به نام خدا

دانشگاه صنعتی شریف

دانشکده مهندسی برق

علوم اعصاب یادگیری، شناخت و حافظه

پروژه‌ی پایانی درس: بررسی

استاد: **دکتر کربلایی آقاجان**

امیرحسین برقراری شماره دانشجویی
مازیار شمسی‌پور ۹۸۱۰۱۸۴۴

۲۷ تیر ۱۴۰۰

مقدمه

توضیحات کلی در مورد کدها و پروژه و مقاله.

۱ آشنایی با مقاله‌ی پژوهش

۱.۱ هدف پژوهش

هدف این مقاله مدل سازی receptive field نورون‌های پیچیده غشر بصری[۱] می‌باشد. در واقع با اعمال تحریک‌های تصادفی spatiotemporal از توزیع $p(s)$ و مشاهده‌ی پاسخ نورون‌ها می‌خواهیم راستایی را بدست بیاوریم که در آن $p(s|r)$ تفاوت معناداری با توزیع اولیه‌ی تحریک‌ها داشته باشد.

تفاوت این مقاله با پژوهش‌های قبل خود آن است که به دلیل رفتار غیرـ خطی نورون‌های پیچیده‌ی موجود در Visual cortex نمی‌توانیم از آنالیزهای خطی spike-triggered average که پیش از این کارگشا بودند استفاده کنیم. این مقاله روش spike-triggered correlation analyses را پیشنهاد می‌دهد که بر پایه‌ی Wiener Kernel طراحی شده است.

نهایتا با این پژوهش با بررسی‌هایی که انجام می‌دهد ادعا می‌کند که می توان با این روش پایه‌ای برای تحریک‌ها ارائه داد که تعداد کمی از آن‌ها مشخص کننده‌ی ویژگی‌های مرتبط و تعداد زیادی مربوط به ویژگی‌های پوچ می‌باشند.

۲.۱ نورون‌های «پیچیده»

این مفهوم اولین بار در مقاله‌ی نوبلیست Hubel and Wiesel مطرح شده است. نورون‌های ساده نورون‌هایی هستند که رابطه‌ی تحریکـ پاسخ آنها نسبت به زمان خطی می‌باشد. این موضوع باعث به وجود آمدن مناطق ON-OFF در Receptive Field نورون مورد نظر می‌شود. به عکس دست نوشته‌ی موجود در مقاله‌ی مذکور برای جزئیات بیشتر توجه کنید.

شکل ۱: مناطق ON-OFF حوزه‌ی دریافتی نورون‌های ساده[۲]

همچنین در بخش Material and Methods آمده است که اگر نسبت هارمونیک اول به مقدار DC حوزه‌ی دریافتی بزرگتر از یک باشد نورون را ساده می‌نامیم. روشن است که نورون‌هایی که از تعاریف بالا پیروی نکنند ساده نبوده و پیچیده‌اند.

[۱] Visual cortex

[۲] EVOLUTION OF IDEAS ON THE PRIMARY VISUAL CORTEX, 1955-1978. BY DAVID H. HUBEL

۳.۱ STC analysis

می‌دانیم که اگر یک ویژگی در تحریک باعث تغییر احتمال اسپایک زدن شود، می‌دانیم که اگه تحریک‌ها را به فضای آن spike-triggered منتقل کنیم باید تفاوت قابل توجهی بین مقادیر $p(s|r)$ و $p(s)$ باشد.[۳]

روش‌های مبتنی بر correlation با هدف بررسی تغییر این توزیع احتمالات با توجه به تغییرات گشتاور مرتبه‌ی دوم آنها(واریانس) طراحی می‌شوند.

در این بین روش PCA به این خاطر که پایه‌ای در اختیار ما قرار می‌دهد که راستاهای بیشترین تا کمترین واریانس می‌باشند، بسیار مناسب کار ما خواهد بود و می‌تواند ویژگی‌هایی را که در آن واریانس تحریک‌ها بسیار بالا می‌باشد را در اختیار ما بگذارد.

روش spike-triggered analysis مبتنی بر موارد فوق مراحل زیر را انجام می‌دهد:

۱. ابتدا با فرض اینکه حافظه‌ی نورون‌ها بیشتر از ۱۶ فریم یا ۲۶۸ میلی‌ثانیه نخواهد بود؛ پترن‌های تحریک را متشکل از ۱۶ نوار رنگی در ۱۶ فریم و در فضای ۲۵۶ بعدی تعریف می‌کنیم.

۲. ماتریس spike-triggered correlation را به صورت زیر تعریف می‌کنیم:

$$C = \frac{۱}{N} \sum_{i=۱}^{N} S(i)^T S(i)$$

که در آن $S(i)$ بردار ۲۵۶ بعدی در iامین باریست که نورون در طول آزمایش اسپایک زده است و N تعداد کل اسپایک‌ها در طول آزمایش است.

۳. برداریژه‌ها و مقدارویژه‌های این ماتریس محاسبه شده و با توجه به اندازه‌ی مقدارویژه‌ها رتبه‌بندی می‌شوند.

با توجه به PCA می‌دانیم که حاصل راستاهایی خواهد بود که در آن واریانس تحریک‌هایی که موجب اسپایک می‌شوند از زیاد به کم مرتب شده اند.

۴.۱ اعتبارسنجی نتایج

برای اعتبارسنجی مشاهدات روش spike-triggered correlation روشی که مقاله استفاده می‌کند این است که دنباله‌ای از اسپایک‌های تصادفی با تعداد اسپایک‌های مساوی با N تولید می‌کند و ماتریس correlation تحریک‌هایی که موجب این اسپایک‌های فرضی تصادفی شدند را ایجاد می‌کنیم. هدف این است که control correlation matrix را محاسبه کنیم که به این معناست

[۳] $p(\text{response} \mid \text{stimulus})$

که روشی که در قبل پیش گرفتیم را برای داده‌هایی که می‌دانیم مستقل از اسپایک زدن هستند(تمام داده‌ها)نیز اعمال کنیم. با توجه به حجم بالای داده‌ها N مساوی تعداد اسپایک‌ها را در نظر می‌گیریم و ۵ بار فرایند تولید control correlation matrix را انجام می‌دهیم و میانگین مقدارویژه‌ها را محاسبه می‌کنیم.با توجه به متن مقاله حاصل این میانگین‌گیری $\pm$۵٫۲SD بازه‌ی اطمینان ما با $p < ۱۰^{-۴}$ خواهد بود. و بنابراین اگر مقدارویژه‌ای خارج از این بازه‌ی اطمینان باشد؛ آن مقدارویژه و بردارویژه دارای تفاوت آشکار خواهند بود.(در واقع آن بردار ویژه راستاییست که تحریک‌های موجب اسپایک در آن واریانس و در نتیجه توزیع احتمال کاملا متفاوتی با توزیع اولیه دارند)

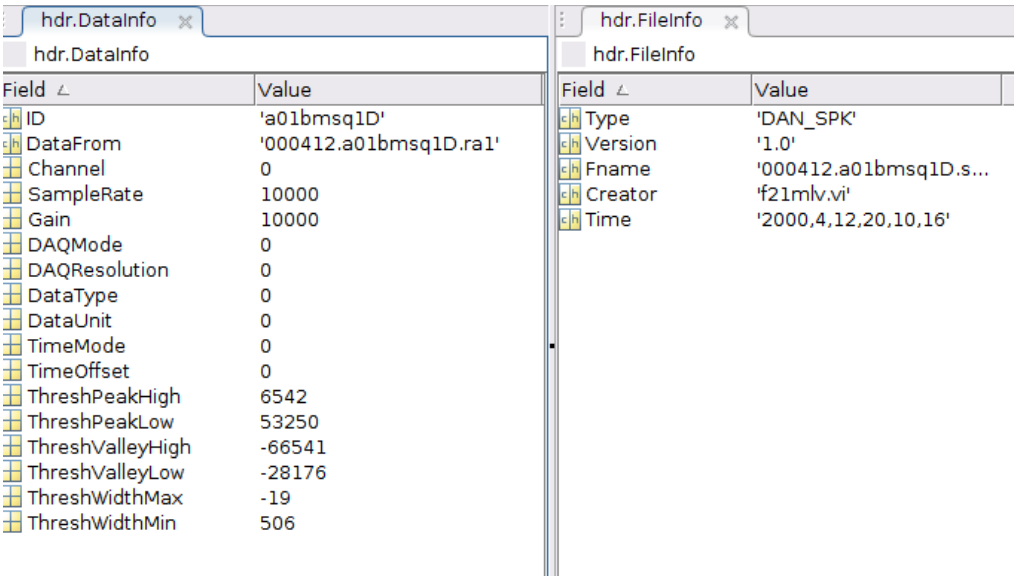
۵.۱ نتایج پژوهش

همانطور که در بخش‌های قبل اشاره کردیم هدف پیدا کردن eigenvalueهایی بود که خارج از بازه‌ی اطمینان باشند که آن‌ها به عنوان ویژگی‌های اصلی موجود در receptive-field گزارش شود.نتایج مقاله نشان می‌دهد که برای تعداد زیادی از سلول‌های پیچیده دو بردارویژه پیدا شده‌است که این بردار ویژه‌ها ناحیه‌ی ON-OFF مشخص و مجزا ازهمی دارند و همچنین correlation بسیار پایینی دارند.همچنین می‌بینیم که این راستاها به خوبی سبب تحریک نورون‌ها می‌شوند با این حال برای eigenvalueهایی که در بازه‌ی اطمینان مذکور قرار دارند تاثیر بسیار کمتری در تحریک نورون‌ها مشاهده شده است.

۲ آشنایی با دیتاست

۱.۲ بخش اول

با استفاده از تابع تعبیه شده‌ی `fget_hdr.m` یکی از فایل‌های `sa0`. را باز می‌کنیم و به محتویات آن توجه می‌کنیم.



شکل ۲: محتویات فایل `hdr`

می‌توانیم ببینیم که در این فایل اطلاعاتی اطلاعاتی مربوط به خود فایل از جمله زمان ایجاد دیتاست و سازنده‌ی آن و همچنین اطلاعاتی در مورد داده‌ها از جمله نرخ نمونه‌گیری وجود دارد. همچنین در فایل `log`. نیز اطلاعاتی مربوط به نورونی که از آن نمونه‌گیری می‌شود وجود دارد.

نوع اطلاعات	برخی از اطلاعات موجود
اطلاعات مربوط به فایل	زمان ایجاد فایل، سازنده‌ی فایل، ورژن فایل
اطلاعات مربوط به تحریک	نوع تحریک، نرخ بروزرسانی مانیتور، نرخ تغییر فریم‌ها
اطلاعات مربوط به tuning curve	زاویه‌ی ترجیحی نورون، طول و عرض ترجیحی نورون
اطلاعات مربوط به نمونه‌گیری	نرخ نمونه‌گیری، نوع کارگذاری الکترودها، تعداد چنل‌ها

و اطلاعات دیگری از این دست می‌باشد.

۲.۲ بخش دوم

تابع `Func_ReadData` را به صورتی که خواسته شده پیاده‌سازی می‌کنیم. ایده‌ی کلی در پیاده‌سازی این تابع این بود که ابتدا با استفاده از تابع `dir` فایل‌های موجود در دایرکتوری نورون مورد نظر را می‌خوانیم و فایل‌های با `mds1d.sa0` را پیدا می‌کنیم و اطلاعات آن را با استفاده از `fget_spk.m` می‌خوانیم.

همچنین با توجه به اینکه در بخش بعد به Spike-count rate احتیاج پیدا می‌کنیم یکی از خروجی‌های Optional را برابر با آن تعریف می‌کنیم، برای محاسبه‌ی این مقدار نیز تنها کافیست توجه کنیم که:

$$\langle r \rangle = \langle \frac{\#spikes}{time} \rangle_{trials}$$

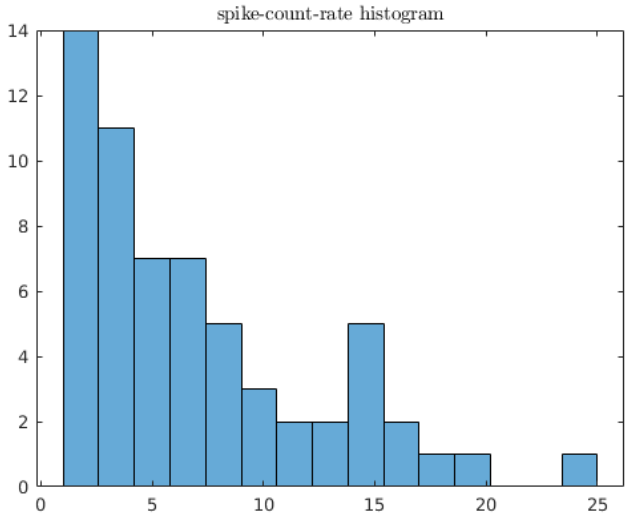
نهایتا تابع مورد نظر به صورت زیر خواهد بود:

۱.۲.۲ قطعه کد: تابع Func_ReadData

```
% Recomend: select Data/ and MatlabFucntions/
% directories and add them to matlab PATH
function [Output, spike_count_rate] = Func_ReadData(NeuronCode)
  Path = [pwd, '/Data', '/Spike_and_Log_Files/', NeuronCode];
  Listing = dir(Path);
  Index_Counter = 0;
  events = {};
  hdrs = {};
  frame_rate = 59.72; %Hz
  frame_number = 32767;
  spike_count = [];
  for i = 1:length(Listing)
    if (contains(Listing(i).name, 'msq1d.sa0', 'IgnoreCase', true
       ) && ...
      ~contains(Listing(i).name, 'sa0.sub', 'IgnoreCase', true)
         && ...
      ~contains(Listing(i).name, 'sa0.', 'IgnoreCase', true))
      Index_Counter = Index_Counter + 1;
      [events{Index_Counter}, hdrs{Index_Counter}] = fget_spk(
         Listing(i).name, 'get');
      spike_count(Index_Counter) = length(events{Index_Counter});
    end
  end
  Output = struct('events', events, 'hdr', hdrs);
  spike_count_rate = mean(spike_count) * frame_rate/frame_number;
end
```

۳.۲ بخش سوم

در این بخش ابتدا با استفاده از تابع dir در پوشه‌ی مربوط به اطلاعات اسپایک‌ها نام تمام نورون‌ها را استخراج می‌کنیم. سپس با پیمایش بر روی آن‌ها و با استفاده از تابعی که در بخش قبل نوشتیم نرخ اسپایک هر نورون را نگهداری می‌کنیم. نهایتا هیستوگرام نرخ اسپایک‌ها به صورت زیر خواهد بود:



شکل ۳: هیستوگرام نرخ اسپایک‌های نورون‌ها

سپس به سادگی می‌توانیم نورون‌هایی که نرخ اسپایک کمتر از ۲ دارند را با استفاده از قطعه کد زیر از لیست اولیه‌ای که برای کد نورون‌ها تهیه کردیم حذف کنیم.

