

目 次

はじめに	4
本書の目的・限界・対象者・使い方	4
センサーベース/ソースベース解析とはなんぞや	4
スラングや用語の説明と unix 系のお約束	5
それぞれの研究に必要な環境・特色のまとめ	6
MNE/python とは	6
freesurfer とは	7
それぞれのソフトの関係性～それ office に例えるとどうなの？～	7
MRI と脳磁図計と ELEKTA 製ソフトの準備	8
コンピュータの準備	8
OS の準備	8
開発環境の準備（脳波、脳磁図の場合。出来るだけリッチに。）	9
jupyter の設定（やり得）	9
jupyter での plot	12
python2,3 二刀流（現時点では不要）	12
R を jupyter で動かすために（非常に便利）	12
バージョン管理 git	13
jupyter で作ったスクリプトのバージョン管理（小技）	13
方法 1	14
方法 2	14
コンピュータクラスタ（計算量が膨大な場合）	14
maxfilter のインストール（MEG 研究の場合）	16
freesurfer6 のインストール（MRI 使う場合）	17
MNE/python のインストール（脳波、脳磁図をする場合）	19
MNE/C のインストール（脳波、脳磁図をするばい）	20
コラム 1-SNS の活用	20
mricon のインストールと変換（MRI を使う場合）	20
mricon による MRI のファイルの変換	21
freesurfer を使う（MRI）	23
recon-all 同時掛け（freesurfer）	23
freesurfer の解析結果の表示	23
解析結果の修正の必要性	24
画像解析の修正	24
SkullStrip のエラー	25
脈絡叢の巻き込み	25
眼球が白質と間違われた時	25
頭蓋骨と間違って脳をえぐっているとき	26
白質の内部に灰白質があると判定されるとき	26
白質が厳しく判定されているとき	26

MNE を使う	26
jupyter の起動	27
MNEpython を使う前に学んでおくべきモジュール	27
numpy で遊ぼう	27
コラム 2-恐るべきモヒカン達とぼく	28
データの読み込み...の前に maxfilter(脳磁図の場合)	29
解析を始める前の warning!	29
python での高速化のあれこれ	29
for 文とリスト内包表記	29
numpy	30
並列化(白魔術、弱)	30
クラスタレベルの並列化(白魔術、強)	30
Cython(黒魔術、使いこなせば相当強い?)	31
C 言語、C++、FORTRAN(最終兵器)	32
色々やる時のおまじないセット(必須?)	32
作図用おまじないセット(必須)	33
データの読み込みとフィルタリング・リサンプル(公式サイト版)	33
データの読み込みと filter,resample(僕の解説)	34
脳波読み込みの問題	35
bad channel の設定	36
ICA をかけよう	36
Epoch と Evoked	40
データの plot、主に jupyter 周り、そして PySurfer	40
多チャンネル抜き出し	44
センサーレベル wavelet 変換	44
そもそも wavelet 変換とは何なのか	44
wavelet 変換にまつわる臨床的な単語	46
wavelet 変換の実際	46
データの集計について	47
R と padas の連携、特に ANOVA について	49
ソースレベル MEG 解析	51
手順 1、BEM 作成	51
手順 2、ソーススペース作成	52
手順 3、trans	52
手順 4、順問題	54
手順 5、コヴァリアンス	54
手順 6、逆問題	55
手順 7、その後のお楽しみ	55
コラム 3-markdown で同人誌を書こう！	55
初心者のための波形解析	56
波形解析で得たいものと、必要な変換	56
フーリエ級数	57
複素フーリエ級数	58
結局何をしているのか	59
臨床的な数値を算出する	59

そして wavelet 変換へ	59
コラム 4-ニューラルネットワーク	60
ソースベース推定の理屈	60
おすすめの参考書	60
おすすめサイト	61
おすすめ SNS	61
おすすめソフト	62
参考文献	62

はじめに

現代では脳は電気で動いている、と信じられています。
しかし、どのような挙動なのかはまだまだ分かっていません。
だから、貴方は研究をしたくなります。（それは火を見るより明らかです）
しかし、脳の解析は難しく、技術的な入門書、特に和書に乏しい現状があります。
だから同人誌を書くことにしました。
本書では脳磁図、脳波、MRI 解析を「体で覚える」べく実践していきます。
さあ、MNE/python、freesurfer の世界で良い生活を送りましょう！
…というか、周りに MNEpython 使いほとんど居ない…一人じゃ辛い。

本書の目的・限界・対象者・使い方

MNE/python や freesurfer を用いて脳内の電源推定…特にソースベース解析を行うための
解析環境の構築と解析の基礎を概説します。可能な限り効率的な解析環境を構築し、樂をします。
僕が個人的に考えている事もちょくちょく書きます。

本書の限界は僕のスキル不足（1年と少しかやっていない）と、これが同人誌であることです。
初心者の書いた不確実なものとして、疑って読んでいただければ幸いです。

本書の対象者は以下のとおりです

- 脳磁図計を使って脳の生理学的研究をしたい初心者
 - 脳磁図計を使って研究しているけれど、コーディングが苦手な中級者
 - 頭部 MRI 研究で freesurfer を使いたい初心者
 - 脳波研究で、応用的な解析をしたい初心者
- また、前提条件としてターミナルやプログラミングを怖がらないことがあります。
(プログラミング未経験者の質問にも出来るだけ答えたいと思います)

脳研究の経験者は MNE/python とはから読んでいけばいいです。

MNE/freesurfer 経験者なら OS の準備から読めばいいです。

コンピュータは自転車みたいなもので、基本は体で覚えていくしかないと思っています。
分からなければググることが大事です。qiita¹等で検索するのも良いでしょう。

センサーベース/ソースベース解析とはなんぞや

脳の中の電気信号を調べる方法としては脳波や脳磁図²が有名です。
脳波や脳磁図のセンサーで捉えた信号を直接解析する方法を
センサーレベルの解析と言います。これは伝統的なやり方であり、
今でも多くの論文がこの方法で出ている確実な方法です。

しかし、脳波や脳磁図は頭蓋骨を外して直接電極をつけないと
発生源（僕達はソースと呼びます）での電気活動はわかりません³。

¹日本のプログラマ用の SNS の一つです。

²脳波は電気信号を捉えますが、脳磁図は磁場を捉えます。電気と違って拡散しないので空間分解能に優れますが、ノイズに弱いです。超電導を使うので信頼度も高いです。 <http://www.elekta.co.jp/products/functionalmapping.html>

³動物実験では脳に電極刺す実験はされていますが、人には刺せません。

普段計測している脳波・脳磁図は所詮は「漏れでた信号」に過ぎないです。
では、一体どうすれば脳内の電気信号を非侵襲的に観察できるのでしょうか？
方法は残念ながらない⁴のですが、推定する方法ならあります。
その中の一つの方法として、脳磁図と MRI を組み合わせ、
MNE という python モジュールを使って自ら解析用スクリプトを実装する方法があります。
ソースベース解析というのはあくまで推定であり、
先進的である一方でまだまだ確実性には劣るやり方との指摘もあります。

ちなみに、脳波のソースベース解析もあるにはあるのですが、
脳波は電流であるため磁力と違って拡散してしまう性質があります。
実際、脳波でのソースベース解析とセンサーベース解析の結果が
不一致であったという研究が発表されています。⁵

スラングや用語の説明と unix 系のお約束

本書では下記の言葉を使っています。伝統的なスラングを含みます。
適宜読み替えていってください。それ以外にも色々スラングあるかもです…。

- hoge:貴方の環境に応じて読み替えてください、という意味のスラング
fuga,piyo も同じ意味です。ちなみにこれは日本語です。
- 叩く:(コマンドをターミナルから) 実行するという意味の他動詞
- 回す、走らせる:重い処理を実行するという意味の他動詞
- ターミナル:いわゆる「黒い画面」のこと。Mac ならユーティリティフォルダにある。
- .bash_profile:ホームディレクトリにある隠し設定ファイルです。
環境によって.bashrc ったりしますし、両方あることもあります。
貴方の環境でどちらが動いているか(両方のこともある)確認して設定してください。
- 実装:プログラミングのことです。プログラムを書くことです。

本書で「インストールにはこうします」とか言ってコマンドを示した場合は
文脈上特に何もない場合、ターミナルでそれを叩いてくださいという意味です。
python の文脈になったら python です。この辺りは見慣れれば判別できます。

⁴他に脳の活動を調べる方法として磁力を照射する fMRI や赤外線を照射する NIRS などがあります。 fMRI は電気信号ってわけでも無さそうです。 NIRS は赤外線で脳血流を捉えるのですが、頭皮の血流をいっぱい拾ってしまうので大変です。

⁵<http://biorxiv.org/content/early/2017/03/29/121764>

それぞれの研究に必要な環境・特色のまとめ

本書ではまず環境を構築しますので、色々インストールが必要です。
必要物品についてまとめると下記です。

- 脳波研究

python(本書では anaconda 使用)、MNE/python
安価で普及していますが、まだ多くの謎が眠っている分野です。
脳の深部の信号に強いですが、空間分解能が低いです。

- MEG センサーレベル研究

python(本書では anaconda 使用)、MNE/python、MNE/C、ELEKTA 製 maxfilter
ノイズに弱く、脳の深部に弱く、莫大な資金が必要な希少な機器です。
それさえクリアできれば処理の重い脳波みたいなものです。

※ノートでは厳しいです。

- MRI 研究

freesurfer、mricon
莫大な資金が必要ですが、それなりに普及しています。
ネタが尽きようとも、新たな理論を持ち出してくる根性の分野です。
※ノートでは無理です。
※コネクトームを解析する場合は anaconda 必要

- MEG+MRI ソースレベル研究

MEG と MRI を組み合わせた応用編となるため、紹介したもの全てが必要です。
本書の本題です。MRI の空間分解能と脳磁図の時間分解能を備えた
まさに †最強の解析† ...のはずなんですが、どうなんでしょうね?
あまり頭の良くない僕にはこの理論はあまりに難しく、頭がクラクラします。
※膨大な計算量が必要なため、ワークステーションが必要です。

MNE/python とは

脳磁図を解析するための python⁶用 numpy ベースのソフトウェアフレームワーク
(関数の集まり?) です。自由度が非常に高いです。(引き換えに難易度が高いです。)
wavelet 変換、コネクティビティ、その他あらゆる事が出来ます。

出来るのですが...使いこなすためには深い深い生理学の知識が必要です。

ちなみに元来脳磁図用なのですが、脳波を解析することも出来ます。

C 言語で実装された MNE/C というのもあり、併用する必要があります。

最近は MNEpython に機能を移しているそうですが、移行はまだ完全ではないからです。

両方共フリーウェアですが、MNE-C は登録が必要です。

開発は活発で、最近新バージョンとして MNE/python 0.14 と

freesurfer6.0 と python3.6 が、立て続けにリリースされました。

導入と紹介を書いていこうと思います。ちなみに、新しければいいというわけではないです。

python3.6 は使いません。(`・ω;;:....

⁶コンピュータ言語の一つ。速度を犠牲にして、書きやすさを追求した言語。科学計算の世界では現時点では広く普及しています。MATLAB と似ていますが、python は無料でオブジェクト指向の汎用言語なので、応用範囲がスマホアプリにまで及び、習得して損をすることはまずないでしょう。

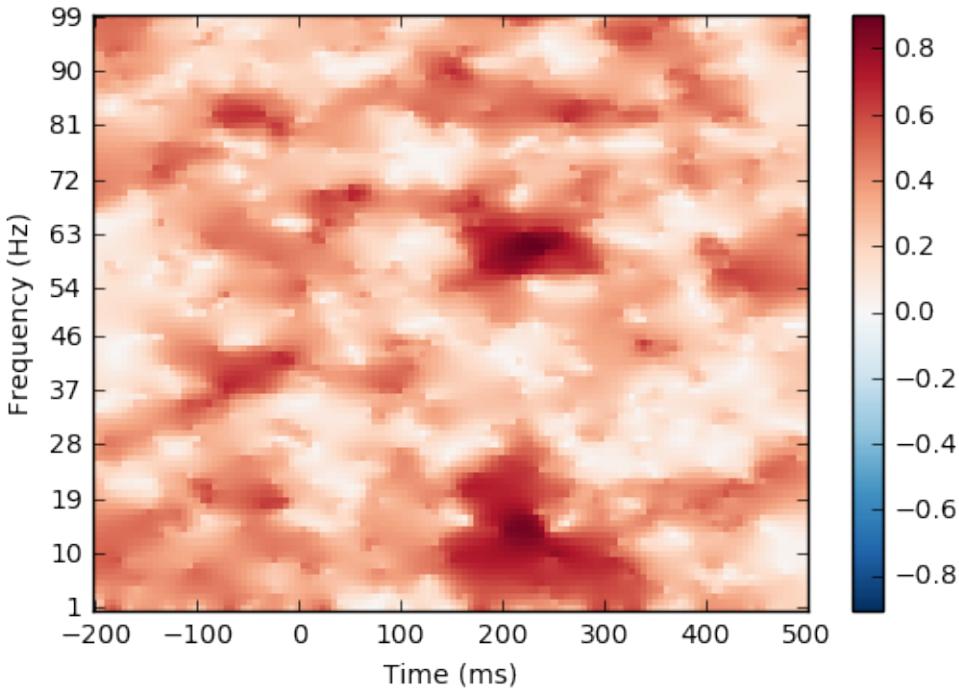


図 1: wavelet 変換の出力例

freesurfer とは

頭部 MRI を解析する為のソフトです。自動で皮質の厚さやボリュームを測れるだけでなく最近は fMRI でコネクティビティの算出が出来るようになるなど、かなり賢いです。

反面、激重な上にサイズが大きく bash 使う必要があります。

その上、違う CPU 使ったら結果が変わる仕様があり、正しく扱わないとジャジャ馬とかします。

最近頭部 MRI 研究で勢力を伸ばしつつあり、最早スタンダードの一つだそうです。フリーウェアです。

それぞれのソフトの関係性～それ office に例えるとどうなの？～

いきなり MNEpython と言われても初心者にはよくわからないようです。

unix 系もコンピュータ言語も触ったことない人には例え話のほうが良いかも知れないで、初心者のために、登場するソフトの名前を例え話で話してみます。

凄く乱暴な例えではあります。

MNE	役割	オフィスに例えると？
anaconda,pip,homebrew	ソフトをインストールするソフト	app store,google play, 人事部
spyder,jupyter	実際に色々書いたりするソフト	word,excel, 筆記用具
python	言語	日本語、命令書の書式
MNE	言語で動く命令セット	excel の関数、社内文書に従って動く部下
mricon	変換・表示用ソフト	画像変換ソフト, 通訳
freefurther/freeview	MRI 画像処理ソフト	photoshop, 何でも一人でこなそうとする部下
ELEKTA 製ソフト	MEG を運用する	スキャナ、取材班

MRI と脳磁図計と ELEKTA 製ソフトの準備

必須ですが † 億単位の金 † が必要なので本書では割愛します。
読者の中で買える人が居るなら買うと良いんじゃないかな。

コンピュータの準備

必要な性能はどこまでやるかにもります。脳波解析なら普通の市販のノートでも十分です。
MRI やソースベース解析やるなら高性能なのがいいです。
また、高性能でも 24 時間計算し続けるような場合ノートではダメです。
その場合は大型ワークステーション…小さくてもデスクトップ機を使って下さい。
ノートは性能に限界があるだけでなく、排熱機構が弱いので
数日計算し続けると火災が発生する可能性があります。⁷
メモリいっぱい、CPU は多コアがいいです。ソースベース解析するなら quadro とか載ってるやつも
良いかもしれません⁸。どの程度のものが必要かは実験系によります。
メモリが大量に必要で、GPU より CPU 使う場面が多いため重視する性能は
メモリ > CPU > GPU と思います。
freesurfer は OS や CPU が変わったら結果が変わるという仕様がありますから
「このコンピュータを使う」と固定する必要があります。

OS の準備

OS は linux か MAC が必要で、windows では仮想環境なしではつらいです⁹。
かなり性能を要求する処理となると思われるため windows+仮想環境はおすすめしません。
freeBSD も出来るかも分かりませんが、僕はしていません。
僕は新しめの debian 系 linux である UBUNTU¹⁰ または MAC を使います。

linux でも新しめのメジャーな linux ディストリビューションを勧める理由は
CUDA 等の技術に対応していたり、ユーザーが難しいことを考えなくて良いことが多いからです。
debian 系を使う理由はパッケージ管理ソフトの apt が優秀でユーザーが多いことです。
MAC の場合は apt の代わりに homebrew(https://brew.sh/index_ja.html) を用いることになります。
以下、UBUNTU16.04LTS か macos10.12 を想定して書いていきます。
UBUNTU16.04LTS は下記サイトから無料でダウンロードできます。

<https://www.ubuntulinux.jp/ubuntu>

僕自身は少しでも速く処理して欲しいので、誤差範囲かもですが linux では軽量デスクトップ環境に
変えていきます…ここは任意です。 MAC を使う場合は homebrew というパッケージマネージャを
インストールすると色々楽になることがあります。

https://brew.sh/index_ja.html

⁷ あくまで本番環境ではの話です。例えばノートを通してサーバーやワークステーションを動かすとか、スクリプトの雛形を作る
という用途であればソースベース解析でもノートは実用性に優れています。

⁸ ブランドにこだわらずに探せば 20 コアとかのマシンが 40 万円も出せば買えます。グラボは nVidia 製にして下さい。 AMD は
科学計算に弱いです。

⁹ 実は windows でも bash on windows という unix 系互換昨日が出来つつありますが、出来たばかりで成熟しているかという
疑問です。

¹⁰ UBUNTU は Canonical 社によって開発されているオープンソースの linux ディストリビューションであり、人気があります。
debian というディストリビューションをベースに作られています。

開発環境の準備（脳波、脳磁図の場合。出来るだけリッチに。）

- freesurferだけ使う人は開発環境は要りません。読み飛ばして下さい。
- 試すだけだと、質素な開発環境でいい人も読み飛ばして下さい。

開発環境は MNE 使うなら必要です。詳しい人からは「docker¹¹じゃダメなん？」という質問が来そうですが、ライセンスの問題がありますし、セットアップは自分でできなければ困ることもありましょう。僕は anaconda¹²を使います。何故ならインストールが楽だからです。

<https://www.continuum.io/downloads>

このサイトからインストールプログラムをダウンロードします。

anaconda は 2 と 3 があり、それぞれ python2 と 3 に対応しています。2 を使って下さい。

3 は現時点ではメリットはありませんが、そのうち python2 自体のサポートが切れるのでいずれ必要になるかもわかりません。

anaconda に spyder という IDE が付いてくるのでそれを使うのもいいでしょう。

spyder はとても素直な挙動の IDE で ipython の補完機能も手伝って使いやすいです。

しかし、僕のおすすめは jupyter+anaconda2 で多言語切り替えながら使う方法です。

jupyter は web ベースの開発環境で、他の人とデータやソースコードの共有が容易なので扱ります。¹³

MAC は anaconda のインストーラーをダウンロードしてクリックしていくべきになります。

linux では anaconda はダウンロード後、ターミナルで以下のようにコマンドを叩いてインストールします。bash です。ただの sh じゃインストールできません。

```
bash Anaconda3-4.3.0-Linux-x86_64.sh
```

