# ROI ファイル作成方法

Ver. 1.0

2011/06/09

#### <u>はじめに</u>

**Functional ROI** 

 $\underline{Structural\ ROI}$ 

Hand-maid ROI

更新履歴

連絡先

## はじめに

本資料では、Brain Decoder Toolbox (BDTB) で使用可能な ROI (Region Of Interest) ファイルの作成方法を説明します.

ROI ファイル作成には、以下のソフトウェアが必要です。 お持ちでない場合は、各自でご用意ください。

- ・SPM (本資料では ver.5 を想定しております) http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/
- ・WFU PickAtlas (本資料では ver.2.4 を想定しております) http://fmri.wfubmc.edu/software/PickAtlas
- · MRIcro

http://www.cabiatl.com/mricro/

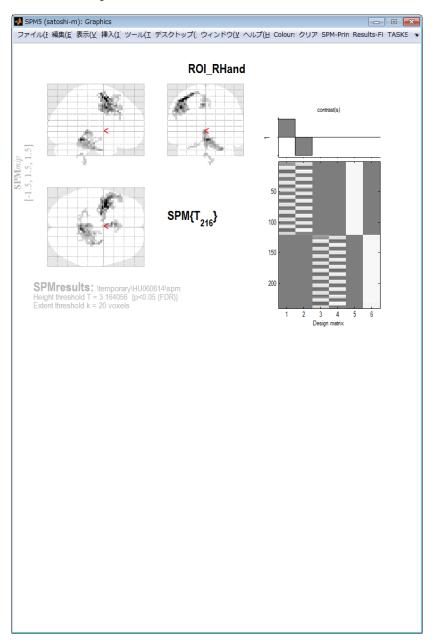
また,各ソフトウェアの詳細な使い方につきましては,各ソフトウェアのマニュアルを参照ください.

本資料では、ROIファイル作成に必要な使い方のみの説明になります.

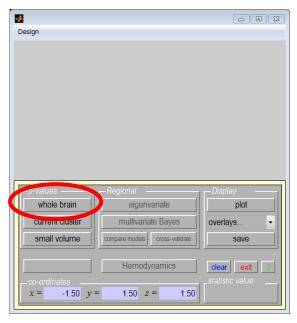
### Functional ROI

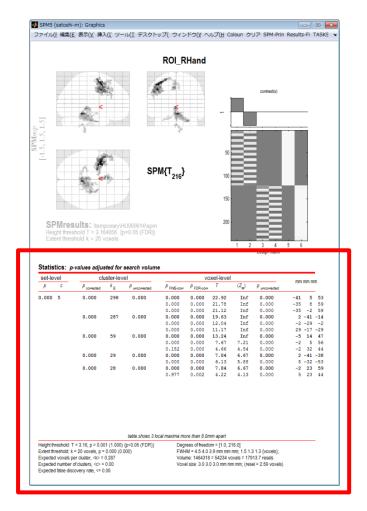
SPM にて ROI セッションのデータ解析を行い、そのセッションにおいて活動していた 領域を ROI ファイルとして保存します.

- 1. ROI セッションの SPM 解析を行います.
- 2. SPM 解析結果を "Graphics" ウィンドウに表示させます.

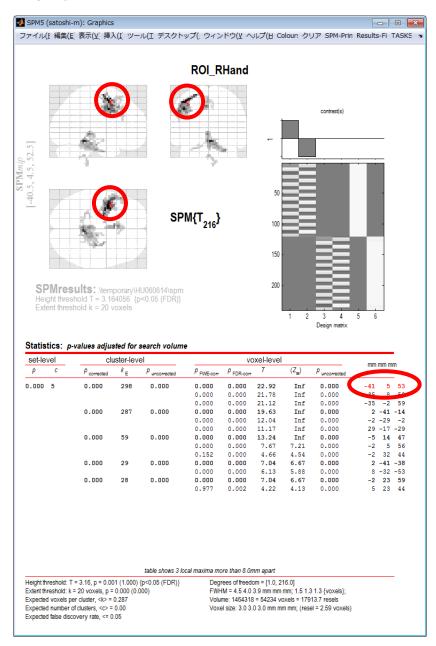


3. "whole brain" ボタンをクリックし, Graphics ウィンドウに voxel 情報を表示させます.





4. ROI として使用したい voxel 群の"mm mm mm"欄をクリックし、選択します. 座標値が赤く変わることと、脳画像中の選択した voxel 群に赤い矢印が表示されることを確認してください.



5. MATLAB コマンドウィンドウにて,

>> [x, i] = spm_XYZreg( 'NearestXYZ' , ans, xSPM.XYZmm);	1
--	---

$$\Rightarrow$$
 C = find(A==A(i)); 3

$$\rightarrow$$
 roi = xSPM. XYZmm(:, C);

$$\Rightarrow$$
 roi(4.:) = xSPM. Z(:, C); (5)

と入力, 実行します.

