

به نام خدا

درس: علوم اعصاب محاسباتی مقدماتی

استاد: دکتر کربلایی

گزارش پروژه شماره ۱

علی شیرالی

۹۴۱۰۹۱۶۵

سیدمحمدامین منصوری طهرانی

۹۴۱۰۵۱۷۴

## قسمت اول: آشنایی با مقاله پژوهش اصلی

۱. هدف کلی دریافتن نحوه عملکرد مدارهای عصبی در قسمت بینایی مغز می‌باشد. برای این منظور لازم است بدانیم نورون‌ها در واکنش به چه تحریک‌هایی اسپایک می‌زنند و این رابطه چگونه است. برای تحلیل پاسخ نورون‌ها به تحریک‌های پیچیده، روش مناسب این است که به طور کلی تحریک‌ها را به مجموعه‌های پایه‌ای از ویژگی‌ها تجزیه کنیم و اثر هر ویژگی را در فعالیت نورون بررسی کنیم. برای یک نورون خاص مناسب است که ویژگی‌هایی که آن نورون را تحت تاثیر قرار می‌دهند را به دو دسته ویژگی «مربوط» و «نامربوط» دسته‌بندی کنیم. به این ترتیب بررسی خصوصیات نورون ساده‌تر می‌شود. در پژوهش‌های قبلی از روش‌های *ICA* و *PCA* و همچنین *Sparse coding* استفاده شده است. همچنین برای نورون‌هایی با پاسخ خطی از روش *Spike – triggered Average* به کرات استفاده شده است. البته این روش برای قسمت‌های ابتدایی سیستم بینایی کارآمد است و هرچه به لایه‌های عمیق‌تر سیستم درک بینایی برویم، پاسخ سلول‌ها از حالت ساده خطی دورتر شده و به ویژگی‌های پیچیده‌تری واکنش نشان می‌دهند. در غشای ابتدایی بینایی نیز همین‌گونه است. نورون‌ها اصطلاحاً «پیچیده» هستند و پاسخ خطی ندارند. لذا نمی‌توان از روش *STA* برای بررسی پاسخ و خصوصیات این نورون‌ها استفاده کرد. در این پژوهش برای این نورون‌ها از تحلیل *Spike – triggered correlation* استفاده شده است تا همان مجموعه پایه‌ای که در بالا اشاره شد برای این سلول‌ها بدست آید.

نتیجه این پژوهش یافتن دو دسته جدا از ویژگی‌ها بوده که به طور معناداری از هم جدا هستند. یک دسته تعداد کمی از ویژگی‌های مربوط و یک دسته دیگر تعداد زیادی ویژگی‌های پوج. همچنین ویژگی‌های مربوط، به صورت جمع‌شونده با دیگر تحریک‌ها به پاسخ نورون منجر می‌شوند در حالی که ویژگی‌های پوج به صورت تفریق‌شونده با تحریک‌های دیگر اثر می‌گذارند.

۲. به طور ساده همان‌طور که در قسمت قبل اشاره شد، به نورون‌هایی که دارای رابطه خطی بین تحریک و پاسخ نیستند، نورون پیچیده گفته می‌شود. اما در قسمت *Materials and Methods* تعریف دقیق‌تری ارائه شده است. بنا به تعریف مقاله، سلول‌ها ساده گفته می‌شوند اگر *Receptive Field* آن‌ها دارای ناحیه‌های واضح روشن و خاموش باشد و اگر نسبت هارمونیک اول پاسخ به تحریک خاصی (در جهت بهینه) به قسمت *DC* پاسخ از یک بیشتر باشد. بقیه سلول‌ها که در این دسته جای نمی‌گیرند، به عنوان سلول‌های «پیچیده» دسته‌بندی می‌شوند.

۳. علت استفاده از این روش این است که اگر یک ویژگی در تحریکی موجود باشد و به نحوی فعالیت و اسپایک نورون مورد نظر ما را تغییر بدهد، انتظار داریم توزیع احتمالاتی این تحریک‌ها با سایر تحریک‌های کلی که منجر به اسپایک نمی‌شوند متفاوت باشد. این تغییر در توزیع احتمال می‌تواند به تغییر گشتاورهای مرتبه ۱ یا ۲ یا بالاتر منجر شود اما روش *Spike – triggered correlation* به دنبال ویژگی‌هایی می‌گردد که واریانس توزیع تحریک‌هایی با آن ویژگی را به طور معناداری تغییر بدهد. به وسیله روش *PCA* نیز دقیقاً به همین خواسته یعنی مرتب شدن واریانس‌ها می‌رسیم و لذا از آن استفاده می‌کنیم. یافتن این ویژگی‌های مربوط با یافتن بردار ویژه‌های ماتریس *spike – triggered correlation* انجام شده است. همان‌طور که در کلاس حل تمرین گفته شد و می‌توان نشان داد، بردار ویژه‌های این ماتریس هم ارز واریانس هستند و در واقع جهت‌هایی که این بردارهای ویژه در فضای ۲۵۶ بعدی تحریک‌ها نشان می‌دهند، همان جهت‌هایی است که به ترتیب در آن‌ها واریانس ترکیب‌ها بیشتر است. در این پژوهش بر روی نورون‌ها نیز در اکثر موارد ۲ یا ۳ بردار ویژه به طور معناداری از بقیه بردار ویژه‌ها بزرگ‌ترند که معادل توزیع شدن تحریک‌های منجر به اسپایک شده، در فضای ۲۵۶ بعدی بر روی صفحه یا ناحیه‌های ۳ بعدی است. در واقع به این روش توانسته‌ایم تحریک‌هایی که منجر به اسپایک شده‌اند را از سایر تحریک‌ها جدا کنیم. ضمناً ماتریس کوریلیشن همان‌طور که متناسب با نام آن است، برای دو به دوی درایه‌های بردار تحریک در فضای ۲۵۶ بعدی کوریلیشن آن‌ها را حساب می‌کند. در واقع همان‌طور که در مقاله گفته شده، برای مثال برای محاسبه کوریلیشن بین درایه *m* از بردار

تحریک با درایه  $n$  از آن، به ازای تمام تحریک‌های منجر به اسپایک شده (تحریک به ۱۶ فریم قبل اسپایک به همراه ۱۶ میله هر فریم گفته می‌شود)، درایه  $m$  از تحریک در درایه  $n$  از همان تحریک ضرب شده و حاصل جمع این حاصل ضرب‌ها برای تمام نورون‌ها میانگین گرفته شده و به عنوان کوریلیشن این دو درایه ذخیره می‌شود.

نهایتاً بعد از بدست آمدن بردار ویژه‌ها برای هر نورون، این امکان وجود دارد که تحریک‌های مختلف برای هر نورون بر روی این بردار ویژه‌ها تصویر شده و اثر آن در پاسخ نورون پیش‌بینی شود.

۴. همان‌طور که در مقاله گفته شده تحریک‌های کلی با نمونه برداری تصادفی از کلیه تحریک‌های ممکن بدست می‌آیند. (به تعداد تحریک‌های منجر شده به اسپایک، از فریم‌هایی که بعد از آن‌ها اسپایک زده شده به همراه ۱۵ فریم قبلی نمونه می‌گیریم). تعداد این تحریک‌های کلی نیز به تعداد تحریک‌های منجر شده به اسپایک در هر آزمایش در نظر گرفته می‌شود تا تعداد دو دسته تحریک برابر شده و برای مقایسه مناسب شود. به این ترتیب پس از پیش‌بینی با نتایج بدست آمده امکان مقایسه صحیح فراهم می‌شود.

۵. پس از انجام آن‌چه در قسمت‌های پیشین گفته شد، برای ۴۷ نورون دو بردار ویژه، برای ۳ نورون یک بردار ویژه و برای باقیمانده نورون‌ها بیش از ۲ بردار ویژه یافت شد. برای دسته اخیر، ساختار مکانی-زمانی بردار ویژه‌های سوم به بعد نسبت به دو بردار ویژه اول بامعنی نبوده و اندازه بسیار کمتری نیز دارند. برای نورون‌ها با یک بردار ویژه ساختار بردار ویژه مانند *receptive field* سلول‌های ساده بود. برای نورون‌های با دو بردار ویژه نیز ساختار مکانی بردار ویژه زیرناحیه‌های جدای روشن و خاموش را نمایش می‌داد که بازهم به *receptive field* سلول‌های ساده شبیه بود. هم‌چنین اختلاف فاز ۹۰ درجه‌ای برای این بردار ویژه‌ها یافت شد که بدیهی نبوده و ویژگی پاسخ این دسته نورون‌ها می‌باشد.

هم‌چنین توزیع کلیه بردار ویژه‌ها بر حسب کوریلیشن زمانی آن‌ها رسم شده است که نشان می‌دهد بردار ویژه‌های معنی دار با تعداد کمتر در قسمت با کوریلیشن نزدیکتر به ۱ و تعداد بسیار زیاد بردار ویژه نامریبوط در قسمت کوریلیشن‌های کمتر قرار دارند که می‌توان از آن نتیجه گرفت از لحاظ زمانی این بردار ویژه‌ها معنی دار هستند.

## قسمت دوم: آشنایی با دیتابست

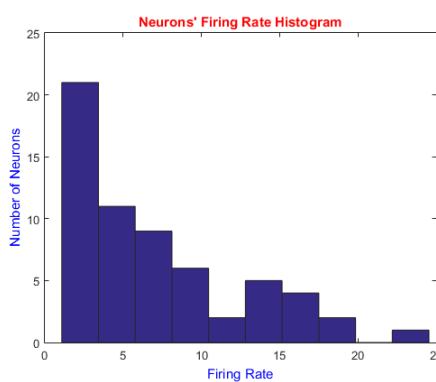
۱. با مطالعه کامنت‌ها و توضیح‌های تابع `fget_spk` مشخص می‌شود که این تابع در ورودی خود ۲ آرگومان گرفته که اولی نام نورون مورد نظر بوده و دومی مشخص می‌کند که آیا هدر نمایش داده شود یا `skip` شود. با خواندن بقیه دستورات مشخص می‌شود که اگر آرگومان دوم '`b0f`' باشد، استراکت هدر نیز لود می‌شود. برای یک نورون آن را امتحان می‌کنیم. استراکت هدر شامل دو فیلد است که هر کدام یک استراکت `1*` می‌باشند. یکی `Datainfo` و دیگری `Fileinfo`. در اولی اطلاعاتی از جمله نوع `spike`، ورژن، نام فایل و سازنده و زمان انجام آزمایش مشخص شده و در دومی اطلاعاتی مثل `ID`، کanal، نرخ نمونه‌برداری، بهره و تعدادی آستانه برای عملیات‌هایی که احتمالاً در پردازش‌ها مورد نیاز هستند. (آستانه برای قله و دره و عرض سیگнал `spike`)

فایل `log` نیز علاوه بر اطلاعات `Fileinfo` اطلاعاتی مانند نوع تست، نرخ `refresh` شدن، نرخ نمایش فریم‌ها، اطلاعات منحنی `Tuning` برای نورون مورد نظر و اطلاعات تحریک آن هست.

۲. توجه: با توجه به تفاوت داشتن نرخ نمایش فریم‌ها در نورون‌های مختلف، در کد اصلی برای هر نورون این نرخ با استفاده از فایل `log` استخراج شده است.

توضیح کد: پس از گرفتن نام نورون با دستور `cd` به فolder حاوی فایل‌های آن نورون می‌رویم. با توجه به این‌که قصد داریم از توابع از پیش تعریف شده در فolderی دیگر استفاده کنیم مسیر آن را اضافه می‌کنیم. در ادامه با یک حلقه و با توابع در دست یک استراکت می‌سازیم که هر بار با استراکت قبلی ادغام می‌شود. (از پسوندهایی که گفته شده در شرط `if` برای وارد شدن به حلقه جلوگیری می‌شود). در نهایت کنترل را به همان محلی که از آن شروع کردیم باز می‌گردانیم.

۳. ابتدا برای هر آزمایش بر روی هر نورون متوسط تعداد اسپایک‌ها محاسبه می‌شود و بعد بین آزمایش‌ها نیز میانگین گرفته شده و نتیجه به عنوان میانگین تعداد اسپایک برای آن نورون خاص گزارش می‌شود. هیستوگرام `spike count rate` نیز در تصویر زیر مشاهده می‌شود:



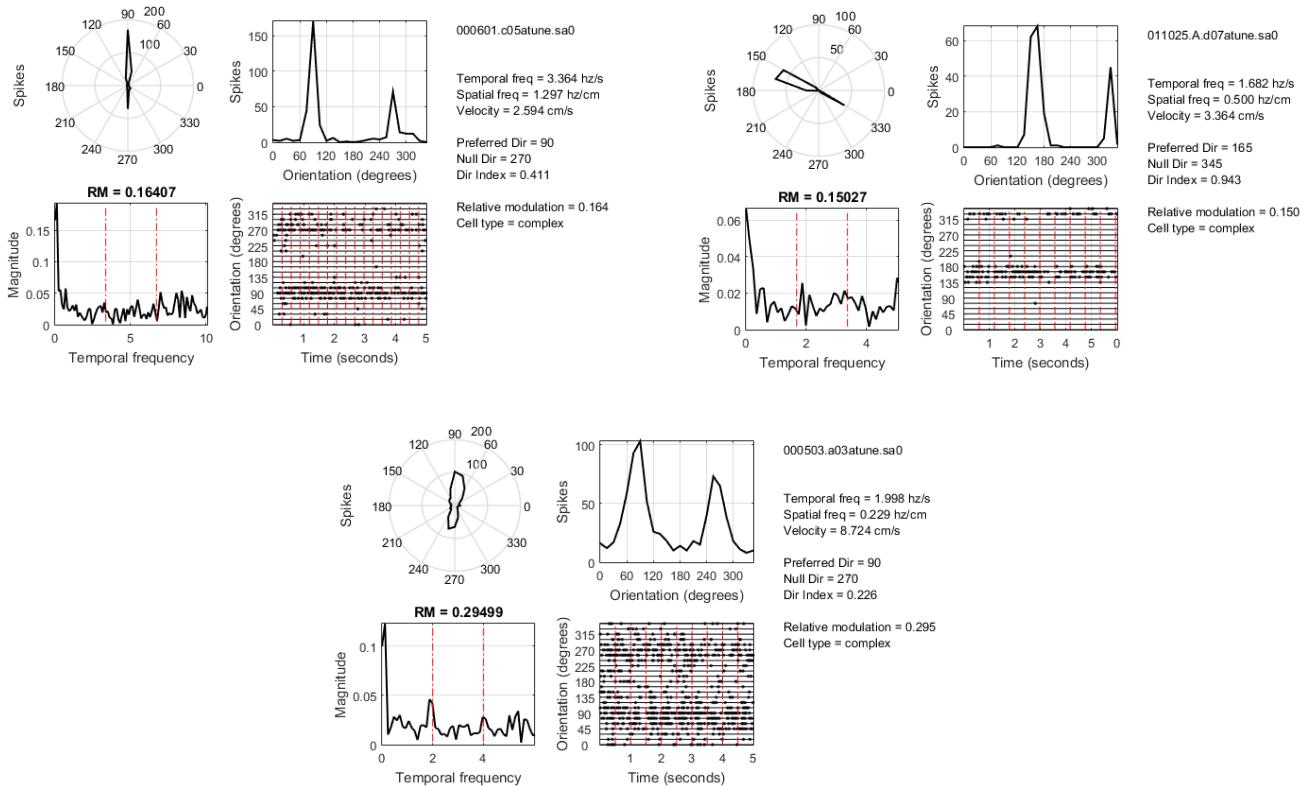
شکل ۱

در انتهای کد نورون‌هایی که نرخ اسپایک آن‌ها از حد مشخص شده کمتر بوده گزارش می‌شود. ضمناً برای پردازش‌های بعدی، درایه‌های حاوی این نورون‌ها در سلول حاوی اطلاعات همه نورون‌ها، از این سلول حذف می‌شوند. هم‌چنین از بردار حاوی نرخ اسپایک‌ها نیز حذف می‌شوند. در نهایت بردار نرخ اسپایک با سلول نورون‌ها ترکیب شده و سلول جدید را می‌سازد. نورون‌هایی که نرخ اسپایکشان از حد گفته شده کمتر است:

000413.b05, 000418.a01, 000419.a06, 000419.a07, 000511.b09, 000601.c05, 000914.c07

۴. همان طور که گفته شد به علت تفاوت نرخ نمایش فریم‌ها برای نورون‌های مختلف، ما علاوه بر دو ورودی گفته شده در سوال، شماره نورون مورد نظر و بردار نرخ نمایش فریم‌ها را نیز به عنوان ورودی بهتابع می‌دهیم و آن‌ها را لازم داریم. ابتدا نرخ نمایش با دو ورودی آخر برای این نورون خاص بدست می‌آید. سپس برای هر اسپایک، اندیس فریم‌هایی که باید برداشته شود با تبدیل *count* واحد لازم بدست آمده و برای جلوگیری از منفی شدن اندیس در ماتریس تحريك و یا سرریز شدن اندیس، از متغیر به همراه شرط در ابتدای حلقه استفاده می‌کنیم و با این متغیر تغییرات احتمالی در اندیس‌ها را جبران می‌کنیم.

۵. برای سه نورون دلخواه نتیجه در زیر آورده شده است:

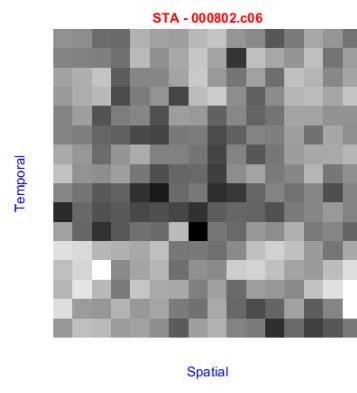


شکل 2

اندکی در صورت سوال ابهام وجود داشت. این‌که تابع *tview* چگونه با فایل *log* جهت بهینه را می‌یابد کاملاً مشخص نشد ولی اگر منظور سوال این نبوده باشد، با توجه به آن‌چه از درس می‌دانیم، تحريك در زوایای مختلفی به نورون‌ها داده شده و منحنی *tuning* که نرخ اسپایک به ازای زاویه‌های مختلف است رسم می‌شود و طبیعتاً زاویه‌ای که در آن این نرخ بیشینه شود به عنوان زاویه بهینه انتخاب می‌شود.

## Spike – Triggered Average کلاسیک روش: بررسی سوم

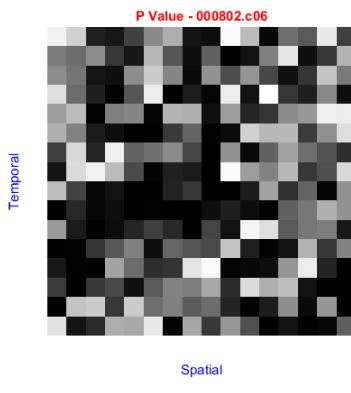
۱. همان طور که در سوال ۳ قسمت قبل مشخص شد نرخ اسپایک زدن ۵۴ نورون از حد مشخص شده بیشتر بود. نورون بیستم از این ۵۴ نورون انتخاب شد.(نورون به نام: 000802.c06) اطلاعات این نورون‌ها در یک *cell* ریخته شده است. در این قسمت *STA* برای همه نورون‌ها همزمان یافت شد. یک *cell* به نام *Spk\_trg\_neuron* ایجاد شده است. در آن، به ازای هر آزمایشی که روی هر نورون صورت می‌گیرد، به تعداد تحریک‌های اتفاق افتاده در آن آزمایش، تحریک جدا می‌شود و می‌دانیم هر تحریک شامل ۱۶ فریم است و هر فریم نیز مقادیر روشنایی ۱۶ میله را دارد. بنابراین کل این سلوول، شامل ۵۴ سطر است که هر سطر به یک نورون مربوط بوده و به ازای هر سطر(نورون) به تعداد آزمایش‌هایی که برای آن شده است ستون داریم. بنابراین به عنوان مثال در سطر  $t$  و ستون  $j$  این سلوول، به تعداد اسپایک‌هایی که روی نورون  $t$  ام در آزمایش  $j$  آن زده شده است، تحریک‌های  $16 \times 16$  داریم. سلوول *STA\_Exp* برای هر نورون به صورت جداگانه، بردار *STA* را در هر آزمایش آن بدست می‌آورد. حلقه‌ای که در کد نوشته شده در ابتدا به ازای هر نورون وارد حلقه شده و برای هر آزمایشی که روی آن نورون صورت گرفته بردار *STA* را حساب می‌کند. سپس در حلقه بعدی میانگین این *STA*‌ها که هر کدام مربوط به یک آزمایش بود گرفته می‌شود و نتیجه به عنوان بردار *STA* نورون مورد نظر در یک سلوول جدید به نام *STA* ذخیره می‌شود. در ادامه کد تعداد آزمایش‌هایی که بر روی نورون مورد نظر انجام شده چاپ می‌شود *Receptive Field* نورون مورد نظر نمایش داده می‌شود. برای افزایش *contrast* از نگاشتی که به وسیله مقادیر کمینه و بیشینه موجود در شکل استفاده می‌کند استفاده کردیم. نتیجه در شکل زیر آورده شده است. برای نمایش با اندازه بزرگتر و مناسب در *figure* نیز از آرگومان‌هایی که در ادامه دستور *imshow* دیده می‌شود استفاده کردایم.



شکل ۳

۲. برای انجام *ttest* لازم است تمام داده‌هایی که از آن‌ها برای میانگین گیری استفاده کردیم به عنوان یک بردار داده به ورودی *ttest* داده شود. در واقع برای این نورون خاص، برای هر درایه‌ای از تصویر فوق، به ازای هر یک از آزمایش‌هایی که بر روی آن نورون انجام شده است، به ازای هر اسپایکی که زده شده، ۱ عدد(مربوط به یک فریم خاص قبلی تحریک منجر به اسپایک شده) برای این درایه دخیل بوده است و باید همه این‌ها را با هم ادغام کنیم و به ورودی *ttest* بدهیم. اولین سلوولی که تعریف شده نیز(*chosen\_neuron\_STA\_elements*) همین نقش را دارد و باید در انتهای اجرای این بخش، شامل ۲۵۶ درایه معادل 256 پیکسل تصویر بالا باشد. برای واضح‌تر شدن مفهوم هر درایه این سلوول، درایه سطر  $t$  و ستون  $j$  این سلوول را در نظر می‌گیریم. به ازای آزمایش اول یک تعداد(مثلا 1000) تحریک  $16 \times 16$  موجود است. در هر کدام از این تحریک‌ها باید

عدد سطر  $i$  و ستون  $j$  جدا شود که می‌گوید در  $i$  امین فریم قبل این اسپایک،  $j$  امین میله چه مقداری داشته است. برای تک تحریک‌ها این عدد جدا شده و پشت سرهم قرار داده می‌شود. برای بقیه آزمایش‌ها نیز همین روند طی می‌شود و نهایتاً نتیجه همه آزمایش‌ها با هم ترکیب شده و به عنوان مقادیر آزمایش‌شده‌ی یک متغیر تصادفی (درایه  $i,j$  تصویر  $STA$ ) به ورودی  $ttest$  داده می‌شود. به عنوان خروجی مقدار  $H$  (نتیجه آزمون فرض) و  $P$  (مقدار  $P Value$ ) گرفته می‌شود.

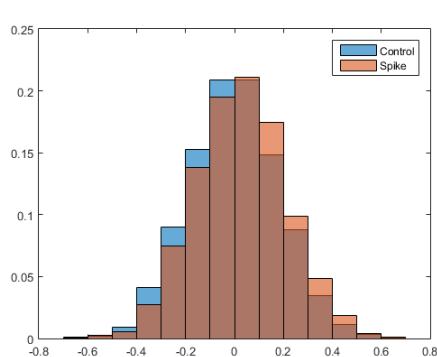


شکل 4

۳. ابتدا به روش پیپر تحریک‌های کلی را تولید می‌کنیم. همان‌طور که در پیپر گفته شده تحریک‌های کلی یا همان *control stimuli* با نمونه برداری تصادفی از کل تحریک‌ها (که در *msq1D.mat* هستند) بدست می‌آید. با توجه به این‌که مرتبه تعداد اسپایک‌ها و متناظراً تعداد تحریک‌ها حدود 1000 تا 5000 است و این‌که هیستوگرام نهایی ما نرمالایز شده است، ما به تعداد زیاد و همان‌دازه با اسپایک‌های هر آزمایش، تحریک *control* تولید می‌کنیم. قبل از تحریک‌ها در *stimuli* ذخیره شده‌اند. (سوال چهارم قسمت قبل) و با تولید اعداد تصادفی با توزیع یکنواخت و برداشتن 15 فریم قبل آن‌ها به همراه همان فریم، تحریک‌های کلی را می‌سازیم.

در ادامه کد، ابتدا بردار  $STA$  مربوط به نورون انتخاب شده با دستور *Reshape* به برداری به طول 256 تبدیل می‌شود تا بتوان به راحتی ضرب داخلی را انجام داد. در اولین حلقه به ازای همه تحریک‌های آزمایش اول روی نورون، این تحریک‌ها به بردار به همان طول 256 تبدیل می‌شوند تا با ضرب داخلی روی  $STA$  تصویر شوند و در آخر هیستوگرام تحریک‌های منجر به اسپایک شده رسم شود. در حلقه دوم دقیقاً همین اتفاق برای تحریک‌های کلی می‌افتد. در ادامه نیز هیستوگرام نرمالایز شده به احتمال برای هر دو توزیع با هم روی یک شکل نمایش داده می‌شود. (شکل زیر)

توضیح: با توجه به این‌که آزمایش‌ها فرق چندانی ندارند و برای جلوگیری از گزارش اضافه و تکراری، این هیستوگرام‌ها فقط به تصویر تحریک‌های منجر به اسپایک شده در آزمایش اول بر روی  $STA$  مربوط هستند و توزیع تصویر تحریک‌های منجر به اسپایک شده در دیگر آزمایش‌ها رسم نشده است.