インストール先はホームフォルダでいいかとか、色々質問が出てきますが、そのままホームフォルダにインストールするのが気持ち悪くてもスムーズに行くかと思います。

jupyter の設定（やり得）

素の jupyter でも強力ですが、折角なので拡張しておきましょう。ターミナルで下記を叩いてください。

```
conda install -c conda-forge jupyter_contrib_nbextensions  
jupyter contrib nbextension install --user  
ipcluster nbextension enable --user
```

これで extension が使えるようになります。jupyter は機能が拡張できるので便利です。

¹¹仮想化ソフトの一つ。ほぼネイティブの速度が出るのが特徴です。

¹²anaconda とは ContinuumAnalytics 社で開発されている python ディストリビューションです。

¹³僕が jupyter を推す他の理由としてはクラスタ化して並列計算でゴリ押しが出来ること、有名なスクリプト言語の殆どに対応している事が挙げられます。

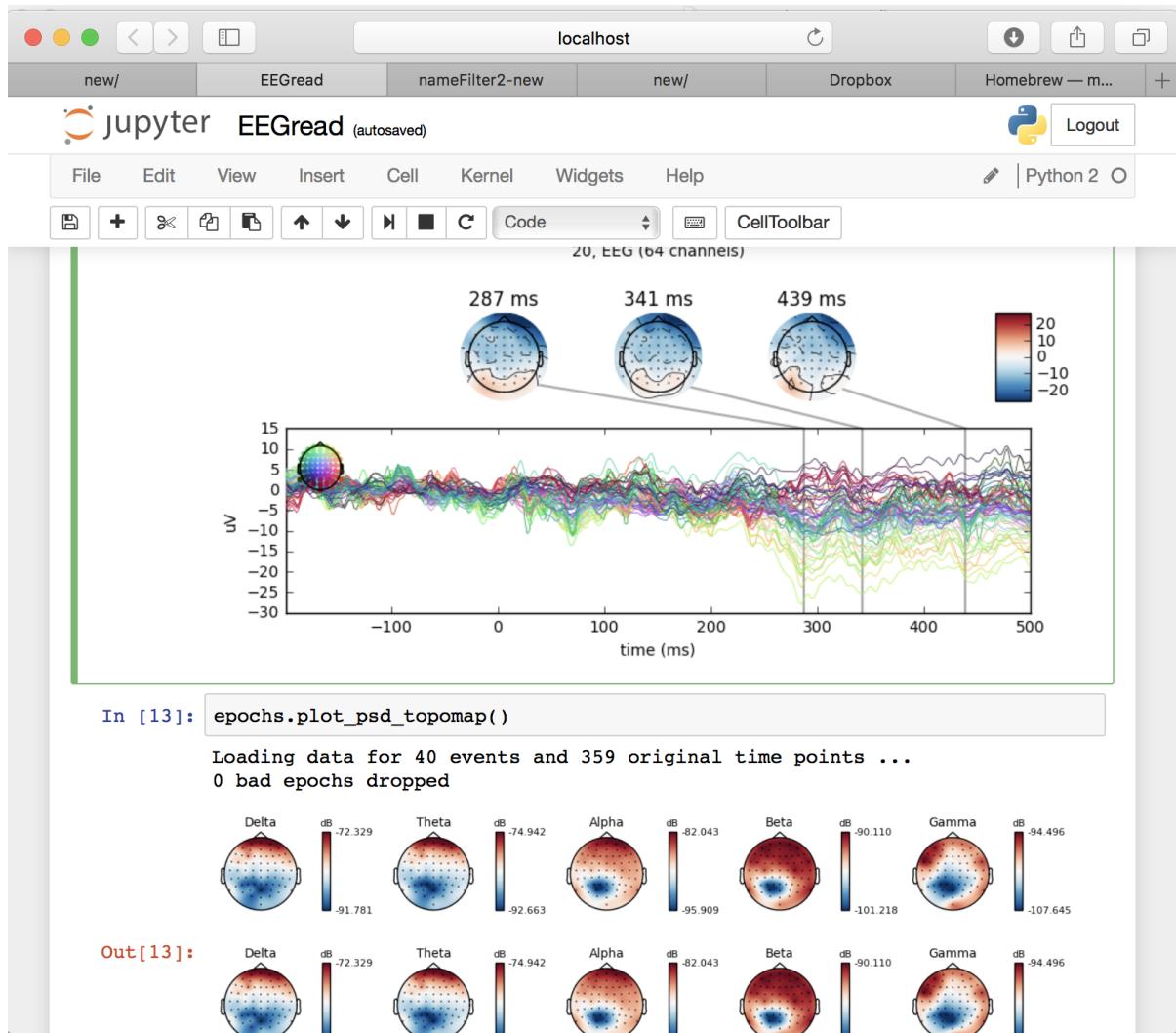


図 2: jupyter の画面。 web ベースでインタラクティブにコーディング・共有できる。詳しい人に「github ジャダメなん?」と言われましたが、このコードの共有はもっこじんまりとした、非プログラマの先輩が後輩に教えながらコーディングする小さなラボを志向したものです。

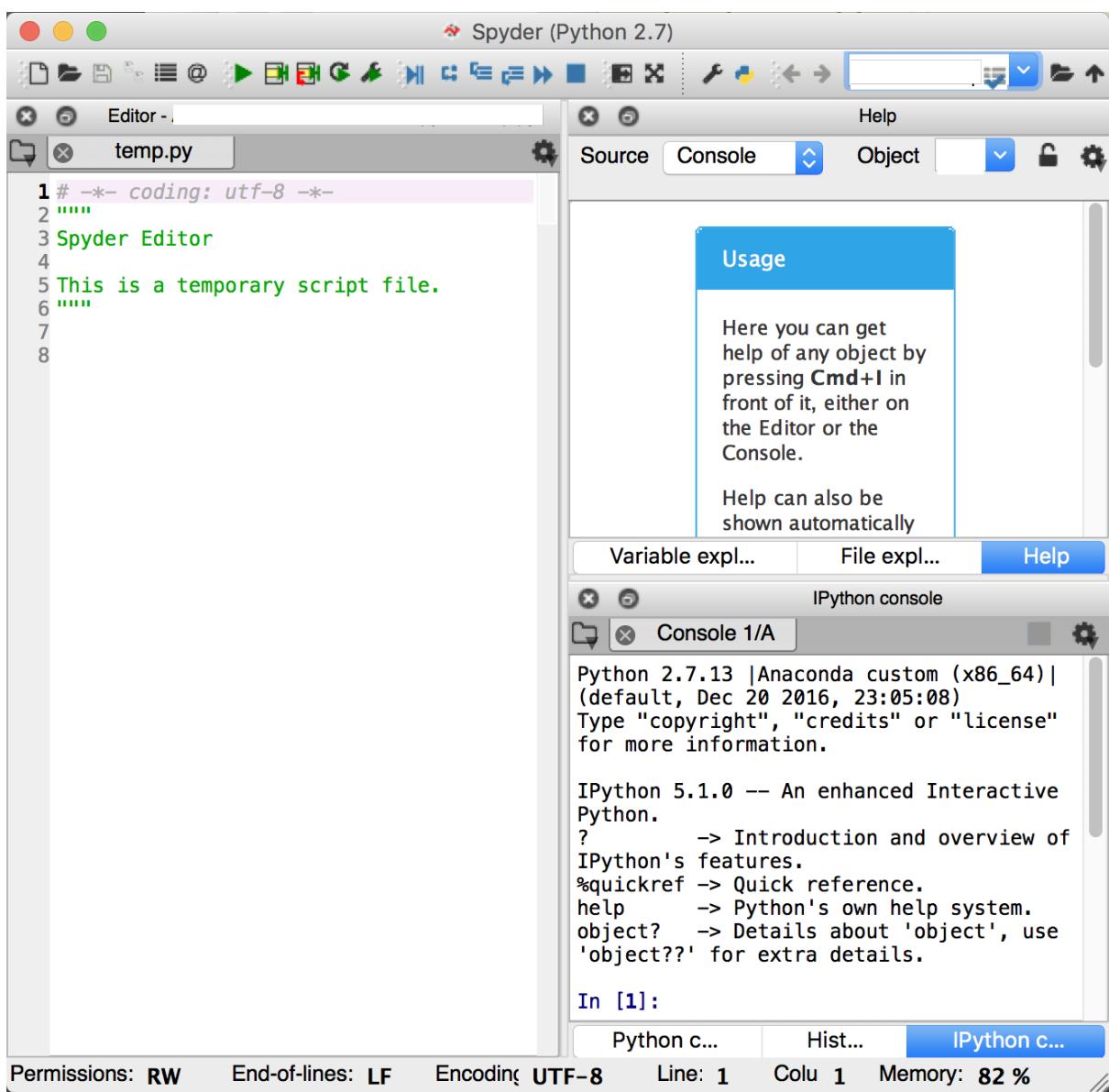


図 3: spyder の画面。ごく普通の素直な挙動の IDE。jupyter より動作が軽いのも魅力。一人で解析するならこれも良いものです。

jupyter での plot

jupyter は plot が直接画面に表示できます。

表示したい場合は、予め下記コードを jupyter 上に書いておいてください。

```
%matplotlib inline  
%gui qt
```

これについては後でまた詳しく記載します。

python2,3 二刀流 (現時点では不要)

このセクションは必要ありませんが、将来的にきっと

python2 から 3 に移行する時が MNE にもやってくると思いますので記しておきます。

python2 と 3 を二刀流すべくキーボードを叩きます。現時点では mayavi と言う
結果の図示に必要なモジュールが古い環境でしか動かず、通常は python2 系を使うべきと考えます。
以下、anaconda2 から入れた場合です。逆の場合 python2.7 と読み替えて下さい。

```
ipython kernel install --user  
conda create -n python3 python=3.6 anaconda  
source activate python3  
ipython kernel install --user  
conda info -e
```

1行目から順に何をやっているか述べます。

1. 今の python2 の環境を jupyter に載せておく
2. conda で別バージョンの python 環境を作る
3. 切り替える
4. jupyter に組み込む
5. 確認

source activate コマンドで python の環境を切り替えられます。これで jupyter で python2 と 3 を
切り替えられると思います。ちなみに間違って環境を作った場合は以下のコマンドで消せます。

```
conda remove -n python3 --all
```

R を jupyter で動かすために (非常に便利)

anaconda を使っているなら下記で R がインストールできます。

```
conda install libiconv  
conda install -c r r-essentials  
conda install -c r rpy2
```

これにより R が動くようになります。貴方は少しだけ楽になります。
何故なら、実験結果を同じ環境で動く R に吸い込ませられるので、「実験結果を入力するだけでワンクリックで統計解析結果まで出る」¹⁴ ようなスクリプトが実現できるからです。具体的には jupyter 上で

```
%load_ext rpy2.ipython
```

とした後

```
%%R -i input -o output  
hogehoge
```

という風に記述すれば hogehoge が R として動きます。plot も出来るし、引数、返り値も上述のとおり直感的です。さて、この-iですが、通常の数字や一次元配列は普通に入りますが、R ならデータフレームからやりたいものです。その場合は pandas というモジュールを使って受け渡しをします。例えばこのような感じです。

```
import pandas as pd  
data=pd.DataFrame([二次元配列])
```

```
%%R -i data  
print(summary(data))
```

python と R をシームレスに使いこなすことがこれで出来るようにになります。

バージョン管理 git

バージョン管理を知っているでしょうか？

貴方はスクリプトを書くことになるのですが、ちょっとしたミスでスクリプトは動かなくなります。そんなリスクを軽減するために、貴方はスクリプトのコピーを取ります。コピーを取り続けるうちに、貴方のコンピュータはスクリプトで埋め尽くされ、収集つかなくなります。さらに、他の人がスクリプトを手直しする時、引き継ぎとかも大変です。だから、貴方は git を使ってください。git を知らない人は、とりあえず github desktop とか source tree をダウンロードして体でそれを知ってください。詳しくは git でググってください。こことか参考になります。

<http://www.backlog.jp/git-guide/>

jupyter で作ったスクリプトのバージョン管理 (小技)

jupyter を僕は使いますが、jupyter のファイルは git しにくいです。でも、何とかなります。

方法は 2 つありますが、僕は方法 2 が楽でいいと思っています。

¹⁴ 同様に、matlab や C 等と連携をすることが簡単なのが jupyter の強みの一つだと思います。

方法 1

```
jupyter notebook —generate-config
```

このコマンドで jupyter のコンフィグファイルが作成されます。場所は /home/hoge/.jupyter です。
その上で、下記 URL に記載されている通りに書き加えます。

<http://jupyter-notebook.readthedocs.io/en/latest/extending/savehooks.html>

すると、jupyter で編集したファイルが python のスクリプトとしても保存されます。

あとは git¹⁵などで管理すればいいです。ただし、この方法は計算結果がファイル内に残りません。
しかも散らかります。

どちらかというと素直に py ファイルにしてダウンロードして git を使うほうが良いかもしれません。

方法 2

git を使いますが、git 側の設定だけでもどうにかなります。

まず、jq をインストールします。

.gitattribute に書きを書き加えます。

無ければ作ってください。

```
*.ipynb diff=ipynb
```

そして、下記を .git/config に

```
[diff "ipynb"]
textconv=jq -r .cells[] |{source,cell_type}
prompt = false
```

下記を .gitignore に

```
.ipynb_checkpoints/
```

これで jupyter notebook のファイルを git で管理しやすくなります。

コンピュータクラスタ (計算量が膨大な場合)

これは無いならないでもいいですが、解析したい人数や観察したい場所が
多くなるなら役に立つかもしれない記しておきます。科学計算はときに膨大な演算が
必要になります。ちなみに僕は今まで最長で 12 コアのワークステーションで 3 日かかっています。
ただし、パソコン初心者とかにとっては敷居高いかもしれません。
以下、UBUNTU16.04 を想定して書きます。

やり方としてはまず nfs を使ってディスクを共有します
僕はホームディレクトリをそのまま共有しました。共有元ではこうです。

```
apt install nfs-kernel-server
```

¹⁵ プログラミング用バージョン管理ソフト。敷居は高いが多機能。

次に、/etc/exports を書き換えます。

```
/home/hoge/ fuga (rw)
```

ディレクトリ、ip、オプションの順です。詳しくはググって下さい。

次に共有先のコンピュータをいじります。

まず、他のコンピュータのディスクを読むためのソフトをインストールします。

```
apt install nfs-common
```

そして、起動時にそのホームディレクトリを読みに行くように設定します。

具体的には/etc/fstab をいじります。home ディレクトリを他のところから読む設定です。

fuga は他のコンピュータの ip、hoge は

```
fuga:/home/hoge /home/piyo ext4 rw 0 0
```

あとは再起動すれば、毎回ホームディレクトリが共有されます。

必ず共有元を先に起動するようにしてください。（実はクラスタやめる時に一寸面倒くさいです）

通信方式は ssh を使うので ssh-agent を使えるようにします。まず、秘密鍵と公開鍵を作ります。¹⁶

```
ssh-keygen -t rsa
```

ssh-add コマンドで鍵を登録することが出来ます。

```
ssh-add hoge/fuga
```

下記のコマンドでちゃんと登録できたか確認できます。

```
ssh-add -l
```

下記のコマンドで SSH-agent を起動出来ます。

```
eval `ssh-agent`
```

また、ssh-agent は-A オプションつけてやるのがお勧めですが、これはまた別の話。

ssh はネットワークの基礎的な技術なので、本書ではここまでにしておきます。

詳しい事はインターネット上に分かりやすい記事がたくさんあると思いますので、検索してみて下さい。

あとは ipyparallel の機能を用いて並列計算します。ipyparallel をインストールしましょう。

```
conda install ipyparallel
```

pip でも良いみたいです。ずっと先でこの使い方を解説します。

下記の公式サイトの説明の通りにしていけば良いです。

<https://ipyparallel.readthedocs.io/en/latest/>

とはいえる、英語の公式サイトを見ながらゴリゴリ設定する…というのもきついものがあります。

ネット上ではこの記事などが参考になります。

<http://qiita.com/chokkan/items/750cc12fb19314636eb7>

¹⁶いわゆる鍵認証方式というやり方です。セキュリティと利便性を両立できる良いやり方であり、クラスタを作る時に限らず日常生活の中でもお勧めです。パスワード入れなくてもいいので楽です。

何故か僕がやると正攻法で動いてくれなかつたので、下記のやり方をとりました。
<http://qiita.com/uesseu/items/def93d1a0e829aec8e86>

maxfilter のインストール (MEG 研究の場合)

maxfilter というフィルタが MEG 研究ではほぼ必須です。
これは外から飛んでくるノイズを数学的に除去するフィルタなのですが、
MNE では特許の問題もあって信頼に足る実装が出来ていません。泣き所の一つです。
DANA というソフトと maxfilter というソフトを ELEKTA 社から貰う必要があります。
また、環境は Redhat5 または CentOs5 の 64bit 版を使うことになっています。
僕は docker¹⁷で centos5 のコンテナをダウンロードしてインストールを試みました。

```
docker run -it --name centos5 -v ~:/home/hoge centos:5
```

これで centos5 がダウンロードされ、centos5 の端末に入ります。
ELEKTA 社製のソフトは 32bit,64bit のソフトが混在しています。
依存しているものとしては 32bit と 64bit の fortran、which コマンドです。
また、neuromag というユーザーを neuro というグループに入れる必要があります。

```
yum install compat-libf2c-34.i386  
yum install compat-libf2c-34.x86_64  
yum install which  
useradd neuromag  
groupadd neuro  
usermod -a neuromag neuro
```

その上で、DANA と maxfilter のインストールスクリプトをそれぞれ動かします。

```
sh install
```

僕は難しいこと考えるのが嫌だったので、インストールファイルを HDD にコピーして
スクリプトを動かしました。インストールできたら

```
/neuro/bin/admin/license_info
```

として出力結果を ELEKTA に送り、ライセンスを取得します。
最後に脳磁図計のキャリブレーションファイルを入れる必要があります。
つまり「人が入っていない時の状態」を入れることになります。
`/neuro/databases/sss/sss_cal.dat`
`/neuro/databases/ctc/ct_sparse.fif`
この 2 つが必要です。ライセンスなどは日本法人の人間に聞いたほうが良いです。
細則があります。以上で maxfilter のインストールは終わりです。

¹⁷仮想化ソフトの一つ。ほぼネイティブの速度が出るのが特徴です。

freesurfer6 のインストール (MRI使う場合)

まずはライセンスキーを貰います。下記のサイトから貰ってください。

<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/registration.html>

このサイトからダウンロードしてください。サイズはとても大きいです。

<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/DownloadAndInstall>

あとはそこに書いてある通りにすればインストールできるのですが、
補足すべきところがあるため解説します。

MAC も linux も似たようなものなので公式サイトを見ながら読み替えてください。

MAC ならダウンロードしたインストーラーに従えばインストールできます。

linux ならダウンロードした圧縮ファイルを下記コマンドで然るべき場所に解凍します。

解凍先によっては sudo が必要です。下記は sudo ですね。

```
sudo tar -C /usr/local -xzvf freesurfer-hoge-stable-pub-v6.0.0.tar.gz
```

linux の場合は tcsh と csh と libjpeg が無いと僕の環境では動かなかったので、
インストールしましょう。

```
sudo apt install tcsh csh libjpeg62
```