۱.۳.۲ قطعه کد: حذف نورون‌ها با نرخ اسپایک پایین

```
index_counter = 0;
for i = 1:61
  if SCRA(i) < 2
    index_counter = index_counter + 1;
    index(index_counter) = i;
  end
end
fprintf('Exluded Neurons:\n')
disp(neuron_codes(index)')
neuron_codes(index) = [];
```

خروجی این قطعه کد شماره‌ی نورون‌های حذف شده را نمایش می‌دهد که به صورت زیر است:

```
Exluded Neurons:
"000413.b03"
"000413.b04"
"000413.b05"
"000418.a01"
"000420.b02"
"000524.c01"
"000907.f07"
```

۴.۲ بخش چهارم

در این قسمت تابع Func_StimuliExtraction به گونه‌ای پیاده می‌کنیم که با دریافت دنباله‌ای از زمان اسپایک‌ها تحریک‌هایی با ابعاد ۱۶*۱۶ که سبب این اسپایک‌ها شدند را خروجی بدهد. برای اینکار باید توجه کنیم که با توجه به متن مقاله نرخ تغییر فریم‌های $۶۰Hz$ و به طور دقیق با توجه به فایل‌های لاگ $۵۹/۷۲۱۳Hz$ می‌باشد. همچنین از آنجایی که نرخ نمونه برداری $۰/۱ms$ می‌باشد می‌توان دید که با استفاده از کد زیر می‌تواند اندیس‌هایی از فریم‌ها که در آن‌ها اسپایک رخ داده است را ببینیم.(از آنجایی که تمایل داریم ابعاد ماتریس ۱۶*۱۶ باشد اندیس‌های کمتر از ۱۶ را نادیده در نظر می‌گیریم)

۱.۴.۲ قطعه کد: یافتن اندیس‌های زمان اسپایک و نادیده گرفتن اندیس‌های کمتر ۱۵

```
1 indices = ceil((events * frame_rate) / 10000);
2 indices = indices(indices>15);
```

سپس می‌توانیم ماتریس‌های ۱۶*۱۶ که سبب اسپایک شدند را تشکیل دهیم.

برای راحت‌تر شدن کار در مراحل بعد اولا ورودی دوم ذکر شده در صورت سوال یعنی msq1D را اختیاری در نظر گرفتیم که مقدار دیفالت آن همان فایلی خواهد بود که در پوشه‌ی Data قرار دارد. همچنین در مراحل بعد از آنجایی که می‌خواهیم دنباله‌ای تصادفی از اسپایک‌ها تولید کنیم راحت‌تر خواهد بود که فقط اندیس‌ها را به عنوان ورودی به این تابع بدهیم به این منظور یک ورودی option تعریف کردیم که اگر مقدار آن 'random' باشد مقدار events در ورودی را به عنوان اندیس‌ها در نظر می‌گیرد و در غیر این صورت همان منطق قبلی را اجرا می‌کند.

۳ بررسی با روش کلاسیک STA

در کد نهایی که برای این بخش ارائه شده است بر روی تمام ۵۴ نورونی که در بخش قبل حذف نشده‌اند عملیات‌ها صورت می‌گیرد. و حاصل تنها ذخیره می‌شود و تصاویر نمودارها export می‌شوند.(بگم دست نزنه یا نگم؟)

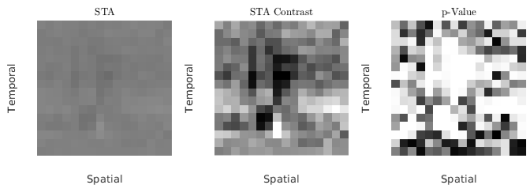
۱.۳ بخش اول

برای محاسبه‌ی این بخش تابع Func_FindSTA پیاده سازی شده است که نحوه‌ی عملکرد آن به صورت زیر است.

۱.۱.۳ قطعه کد: تابع محاسبه‌ی STA

```
function [sta, spike_trigerred] = Func_FindSTA(neuron)
  outs = neuron.outs;
  spike_trigerred = [];
  for i = 1:length(outs)
    spike_trigerred_trial = Func_StimuliExtraction(outs(i).events
       );
    spike_trigerred = cat(3, spike_trigerred,
       spike_trigerred_trial);
  end
  N = length(spike_trigerred);
  sta = (sum(spike_trigerred, 3)/ N);
end
```

که می‌توان دید بنابر تعریف STA پیاده‌سازی شده است. این تابع تمام مقادیر spike_trigerred را نیز خروجی می‌دهد چرا که در مراحل بعد به آن نیاز خواهیم داشت. برای همان مثالی که در صورت پروژه آمده است خروجی زیر را می‌گیریم:



شکل ۴: خروجی برای نورون 000601.c05

۲.۳ بخش دوم

خروجی این بخش در بخش اول نمایش داده شد با این حال ذکر می‌کنیم که برای محاسبه‌ی p-value به دست آمده از t-test از تابع آماده ttest در متلب استفاده کردیم.

۱.۲.۳ قطعه کد: محاسبه‌ی t-test

```
[~, p] = ttest(permute(spike_trigerred,[3 1 2]));
```

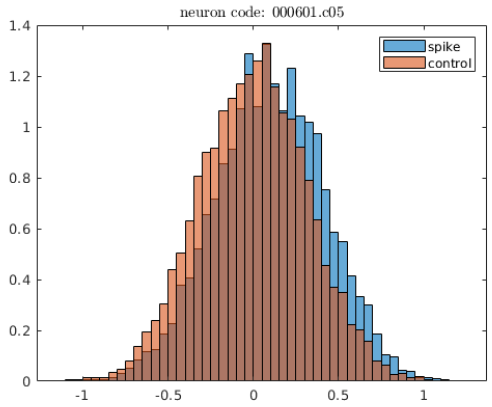
۳.۳ بخش سوم

برای محاسبه‌ی correlation از آنجایی که یکی از ماتریس‌هایی که در اختیار ماست ۳بعدی است محاسبه‌ی correlation را به صورت دستی انجام دادیم و تابع Func_Correlation را پیاده‌سازی کردیم، که اساس کار آن ضرب درایه به درایه موجود در متلب می‌باشد. همچنین برای تولید دنباله‌ی تصادفی از اسپایک‌ها یا همان ماتریس کنترل به صورت زیر عمل کردیم و در اینجا اضافه کردن پارامتر ورودی اضافه به تابع کارمان را ساده‌تر می‌کند. و تنها کافیست دنباله‌ای تصادفی از شماره‌ی فریم‌ها ایجاد کنیم.

۱.۳.۳ قطعه کد: ایجاد دنباله‌ی تصادفی از تحریک‌ها

```
spike_sample = randi([16 32767], 1, N);
stim_control = Func_StimuliExtraction(spike_sample, 'random');
```

خروجی هریک از ماتریس‌های کنترل و spike-triggered در فضای جدید برای این نورون به صورت زیر است.



شکل ۵: هیستوگرام correlation ماتریس‌های کنترل و spike-triggered با STA

۴.۳ بخش چهارم

برای محاسبه‌ی p-value در اینجا نیز از تابع آماده ttest2 موجود در متلب استفاده می‌کنیم. خروجی آن به صورت زیر است.

```
p-value = 0.000000, null-hypothesis rejected, means are diffrent.
```

نتیجه‌ی آزمون t-test این است که توزیع $p(s|r)$ و $p(s)$ در فضای مربوط به STA دارای میانگین‌های متفاوتی می‌باشند. با این حال با توجه به شکل ۶ برایمان روشن است که این دو توزیع علارغم اینکه میانگین‌های متفاوتی دارند اما به دلیل اینکه سطح مشترک زیر نمودار آنها بسیار زیاد است نمی‌توان تفاوت معناداری بین آنها قائل شد.

به عبارت دیگر نتیجه‌ی آزمون می‌گوید که توزیع $p(s|r)$ و $p(s)$ تفاوت میانگین قابل توجهی دارند که این بر خلاف انتظار ما نمی‌باشد چرا که $p(s|r)$ از تصویر بردارهای منجر به اسپایک بر روی STA حاصل می‌شود که واضح است که باید میانگین مثبتی داشته باشد و از طرفی روشن است که با انتخاب تحریک‌های رندم و تصویر کردن روی STA میانگینی نزدیک به صفر خواهیم داشت.

با این حال همانطور که از شکل مشخص است تفاوت معنادار در **میانگین** نمی‌تواند تفاوت معنادار در **توزیع‌ها** را نشان بدهد و همانطور که از متن مقاله به یاد داریم در آنالیزهایی که بر پایه‌ی correlation طراحی می‌شوند تغییر در توزیع‌ها را با تغییر در گشتاور درجه‌ی دوم آنها یا همان واریانس می‌سنجیم.

۵.۳ بخش پنجم

به طور کلی میدانیم که خطای تخمین ما از رابطه‌ی زیر محاسبه می‌شود:

$$P(\text{Error}) = P(\text{Error}|s=۱)P(r=۱) + P(\text{Error}|r=۰)P(r=۰)$$

از طرفی می‌دانیم که با توجه به اینکه تحریک‌های اولیه کاملا تصادفی بودند $P(s=۱)$ همان نرخ اسپایک زدن هر نورون در همین آزمایش می‌باشد. ما قبلا نرخ spike-count rate را محاسبه کرده بودیم و از توضیحات درس به یاد داریم که:

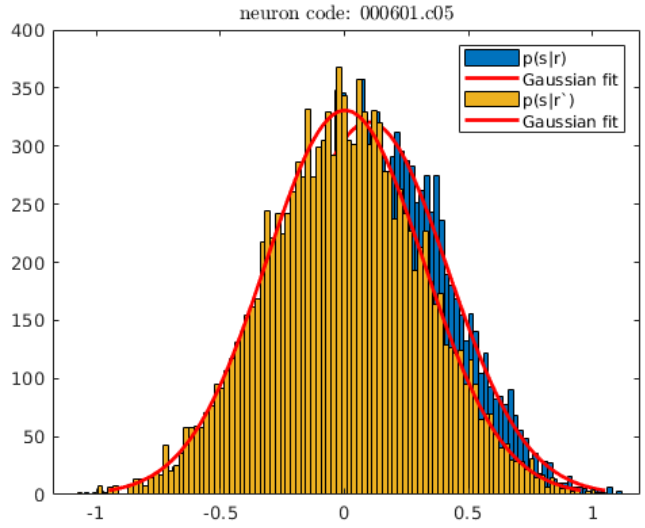
$$P(r=۱) = \frac{\langle count \rangle}{\Delta t}$$

که در اینجا Δt همان نرخ تغییر فریم‌ها می‌باشد. حال با توجه به نوع تخمینمان که تنها به یک پارامتر θ وابسته می‌باشد مقدار خطا را باز نویسی می‌کنیم:

$$P(\text{Error}) = P(X > \theta | r = ۰)P(r = ۰) + P(X < \theta | r = ۱)P(r = ۱)$$

توزیع $P(X|r = ۱)$ همان توزیع تصویر spike-triggered ها بر روی STA می‌باشد که طبق فرض مسئله آن را نرمال در نظر می‌گیریم. از طرف دیگر با توجه به sparse بودن نورون‌ها و احتمال پایین اسپایک زدن آنها(برای اکثر نورون‌ها با توجه به شکل ۳ در حدود $۱۰^{-۲}$ می‌باشند) می‌توانیم توزیعی که برای تصویر control محاسبه کردیم را توزیع $P(X|r = ۰)$ در نظر بگیریم و بنابراین می‌توانیم $P(\text{Error})$ را محاسبه کنیم و مشتق آن نسبت θ را برابر با صفر قرار دهیم تا بهترین ترشهولد را محاسبه کنیم.

برای محاسبه این مقادیر در متلب ابتدا یک فیت گاوسی بر روی هیستوگرام‌ها ایجاد می‌کنیم و سپس μ و σ را محاسبه می‌کنیم و آن‌ها را به همراه احتمال اسپایک زدن نورون به تابع نوشته شده‌ی Func_Accuracy می‌دهیم که ترشهولد و دقت تخمین ما را بیان می‌کند.