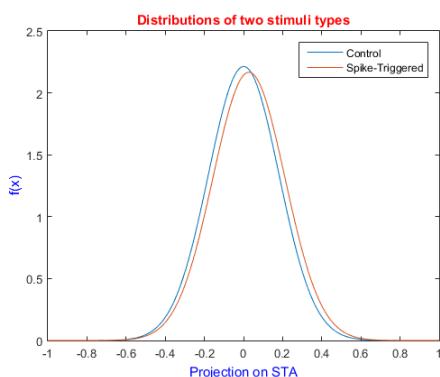
شکل 5

۴. این کار با دستور  $ttest2$  با دو ورودی بردار تصویرها بر روی  $STA$  انجام می‌شود.  $ttest2$  با دو بردار ورودی، در خروجی یک مقدار  $H$  و یک مقدار  $P$  به عنوان نتیجه آزمون فرضیه بدهست می‌دهد. فرضیه پوج این آزمون فرضیه این است که دو بردار داده شده از دو توزیع یکسان با میانگین‌های برابر و واریانس برابر اما نامعلوم آمده‌اند. خروجی‌های تابع برای آزمایش ما به صورت زیر بودند:

$$H = 1, P Value < 10^{-4}$$

یک بودن مقدار  $H$  به این معنی است که فرضیه پوج با  $Significance level = 5\%$  رد شده‌است. در واقع چون تعداد مشاهده‌های ما زیاد است، میانگین‌ها به طور نسبتاً دقیقی معلوم می‌شوند و دو توزیع تصویر سوال قسمت قبل، بر خلاف مشاهده چشمی، تفاوت معناداری با هم دارند. در واقع تصویر این دو نوع تحریک روى  $STA$  از هم جدا شده‌است. (مقدار  $P Value$  بسیار کوچک است و به همین دلیل آنرا به صورت فوق نشان داده‌ایم چون عده‌های کوچک‌تر دارای معنی زیادی نمی‌باشند.)

۵. اگر دو توزیع گاوی داشته باشیم، حد آستانه برای اسپایک زدن را جایی در نظر می‌گیریم که دو توزیع همیگر را قطع می‌کنند. به عنوان مثال در شکل زیر دو توزیع برای نورون مورد نظر رسم شده‌است. مشخصاً اگر تصویر تحریک بر  $STA$  از مقدار نقطه تقاطع بیشتر باشد، آنرا به عنوان تحریک منجر شده به اسپایک در نظر می‌گیریم.



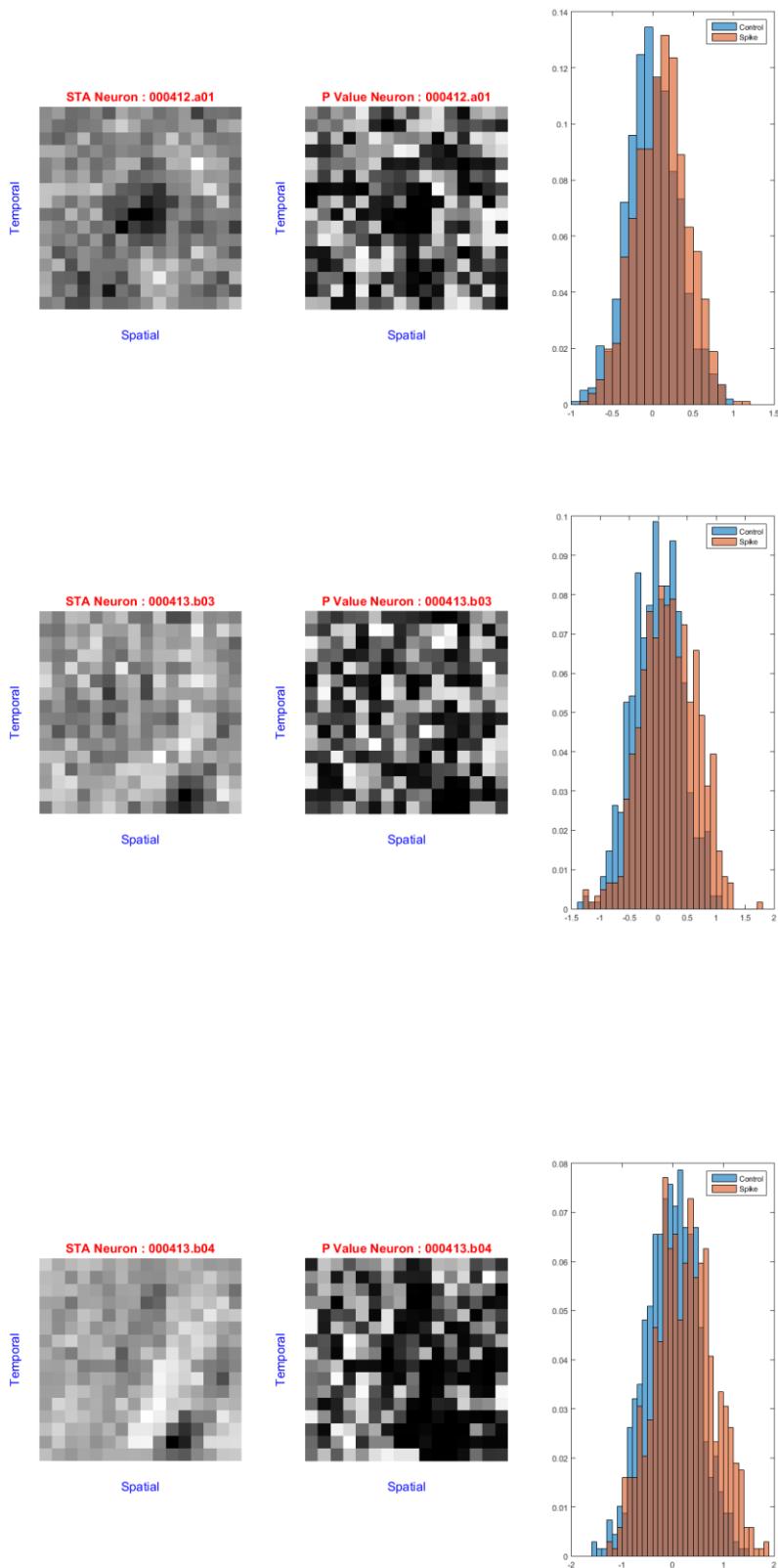
شکل 6

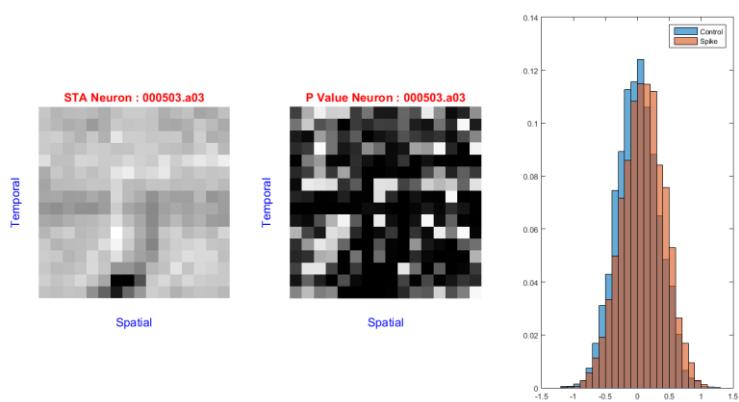
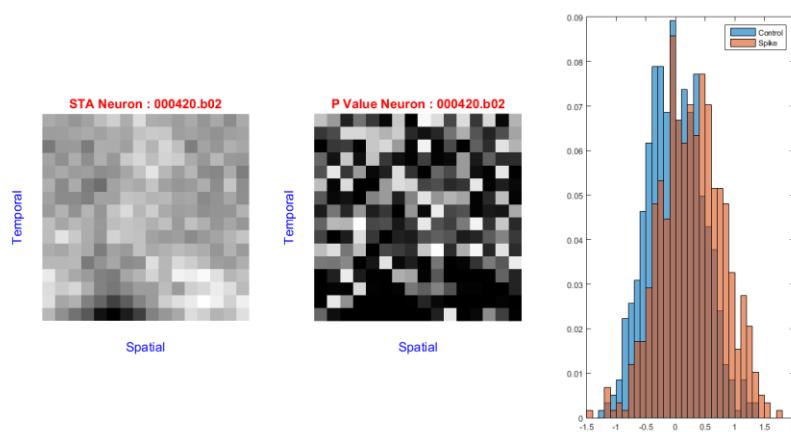
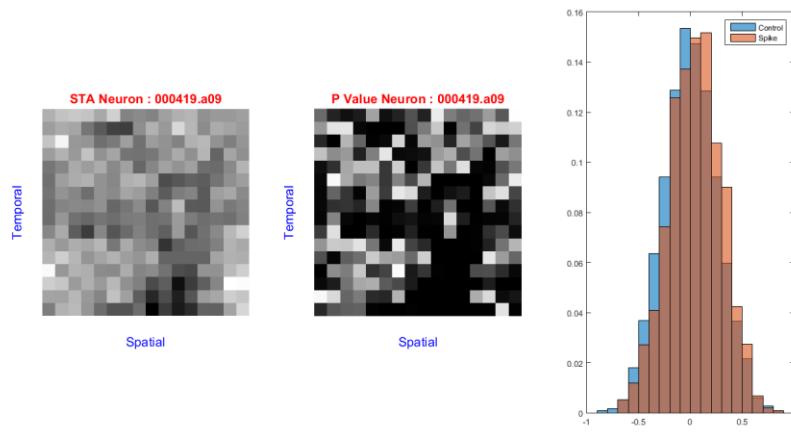
در کد ابتدا دو توزیع نرمال بر داده‌های تصویر تحریک‌ها برازش می‌کنیم. نمودار بالا رسم می‌شود. سپس مقدار تابع چگالی احتمال برای تعداد زیادی نقطه برای دو توزیع مقایسه می‌شود و اولین نقطه‌ای که مقدار چگالی احتمال توزیع تحریک‌های منجر به اسپایک شده بیشتر می‌شود را به عنوان حد آستانه در نظر می‌گیریم. در ادامه برای بررسی عملکرد این حد آستانه، تصویر تمام  $STA$  تحریک‌هایی که قبلاً به صورت تصادفی نمونه برداری شده بود بر روی  $STA$  به همراه همان تعداد از تصویر تحریک‌های منجر به اسپایک شده بر روی  $STA$  (یکسان کردن تعداد دو نوع تحریک و در واقع حذف  $prior probability$ ) در یک بردار ذخیره می‌شوند. تعداد تصویر

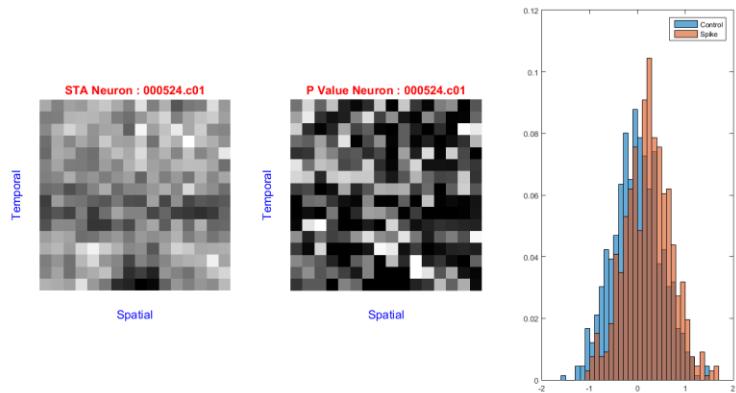
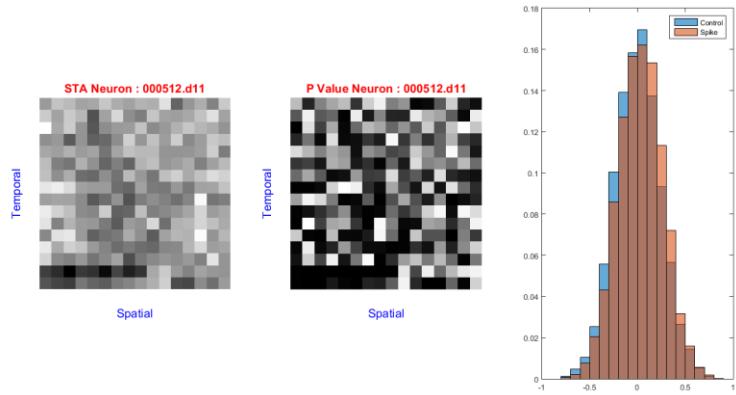
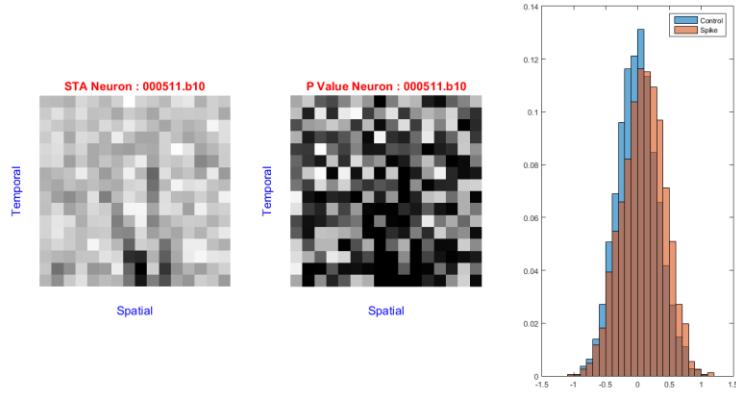
تحریک‌هایی که از حد بدست آمده بیشتر باشند و به نیمه دوم بردار اخیر مربوط شوند، همان تعداد اسپایک‌هایی است که منجر به اسپایک شده و درست تشخیص داده شده است. همچنین تعداد تصویر تحریک‌هایی که از حد بدست آمده کمتر باشند و به نیمه اول بردار اخیر مربوط شوند، همان تعداد اسپایک‌هایی که درست تشخیص داده شده است. اگر مجموع دو عدد اخیر به تعداد کل تصویر تحریک‌هایی که منجر به اسپایک شده‌اند و در بردار نمونه اخیر ذخیره شده‌اند تقسیم شود، احتمال تشخیص درست هر تحریک (کنترلی یا منجر به اسپایک) را بدست می‌دهد. نتیجه بدست آمده برای این نورون به صورت زیر است که پیشنهاد می‌کند  $Classifier$  نسبتاً مناسبی داریم:

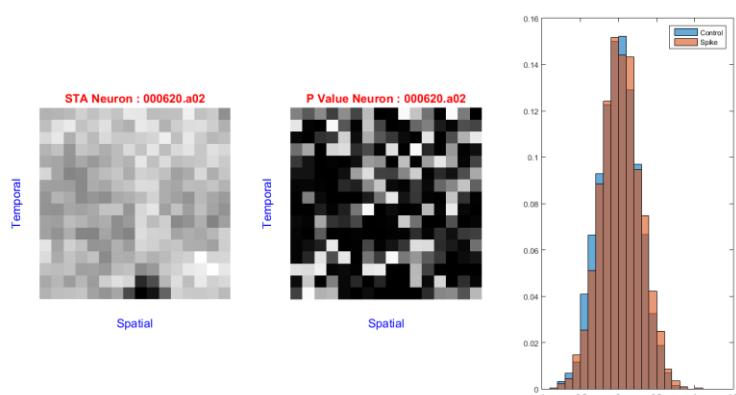
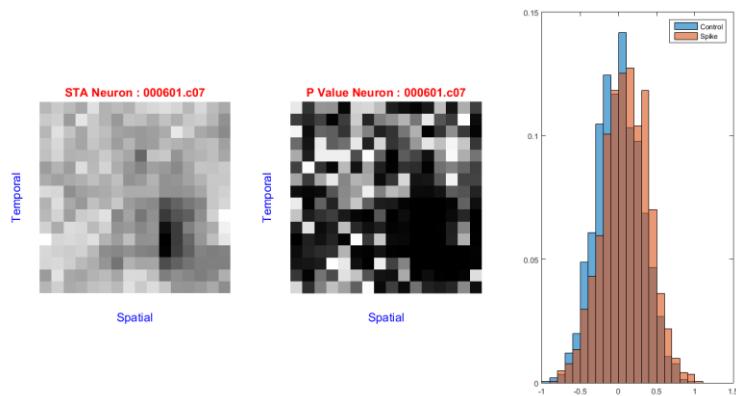
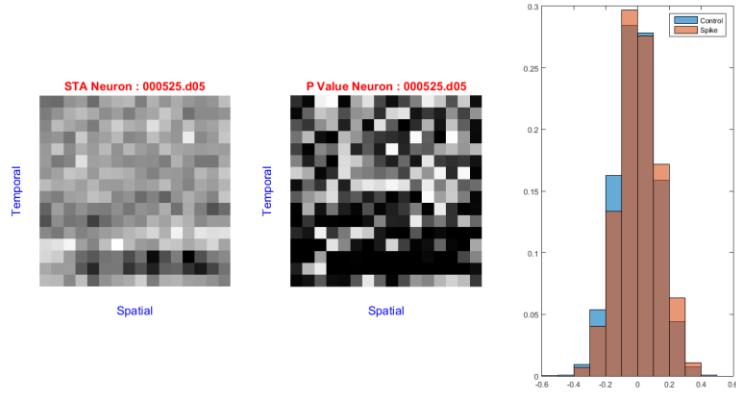
*Correct Prediction Probability : %74.70, Projection – Threshold: 0.03*

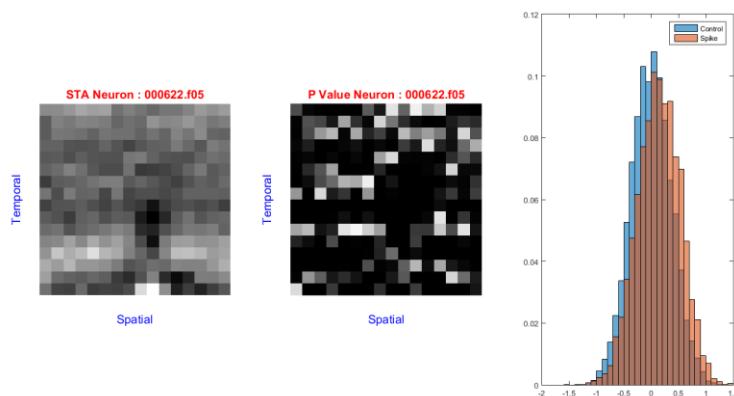
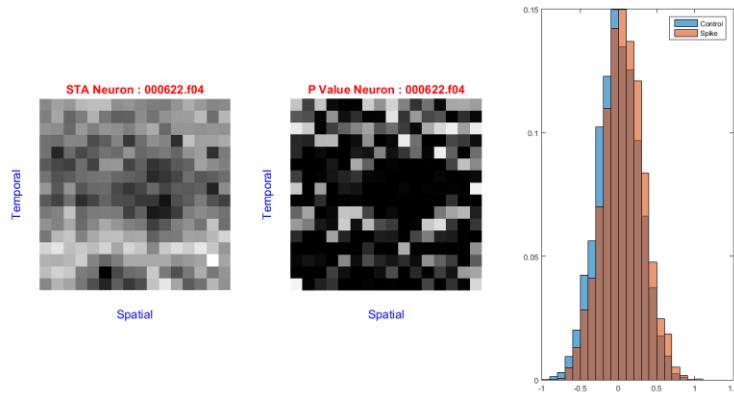
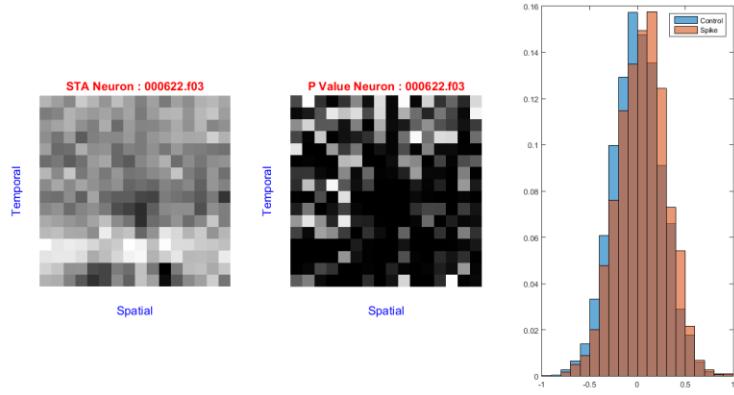
۶. نتیجه سوالات یک تا سه برای همه نورون‌ها:

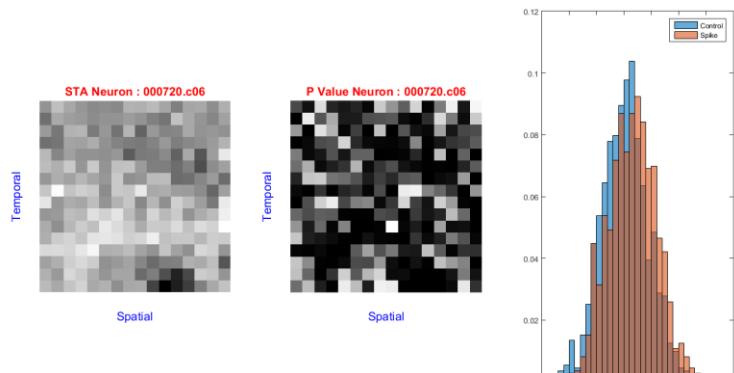
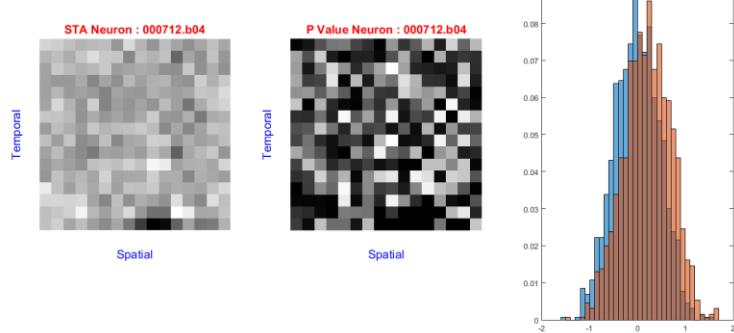
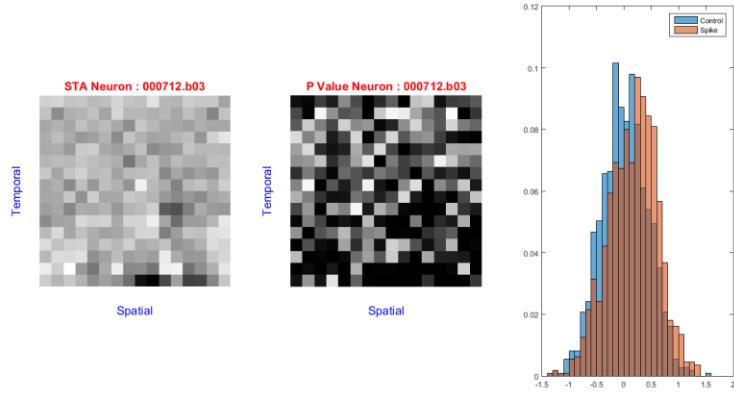


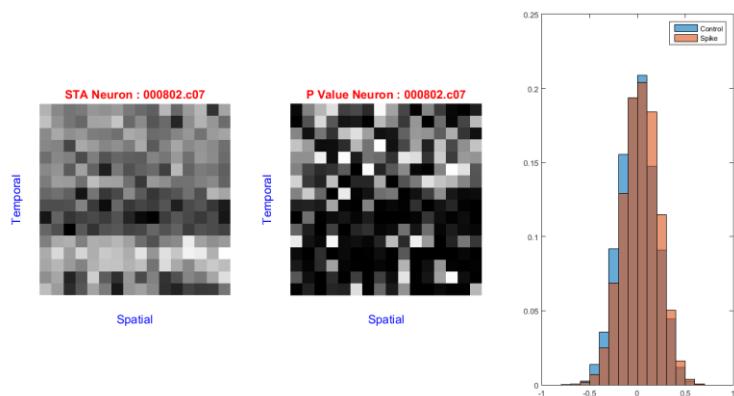
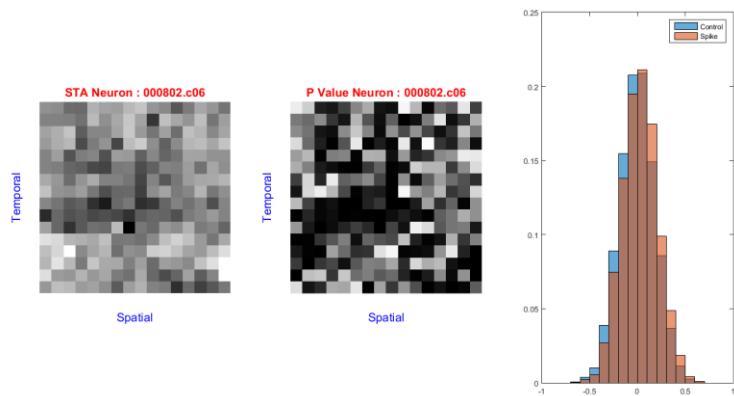
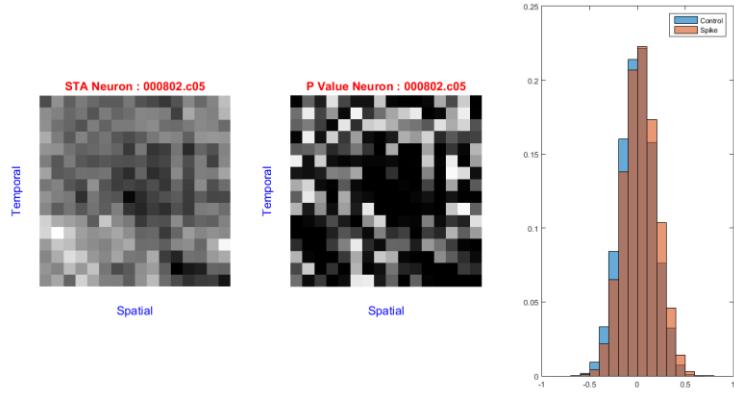