ひょっとすると libxp6 がないと言われることもあるので、必要に応じて

```
sudo apt install libxp6
```

としてください。

MAC の場合とりあえず、下記のコマンドをターミナルで書けば動けるようになります。

linux の人も公式サイトに似たような呪文があるのでコピペしてみてください。

```
export FREESURFER_HOME=/Applications/freesurfer  
source $FREESURFER_HOME/SetUpFreeSurfer.sh
```

上記の FREESURFER_HOME が freesurfer が入っている場所です。

そこにライセンスキーを書き込んだテキストファイルを入れます。

ライセンスキーは手続きがうまくいっていればメールで送られてきているはずです。

題名は licence.txt としてください。

これでターミナルで'freeview' と叩けば freesurfer は動くはずです。

しかし、実はこのままでは毎回上記の二行のコマンドを打たねば動かないです。

そのため、手間を省くために下記の操作を行うことをオススメします。

上記の二行のコマンドをホームフォルダの.bash_profile¹⁸という
隠しファイルの末尾にコピペします。

具体的には下記のコマンドで.bash_profile を開いて編集します。¹⁹

```
nano .bash_profile
```

¹⁸僕らがターミナルで操作する前に呼ばれるスクリプトです。

¹⁹nano は CUI 系でもっとも初心者向けのテキストエディタですから、誰でも使えます。 vim の人は当然のように vim を使えば良いです。というか、漢なら vim 使いましょう。

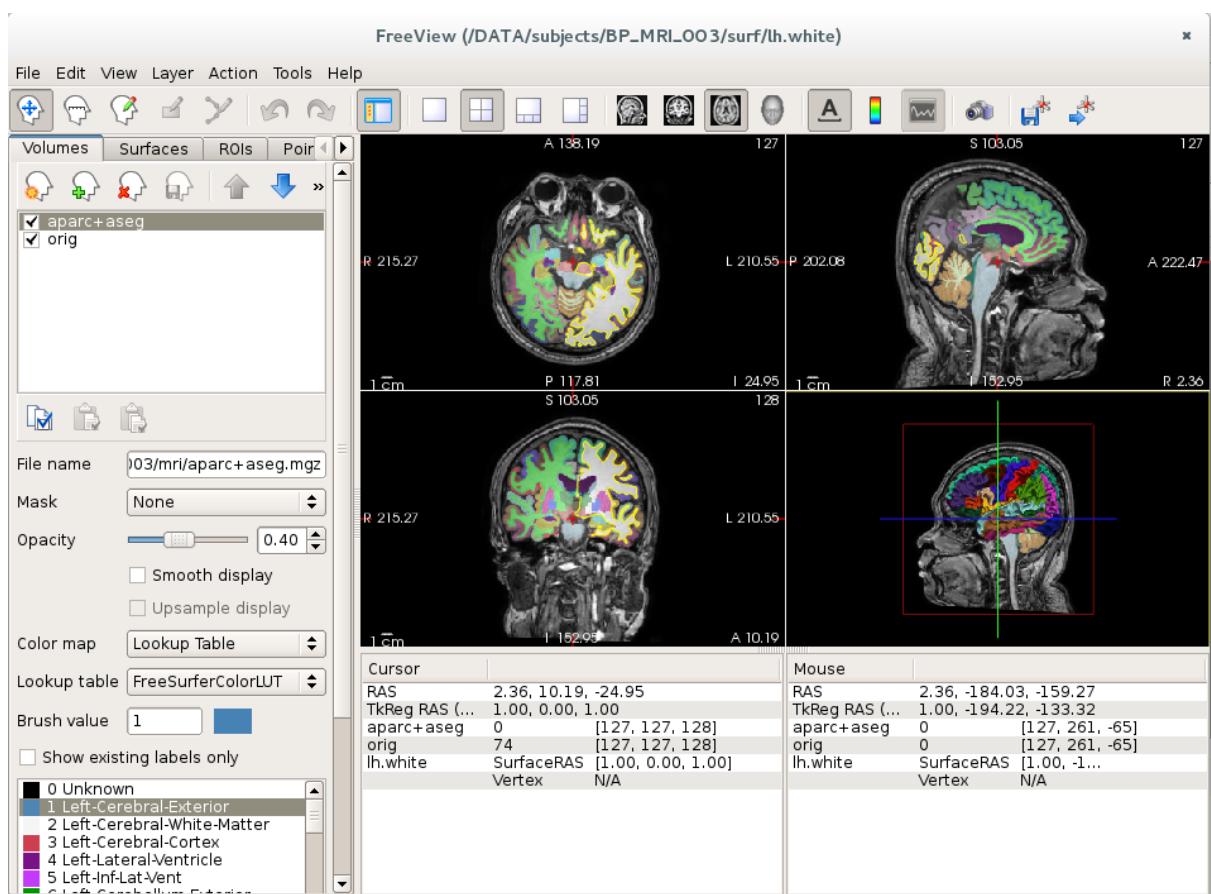


図 4: freeview の画面

メニュー操作は control キーを使います。

ターミナルを再起動すれば下記のような表示が毎回出現するようになります。

```
Setting up environment for FreeSurfer/FS-FAST (and FSL)
FREESURFER_HOME /usr/local/freesurfer
FSFAST_HOME      /usr/local/freesurfer/fsfast
FSF_OUTPUT_FORMAT nii
SUBJECTS_DIR    /usr/local/freesurfer/subjects
MNI_DIR         /usr/local/freesurfer/mni
```

これで毎回コマンドを叩かなくても freesurfer が動くようになります。

さて、このアウトプットの SUBJECT_DIR が解析結果を保存するところです。

この設定のままだと MAC なら Applications、linux なら usr フォルダの中に保存されることになります。これって気持ち悪くありませんか？

僕は気持ち悪いです。なので、先ほどの.bash_profile を再編集しましょう。

例えば、ホームフォルダに解析結果を入れるフォルダを作って、そのフォルダのパスをコピーして格納するようにするのが良いでしょう。フォルダのパスはターミナルで pwd と打てば表示されます。例えば

```
SUBJECT_DIR /Users/hoge/subjects
```

とでもすれば良い感じになるでしょう。

MNE/python のインストール(脳波、脳磁図をする場合)

こちらは anaconda の存在下ではかなり簡単です。

公式サイトをみながら頑張りましょう。

http://martinos.org/mne/stable/install_mne_python.html

要約すれば、下記に列挙するコマンドを順に叩いていけば良いです。

- conda install scipy matplotlib scikit-learn
- pip install mne -upgrade
- conda install mayavi
- pip install PySurfer

CUDA²⁰(GPGPU) についてもそのサイトに記載があります。

この中で特にインストールの鬼門となるのは mayavi です。 mayavi は 3D の表示をするソフトで、freesurfer のデータを MEG とすり合わせる時の必需品となっています。

僕の環境では下記二行のコマンドを予め入れていないと動かないです。

.bash_profile や.bashrc に書き加えておけばいいでしょう。

また、mayavi は基本、python2 系でないと動きません。

```
export LD_PRELOAD=/usr/$LIB/libstdc++.so.6
export DISPLAY=:0
```

²⁰nVidia の GPU を使った高速な計算ができる開発環境

さらに、jupyter 内で下記を実行しないといけません。

```
%gui qt
```

MNE/C のインストール(脳波、脳磁図をするばあい)

MNEC も必要です。下記サイトにメールアドレスを登録し、ダウンロードさせていただきましょう。

[http://www.nmr.mgh.harvard.edu/martinos\(userInfo/data/MNE_register/index.php](http://www.nmr.mgh.harvard.edu/martinos(userInfo/data/MNE_register/index.php)

ダウンロードしたものについてはこのサイトの通りにすればインストールできます。

http://martinos.org/mne/stable/install_mne_c.html

僕はホームディレクトリに入れました。

```
tar zxvf MNE-hogehoge  
mv MNE-hogehoge MNE-C  
cd MNE-C  
export MNE_ROOT=/home/fuga/MNE-C  
. $MNE_ROOT/bin/mne_setup_sh
```

これで MNE-C も動くようになるはずです。

コラム 1-SNS の活用

皆さんはSNSはしていますか？SNSには様々な効能と副作用があります。

時に炎上する人だって居ます。廃人になる人も居ます。

しかし、最先端の科学にとって、SNSは大変有用なのです。

twitterでMEGやMRIの研究者をフォローしてみてください。

いい情報、最新の情報がピックアップされ、エキサイティングです。

僕は新着情報はtwitterで研究者、開発者、有名科学雑誌のアカウントを
フォローしてアンテナはっています。

ちなみに、若いエンジニアはよくするらしいです。

mricron のインストールと変換(MRI を使う場合)

mricron が必要になることもあるので、入れましょう。UBUNTUなら

```
sudo apt install mricron
```

MAC なら <http://www.mccauslandcenter.sc.edu/crnl/mricron/>から

インストーラーをダウンロードします。この mricron ファミリーの中にある dcm2nii というソフトが
MRI の形式の変換に大変有用です。

以上で freesurfer/MNE/python のインストールは終了しました。

これで jupyter 経由でゴリゴリ計算していくことができます。

mricron による MRI のファイルの変換

mricron は mri の画像の閲覧が出来るソフトですが、この中に dcm2niigui というソフトがあるはずなので、そのソフトを起動します。

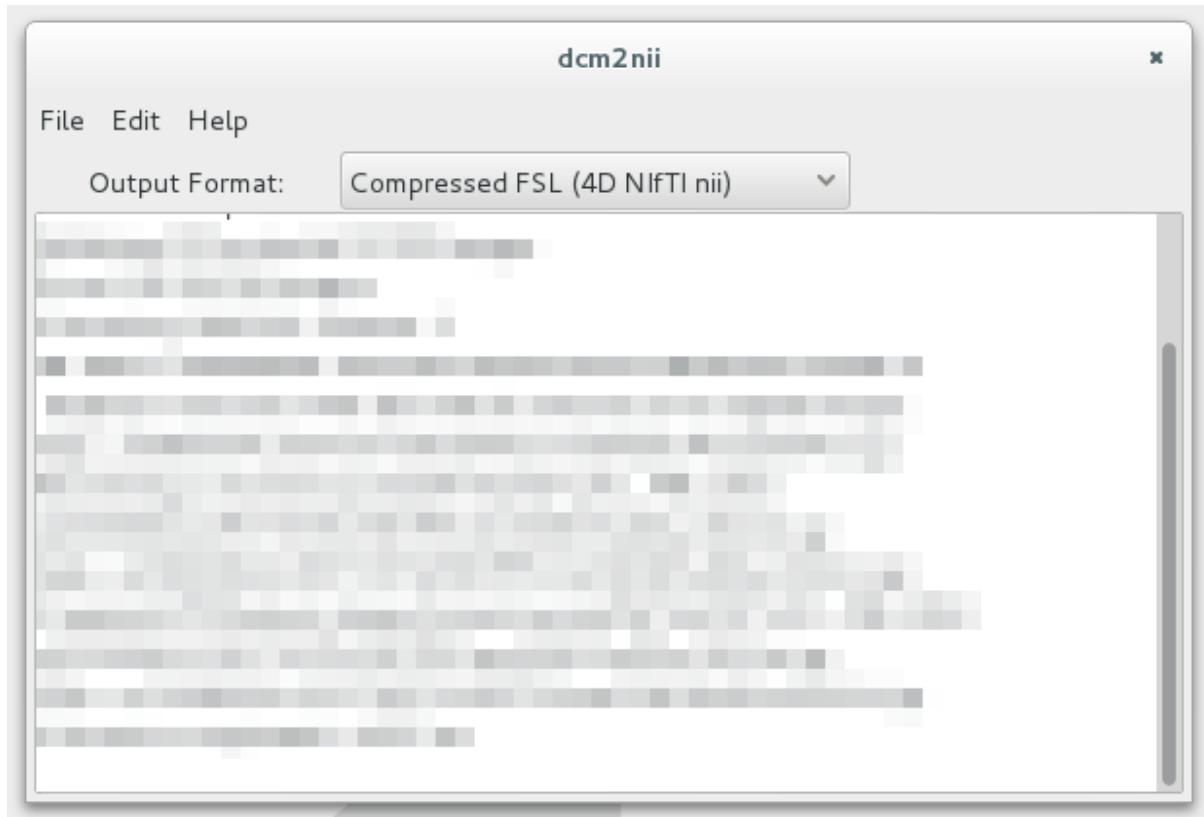


図 5: dcm2nii の画面

ちなみに、mricron 自体は mri 閲覧ソフトで、これもこれで有用です。

例えば手元にある MRI の形式が dicom ならば、方言を吸収するために NIFTI 形式に直した方が僕の環境では安定していました。dcm2niigui の画面に dicom のフォルダをドラッグしてください。ファイルが出力されるはずです。

さて、出力されたファイルですが、3つあるはずです

- hogehoge: 単純に nifti に変換された画像
- ohogehoge: 水平断で切り直された画像
- cohogehoge: 脳以外の不要な場所を切り取った画像

となります。どれを使っても構わないと思います。

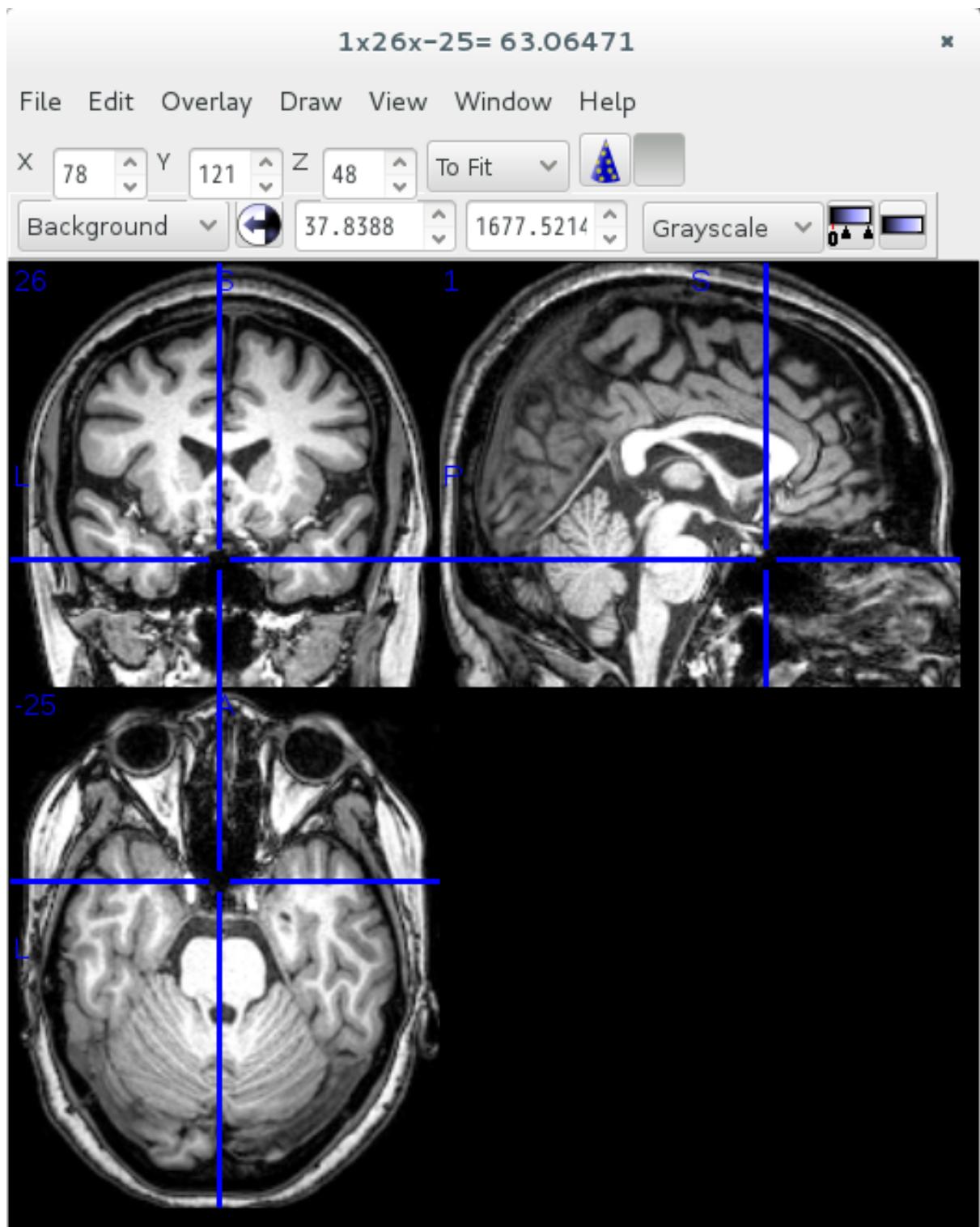


図 6: mricon による 3DMRI 画像の閲覧

freesurfer を使う (MRI)

ここからターミナルを使っていくことになります。下記は必要最低限の bash のコマンドです。

- cd :閲覧するフォルダへ移動する
- ls :今開いているフォルダの内容を確認する

まず、ターミナルを開き MRI の画像データがある場所まで移動します。

例えばフォルダの名前が DATA なら下記のようにします。

```
cd DATA
```

辿っていって、目的のファイルを見つけたならば、freesurfer で解析します。

例えばファイルの名前が hoge.nii なら下記です。

```
recon-all -i ./hoge.nii -subject (患者番号) -all
```

このコマンドを走らせると、完遂するのにおよそ丸1日かかります。

やっている事は、頭蓋骨を取り除き、皮質の厚さやボリュームの測定、標準脳への置き換え、皮質の機能別の色分け等、色々な事をします。詳しくは freesurfer のサイトを見て下さい。

recon-all 同時掛け (freesurfer)

recon-all はマルチスレッド処理をすることができます。しかし、効率はあまり良くないです。²¹
つまり、マルチコア機なら一例ずつマルチスレッドでかけるより、
同時多数症例をシングルスレッドで掛かける方が速く済みます。
ターミナルを沢山開いて処理させたりすると速いですが煩雑です。
なので、スクリプトを書いて自動化することをおすすめします。
MNE を使う人はプログラミングの習得は必須なので良いとして、
freesurfer しか使わない人でもスクリプトは書けるようになる方が便利です。
僕のおすすめは python、sh のいずれかで…いや、将来性含むと python 一択です。

freesurfer の解析結果の表示

freeview というコマンドで解析済みの画像を表示できます。

上から解剖的に分けたデータを乗せることで部位別の表示ができます。

コマンドラインでは以下のようにすればいいですが、freeview と叩いてから
画面上からやっていってもいいと思います。

(多くの人は普通の画面上からしたほうが分かりやすいでしょう)

```
freeview -v <subj>/mri/orig.mgz \
hoge/mri/aparc+aseg.mgz:colormap=lut:opacity=0.4 \
```

²¹理由は openMP というライブラリを使った並列化だからです。openMP はマルチスレッドを簡単に実装する優れたライブラリなのですが、メモリの位置が近い場合にスレッド同士がメモリ領域の取り合いをしてしまうため速度が頭落ちになるのです。

orig.mgz というのはオリジナル画像。グレイスケールで読みこみましょう。
aparc+aseg.mgz は部位別データ。部位別データには色を付けて読み込みましょう。

