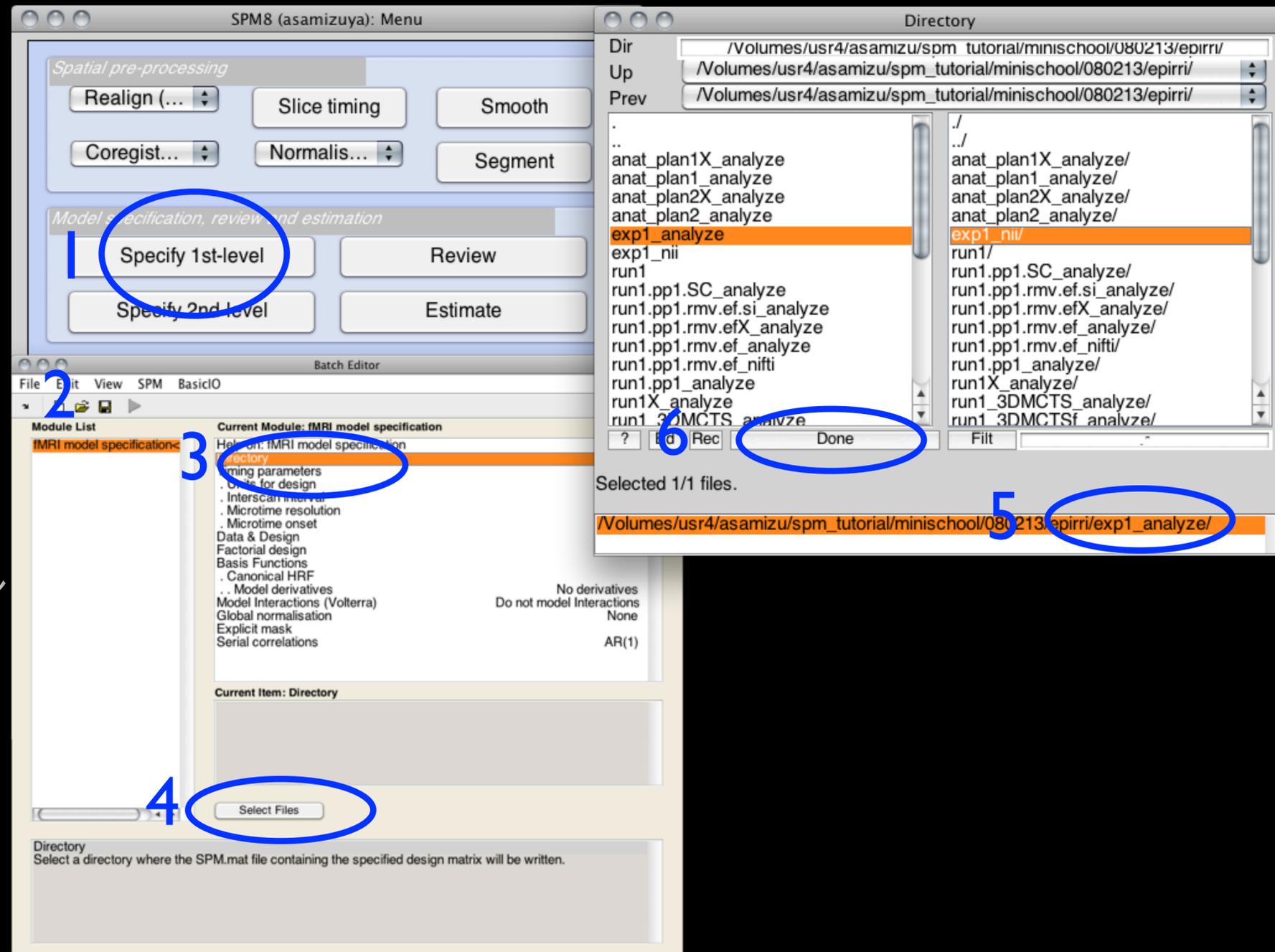
1. Menuより'Smooth'ボタンをクリック
2. Batch Editorが開く
3. 'Image to Smooth'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが開き、そこで先程NormaliseしたEPI画像 'warexp1-\*\*\*\*.img' 全てを選択して'Done'を
6. smoothing[FWHM]は8mm (デフォルト)のまま
7. 緑色になった矢印ボタンを押して実行
8. smoothされたEPI画像が ファイル名の先頭に's'のついた'swarexp1-\*\*\*\*.img'として保存される



# Block Design

# I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

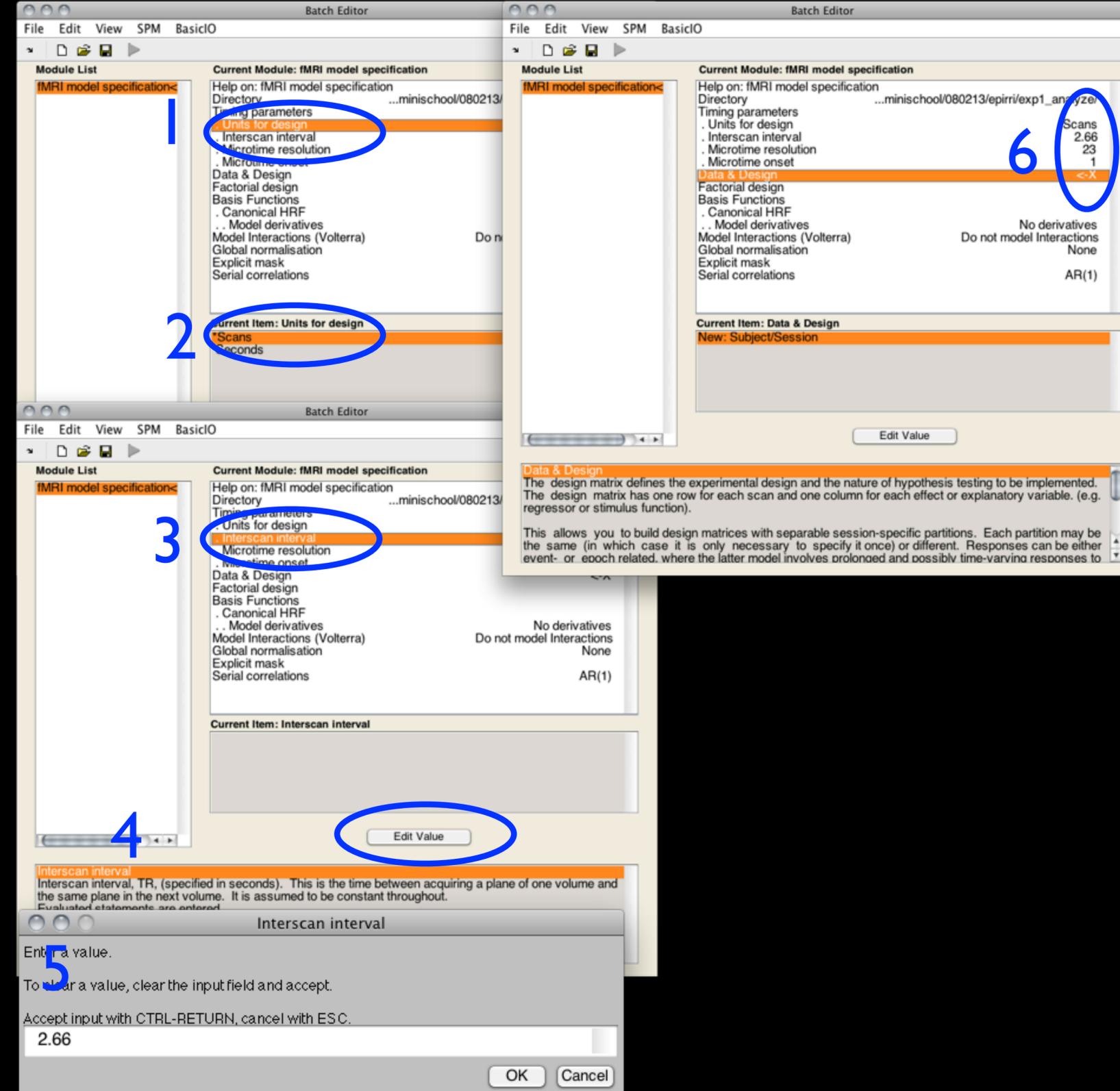
- 作業ディレクトリ指定
  1. 'Specify 1st-level'ボタンをクリック
  2. Batch Editor起動
  3. 'Directory'欄をクリック
  4. 'Select Files'をクリック
  5. 解析結果'\*\*\*.mat'の保存先となるディレクトリを選択
  6. 'Done'をクリック



# I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

- Timing parameterの設定

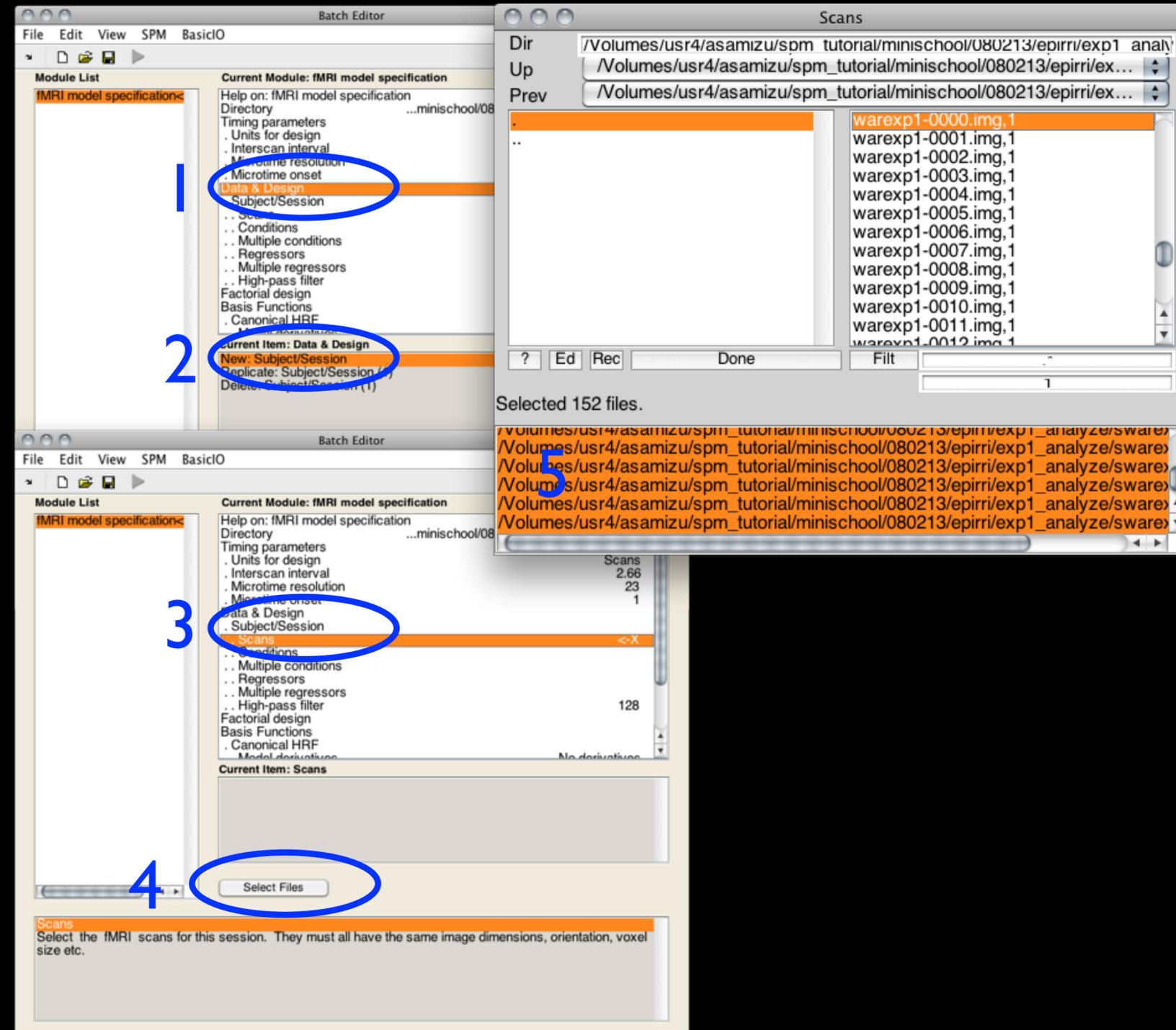
1. 'Timing parameter'下の'Units for design'をクリック
2. [Scans],[Seconds]が選択可能になる。ここでは[Scans]を選択
3. 'Interscan interval'をクリック
4. 'Edit Value'をクリック
5. Volume TRを秒単位（ここでは2.66秒）で入力、'OK'をクリック
6. 同様に'Microtime resolution'にslice数である'23'、'Microtime onset'に'1'を入力



