

## チュートリアル2:ファースト・ステップ

文責:フランソワ・タデル、シルヴァン・バイユ

訳:長尾紀久子

目的:一人のサブジェクトについてデフォルトの頭部画像 Colin27 を使ってプロトコルを作成する。

### **目次**

1. 初回のブレインストーム起動
2. 主要インターフェイス・ウィンドウ
3. 最初のプロトコル作成
4. プロトコル探索
5. 基準点の選択 (MRI Viewer)
6. MRI 可視化
7. 頭部表面の可視化
8. 座標系タブ
9. サブジェクトの作成
10. デフォルト頭部画像の変更
11. デフォルトの MRI 基準点の修正
12. フィードバック
13. 次へ

### ※訳注

下記の訳語を用いた。

anatomy:頭部画像

surface:頭部表面

fiducial:基準点

## 1. 初回のブレインストーム起動

- ① Matlab を起動し、brainstorm3 ディレクトリを選択して、コマンド・ウィンドウに“brainstorm” と入力する。

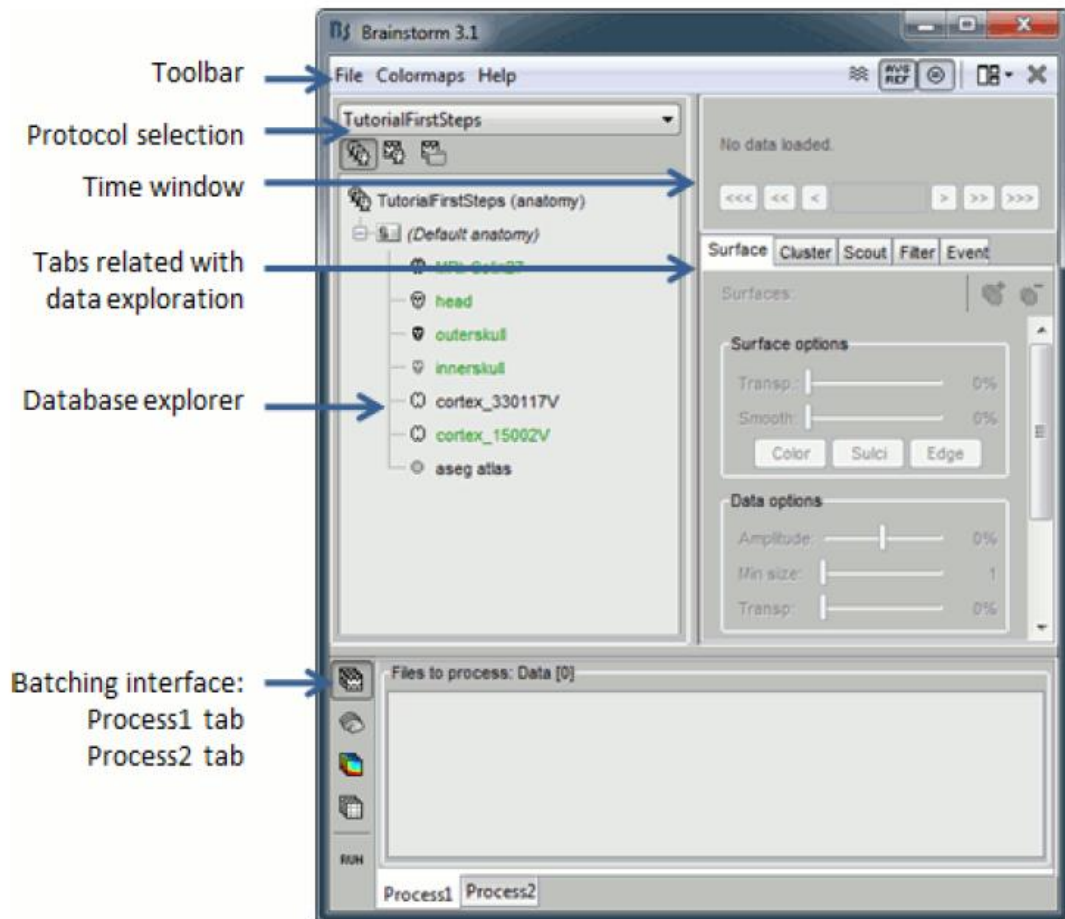
```
BST> Starting Brainstorm:
BST> =====
BST> Version: 3.1.130731 (31-Jul-2013)
BST> Checking internet connectivity... ok
BST> Compiling main interface files...
BST> Emptying temporary directory...
BST> Deleting old process reports...
BST> Loading configuration file...
BST> Loading default channel selections...
BST> Initializing user interface...
BST> Starting OpenGL engine...
BST> Reading plugins folder...
BST> =====
```

- ② ライセンス・ファイルを読んで同意する。
- ③ ブレインストーム・データベースのディレクトリを設定する。前章の記述を熟読すること。

安全な選択肢の例:

