



دانشگاه صنعتی شریف

گزارش پروژه درس مبانی علوم اعصاب

علیرضا اکبری ۹۵۱۰۵۳۷۹

قسمت اول

۱

هدف این پژوهش پیدا کردن تعدادی feature مربوط در تحریک تصویری ورودی است. طبق تعریف این پژوهش feature مربوط به ویژگی‌هایی از تحریک ورودی گفته می‌شود که باعث اسپایک زدن نورون‌های پیچیده می‌شود. در واقع تاثیر بسزایی در اسپایک زدن آن دارند. برخلاف Null feature که سهمی در اسپایک زدن نورون ایفا نمی‌کنند. در واقع در کارهای قبلی پیدا کردن feature مربوط در سلول‌های ساده با روش spike-triggered-average قابل انجام بوده است چرا که سلول ساده رابطه خطی با تحریک ورودی دارد در حالی که سلول پیچیده با تحریک ورودی رابطه غیرخطی دارد و از روش گفته شده نمی‌توان برای آنالیز استفاده کرد. در این پژوهش از روش Spike-triggered Correlation برای تحلیل و پیدا کردن ویژگی‌های مربوط و نامربوط تحریک تصویری ورودی استفاده شده است.

۲

تعریفی که از سلول پیچیده در درس دیدیم، این بود که یک سلول پیچیده سلولی است که از کنار هم قرار گرفتن چند سلول ساده تشکیل شده است.. و این سلول ناحیه on و off خاصی ندارد ولی به حرکت حساسند. یعنی اگر تحریک حرکت کند اسپایک می‌زنند. تعریفی که در مقاله ارائه شده است، سلول‌هایی هستند که که رابطه پاسخ آن‌ها با تحریک ورودی غیرخطی است و با روش spike-triggered-average نمی‌توان feature های مربوط آن را پیدا کرد. پس این سلول‌ها با معیار رابطه غیرخطی پاسخ با تحریک ورودی انتخاب می‌شوند.

۳

تحریک تصویری که موجب اسپایک در نورون‌ها شده‌اند، توزیع متفاوتی از توزیع کل تحریک خواهد داشت که این تفاوت در توزیع منجر به تفاوت در Moment های آن می‌شود. مقاله توضیح می‌دهد که اینجا از روش PCA استفاده نکرده است چرا که PCA مولفه‌ها و feature هایی را پیدا می‌کند که بیشترین واریانس را دارد در حالی که ما به دنبال feature های مربوط هستیم. در اینجا همان‌طور که گفته شد از روش spike triggered correlation استفاده شده است. در این روش یک ماتریس correlation به اندازه 256×256 ساخته شده است که درایه (i, j) نشان‌دهنده correlation میان پیکسل i با j در تحریک تصویری ورودی در زمان زدن اسپایک نورون است. (تحریک تصویری ورودی یک ماتریس 16×16 است که در مجموع ۲۵۶ پیکسل

دارد) . این ماتریس بدین صورت پر می شود:

$$C_{m,n} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N S_m(i) S_n(i)$$

که N تعداد اسپایک در یک آزمایش و $S_m(i)$ و $S_n(i)$ مقادیر تحریک تصویری ورودی در هنگام آن اسپایک خاص هستند. (یک ماتریس 16×16 است که می توان آنرا مانند یک بردار 256 عضوی نگاه کرد).

در ادامه می بایست ماتریسی به نام ماتریس کنترل ساخته شود. ماتریسی که پیش از این ساختیم ماتریسی بود که بر اساس زمان های اسپایک نورون ساخته شده بود. حال برای آنکه معنادار بودن این ماتریس را بسنجیم، نیاز داریم که ماتریسی تصادفی داشته باشیم که لزوماً بر اساس زمان های اسپایک نورون بوجود نیامده باشد و رندوم تولید شده باشد. ساختن ماتریس کنترل هم همانند ساختن ماتریس correlation است و تعداد همان N است، اما دیگر تحریک تصویری ورودی بر اساس اسپایک نورون انتخاب نمی شود و بر اساس یک عدد رندوم، تحریک مشخص می شود و ماتریس کنترل شکل می گیرد. توضیحات سوال بعدی نیز در ادامه این سوال قرار می گیرد