# I. Model specification & parameter estimation [Block Design]

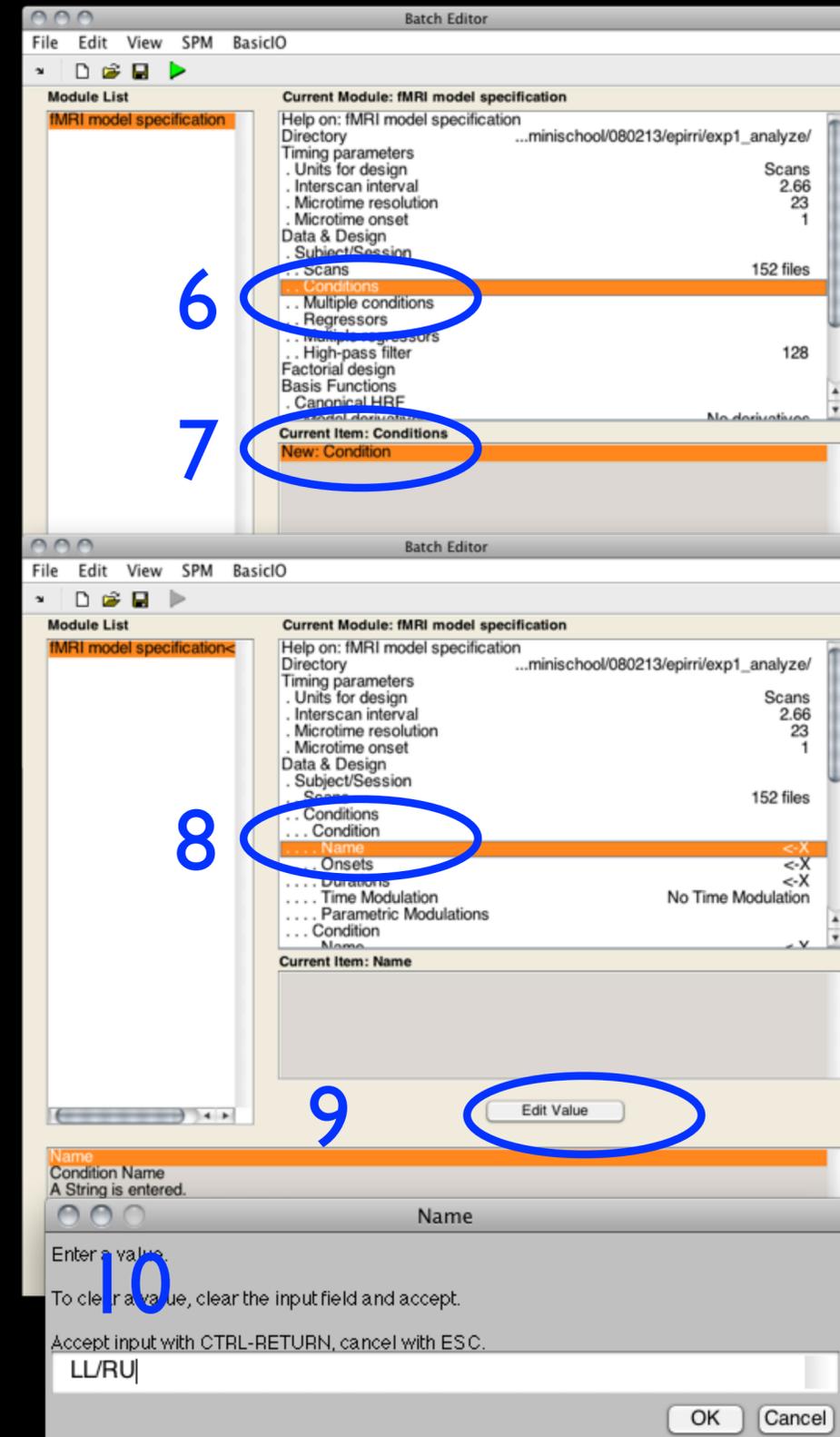
- Data & Designの設定

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

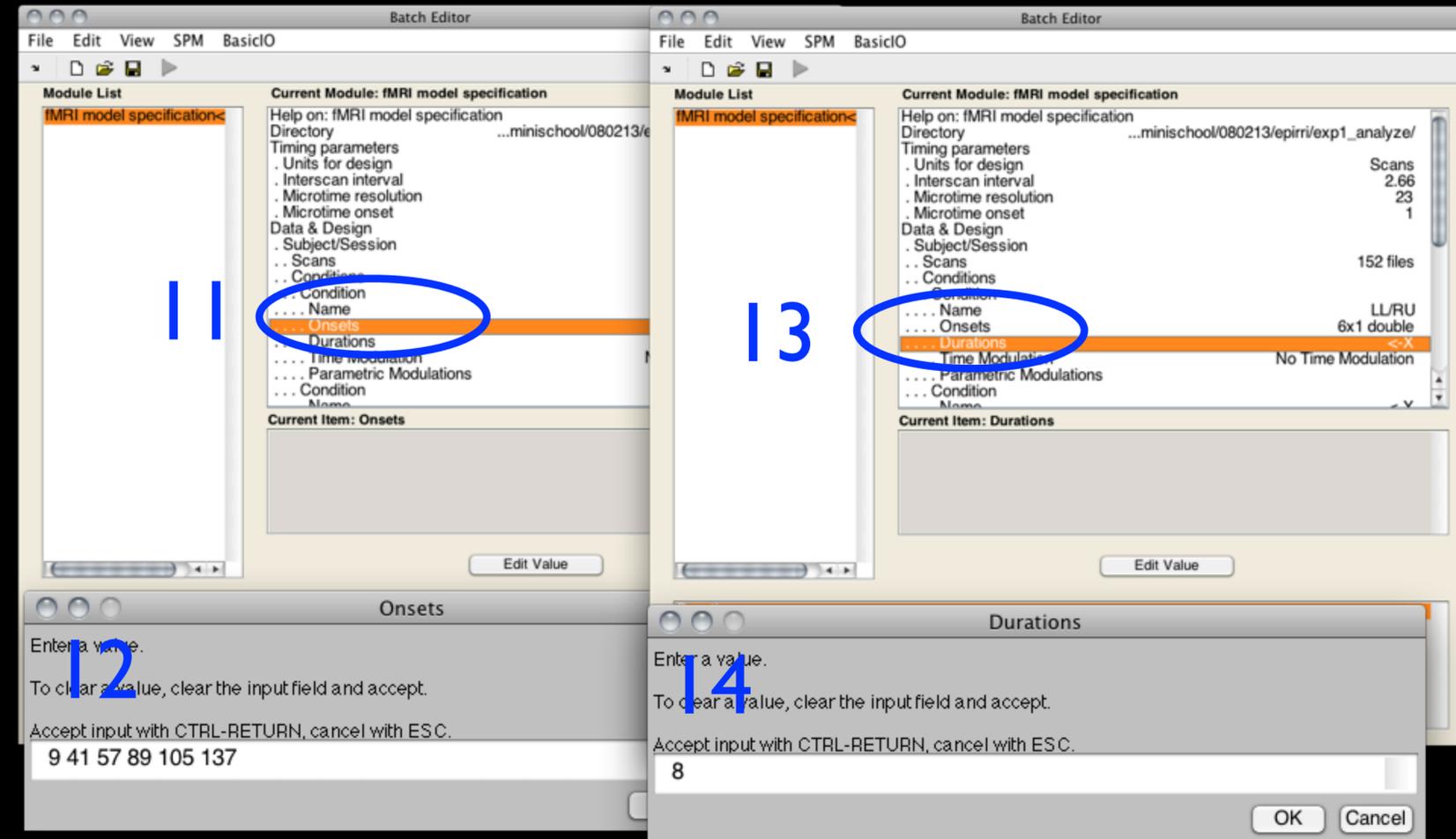
14. 'Durations'に刺激提示のvolume数'8'を入力

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.

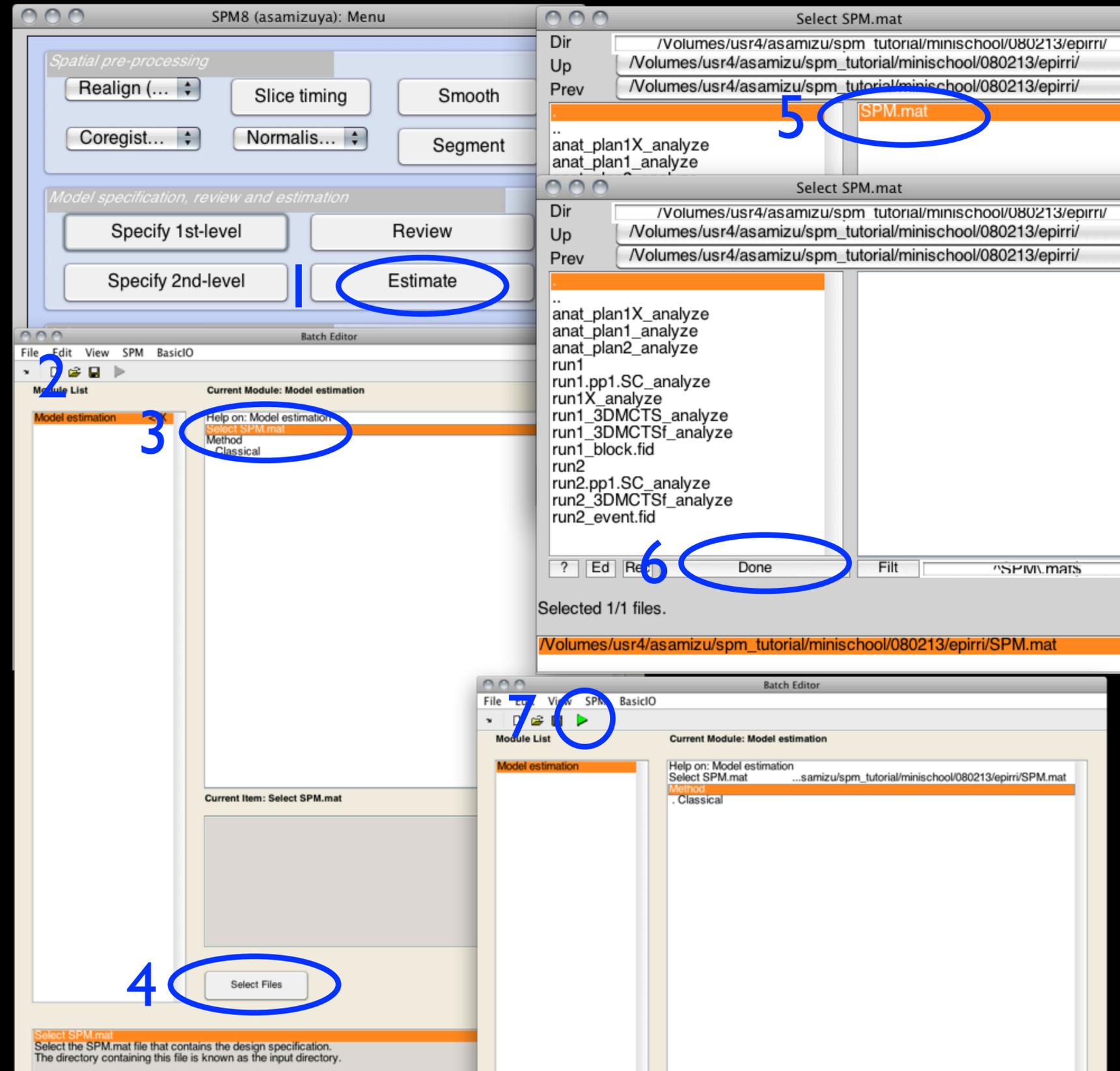
**Design description...**

- 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

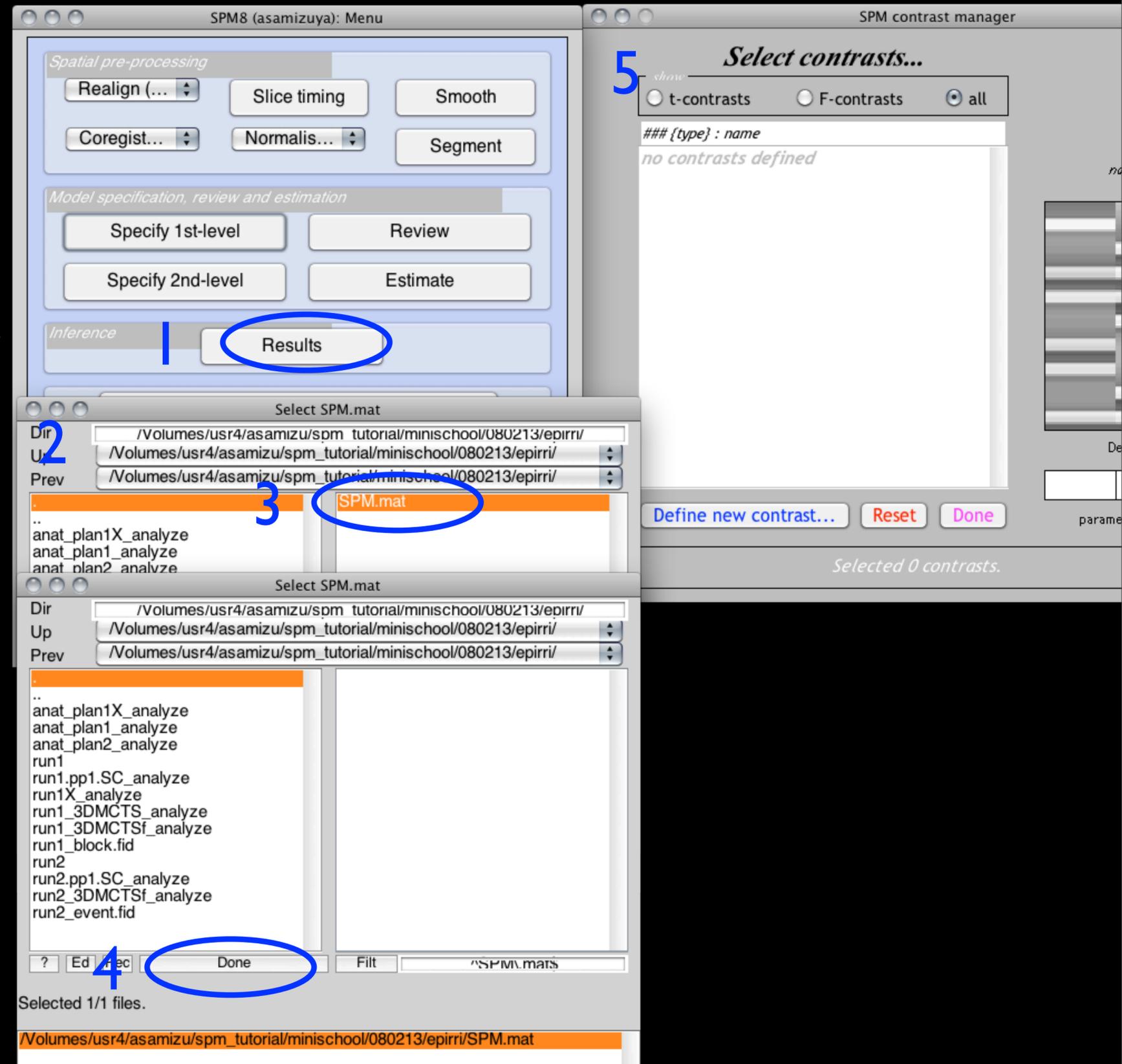
1. 'Estimate'をクリック
2. Batch Editorが表示される
3. 'Select SPM.mat'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
6. 'Done'をクリック
7. 矢印ボタンをクリックして実行