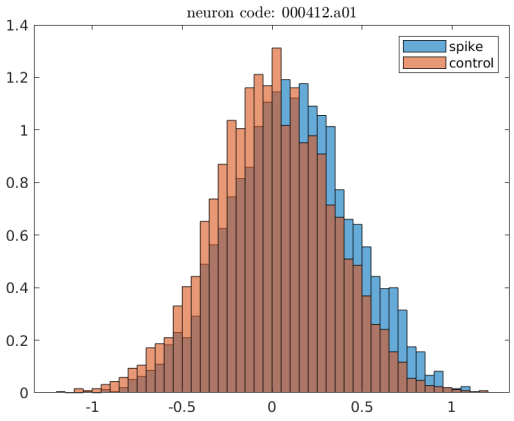


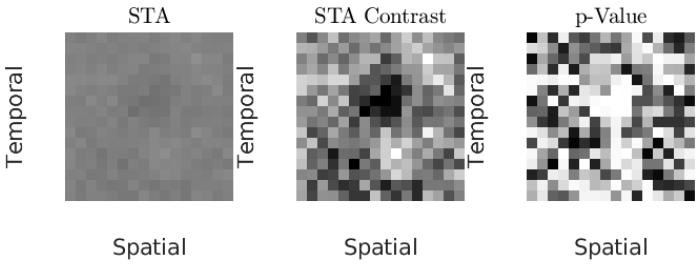
شکل ۶: هیستوگرام‌ها به همراه فیت گوسی آن‌ها

همچنین توجه می‌کنیم که برای محاسبه‌ی Func_Accuracy از سایت‌های محاسبه کننده استفاده کردیم و خروجی آنها را در تابع متلب قرار دادیم.

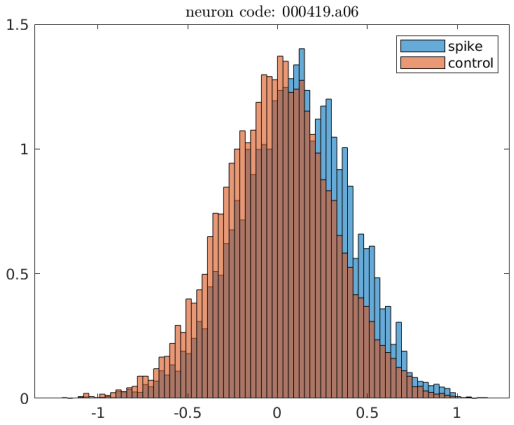
۶.۳ بخش ششم

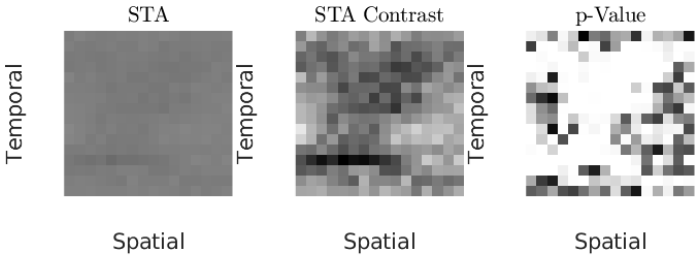
با اجرای مراحل بالا برای تمامی ۵۴ نورون باقی مانده به خروجی‌های زیر دست پیدا می‌کنیم لازم است توجه کنیم که داده‌های کنترل به صورت رندم تولید می‌شوند و بنابراین با اجرای این کدها ممکن است نتایج اندکی متفاوت بگیریم هر چند در کلیت پاسخ تاثیری نخواهند داشت.



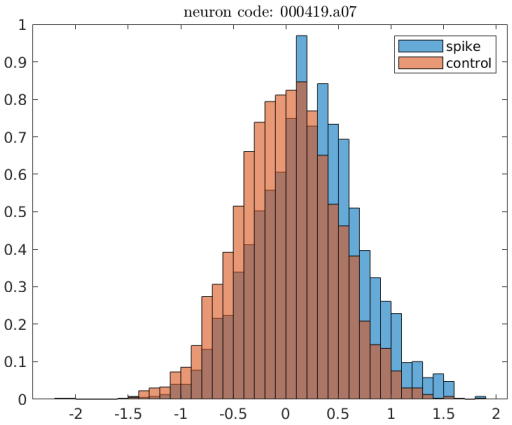


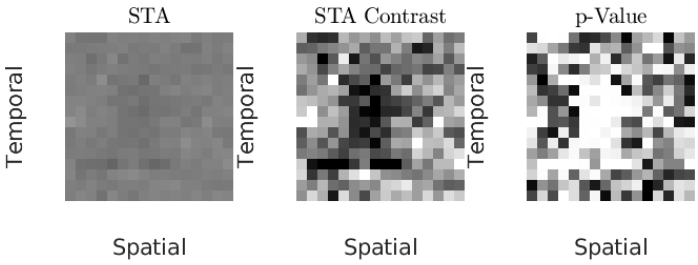
Neuron Code: 000412.a01
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.499714
Treshold accuracy for spikes: 0.626165



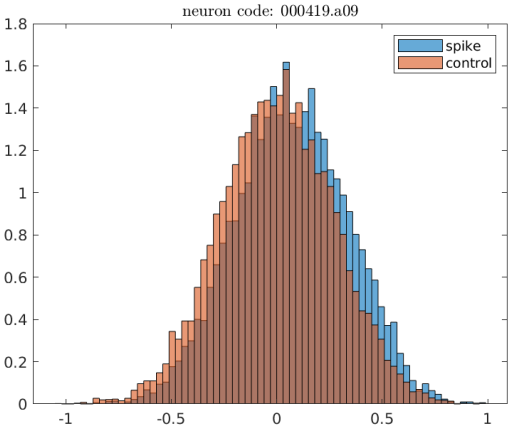


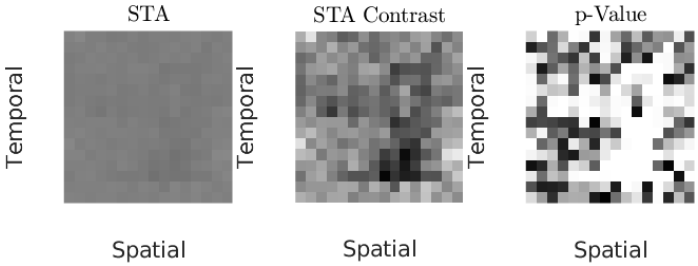
Neuron Code: 000419.a06
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.482390
Treshold accuracy for spikes: 0.629744



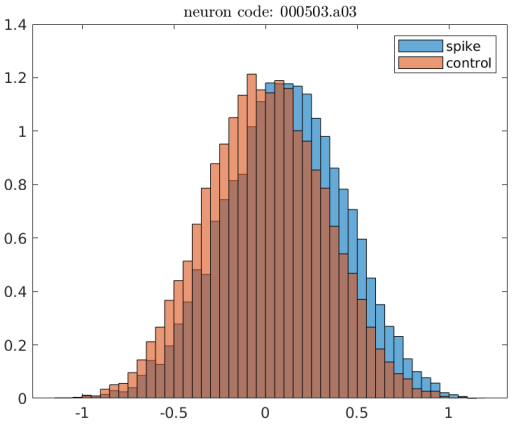


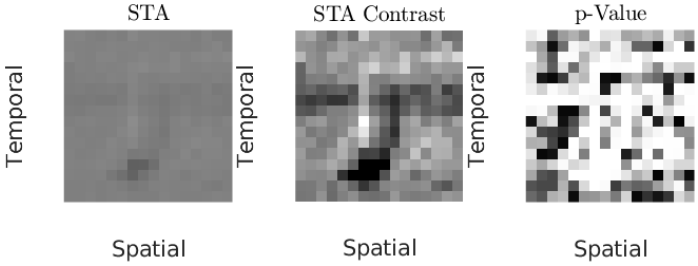
Neuron Code: 000419.a07
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.499489
Treshold accuracy for spikes: 0.681407



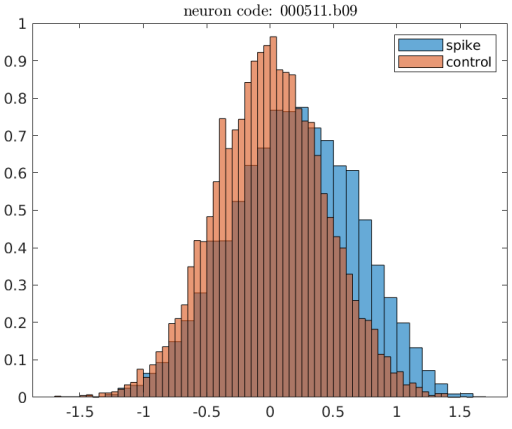


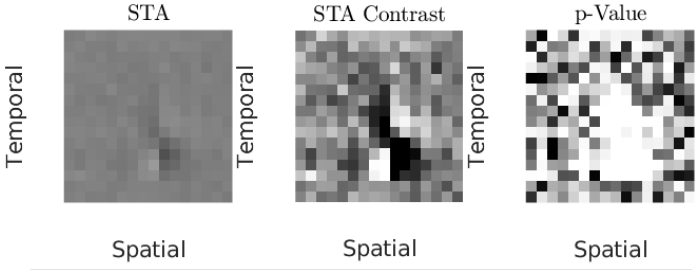
Neuron Code: 000419.a09
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.493368
Treshold accuracy for spikes: 0.598505



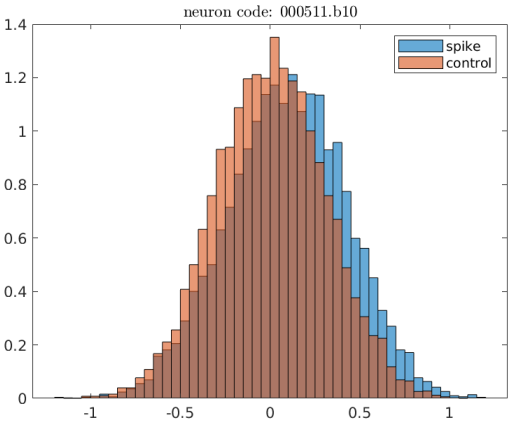


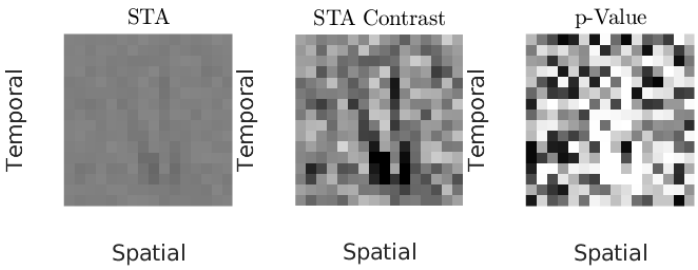
Neuron Code: 000503.a03
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.479796
Treshold accuracy for spikes: 0.627188



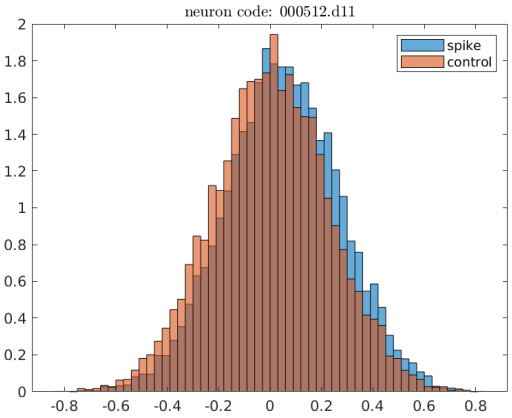


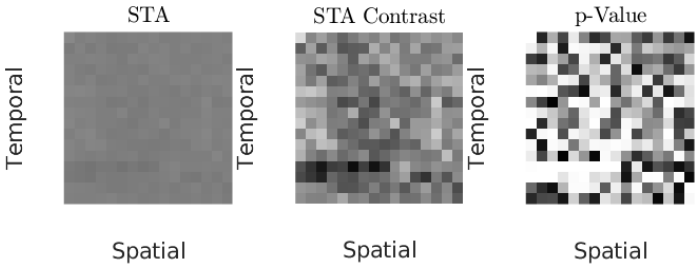
Neuron Code: 000511.b09
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.480744
Treshold accuracy for spikes: 0.646897



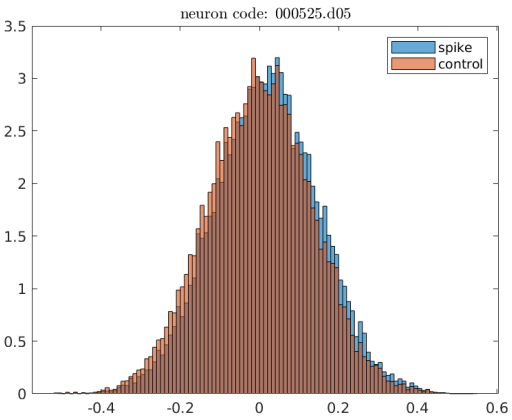


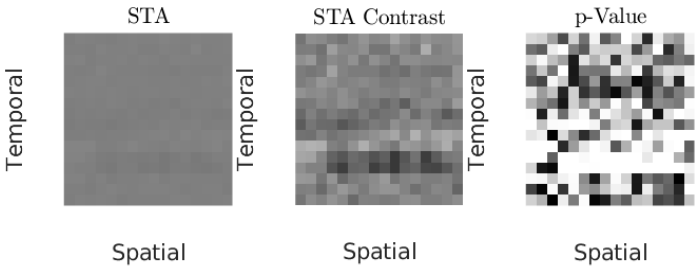
Neuron Code: 000511.b10
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.493809
Treshold accuracy for spikes: 0.615074