- Windows:マイドキュメント¥brainstorm\_db
- Linux: /home/username/brainstorm\_db
- MacOS: Documents/brainstorm\_db

## 2. 主要インターフェイス・ウィンドウ

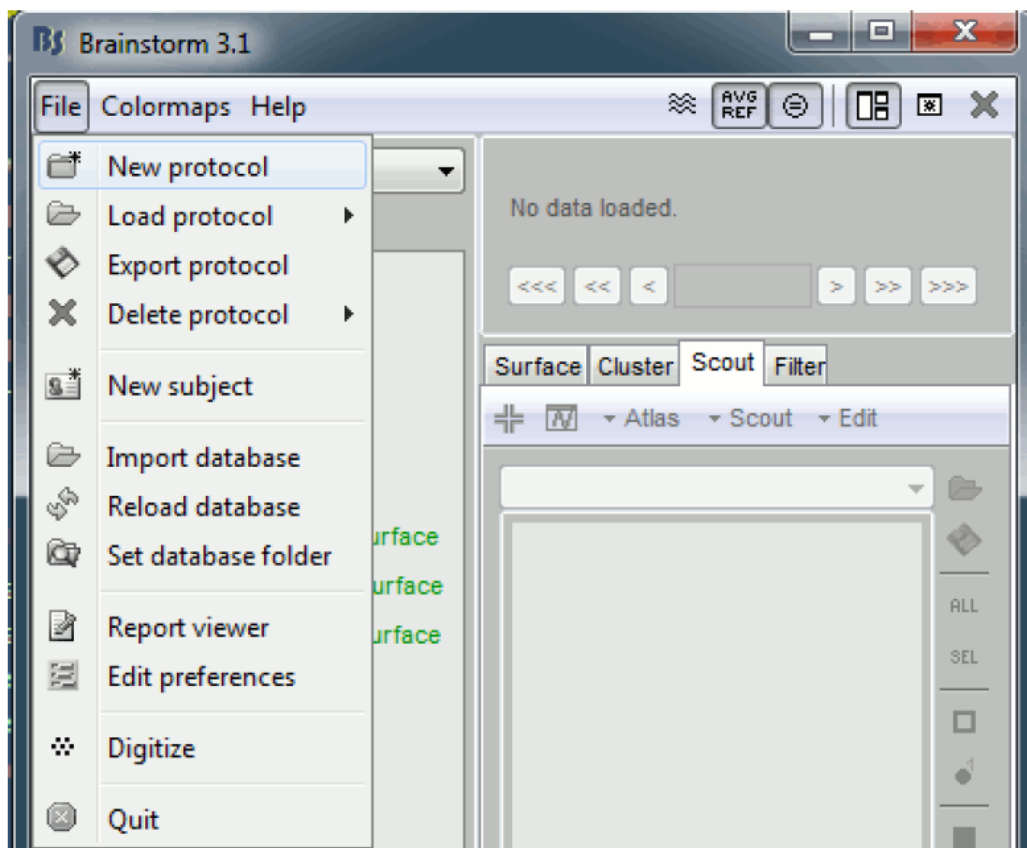


(上から順に)

- ツールバー
- プロトコル選択
- タイム・ウィンドウ
- データ探索用タブ
- データベース探索
- バッチ用インターフェイス: 処理1タブ、処理2タブ

### 3. 最初のプロトコル作成

- ① File メニューをクリックし、New protocol を選択する。



- ② プロトコル名を編集: "TutorialFirstSteps" と入力する。  
パスが自動アップデートされる (Anatomy へのパスと Datasets へのパス)。
- ③ サブジェクト用のデフォルト・プロパティ:
  - このパネルでは、新規サブジェクト生成時のデフォルトを設定する。  
これらはサブジェクトごとに個別に設定することもできる。
  - ここでの目的は、デフォルトの頭部画像 Colin27 を使ってサブジェクトを作成することなので、  
"Yes, use protocol's default anatomy" を選択する。
  - Default channel file という選択肢は、ちょっと複雑である。データベース内でどの水準で  
センサー情報 (位置、方向、名前など) を定義したいかを定めるものである。  
より効率的にデータ管理を行うために、場合によっては全サブジェクト共通の、あるいは  
一人のサブジェクト内の全フォルダに同じチャンネル・ファイルを使ってもよい。  
Help ボタンを押すと、この選択肢の情報を閲覧できる。
  - 今回は、何もインポートしないので、この選択肢は考えなくてよい。

- ④ 以下の図のようなものが準備できたら、Create をクリックする。

**Create new protocol**

Protocol definition

Protocol name : TutorialFirstSteps

Anatomy path : C:\Work\Protocols\TutorialFirstSteps\anat ...