# 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

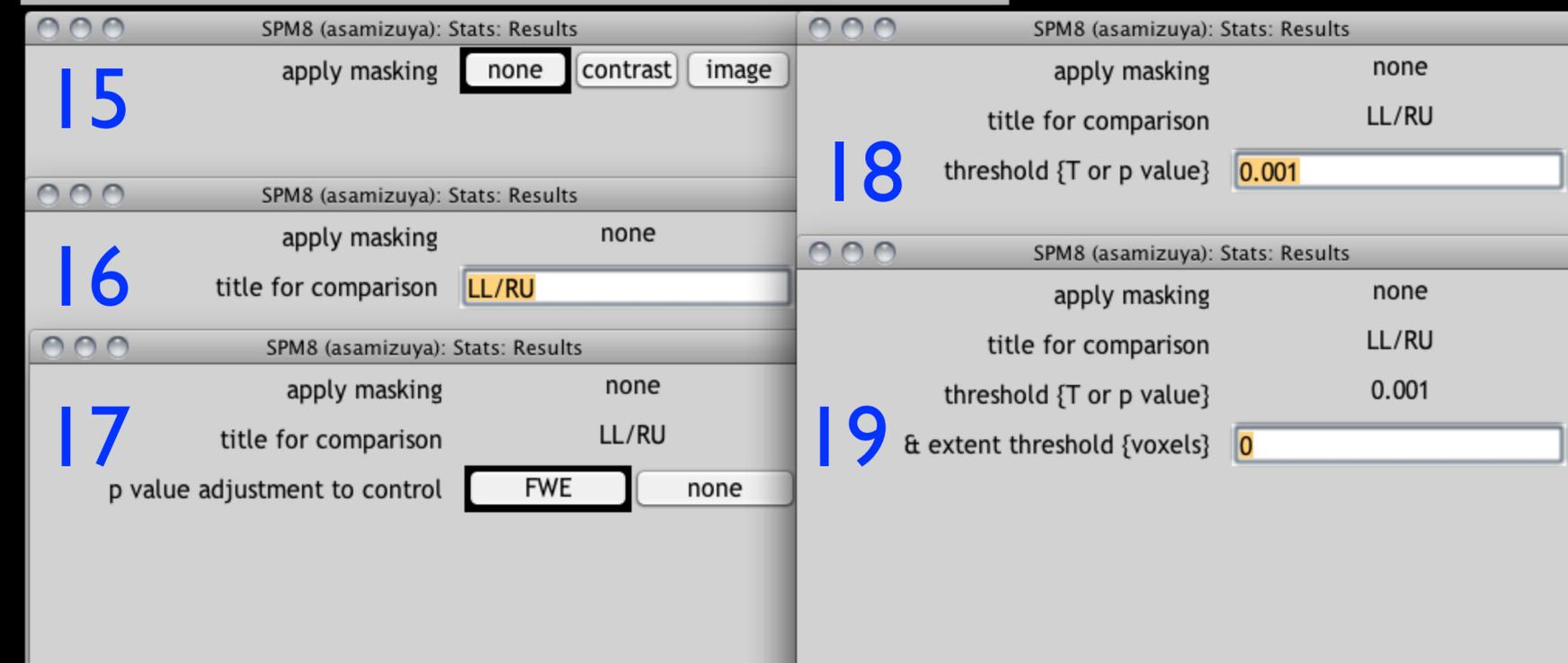
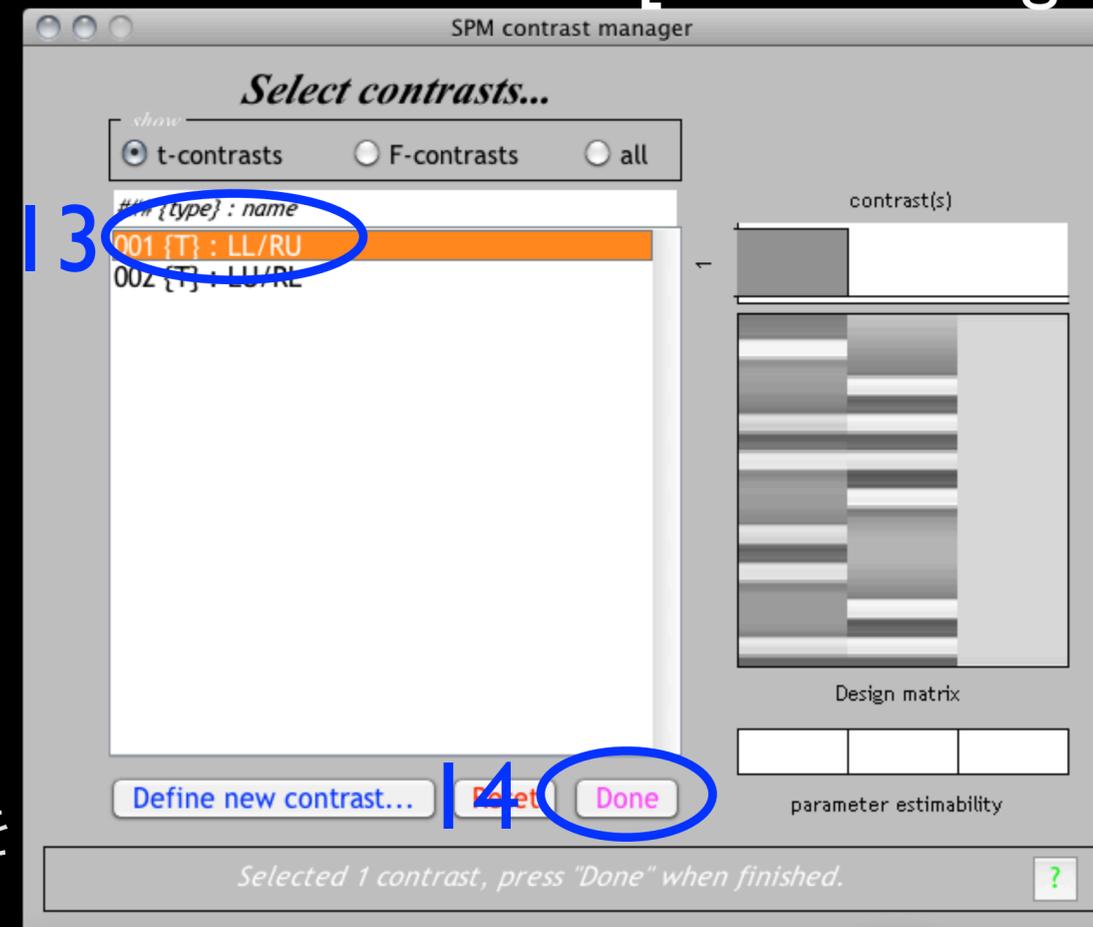
15. 'apply masking'では'none'をクリック

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

**20**

SPM8 (asamizuya): Graphics

File Edit View Insert Tools Desktop Window SPM Figure Help

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

**22**

SPM8 (asamizuya): Graphics

File Edit View Insert Tools Desktop Window SPM Figure Help

LL/RU

contrast[s]

SPM{ $T_{143}$ }

SPMresults: ./minischool/080213/epirri  
Height threshold  $T = 3.148202$  ( $p < 0.001$  (unc.))  
Height threshold  $k = 0$  voxels

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)  
Extent threshold:  $k = 0$  voxels,  $p = 1.000$  (0.930)  
Expected voxels per cluster,  $\langle c \rangle = 108.890$   
Expected number of clusters,  $\langle c \rangle = 2.66$   
FWEp: 4.489, FDRp: 5.854, FWEc: 4323, FDRc: 4323

Degrees of freedom = [1.0, 143.0]  
FWHM = 20.5 24.3 15.5 mm mm mm; 10.2 12.2 7.8 (voxels)  
Volume: 1746560 = 218320 voxels = 210.2 resels  
Voxel size: 2.0 2.0 2.0 mm mm mm; (resel = 966.08 voxels)

# 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

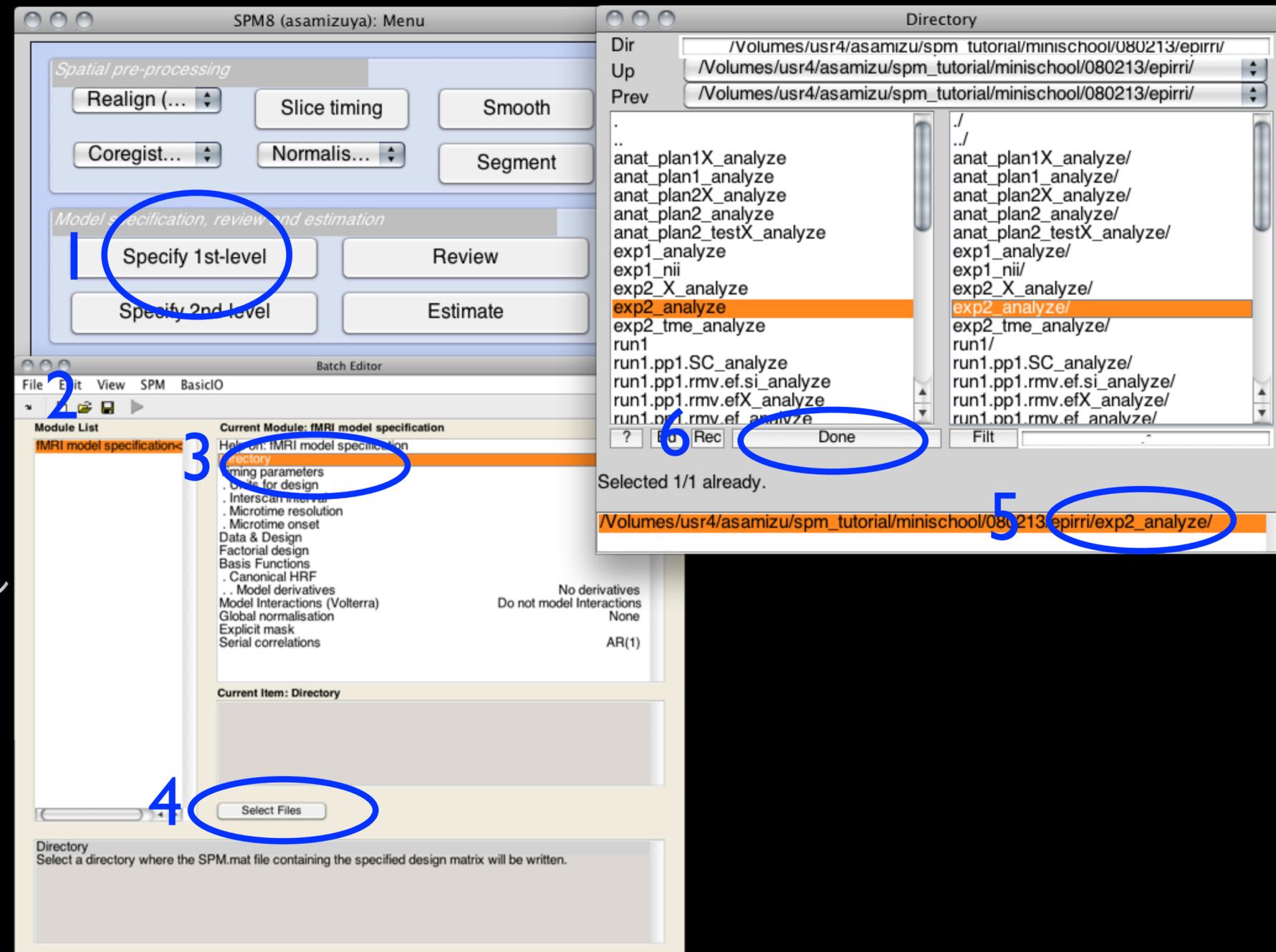
26. T1強調画像の上にactivationが重ねて表示される

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 images for rendering. 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

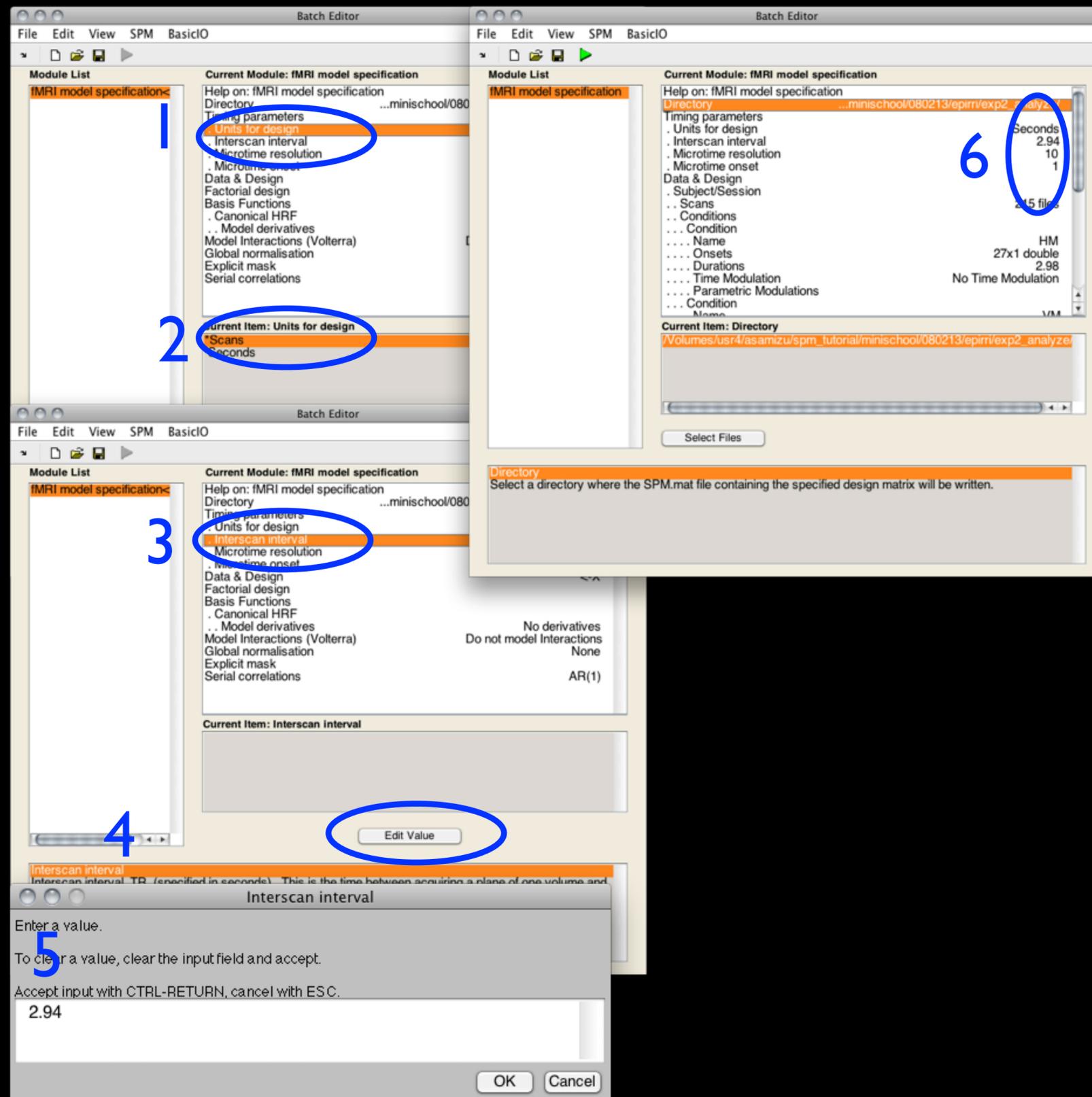
# K.Model specification & parameter estimation [Event Related Design]

- 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]

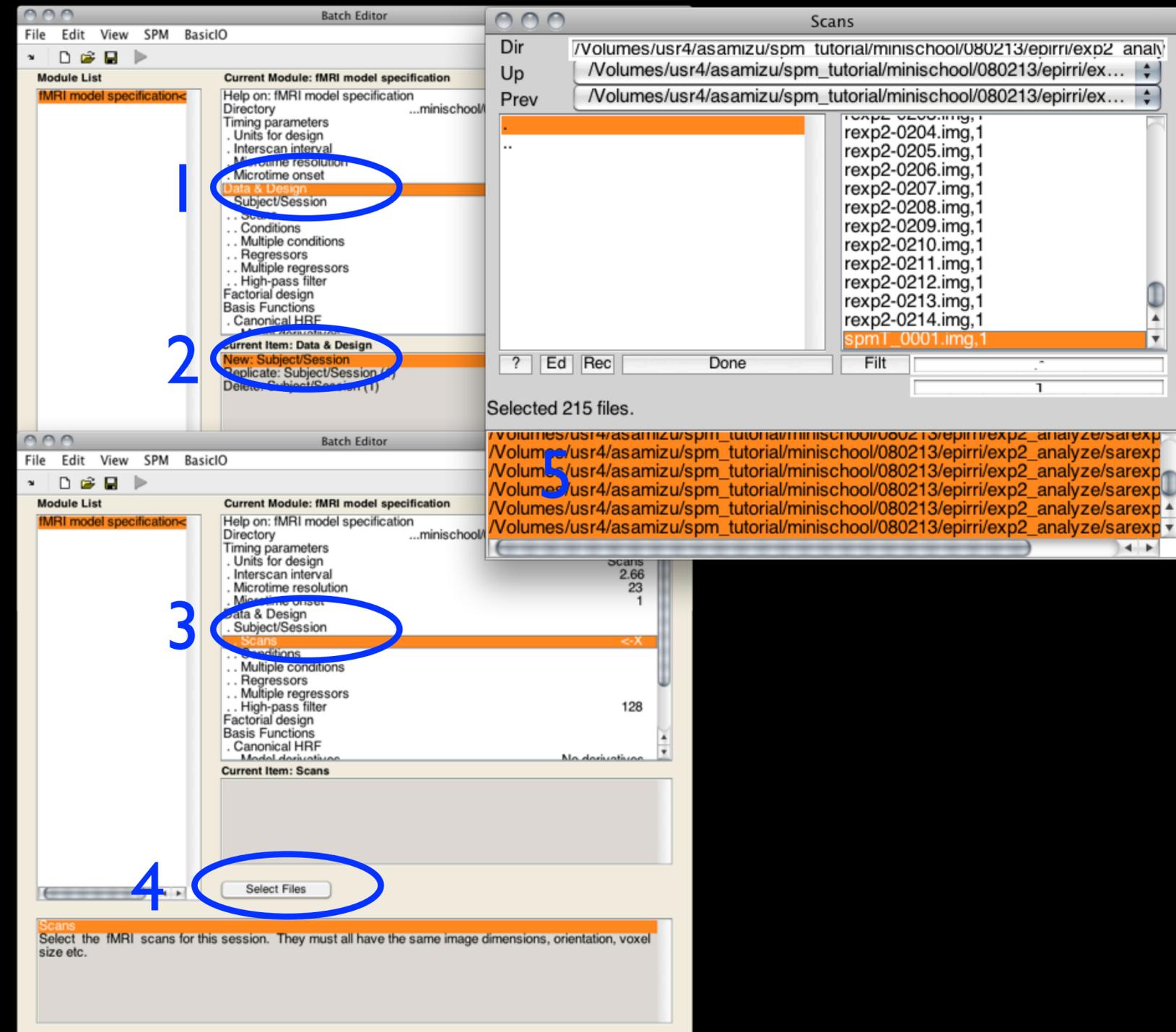
- Timing parameterの設定
  1. 'Timing parameter'下の'Units for design'をクリック
  2. [Scans],[Seconds]が選択可能になる。ここでは[Seconds]を選択
  3. 'Interscan interval'をクリック
  4. 'Edit Value'をクリック
  5. Volume TRを秒単位（ここでは2.94秒）で入力、'OK'をクリック
  6. 同様に'Microtime resolution'にslice数である'23'、'Microtime onset'に'1'を入力