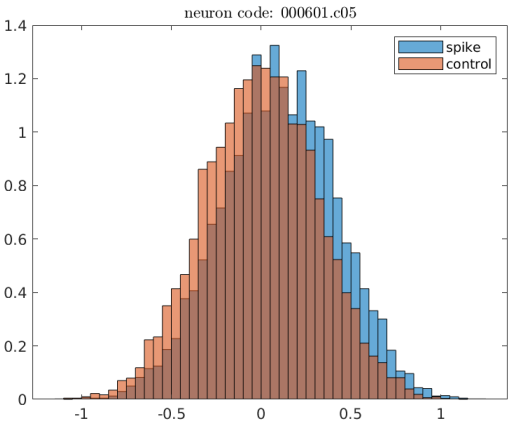


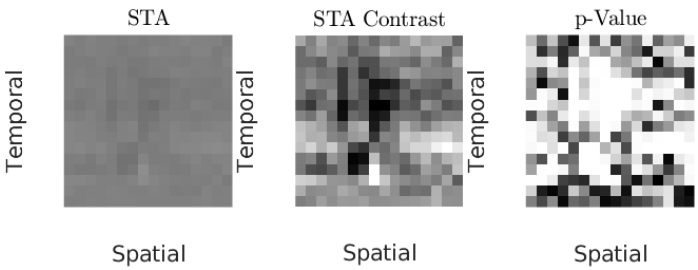
Neuron Code: 000512.d11
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.491677
Treshold accuracy for spikes: 0.587080



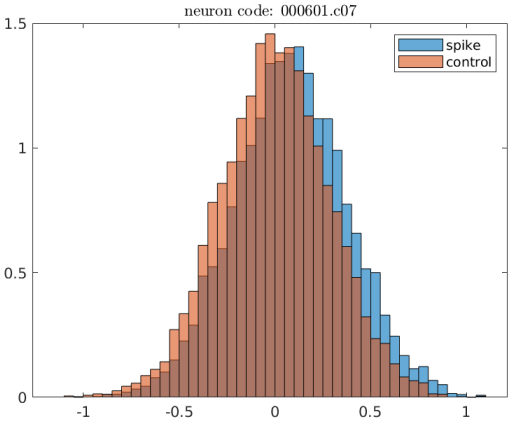


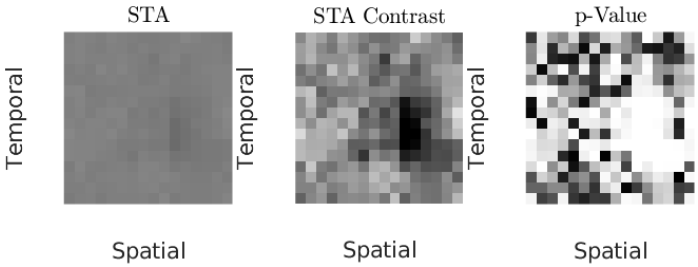
Neuron Code: 000525.d05
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.485142
Treshold accuracy for spikes: 0.555189



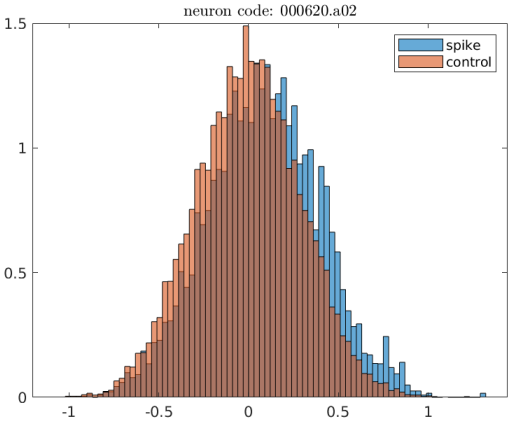


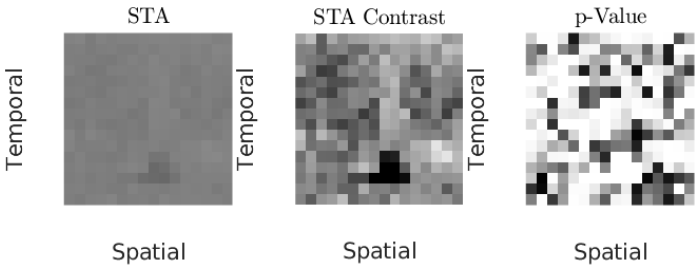
Neuron Code: 000601.c05
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.490360
Treshold accuracy for spikes: 0.617283



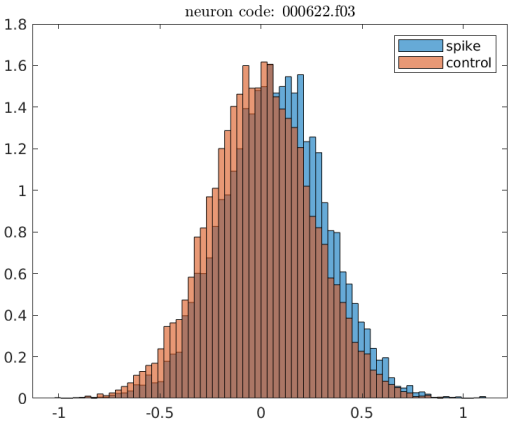


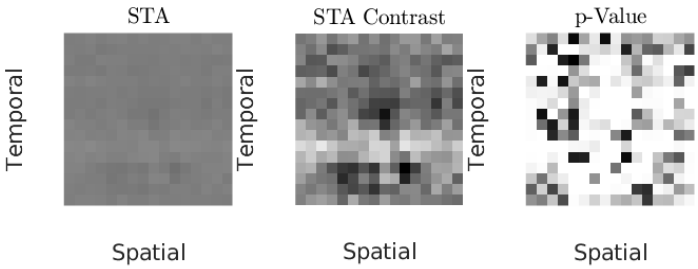
Neuron Code: 000601.c07
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.498411
Treshold accuracy for spikes: 0.611973



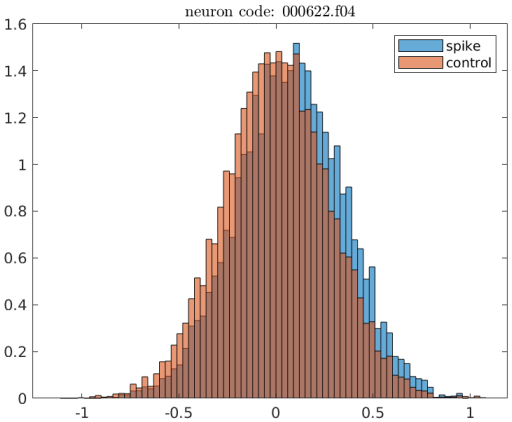


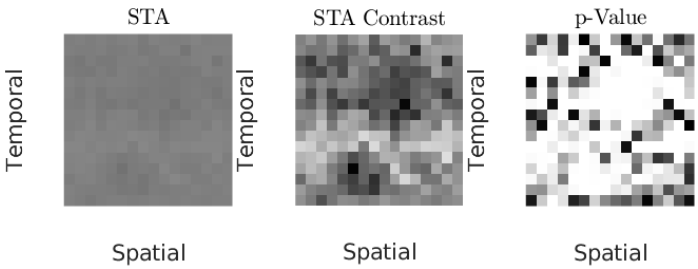
Neuron Code: 000620.a02
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.488879
Treshold accuracy for spikes: 0.605752



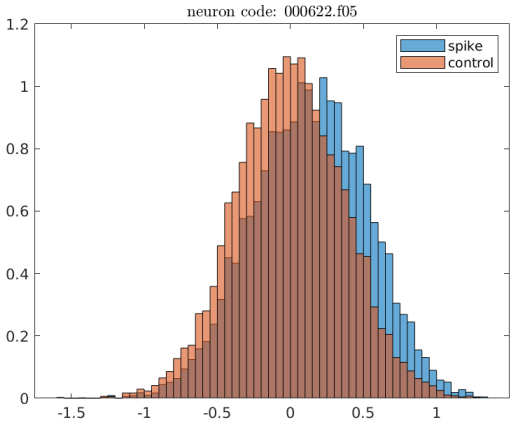


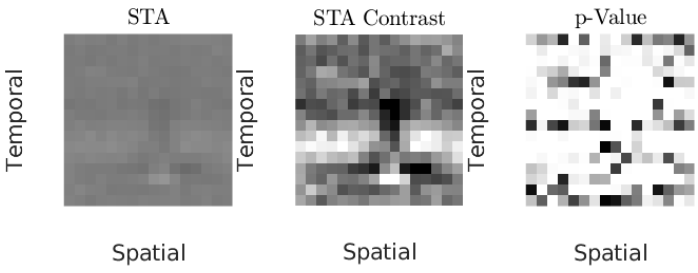
Neuron Code: 000622.f03
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.480304
Treshold accuracy for spikes: 0.605121



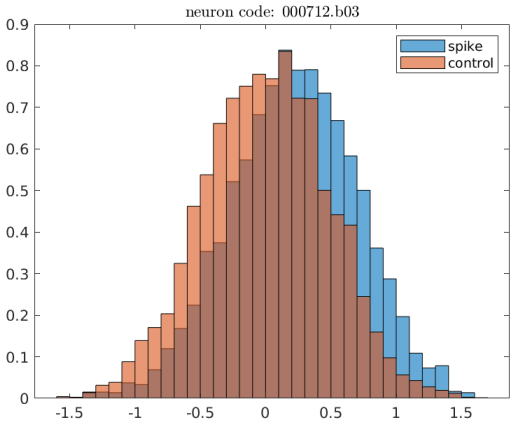


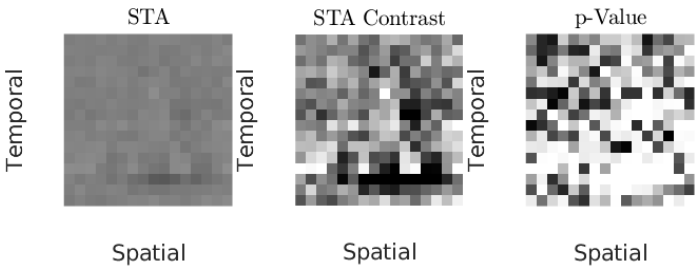
Neuron Code: 000622.f04
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.476139
Treshold accuracy for spikes: 0.605759



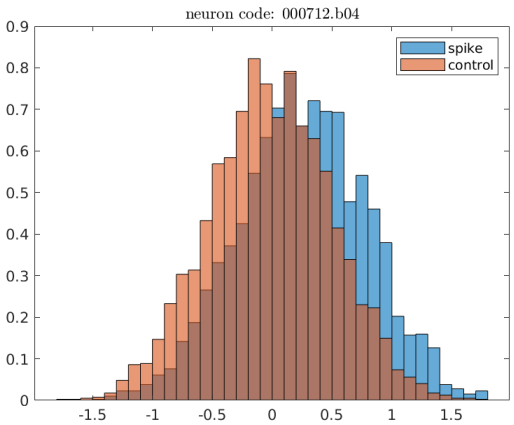


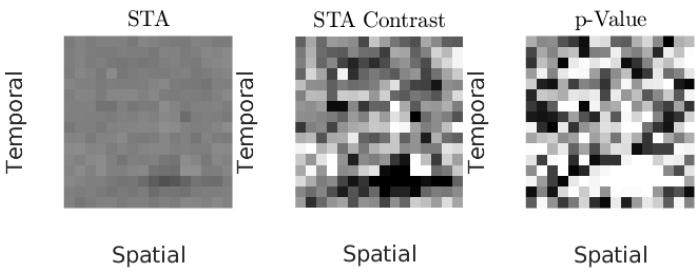
Neuron Code: 000622.f05
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.474214
Treshold accuracy for spikes: 0.634001



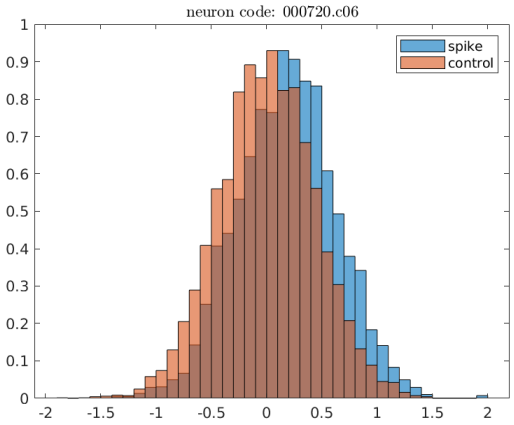


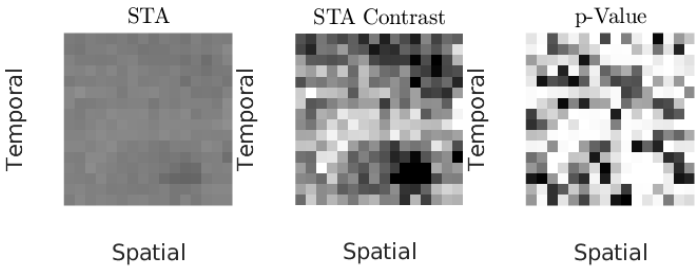
Neuron Code: 000712.b03
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.494794
Treshold accuracy for spikes: 0.679505