Datasets path : C:\Work\Protocols\TutorialFirstSteps\data ...

Default properties for the subjects

**Default anatomy:**

No, use individual anatomy.

Yes, use protocol's default anatomy.

**Default channel file:**

No, use one channel file per condition (MEG).

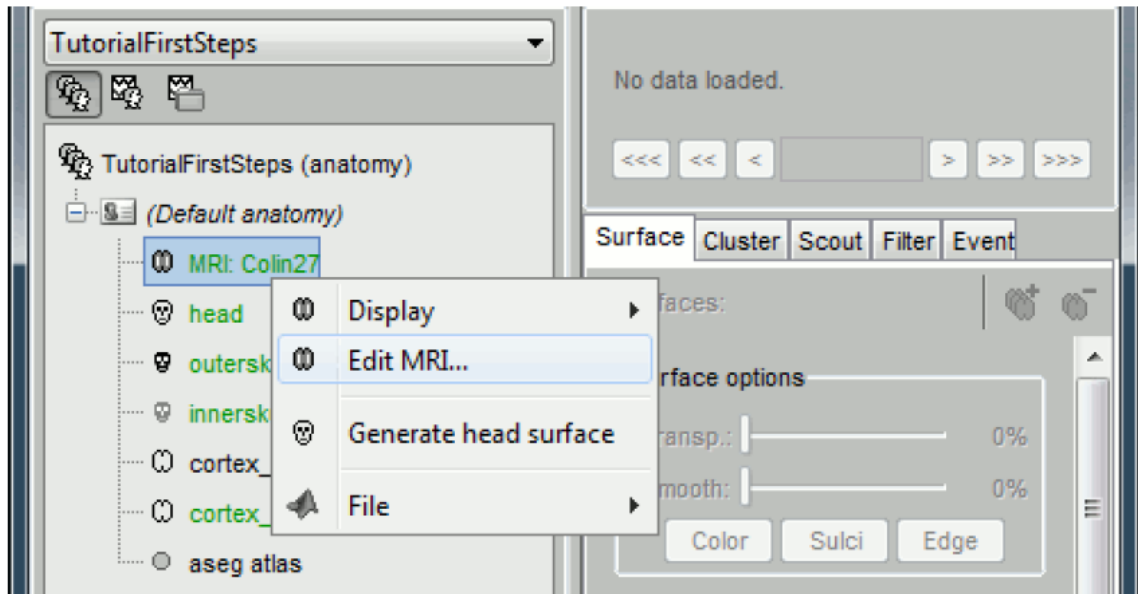
Yes, use one channel file per subject (MEG EEG).

Yes, use only one global channel file.

Help Cancel Create

## 4. プロトコル探索

プロトコルが作成され、データベース・エクスプローラで見えるようになった。



プロトコルはツリー内の最上位のノードで表現されている。

- ツールバーの3つのボタンで、頭部画像と機能的データを切り替えられる。

データベース内には、まだサブジェクトは存在しないので、Functional data 欄は空白である。一方、Anatomy 欄には“Default anatomy”のノードがある。そこには、個別の頭部画像を持たないサブジェクト向けに、デフォルトとして使用できる MRI と頭部表面が格納されている。

- ブレインストームで使うデフォルトの頭部画像は、モントリオール神経学研究所 (MNI: Montreal Neurological Institute) 提供の Colin27MRI に基づいており、Colin Holmes 脳の 27 の T1 画像の平均である(詳細リンクあり)。
- ここにある皮質表面は、FreeSurfer を使ってこの平均 MRI から抽出されたものである。
- 頭蓋の内と外の表面は、ブレインストームで生成されたものである。
- Anatomy ビューを表示し、小さい“+”をクリックして“Default anatomy”ノードの中身を展開してみよう。MRI といくつかの頭部表面があり、それぞれ違うアイコンで区別されている。
- 頭部画像ファイル、サブジェクト、プロトコルのノードについて実行可能なあらゆる操作は、アイコン上で右クリックすることで行うことができる。

しばらくポップアップ・メニューをいろいろ探索してみよう。

この段階では何もダメージを被らないので、あちこちクリックするのを怖がる必要はない。

## 5. 基準点の選択 (MRI Viewer)

MRI とその基準点についての詳細を記す。

MRI ファイル上で右クリックし、Edit MRI を選択すると、下図が表示される。



- スライス内の任意の点をクリックして、あるいはそれぞれの図の下にあるスライダーを使って、脳の内部を探索しよう。
- 3方向いずれの図でも良いのでクリックしてみると、マウス・ホイール操作で、その方向の図内で次の／前のスライスに移動できる。
- 図の下部にある虫眼鏡ボタンで、ズームイン／ズームアウトができる。
- それぞれの図の上に小さいボタンが3つある。ブレインストームが要求するのと違った方向の独自の MRI を取り込むときに、これらが役に立つ。(例えば、冠状断の視点から見て上方に矢状断という名前が見えるとき、あるいは後頭部を示す小さい白い"P"が鼻を指しているとき) いろいろなボタンの上にマウスを数秒ほど置いて、ツールチップの説明を読んでみよう。そこをクリックして、そのボタンが何をするのかを理解しよう。
- 画像のコントラストは、マウスで変えられる。イメージ上で右クリックしたままホールドし、マウスを上下に動かしてみよう。
- どの視点の図でも右クリックすると、ポップアップ・メニュー (以降で説明する) が出る。