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

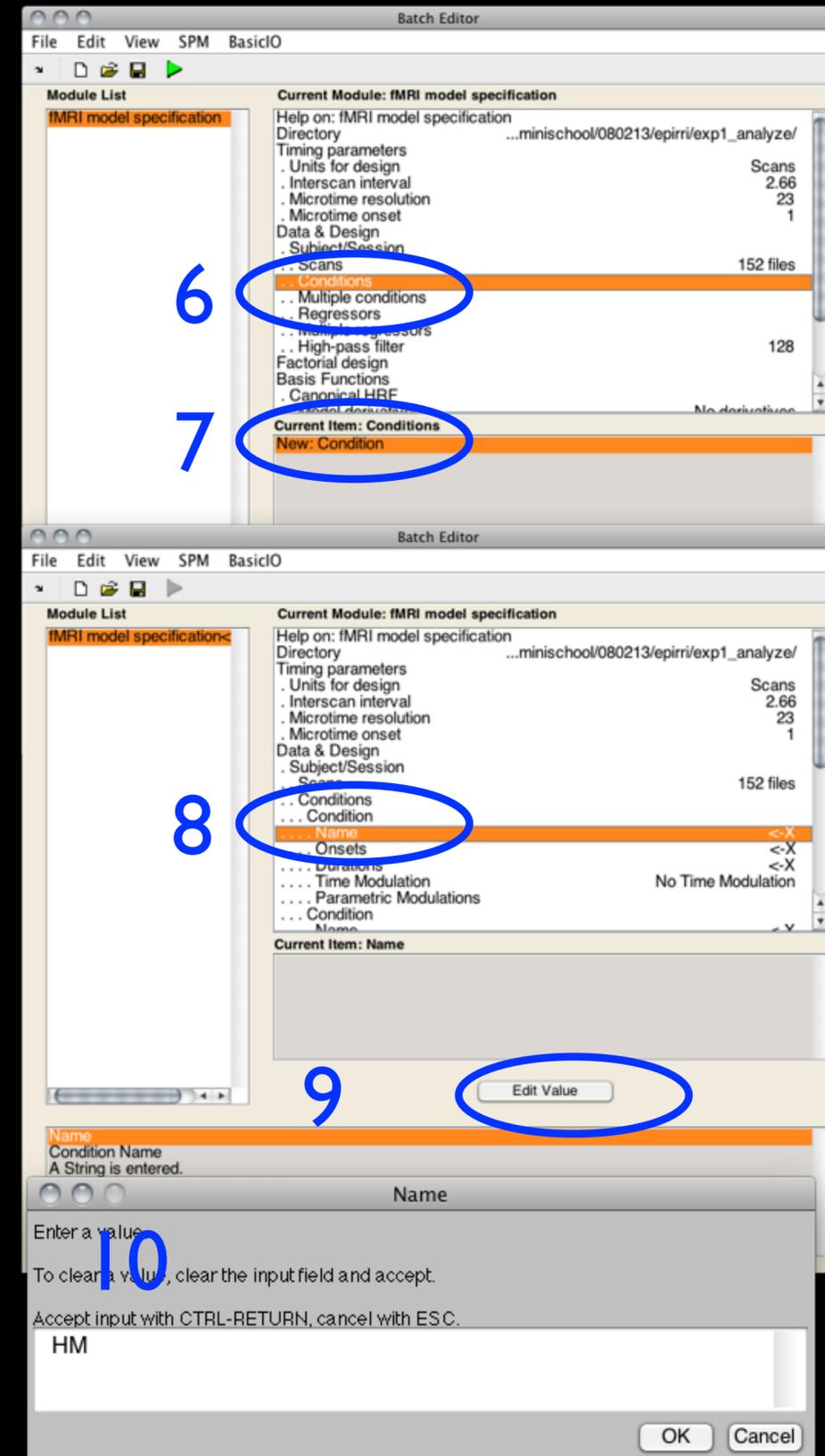
- Data & Designの設定

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

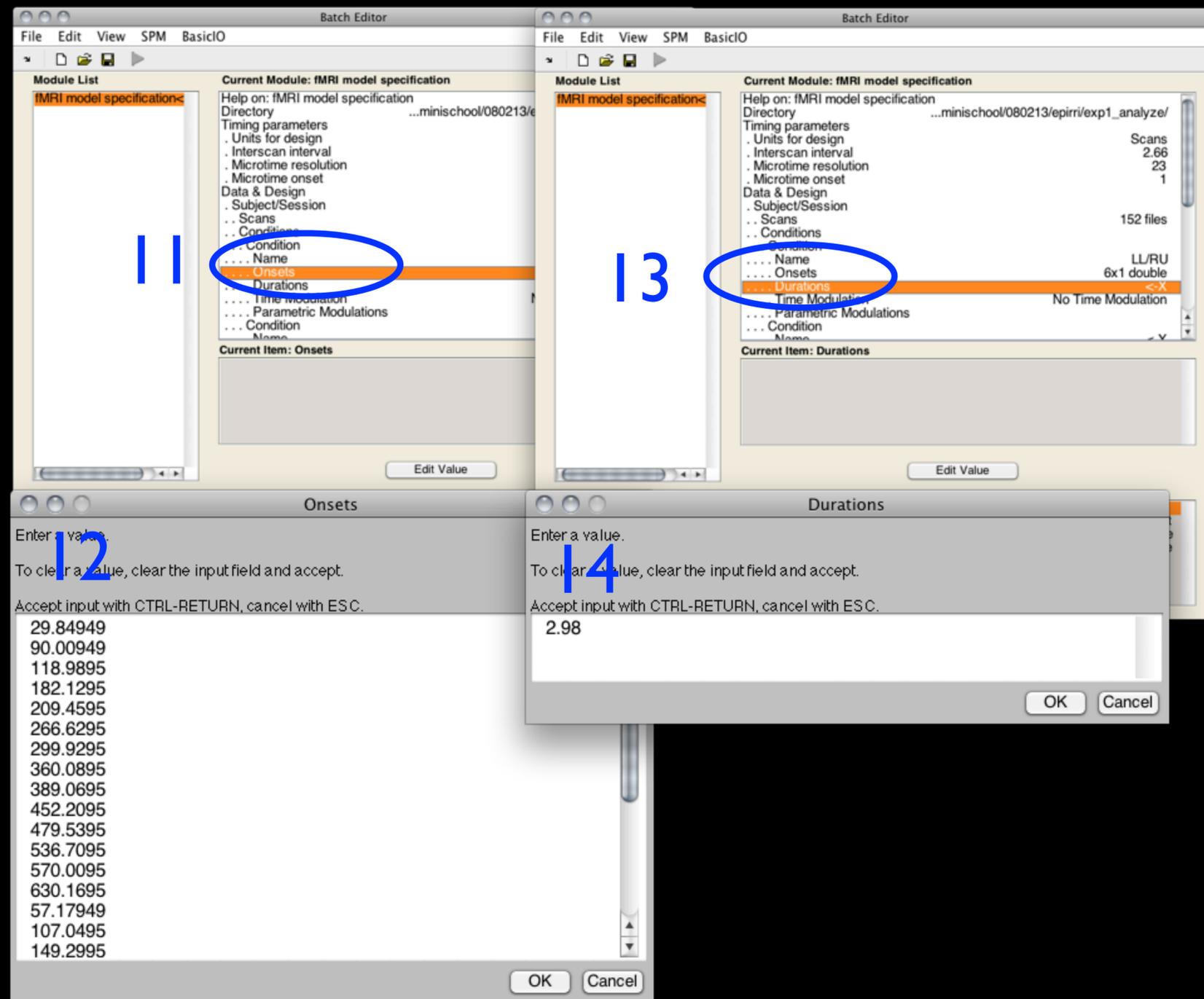
11. 'Onsets'をクリック、'Edit Value'をクリック

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

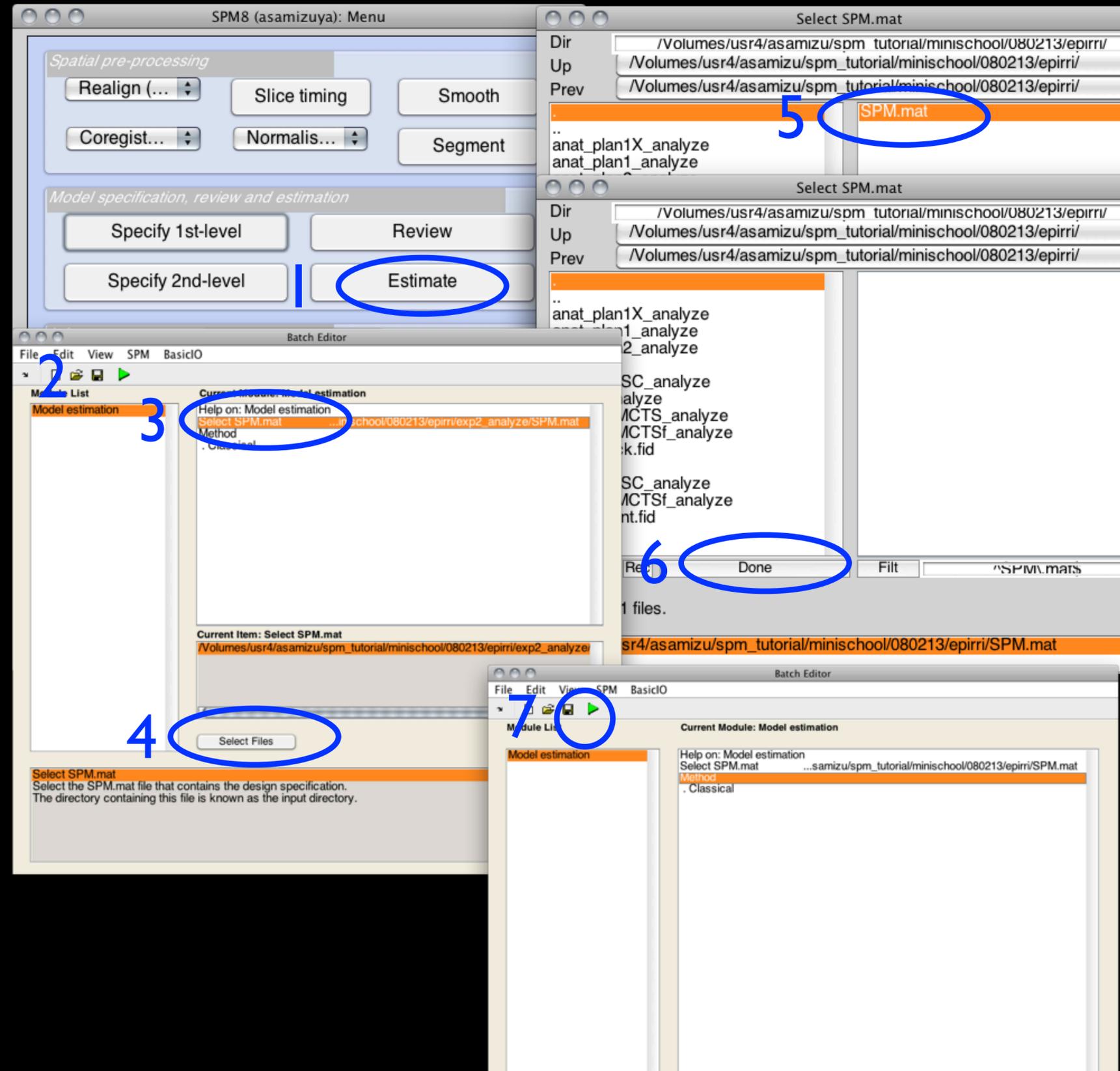
21. Design Matrixが表示される

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. The right screenshot shows the 'Statistical analysis: Design' window, which displays a design matrix with columns for 'Sn(1) Hwfb(1)', 'Sn(1) Vwfb(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