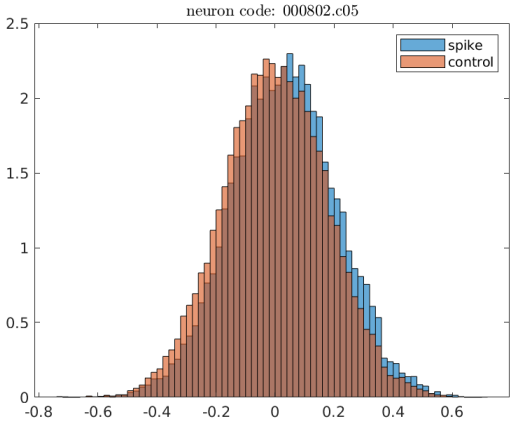


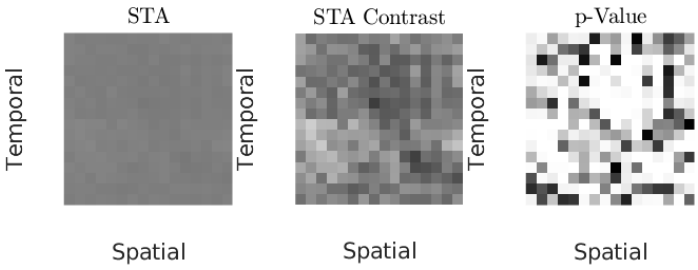
Neuron Code: 000712.b04
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.483681
Treshold accuracy for spikes: 0.685888



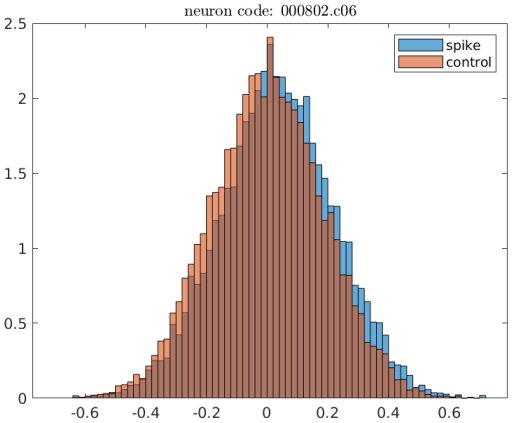


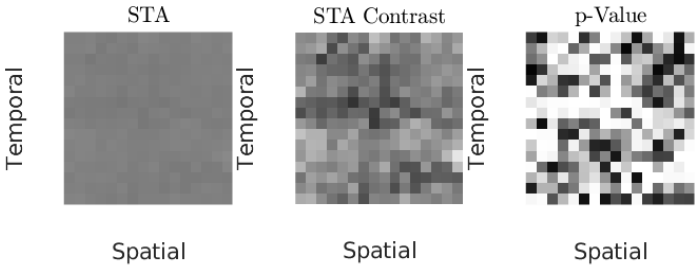
Neuron Code: 000720.c06
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.498211
Treshold accuracy for spikes: 0.660460



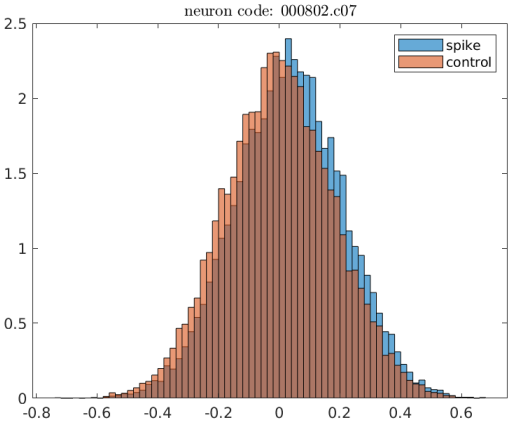


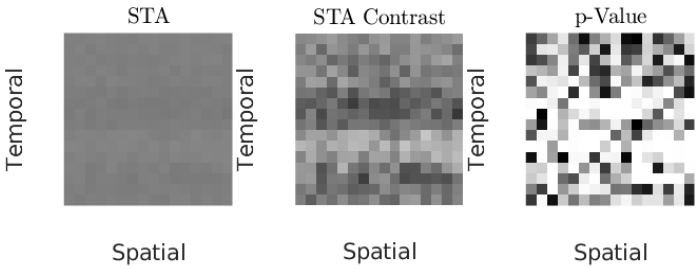
Neuron Code: 000802.c05
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481972
Treshold accuracy for spikes: 0.566758



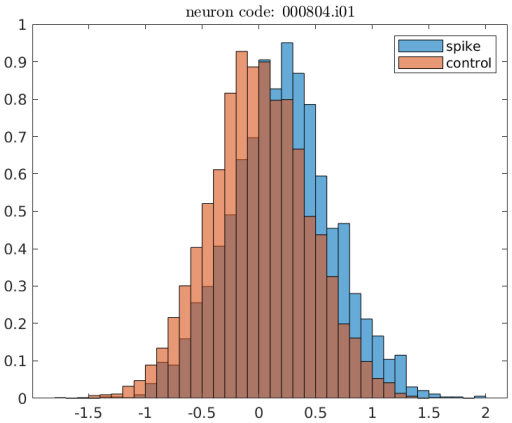


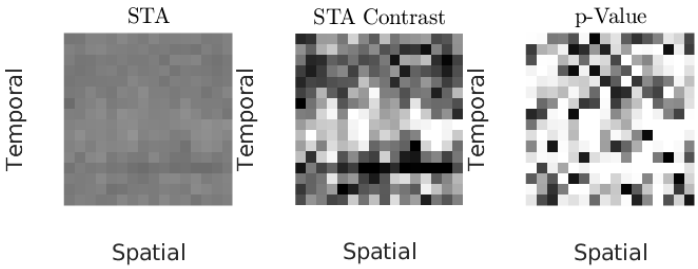
Neuron Code: 000802.c06
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.485478
Treshold accuracy for spikes: 0.575422



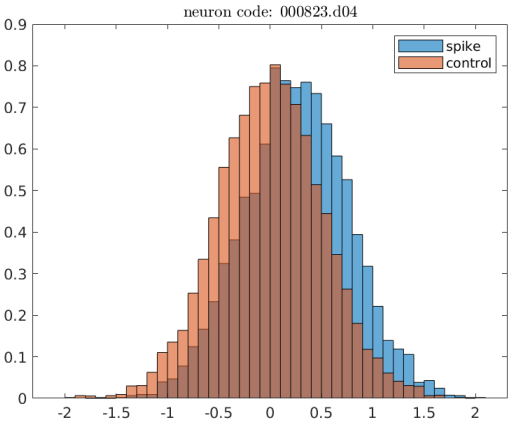


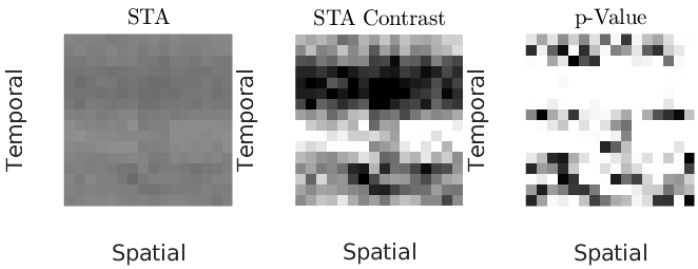
Neuron Code: 000802.c07
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.478129
Treshold accuracy for spikes: 0.574673



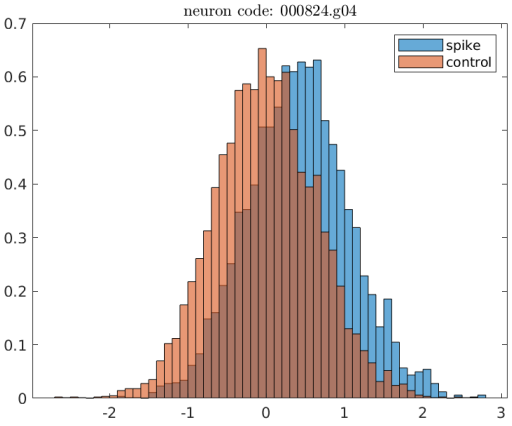


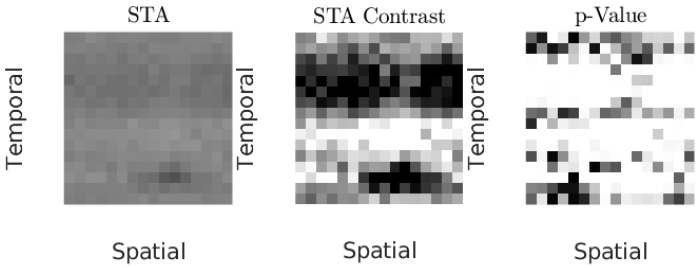
Neuron Code: 000804.i01
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.493783
Treshold accuracy for spikes: 0.680803



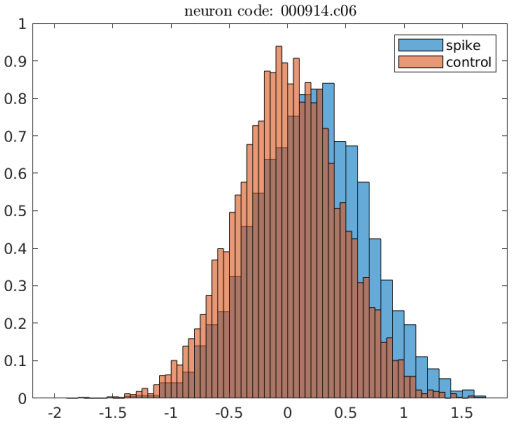


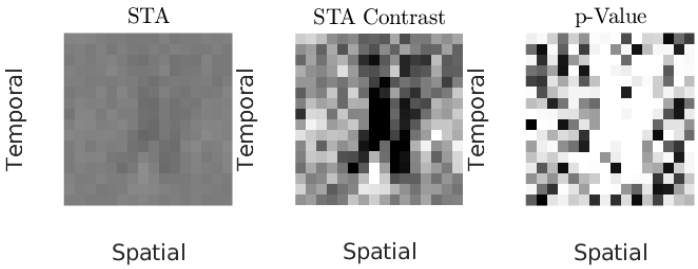
Neuron Code: 000823.d04
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.486022
Treshold accuracy for spikes: 0.699056



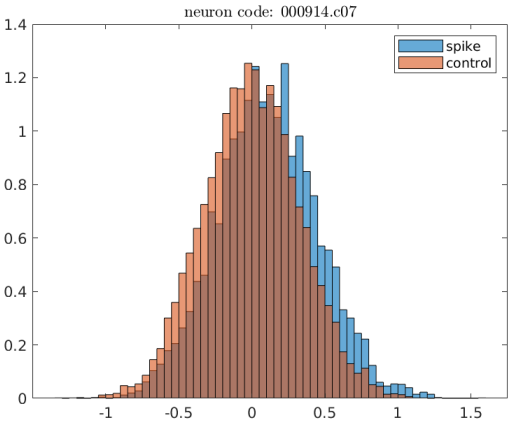


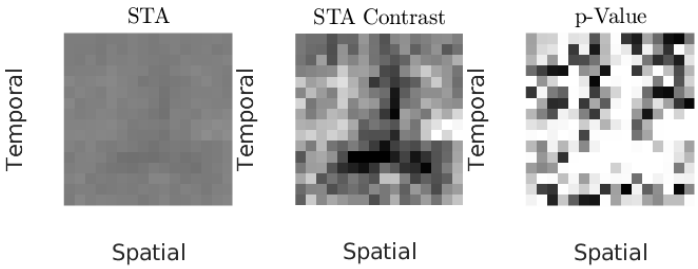
Neuron Code: 000824.g04
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481506
Treshold accuracy for spikes: 0.735146



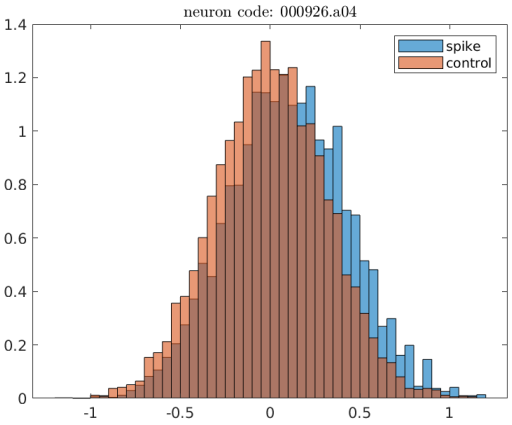


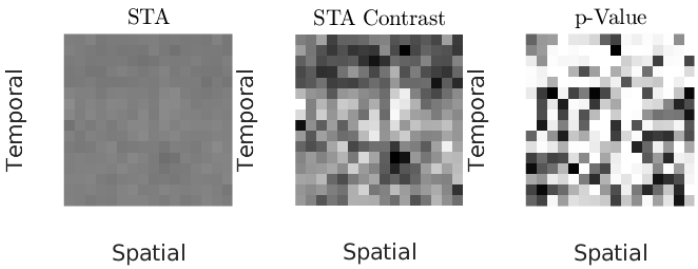
Neuron Code: 000914.c06
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.498366
Treshold accuracy for spikes: 0.661159