- MRI の上で 6 つのポイントを定義できる:
  - サブジェクト座標系 (Subject Coordinate System:SCS)を定義する 3 点  
鼻根 (NAS)、左耳介前点 (LPA)、右耳介前点 (RPA)
  - 標準座標系 (Normalized Coordinate System:NCS)を定義する 3 点  
前交連 (AC)、後交連 (PC)、大脳半球内の任意の点 (IH)
  - 基準点の定義方法についての詳細は、座標系のページへ。(リンクあり)
  - あるポイントを定義するには、3つのビューで定義したいポイントの位置決めを行い  
(3 つのビューの交点で位置が決まる)、Set ボタンをクリックする。  
のちほど View 上をクリックしてこの点にビューを合わせることができる。
- MRI 上で全ポイントが定義済みであることは確認できるが、常にその位置をチェックすること。  
様々な理由から、研究グループはそれぞれ独自の位置決めの方法を持っている。  
それらは、我々が耳や鼻根の位置を決めたのと全く同じやり方ではないかもしれない。  
各自のやり方によりよくフィットするように基準点を動かすことに躊躇することはない。
- Display options パネルでは、いくつかの項目を非表示にできる。  
MIP/Anatomy にチェックを入れると、通常のスライスの代わりに最大画素強度  
(MIP:Maximum Intensity Power) の画像が表示される。  
各点で表示される値は、全スライスを通じた最大値となる。
- Coordinates パネルには、ブレインストームが管理する各座標系 (MRI、SCS、MNI) で  
表現されたた(x,y,z)座標が表示されている。
- 完了したら、Cancel をクリックする(ここまでの操作を本気でセーブしたいのであれば)。