画面左側に表示されているのは読み込んだ画像一覧です。
上に半透明の画像を重ねあわせていって上から見ています。
色々できますので、遊んで体で覚えるのが良いと思います。

解析結果の修正の必要性

recon-all が終った時点で、下記コマンドを入力しましょう。

```
asegstats2table --subjects hoge1 hoge2 hoge3 ... \
--segno hoge1 hoge2 hoge3 ... --tablefile hoge.csv
```

subject には subject(つまり解析済みデータの通し番号) を入れます。
segno には見たい位置を入力します。その位置というのは
\$FREESURFER_HOME/FreeSurferColorLUT.txt に書かれていますので参照しましょう。

これで hoge.csv というファイルが出力されます。
このファイルの中には既に脳の各部位のボリュームや皮質の厚さ等、
知りたい情報が詰まっています。しかし、このまま使うのは危険です。
freesurfer は時にエラーを起こしますので、クオリティチェックと修正が必要です。

画像解析の修正

個別な修正は freeview を用いてすることになります。

下記を参照して下さい。

<http://freesurfer.net/fswiki/Tutorials>

この freesurfer のサイトには、説明用のスライドと動画があり、とてもいいです。
以下、要約です。

- 脈絡叢や各種膜を灰白質と間違える
 - freeview で修正して recon-all(オプション付き)
- 白質の中で低吸収域を「脳の外側」と間違える
 - freeview で修正して recon-all(オプション付き)
- 白質の中で薄い部分を灰白質と間違える (controlpoint より小さい部分)
 - freeview で修正して recon-all(オプション付き)
- 頭蓋骨をくりぬく時に間違って小脳などを外してしまう
 - recon-all(オプション付き)
- 白質を freesurfer が少なく見すぎてしまう
 - freeview で controlpoints を付け加えて recon-all(オプション付き)

これは、問題にぶつかった時に上記サイトのスライドでも見ながら頑張るのが良いと思います。
皮膚境界などは freesurfer は苦手としているそうです。

SkullStrip のエラー

Freesurfer は脳だけを解析するために Skull Strip という作業をします。要するに、頭蓋骨を外してしまうわけです。この時に watershedmethod²²という方法を使うのですが、頭蓋骨を切り取ろうとして脳まで取ったり逆に眼球や脈絡叢まで脳と間違うことがあるので修正が必要です。

脈絡叢の巻き込み

脈絡叢を巻き込んでいる場合は brainmask.mgz を編集します。

Brush value を 255、Eraser value を 1 にして Recon editing

shift キーを押しながらマウスをクリックして脈絡叢を消していきます。編集がおわったら

```
recon-all -s <subject> -autorecon-pial
```

とします。

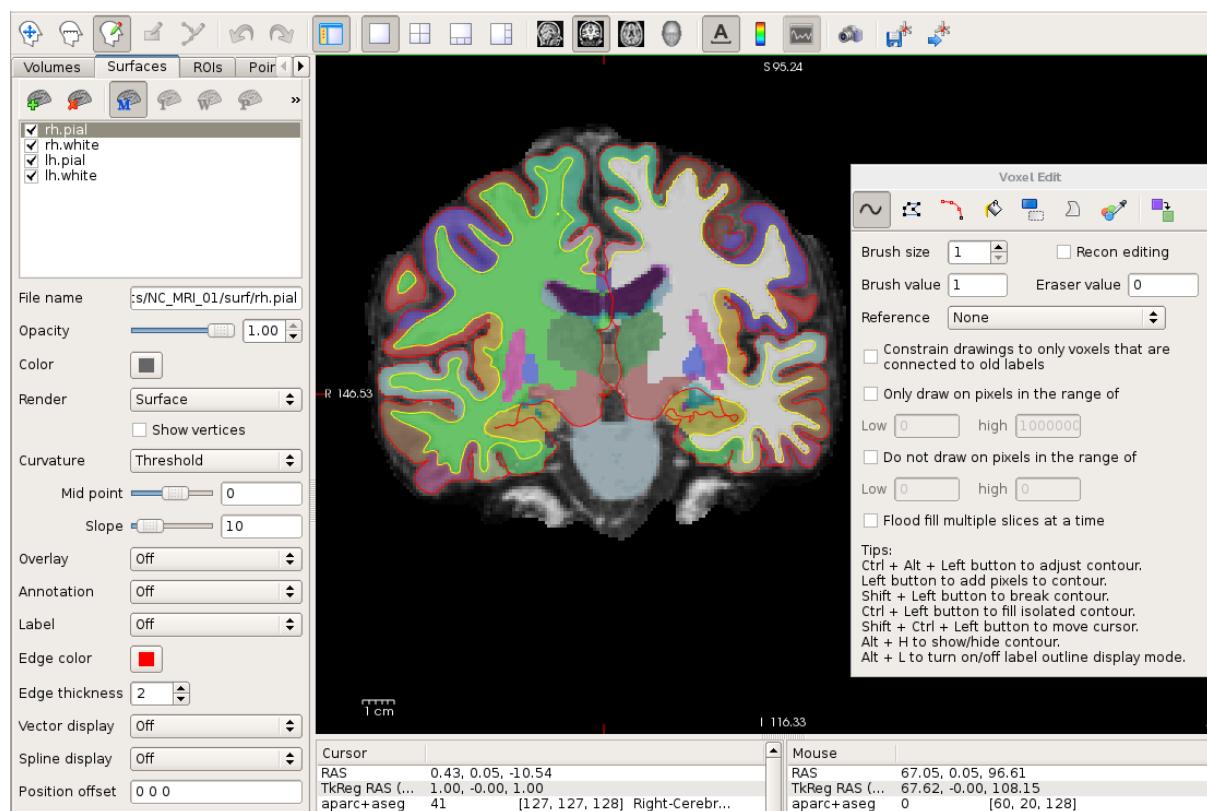


図 7: freeview による編集

眼球が白質と間違われた時

上記と同様にして、編集がおわったら

```
recon-all -s <subject> -autorecon2-wm -autorecon3
```

²²脳に水を流し込むシミュレーションをすることで切っていいところと悪い所を分ける処理

頭蓋骨と間違って脳をえぐっているとき

頭蓋骨と間違って脳実質まで取られた画像が得られた場合は

```
recon-all -skullstrip -wsthresh 35 -clean-bm -no-wsgcaatlas -s <subj>
```

で調整します。この-wsthresh が watershedmethod の閾値です。

標準は 25 なのですが、ここではあまり削り過ぎないように 35 にします。

白質の内部に灰白質があると判定されるとき

時々、白質の中の低吸収域を灰白質とか脳溝と間違えることがあります。これも freeview で編集します。
wm.mgz を開いて色を付け、半透明にし、T1 強調画像に重ねます。

Brush value を 255、Eraser value を 1 にして

Recon editing をチェックして編集します。

```
recon-all -autorecon2-wm -autorecon3 -subjid <hoge>
```

白質が厳しく判定されているとき

実は、freesurfer は brainmask.mgz で白質を全部 110 という色の濃さに統一します。

しかし、時々これに合わない脳があります。

そんな時は brainmask.mgz にコントロールポイントをつけて recon-all をします。

File -> New Point Set を選びます。

Control points を選んで OK して、選ばれるべきだった白質を

クリックしていきます。そして下記でいいそうです。

```
recon-all -s <subject> -autorecon2-cp -autorecon3
```

MNE を使う

いよいよ解析の準備に入ります。以下、MNE の公式サイトのチュートリアルのスクリプトなのですが...
かなり流暢な pythonista が書いていると思われます。

そのため、初心者が見るには敷居が高目です。

一回はそれをなぞろうと思いますが、その後は噛み砕いてシンプルに紹介します。

<http://martinos.org/mne/stable/tutorials.html>

http://martinos.org/mne/stable/auto_examples/index.html

http://martinos.org/mne/stable/python_reference.html

jupyter の起動

ターミナルで下記を叩いてください

```
jupyter notebook
```

すると、ブラウザが起動し、画面が表示されるはずです。

起動しなければ、下記 URL にアクセスしてください。

<http://localhost:8888>

jupyter はブラウザで動かすのですが、別にネットに繋がるものじゃないです。

ちなみに、下記の様にして起動すると、lan 内で別の jupyter に接続できます。

```
jupyter notebook --ip hoge
```

jupyter はターミナルで ctr-c を二回叩けば終了できます。

では、左上の new ボタンから python2 を起動しましょう。

MNEpython を使う前に学んでおくべきモジュール

とりあえず、python と numpy²³の基礎を学ばねばなりません。

これは最低限のことです。これが書けないのであれば mne/python は無理です。

PySurfer は python で freesurfer のデータをプロットするために必須です。

他に学んでおくべきモジュールは

- matplotlib(作図用。 seaborn で代用可能なものもある。)
- pandas(python 版 excel。 必須ではないが、劇的にやりやすくなる。)

github にある pandas チートシートは結構優秀です。

本を買う必要はありません。例えば基本構文については下記サイトが参考になります。

pandas や matplotlib もググってください。 qiita も結構良いです。

でも、一番いいのは近くにいる人に習うことだと思います。

あとは、毎日何らかの課題に向けて python スクリプトを書きましょう。指が覚えます。

とほほの python 入門 <http://tohoho-web.com/python/index.html>

Python 入門から応用までの学習サイト <http://www.python-izm.com/>

python を初めて使う場合は、どうせなら jupyter を初めから使って

慣れておけば良いのではないかと思います。

素の python も悪くはないですが、MNE の公式サイトには jupyter notebook 形式のスクリプトが用意されていますから、使わない手はないでしょう。

numpy で遊ぼう

詳しくはググって下さい。 numpy は深いため、本書では語りつくせるわけがありません。以上です。

²³python 用行列計算ライブラリ。科学計算に広く用いられています。

…ではあんまりなので、ほんのさわりだけ紹介しておきます。
下記サイトが参考になります。

Python の数値計算ライブラリ NumPy 入門 <http://rest-term.com/archives/2999/>

```
import numpy as np  
a=np.array([5,6])  
b=np.array([7,8])
```

解説します。

1行目は numpy を使うけれども長いから np と略して使うよ、という意味です。
二行目と三行目で、a と b に 5,6 と 7,8 を代入しました。ここから下記を入力します。

```
print(a+b)
```

結果

```
[12,14]
```

このように計算できます。

ちなみに、numpy の配列と素の python の配列は違うものであり、素の python ならこうなります。

```
a=[5,6]  
b=[7,8]  
print(a+b)
```

結果

```
[5,6,7,8]
```

numpy と普通の list は list 関数や numpy.array 関数で相互に変換できます。

他に numpy.arange 等非常に有用です。

```
import numpy as np  
np.arange(5,13,2)
```

結果

```
array([5,7,9,11])
```

これは 5~13までの間、2刻みの数列を作るという意味です。
そのほか、多くの機能があり MNEpython のベースとなっています。
出力結果が numpy 配列で出てくるので、MNE があるとはいえ使い方は覚える必要があります。

コラム 2-恐るべきモヒカン達とぼく

僕はプログラミングしたりとか unix 使ったりとかするわけで、
初心者からみれば「こいつすげー！」って
なるみたいですが、僕は正直言って低レベルです。

ドラゴンボールに例えると天下一武道会で
真っ先にやられる雑魚(平均よりは強い)です。
高位のプログラマは俗に「モヒカン」と言われており、
フリーザ様レベルの実力と残忍さを
兼ね備えていると言われ、恐れられています。
(残忍性はともかく、戦闘力が高いのは本当です)
でも、有名なWEBサービスを作ったりしている
エンジニアの全てがモヒカンというわけでもありませんし、
解析にモヒカンは不要です。
我々に一番大事なのはむしろ生理学に対する広い理解。
…多分それはモヒカンになるのと同じくらい難しいのですが。

データの読み込み…の前に maxfilter(脳磁図の場合)

maxfilter をかけると数学的に脳の外のノイズを取ることができます。
これは MNE でも出来はするのですが、今のところまだ成熟していないらしいので、
エレクタ社のソフトを使うのが適当です。
これがないとかなりノイズだらけのデータになりますので、必須です。

解析を始める前の warning!

ここまで単なる unix 系の知識だけで済んでいましたが、この辺りからは厳密に言えば数学の知識、
python を流暢に書く技術、脳波脳磁図のデータ解析の常識等、いろんな知識・技術の
複合技になります。 python を書くのは本気でやればすぐ出来ますが、
微分方程式だとか行列計算を全部理解して応用するのはかなりの力技です。
同人誌で完璧に説明するのは無理なので、一寸だけしかしません。
また、データ解析の常識は進化が速いうえにその手の論文を
網羅的に読めていないと正確なところは書けません。やばいです。
僕には到底無理です。解析の内容は不正確な部分が交じるでしょう。
本書は純粋な技術書であることに留意し、最新の知識を入れ続けましょう。

python での高速化のあれこれ

今後、処理速度が大事になります。特にソースレベル解析ともなると膨大な計算量になります。
その時のやり方をいくつか記しておきます。
実用上必要になりますので、後ででも良いので見てみてください。

for 文とリスト内包表記

python の for 文は絶望的に遅いため、for 文の入れ子はやめましょう…と言われています。
軽い処理なら良いんじゃないかと個人的には思いますが。
代わりと言ってはアレですが、このような python 構文があります。

```
n=[i+4 for i in range(5) ]
```

この場合、[4,5,6,7,8] が帰ってきます。この書き方はリスト内包表記と言い、広く使われています。詳しくはググってください。

numpy

numpy は速いので、重い演算の時は使えるなら使いましょう。
python は四則演算とか for 文とかとっても遅いのです。

並列化 (白魔術、弱)

いつもクラスタ対応な感じで並列化してて、この方法は覚えてないです。ごめんね。
pyparallel でググってください。

クラスタレベルの並列化 (白魔術、強)

僕は普段からコンピュータが1台でも沢山でも、この方法で並列化しています。
書き換えがめんどいからです。この方法は元々クラスタ作ってやる方法ですが、
一人二役 (コントローラとエンジン) することで一台でも実現できます。

今回は複数の引数付きでやってみたいと思います。クラスタの作り方については詳しくは述べませんが、準備段階については前述していますから参照してください。

その上で、おなじみのアレです。

```
pip install ipyparallel
```

クラスタの設定ファイルを作ります。

```
ipython profile create --parallel --profile=default
```

この設定ファイルのいじり方は公式サイトとか、qiita の記事を見てください。

その後のやり方は色々ありますが、僕のやり方を書きます。

まず、元締めのコンピュータでクラスタを起動します。ターミナルで以下を叩いてください。

```
ipcontroller --ip=hoge --profile default
```

これで default という名前のクラスタのコントローラを ip 指定で起動しました。

...もちろん、1台だけの場合は ip は要りません。

次に、下記のように各計算機 (子機?) でエンジンを起動していきます。

```
ipcluster engines --n=4 --profile=default
```

-n は使うコア数です。元締めのコンピュータでも計算するなら同じようにしてください。
これで準備が整いました。

例えば、貴方が下記のような関数を実装したとします。

```
calc_source_evokedpower(id, person, tmax, tmin):  
    d=id+person+tmax+tmin  
    return d
```

うん、立派な関数ですね。

この関数はグローバル変数を参照できないことに注意してください。

変数や import 文は全て関数内で宣言するようにしてください。

宗教的な理由で関数内で import 出来ない方はお引き取りください。

このうち、id と person は全ての組み合わせを、tmax と tmin は固定した値を入れたいとします。
これをクラスタレベルでガン回しします。

```
import itertools  
from ipyparallel import Client  
client=Client(profile='default')  
print(client.ids)  
  
function=calc_source_evokedpower  
  
product=zip(*list(itertools.product(id, person)))  
plus1=tuple(['20Hz']*len(arglist[0]))  
plus2=tuple(['50Hz']*len(arglist[0]))  
  
arglist=product+[plus1]+[plus2]  
  
view=client.load_balanced_view()  
async=view.map_async(function,*arglist)  
async.wait_interactive()
```

まず、ipyparallel をインポートします。一応クライアントを確認しておきます。
function に実行したい関数名を入れます。

その後、itertools の product 関数を使って id と person の全ての組み合わせを作ります。
さらに、固定した 20Hz と 50Hz を後に加えます。そして、配列を足し算していきます。

その後、3 行の呪文を唱えれば出来上がりです。返り値は async[:] で見れます。

Cython(黒魔術、使いこなせば相当強い?)

Cpython²⁴ではありません。Cython という別ものです。

python を C に変換することで場合によっては python の 100 倍²⁵のスピードを

²⁴python の正式名称

²⁵誇張ではありません。実際に効率の悪い python コードを最適化すると 100 倍速くなったりします。最適化なしでも 2 倍くらい速くなることもあります。

実現することが可能ですが。ただし、型を指定するなど加工しないと超速にはならないため、一寸手がかかります。さらに、numpy とかは型関係が難しいです。
純粋かつ簡単な C で実装できるコードを突っ込むべきでしょう。
jupyter は大変優秀なので、下記のようにするだけで Cython を実行することができます。

```
%load_ext cython
```

これを jupyter で実行した後、関数を実装します。下記は numpy の例です。

```
%%cython -a
import numpy as np
cimport numpy as np
DINT=np.int
ctypedef np.int_t DINT_t
DDOUBLE=np.double
ctypedef np.double_t DDOUBLE_t

def u(np.ndarray[DDOUBLE_t, ndim=1] ar):
    cdef int n
    cdef double m
    for n in xrange(5):
        m=np.mean(ar)
        print(m)
```

上 5 行は Cython と numpy を組み合わせた時の特有の黒魔術です。

上では、numpy のために int 型と double 型を用意してあげています。また、cdef は型指定です。
関数を宣言するときも黒魔術的に numpy の型を指定してあげねば
なりません。じゃないと動くけど遅いまになります。ndim は numpy 配列の次元数です。

それ以外は C 言語を書いた人からすると型指定が必要なただの python なので、
苦労はありませんはずです？ちなみに、元々 C 言語なので Cython を普通に使おうとすると
普通の C 以上に面倒くさいコンパイルの手続きが必要になります。

詳しくは cython のホームページをググってください。
<http://omake.accense.com/static/doc-ja/cython/index.html>

C 言語、C++、FORTRAN(最終兵器)

まあ…そういうやり方もあります。正統派なやり方なのですが、本書では触れません。
車輪の再発明に気をつけましょう。

色々やる時のおまじないセット(必須?)

python 関連のおまじないが多いのが作図です。
僕は以下のようなおまじないをよく唱えます。おすすめです。
下記は python 部分。

```
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn
```

seaborn は matplotlib を拡張したものです、作図が可愛くなるので僕は好きです。

作図用おまじないセット (必須)

下記は jupyter のコマンド

```
%matplotlib inline
%gui qt
```

%matplotlib inline については、この設定なら jupyter 上に表示されます。

もし、別窓²⁶を作りたいなら、inline を qt に変えてください。

下の%gui qt は mayavi による 3D 表示のためのものです。

python 部分は面倒くさいので、毎回おまじないをモジュールにしてしまっています…。

データの読み込みとフィルタリング・リサンプル (公式サイト版)

ついに MNE を使い始めます。

まずは下記リンクを開けてください。

http://martinos.org/mne/stable/auto_tutorials/plot_artifacts_correction_filtering.html