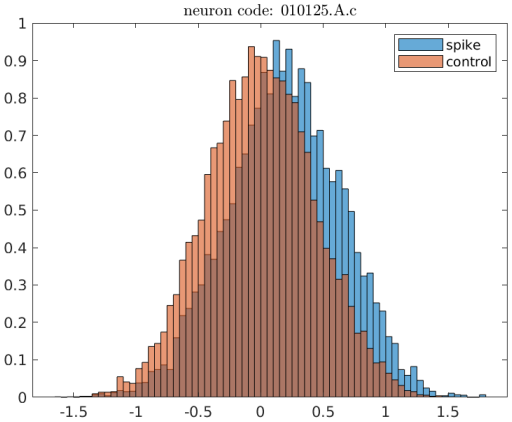


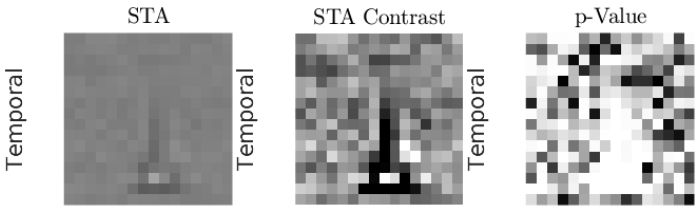
Neuron Code: 000914.c07
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.487228
Treshold accuracy for spikes: 0.621649



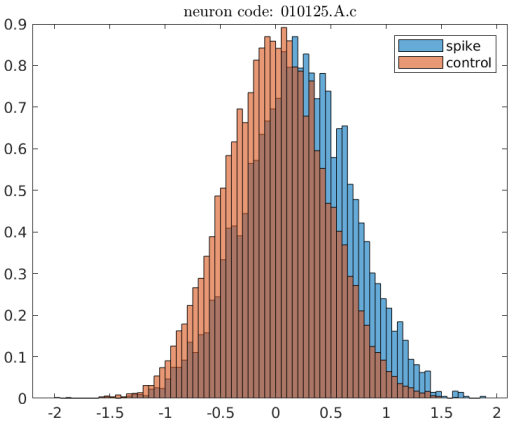


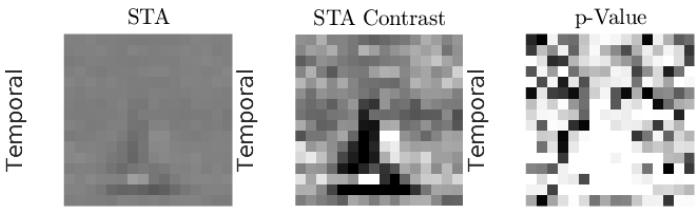
Neuron Code: 000926.a04
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.495733
Treshold accuracy for spikes: 0.612225



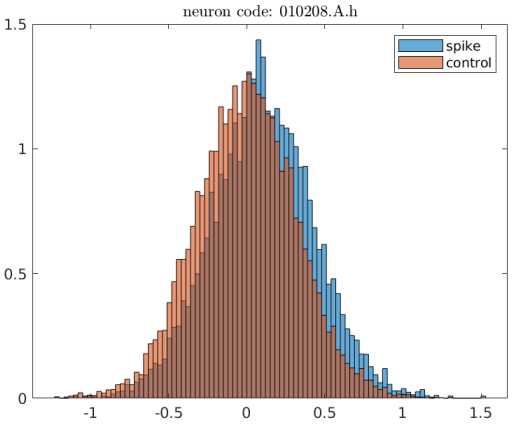


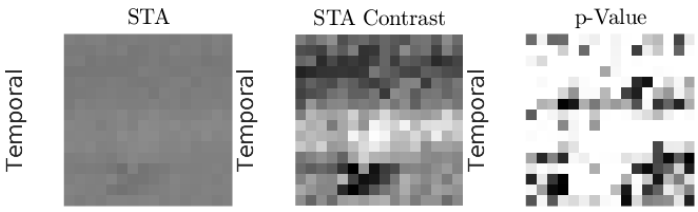
Neuron Code: 010125.A.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.474834
Treshold accuracy for spikes: 0.668519



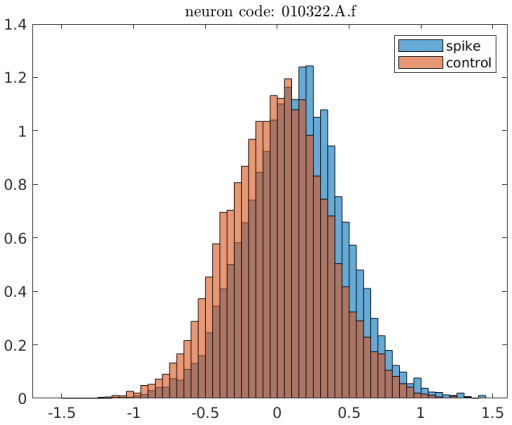


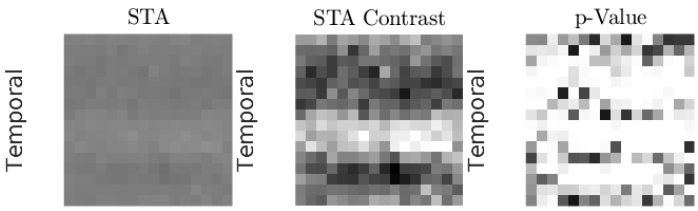
Neuron Code: 010125.A.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.476062
Treshold accuracy for spikes: 0.671432



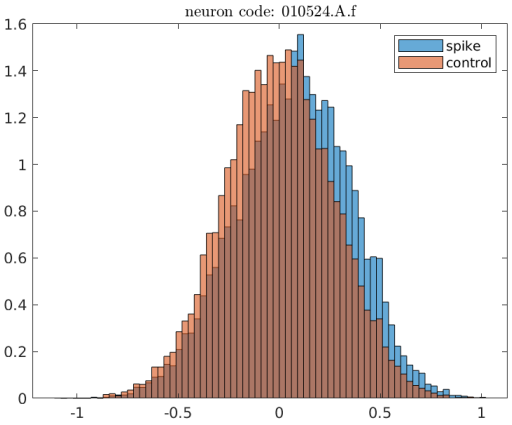


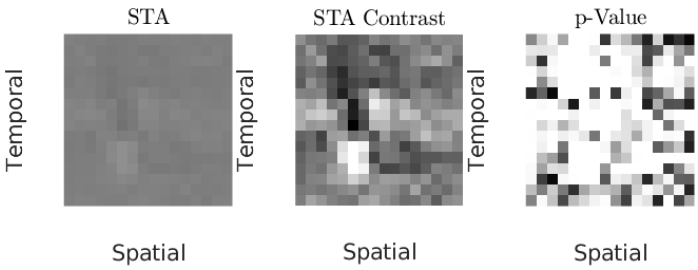
Neuron Code: 010208.A.h
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.472810
Treshold accuracy for spikes: 0.633945



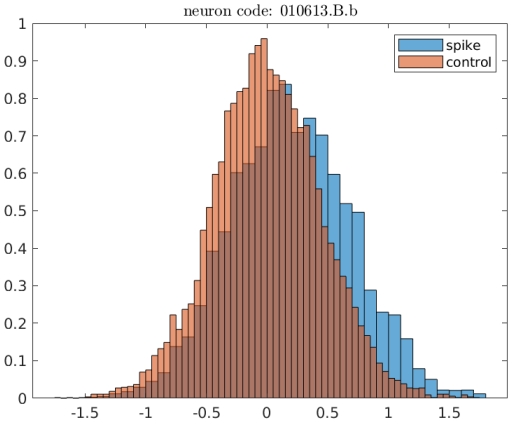


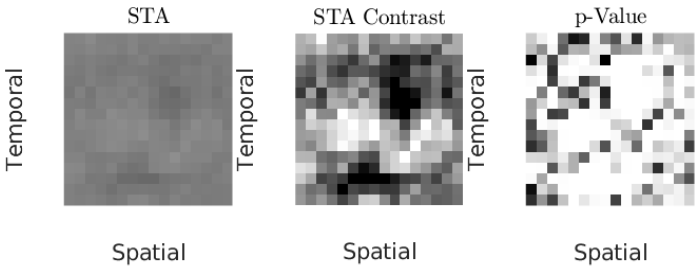
Neuron Code: 010322.A.f
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.486106
Treshold accuracy for spikes: 0.651173



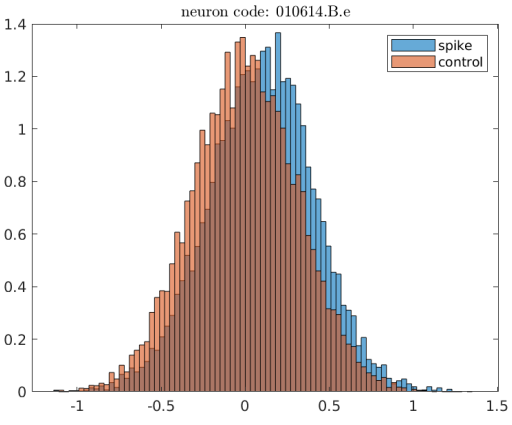


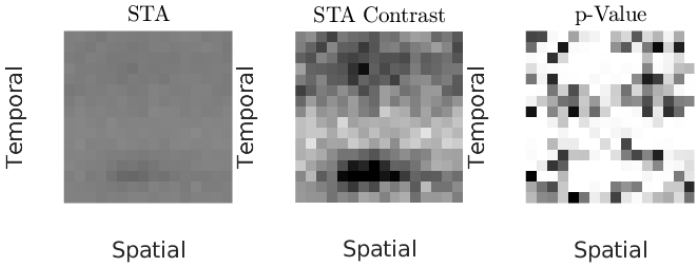
Neuron Code: 010524.A.f
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.457473
Treshold accuracy for spikes: 0.611524



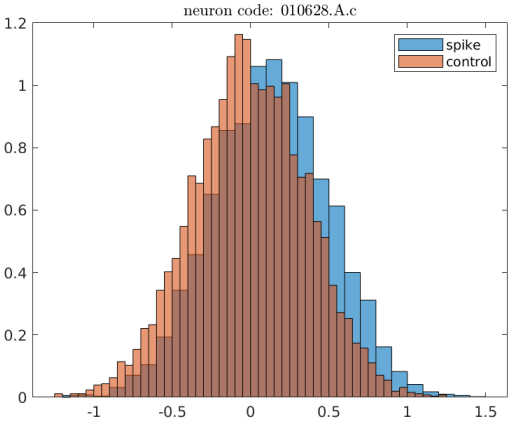


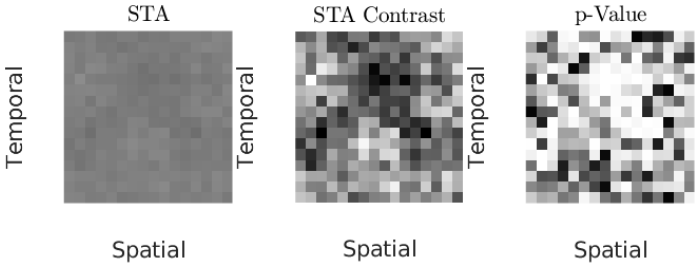
Neuron Code: 010613.B.b
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.483084
Treshold accuracy for spikes: 0.651994



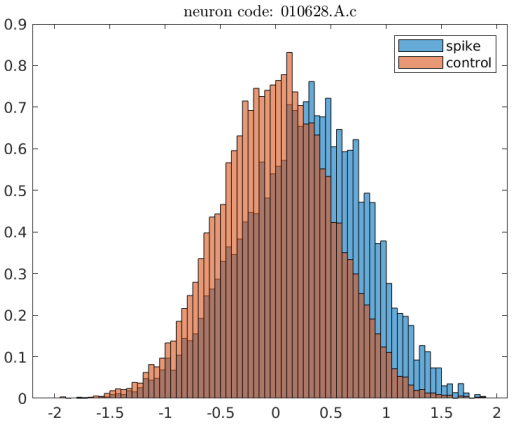


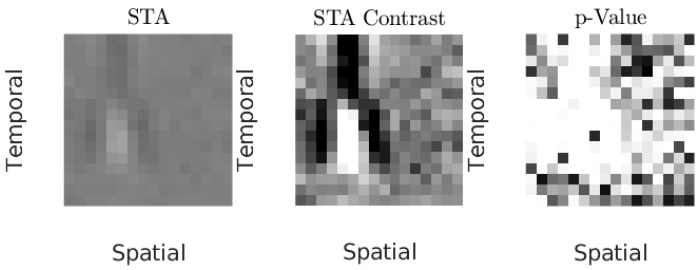
Neuron Code: 010614.B.e
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.466723
Treshold accuracy for spikes: 0.626588



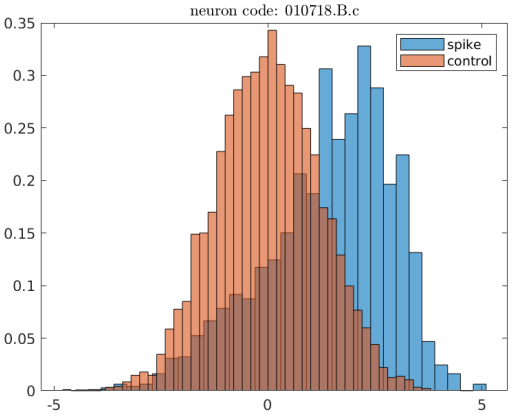


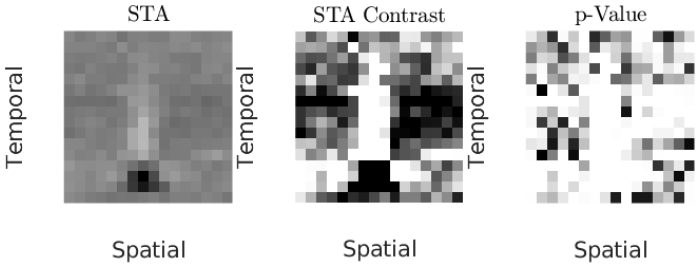
Neuron Code: 010628.A.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.486605
Treshold accuracy for spikes: 0.639590