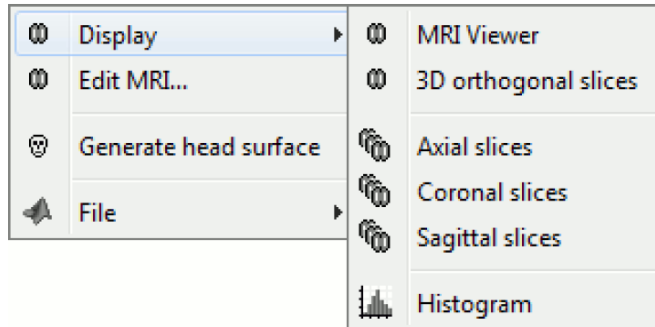


## 6. MRI 可視化

MRI のボリュームを表示するには、いろいろな方法がある。

”Default anatomy”の T1-MRI アイコン上で右クリックし、Display メニューを開いてみよう。

いろいろなメニューを一通りクリックしてみると、何ができるかがよく分かるようになる。

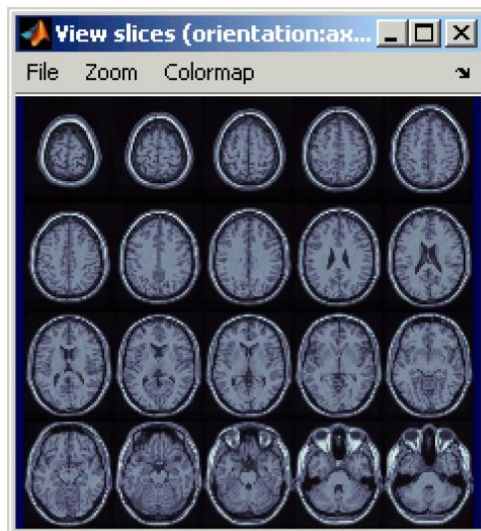


### ◎MRI Viewer

すでに紹介したデフォルトの可視化モードである。

MRI ファイル上をダブルクリックすると、MRI Viewer が開く。

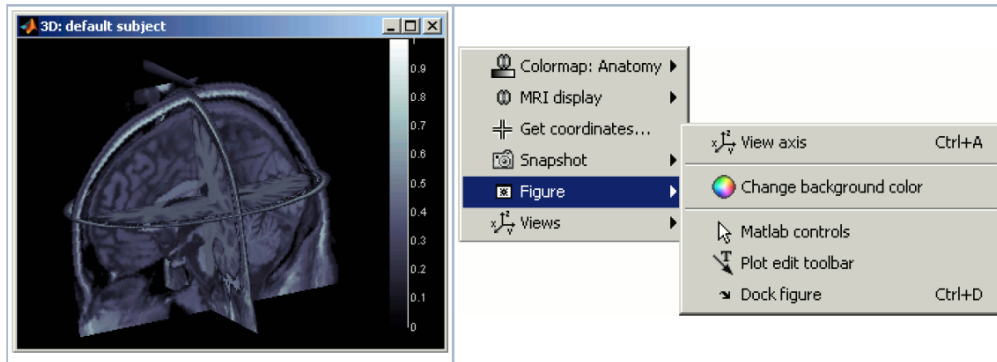
### ◎Axial/Coronal/Sagittal slices



次の操作ができる。

- ズーム: マウス・ホイール(または、MacBook pad で 2 本指操作)
- ズームしたイメージ上での移動: クリックしてマウスを動かす
- コントラスト調整: 右クリックして上下に動かす
- メニュー → カラーマップ選択
- メニュー → 画像として保存

## ◎3D orthogonal slices



次の操作ができる。

### •単純なマウス操作

回転: クリックして動かす

ビューをリセットする: ダブルクリック

ズーム: マウス・ホイール (または、MacBook pad で 2 本指操作)

図の移動: 左右同時クリックして動かす

MRI スライス切り替え: 右クリックしてスライス方向に沿って動かす

あるいは Surface タブ内の Resect パネルを使う

カラーマップのコントラスト/明るさ: カラーバーをクリックし、上下方向 (明るさ)

または左右方向 (コントラスト) に動かす

ビューをリセットする: ダブルクリック

カラーマップをリセットする: カラーバー上でダブルクリック

### •ポップアップ操作 (図の上で右クリックする)

Colormap: Anatomy 全体のカラーマップ編集 (詳細は次のチュートリアルで)

MRI Display: 今のところ、MIP (Maximum Intensity Power) option のみ。

チェックを入れると、各方向で該当するスライスの代わりに  
全スライス中の最大画素強度を表示する

Get coordinates: 3D ビュー内でポイントを拾うことで、その点の座標値が得られる

Snapshots: この図の画像や動画を保存する

Figure: 座標軸の表示、背景色の変更、Matlab ツールを使った高度な図形の編集や  
管理のための各種メニュー

Views: あらかじめ定義された設定でカメラ位置を設定する

### •キーボードのショートカット

ポップアップメニューのショートカット: メニューの右の部分にあるように、

各メニューにキーボードのショートカットが割り振られている。

(Figures → View axis の CTRL+A、Views → Left の "1"、など)

Views のショートカット (0, 1, 2...9 と "="): 皮質の信号源を探索するのに非常に  
便利なので覚えておくとよい。左右の半球を切り替えるときなど、  
マウスで脳を廻すよりもこれを使った方がずっと早い。

•Surfaces タブ(ブレインストームのメイン・ウィンドウを参照)

このパネルは、もっぱら頭部表面を表示するためのものであるが、3D の MRI を見る  
ときにも便利に使える操作がいくつか用意されている。

透明スライダー:

スムーズ・スライダー: MRI スライスに適用された閾値を変更する。

ゼロに設定すると、脳から抽出されたスライスが全部見える。

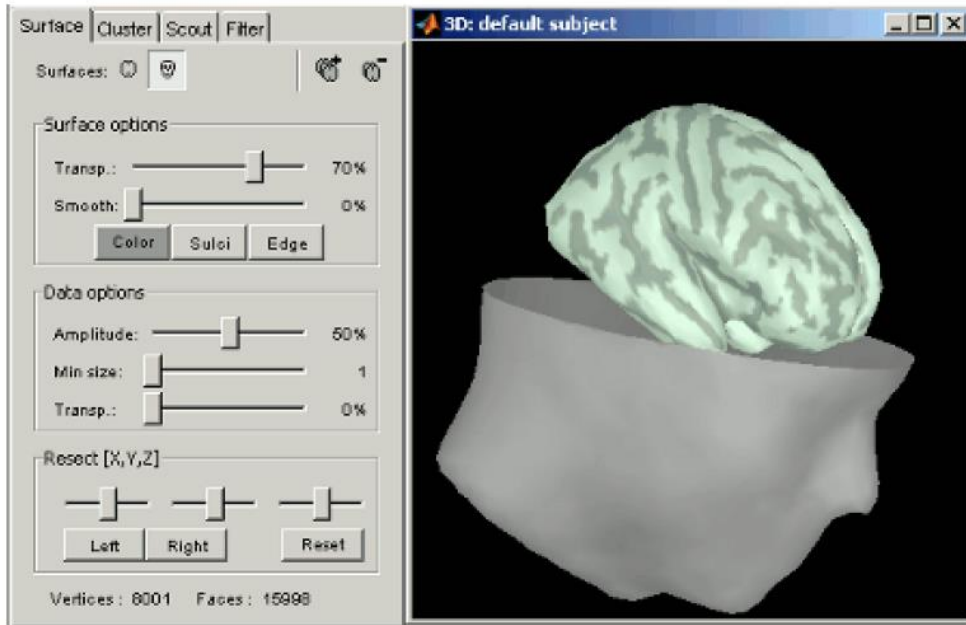
リセクト・パネル: スライスの位置を3つのスライダーで変更できる。

## 7. 頭部表面の可視化

頭部表面を表示する方法はただ一つだけ、3D 画像のみである。

表示するには、図をダブルクリックするか右クリックして Display を選択する。

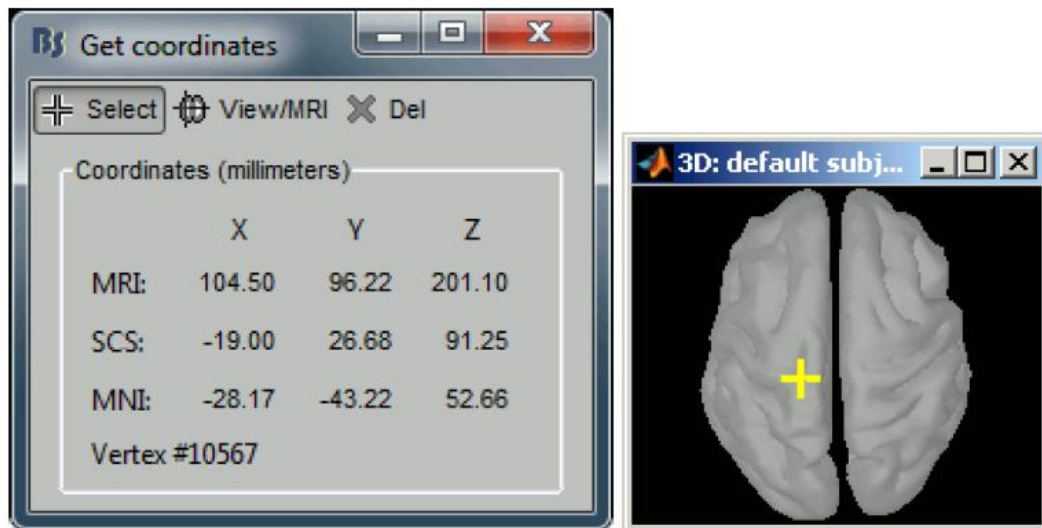
- マウスとキーボードの操作は、3D MRI の場合と同様。
- 同一サブジェクトの2種類の頭部表面を表示すると、一つの画面上に2つ表示される。
- Surfaces タブ : ここでは更なるオプションが利用できる。



- Surfaces タブ 上部の Surfaces で Cortex 表面 (脳のアイコンを選択) を開き、各ボタンとスライダーを操作してみよう。
- 次に Scalp 表面 (骸骨のようなアイコンを選択) を開いて同様に試してみよう。
- ”Data options” パネルのスライダー以外は、操作すると何かしら表示が変化するのであろう。
- “Data options” は、頭部表面上で追加的なデータをマッピングするときに使うと便利である。
- 図の上に複数の頭部表面を表示しているとき、そのプロパティを変更するには、まず編集したいものを選択すること。
- 選択可能な頭部表面は Surfaces タブの上部に表示されている。
- Surfaces タブ 右上の (+と-が付いた) ボタンで、頭部表面を簡単に追加／削除できる。