ちょっと小難しい文法を使っているように見えますが、やっていることはシンプルです。

小難しい部分は初心者は混乱するだけなので無視してください。

難しいなら読み飛ばして、次に移ってください。簡単にまとめています。

公式サイトでは脳磁図前提としていますが、ここではついでに脳波の読み込みの解説もやります。

是非脳波、脳磁図のファイルを手元において、読み込んだり

フィルタを掛けてみてください。(でないと、覚えられません)

ここでは

- データの読み込み
 - パワースペクトル密度のプロット (以下 psd)²⁷
 - notch filter と low pass filter を使って要らない波を除去する
 - サンプリングレートを下げて処理を軽くする
- をしています。

はじめの cell(パラグラフの事)²⁸で大事な関数は以下です。

²⁶生の波形を見たいときなどにはそのほうが向いてる

²⁷各周波数ごとの波の強さをあらわしたもの。

²⁸jupyter 独自の単位です。通常のプログラミングでは行ごと、関数ごとですが、jupyter では数行をひと塊りにしてプログラムを書きます。

スッキリ見やすい解説用コードを書けるのが jupyter の強みです。MNE 公式サイトでは jupyter を採用しているので、今後 jupyter を前提に話していきます。

- mne.io.read_raw_fif:脳磁図のデータを読み込みます。
ここではつけていませんが、通常 preload=True をつけた方がいいです。
preload をつけると、メモリ上に脳磁図データを読み込み、
色々と処理ができるようになります。（付けないと処理できません…）
脳波を解析するなら下記公式サイトの **Reading raw data** セクションに
各種形式に対応した読み込み関数が書いてありますから、読み替えてください。
http://martinos.org/mne/stable/python_reference.html
読み込みの詳細は後で書きます。
- mne.read_selection:脳磁図の一部を取り出しています。
- mne.pick_types:データの中から欲しいデータだけ取り出します。
- plot.psd:psd プロットを行います。

基本は体で慣れるしかありませんが、jupyter や spyder や ipython の
コンソール上で tab キーを押せば中の関数が見えるので、入力自体は楽です。
例えば「raw.」と書いて tab を押せば、plot 関数だけでも色々出てきます。
だから、色々プロットして遊んでみてください。

次の cell では notch filter をかけています。

- notch_filter
これは特定の周波数を削除するフィルタです。
何故それをするかというと、送電線の周波数が影響するからです。
西日本では 60Hz、東日本では 50Hz です。それを除去できます。²⁹
関数内に np.arange と書いてあるのは numpy の関数。
60 から 241 までの間で 60 ごとの等差数列を返すものです。
つまり、ここでは 60Hz を除去しています。

次に low pass filter をかけます。

- filter
これは分かりやすいでしょう。ある周波数以上の波を除去します。
遅い周波数成分を除去するときは注意が必要なようです。
基本は高い周波数成分だけを除去し、遅い周波数を除去するときは
0.1Hz 未満であるのがいいのかもしれません。

最後にサンプリングレートを変えています。
理由は今後処理がかなりのものになるので負担を軽くしたいからです。

- resample
ここでは 100Hz まで下げていますが、最低見たい周波数の 2~3 倍以上の周波数が必要です。
また、周波数は元の周波数の約数である必要があります。

以上…MNE の公式サイトは一寸詳しいです。

データの読み込みと filter,resample(僕の解説)

公式サイトは python をバリバリ書ける上に生理学をきちんと理解できている人向けに感じます。
本書はあくまで初心者向けです。

²⁹ 敢えて除去しない研究者もいます。 notchfilter によって、その周囲の波の周辺の信頼性が失われるとのことです。

先ずは大雑把に理解して体を動かすべきと思うので、以下は極めて乱暴な僕なりのまとめです。
大まかに理解した上で公式サイトに取り組めば良いのではないでしょうか？

極めて乱暴にまとめると、ノイズ取りの第一段階はこうです。

```
raw=mne.io.Raw('hoge', preload=True)      #読み込み  
raw.filter(0.1,100)          #0.1~100だけ残すバンドパスフィルタ  
raw.notch_filter([60,100])    #この場合、60と100Hzを消してる  
raw.resample(sfreq=100)       #100Hzにリサンプルする  
raw.save('fuga')
```

- 1行目で読み込みます。脳波と脳磁図では読み込み方が違うので、次セクションを参照。
preload を Trueにしてください。
- 2行目でフィルタかけてます。0.1Hz未満の波と、100Hz以上の波を消しています。³⁰
- 3行目で送電線のハムノイズを取っています。
- 4行目でデータを間引いて処理を軽くしています。必ず元データの約数に設定し、
wavelet 変換するならば wavelet 変換の最高の周波数の2~3倍以上の周波数にしてください。
- 5行目で掃除した結果を保存しています。

あとは、plot を色々してみてください。

以下、本書ではこのような乱暴な解説についていきます。

脳波読み込みの問題

脳波はすんなり読み始めたでしょうか？そうでもないかもしれませんですね。

なにしろ、脳磁図と違って脳波は沢山の形式があるのです。

例えば、ヘッダーファイルを要求する形式があったりもしますし、

モニタージュや眼球運動チャンネルの設定を追加せねばならぬ場合もあります。

例えば、僕が biosemi でやったときは実験時に 64 番から 72 番チャンネルが眼球運動に割り当てられていました。

また、モニタージュを指定せねばなりませんでした。そのため、下記のように書く必要がありました。

```
raw=mne.io.read_raw_edf(filename, preload=True,  
                         montage='biosemi64',  
                         eog=[64,65,66,67,68,69,70,71,72])
```

さらに、眼球運動のチャンネルがどれがどれか分からなくなるのを
防ぐために、僕は眼球運動のチャンネルに名前を割り当てました。

```
raw.rename_channels(  
    mapping={  
        raw.info['ch_names'][64]: 'LMASTOID',  
        raw.info['ch_names'][65]: 'RMASTOID',  
        raw.info['ch_names'][66]: 'LVEOGUP',  
        raw.info['ch_names'][67]: 'LVEOGLO',  
        raw.info['ch_names'][68]: 'HEOGL',
```

³⁰morlet の wavelet 変換をするならば不要かもしれません。詳しくは参考文献の analyzing neural ...を読んで下さい。

```
raw.info['ch_names'][69]: 'HEOGR',
raw.info['ch_names'][70]: 'RVEOGUP',
raw.info['ch_names'][71]: 'RVEOGLO'})
```

raw.info は python の辞書形式のデータであり、
例えば上の例なら 64 チャンネル目は'LMASTOID' という名前にしています。

また、基準電極の設定は下記のような感じでできます。

```
raw = mne.set_eeg_reference(
    raw, ref_channels=['LMASTOID'])[0]
```

が、普通脳は研究では全体の平均で設定することが多いようですから、下記のようのが普通でしょうか。

```
raw2=mne.set_eeg_reference(raw)[0]
```

末尾の [0] はこの関数が list 形式で結果を出してくるから必要です。

詳細は

http://martinos.org/mne/stable/python_reference.html
を見て、各自読み替えてください。

このようなスクリプトははじめは面倒ですが、
一度書いてしまえば後は使いまわしたり自動化出来ます。

bad channel の設定

苦行その 1 です。次にダメなチャンネルの設定や眼球運動の除去を行います。

http://martinos.org/mne/stable/auto_tutorials/plot_artifacts_correction_rejection.html
jupyter で%matplotlib qt としたあとで raw.plot() でデータを見ながらひたすら下記のように
badchannel を設定していってください。それだけです。

```
raw.info['bads'] = ['MEG 2443']
```

badchannel は、例えば明らかに一個だけ滅茶苦茶な波形...
振幅が大きくて他のとぜんぜん違う動きしているとか、
物凄い周波数になっているとか、そういうやつを選んでください。
選び終わったら、badchannel を補正します。
隣接するチャンネルを平均したようなやつで置き換えることになります。
それには下記を走らせるだけでいいです。

```
raw.interpolate_bads()
```

ICA をかけよう

苦行その 2 です。ICA は日本語で言うと独立成分分析と言い、
何をするかというとノイズ取りです。前回やったノイズとは違うノイズを取ります。

例えば眼球運動や心電図が脳波、脳磁図に混じることがあるので、これを除去するのです。
これはICAという方法(独立成分分析)で波を幾つかの波に分け、
その上で眼球運動や心電図っぽい波を除去するフィルタを作ります。

順を追って内容を説明します。

```
from mne.preprocessing import ICA  
from mne.preprocessing import create_eog_epochs, create_ecg_epochs
```

まずは、ICAのモジュールをインポートします。

```
picks_meg = mne.pick_types(raw.info, meg=True, eeg=False, eog=False,  
                           stim=False, exclude='bads')
```

次に、どのような波にICAをかけるか選びます。基本、解析したい脳磁図(脳波)にICAをかけるので、それをTrueにします。badchannelも弾きます。

```
n_components = 25  
method = 'fastica',  
decim = 4  
random_state = 9
```

n_componentsはICAが作る波の数です。

ICAで作る波の数は何個が良いのか僕にはよく分かりません。

多分現時点で決まりはないと思うので、ここではひとまず適当に25個にしています。

methodはicaの方法です。

方法は三種類選べます。API解説ページをご参照ください。

decimはどの程度詳しくICAをかけるかの値です。

数字が大きくなるほど沢山かけますが、数字を入力しなければ最大限にかけます。

random_stateは乱数発生器の番号指定です。

pythonでは乱数テーブルを指定することが出来ます。

そうすると、再現可能な乱数(厳密には乱数ではない)が生成できるようになります。

実はICAは乱数を使うので、結果に再現性がないのですが、

この擬似乱数テーブルを用いることにより再現性を確保しつつ乱数っぽく出来るのです。

便利ですね！

```
ica = ICA(n_components=n_components,  
           method=method, random_state=random_state)  
ica.fit(raw, picks=picks_meg, decim=decim, reject = dict( grad=4000e-13))
```

icaのセットを作り、データに適用しています。

この時点ではまだ何も起こっていません。

先に%matplotlib qtと入力した上で下記を実行してください。

```
ica.plot_sources(raw)
```

個人的には生波形を見るのが明快で好きです。

ちなみに、これを凄く詳しく見るには下記のようになります。重いですが、これも結構良いです。

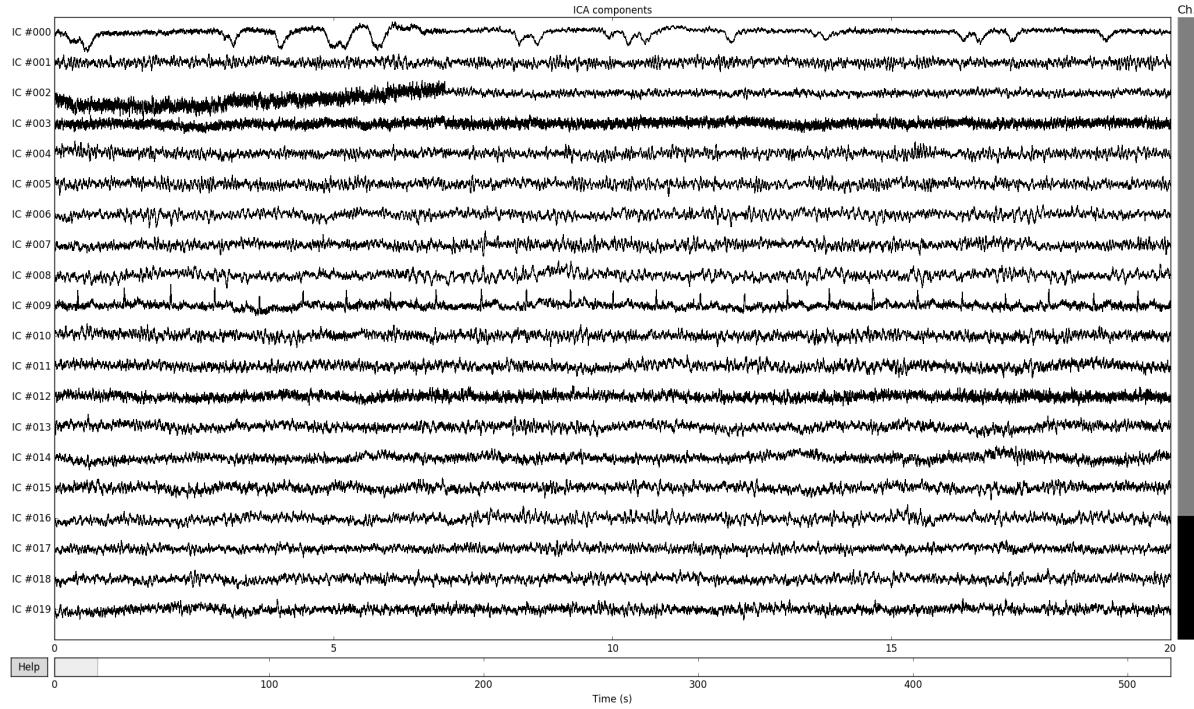


図 8: ica で分離した波。明らかに眼球運動や心電図が分離された図が出てくると思います。

```
ica.plot_properties(raw, picks=0)
```

最後に、0番目と10番目の波を raw データから取り除きます。

```
filtered_raw=ica.apply(raw, exclude=[0,10])
```

これで ica はかけ終わりです。

上記の出力結果や取り除いたチャンネル、random_state は保存しておきましょう。

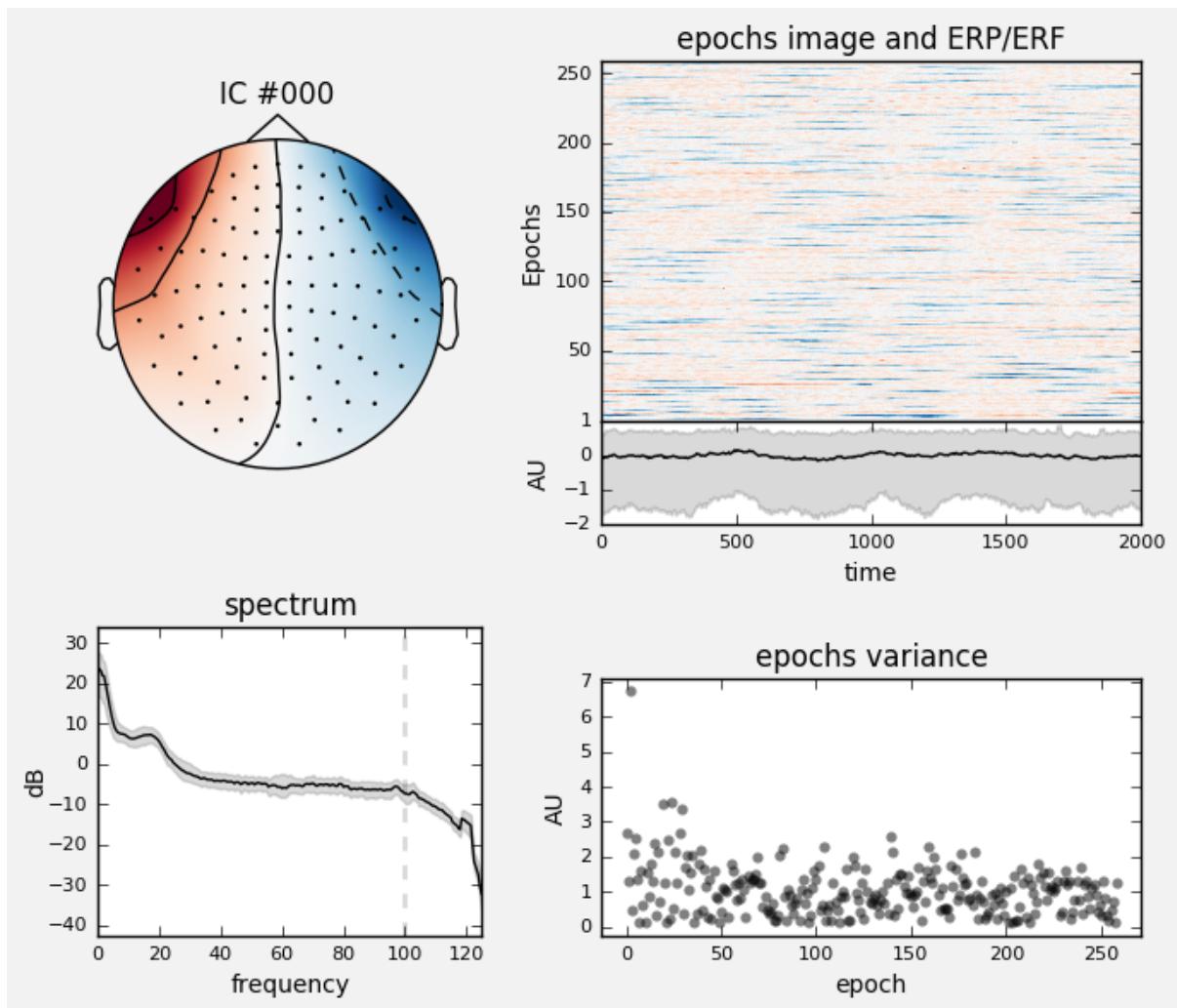


図 9: ica property の図。左上を御覧ください。これこそが典型的な眼球運動の topomap です。

Epoch と Evoked

なんのことやら分かりにくい単語ですが、波形解析には重要なものです。

epoch は元データをぶつ切りにしたものです。

元データ (raw) に「ここで刺激したよ！」という印を付けておいて、

後からその印が入っているところだけ切り出します。

evoked は切り出したものを加算平均したものです。

例えば元データ (raw) に刺激提示したタイミングを記録しているならば、
下記のコードでその一覧を取得できます。

```
events=mne.find_events(raw)
```

この events 情報からほしいものを抜き出してきて、

epoch や evoked を作ります。

上記 events の内容は例えばこうなります。

```
221 events found
Events id: [1 2 4 7 8]
Out[205]:
array([[ 15628,      0,      2],
       [ 18053,      0,      2],
       [ 20666,      0,      4],
       [ 23131,      0,      1],
       [ 25597,      0,      8],
```

この場合刺激チャンネルには 1,2,4,8 という刺激が入っています。

このうち、刺激情報 1 を使って切り出したいときは下記です。

```
epochs=mne.EPOCHS(raw, event_id=[1], events=events)
```