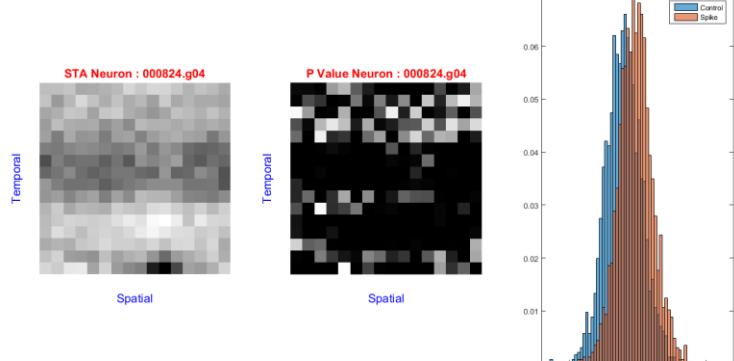
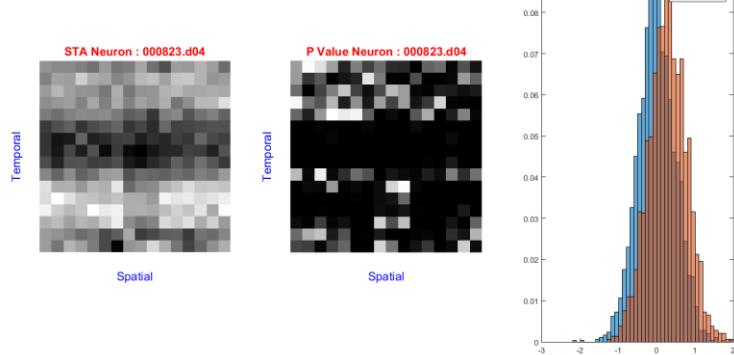
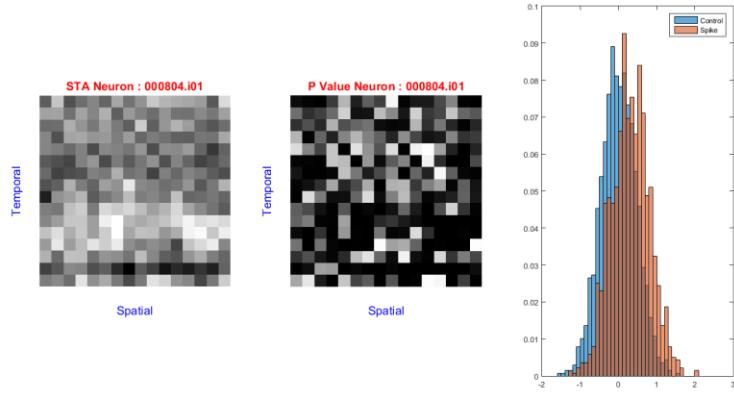


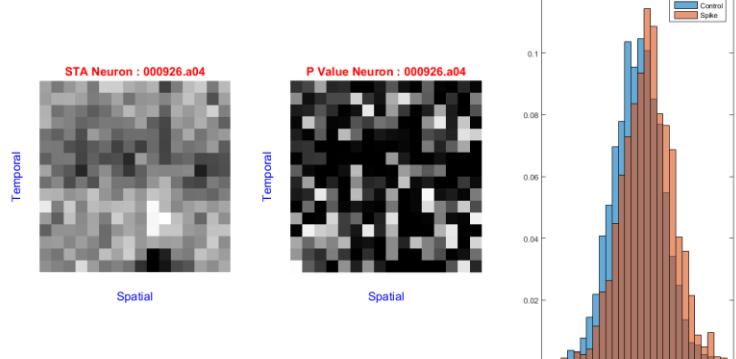
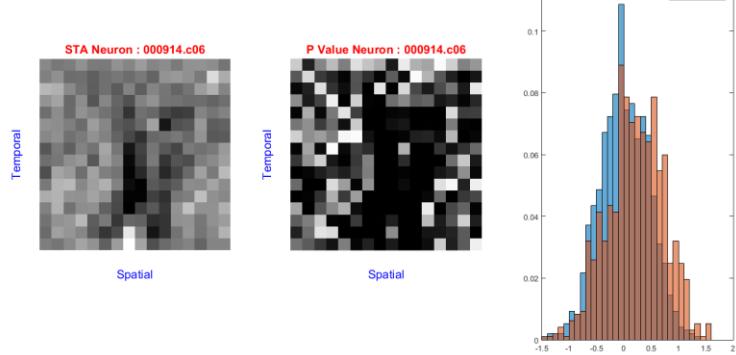
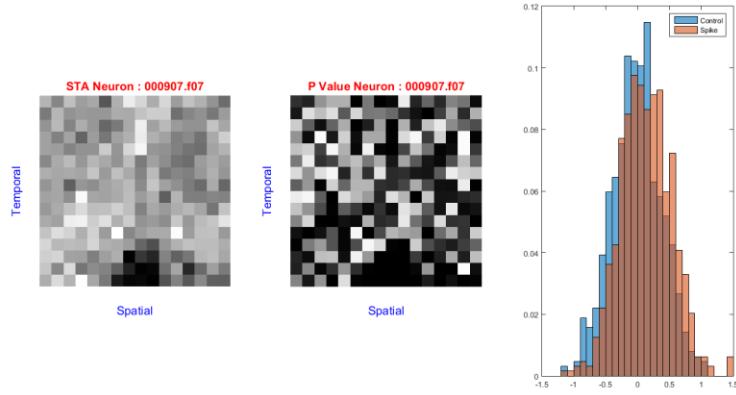


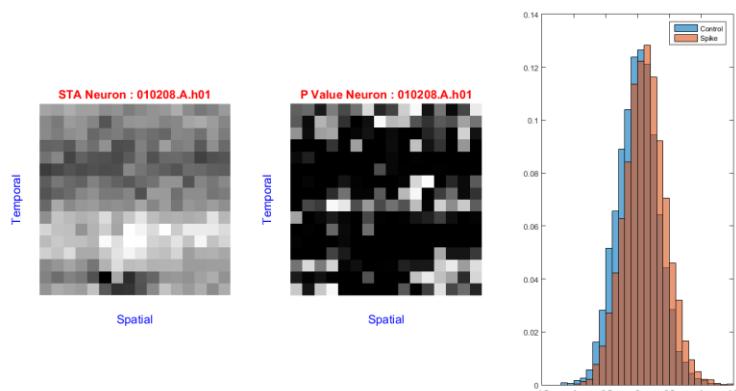
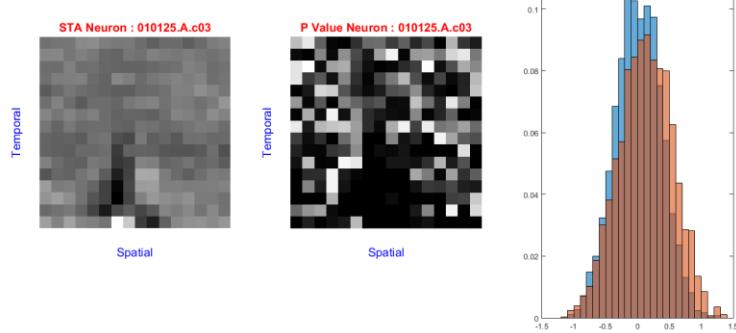
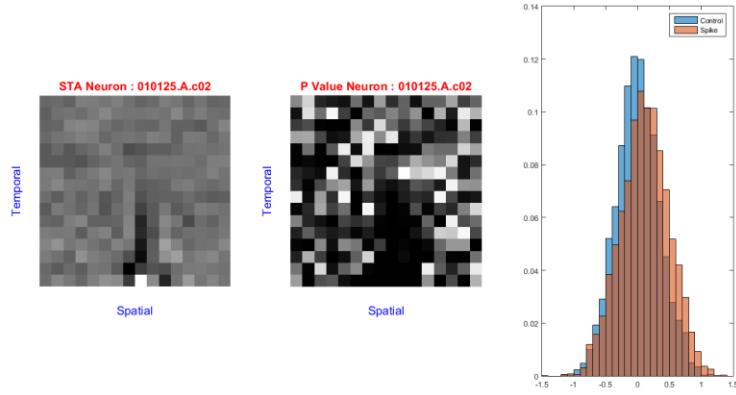


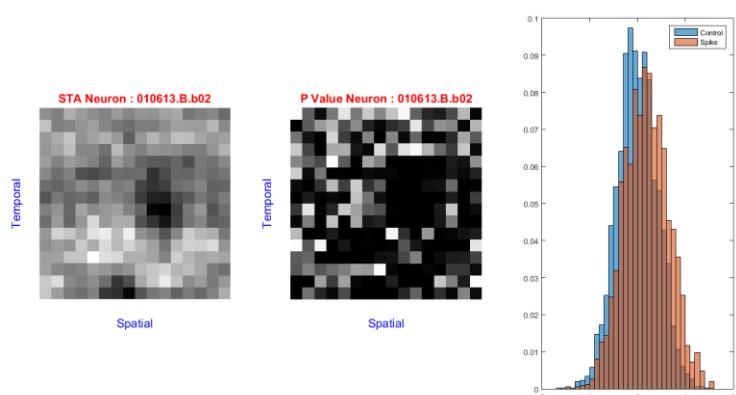
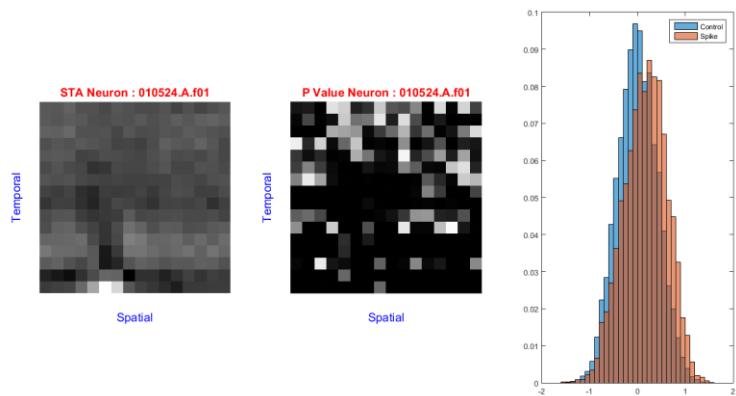
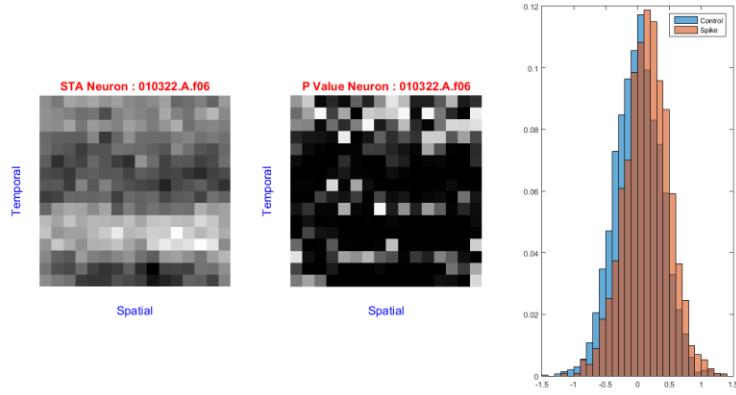


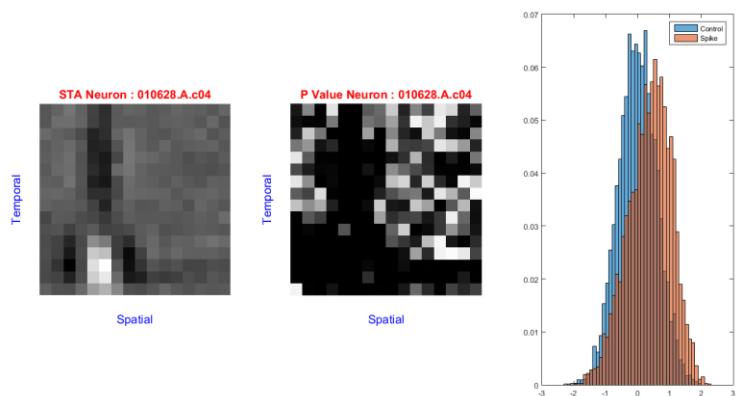
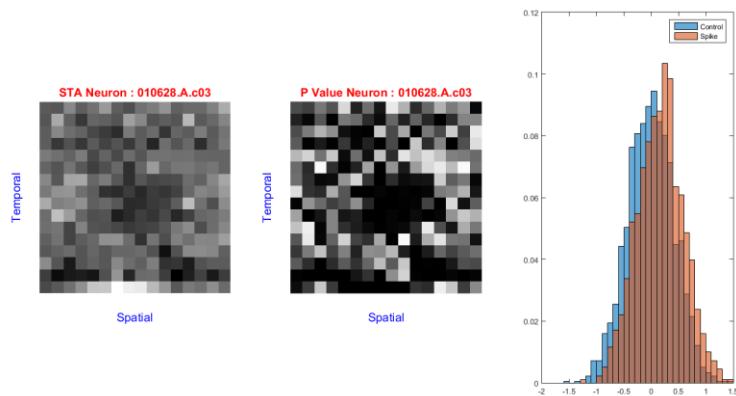
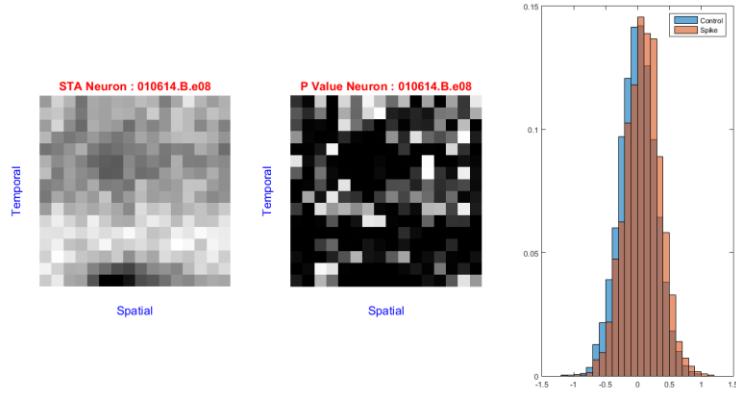


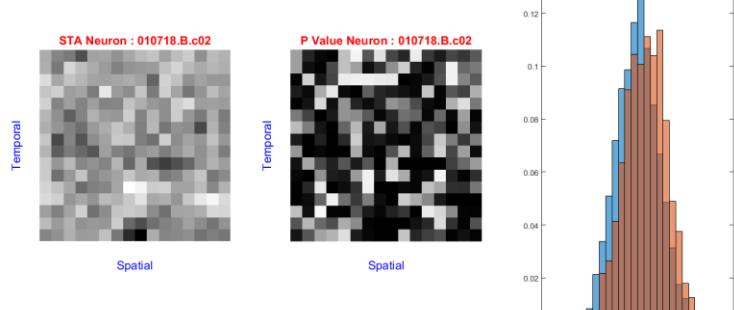
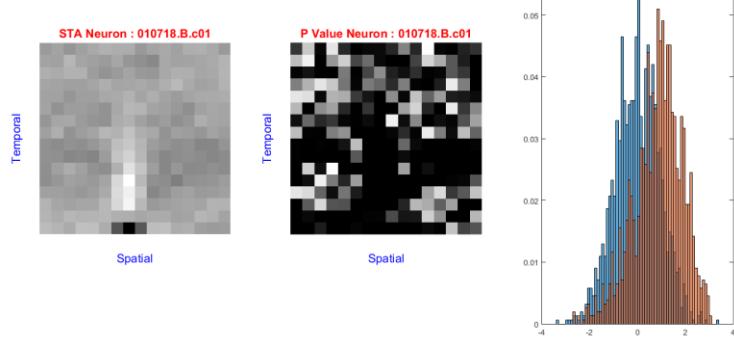
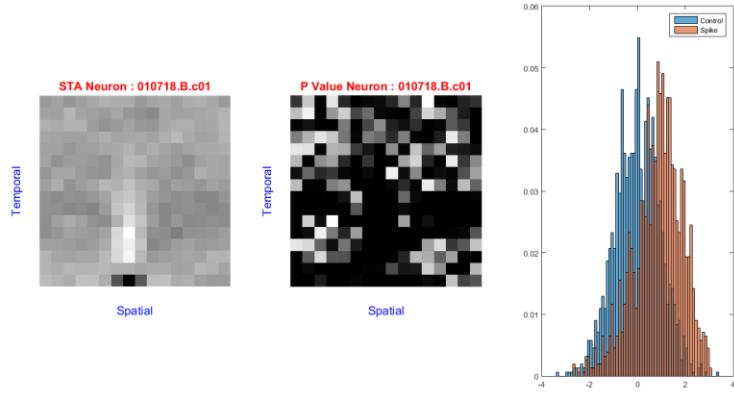


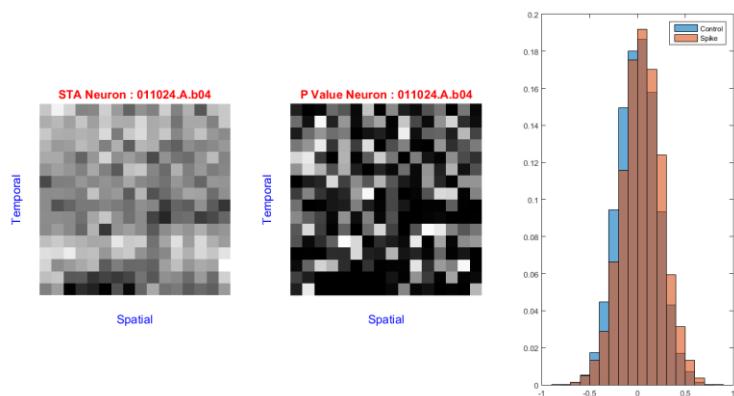
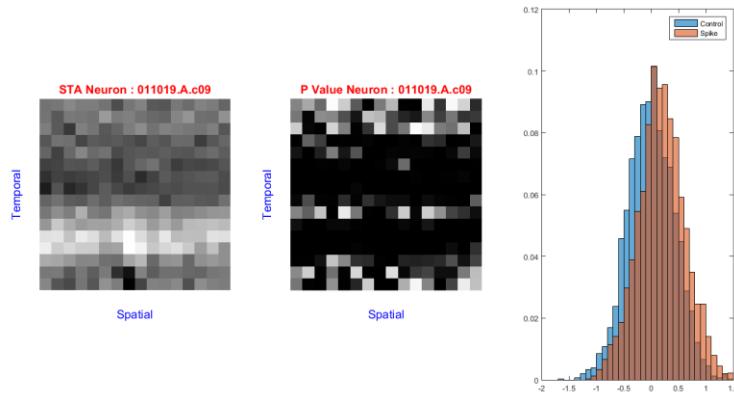
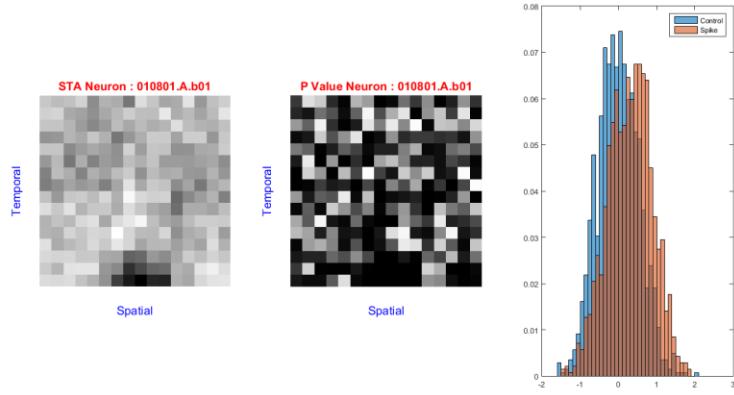


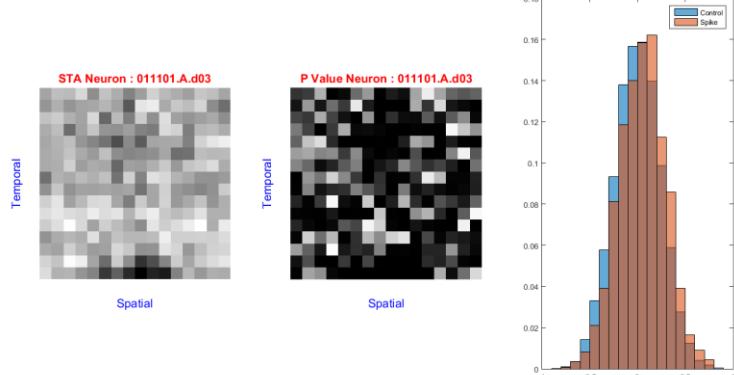
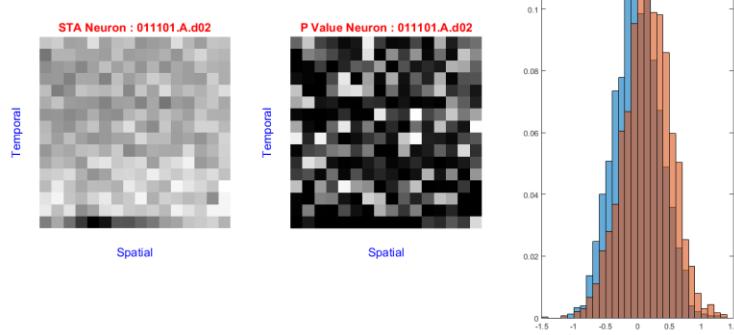
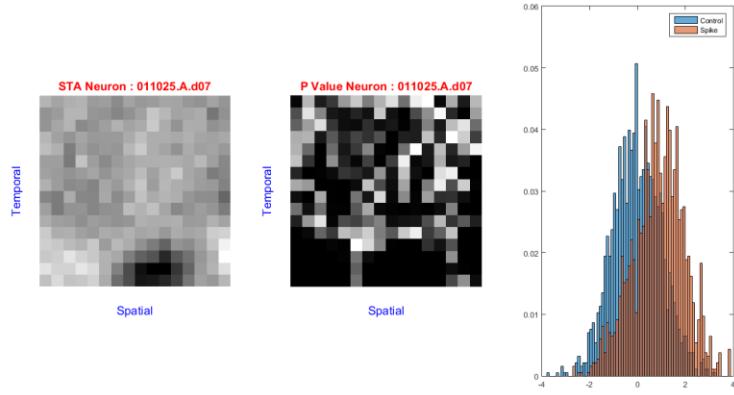


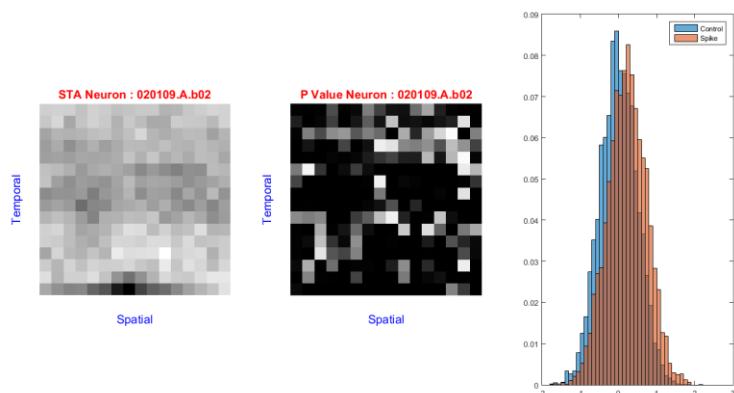
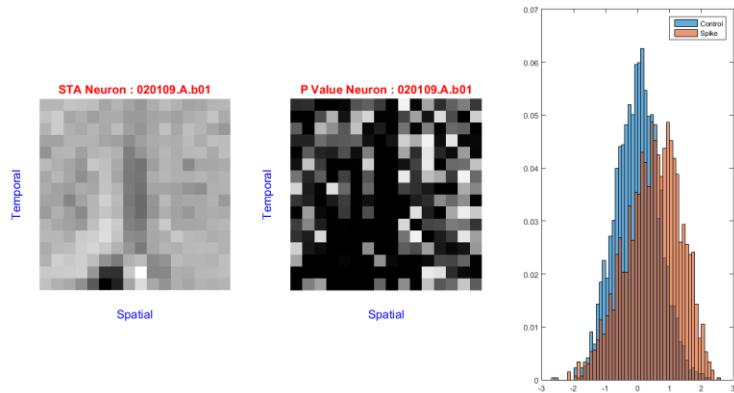
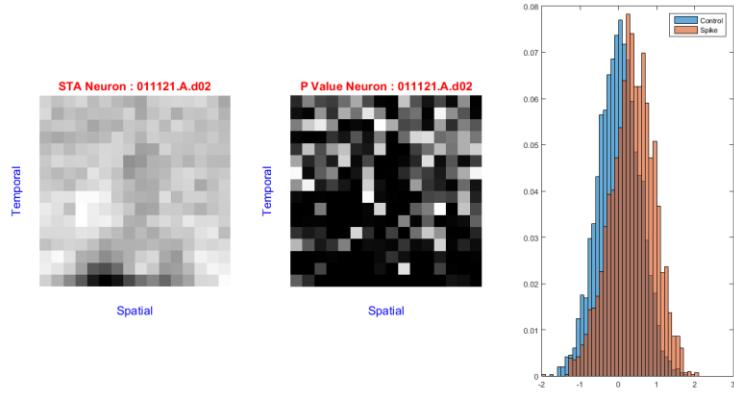