۴

تحریک هایی که موجب به اسپایک شده اند در ماتریس correlation و تحریک های کلی و مستقل در ماتریس کنترل قرار می گیرند. نحوه ساختن این دو ماتریس را توضیح دادیم. برای مقایسه این دو، روش مقاله بدین صورت است که تعدادی ماتریس کنترل بوجود می آورد و بر اساس آن، یک بازه اطمینان بوجود می آورد. حال مقادیر ویژه ماتریس correlation را بدست می آورد. بردارهای ویژه متناظر با مقادیر ویژه ای که به طور معناداری با بازه اطمینان کنترل تفاوت دارند، همان feature است که در هدف مقاله به دنبال آن بوده ایم.

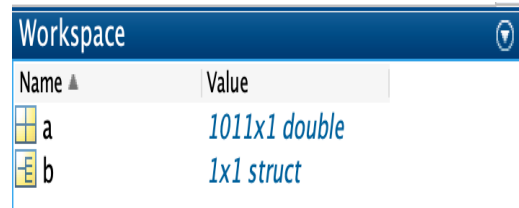
۵

نتایج آزمایش بدین صورت بوده است که برای اکثر سلول های پیچیده (۴۷ از ۶۰) دو بردار ویژه بامعنا از ماتریس کوریلیشن پیدا شده است که این دو نشان دهنده نواحی مکانی on و off receptive field می باشند. در سه سلول تنها یک بردار ویژه بامعنا پیدا شده است که نشان دهنده receptive field برای سلول ساده است. در بقیه موارد بیش از دو بردار ویژه بامعنا پیدا شده است. همچنین در حالت دو بردار ویژه بامعنا، با فیت کردن تابع Gabor مشاهده شده است که آنها فرکانس مکانی مشابهی دارند اما با اختلاف فاز ۹۰ درجه. اما در مقاله اشاره شده است که این لزوماً به معنای متعامد بودن دو بردار ویژه نیست و به خواص پاسخگویی سلول پیچیده مرتبط است

قسمت دوم

۱

ابتدا سعی می‌کنیم یک فایل sa۰ را با تابع fget_spk بخوانیم. خروجی بدین شکل است:



Name	Value
a	1011x1 double
b	1x1 struct

که شامل یک آرایه و یک استراکت است. آرایه زمان اسپایک نوروں در آن آزمایش است. اطلاعات در استراکت بدین صورت است که دارای Fileinfo و Datainfo است که خود نیز یک استراکت هستند که در هر یک به ترتیب اطلاعات درباره نوع فایل و نوع داده موجود است. در فایل‌های log اطلاعات مربوط به تحریک ورودی در آن آزمایش وجود دارد که شامل اطلاعاتی مثل اندازه تحریک یا نام تحریک یا نرخ جابجایی فریم می‌باشد.

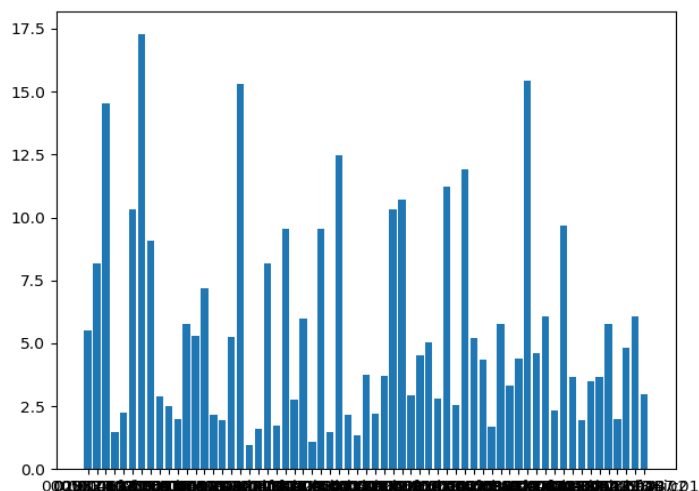
۲

کد متلب آن با اسم Func_ReadData.m آمده است.