先程の events を使っています。

event_id は配列にしてください。ここは [1,2] とかも出来るでしょう。

evoked を作るのはとても簡単で、下記のとおりです。

```
evoked=epochs.average()
```

データの plot、主に jupyter 周り、そして PySurfer

是非自ら plot してみてください。

何をやっているのか理解が早まると思います。

```
epochs.plot()
evoked.plot()
```

epochs や raw をプロットしたとき、どうなったでしょうか？

jupyter ではどのように表示するかを選ぶことが出来ます。

jupyter にそのまま表示したい場合は下記を先に jupyter 上で実行してください。

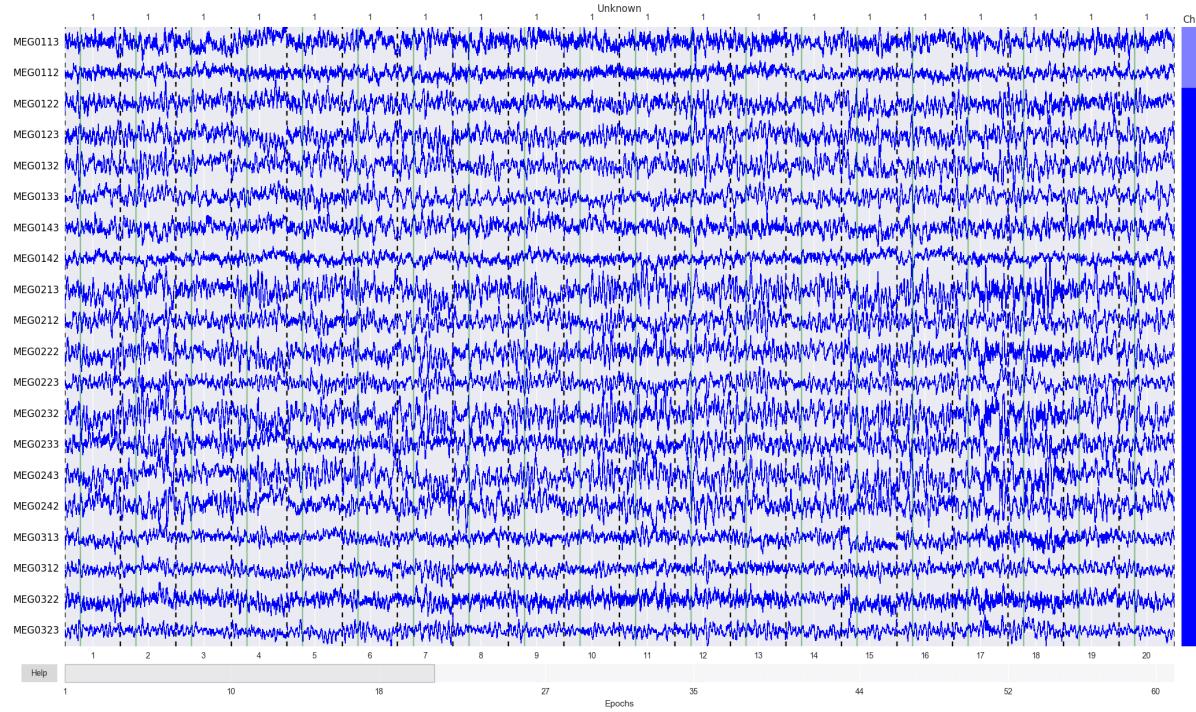


図 10: epochs の例

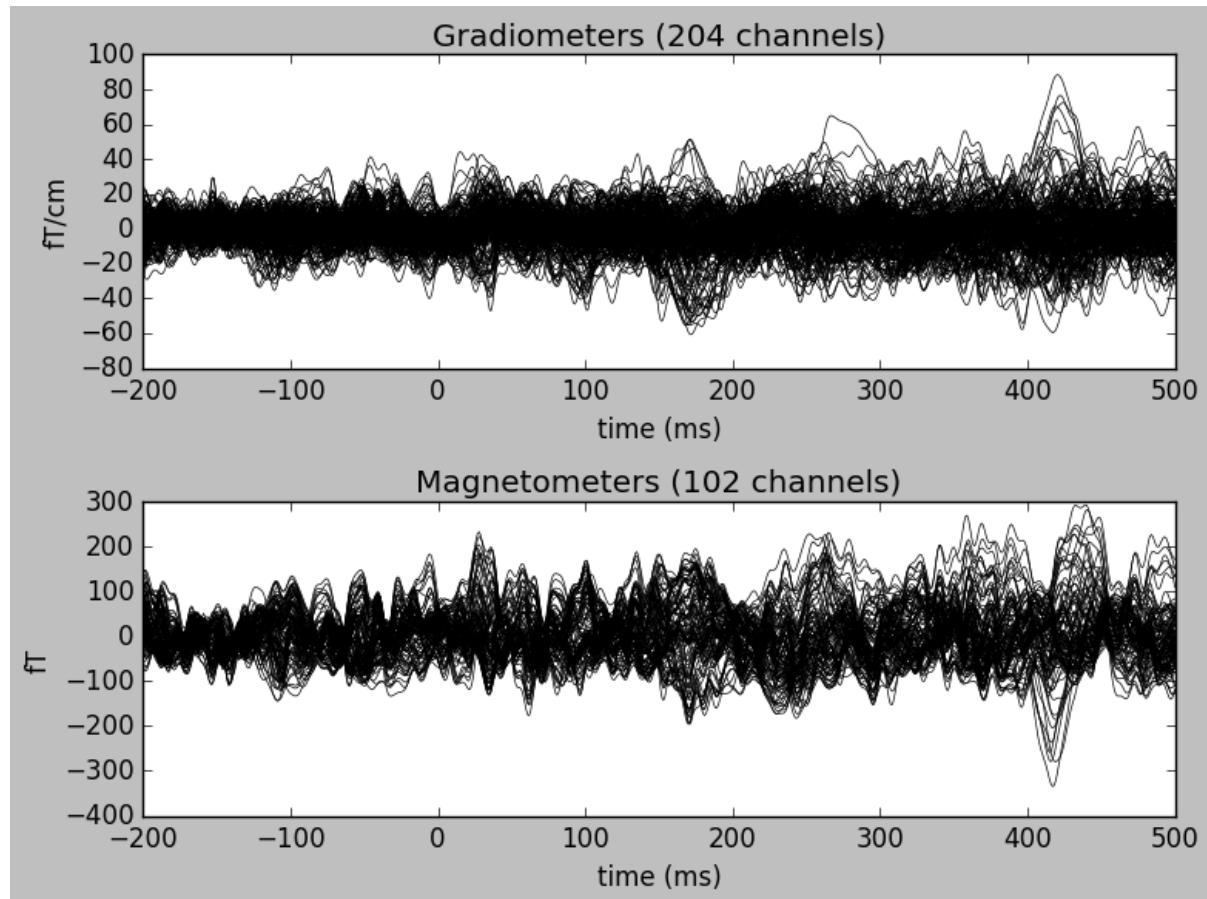


図 11: evoked の例

```
%matplotlib inline
```

別の window に表示したいときは下記のようにしてください。

```
%matplotlib qt
```

また、3D 画像を表示したい場合は

```
%gui qt
```

jupyter に表示するメリットは jupyter 自体を実験ノート風に使えること、別ウィンドウに表示するメリットは raw や epoch 等大きなデータを表示する時にスクロールさせることができます。

実は jupyter 上でスクロール出来る表示もあるのですが、重くてあまり良くないです。
詳しくは qiita で検索してください。親切な記事がいくらでもあります。

また、PySurfer については例えば下記のような感じです。

これは mac の場合ですが、ubuntu も同じ感じです。

subject や subjects_dir は freesurfer の設定で読み替えてください。

```
jupyter で下記の呪文を唱えましょう。
```

```
import surfer  
%gui qt
```

そしてこうです。この場合ブロードマン 1 を赤く塗っています。

```
brain = surfer.Brain(subject, "lh", "inflated",  
subjects_dir=subjects_dir)  
brain.add_label("BA1.thresh", color="red")
```

注意すべき点として、拡張子や左右半球にかんしては add_label 関数では省略して入力する必要があります。

ちなみに、label ファイルはそれぞれの subject の中の label フォルダの中にあります。
この label についてはブロードマンの脳磁図ベースの古典的なものが多いですね。
新しい系は annot ファイルの中に多いです。

```
brain = surfer.Brain(subject, "lh", "inflated",  
subjects_dir=subjects_dir)  
brain.add_annotation('aparc.a2009s')
```

沢山表示されていますね。僕はちょっと気持ち悪いなあと思いました。

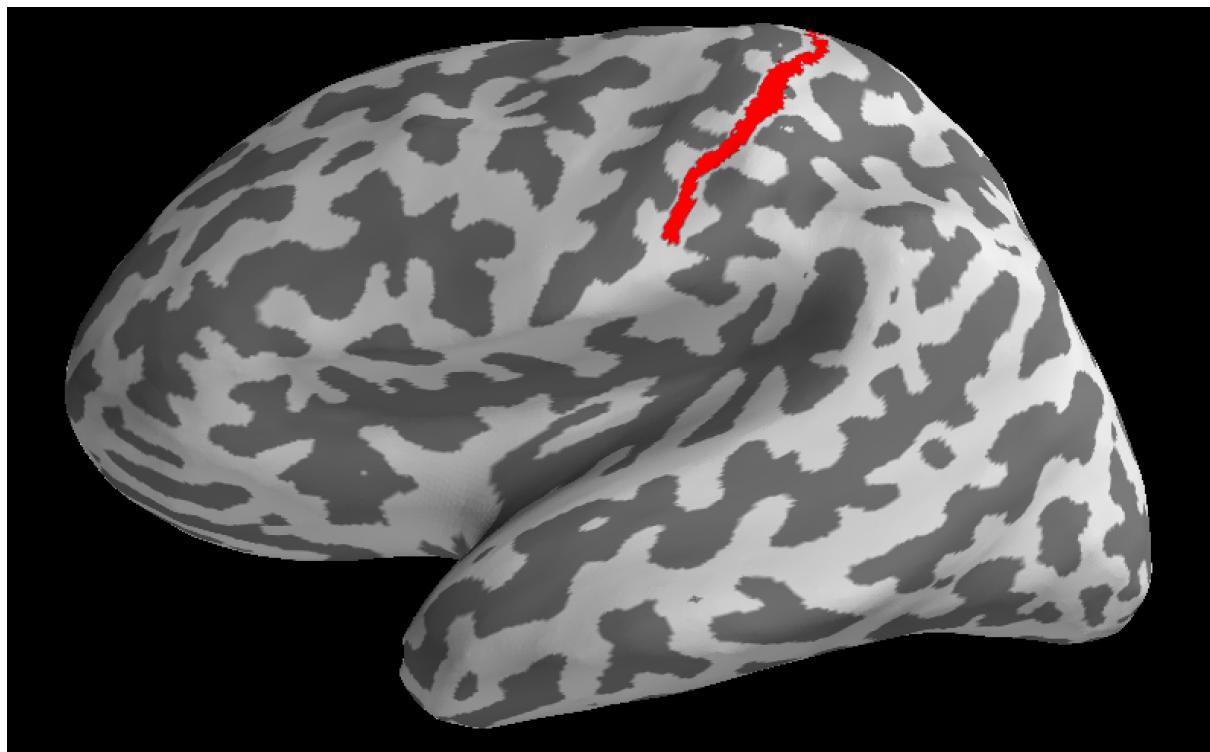


図 12: pysurfer で表示した freesurfer のラベルファイル

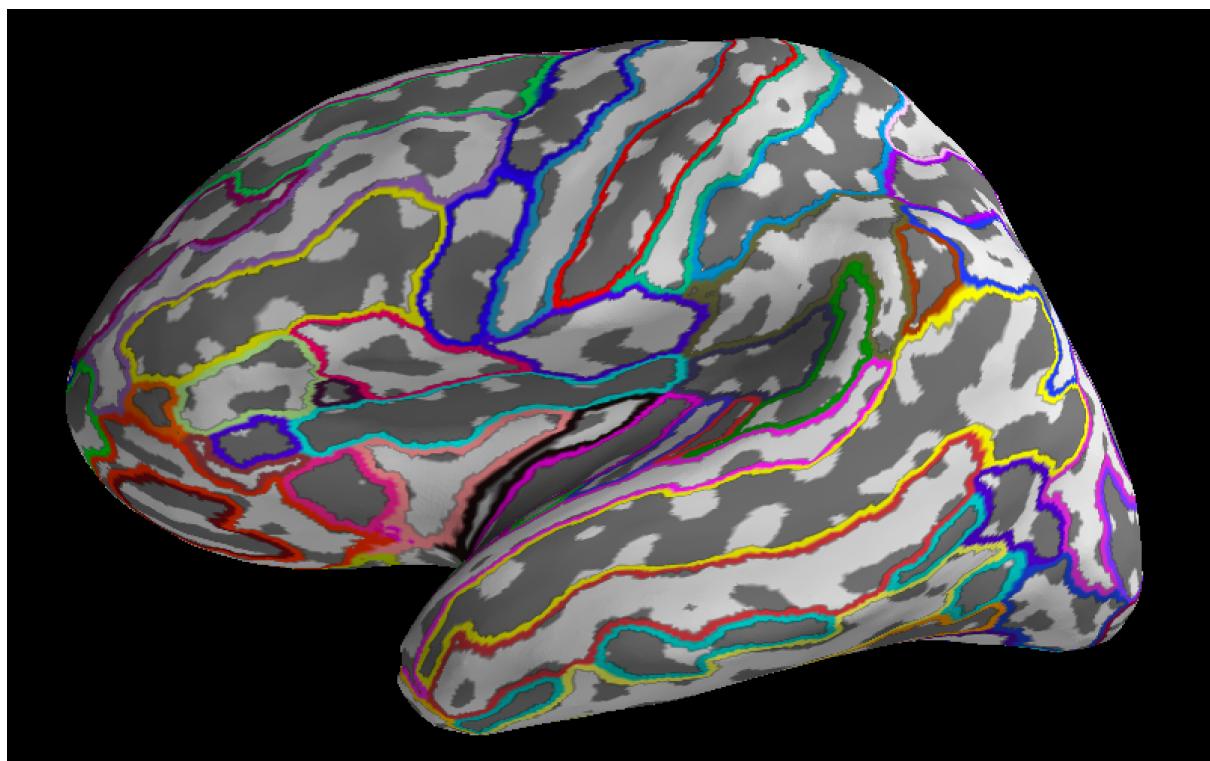


図 13: pysurfer で表示した freesurfer の annotation ファイル

多チャンネル抜き出し

もし、多チャンネルの evoked を平均したものを割り出したいなら
貴方は numpy を使うことになります。

ここでは脳波の evoked を例にしておきます。他のデータでも応用できます。
下記のチャンネルを選択したいとします。

```
channel=['Fz', 'FCz', 'FC1', 'FC2', 'Cz', 'C1', 'C2', 'F1', 'F2']
```

python の配列では、中の項目を逆引きで探し出す.index() 関数があります。
加工した波形データは.data 変数の中に格納されています。その一番初めの情報が
チャンネル別なので、1 チャンネル...例えば'Fz' なら下記のようにすれば割り出せます。

```
evoked.data[evoked.info['ch_names'].index('Fz')]
```

この'Fz' を for 文で書きかえていけば良いのです。

```
data=[]
for ch in channel:
    data.append(evoked.data[evoked.info['ch_names'].index(ch)])
```

ちなみに、下記のように書くのがより pythonic と思われます。
これはリスト内包表記と言って、pythonista が好んで使う方法です。

```
data=[evoked.data[evoked.info['ch_names'].index(ch)] for ch in channel]
```

センサーレベル wavelet 変換

これは解析のゴールの一つと言えましょう。

そもそも wavelet 変換とは何なのか

特定の周波数の波の強さや位相を定量化するための計算方法です。

僕は数学が苦手なので、適当な説明です。フーリエ変換という言葉をご存知でしょうか？

これは波を sin 波の複合体として解釈することで波を一つの式として表す方法です。

ほぼ全ての波はフーリエ変換によって近似的に変換できるのです。

凄いですね！しかし、これには欠点があります。不規則な波の変化に対応できないのです。

何故なら、sin 波は未来永劫減衰しない波だからです。

フーリエ変換において、波は未来永劫つづくのが前提なのです。（切り取ることは出来る）

そこで、減衰する wavelet という波を使って波を表す方法を使います。

そのため、減衰する波を単純な数式で表現する必要があります。

これを理解するためには高校数学を理解する必要があります。

詳しくは後半の「初心者のための波形解析」を御覧ください。

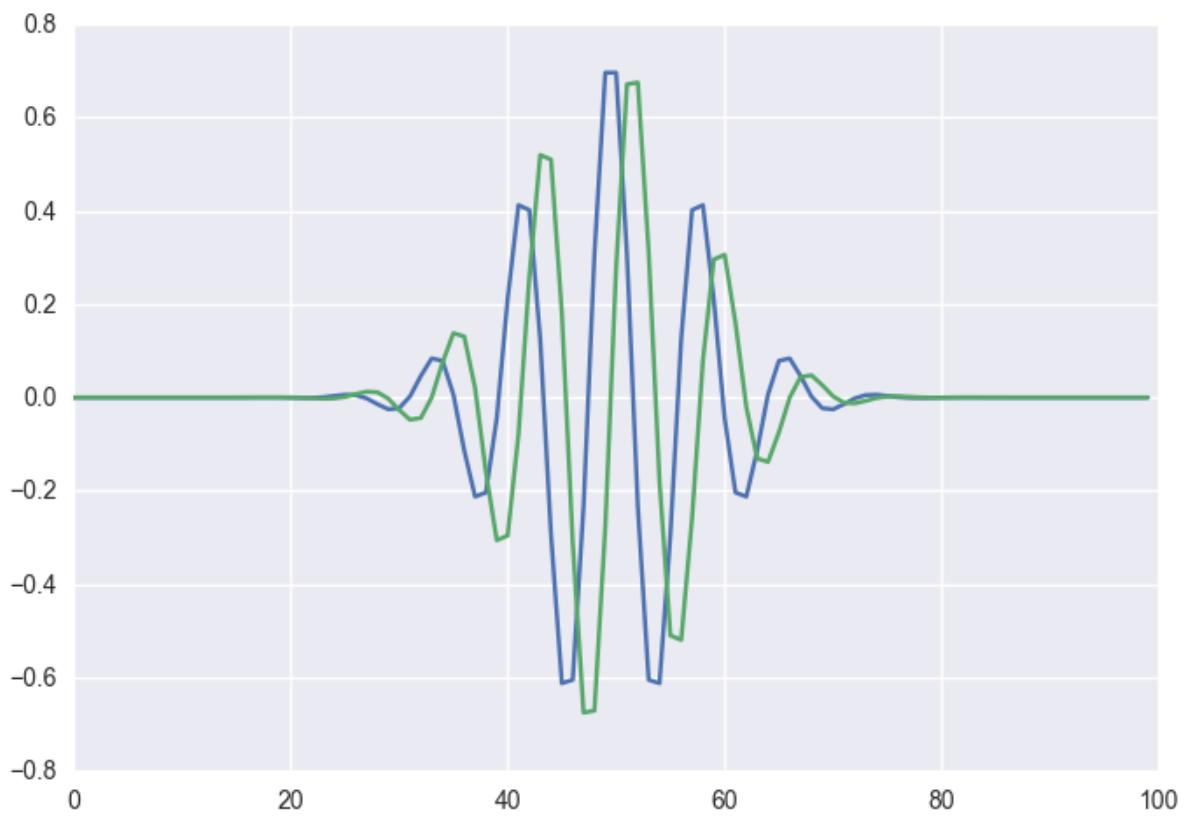


図 14: wavelet の例。これは morlet wavelet という種類。morlet はモルレと読む。青は実数部分、緑は虚数部分。

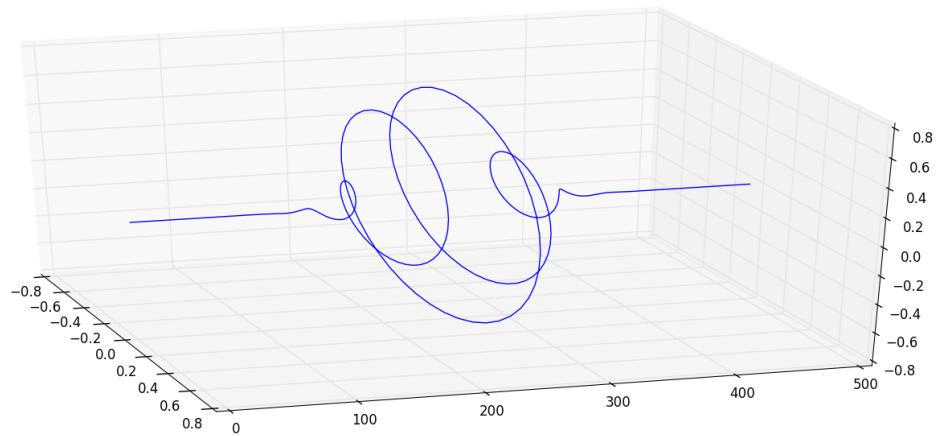


図 15: morlet wavelet の実数軸、虚数軸、角度軸による 3d plot。

wavelet 変換にまつわる臨床的な単語

wavelet 変換に登場する単語としては以下のものが挙げられます。

単語	内容	特徴
evoked power	波を加算平均した後に wavelet 変換、波の強さ	ノイズにやや強い
induced power	wavelet した後に結果加算平均、波の強さ	ノイズに弱いが後期成分に強い
phase locking factor	同一部位での位相同期性	ノイズにやや強い
phase locking value	色々な部位同士の同期性	後期成分に強い