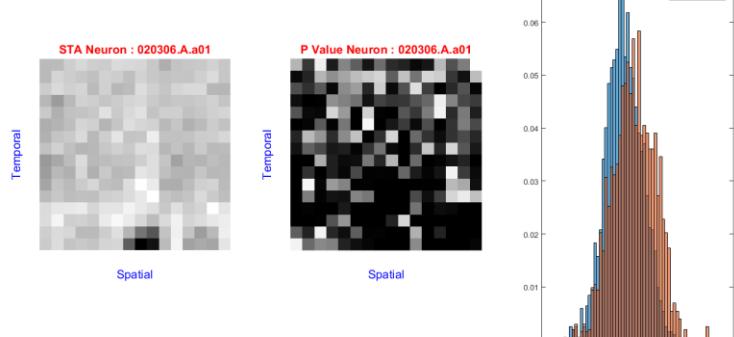
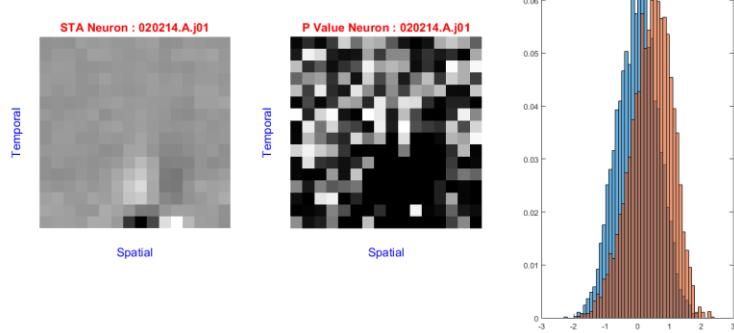
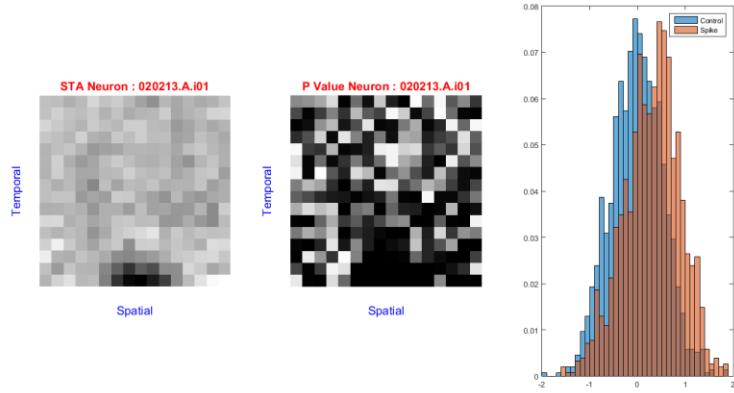


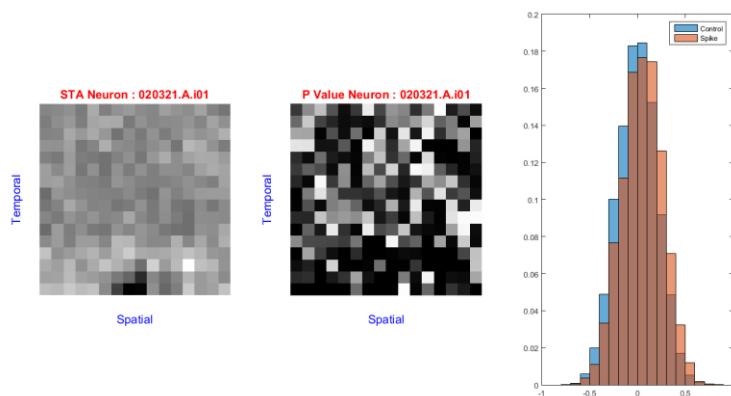
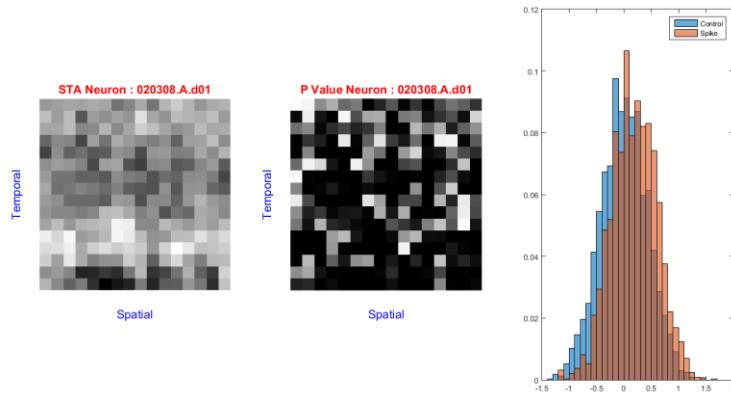
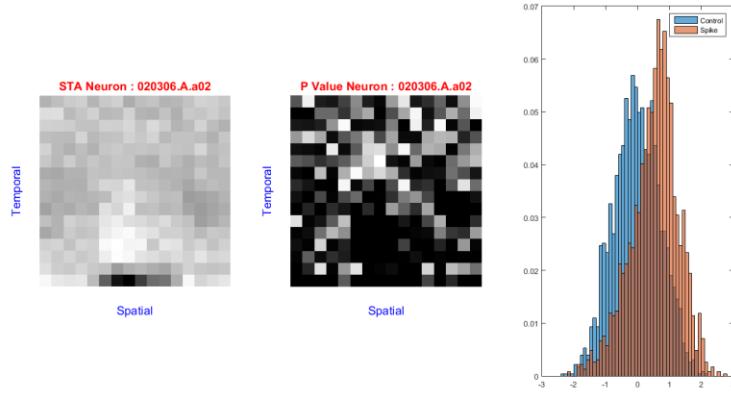


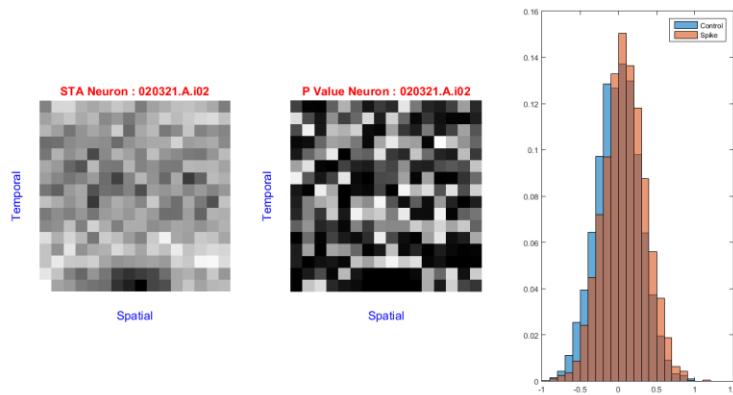












شکل 7

همه کنار هم Receptive Field ها:



شکل 8

نتیجه سوال چهار برای همه نورون ها:

با اجرای کد جدول داده ها نشان داده می شود و خلاصه آن در زیر مشاهده می شود:

توضیح:  $P$  Value های کوچک به خاطر تعداد مشاهده زیاد است که قطعیت زیاد را نتیجه می دهد. با توجه به بی معنی بودن گزارش اعداد بسیار کوچک، برای گزارش اعداد کمتر از  $4 \times 10^{-4}$  به جای نمایش آنها از  $< 4 \times 10^{-4}$  استفاده می کنیم.

Name	H	P Value
000412.a01	1	< 10 <sup>-4</sup>
000413.b03	1	< 10 <sup>-4</sup>
000413.b04	1	< 10 <sup>-4</sup>
000419.a09	1	< 10 <sup>-4</sup>
000420.b02	1	< 10 <sup>-4</sup>
000503.a03	1	< 10 <sup>-4</sup>
000511.b10	1	< 10 <sup>-4</sup>
000512.d11	1	< 10 <sup>-4</sup>
000524.c01	1	< 10 <sup>-4</sup>
000525.d05	1	0.00014
000601.c07	1	< 10 <sup>-4</sup>
000620.a02	0	0.47451
000622.f03	1	< 10 <sup>-4</sup>
000622.f04	1	< 10 <sup>-4</sup>
000622.f05	1	< 10 <sup>-4</sup>
000712.b03	1	< 10 <sup>-4</sup>
000712.b04	1	< 10 <sup>-4</sup>
000720.c06	1	< 10 <sup>-4</sup>
000802.c05	1	< 10 <sup>-4</sup>
000802.c06	1	< 10 <sup>-4</sup>
000802.c07	1	< 10 <sup>-4</sup>
000804.i01	1	< 10 <sup>-4</sup>
000823.d04	1	< 10 <sup>-4</sup>
000824.g04	1	< 10 <sup>-4</sup>
000907.f07	1	< 10 <sup>-4</sup>
000914.c06	1	< 10 <sup>-4</sup>
000926.a04	1	< 10 <sup>-4</sup>
010125.A.c02	1	< 10 <sup>-4</sup>
010125.A.c03	1	< 10 <sup>-4</sup>
010208.A.h01	1	< 10 <sup>-4</sup>
010322.A.f06	1	< 10 <sup>-4</sup>
010524.A.f01	1	< 10 <sup>-4</sup>
010613.B.b02	1	< 10 <sup>-4</sup>
010614.B.e08	1	< 10 <sup>-4</sup>
010628.A.c03	1	< 10 <sup>-4</sup>
010628.A.c04	1	< 10 <sup>-4</sup>
010718.B.c01	1	< 10 <sup>-4</sup>
010718.B.c02	1	< 10 <sup>-4</sup>
010801.A.b01	1	< 10 <sup>-4</sup>
011019.A.c09	1	< 10 <sup>-4</sup>
011024.A.b04	1	< 10 <sup>-4</sup>
011025.A.d07	1	< 10 <sup>-4</sup>
011101.A.d02	1	< 10 <sup>-4</sup>
011101.A.d03	1	< 10 <sup>-4</sup>

011121.A.d02	1	$< 10^{-4}$
020109.A.b01	1	$< 10^{-4}$
020109.A.b02	1	$< 10^{-4}$
020213.A.i01	1	$< 10^{-4}$
020214.A.j01	1	$< 10^{-4}$
020306.A.a01	1	$< 10^{-4}$
020306.A.a02	1	$< 10^{-4}$
020308.A.d01	1	$< 10^{-4}$
020321.A.i01	1	$< 10^{-4}$
020321.A.i02	1	$< 10^{-4}$

جدول ۱

نتیجه سوال پنجم برای همه نورون‌ها:

Name	Threshold	Prediction Probability(%)
000412.a01	0.05	79.426
000413.b03	0.21	73.52
000413.b04	0.3	72.926
000419.a09	-0.03	81.363
000420.b02	0.2	77.358
000503.a03	0.08	76.087
000511.b10	0.14	72.428
000512.d11	0.01	76.926
000524.c01	0.11	80.484
000525.d05	0.02	73.368
000601.c07	0.09	75.602
000620.a02	0.08	71.108
000622.f03	0.03	77.423
000622.f04	0.05	76.174
000622.f05	0.12	76.13
000712.b03	0.15	76.909
000712.b04	0.16	77.381
000720.c06	0.13	76.613
000802.c05	0.03	75.031
000802.c06	0.02	75.616
000802.c07	0.01	77.604
000804.i01	0.17	79.921
000823.d04	0.13	80.973
000824.g04	0.21	81.51
000907.f07	0.09	76.494
000914.c06	0.22	74.664
000926.a04	0.09	79.251
010125.A.c02	0.16	73.026
010125.A.c03	-1	99.869
010208.A.h01	0.08	77.353
010322.A.f06	0.04	81.187
010524.A.f01	0.16	75.939
010613.B.b02	0.21	73.721

010614.B.e08	0.03	79.416
010628.A.c03	0.1	78.291
010628.A.c04	0.31	78.201
010718.B.c01	0.47	84.345
010718.B.c02	0.09	77.079
010801.A.b01	0.24	77.567
011019.A.c09	0.1	78.798
011024.A.b04	0.05	75.029
011025.A.d07	0.52	82.282
011101.A.d02	0.1	78.19
011101.A.d03	0.03	76.951
011121.A.d02	0.22	80.556
020109.A.b01	0.45	77.072
020109.A.b02	0.18	76.865
020213.A.i01	0.21	78.963
020214.A.j01	0.24	81.46
020306.A.a01	0.36	74.951
020306.A.a02	0.33	82.546
020308.A.d01	0.06	80.382
020321.A.i01	0.05	75.317
020321.A.i02	0.02	79.033

جدول 2

۷. نمی‌توان گفت که در همه  $STA$  پترن معناداری وجود دارد اما در تصویر رسم شده برای بعضی نورون‌ها ناحیه‌های خاموش و روشن به چشم می‌خورد و ما را به یاد *Receptive field* نورون‌های ساده می‌اندازد. برای مثال نورون‌های شماره ۱,۳,۶,۱۱,۱۵,۲۳,۲۴,۳۰,۳۱,۳۶,۳۷,۴۲,۴۶,۴۹ (در شکل‌های 7 و 8) به لحاظ چشمی(!) دارای ساختارهای نسبتا معنادار و مشخصی هستند.(که البته چشم چندان قابل اطمینان نیست!) بقیه نورون‌ها از لحاظ شکل  $STA$  دارای الگویی شبیه تصادفی هستند و به نظر می‌رسد مطابق گفته پیپر پیچیده هستند. اما نکته دیگر این که بالا بودن تعداد تحریک‌های منجر به اسپایک برای هر نورون و به تبع آن تعداد تحریک‌های کنترلی برای هر نورون باعث می‌شود توزیع‌ها با دقت بالا تعیین شده و قابل تفکیک از هم باشند. لذا با این جدا شدن(یک بودن مقدار  $H$  در تقریبا تمام نورون‌ها در تعمیم سوال چهار)، توزیع‌ها امکان پیش‌بینی و دسته بندی ویژگی‌ها با  $STA$  فراهم شده و همان‌طور که مشاهده می‌شود درصد پیش‌بینی درست نوع تحریک نوعی نسبتاً زیاد است. بنابراین دسته‌بندی ویژگی‌ها با  $STA$  معیار نامناسبی نیست و تا حد مطلوبی(حتی بهتر از  $correlation matrix analysis$  همان‌طور که در ادامه دیده می‌شود) برای این نورون‌ها که ادعا شده پیچیده‌اند کارآمد است.

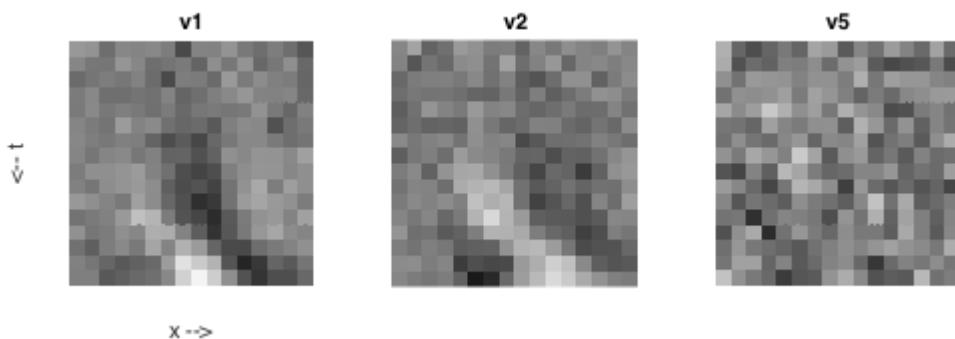
## Spike – Triggered Correlation: بررسی با روش قسمت چهارم

بخش‌های 1 تا 5 این سوال با نورون 00802.c06 (همان نورون سوال قبل) انجام شده است.

۱. اگر  $s^{(k)}$  ها تحریک‌های منجر به spike شده با 256 بعد باشند، برای هر نورون ماتریس خودهمبستگی این گونه تخمین زده می‌شود:

$$\Sigma(i,j) \approx \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n s^{(k)}(i) s^{(k)}(j)$$

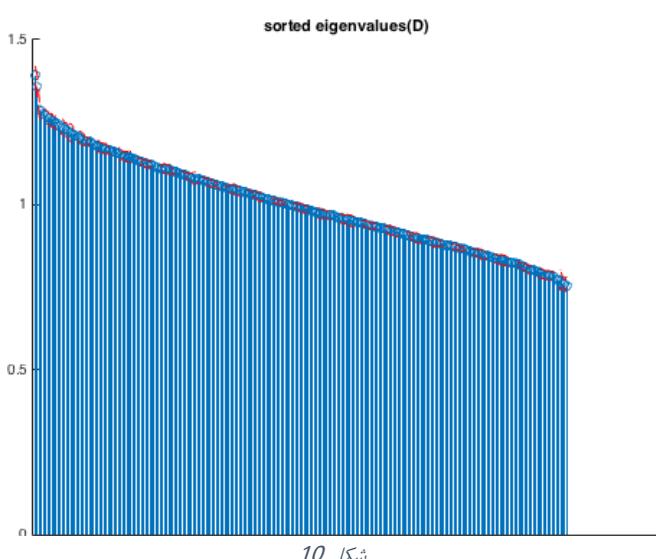
که  $n$  تعداد کل تحریک‌های spike-triggered در همه آزمایش‌های انجام شده روی یک نورون است. در شکل ۹، ۳ بردار ویژه متناظر با بزرگترین مقادیر ویژه ماتریس همبستگی نورون 00802.c06 رسم شده است. (سیاه و سفید در این شکل متناظر با حداقل و حداکثر مقدار است و معنای مطلق ندارد).



شکل ۹

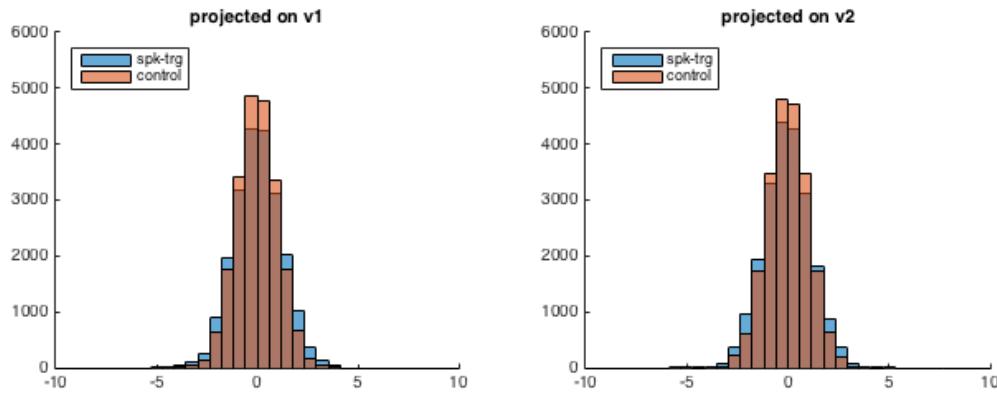
۲. مطابق با روش مقاله پنج ماتریس همبستگی کنترل تشکیل می‌دهیم. برای تشکیل هر ماتریس کنترل تحریک‌هایی رندوم با بعد 256 (16 فریم) و به تعداد  $n$  (تعداد کل تحریک‌های spike-triggered این نورون) انتخاب کرده و با روش بخش قبل

ماتریس همبستگی تحریک‌های رندوم انتخاب شده را تشکیل می‌دهیم. سپس مقدار ویژه ماتریس‌های کنترل را محاسبه کرده و sort می‌کنیم. بازه اطمینان را در هر رنک (رتبه مقدار ویژه sort شده)، 10.4 std مقدار ویژه‌های هم رنک در ماتریس‌های کنترل درنظر می‌گیریم. مقدار ویژه‌های نورون 00802.c06 در شکل 10 رسم شده است.



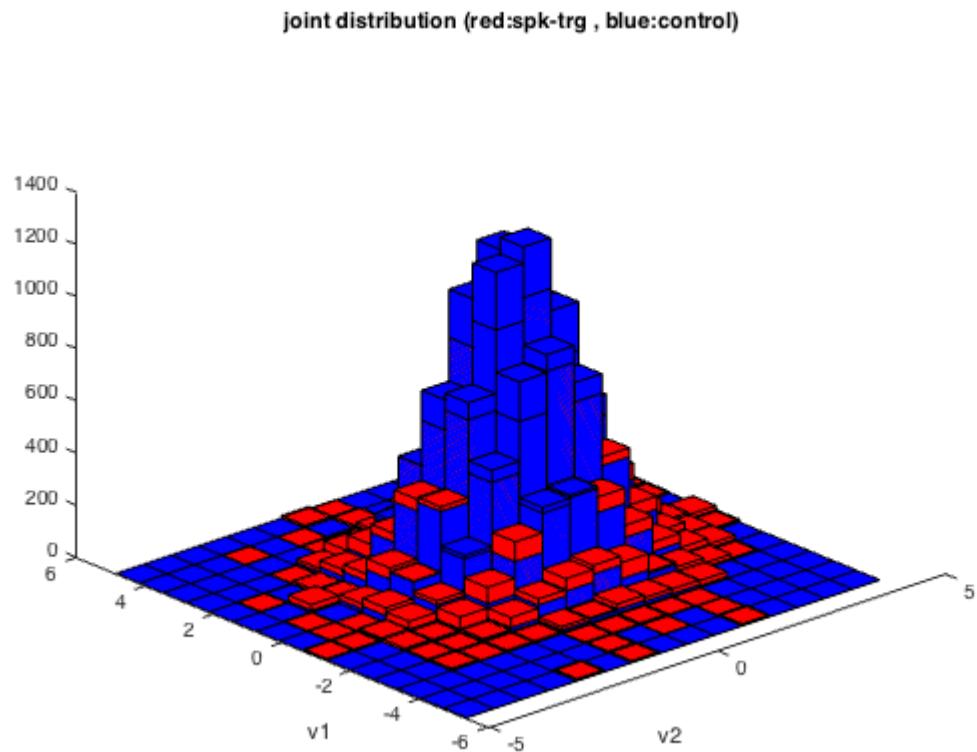
۳. آنچه تاکنون مشاهده کردیم را می‌توان این‌گونه خلاصه کرد، ابتدا هر تحریک را به متغیری تصادفی در فضای 256 بعدی تعبیر کردیم و تحریک‌های منجر به spike شده را جدا ساختیم. تلاش ما برای تمیز دادن توزیع این تحریک‌ها از توزیع تحریک‌های تصادفی است. بدین منظور مشاهده کردیم که میانگین توزیع‌ها تفاوت معناداری ندارند لذا تصمیم گرفتیم ممنتوهای مرتبه بالاتر را بررسی کنیم. کاری که با تشکیل ماتریس‌های همبستگی (تقریباً کوواریانس) و پیدا کردن بردارویژه‌های آن انجام دادیم در واقع پیدا کردن جهت‌هایی ناهمبسته در فضای تحریک است که داده‌های ما (تحریک‌های spike-triggered) بیشترین واریانس را دارند. مشاهده جالبی که در اینجا داشتیم وجود دو جهت معنی‌دار برای اکثر نورون‌ها بود. معنی‌دار به این تعبیر که داده‌های ما در این دو جهت واریانس بسیار بیشتری نسبت به سایر جهت‌های ناهمبسته دارند. لذا به نظر می‌رسد توزیع تحریک‌ها در این دو راستا برای توصیف آماری‌شان کافی است (یا مناسب است) و می‌توان فضای تحریک را به این دو راستا تقلیل داد. این راستاهای را می‌توان به فیلترهای spatio-temporal تعبیر کرد که در تحریک‌های ورودی ضرب می‌شوند و امیدواریم اندازه بزرگ حاصل احتمال بالای اسپایک زدن را نتیجه دهد. مشاهده جالب دیگر که در شکل قبل قابل ملاحظه است، ساختار راستاهای (بردارویژه‌های) بامعنی است. برای بررسی‌های بیشتر این ساختار جالب به سوال هفتم این بخش یا مقاله اصلی رجوع کنید.

۴. تصویر تحریک‌های control و spike-triggered را روی دو بردار ویژه متناظر با بزرگترین مقدار ویژه‌ها ( $v_1$  و  $v_2$ ) به دست آوردیم. توزیع هریک در شکل زیر رسم شده است. همان طور که ملاحظه می‌گردد میانگین توزیع‌ها صفر است و واریانس توزیع تحریک‌های spike-triggered بیشتر است پس احتمال دیدن دامنه‌های بزرگ برای این تحریک‌ها بیشتر است یا به تعابیری دیگر تحریکی با تصویر بزرگ روی این بردار ویژه‌ها به احتمال زیاد spike-triggered است.