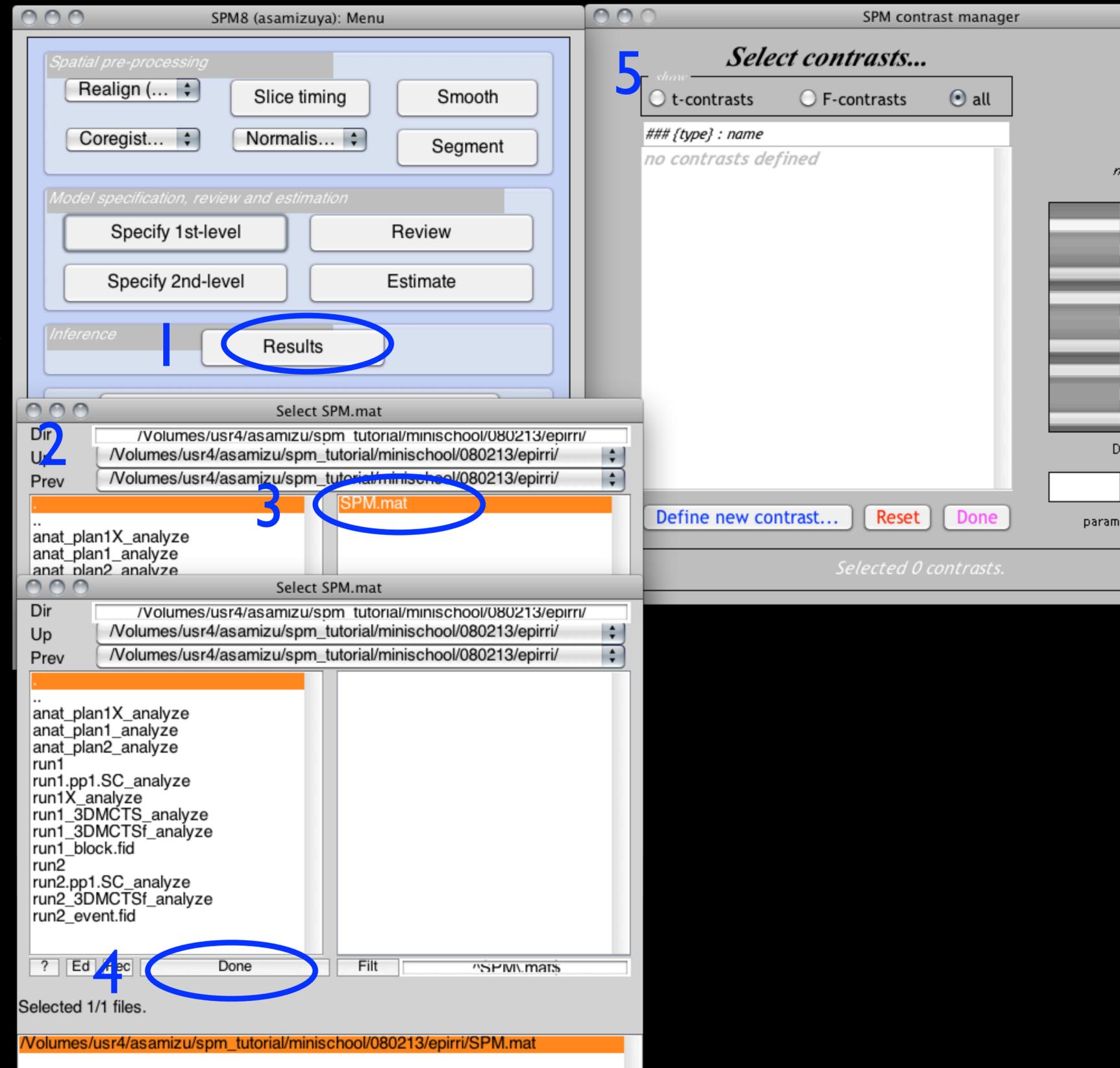
1. 'Estimate'をクリック
2. Batch Editorが表示される
3. 'Select SPM.mat'をクリック
4. 'Select Files'をクリック
5. ダイアログが現れるので、'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
6. 'Done'をクリック
7. 矢印ボタンをクリックして実行



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

- Results

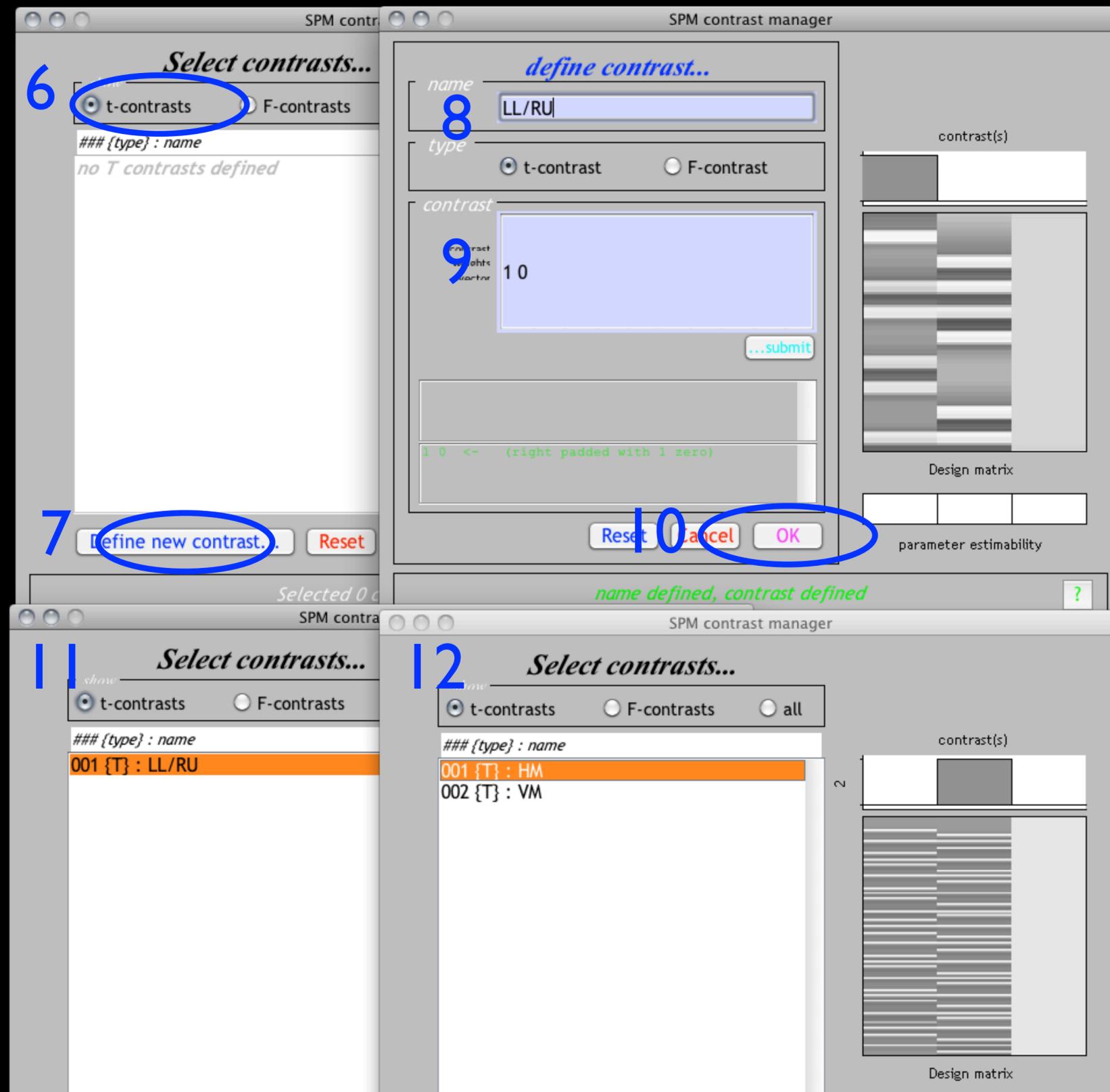
1. 'Results'をクリック
2. ファイル選択のダイアログが現れる
3. 'Data & Design'で作成された'SPM.mat'を選択
4. 'Done'をクリック
5. 'SPM contrast manager'が現れる



# 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

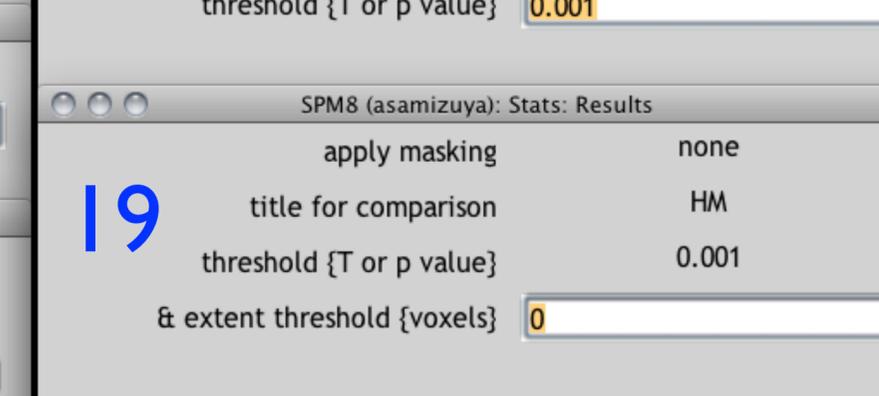
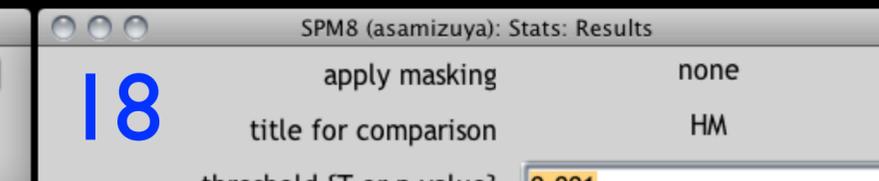
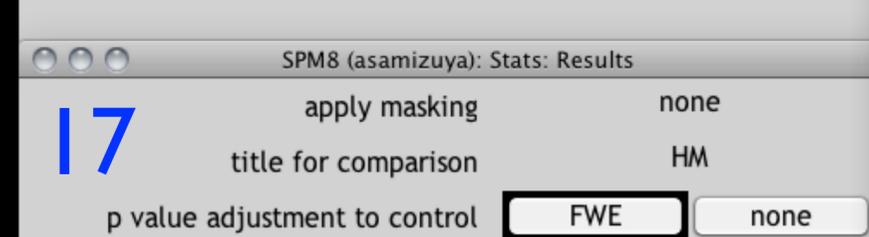
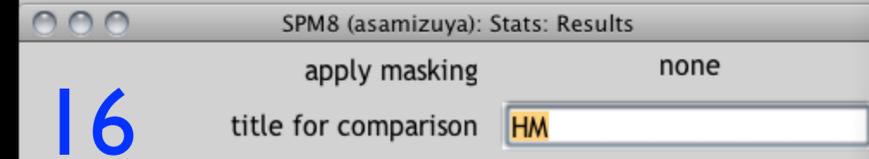
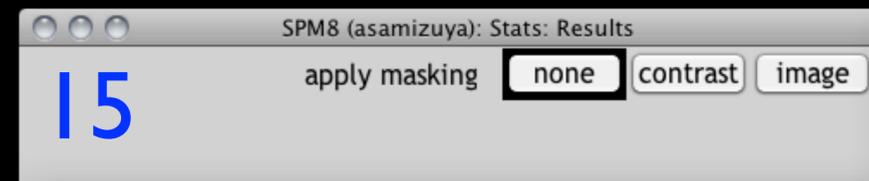
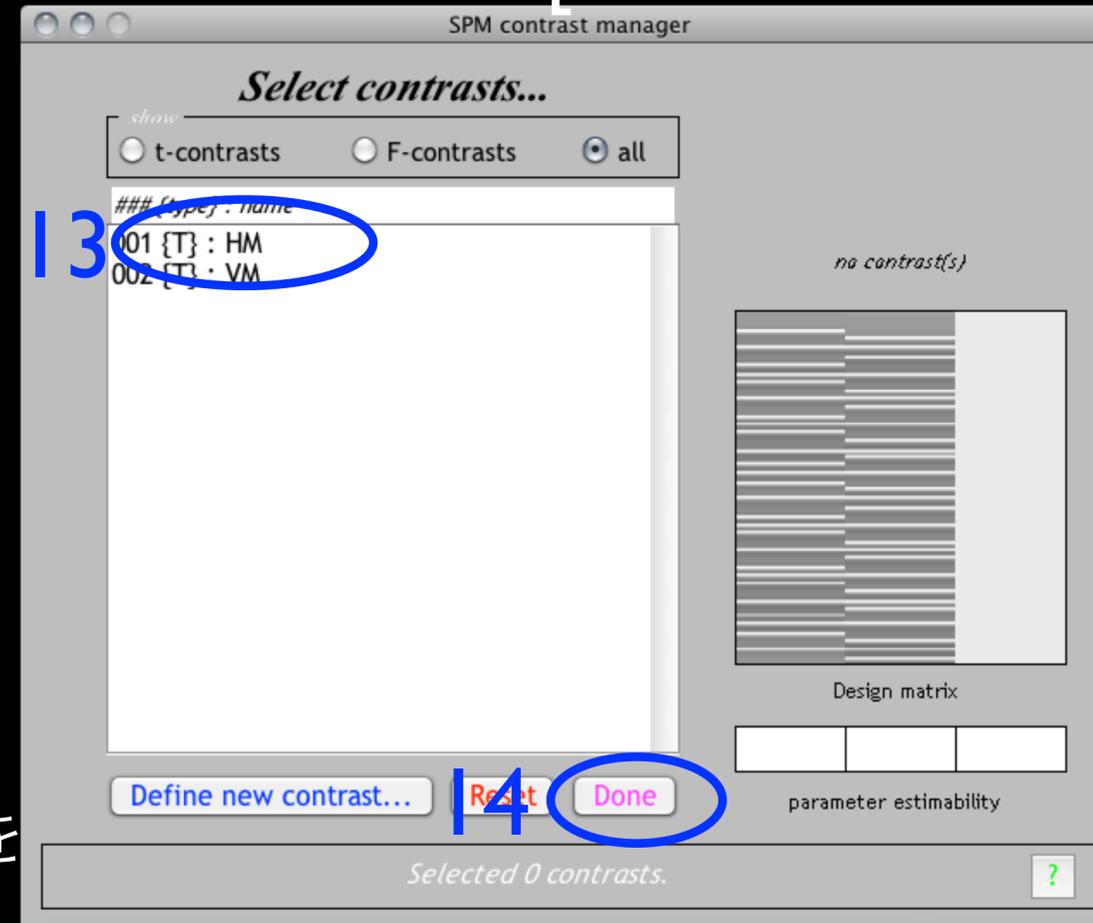
15. 'apply masking'では'none'をクリック

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

**Statistics: p-values adjusted for search volume**

| set-level | p  | c     | cluster-level         |                       |                |                     | peak-level            |                       |       |                   | mm mm mm |                     |
|-----------|----|-------|-----------------------|-----------------------|----------------|---------------------|-----------------------|-----------------------|-------|-------------------|----------|---------------------|
|           |    |       | p <sub>FWE-corr</sub> | p <sub>FDR-corr</sub> | k <sub>E</sub> | p <sub>Uncorr</sub> | p <sub>FWE-corr</sub> | p <sub>FDR-corr</sub> | T     | (Z <sub>2</sub> ) |          | p <sub>Uncorr</sub> |
| 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                 | 0.004                 | 32             | 0.000               | 0.089                 | 0.025                 | 4.62  | 4.50              | 0.000    | 85 5 2              |
|           |    |       |                       |                       |                |                     | 0.130                 | 0.034                 | 4.52  | 4.41              | 0.000    | 77 15 0             |
|           |    | 0.768 | 0.350                 | 0.350                 | 5              | 0.100               | 0.329                 | 0.063                 | 4.31  | 4.22              | 0.000    | 88 26 22            |
|           |    | 0.314 | 0.148                 | 0.148                 | 10             | 0.026               | 0.449                 | 0.076                 | 4.22  | 4.13              | 0.000    | 35 -26 22           |
|           |    | 0.256 | 0.148                 | 0.148                 | 11             | 0.020               | 0.802                 | 0.199                 | 3.92  | 3.84              | 0.000    | 46 24 8             |
|           |    | 0.866 | 0.350                 | 0.350                 | 4              | 0.137               | 0.857                 | 0.231                 | 3.86  | 3.79              | 0.000    | 18 -5 -22           |
|           |    | 0.464 | 0.196                 | 0.196                 | 8              | 0.043               | 0.944                 | 0.330                 | 3.73  | 3.67              | 0.000    | 37 2 22             |
|           |    | 0.985 | 0.454                 | 0.454                 | 2              | 0.286               | 0.995                 | 0.557                 | 3.52  | 3.46              | 0.000    | -45 -34 -18         |
|           |    | 0.942 | 0.446                 | 0.446                 | 3              | 0.194               | 0.999                 | 0.660                 | 3.44  | 3.39              | 0.000    | 55 21 22            |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 0.999                 | 0.660                 | 3.42  | 3.37              | 0.000    | 32 -1 2             |
|           |    | 0.866 | 0.350                 | 0.350                 | 4              | 0.137               | 0.999                 | 0.660                 | 3.42  | 3.37              | 0.000    | 48 32 -2            |
|           |    | 0.985 | 0.454                 | 0.454                 | 2              | 0.286               | 0.999                 | 0.674                 | 3.40  | 3.35              | 0.000    | 62 49 22            |
|           |    | 0.866 | 0.350                 | 0.350                 | 4              | 0.137               | 1.000                 | 0.751                 | 3.34  | 3.29              | 0.000    | 24 9 22             |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.841                 | 3.28  | 3.24              | 0.001    | 32 -1 22            |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.841                 | 3.28  | 3.23              | 0.001    | 38 24 -18           |
|           |    | 0.985 | 0.454                 | 0.454                 | 2              | 0.286               | 1.000                 | 0.924                 | 3.21  | 3.17              | 0.001    | 82 18 12            |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.924                 | 3.21  | 3.17              | 0.001    | 66 23 -2            |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.924                 | 3.21  | 3.17              | 0.001    | 54 13 22            |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.933                 | 3.18  | 3.14              | 0.001    | 43 -4 -18           |
|           |    | 0.999 | 0.454                 | 0.454                 | 1              | 0.454               | 1.000                 | 0.933                 | 3.18  | 3.14              | 0.001    | 74 21 -2            |

table shows 3 local maxima more than 8.0mm apar

Extent threshold: k = 0 voxels, p = 1.000 (1.000)  
 Expected voxels per cluster, <math>\langle c \rangle = 1.897</math>  
 Expected number of clusters, <math>\langle c \rangle = 14.66</math>  
 FWEp: 4.753, FDRp: 4.472, FWEc: 32, FDRc: 32