それぞれ生理学的には違うものを見ているらしいです。

本書では evoked power, induced power, phase locking factor について解析を行いましょう。

wavelet 変換の実際

morlet のやり方は臨床的にメジャーなやり方と僕は思っています。

下記のスクリプトで実行できます。

```
freqs=np.arange(30,100,1)
n_cycles = 6
evoked_power=mne.time_frequency.tfr_morlet(evoked,n_jobs=4,
    freqs=freqs,n_cycles=n_cycles,use_fft=True,
    return_itc=False,decim=1)
```

- freqs : どの周波数帯域について調べるか。
上の例では 30Hz から 100Hz まで 1Hz 刻みに計算しています。
- n_cycles : 一つの wavelet に含まれる波のサイクル数。
5~7 という値で固定する方法がよく用いられます。
MNE ではこのサイクル数を可変にすることも出来ます。
- n_jobs : CPU のコアをいくつ使うか。重い処理なのです。
ちなみに、n_jobs を大きくするよりも、n_jobs を 1 にして同時にたくさん走らせたほうが速いです...が、メモリは食います。
- use_fft : FFT による高速 wavelet 変換を行うかどうか。
数学の話になるので、本書では扱いません。
- decim : この値を大きくすると処理が軽くなりますが、出力結果がちょっと荒くなります。
- return_itc :これを True にすると phaselocking factor も算出してくれます。

この関数は evoked も epochs も引数として取ることが出来ます。

return_itc が True か False かでも大きく挙動が違います。

挙動の組み合わせについてですが、下記のとおりです。

return_itc	引数	返り値 1 つ目	返り値 2 つ目
False	evoked	evoked_power	なし
False	epochs	induced_power	なし
True	epochs	induced_power	phaselocking_factor

itc を計算したい時は返り値が 2 つになりますから、下記のごとくです。

```
freqs=np.arange(30,100,1)
n_cycles = 6
induced_power, plf=mne.time_frequency.tfr_morlet(epochs, n_jobs=4,
    freqs=freqs, n_cycles=n_cycles, use_fft=True,
    return_itc=False, decim=1)
```

データの集計について

データの集計についてですが...実は結構面倒くさいです。

MNE は個人個人のデータを解析するモジュールだからです。

貴方は個人個人のデータを MNE で解析した後、

そのデータを自分で集計する必要があります。 numpy を使う必要性はここで出てきます。

MNE のオブジェクト (itc,power,evoked,epochs,raw 等) は
ユーザーがいじることが出来るようになっています。

中の実データはそれぞれのオブジェクトの中の data という変数か、
または get_data 関数で抽出してくることになります。

power なら power.data に、 raw なら raw.get_data() に入っています。
こうして出してきた配列は numpy 形式の配列です。

ピックアップした情報は多次元配列ですから、内容は膨大です。直接見ても整理つきません。

そこで便利な変数が numpy にはあります。例えば evoked のデータを作ったならば

```
evoked.data.shape
```

とすればデータの構造が確認できます。

データの構造としてはこんな感じのようです。括弧がついているのはオブジェクト内の関数です

形式	データ	1 次元目	2 次元目	3 次元目
raw	raw.get_data()	チャンネル	波形	
epochs	epochs.get_data()	チャンネル	波形	
evoked	evoked.data	チャンネル	波形	
itc	itc.data	チャンネル	周波数	波形
power	power.data	チャンネル	周波数	波形

揃っていませんね...。
(どうせ使うのは evoked 以下くらいなので大して困りません。)

それぞれのオブジェクトは
object.save(filename)
とすれば保存できます。
読み込みは多くの形式に対応する必要があってか一寸複雑です。

形式	読み込み関数	備考
raw	mne.io.Raw()	脳磁図の場合。脳波とかは公式サイト API 参照
epochs	mne.read_epochs()	
evoked	mne.read_evoked()	条件によって配列で返されることあり
itc	mne.time_frequency.read_tfrs()	条件によって配列で返されることあり
power	mne.time_frequency.read_tfrs()	条件によって配列で返されることあり

例えば

```
itc=mne.time_frequency.read_tfrs('/home/hoge/piyo')[0]
```

という感じで読み込みます。行の最後についている [0] は上記のごとく
条件によって配列で返されることがある関数だからです。この場合は行列として返されます。
そうじゃない関数の場合は [0] は不要です。実際に手を動かして練習すればわかると思います。

さて、実データのみではサンプリング周波数やチャンネルの名前が分からず
困ったことになりますが、mne/python ではこれらは
それぞれの object の中の info という python 辞書形式変数に入っています。
例えば print(itc.info) とか print(itc.info['ch_names']) とかで
読めたりしますから確認してみてください。僕はこの info を使ってチャンネルを抽出したりします。

ここまで知識で、自分で numpy 形式で脳波脳磁図を扱えるようになります。

あとは下記のようにすれば良いと思います。

1. power なり itc なり波形なり、個人レベルで計算する
2. numpy 形式で 1 チャンネル抜き出したり数チャンネルの平均取ったりする
3. 個人個人で数字が出てくるので、それを保存する
4. R でその数字を統計解析する

例えば hoge チャンネルの fugaHz から piyoHz,
foo 番目から bar 番目 (秒 × サンプリング周波数) の反応までの
実データを抽出したいなら、

```
itc.data[hoge:huga:piyo, foo:bar]
```

です。ちなみに、wavelet 変換時に decim の値を設定している場合は
(秒 × サンプリング周波数/wavelet 変換の decim の値) となります。
API ページで time_frequency.tfr_morlet() 関数をご参照ください。

2 は numpy の mean 等で実現します。

import numpy as np の後

```
np.mean(itc.data[hoge:huga:piyo,foo:bar])
```

などとすれば良いと思います。

3はpythonの基本構文通りなので解説しません。

3と4はjupyterならシームレスに扱うことが出来ます。これは超楽なので僕のオススメのやり方です。

Rとpandasの連携、特にANOVAについて

「Rをjupyterで動かすために」である程度書きましたが、再掲します。

jupyter上で

```
%load_ext rpy2.ipython
```

とした後

```
%%R -i input -o output  
hogehoge
```

という風に記述すればhogehogeがRとして動きます。

データの受け渡しにはpandasを使うのが良いです。

```
import pandas as pd  
data=pd.DataFrame([二次元配列])
```

```
%%R -i data  
print(summary(data))
```

さて...これを応用します。

前述のnp.mean()関数で特定の時間、周波数など切り出した数値(配列ではない)があります。

この数値を仮にnumという変数に入れるとします。これに背景情報を付けます。データの背景情報に「疾患群、健常者群」「右脳、左脳」「刺激提示、プラセボ」という分類を作ったとしましょう。

...日本語は色々と面倒なので、下記のような分類に変えます。

['disease','normal'],['right','left'],['stimuli','placebo']

そして、上記で出したデータが

['disease','left','stimuli']という背景情報に合致するのであれば、
次のような配列を作ります。

```
[ 'disease' , 'left' , 'stimuli' , num]
```

この配列をさらに大きな配列に入れていきます。

```
data=[[ 'disease' , 'left' , 'stimuli' , num]]
```

仮に、次のデータが

['disease','left','placebo',num2]なら、

```
data.append(['disease','left','placebo',num2])
```

とすれば追加されます。³¹

さて...これで被験者の背景情報まで含まれた2次元配列が出来ました。

これをpandasを使ってRのDataFrameとほぼ同等のものにします。

```
import pandas as pd  
df=pd.DataFrame(data,  
columns=('group','hemisphere','test','value'))
```

これで、横軸にcolumnsのラベルの付いたデータフレームが出来ます。

jupyterのRではこれを読み込みます。具体的には下記のようにします。

```
%%R -i df  
print(summary(aov(df$value~df$group*df$hemisphere*df$test,data=df)))
```

ここでpythonからいきなりRを書き始めます。

pythonのscipyでの統計もいいのですが「なんで統計ソフト使わないん?舐めてるん?」

と査読者からrejectを食らう可能性もありますから辞めましょう。

今回は多重比較です。多重ANOVAを用います。aovがRのANOVA関数です。

これをsummary関数に読ませることで結果を簡単にまとめます。

さらに、print文を使うことで画面上に表示します。

中の式は、データフレーム内の掛け算になっています。

ANOVA詳しい人は知っていると思いますが、これは相互作用を算出するものです。

相互作用を計算しない場合は'+'演算子を使ってください。結果が算出されると思います。

あとはANOVAの本でも読んで下さい。本書では割愛します。

³¹pythonistaはリスト内包表記とか使うんでしょうが、ここは簡単のためにappendを使っています。というか、この程度の処理ならappendで困りません。

ソースレベル MEG 解析

ついにソースレベルの解析を行います。これが MNE/python の真髄です。
難しいのです。頑張りましょう。

ソースレベル解析については冒頭の記述を見ていただくとして、
MRI と MEG をくっつけていきます、手順としては以下のとおりです。

1. MRI から脳の形自体を取ってくる。

この形情報を MNE/freesurfer では BEM という。

2. 脳の形から「推定するべき脳の位置」を特定する。

この脳内の位置情報をソーススペース (source space) という。

3. 「推定するべき脳の部位」と MEG で取れる頭の形情報を重ねる。

この作業は手動で行われる。(やればわかる)

この重ね合わせ情報は trans というファイル形式で保存される。

4. 脳の部位情報と頭の形情報とセンサーの位置から、

脳活動によってどのようにセンサーに信号が届くかを計算する。

これを脳磁図における順問題 (forward solution) という。

5. ノイズを取る。この時、covariance matrix と言うものが必要になる。

6. 上記の脳部位とセンサーの関係性から、特定の脳部位での電源活動の波形を推定する。

これを脳磁図における逆問題 (inverse solution) という。

逆問題には決まった解答はない。「最も良い解を得る方法」が幾つか提案されている。

その後は色々なストーリーがあるでしょう。

- 推定された波形を wavelet 変換する。
- PSD や ERP をしてみる。
- 脳の各部位のコネクティビティを算出する。
- 何か僕達が思いつかなかった凄いアイデアを実行する。

でははじめましょう。

手順 1、BEM 作成

上記の通り、MRI から抽出してくる形データとして、BEM と言うものを使います。

BEM は脳の全体を包み込むサランラップみたいなデータです。

皮とか頭蓋骨とかに対応するやつが数枚あります。言葉より図のほうが分かりやすいでしょう。
freesurfer による解析データが必要となります。

ターミナルに戻って下記コマンドを入力しましょう。しばらくかかります。

もちろん SUBJECT や SUBJECTS_DIR は読み替えてください。

```
mne watershed_bem -s subject -d subjects_dir
```

これにより、BEM が作成されました。

再び python に戻り、下記を入力してみてください。

```
mne.viz.plot_bem(subject=subject, subjects_dir=subjects_dir,  
                   brain_surfaces='white', orientation='coronal')
```

これで BEM が表示されるはずです。

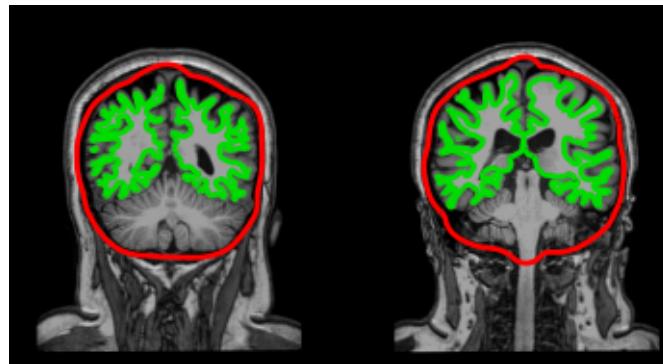


図 16: BEM の図示。

手順 2、ソーススペース作成

脳磁図で見れる空間のうち、どの部分の電源を推定するかを設定する必要があります。その設定がソーススペースです。

```
src = mne.setup_source_space(subject=subject, spacing='oct6',
subjects_dir=subjects_dir,
overwrite=True)
```

見慣れぬ単語が出てきました。oct6とは何でしょうか？

それはここに書いてあります。

<http://martinos.org/mne/stable/manual/cookbook.html#setting-up-source-space>

ソーススペースを作るためには計算上正十二面体や正八面体で

区画分けするので、その設定ですね。

やり方によってソーススペースの数も変わるみたいです。

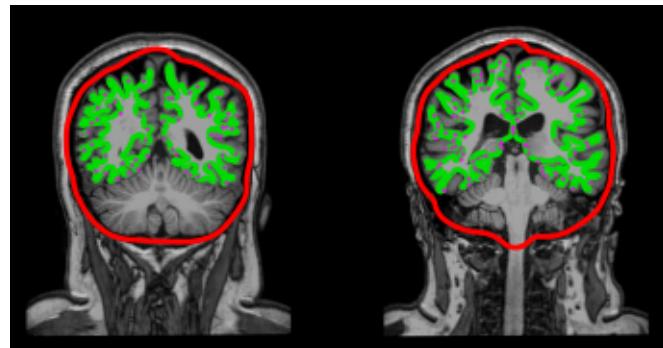


図 17: ソーススペースの図示。小さい点々がソーススペース。

手順 3、trans

GUIでの操作となります。今回、freesurferのsubject, subjects_dirが必要なのと、MEGのデータへのpathが必要です。フルパスです。下記のコードを実行すると画面が立ち上がります。

```
mne.gui.coregistration(subject=subject, subjects_dir=subjects_dir,
inst=file_path)
```

コードを実行して立ち上げた場合、既にデータが読み込まれているので、楽です。

もし 0 から立ち上げた場合、山のようにある MRI の subject から該当の subject を探さねばならなくなります。

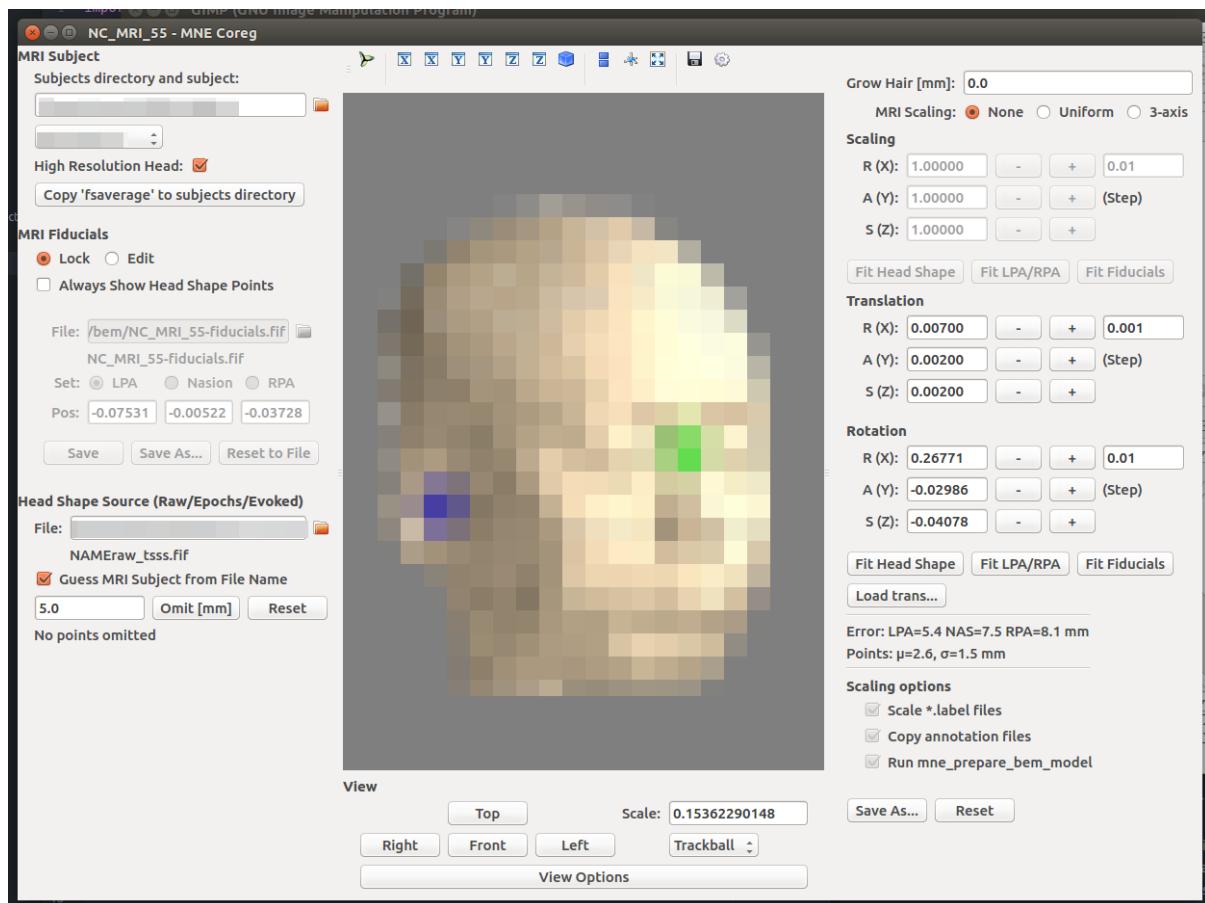


図 18: mne coregistration の画面。大して苦行ではない。

手順はこうです。

1. 左側、set のところで耳と眉間の位置を入力 (MEG のスタイルスでポチるところです)
2. それの一寸上の所、lock をポチる。
3. 右側、Fit LPA/RPA ボタンを押す。
4. 中の人の顔データをマウスでグリグリしながら、右上の ± ボタンを押して調整。
5. ちゃんと fit したら右下の save as ボタンを押して保存。