شکل 11

توزیع مشترک تصویر تحریکها روی  $v_1$  و  $v_2$  نیز در شکل زیر رسم شده است. نکته قابل توجه تقارن نسبتاً استوانه‌ای توزیع است.



شکل 12

۵. اگر تصویر تحریک  $s$  روی  $v_1$  و  $v_2$  را به ترتیب  $s_1$  و  $s_2$  بنامیم و دو رویداد زیر را تعریف کنیم،

$$e_1: s \in \text{spike-triggered}, e_2: s \in \text{control}$$

می‌خواهیم:

$$\arg \max_{e_i} (p(e_i | s_1, s_2))$$

داریم:

$$p(e_i | s_1, s_2) = \frac{p(s_1, s_2 | e_i) p(e_i)}{p(s_1, s_2)}$$

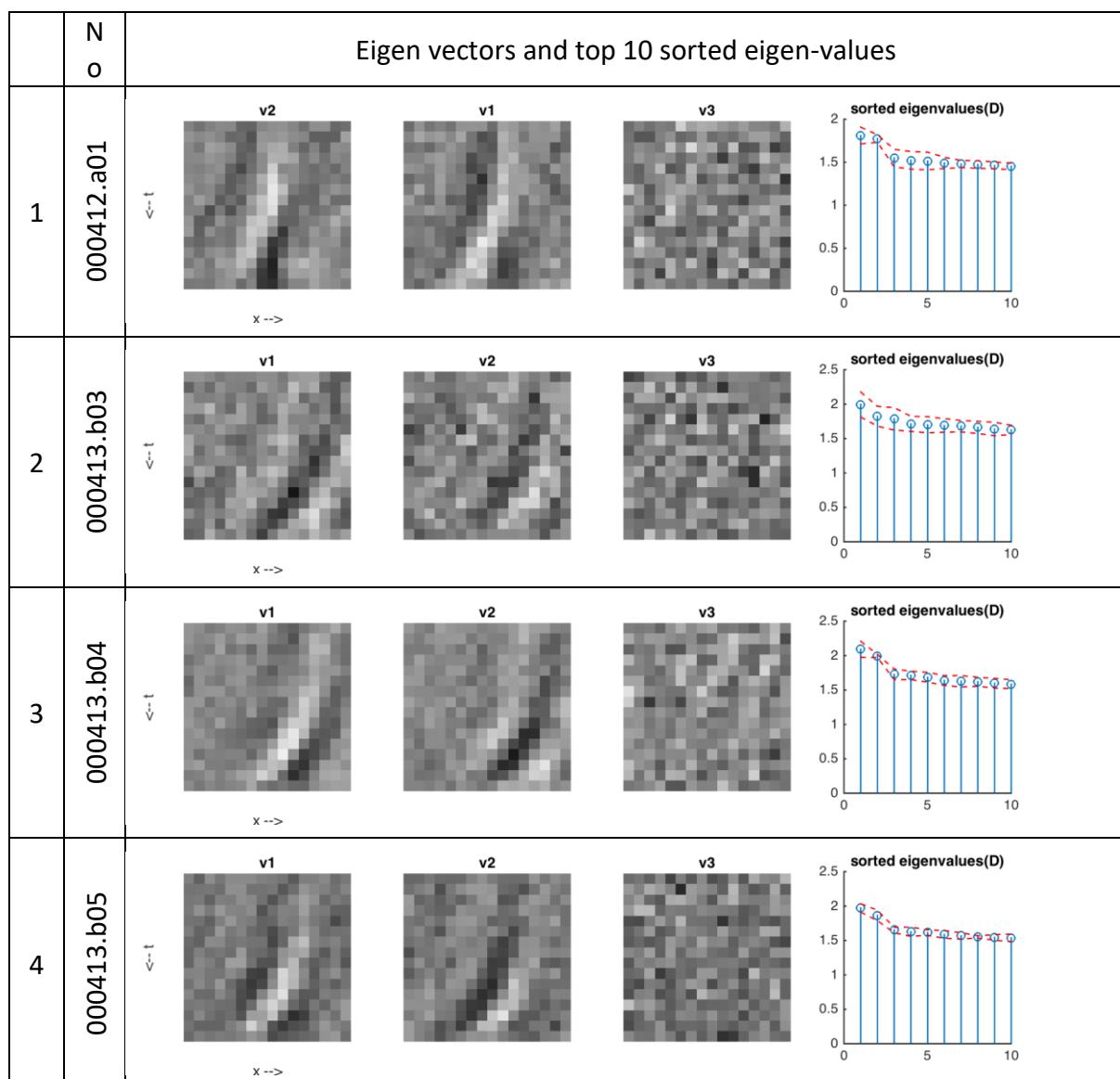
اما از آنجا که احتمال این که تحریکی به اسپایک انجامد خیلی معنادار نیست (و تا حدی به این ربط دارد که بعداً کلاسیفایر خود را با چه نوع تحریک‌هایی بسنجیم) فرض می‌کنیم  $p(e_1) = p(e_2) = \frac{1}{2}$ . لذا مسئله ما می‌شود:

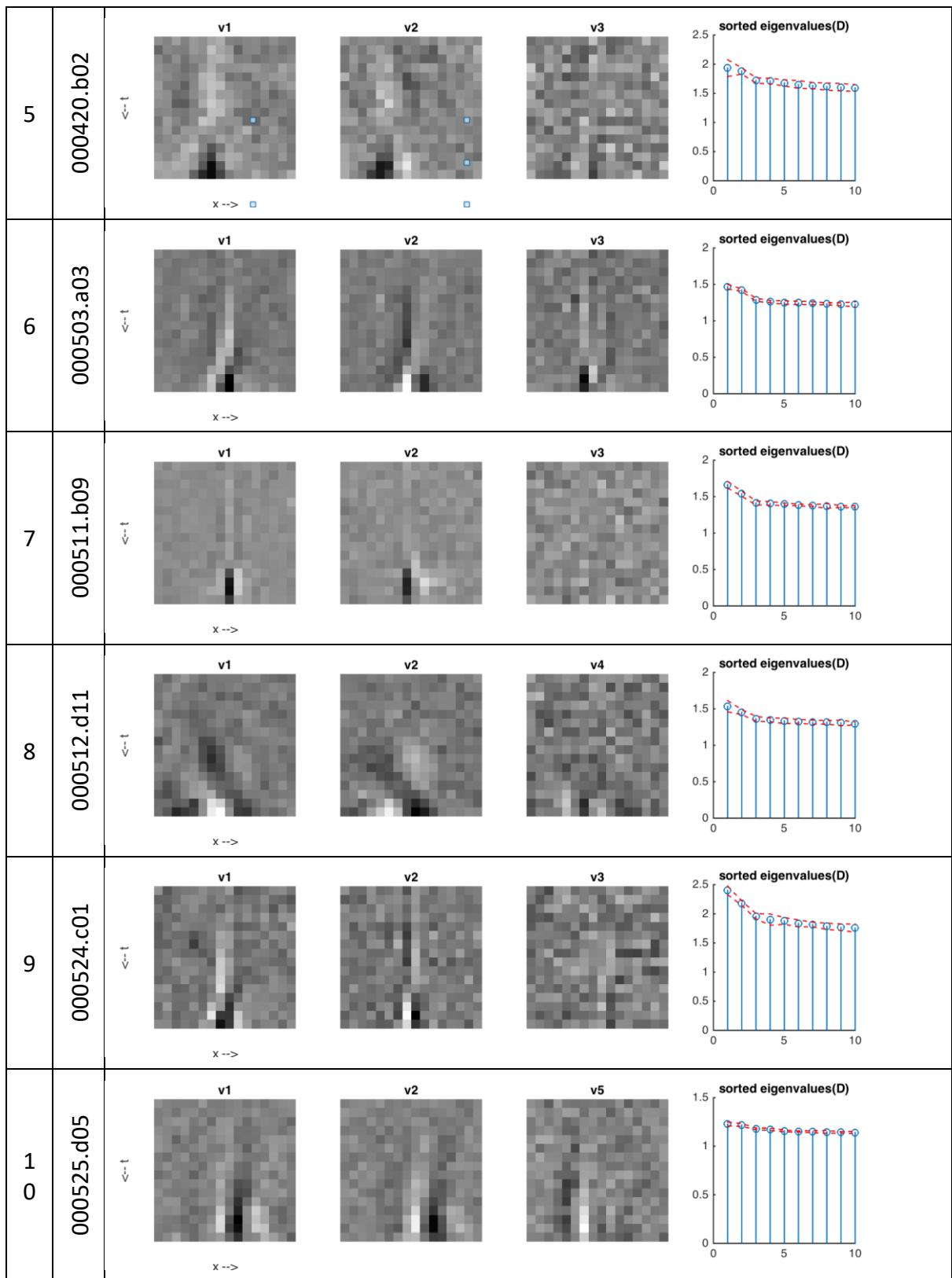
$$\arg \max_{e_i} (p(s_1, s_2 | e_i))$$

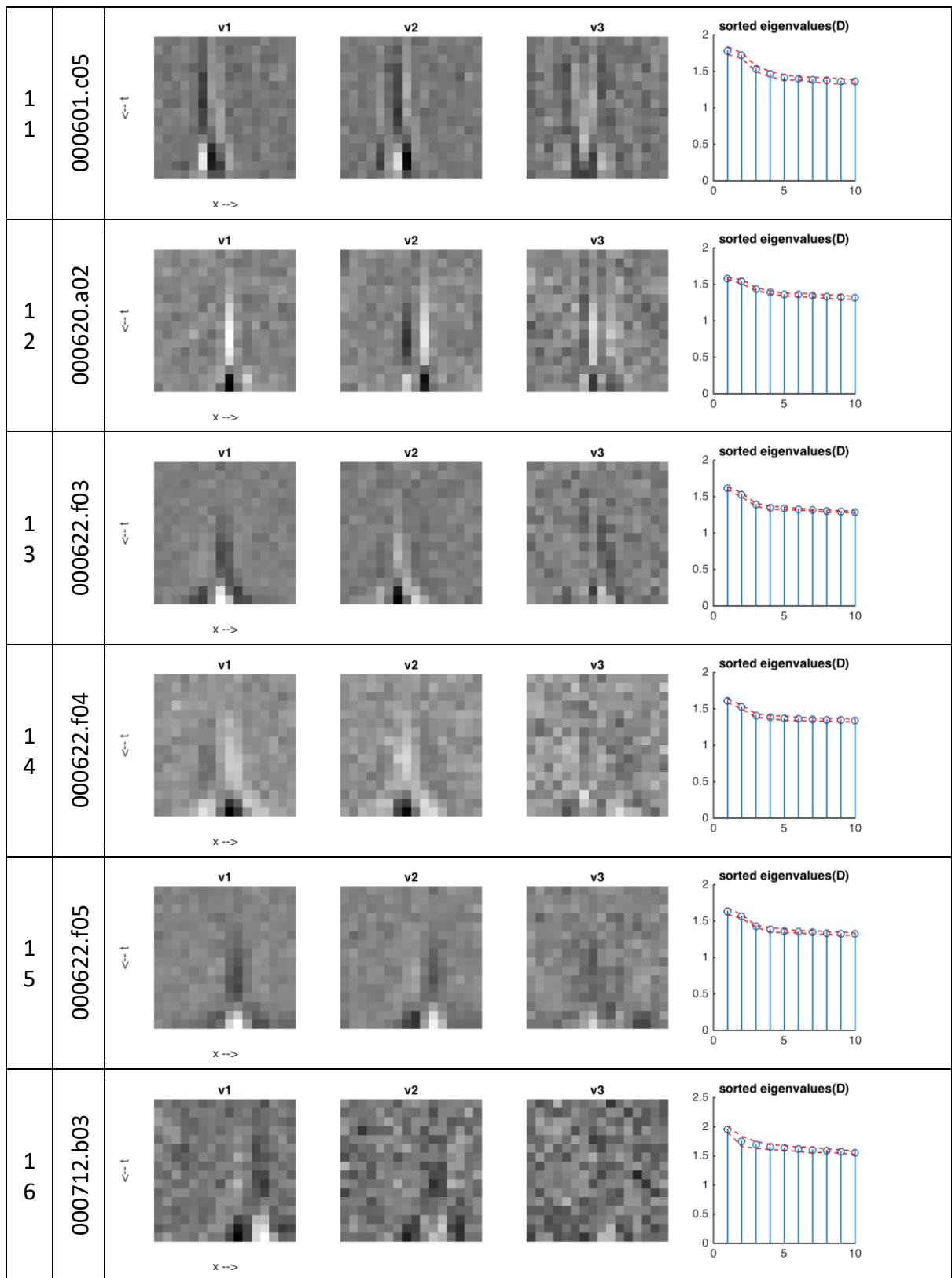
اگر فرض کنیم  $S_1$  و  $S_2$  مشترکاً گوسی و ناهمبسته (معادلاً مستقل) هستند (فرض ناهمبسته بودن صرفاً برای سادگی است)،  $p(s_j|e_i) = p(s_1|e_i)p(s_2|e_i)$  را نیز با یک گوسی تقریب می‌زنیم (تابع `fitdist` در متلب). اکنون به ازای هر تحريك با بررسی `argmax` قبل می‌توانیم روی `spike-triggered` بودن آن اظهار نظر کنیم.

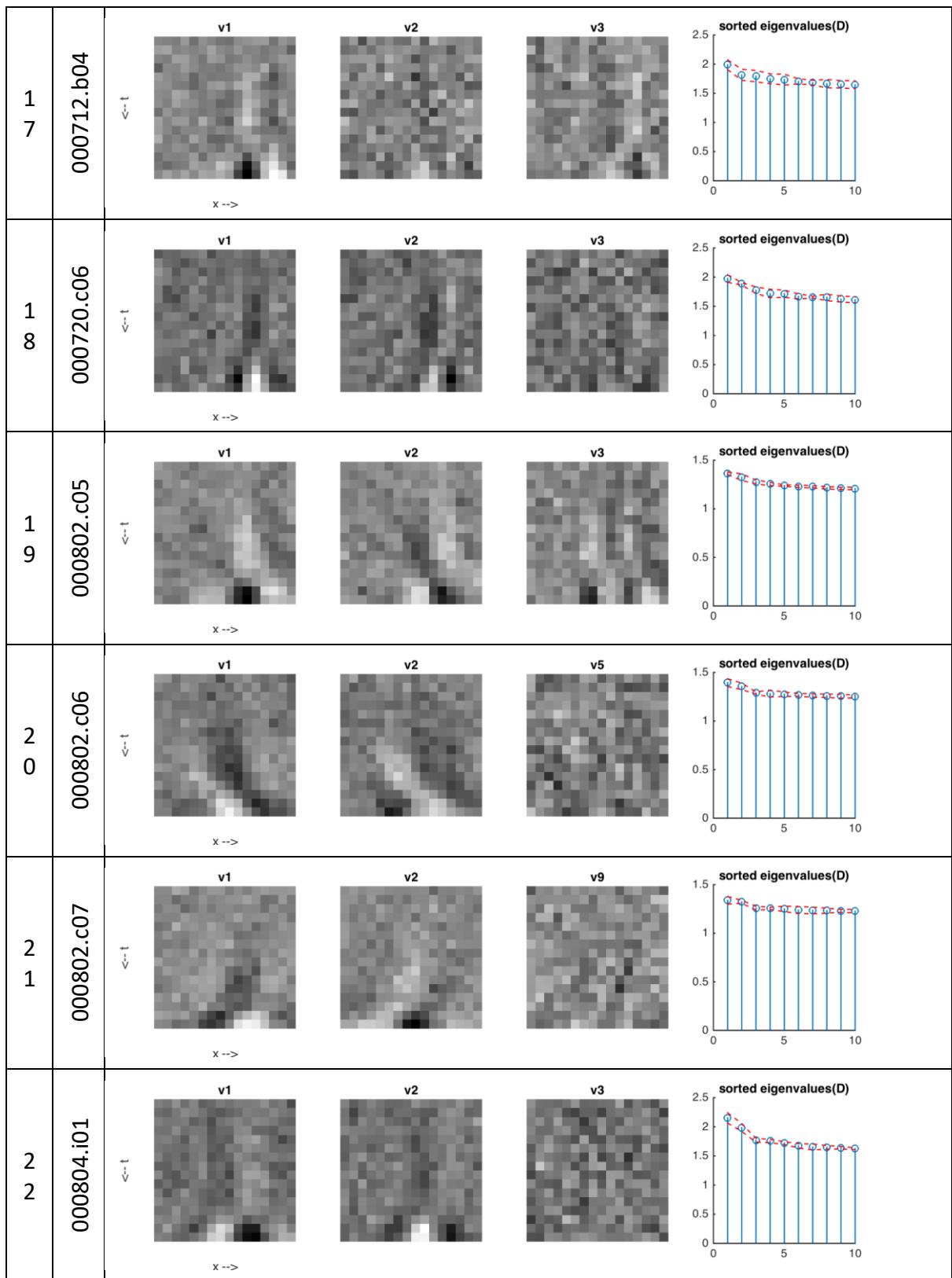
برای تست ایده فوق از همان ابتدا گروهی از داده‌ها را جدا می‌کنیم و در پیدا کردن توزیع‌ها از آن‌ها استفاده نمی‌کنیم. از این گروه از تحريك‌های تست برای سنجیدن کلاسیفایرمان استفاده می‌کنیم. احتمال `spike-triggered` بودن یا نبودن در گروه تست با هم برابر است. نهایتاً حدود 60 درصد تحريك‌ها به درستی دسته‌بندی شدند که با توجه به تعداد آزمایش‌ها به طور معناداری از سطح شانس (50 درصد) بالاتر است.

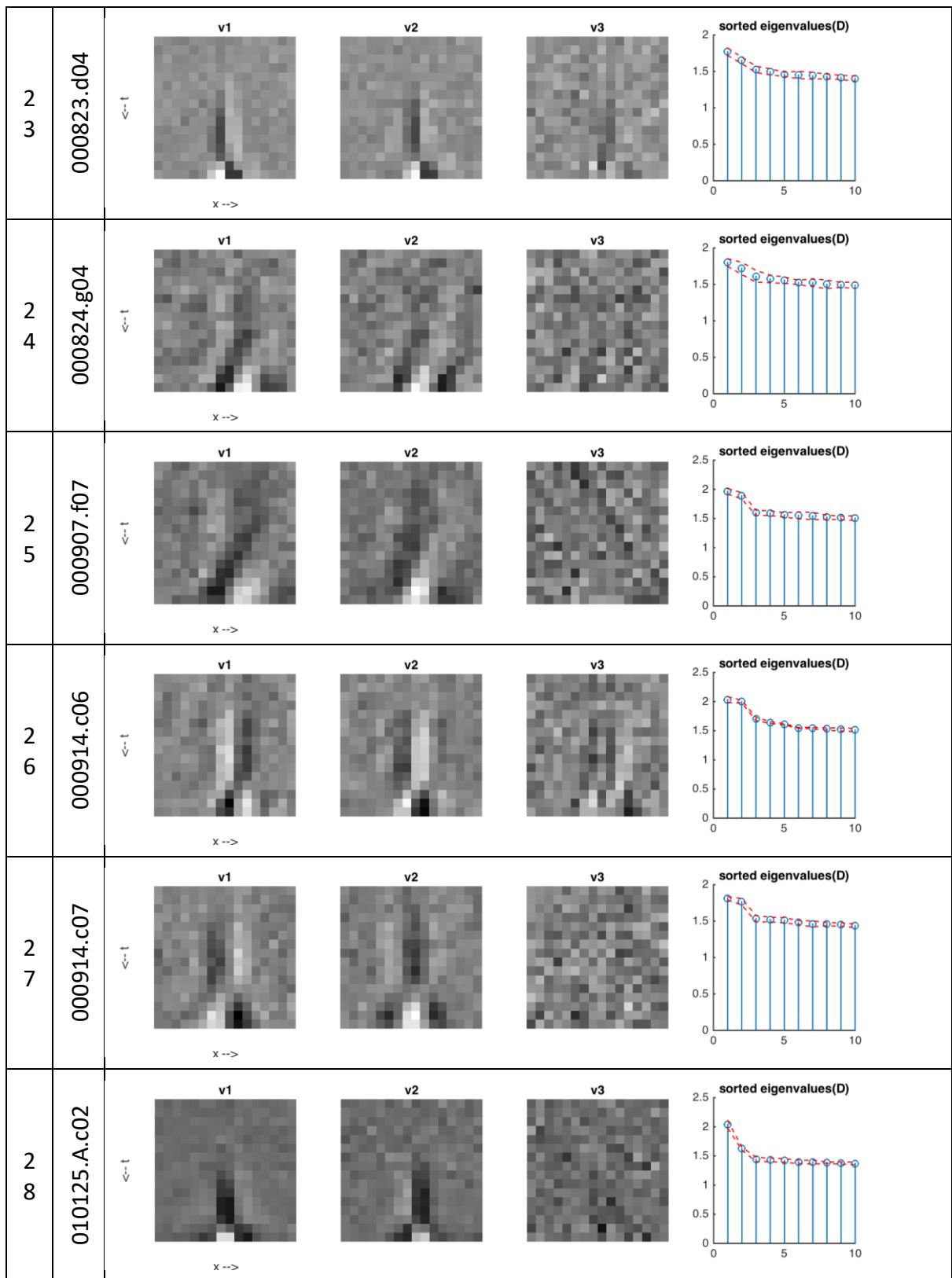
۶. خروجی سوالات 1 تا 5 برای تمام نورون‌ها در ادامه و در دو جدول گزارش شده است. دقت نمایید به جای رسم هیستوگرام 3 بعدی توزیع مشترک (بخش 4) تصویر رنگی دو بعدی رسم شده است که مولفه R آن مربوط به توزیع تحريك‌های `control` و مولفه B آن مربوط به `triggered` است.