## 8. 座標系タブ

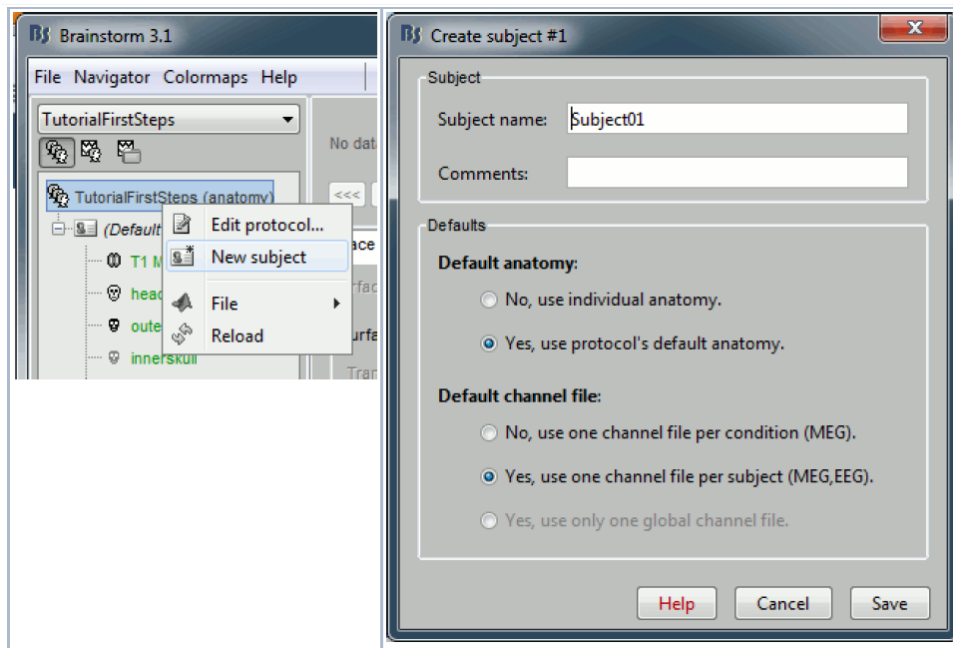
- 図をすべて閉じてから、もう一度脳表面を表示する。
- 3D 画像上を右クリックして”Get coordinates”を選択すると、新しいウィンドウが現れる。



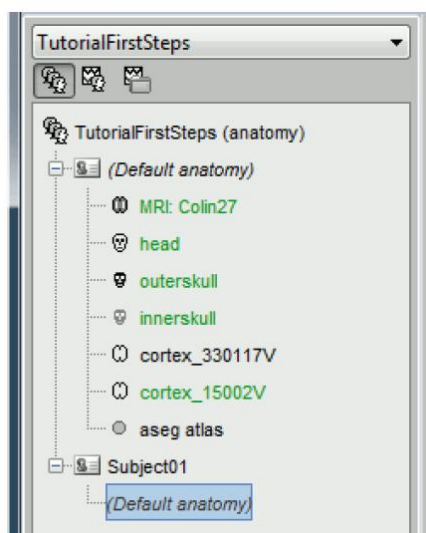
- 脳表面の任意の点をクリックすると、大きめの黄色い十字が出て、その位置座標(x,y,z)がその時に利用可能なすべての座標系で表示される(CoordinateSystem のページを参照)。
  - MRI: MR ボリュームをミリメートルで表示 (MRI ファイル内で定義された Voxsize を乗じた値)
  - SCS: Subject Coordinates System のことで、ミリメートル表示
  - MNI: Montreal Neurological Institute の標準座標系で表示
- ”View / MRI”をクリックすると、この点が MRI 画像上のどこに位置するかを MRI ビューアで確認することができる。

## 9. サブジェクトの作成

注意深く探索してみれば、プロトコルのポップアップ・メニューの中に”New Subject”というメニューを見つけることができる。



- 普通、ここでは被験者の名前を編集するぐらいである。
- しかし、ここではサブジェクトとコンディション間で共有している頭部画像とチャンネル・ファイルのデフォルトを変更することができる。  
例えば、”Yes, use default anatomy”を選択したままにして、Save をクリックする。
- すると、新しいサブジェクトが Anatomy と Functional data ビューで確認できる。
- Anatomy ビューでは、サブジェクトのツリーに”Default anatomy”というリンクだけがある。  
このサブジェクトはデフォルトの MNI Colin27 の頭部画像を使っている、ということに注意しよう。



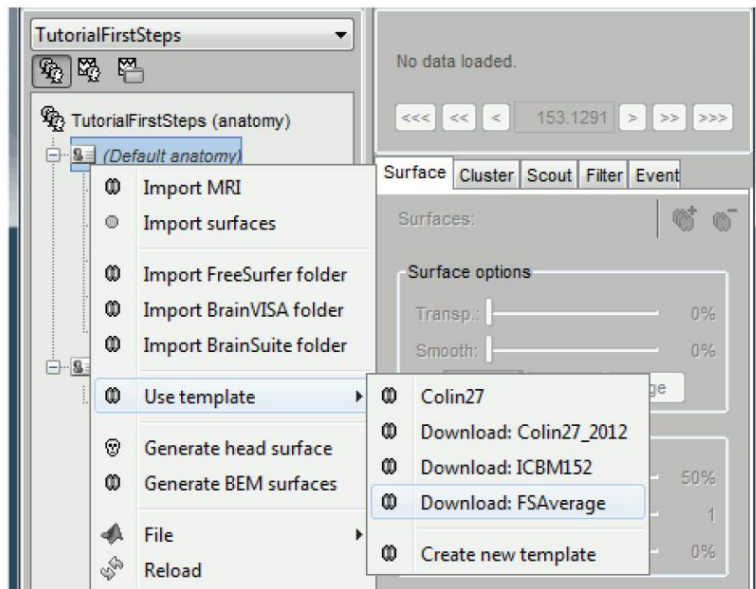
## 10. デフォルト頭部画像の変更

新しいプロトコルを作成すると、プログラムが自動で Colin27 の頭部画像をコピーして、そのプロトコルのデフォルトとして設定する。これは、個別の MRI を持たない被験者あるいはグループ解析の標準脳として Colin27 の画像を使うことができるということを意味する。