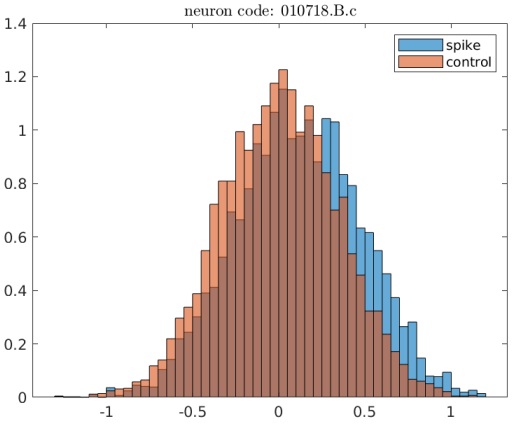


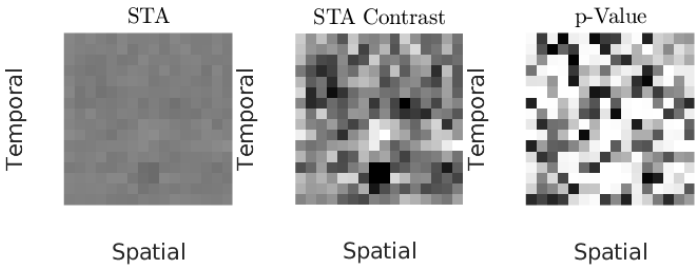
Neuron Code: 010628.A.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.457158
Treshold accuracy for spikes: 0.681609



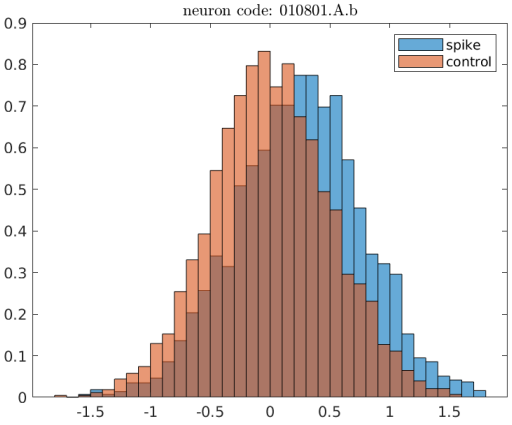


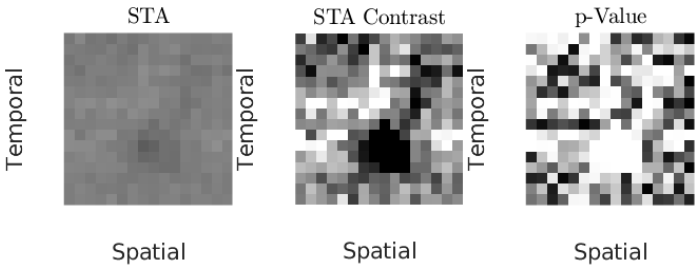
Neuron Code: 010718.B.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.235683
Treshold accuracy for spikes: 0.678976



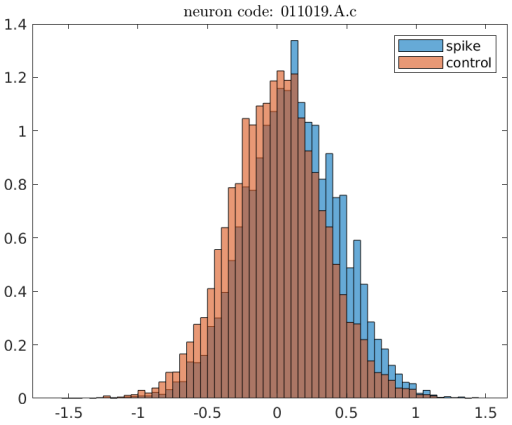


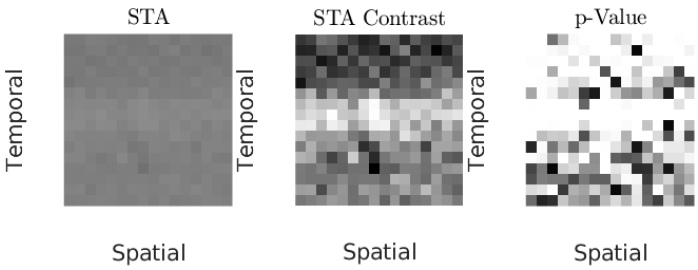
Neuron Code: 010718.B.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.493567
Treshold accuracy for spikes: 0.619294



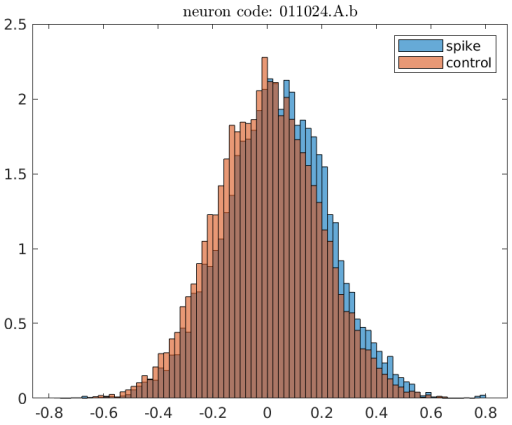


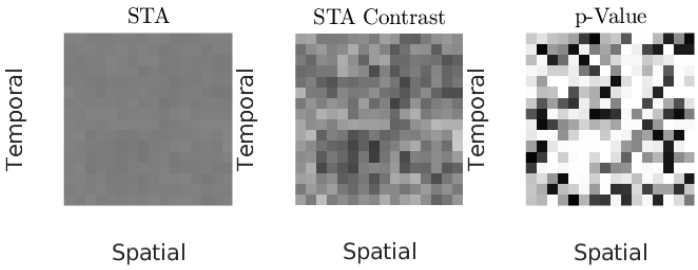
Neuron Code: 010801.A.b
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.498058
Treshold accuracy for spikes: 0.683615



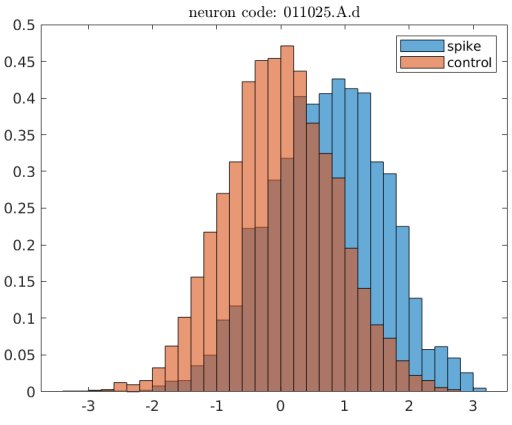


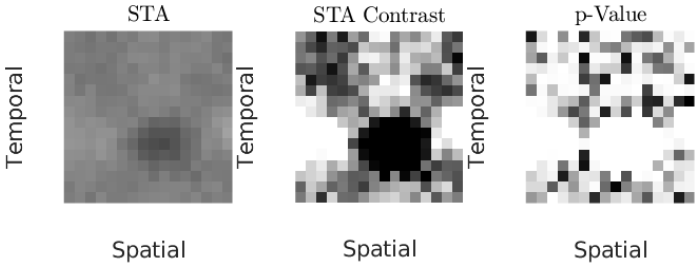
Neuron Code: 011019.A.c
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.485607
Treshold accuracy for spikes: 0.632810



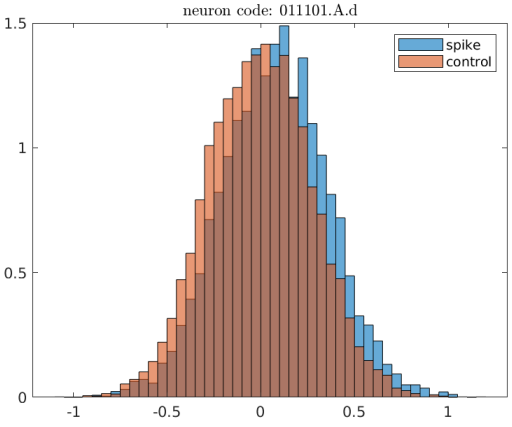


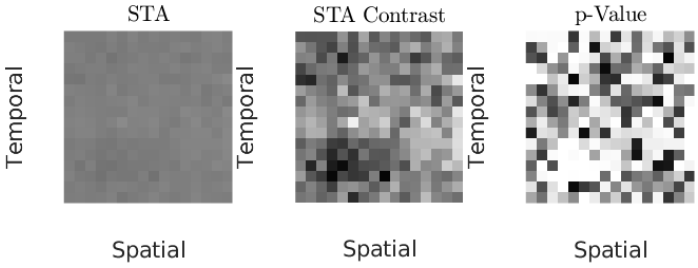
Neuron Code: 011024.A.b
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481019
Treshold accuracy for spikes: 0.576829



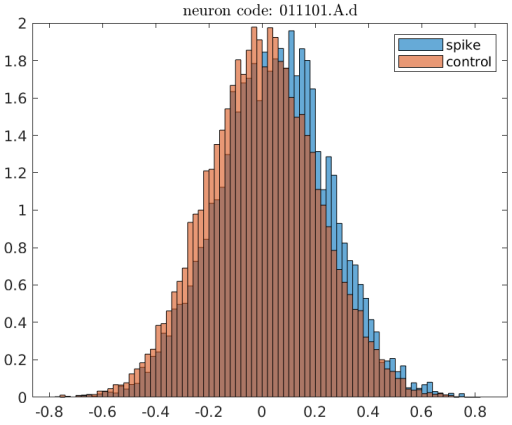


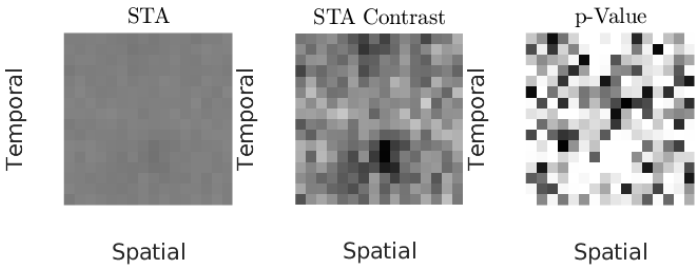
Neuron Code: 011025.A.d
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481131
Treshold accuracy for spikes: 0.781501



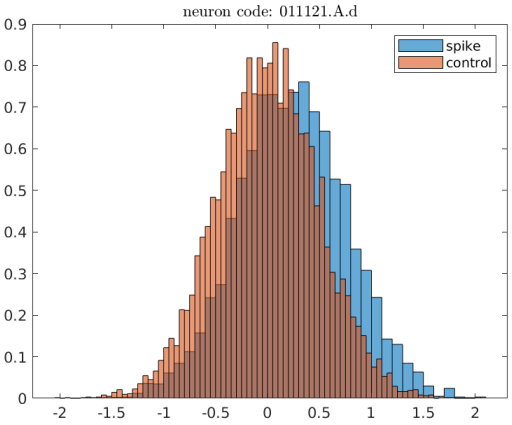


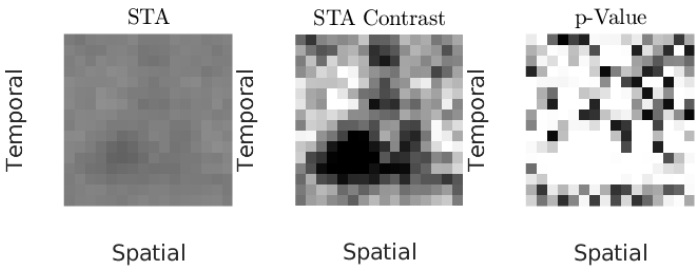
Neuron Code: 011101.A.d
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.483759
Treshold accuracy for spikes: 0.604132



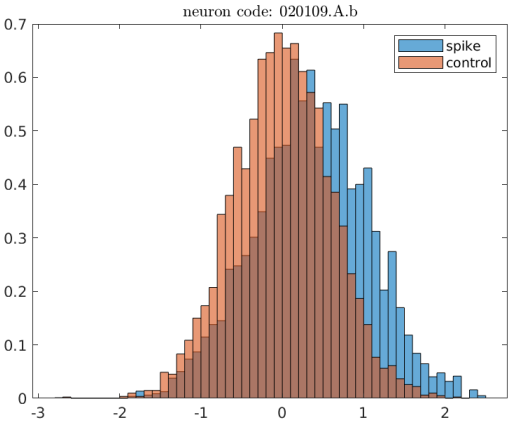


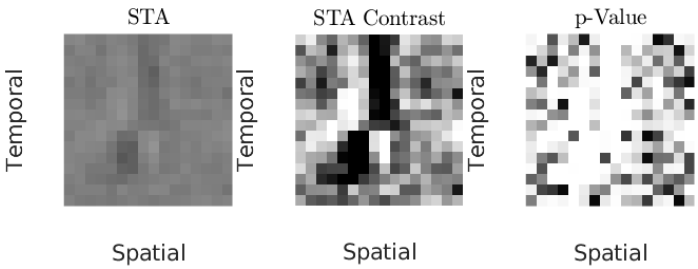
Neuron Code: 011101.A.d
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481642
Treshold accuracy for spikes: 0.586240