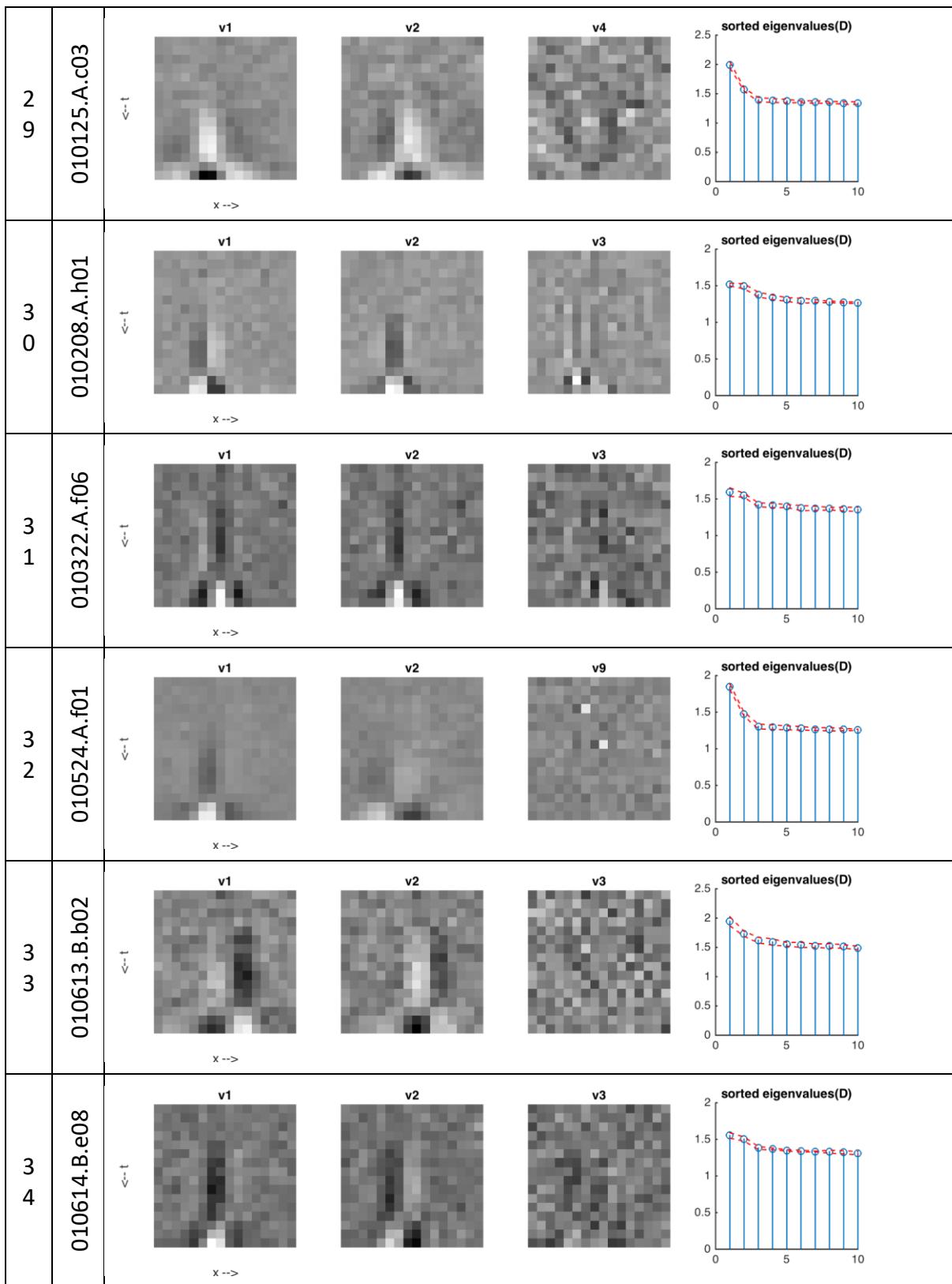


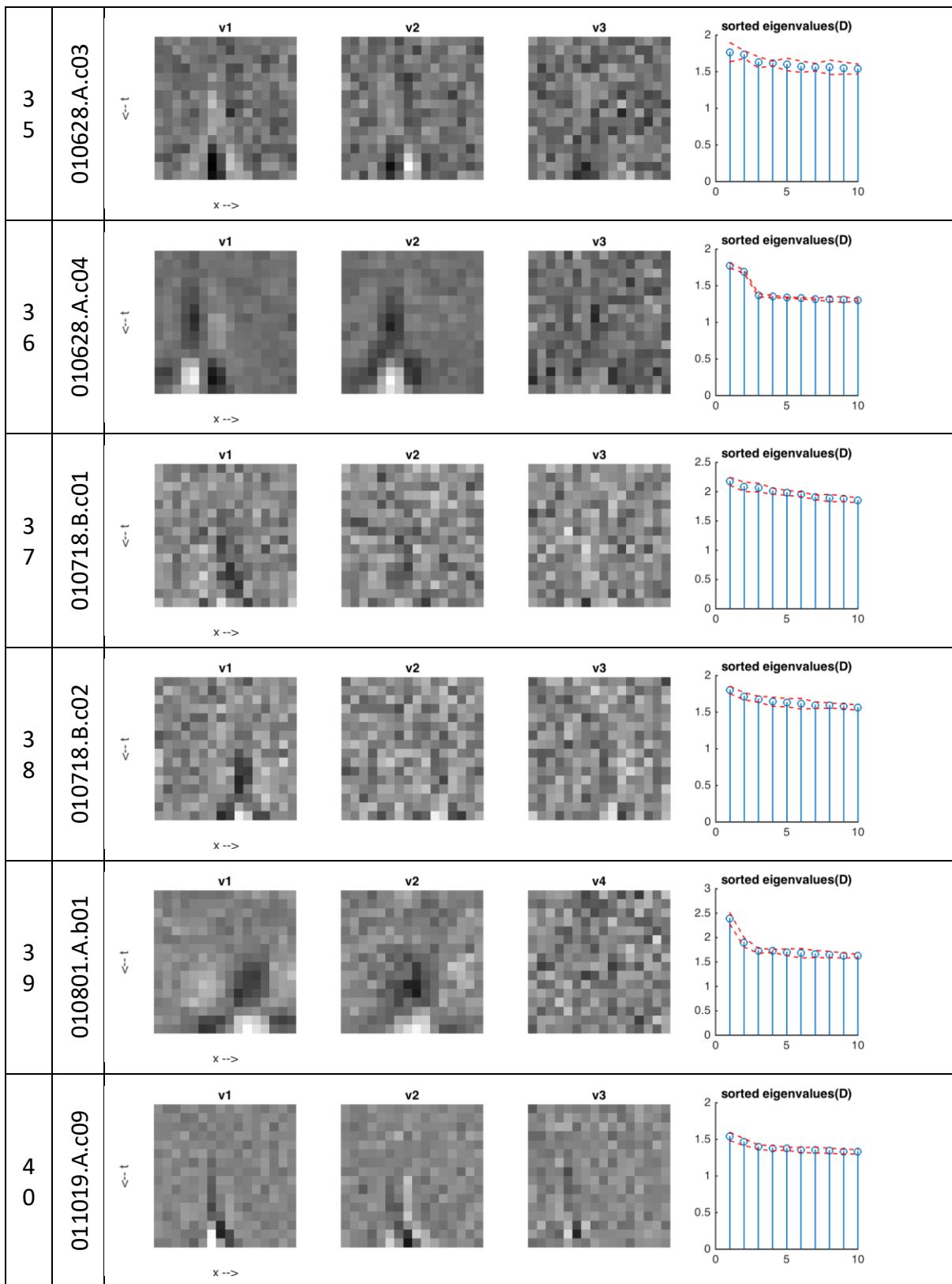


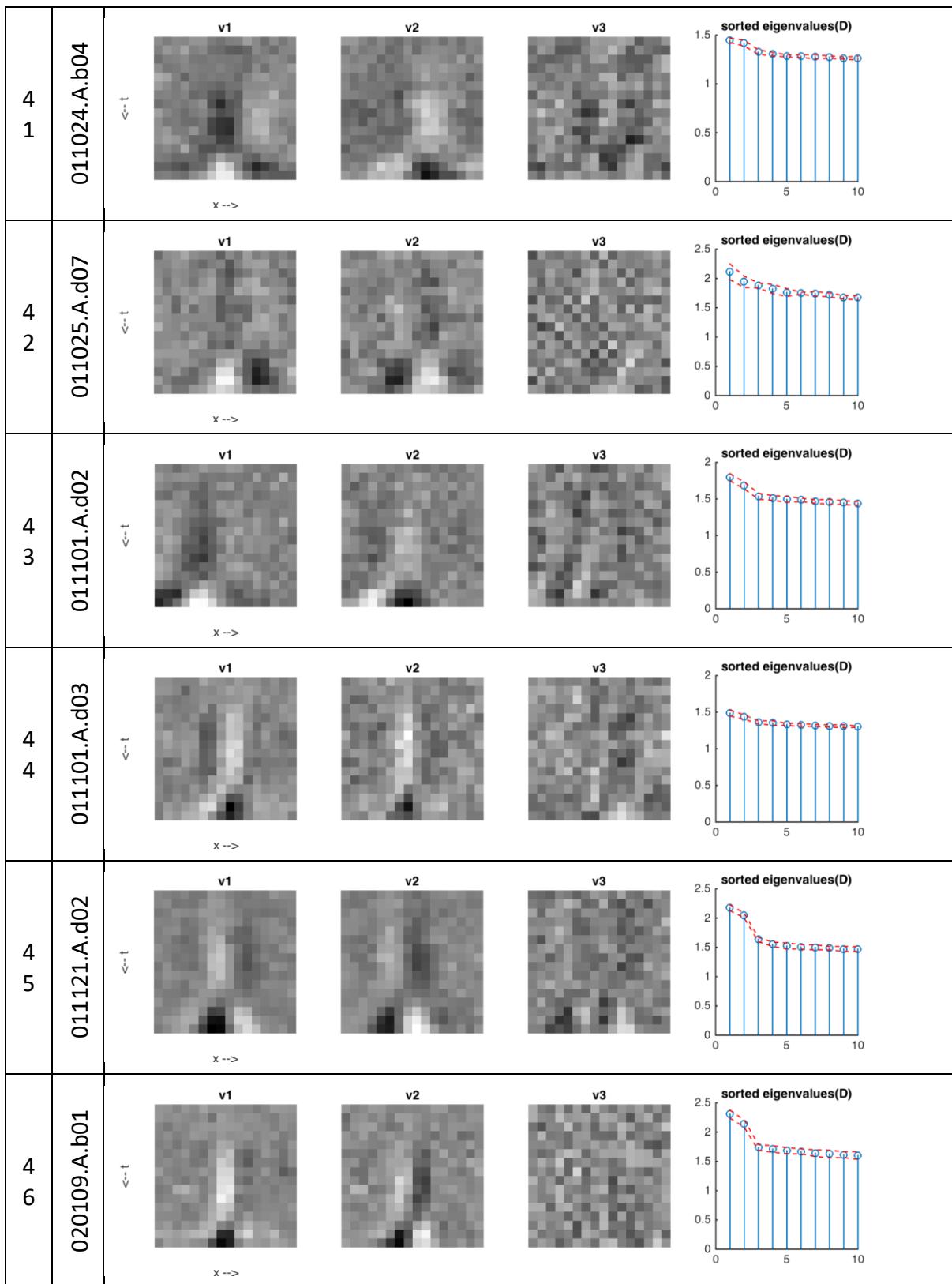


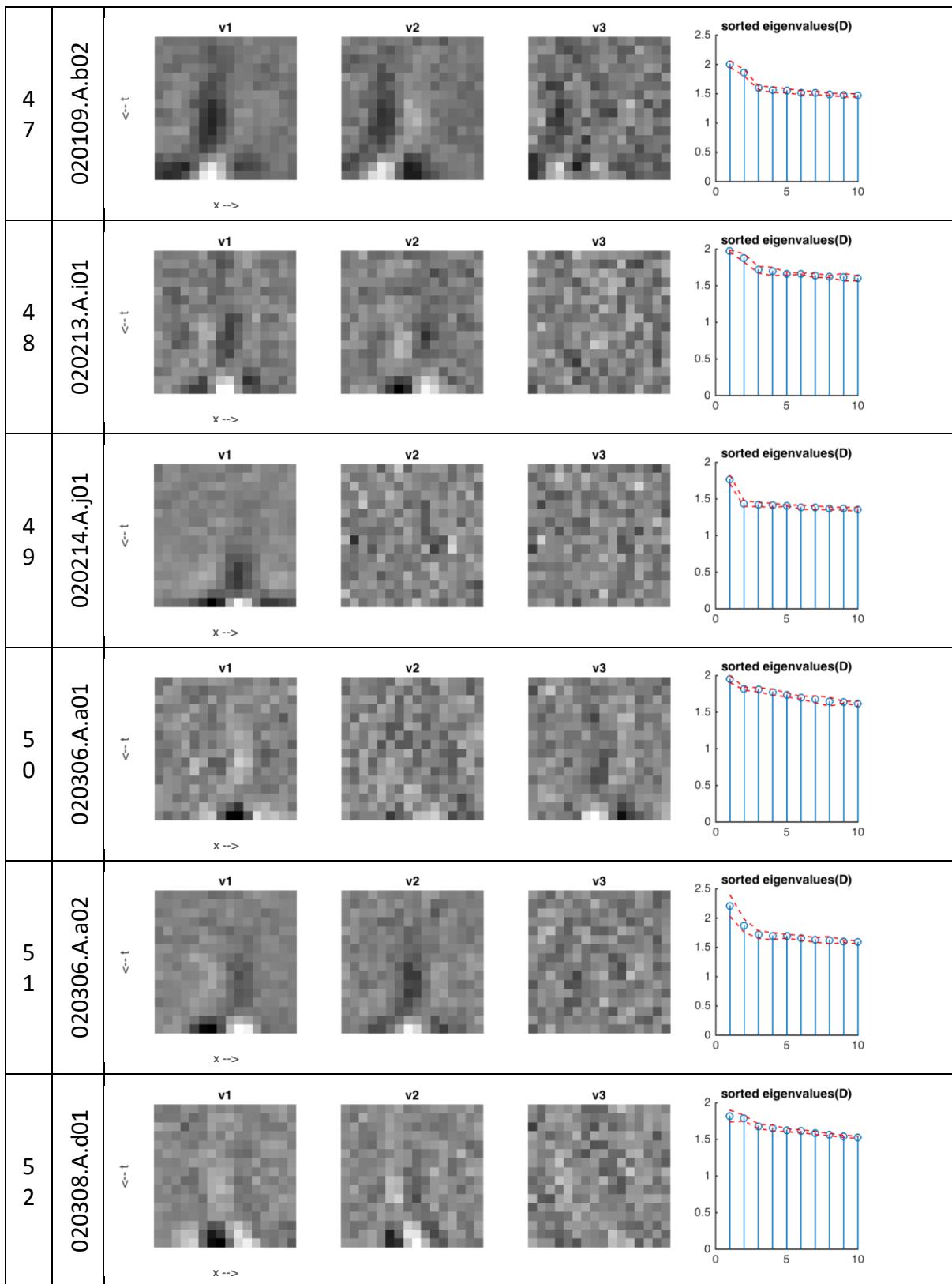


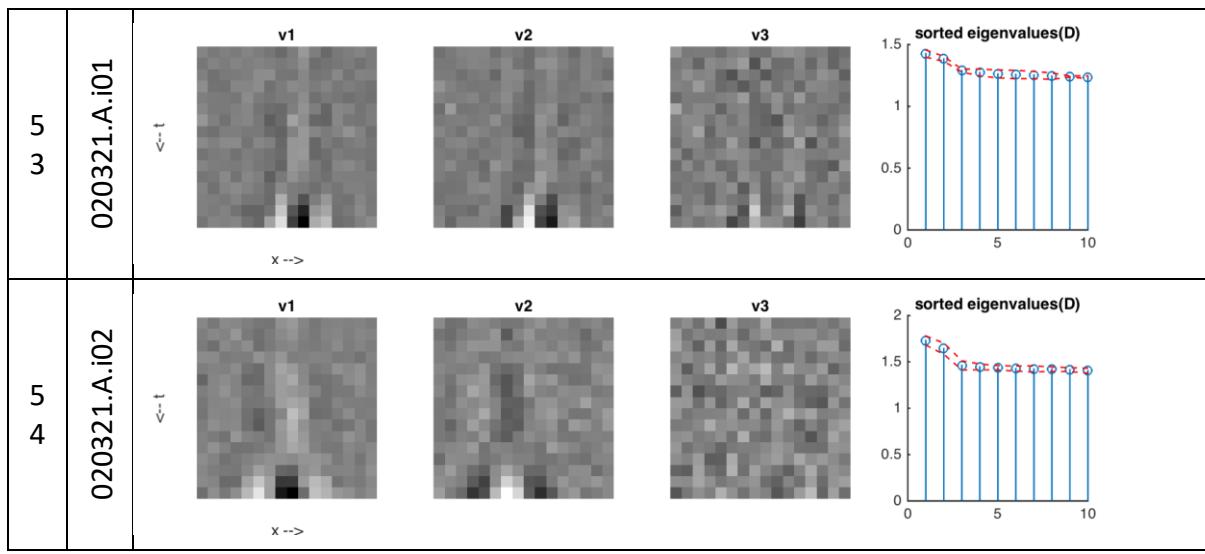




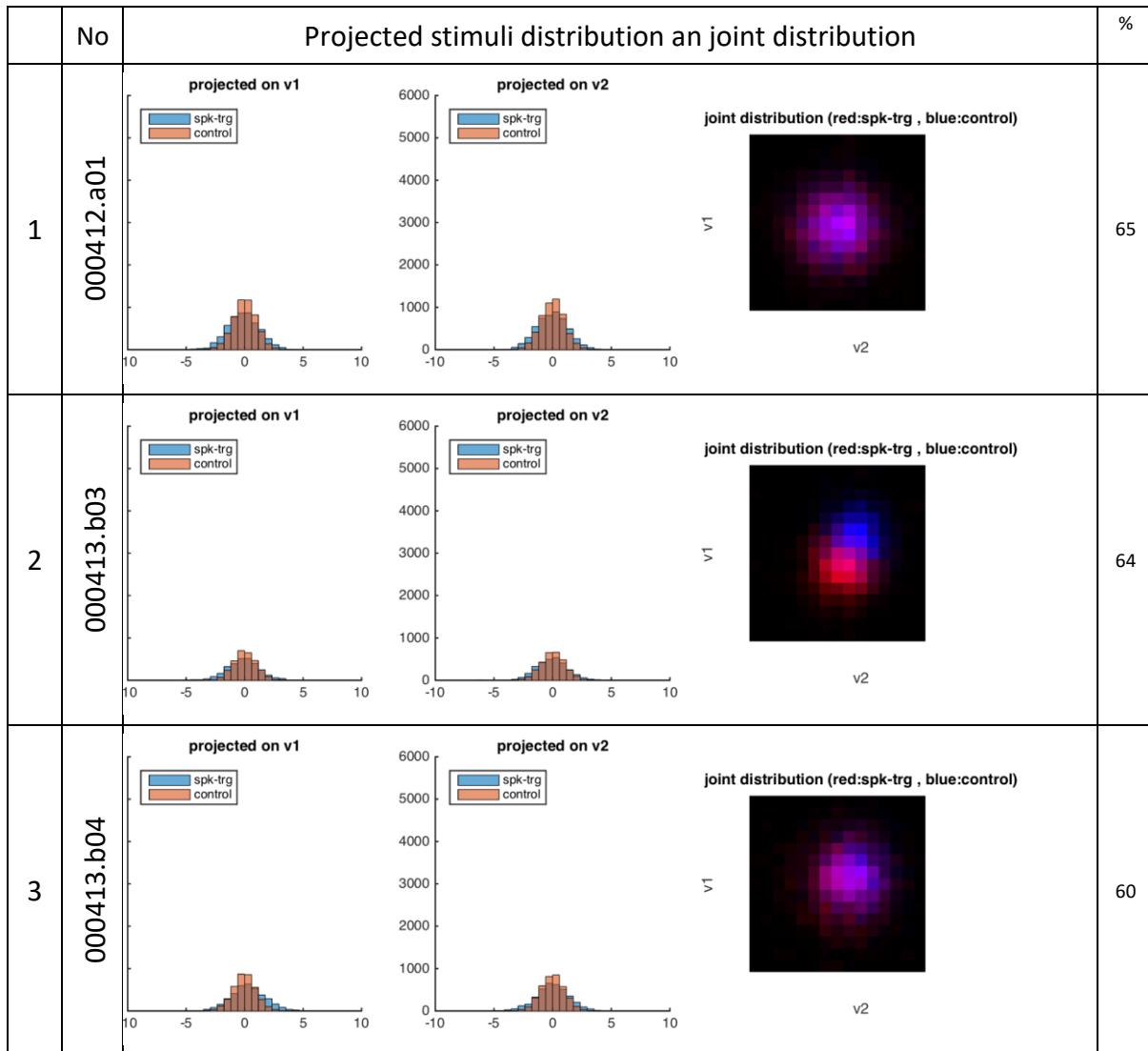


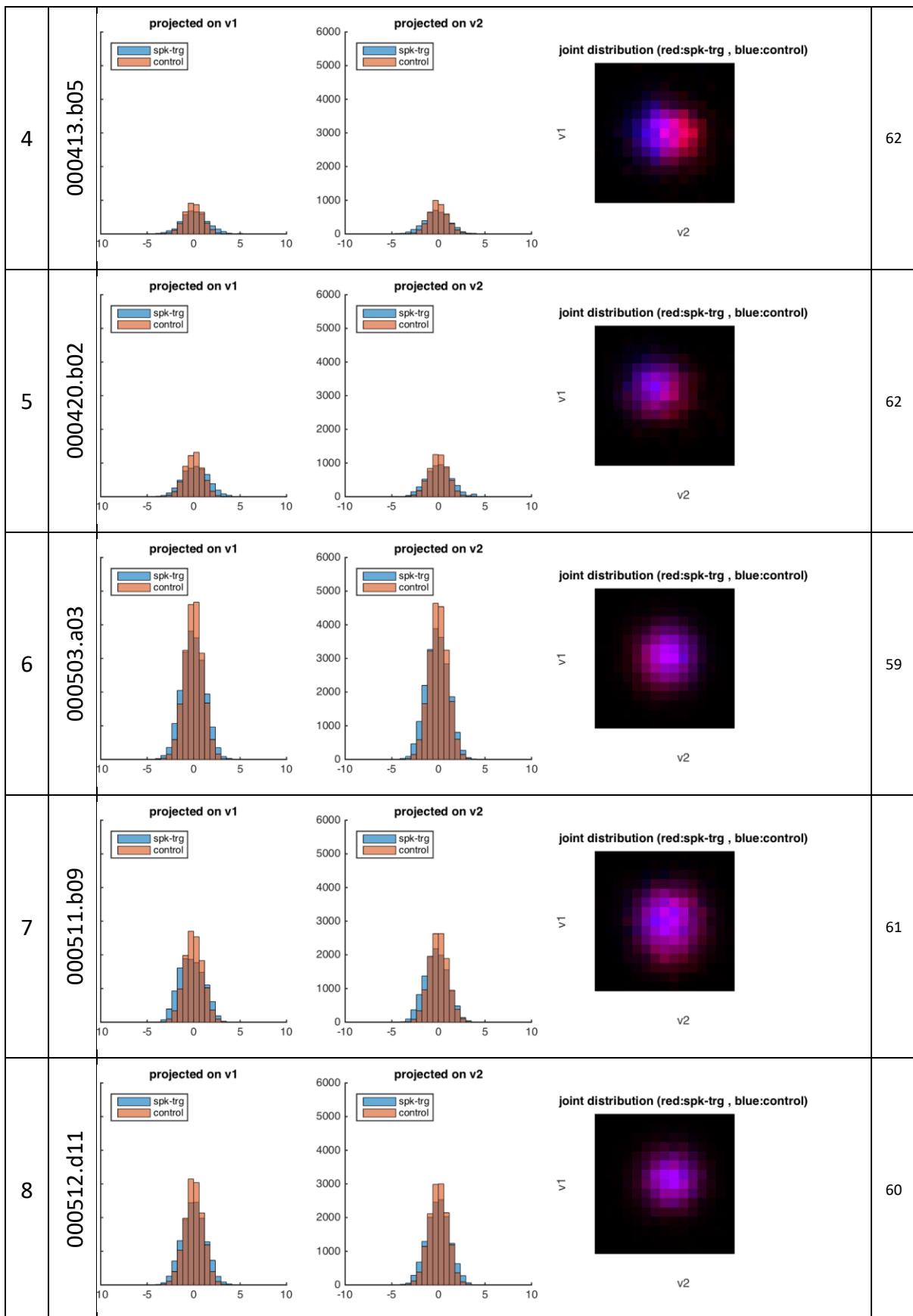


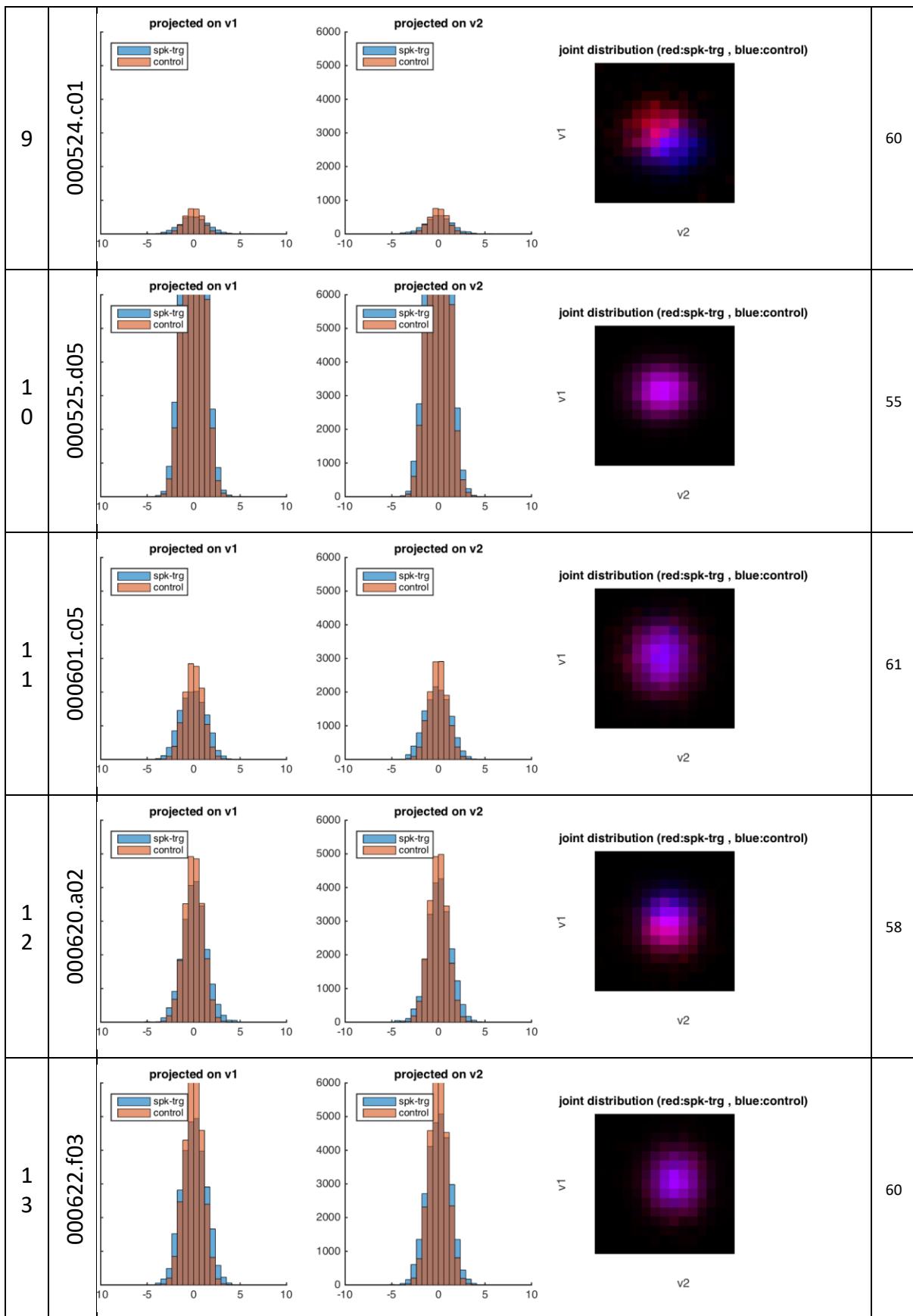


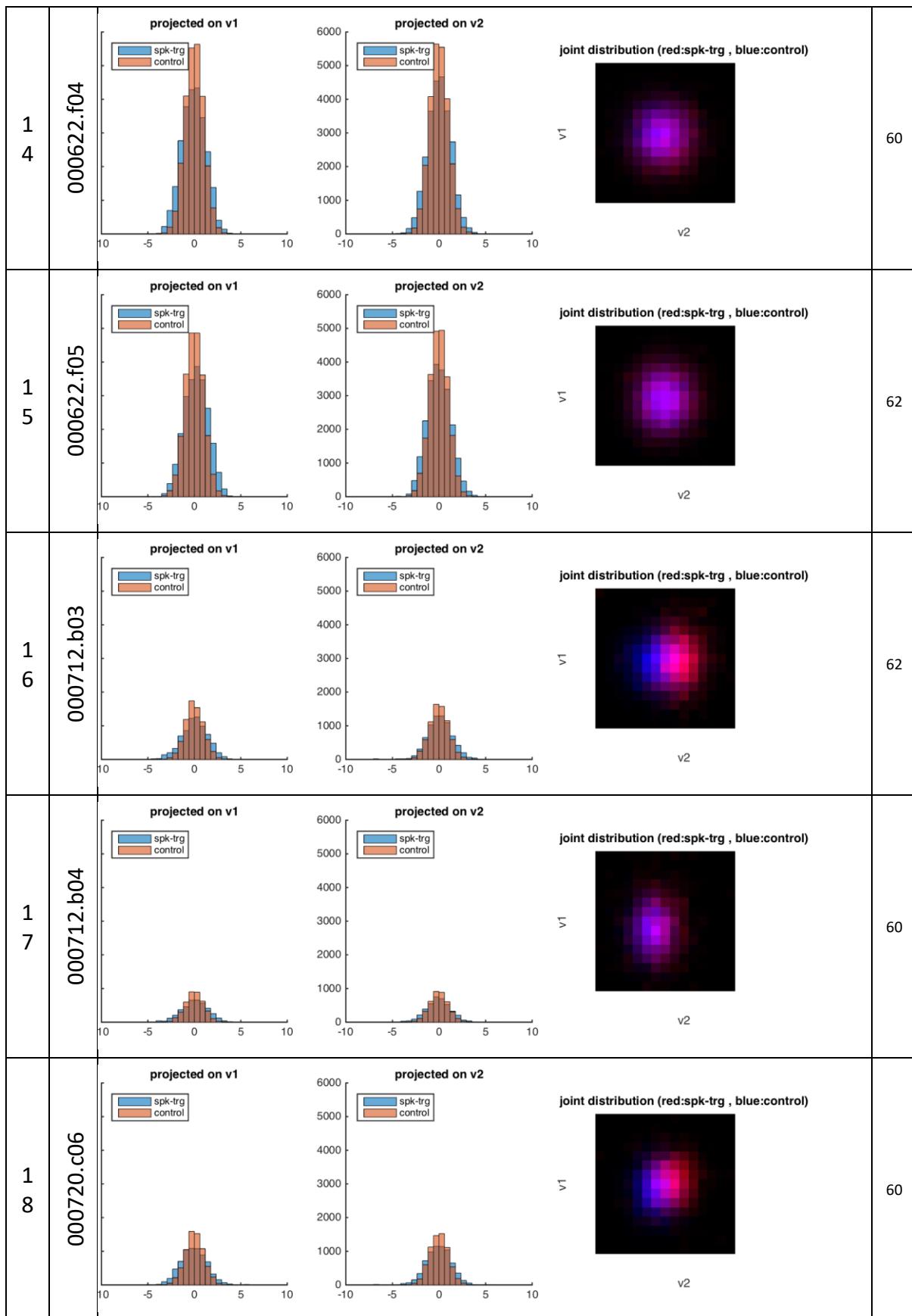


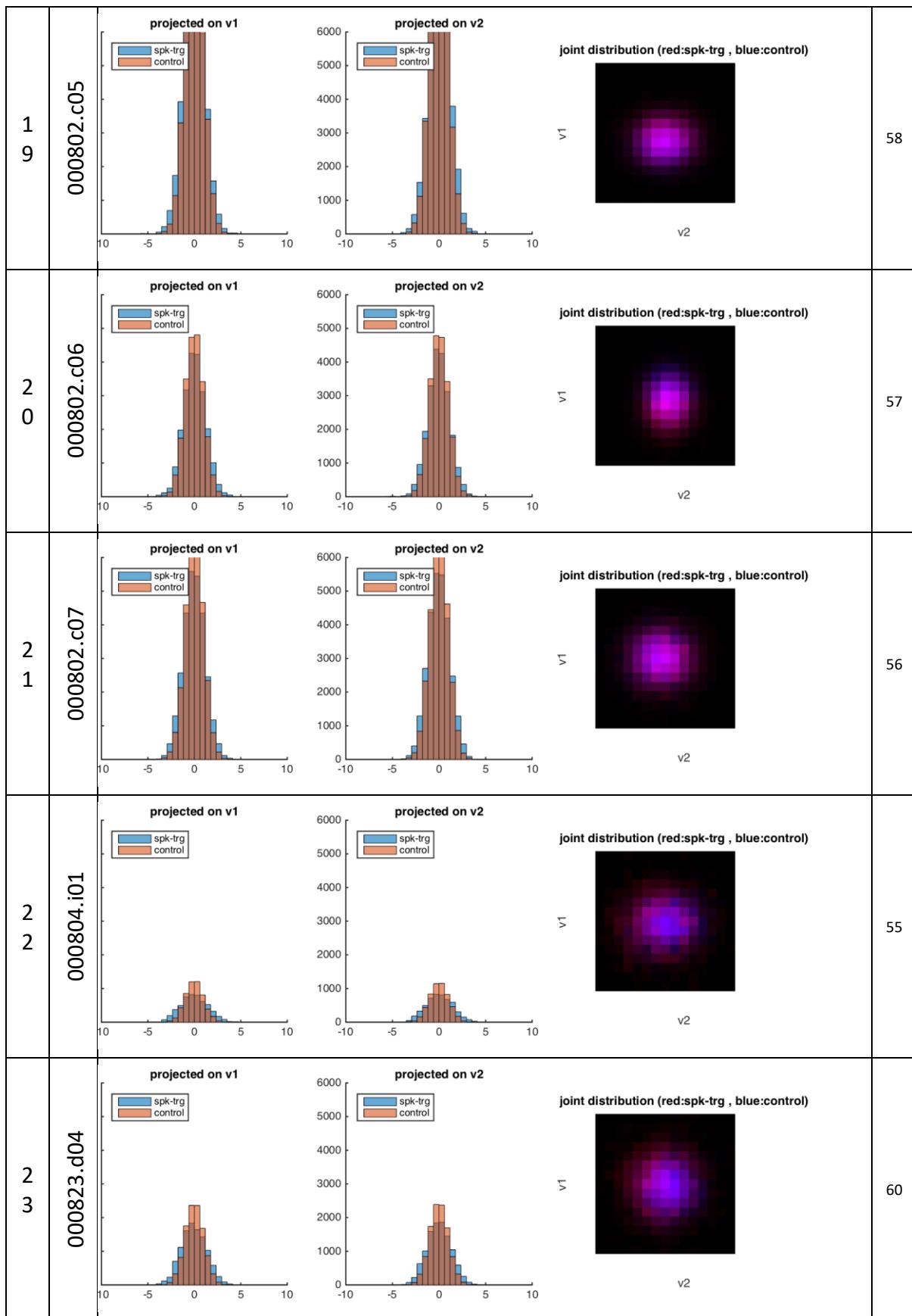
جذب

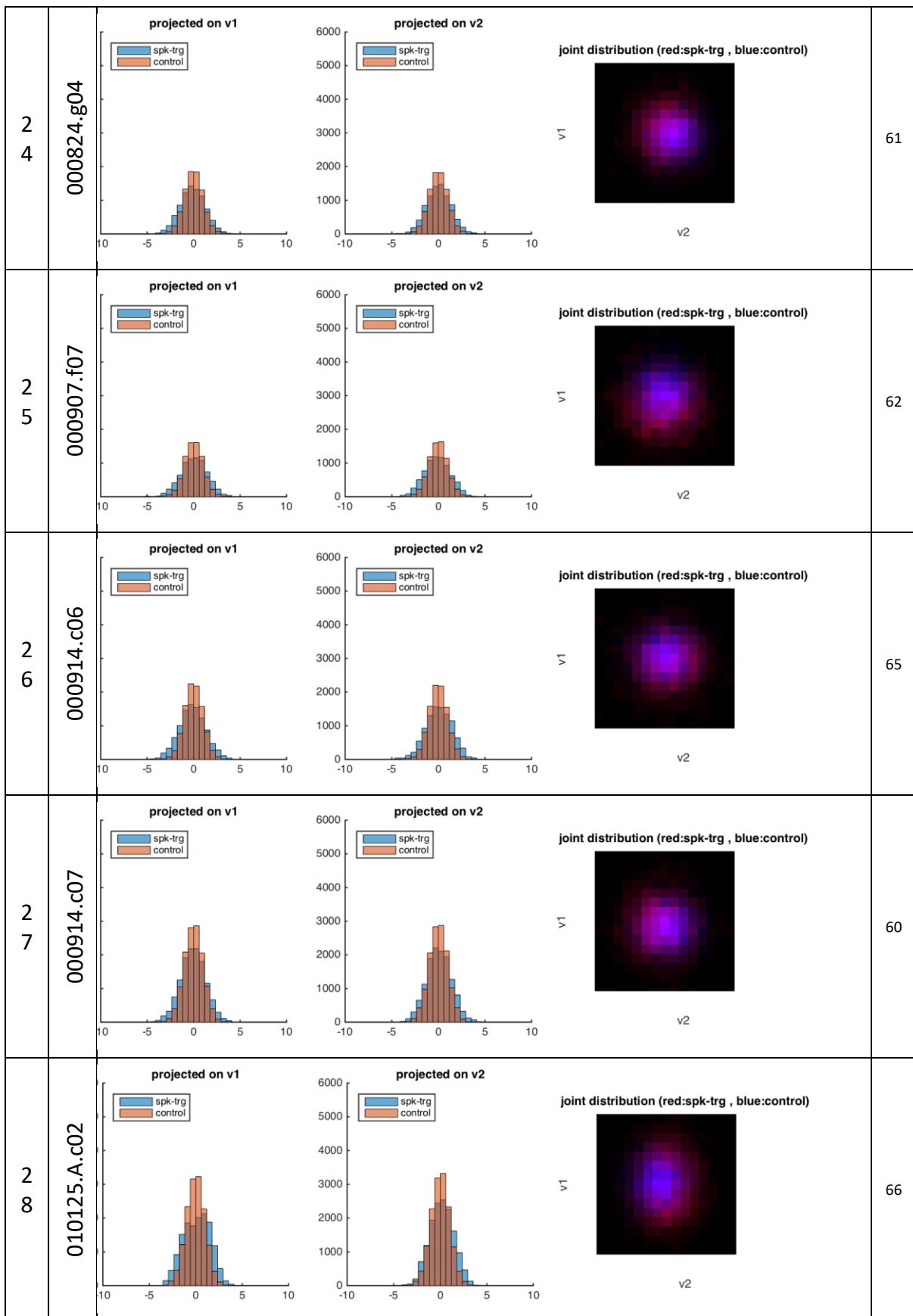


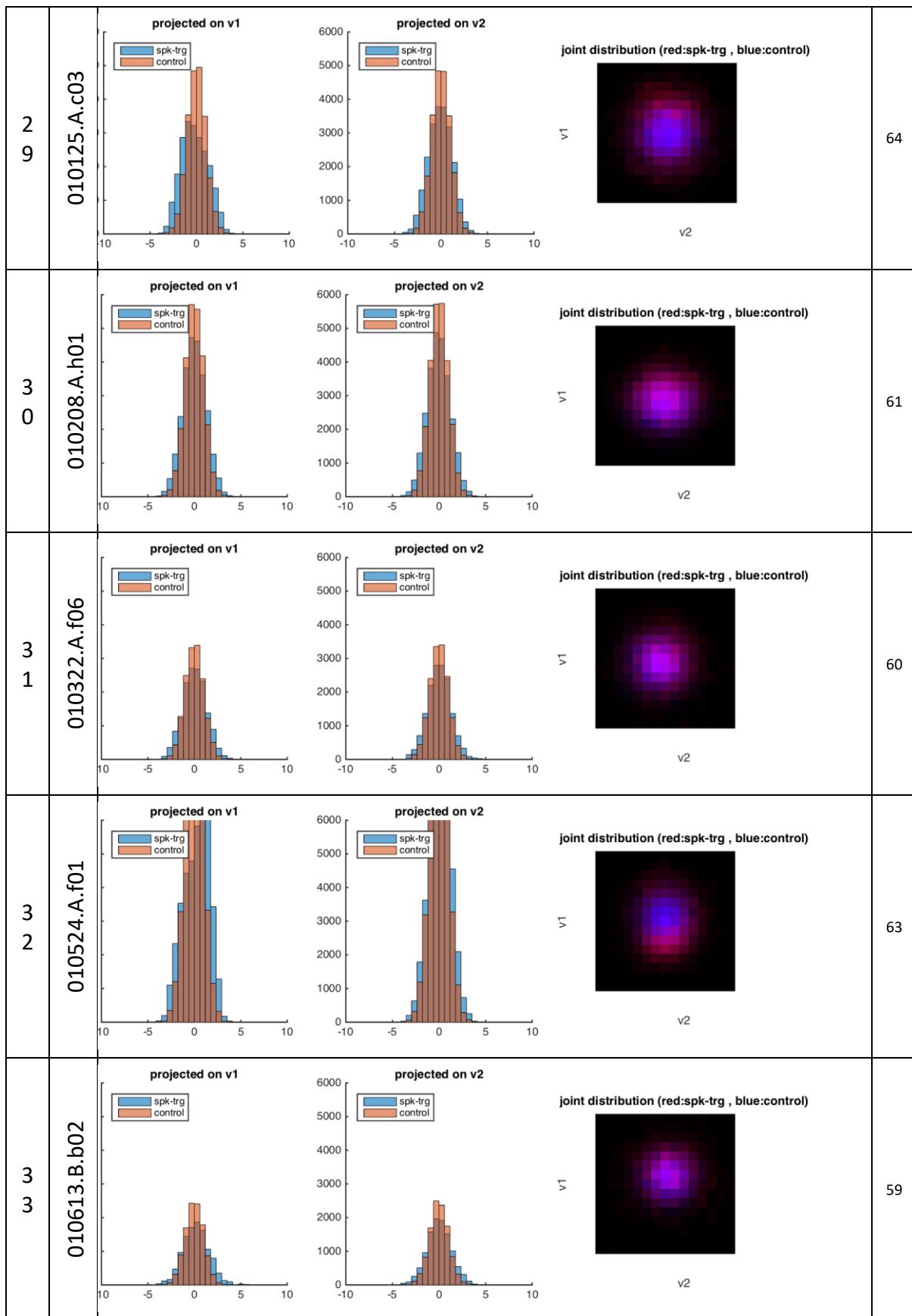


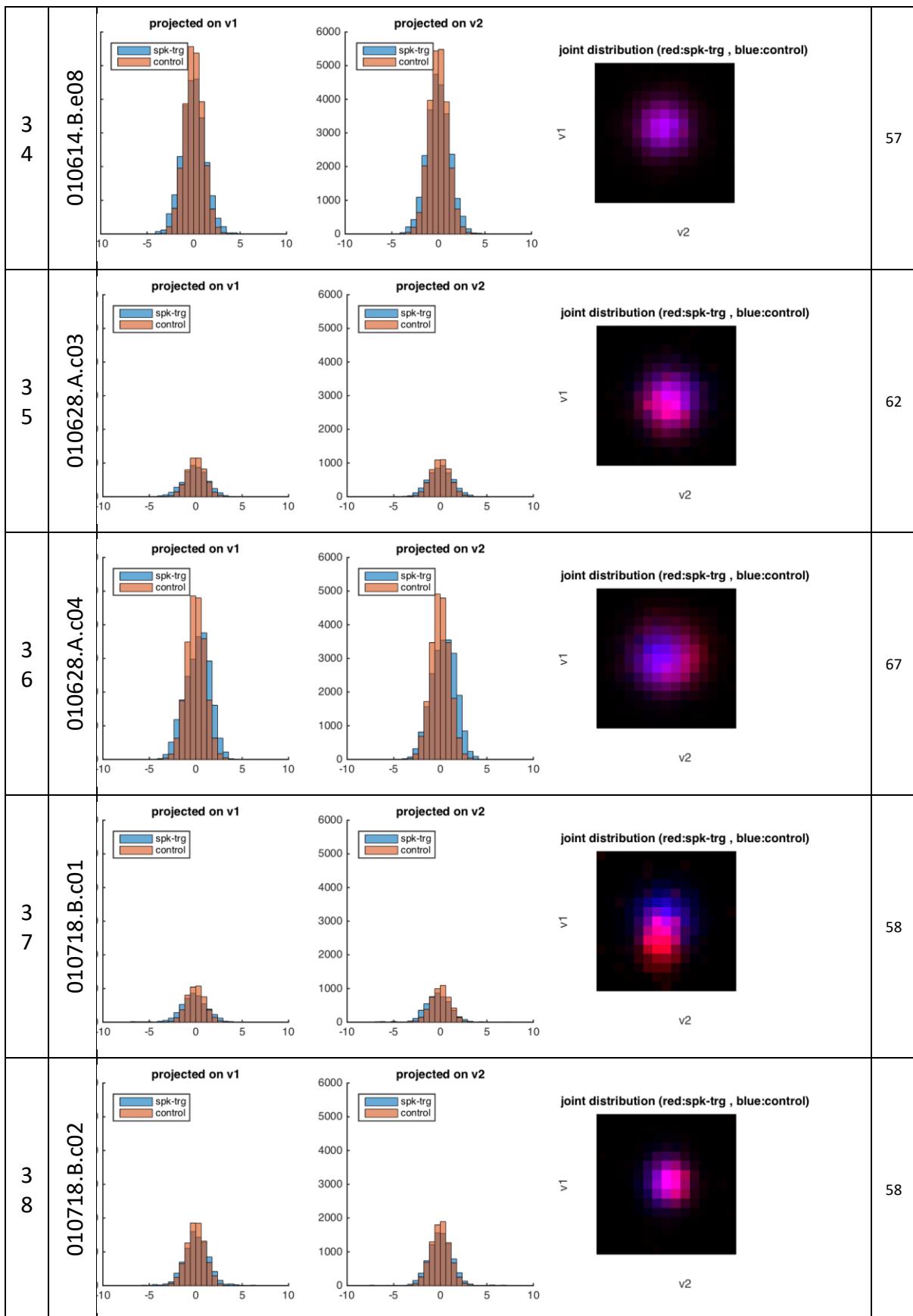


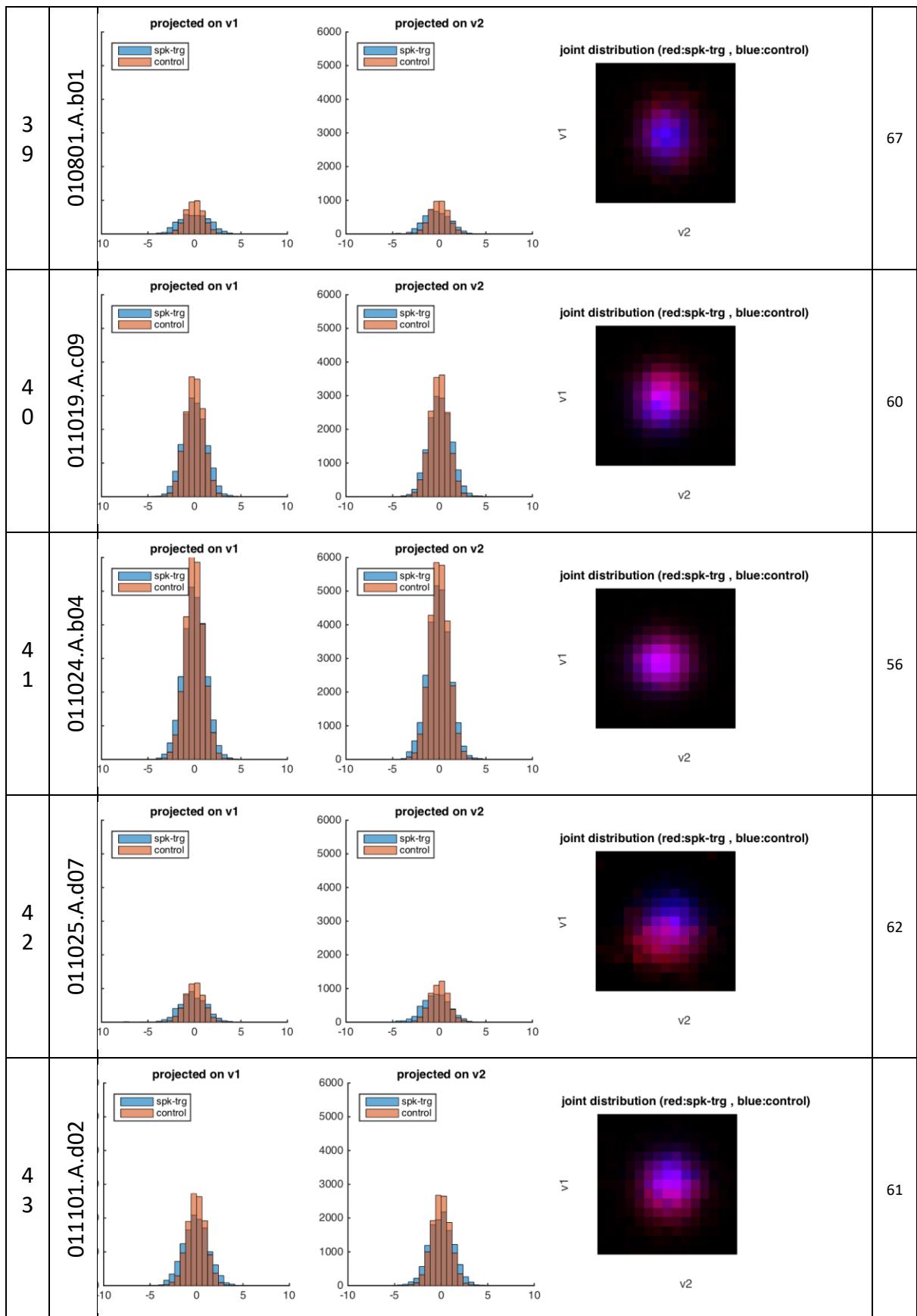


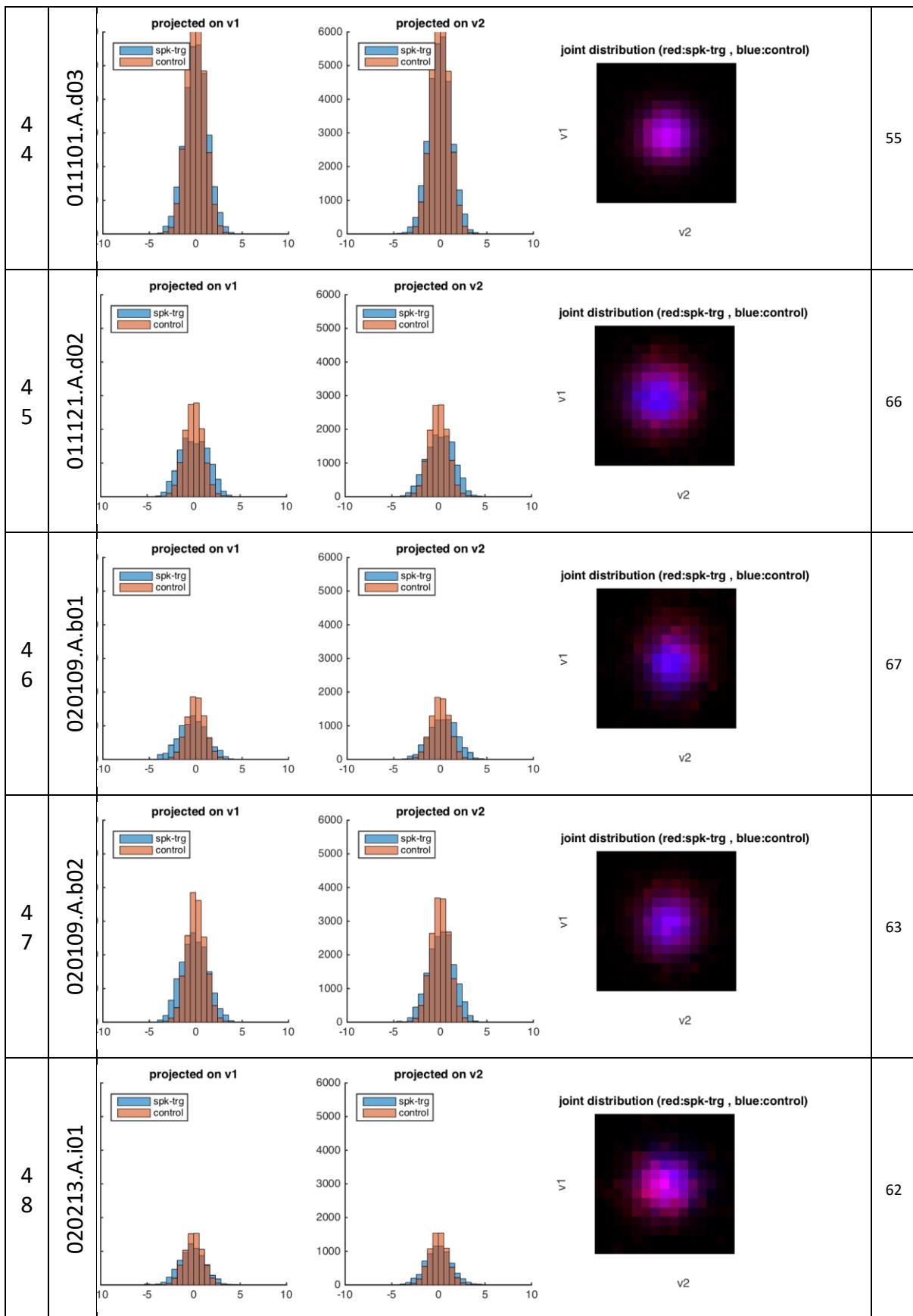


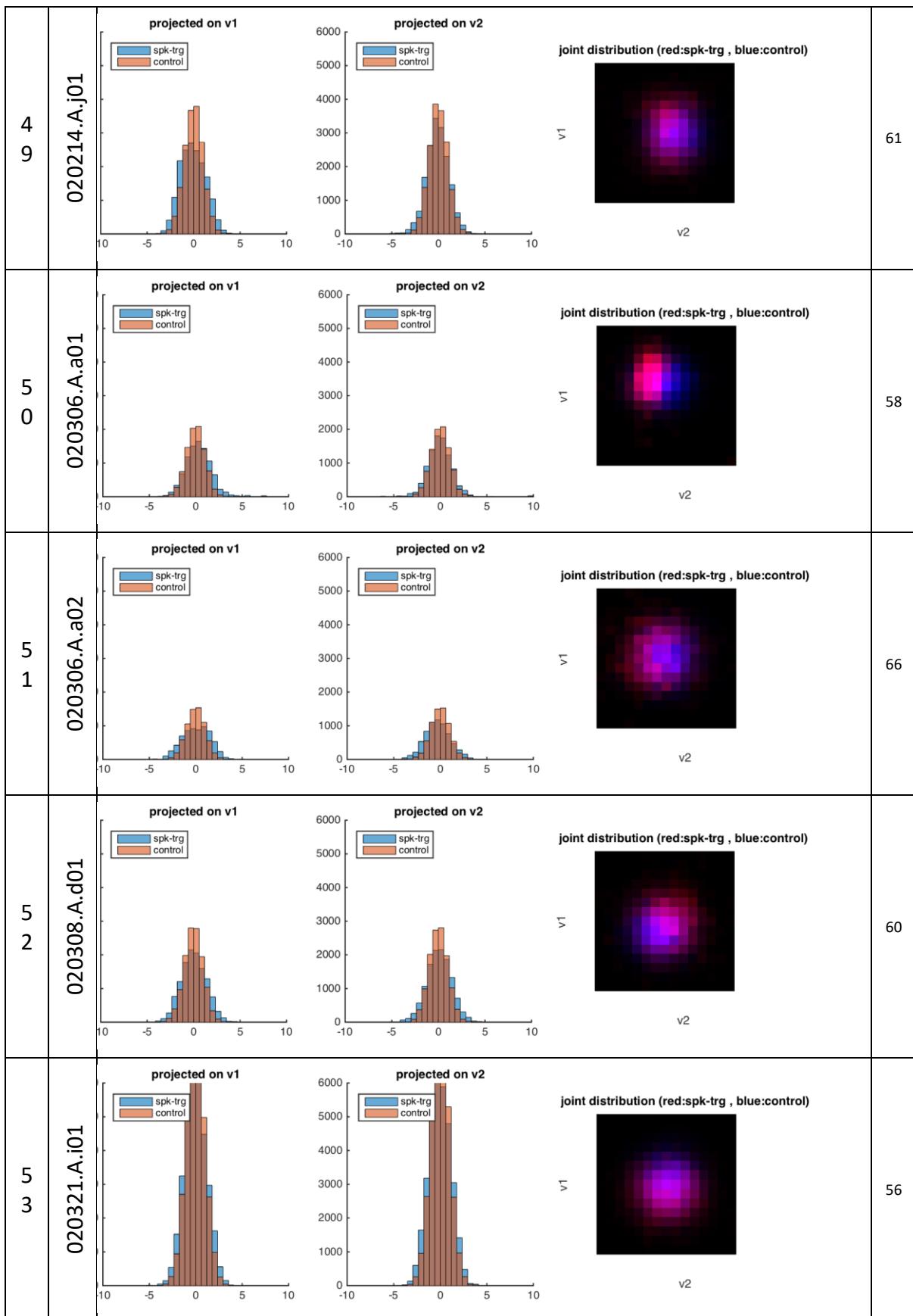


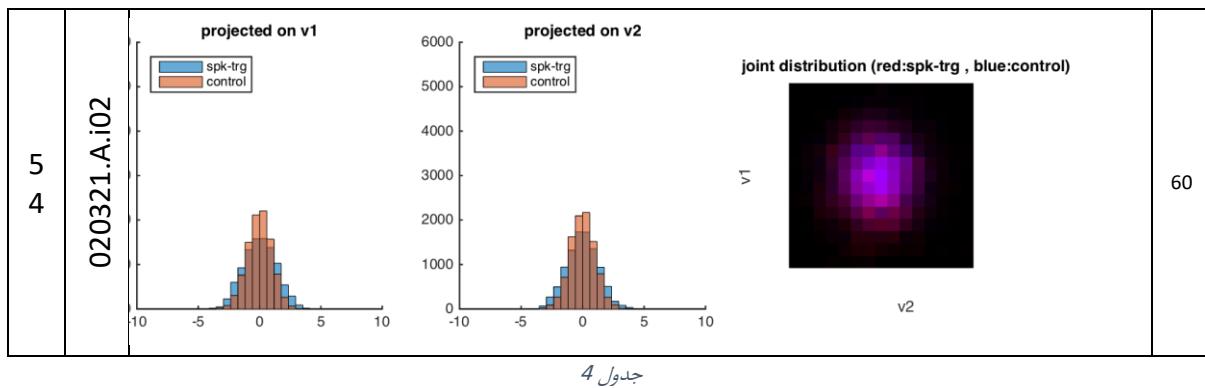












۷. شاید برای معنادار بودن یک پترن تعريف مناسبی نداشته باشیم اما به نظر می‌رسد فیلترهای بدست آمده با این روش مناطق روشن و خاموش مشخص‌تری از STA دارند. همچنین وجود برخی از ساختارها در آنها می‌تواند نشانه‌ای از با معنی‌تر بودن باشد، مانند تاثیر کمتر زمان‌های دور و اختلاف فاز ۹۰ درجه‌ای بین دو فیلتر (که ظاهرا با انتظارات مدل‌های انرژی برای نورون پیچیده مطابق است). در قسمت بعد سعی می‌کنیم شاخص دیگری برای معنادار بودن پترن معرفی و آن را بررسی نماییم.

## قسمت پنجم: سوال دلخواه

همانطور که در سوال آخر قسمت قبل اشاره شد، به نظر می‌رسد تعريف دقیقی از این که یک پترن به چه اندازه با معنی است نداشته باشیم. البته می‌توان بازه اطمینانی برای پترن‌ها تعريف کرد (همانند آنچه که در سوال دوم قسمت سوم انجام شد) اما با معنی بودن در اینجا