FWHM = 5.0 5.0 8.1 mm mm mm; 3.2 3.2 1.6 (voxels)  
 Volume: 322620 = 26429 voxels = 1107.5 resels  
 Voxel size: 1.6 1.6 5.0 mm mm mm; (resel = 16.59 voxels)  
 Page 1

# 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

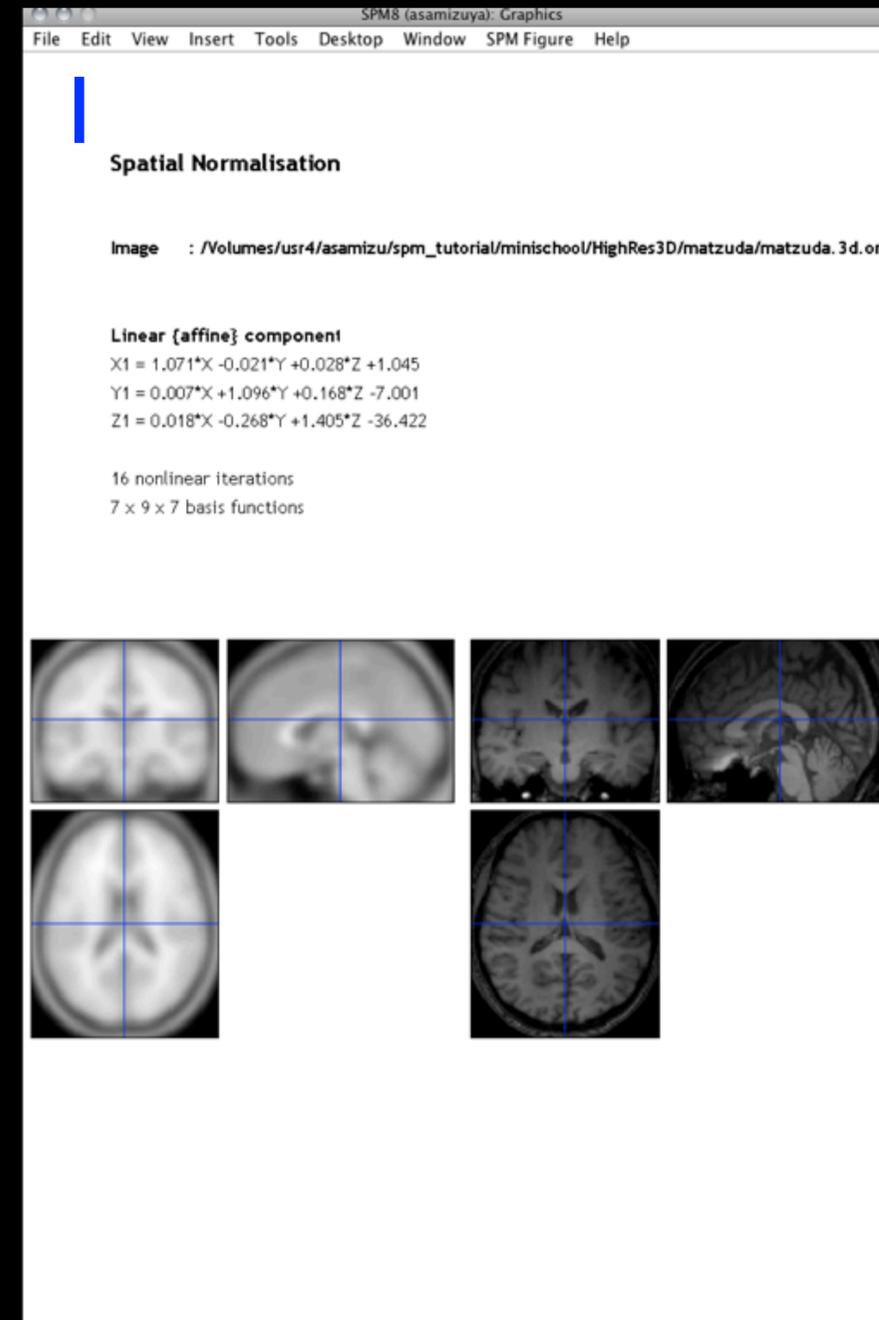
The image displays three screenshots from the SPM8 software interface, illustrating the steps to overlay anatomical images on SPM results.

- Top Left Screenshot (SPM8 (asamizuya): SPM{T}: Results):** Shows the 'Design' and 'Contrasts' tabs. The 'Display' section has a dropdown menu open for 'overlays...'. The menu options are: 'overlays...', 'sections', 'render', 'previous sections', and 'previous render'. The 'sections' option is circled in blue and labeled '24'. The 'overlays...' option is also circled in blue and labeled '23'.
- Bottom Left Screenshot (Select image for rendering on):** Shows a file selection dialog. The file 'anat\_plan2.img,1' is selected and circled in blue, labeled '25'.
- Right Screenshot (SPM8 (asamizuya): Graphics):** Shows the final result. It displays three axial brain slices with SPM activation overlaid. A color scale on the right indicates the contrast values. The number '26' is written in blue in the top left corner of this screenshot.

# L.Normaliseがうまくいかない場合：Segmentation

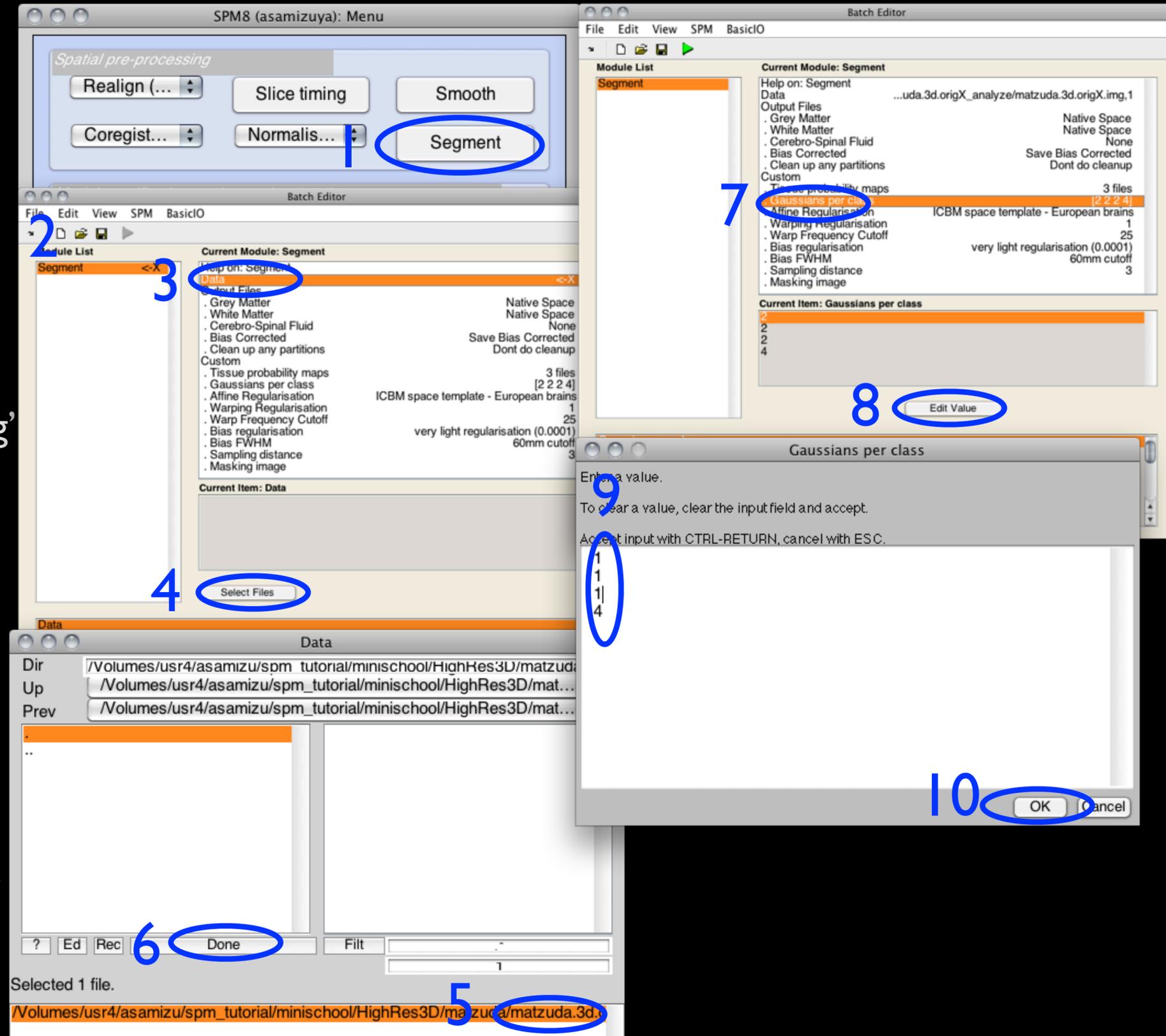
A～Eの手順で Normaliseがうまくいかない例：

→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

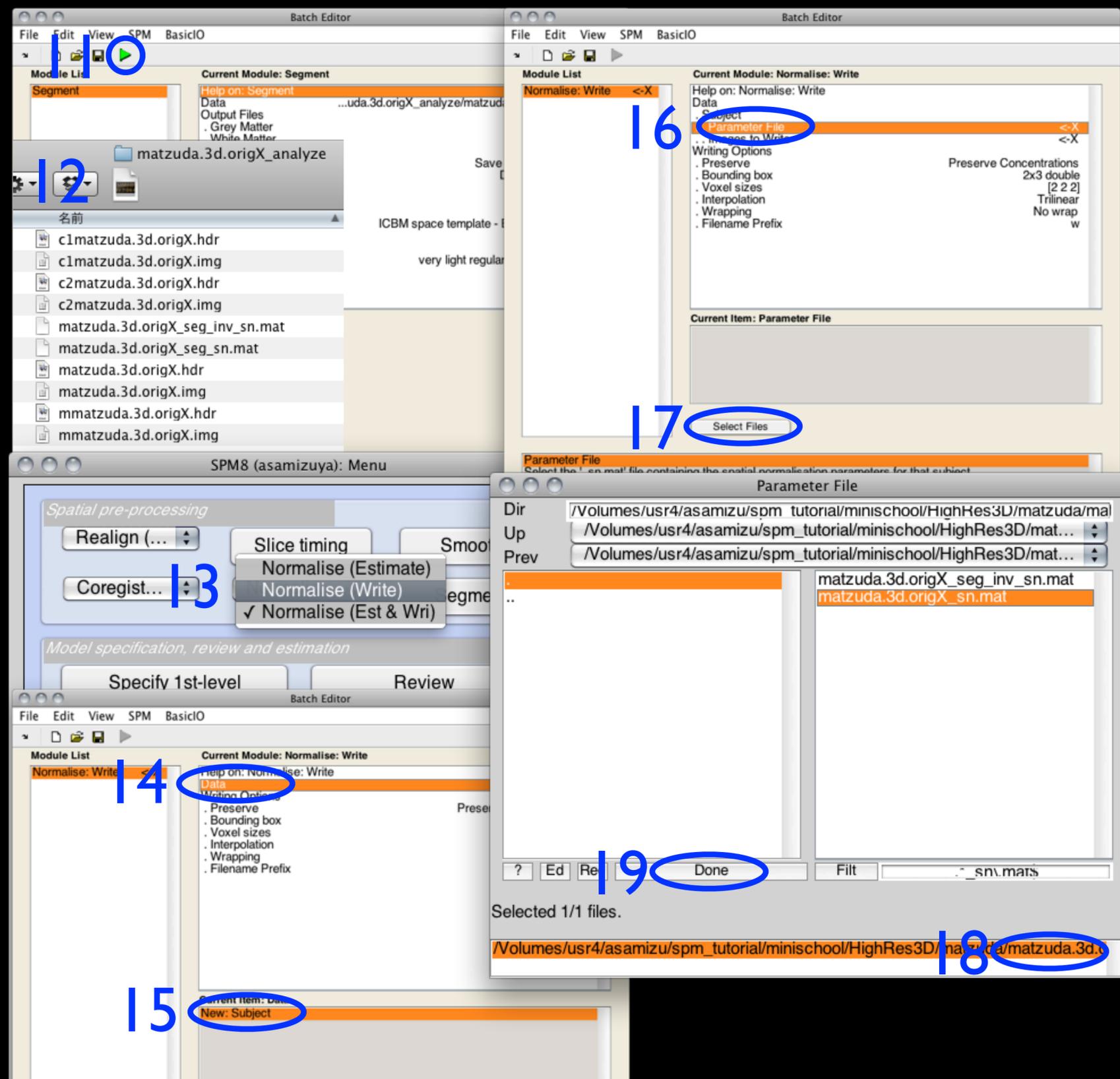
15. 'New: Subject'を1回クリック

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.Normalize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