۳

دقت شود که از این قسمت به بعد ، تمام داده‌های msq1d.sa0 به داده‌های csv تبدیل شدند و من و چند نفر دیگر از داده‌های csv استفاده کردیم. در ادامه کد پایتون برای سوالات نوشته شده است.

کد این بخش در Q2_3.py موجود است. همچنین اسامی نوروں‌های با نرخ کمتر از ۲ عبارتند از: 000413.b05 -000720.c06 -010801.A.b01 -000524.c01 -000907.f07 -000418.a01 -000413.b03 -000420.b02 -000413.b04 -011025.A.d07 -020213.A.i01 -000712.b04 همچنین هیستوگرام آن بدین صورت است:

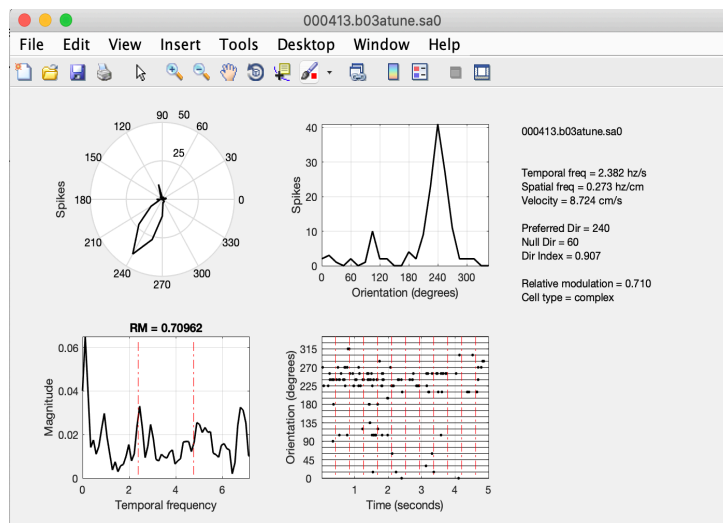


۴

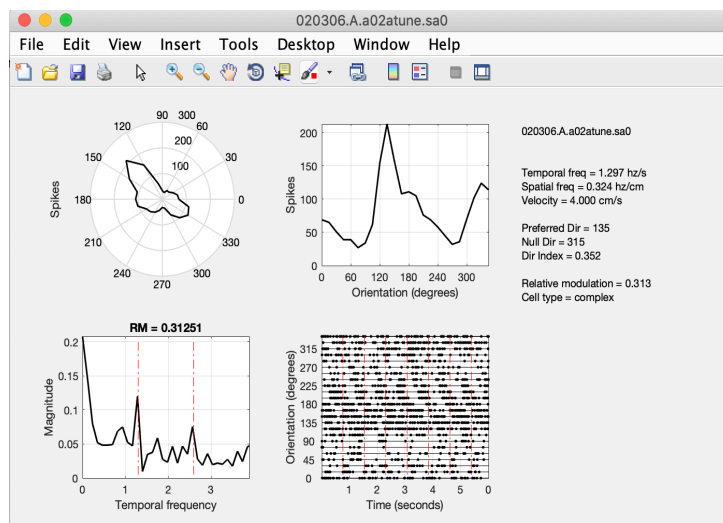
کد این بخش در Q2_4.py موجود است.