فراتر است و ممکن است تعییر آن انطباق با انتظاراتی باشد که از receptive field نورون‌های پیچیده داریم. برای مثال دوست داریم فیلتر spatio-temporal نورون ما نواحی روشن و خاموش مشخصی داشته باشد تا بتوان عملکرد آن را ساده‌تر بر مبنای ورودی‌های receptive field های شناخته شده طبقات قبل توجیه کرد.

یک ایده خوب برای بررسی کمی وجود این نواحی مشخص می‌تواند بررسی کورلیشن یک پترن با خودش در دو زمان نزدیک یا دو مکان نزدیک باشد. اگر بخش‌های روشن و خاموش مشخص (low frequency) در ساختار پترن غالب باشند، شیفت کوچک زمانی یا مکانی نباید به جز در مرزهای روشن و خاموش تغییر چشمگیری ایجاد کند. با این ایده شبیه آنچه در مقاله اصلی تعريف شده است، spatial and temporal correlation یک پترن را این‌گونه تعريف می‌کنیم:

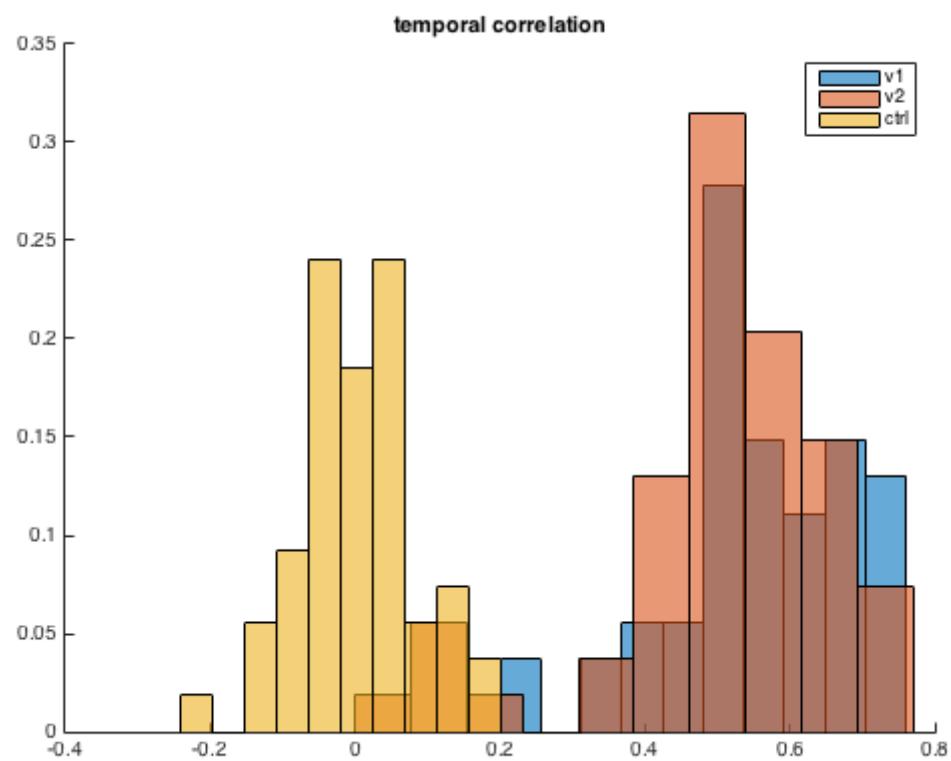
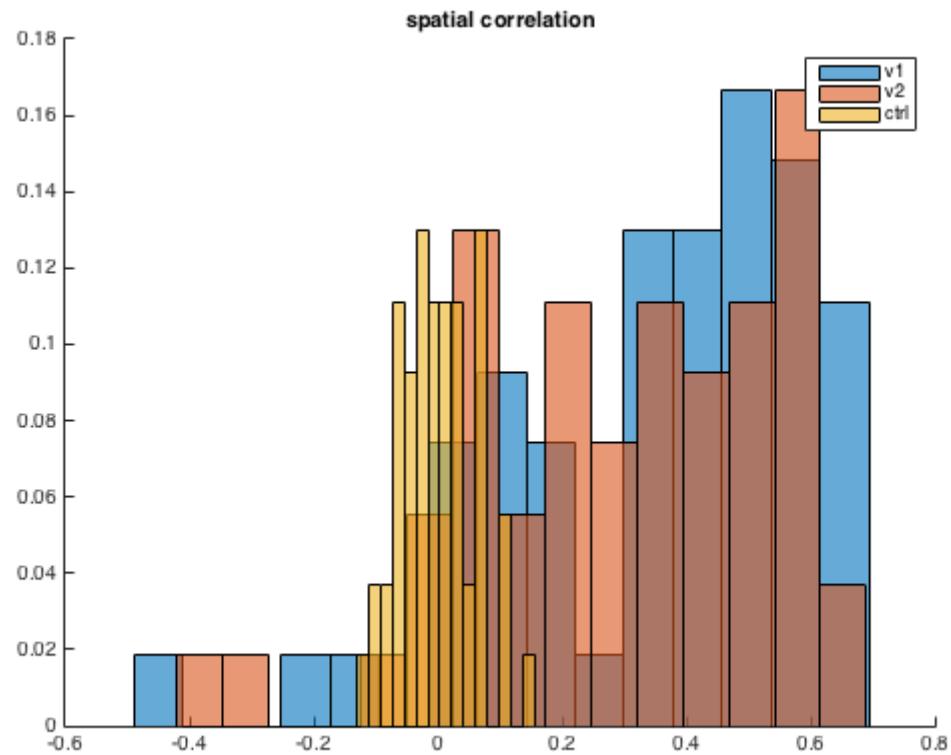
$$\text{spatial corr of } v = \frac{\sum_{x,t} v(x,t)v(x-1,t)}{\text{corr}_0}$$

$$\text{temporal corr of } v = \frac{\sum_{x,t} v(x,t)v(x,t-1)}{\text{corr}_0}$$

$$\text{corr}_0 = \sum_{x,t} v(x,t)v(x,t)$$

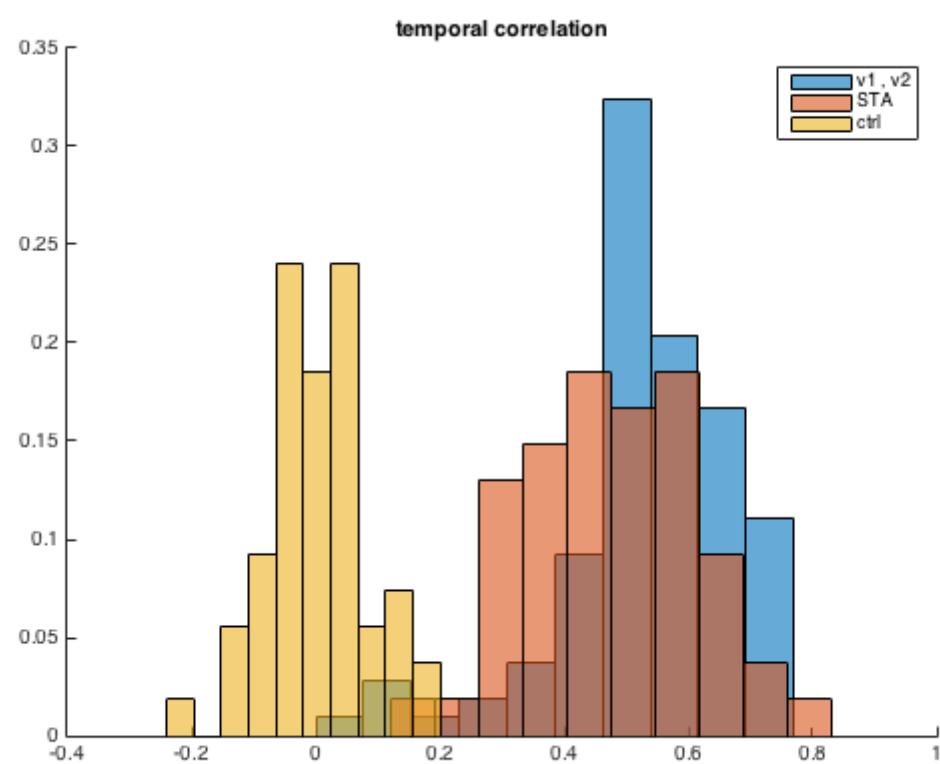
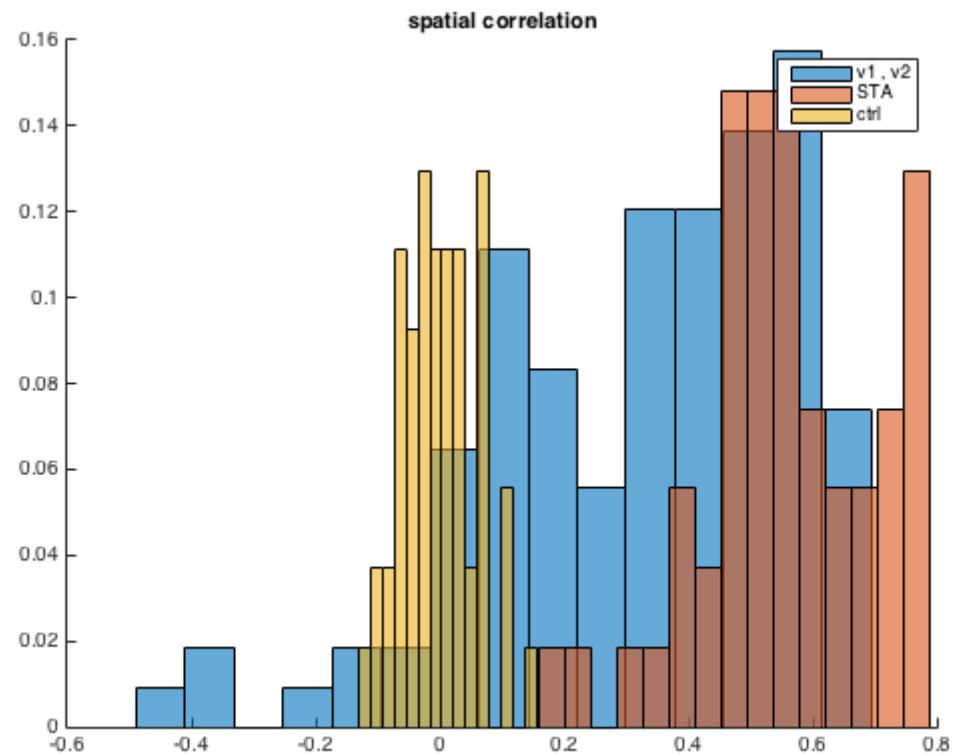
که  $v$  می‌تواند خروجی مدل PCA یا STA باشد.

corr های تعريف شده را برای همه نورون‌ها، و برای  $v_1$  و  $v_2$  (خروجی مدل PCA، قسمت چهارم) و اولین بردار ویژه خروجی PCA برای ماتریس کنترل، محاسبه می‌کنیم. توزیع corr ها در شکل‌های زیر قابل ملاحظه است.



همانطور که انتظار می‌رفت و در مقاله هم گزارش شده است، `corr` برای بردازی‌ها به طور معناداری از حالت کنترل بیشتر است.

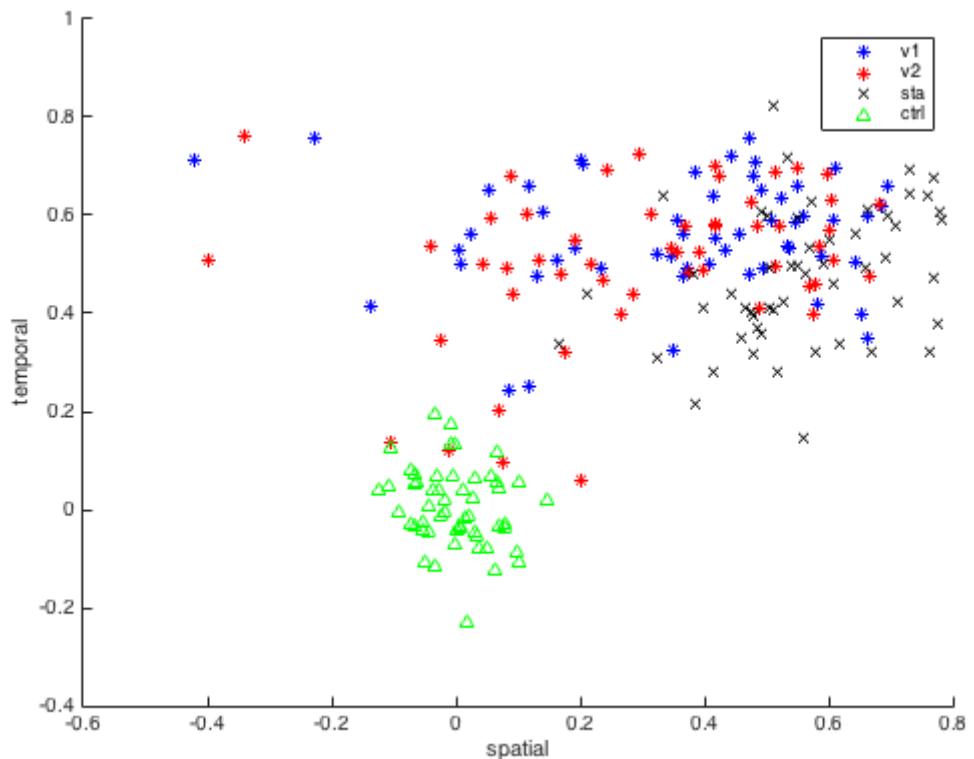