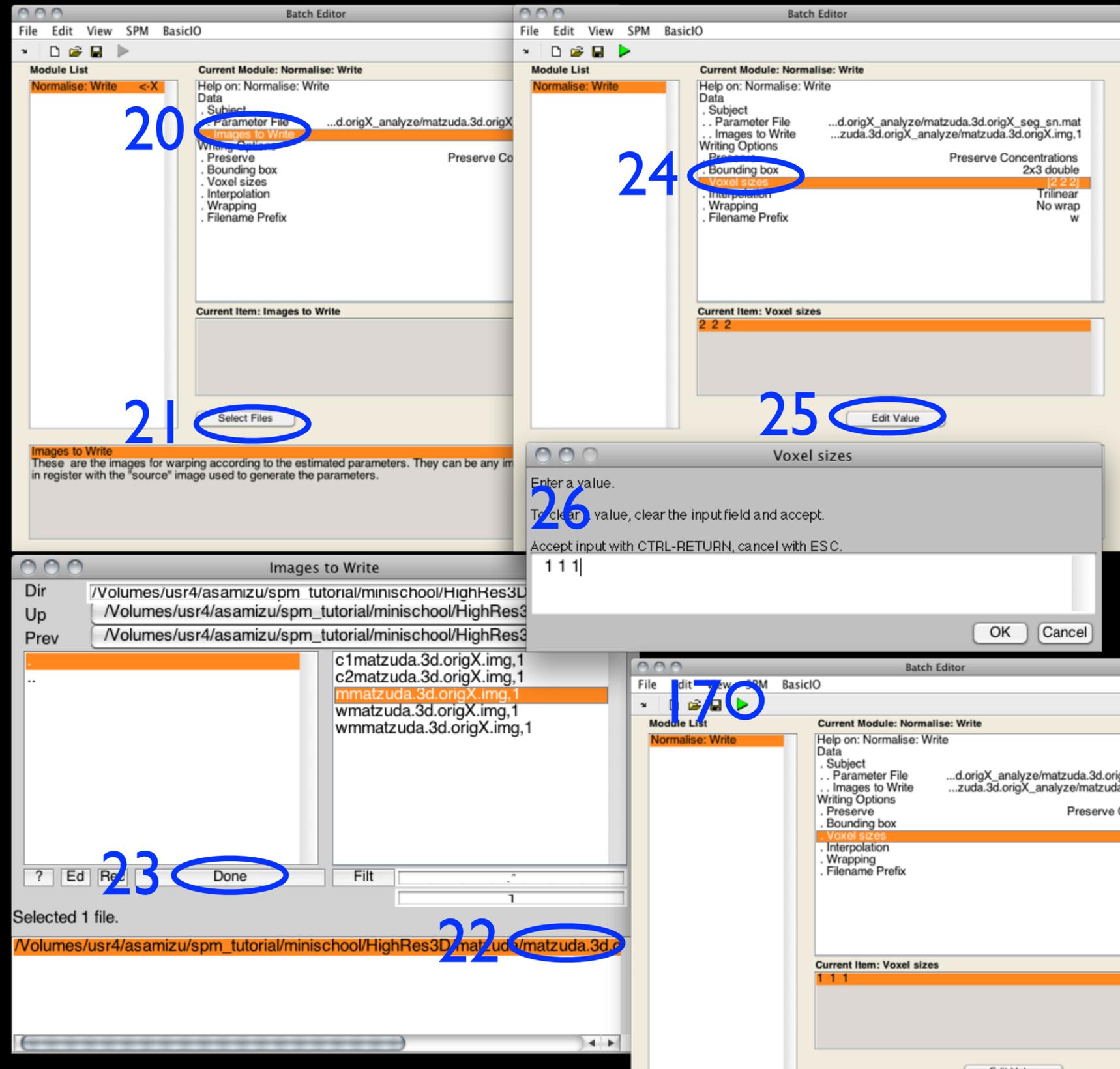
23. 'Done'をクリック

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

25. 'Edit Value'を選択

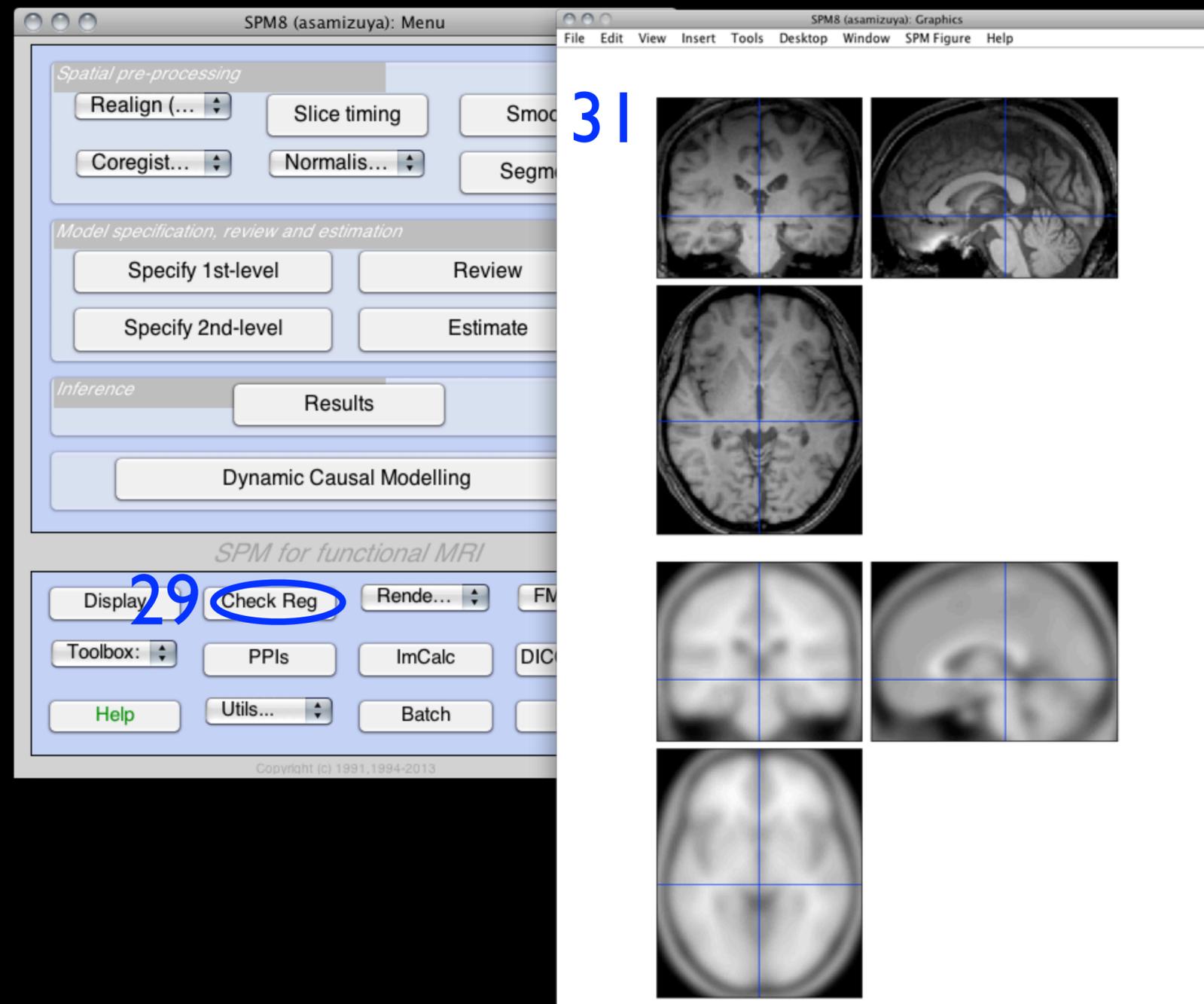
26. 高解像度解剖画像の解像度を記す。ここでは'1 1 1'。

27. 準備が整ったので、緑色になった▶ボタンをクリック



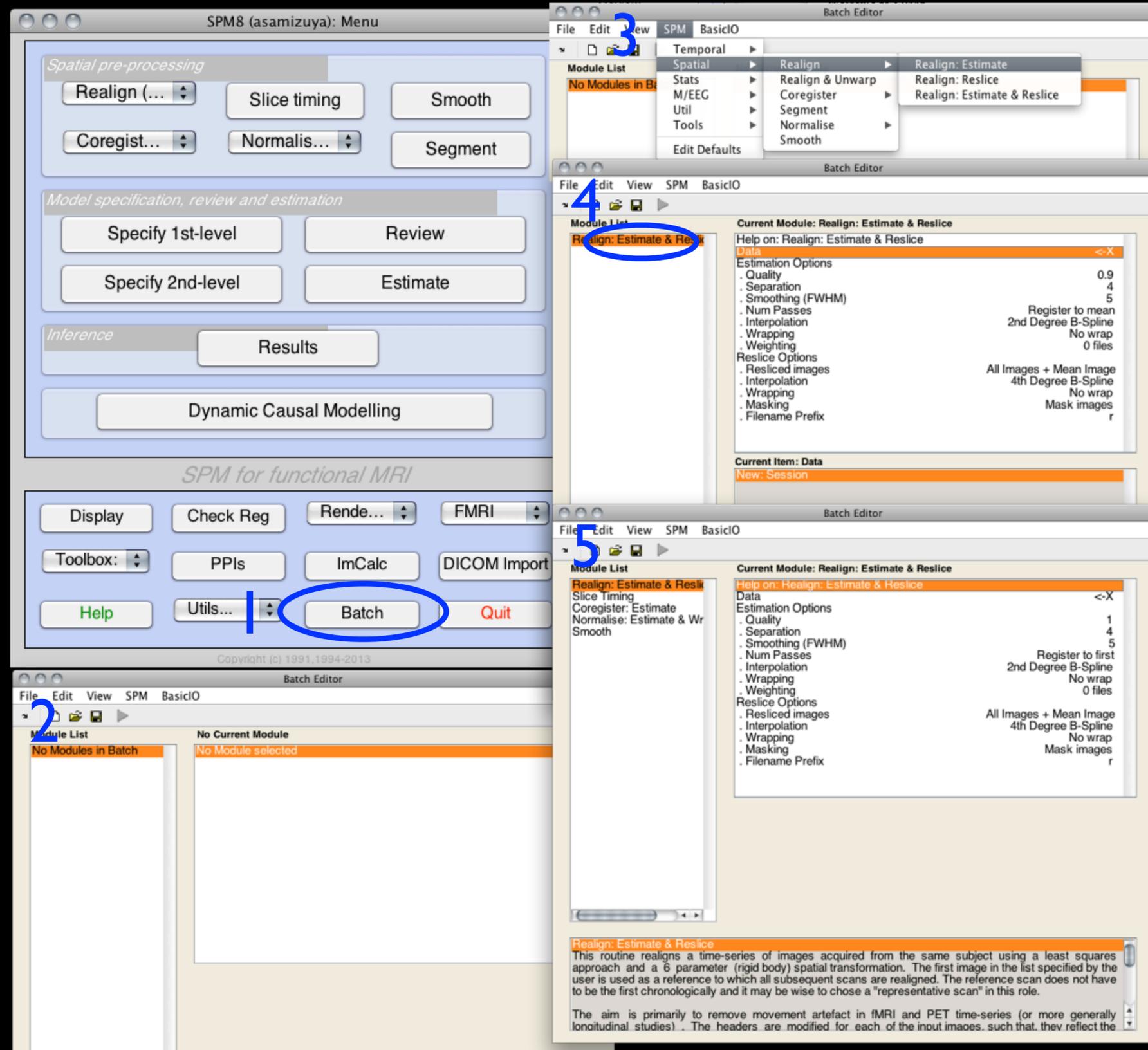
## L.Normalizeがうまくいかない場合：Segmentation

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

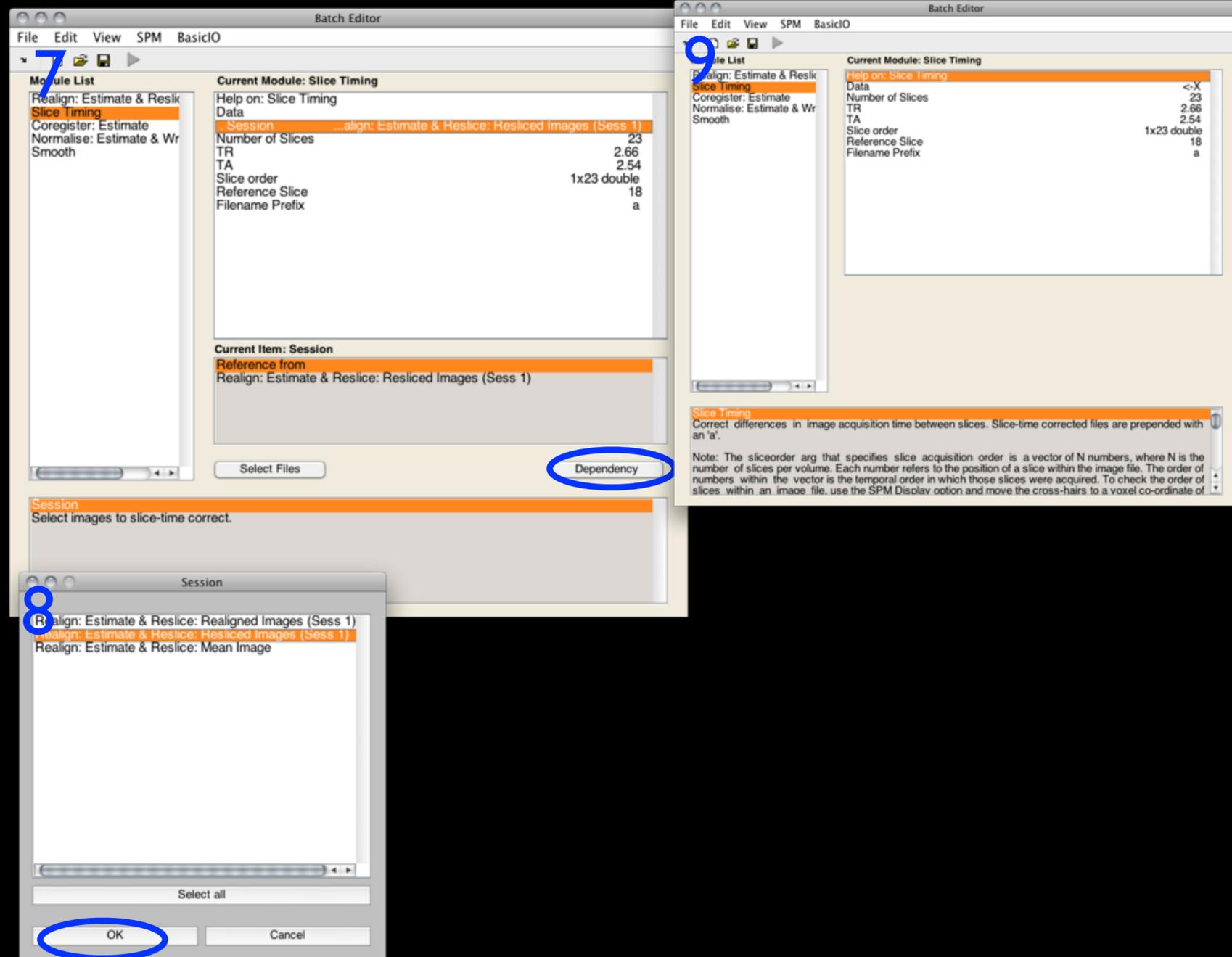
1. ボタン‘Batch’をクリック
2. Batch Editorが出現
3. ‘SPM’タブをクリック。プルダウンメニュー‘Spatial’->‘Realign’->‘Realign: Estimate & Reslice’を選択
4. Batch Editorに‘Realign: Estimate & Reslice’が追加される
5. 同様に必要な処理を順番に追加する。 :  
‘Temporal’->‘Slice Timing’,  
‘Coregister: Estimate’,  
‘Normalise: Estimate & Write’,  
‘Smooth’