処理内容を簡単に説明しますと,

- 4. でクリックした座標値が変数 "ans" に格納されており、
- ①で、その座標が含まれるクラスタ ID を取得、
- ②で、各 voxel のクラスタ ID リストを取得、
- ③で、選択した voxel 群のインデックスを取得、
- ④で、その voxel 群の座標値を取得、
- ⑤で、その voxel 群の輝度値を取得、
- 変数 "roi" に、4(x,y,z,輝度値) $\times$ voxel 数 というフォーマットで格納します. (各関数の詳細は、各関数のヘルプを参照ください)
- 6. 変数 "roi" を,ファイルに保存します.

BDTBでは、"VOX\_"から始まるファイル名をデフォルトとしております.

#### Structural ROI

解剖学的に定義された領域を ROI ファイルとして保存します.

- 1. WFU PickAtlas を起動します.
  - a. MATLAB にて
    - >> wfu\_pickatlas

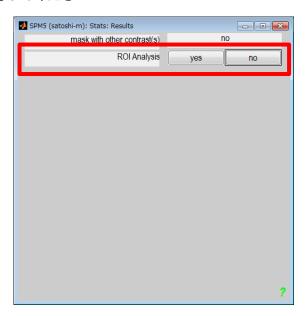
とコマンドします.

- b. SPM を起動し, "Toolbox:" から "wfupickatlas" を選択します.
- 2. WFU PickAtlas にて、ROI を作成し、画像ファイルとして保存します.
- 3. 作成された ROI 画像ファイルは標準脳座標系のため、個人脳座標系に変換します. (標準脳座標系にて解析を行う場合は、この処理を飛ばしてください)
  - i. SPM にて Normalize 処理を行います.

ROI 画像ファイルを変換するためのパラメータファイルを取得するために行います. 解析するデータが Normalize されてしまわないよう, ご注意ください.

- ii. SPM を起動し、"Graphics" ウィンドウのメニューバーから "TASKS" – "Util" – "Deformations" を選択します。
- iii. Graphics ウィンドウ内 "Deformations" "Composition" で "New "Inverse"" を 選択します.
- iv. "Deformations" "Composition" "Inverse" "Composition" で"New "Imported \_sn.mat"" を選択します.
- v. "Deformations" "Composition" "Inverse" "Composition" "Imported \_sn.mat" で, i. の Normalize で生成された"\*\_sn.mat" ファイルを指定します (ex. 3D\_sn.mat).
- vi. "Deformations" "Composition" "Inverse" "Image to base inverse on" で, i. の Normalize で使用した個人脳画像を指定します (ex. 3D.img).
- vii. "Deformations" "Apply to" に, 2. で作成した ROI 画像ファイルを指定します。
- viii. "Run" ボタンをクリックすると, vi. で指定したファイル名の頭に"w" が付いた 変換ファイルが作成されます.
- 4. ROI セッションのデータを SPM にて解析します.
- 5. 解析結果の表示("Results")のパラメータ設定において、"mask with other contrast(s)" と "title for comparison" との間に表示される "ROI Analysis" にて "yes"を選択します.

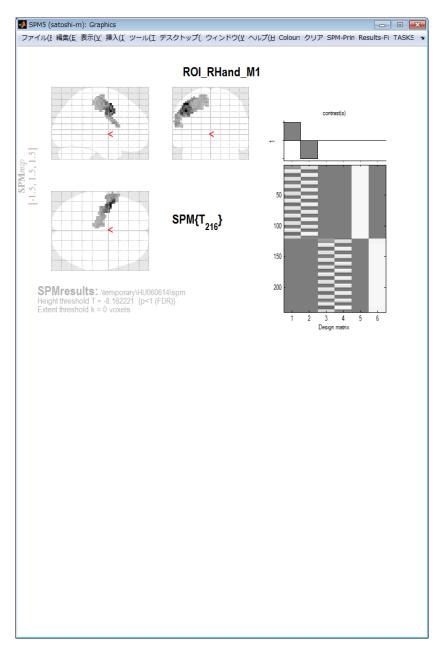
"ROI Analysis" が表示されないときは、MATLAB にて、WFU PickAtlas にパスが通っているかを確認してください



6. "ROI analysis from"にて"Saved File"を選択します



- 7. 作成した ROI 画像ファイル(個人脳座標系へ変換した場合は "w" 付きのファイル)を 選択します.
- 8. 解析結果を "Graphics" ウィンドウに表示させます.



9. <u>Functional ROI の 3.</u> 以降と同様に行い, ROI ファイルを作成します.

### Hand-maid ROI

脳画像上で、自分で領域を指定し、ROI として保存します

- 1. MRIcro で、脳画像を開きます.
- 2. "Region of Interest" のツールを使い, 領域を指定します.
- 3. メニューバーから "ROI" "Export ROI as Analyze image..." を選択し、画像ファイルとして保存します.
- 4. <u>Structural ROI の 5.</u> 以降と同様に、作成された画像ファイルをマスクとして使用します.

## 更新履歴

Ver. 1.0 2011/06/09

## 連絡先

村田 賢 (むらた さとし)

(株)国際電気通信基礎技術研究所 脳情報研究所 神経情報学研究室 研究技術員

satoshi-m@atr.jp