این کار را برای STA ها نیز انجام می‌دهیم و این بار اجماع توزیع‌های  $corr(v_1)$  و  $corr(v_2)$  را در نظر می‌گیریم. نتیجه در ادامه قابل ملاحظه است.



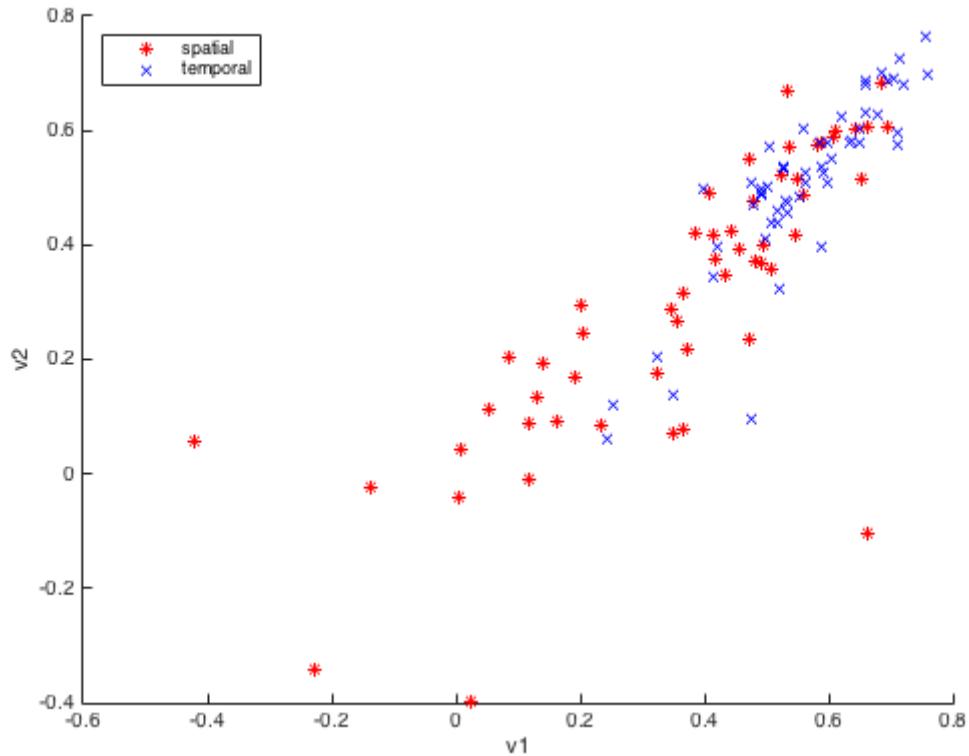
بر خلاف انتظار  $\text{corr}$  های زمانی و مکانی  $\text{STA}$  به همان اندازه یا بیشتر از  $\text{corr}$  های مدل PCA محاسبه شده‌اند. لذا حداقل به معنایی که در ابتدای این بخش تعریف کردیم بردارهای ویژه معنای بیشتری از  $\text{STA}$  نمی‌دهند. به نظر می‌رسد همچنان لازم باشد شاخص‌های دقیق‌تری برای سنجش معنادار بودن پترن‌ها معرفی کنیم.

در ادامه این بخش تصمیم گرفتیم همبستگی  $\text{corr}$  های معرفی شده را با یکدیگر و با سایر پارامترهای موثر در مسئله بررسی کنیم.

اولین مشاهده غیرمنتظره ناهمبسته بودن  $\text{corr}$  مکانی و زمانی پترن‌ها است. برخلاف انتظار ما بالا بودن  $\text{corr}$  در یک بعد، نتیجه‌ای راجع به بالا بودن  $\text{corr}$  در بعد دیگر نمی‌دهد (شکل زیر را بینید).



اما  $\text{corr}$  های  $v_1$  و  $v_2$  (خروجی PCA) در هر بعد (مکان ، زمان) بسیار به یکدیگر وابسته هستند و این یعنی با شاخص ما معنادار بودن یک بردار ویژه به احتمال زیاد معنادار بودن بردار ویژه دیگر را نیز نتیجه می‌دهد.



حاشیه: به عنوان نکته‌ای خارج از بحث به نظر می‌رسد نورون‌ها با محاسبه **spatial correlation** به دو دسته معنادار تقسیم می‌شوند (توزیع‌های ابتدای سوال یا شکل sort شده corr ها را در ادامه ببینید). تلاش‌های ما برای پیدا کردن پارامتر شناخته‌شده‌ای (مانند سایر corr ها، مقدارویژه‌ها) با توزیع متفاوت در دو گروه بی‌فایده بود لذا نمی‌توانیم تعبیری از این خوش‌بندی داشته باشیم.