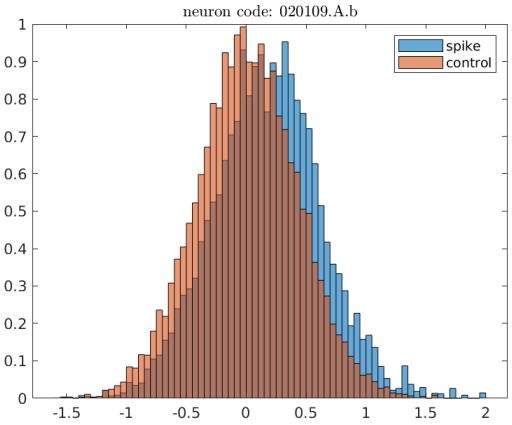


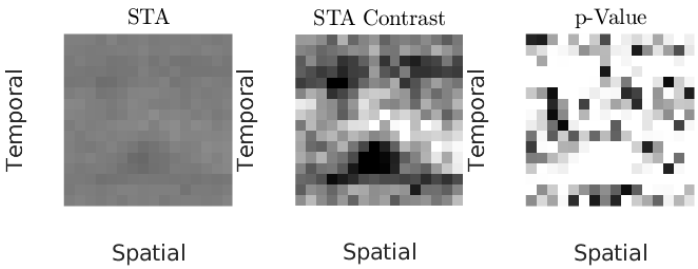
Neuron Code: 011121.A.d
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.476914
Treshold accuracy for spikes: 0.668829



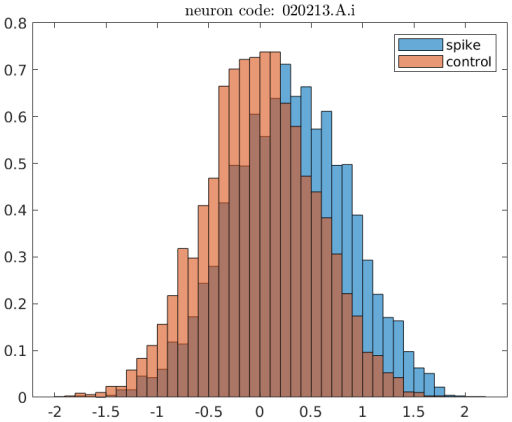


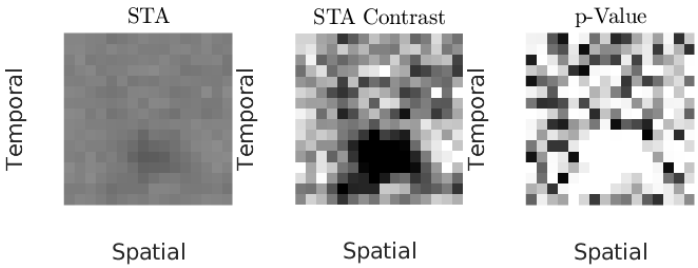
Neuron Code: 020109.A.b
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.471376
Treshold accuracy for spikes: 0.689071



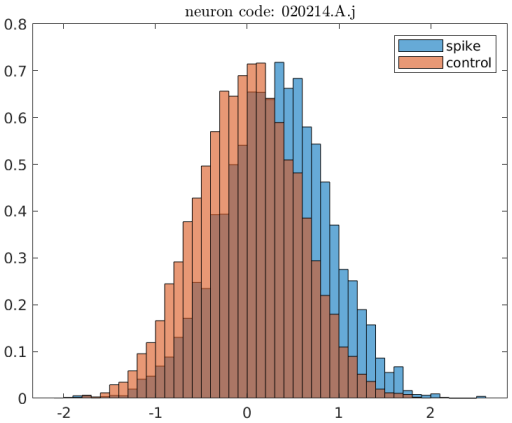


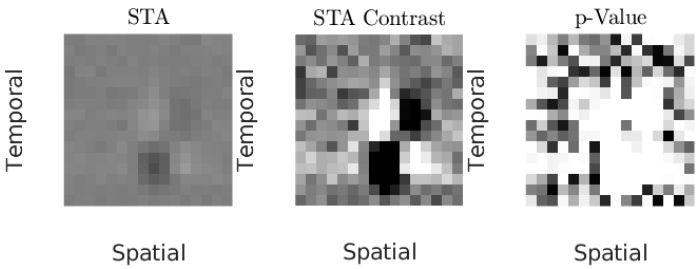
Neuron Code: 020109.A.b
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.468472
Treshold accuracy for spikes: 0.654158



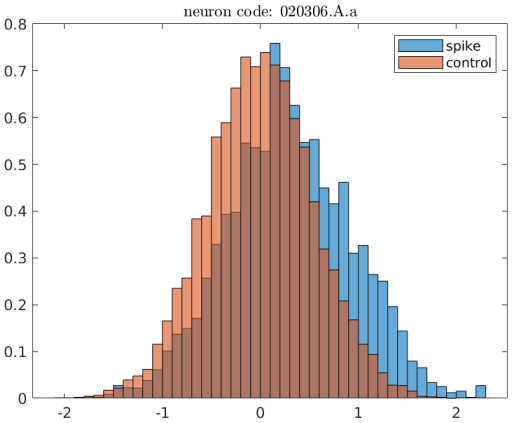


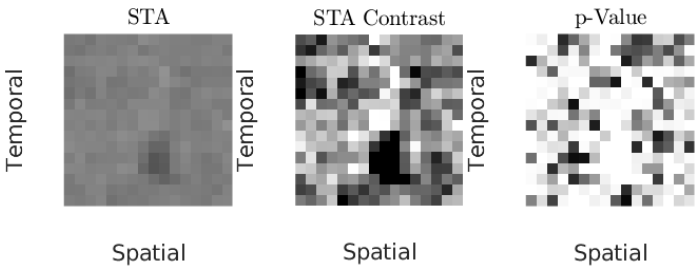
Neuron Code: 020213.A.i
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.491341
Treshold accuracy for spikes: 0.685823



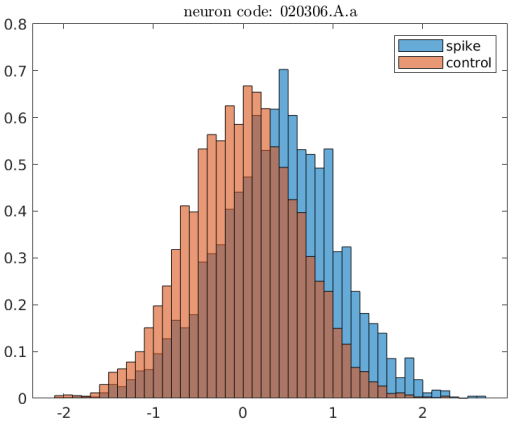


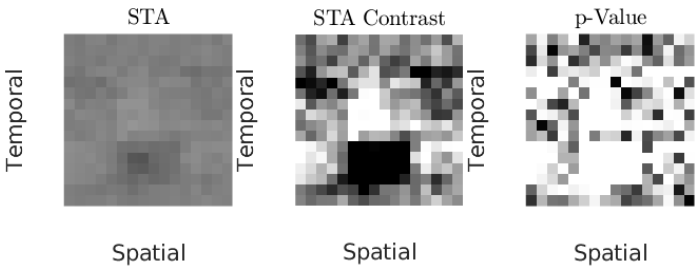
Neuron Code: 020214.A.j
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.448847
Treshold accuracy for spikes: 0.709427



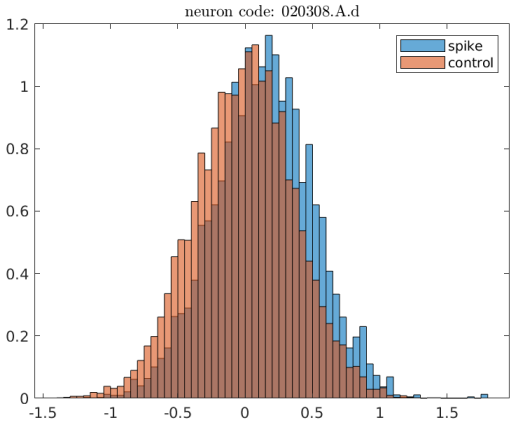


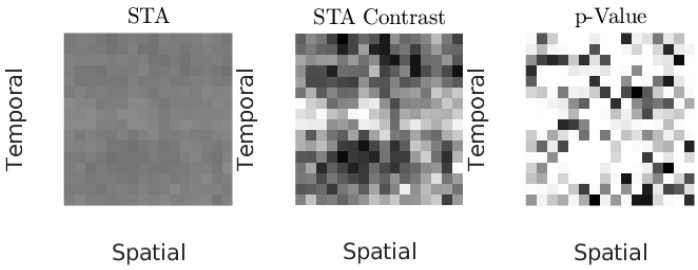
Neuron Code: 020306.A.a
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481629
Treshold accuracy for spikes: 0.672038



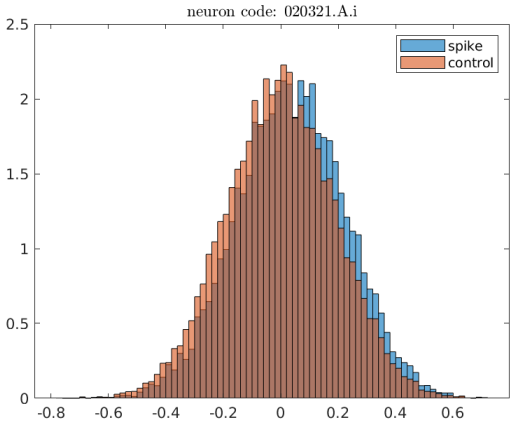


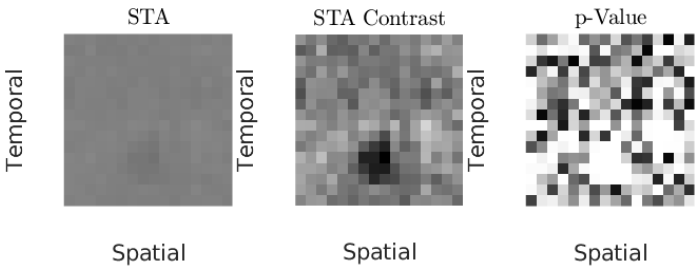
Neuron Code: 020306.A.a
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481367
Treshold accuracy for spikes: 0.724012



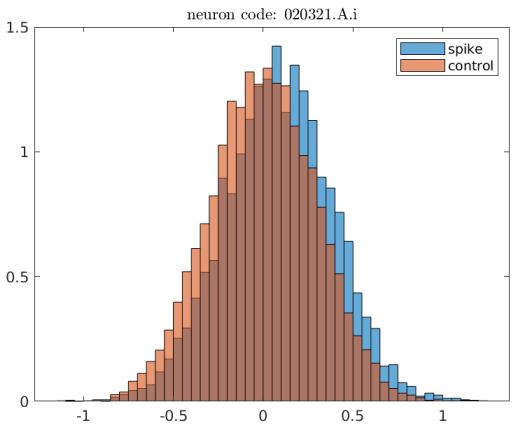


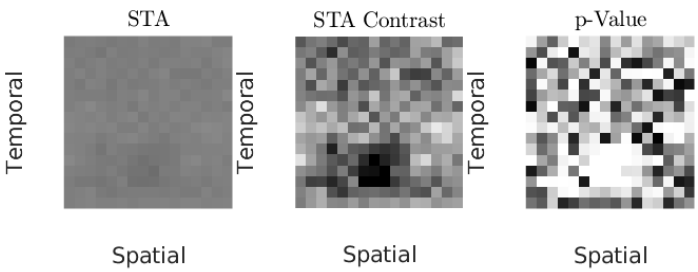
Neuron Code: 020308.A.d
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481650
Treshold accuracy for spikes: 0.650044





Neuron Code: 020321.A.i
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.475262
Treshold accuracy for spikes: 0.575770





Neuron Code: 020321.A.i
Control/Spike p-Value: 0.000000
t-test result: null-hypothesis rejected, means are diffrent.
Treshold accuracy: 0.481963
Treshold accuracy for spikes: 0.616762

۷.۳ بخش هفتم

با اینکه میانگین توزیع‌ها با توجه به تست‌های آماری با هم تفاوت دارند از آنجایی که تقریبا تمامی نمودارهای رسم شده نشان می‌دهند که توزیع تصویر تحریک‌ها بر راستای STA برای کلیه تحریک‌ها و تحریک‌هایی که موجب اسپایک شدند تفاوت چشمگیری با هم ندارند و به درستی نمی‌توان ترشهولدی پیدا کرد که با انتخاب آن داده‌ها را با دقت خوبی بتوان دسته‌بندی کرد.از طرف دیگر مولفه‌ی STA در بیشتر نورون‌ها الگوی معناداری ندارد و بیشتر شبیه نویز می‌باشد.به عبارتی تا حد خیلی زیادی می‌توان به اعای مقاله مبنی بر پیچیدگی نورون‌هایی که با آنها سروکار داریم استناد کرد.

با این وجود برخی از نورون