۵

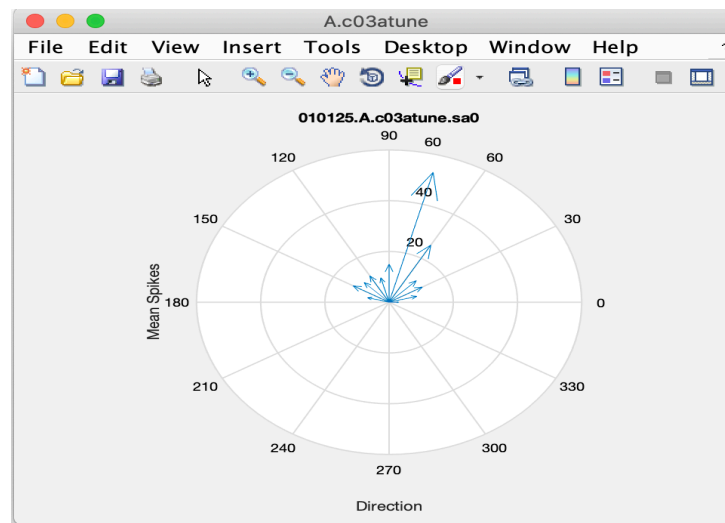
همان‌طور که فهمیدیم این تابع برای نشان دادن نتایج آزمایش Tune استفاده می‌شود. در Readme مربوط به چگونگی استفاده از tview نوشته شده است که در ورژن جدید آن، فایل‌های مختلف tune دیگر مشکلی برای باز شدن ندارند و همگی آن‌ها در ورژن جدید باز می‌شوند. نحوه استفاده از این تابع بدین صورت است که آنرا صدا می‌زنیم و سپس فایل مورد نظر را باز می‌کنیم. خروجی آن برای چند نوری مختلف:



000413.b03atune



020306.A.a02atune



010125.A.c03atune

به نظر می‌آید نحوه سازوکار tview بدین صورت است که نرخ اسپایک را در هر جهت خاص بدست می‌آورد و بیشترین نرخ را به عنوان جهت مناسب ارائه می‌دهد.

قسمت سوم

۱

در Q3_1.py موجود است

۲

در Q3_2.py موجود است

۳، ۴

در Q3_3_4.py موجود است. مقدار p-value محاسبه شده بسیار بامعنی است و نشان‌دهنده تفاوت میان دو توزیع را می‌دهد که یعنی این روش توانسته است توزیع اسپایک و توزیع رندوم را از یکدیگر تشخیص دهد

۵

در قسمت سه توانستیم توزیع projection را پیدا کنیم. حال محل تلاقی این دو توزیع را در نظر می‌گیریم و پیدا می‌کنیم که در کدام نقطه تلاقی رخ داده است. مولفه x نشان‌دهنده مقدار projection است. سطح آستانه را همین تلاقی در نظر می‌گیریم. یعنی اگر projection یک تصویر روی Spike-triggered Average را حساب کنیم، با توجه به سطح آستانه، تصمیم می‌گیریم که یک تحریک معمولی دیدیم یا اسپایک. با توجه به مشاهده، می‌خواهیم فرض کنیم واریانس دو توزیع یکسان است. پس سطح آستانه برابر است با میانگین دو میانه دو توزیع گاوسی. برای یک نورون با این ترشولد، ۵۶ درصد دسته‌بندی درست دیده می‌شود که نشان می‌دهد روش خیلی خوب عمل نکرده است. کد این قسمت در همان فایل Q3_3_4.py موجود است

۶

با توجه به تعداد زیاد نورون‌ها در گزارش آورده نشده است و کد آن در Q3_6.py موجود است

۷

همان طور که در بخش‌های قبلی گفته شد در این روش به p -value بسیار معناداری برای جداسازی دو توزیع رسیدیم، اما دیدیم که درصد دسته‌بندی خیلی بالا نیست. همچنین در تصویرهایی که در بخش‌های قبلی تولید کردیم، نواحی خیلی واضح مانند نواحی خاموش روشن سلول‌های ساده بوجود نیامده بود که نشان می‌دهد سلول‌ها ساده نبودند.

بخش چهارم

۱، ۳

کد این دو قسمت در Q4_1.py موجود است. هیستوگرام در سوال سوم برای هر یک از بردار ویژه‌ها به صورت جداگانه کشیده شده است (سه‌بعدی کشیده نشده است). همچنین دقت شود که اجرا کد کمی طول می‌کشد.