あとで、保存した trans を

```
trans=mne.read_trans('/Users/hoge/fuga/trans.fif')
```

みたいな感じで読み込んで使います。

手順 4、順問題

BEM は 3 枚ありますが、MEG の場合は一枚だけで十分だそうです。
EEG の場合は 3 枚必要ですが、そもそも EEG のソースベース自体どうかとも僕は思っています。
では、BEM で順問題を解く準備をしましょう。

```
conductivity = (0.3,)  
model = mne.make_bem_model(subject='sample', ico=4,  
                             conductivity=conductivity,  
                             subjects_dir=subjects_dir)  
bem = mne.make_bem_solution(model)
```

これにより、BEM を読み込み、順問題解きモードに入りました。
ico はどの程度細かく順問題を解くかの数値です。 ico の数字が高いほうが詳しいです。
conductivity は電気の伝導性のパラメータです。
EEG の場合はこれが (0.3, 0.006, 0.3) とかになったりします。

では、先程作った色々な物と組み合わせて順問題を解きます。

```
trans=mne.read_trans('/hoge/fuga')  
mindist=5  
fwd = mne.make_forward_solution(raw.info,  
                                 trans=trans,  
                                 src=src, bem=bem, meg=True, eeg=False,  
                                 mindist=mindist, n_jobs=4)
```

ここで使うのは raw.info です。
mindist は頭蓋骨からみて、一番浅い部分にあるソーススペースの距離です。

手順 5、コヴァリアンス

またかよ、という感じですが、またノイズ取りです。しかし、今回はさほど苦行ではありません。
covariance matrix というものを使ってソースベースのデータのノイズを取る必要があります。
これには MEG を空撮りした空データを使います。下記でからの部屋データを読み込みます。

```
cov = mne.compute_raw_covariance(raw_empty_room,  
                                   tmin=0, tmax=None)
```

これでコヴァリアンスを行うことになりますが...MNE には更に追加の方法があります。
上記の空室の方法は広く行われている方法ですが、
誘発電位を見たい場合は restingstate(脳が何もしていない時の活動電位)
がノイズ(本来ノイズではないが、ここではノイズ)として乗る可能性があります。
それを消すならば、下記のようにすることも出来ます。

epoching された短いデータから restingstate もろとも
根こそぎ削ぎ落としてしまいたい場合はこうです。

```
cov = mne.compute_covariance(epochs, tmax=0., method='auto')
```

ちなみに、この method=auto というのは MNE に実装された新しいやり方だそうです。
tmax=0 にしているので、刺激が入る前までの波を取り除きます。
つまりベースラインコレクションみたいな感じになるのです。
ちなみに、epochs で covariance...特に auto ですると結構重いです。

手順 6、逆問題

最終段階です。順問題とコヴァリアンスを組み合わせて逆問題を解きましょう。
下記のとおりです。

```
inverse_operator = make_inverse_operator(epochs.info, fwd,  
cov, loose=0.2, depth=0.8)
```

ここまで長かったので保存しておきましょう！

```
write_inverse_operator('/home/hoge/fuga',  
inverse_operator)
```

この inverse_operator が作れたら、あとは色々出来ます。

手順 7、その後のお楽しみ

induced_power と phaselocking_factor を算出する関数は下記です。
※激重注意、要 WS !³²

```
induced_power, itc = source_induced_power(  
    epochs, inverse_operator, frequencies, label,  
    baseline=(-0.1, 0),  
    baseline_mode='zscore',  
    n_cycles=n_cycles, n_jobs=4)
```

基本は以前 wavelet 変換で行った事に、いくつか追記するだけです。
まず、ベースラインコレクションはここでは zscore でしています。
やり方は色々あります。label は freesurfer のラベルデータです。
baseline 補正の時間についてはデータの端っこすぎると値がブレるので、
そのところはデータ開始時点～刺激提示の瞬間の間で適切な値にしておいてください。
これで算出された wavelet 変換の結果の取扱は、前に書いた wavelet 変換の結果と同じです。

コラム 3-markdown で同人誌を書こう！

³²これは激重です。何故なら 306 チャンネルの MEG からソースに落とし込むと計算方法によっては 10000 チャンネルくらいになります。ROI を絞ったとしても「人数 × タスク × ROI の数 × EPOCH の数」回 wavelet 変換して power と itc に落とし込むのですから...途方もない計算量です。これががあるため、ソースベース解析にはコンピュータ・クラスタやワークステーションが必要なのです。

皆さんもこのような科学系同人誌書きたいですよね？
書いてコミケにサークル参加したいですよね？
難しいLaTexなんて覚えなくても大丈夫。そう、markdownならね！
LaTeXは添えるだけ。手順は下記。

macなら mactex と pandoc をインストールします。
ubuntuやwindowsなら TeXlive をインストールします。
mactexはググれば出てきます。pandocは
brew install pandoc

ubuntuなら
sudo apt install texlive-lang-japanese
sudo apt install texlive-xetex
sudo apt install pandoc

これでpandocでmarkdownからpdfに変換できるようになります。
例えば Doujinshi.md というマークダウンファイルを作って

```
pandoc Doujinshi.md -o out.pdf \
-V documentclass=ltjarticle --toc --latex-engine=lualatex \
-V geometry:margin=1in -f markdown+hard_line_breaks --listings
```

四角で囲われているところはコードの引用の書式に従って書いた後、
コードの上の“‘’の末尾に {frame=single} と書き加えてください。

これで同人誌に出来るPDFになります。詳しくはググってください。
良い同人ライフを！

初心者のための波形解析

ここまで実践を行つきましたが、ブラックボックスでした。でも、理解する努力はすべきでしょう。
ここから理論編に入ります。

内容は高校数学(地獄級)でギリギリやれますし工学部生は大抵理解しています(?)が、
初心者には結構難しいです。また、本書はあんま頭のいい人が書いてるわけじゃないです。
だから、ここでは物凄くざっくり(やや不正確な)解説をします。
...というか、算数が苦手なので不正確な話しかできません。

波形解析で得たいものと、必要な変換

脳波や脳磁図を解析して貴方は何を得たいでしょうか？
脳波や脳磁図の特定の波長...例えば α 波、 β 波、 γ 波等の強さを求めたいですね！それもミリ秒単位で！
また、どのくらい位相が揃っているかとかも見たいです。
なので、必要なのは下記を兼ね備えたデータです。

- 波の強さ
- 波の位相
- 波の位置 (ミリ秒単位)
- 注目した周波数以外は無視できる

波というものは位相があります。出っ張りもあれば凹みもあって、しかもいろいろな波が重なっていたりして定量化しにくいです。特定の周波数の波の出っ張りと凹みを両方同じように評価するにはどうすればいいでしょう？

その方法の一つが cos 波と sin 波を両方使って波を定量化するフーリエ変換です。

しかし、sin も cos も未来永劫絶対に減衰しない波であるため、不規則な波のフーリエ変換はきついです。実は完全にダメではなく、一部を無理やり切り取ってきて、切り取った波が永遠に続く波と想定した上で変換することは一応可能です…でもやっぱり無理気味なのが難点です。³³

wavelet 変換をするのですが、理解するためにはフーリエ級数を理解する必要があります。

フーリエ級数

早速ですが、フーリエ変換の時、元の波は下記のように表します。

$$f(x) = a_0 + \sum_{k=1}^{\infty} (a_n \cos \frac{2\pi n t}{T} + b_n \sin \frac{2\pi n t}{T})$$

これは何かというと、波を変換している式です。解説します。それぞれ…

- $f(x)$:元の波を表す式
- a_0 :波のベースの高さ
- t :時間
- n :解析したい周波数に対応した変数
- T :周期 (任意の定数)
- 右辺:特定周波数の波を表す式

かなり複雑な式っぽいですが、 \sum の中を御覧ください。

解析したい周波数が変数として与えられます。これは、特定の周波数だけにしか対応しないのです。

大抵の波はこの単純な波の足し算で説明することが出来るのです。

実はこの方程式を積分したりして解けば、各 n に対する a も b も算出することができます。

右辺全体をフーリエ級数、 a と b をフーリエ係数と言います。

この式によって規則的なほとんど全ての波を別形式に書き換えられます。

凄いですね！ですが、それだけでは面白くありません。

波をこのように別の式に書き換えた所で僕達がほしい

「波の強さ」「波の位相同期性」「波の位置」の情報がないからです。

なので、上の式を数学的に変換して公式を求めます。

そして、その計算の為には複素数 (!) を用います。

³³ この、永遠に続く波じゃないと無理っぽい感じになることをフーリエ変換の不確定性と言います。連続する波をぶつ切りにすると、端っこが不揃いになったりして、そこの処理もしないといけないです。あまり気の進む作業じゃないです。

複素フーリエ級数

高校数学の複素数平面を覚えているでしょうか？全ての二次元の座標は複素数平面上で下記の式によって表現できます。

$$r(\cos\theta + i\sin\theta)$$

この式です。最終的にはこの様な形に成れば、波の強さも位相も分かるはずです。

さて、貴方はオイラーの公式をご存知でしょうか？

この世で最も美しく偉大な公式の一つです。高校数学(地獄級)でギリギリ出てきます。下記です。

$$e^{i\theta} = \cos\theta + i\sin\theta$$

何度見ても美しい公式ですね。³⁴証明はググってください。

これは美しいだけでなく役に立ちます。まずはこのオイラーの公式による変換を考えます。

端折りますが、オイラーの公式を変形すると \sin と \cos を e と i で表現することが可能ですので、フーリエ級数の式から \sin と \cos を排除できます。高校数学(地獄級)で弄くり倒すと、

$$f(x) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} C_n e^{i\pi nt/T}$$

と変形できます。C_n は変換 a,b を複素数でまとめたものです。

この式の右辺を複素フーリエ級数といいます。

フーリエ変換とはフーリエ係数を求める計算のことです。

$f(x)$ は元の波、 $e^{i\pi t/T}$ はオイラーの公式を見ると...極座標で言うと半径 1 の円ですね。

ここで知りたいのは C_n です。

C_n を求めるにはやはり高校数学(地獄級)によって下記のように書き換えられます。

$$C_n = \frac{1}{T} \int_{-T/2}^{T/2} x(t) e^{-2\pi nt/T}$$

$f(x)$ は脳波や脳磁図の結果ですので、フーリエ変換は

脳波や脳磁図に絶対値 1 の複素数を掛け算して積分する操作といえそうです。

i 乗とか実際に計算するのはアレなので、実際の計算をする時も

オイラーの公式で展開...と言いたいところなのですが、

python3 なんかは複素数の演算ができるので、 e^i を計算できたりします。凄いですね !!!

というわけで、上の式をそのまま python3 流に書けばフーリエ変換は

自分でコーディングすることが出来るわけです。でも、僕は自分ではないです。

既にそれをするスクリプトが開発されているからです。³⁵

ところで、フーリエ変換には FFT という超速いアルゴリズムがあります。

これは畳み込みの定理を組み合わせることで wavelet 変換にも応用できます。

³⁴ ちなみに、 θ が 1 の場合はオイラーの等式と言います。

³⁵ 既に作られているものをもう一回作る無駄のことを、業界では「車輪の再発明」と言います。

結局何をしているのか

要するに基準となる波(エネルギー1)を物差しにして、

特定の周波数の波 = 定数 * 基準波

波 = 特定の周波数の波1 + 特定の周波数の波2 + 特定の周波数の波3...

という感じの計算です。定数さえわかれば波が表せます。定数を表す式は上記のとおりです。で、両方同時に掛けるうまい方法がオイラーの公式の複素数平面なわけです。

臨床的な数値を算出する

こうして出て来る数値(フーリエなら係数に相当するやつ)はスペクトルと呼ばれるものです。実はこの時点で波の力と位相は既に計算できています。

$f(\omega)$ の絶対値の二乗が力(パワースペクトル)、そして位相がそのまま位相です。
何故二乗?と思われるかもですが、振幅の二乗に比例しますし、
それほど不自然ではないと僕は思うのです。

この、パワースペクトルの時間単位の平均値がパワースペクトル密度(PSD)です。

なにしろ、 $\cos\theta + i\sin\theta$ の絶対値が1なのは自明なので、
掛け算しても理屈上は振幅もエネルギーも絶対値は変わらないわけです。
そして、位相については物差しになる波との位相の差が出てきます。

そして wavelet 変換へ

話を戻します。この時点ではフーリエ変換です。waveletにするためには減衰する波の必要があります。幸い、全ての実数は二乗すると正になりますから、こんな感じでいいです。

$$e^{-iwx} e^{-x^2}$$

こんな感じの式に色々と定数を付けたのが morlet wavelet です。

何故定数をつけるかというと、減衰する波である以上、補正しないと上記のフーリエ変換のようにエネルギーを測れないからです。複素数平面で回りながら半径を小さくしていくものです。
3D プロットのとおりですね。ちなみに、これは他にも色々あるやり方の一つです。

morlet wavelet も計算結果が複素数平面として出てきますから、
結果の絶対値を二乗したら力、結果を絶対値で割れば位相が定量化出来ます。

この複素数平面上で定量化した位相については、各波ごとに加算平均していきます。
同じ位相であれば複素数平面上のベクトルを同じ方向に足し合わせていく
事になりますから「位相の合計の絶対値」が大きくなっています。
バラバラなら絶対値は0に近づくはずです。
つまり、各波の位相のシンクロ率(位相同期性)は
複素数平面上のベクトルの足し算によって表現されるのです。

この2つを我々の領域ではそれぞれ power、phaselocking_factor と呼びます。

初めてフーリエ級数とか聞いた人はここまで読んで意味がわからなかったと思います。
そんな人には高校数学の美しい物語の複素フーリエ級数関連の記事をお勧めします。

コラム 4-ニューラルネットワーク

「脳神経をエミュレートする仮説に基づいた人工知能」の事を
ニューラルネットワークと言います。pythonの必要性に迫られ、
pythonと数学を学んで使いこなせたなら、十分理解できる分野です。
そして、踏み込むべきだと思っております。
何故なら、僕は人工知能は人間のニューロンを
エミュレート出来ていると信じております、
この仮説を理解することが脳科学への理解を深める
擧手になると信じているからです

ソースベース推定の理屈

ここまで来ると僕の理屈が追いつかなくなってしまいます。すみません。

(後日書くことを約束します)

おすすめの参考書

ステルスマーケティングです。

- Analyzing Neural Time Series Data: Theory and Practice
表題見て分かる通り、洋書ですが名著です。英語ですが平易に書かれています。
amazon でも売っています。どうすれば良いのかわからなくなった時の道標です。
MNE-Python はどうすれば良いのか分からなくなる事が多いのです。
- 事象関連電位一事象関連電位と神経情報科学の発展
脳波関連の和書の名著です。なのですが、絶版です。古本を見つけたらすかさず買いましょう。
内容的には臨床医学に近い内容で、数学の要素は薄い文系の本です。
通読向けではありますが、やはり手を動かしながらじゃないときついです。
- 脳磁気科学-SQUID 計測と医学応用
これも絶版の和書です。僕は算数も英語が苦手なのですが、
この本はかなり数学チックなマニアックな内容の本で、初っ端から微積が出てきておののきます。
でも、避けて通りながら読むことも出来るので、数学嫌いな人でも読めるかもです。
何が嬉しいかというと、大まかに MEG の歴史だと目的とかが書かれています。
そして、線形代数を勉強した後、貴方はまたこの本に挑むのです…。
- 意味がわかる線形代数
これは異色の本です。多くの線形代数の本は文系や医学生には
冥王星語でも読んでいるように感じるのですが、
これは日本語で書いてあります。意味がわかります！

反面、内容は「分かっている人」からすると薄いのでしょうが、いいのです。
このくらい噛み砕いてくれないとアホ(僕)にはわからんのです。

- Electromagnetic Brain Imaging: A Bayesian Perspective 2015
MNEって線形代数なのです。基礎がわかってないと分かりません。
でも、基礎がわかっててもわからない本が普通にあるので悲しい。
この本は基礎がわかったら何とか読めます。(理解できるかは別) 英語なのですが、読みやすい英語です。
- ゼロから作る DeepLearning
コラム4参照。ニューラルネットワーク系人工知能本の名著です。
機械学習に興味がお有りなら買ってください。
基礎を学ぶには本当に良いです。その後は chainer だとか tensorflow だとか
触れば良いんじゃないですかね?

おすすめサイト

高校数学の美しい物語

<http://mathtrain.jp>

高校数学についてのサイトです。高校数学を復習するにあたって、このサイトは素晴らしい。

フーリエ変換とか行列計算とか複素数とか、そういうことを考える時に
辞書みたいにつかってみては如何でしょうか？

ウェーブレット変換の基礎と応用事例：連続ウェーブレット変換を中心に

<https://www.slideshare.net/ryosuketachibana12/ss-42388444>

このウェーブレット変換スライドは素晴らしいです。作者が学生の頃に勉強して作ったのだそうですが、
多くの「分かっている人向けの数学的入門書」と違い、直感的に分かるように書いてあるのです。

おすすめSNS

qiita

<http://qiita.com>

日本のプログラマ用のSNS...というかブログサービスです。

かなり分かりやすい記事が多く、大変重宝します。カジュアルな雰囲気漂う気軽なサイトですね。

twitter

<http://twitter.com>

twitter かよ！と思われるかもですが、学者さんのアカウント、雑誌のアカウント

開発者さんのアカウントは極めて有用です。カジュアルな感じですが炎上には気をつけましょう。

github

<https://github.com>

プログラマ用SNSの中でも最も有名なものでしょう。

qiita はただの記事集ですが、github は開発ツールです。

ただし、学習コストがかなり高いのと、真価を發揮するのは団体戦なので、熟練者向けてですね。

下記のgitを中心に据えたwebサービスです。余談ですがマスコットキャラの octocat が可愛いです。

おすすめソフト

本書では jupyter で環境構築をしました。
つまり僕のオススメなのですが、それ以外のツールも紹介しておきましょう。
当然ながら全てフリーウェアです。

- git
バージョン管理ソフトです。プログラム書くときとか、長文書くときとかに
どこをどう修正したのか分からなくなったりしませんか？僕は1万字超えるともうだめです。
そういうものを複数人で作成したり、一人でも修正を重ねながら練っていくなら有用だと思います。
- github desktop
git は使うための学習コストが結構高いです。
こいつは git を簡単に使いこなす為の github 社製 GUI ツールです。
- atom
お前は github 社の回し者かといわれ言われそうですが、
github 社製のテキストエディタです。
これは使いこなせるようになるまでやはり学習コストが…なのですが、
しかし、使いこなせれば最強のプログラミング用エディタです。
jupyter とは逆方向に恐竜進化したツールですね。
- pandoc
markdown という形式で書いた文書をあらゆる形式に変換するソフトです。詳しくはコラム参照。
この何が嬉しいかというと、markdown で書いたものを
word、LaTeX、PDF、HTML 等、あらゆる形式に変換してくれるのです。
つまり、markdown さえあれば、他はいらなかった！
(細かい所の調整は LaTeX 書く必要が有りますが…)

参考文献

(まだ途中です…)

- Gramfort, M. Luessi, E. Larson, D. Engemann, D. Strohmeier, C. Brodbeck, R. Goj, M. Jas, T. Brooks, L. Parkkonen, M. Hämäläinen, MEG and EEG data analysis with MNE-Python, Frontiers in Neuroscience, Volume 7, 2013, ISSN 1662-453X
- Margherita Lai, Matteo Demuru, Arjan Hillebrand, Matteo Fraschini, A Comparison Between Scalp-And Source-Reconstructed EEG Networks