# M.バッチ処理

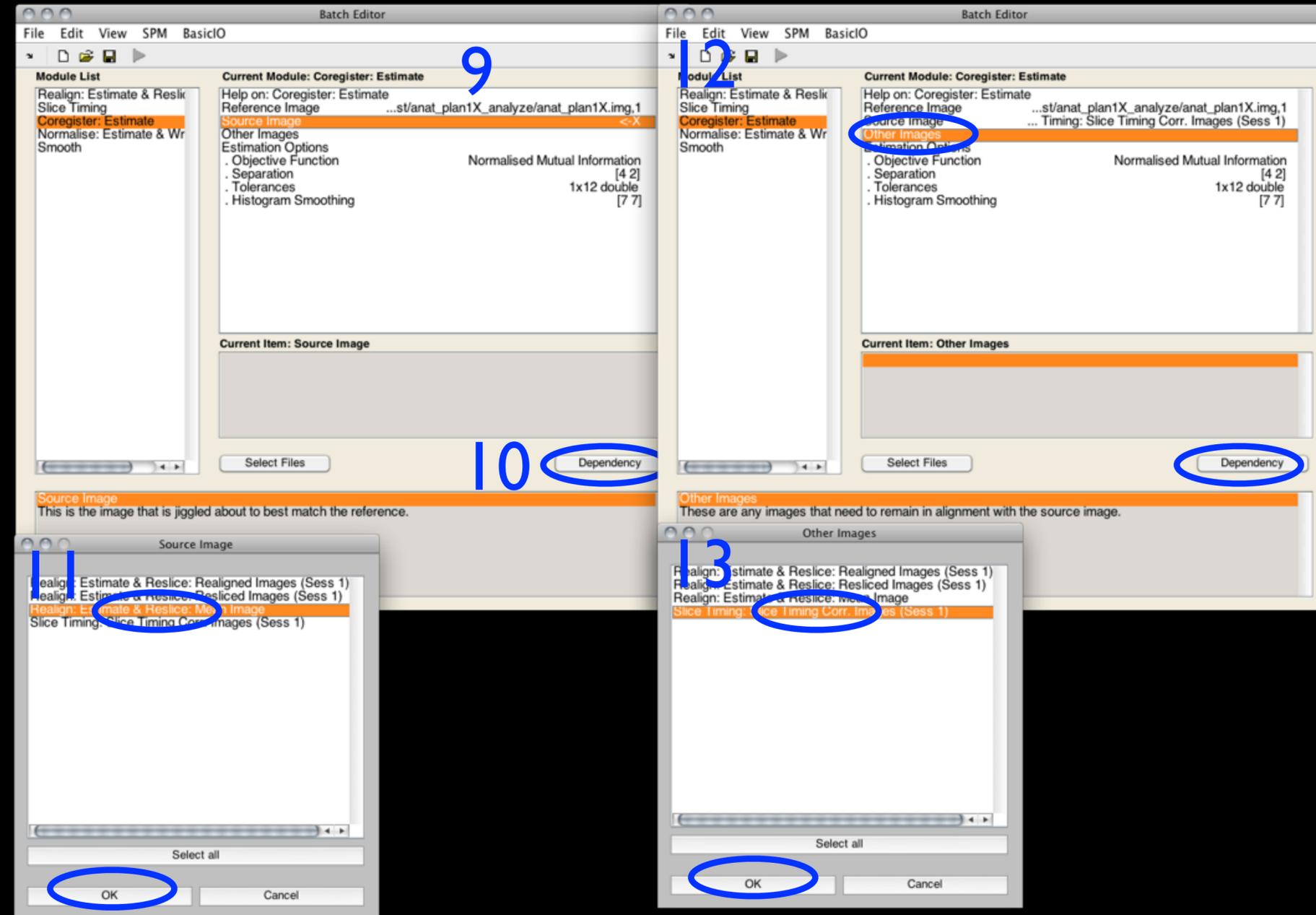
被験者に依存しないパラメタから設定する

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



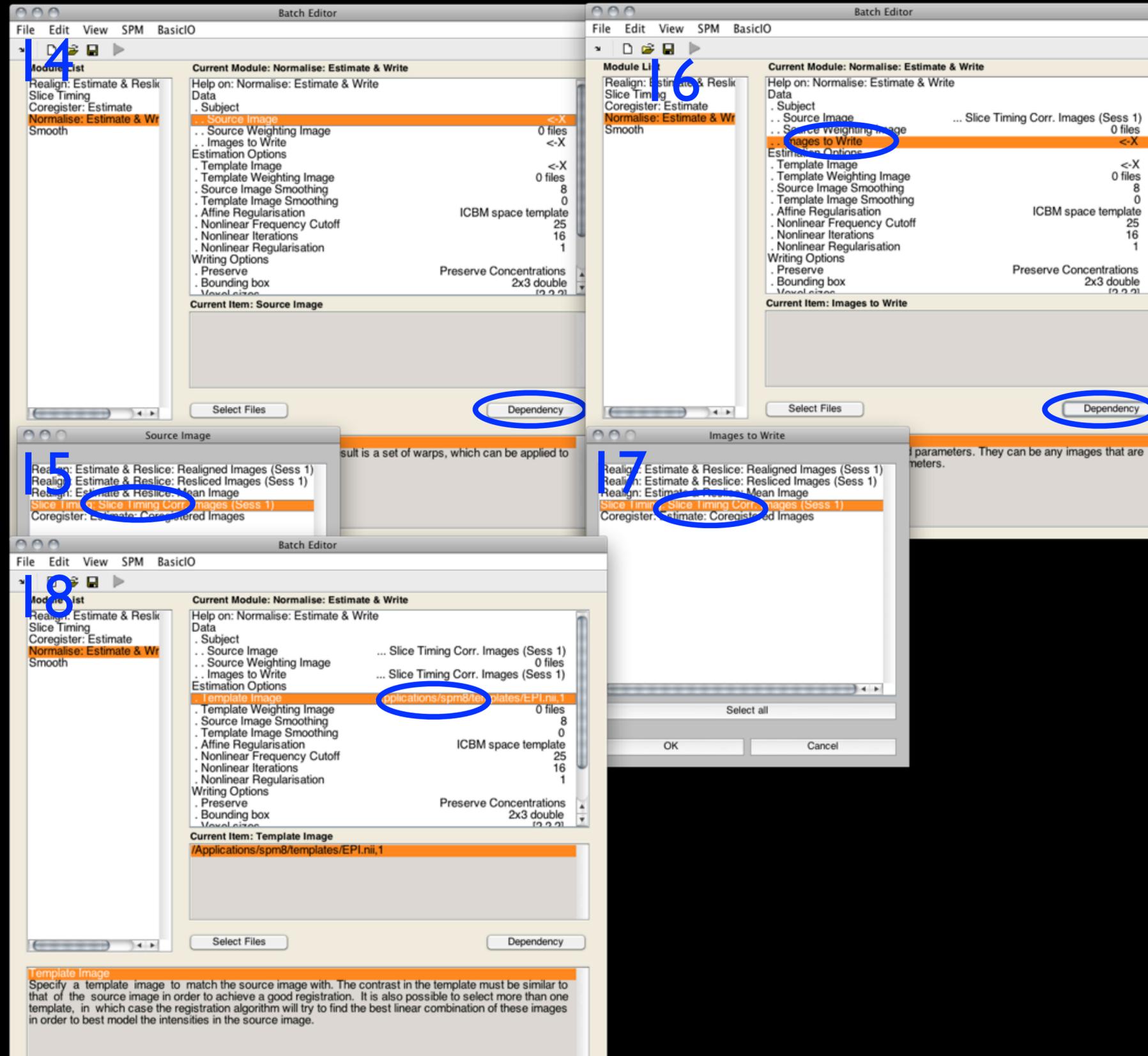
# M.バッチ処理

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

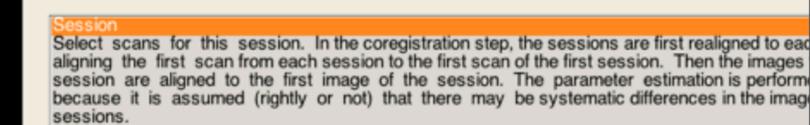
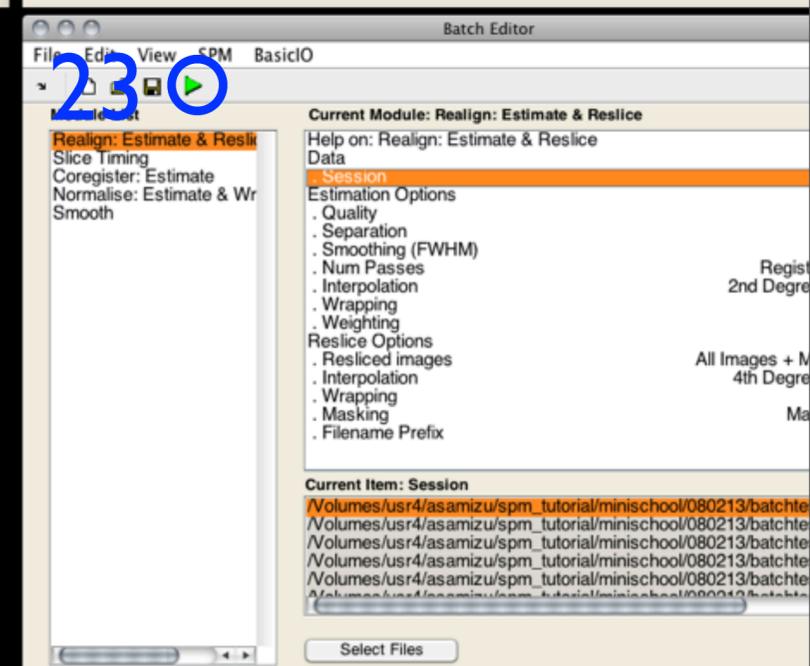
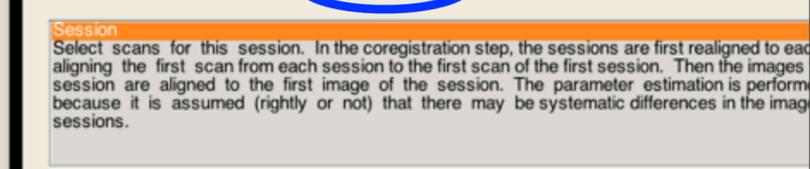
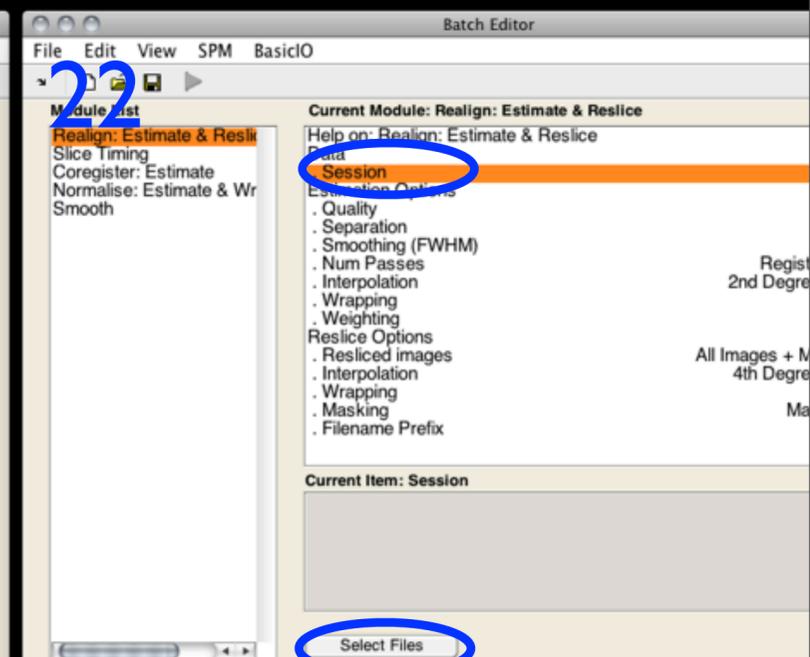
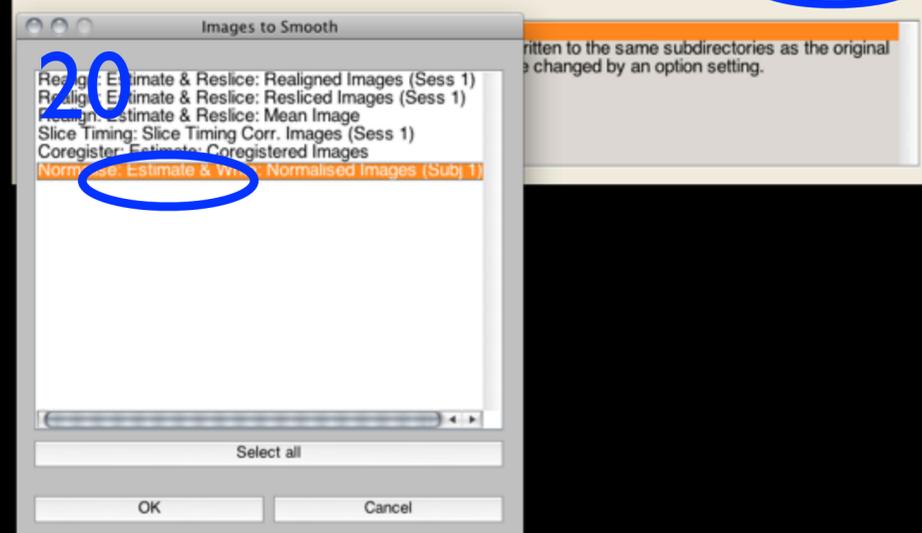
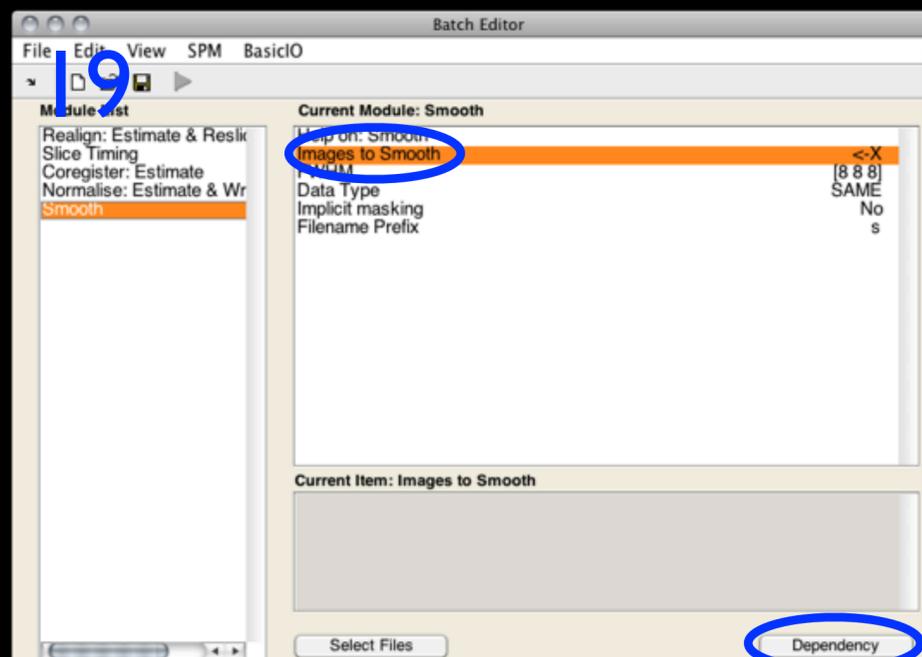
19. 'Smooth'で'Images to Smooth'を選択し'Dependency'をクリック

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