他の MRI+頭部表面のセットを Colin27 の頭部画像の代わりに使うこともできる。

“Default anatomy”を右クリックし、Use template を選択する。

※もしお使いのシステムでこれが有効でない場合は、ブレインストームのウェブサイトからダウンロードして、\$Home/.brainstorm/templates に保存して下さい。



ここで出来ることは、以下の通りである。

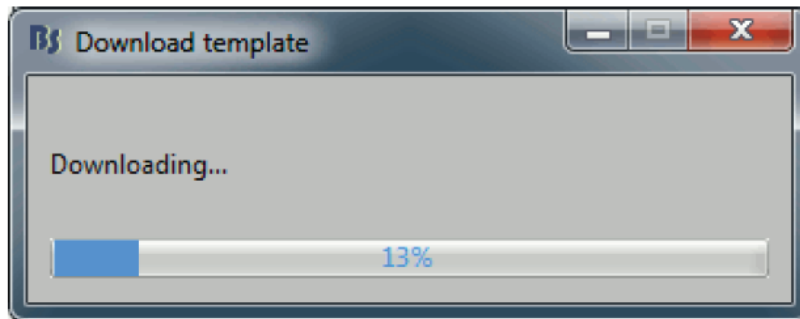
- Colin27: 一人の頭部を27回スキャンし平均化し、FreeSurfer 5.3 で処理したもの(リンクあり)
- Colin27\_2012: ブレインストームで使用した以前のバージョンのデフォルト頭部
- ICBM152: 152名の被験者を非線形平均化し、FreeSurfer 5.3 で処理したもの(リンクあり)
- FSAverage: 40名の被験者を球状平均化したもの(Fischl et al. 1999 のリンクあり)で、FreeSurfer 5.3 のデフォルト脳である。お使いの場合は、こちらから登録を(リンクあり)。

これらには、以下の情報がすべて含まれている。

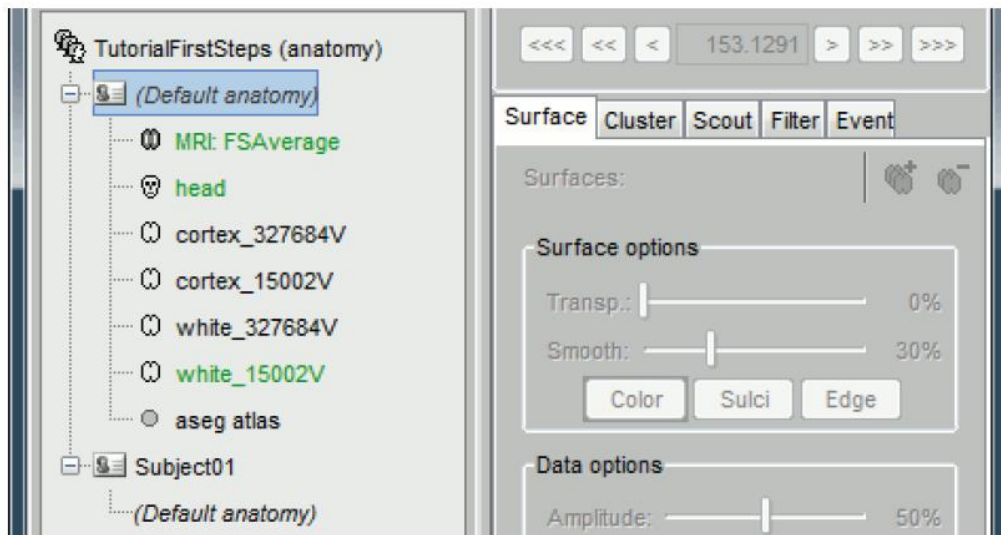
- T1 MRI ボリューム
- 皮質表面: 高解像度(～300,000 vertices)と低解像度(15,000 vertices)
- 頭部表面: MNE ソフトウェアの FSAverage で使用する頭部に基づいたもの
- 各半球を FreeSurfer で球体にしたもので、デフォルトの頭部を選択したときに FreeSurfer で個人の脳との間で座標あわせができるもの
- FreeSurfer の頭部表面に基づくアトラス: Desikan-Killany, Destrieux, Brodman, Mihdboggle (および、Yeo2011 と PALS for FSAverage のみ)

アトラスについては後のチュートリアルで論じる。FreeSurfer とブレインストームのかかわりについてのさらなる情報は、このチュートリアルを参照(リンクあり)。

ダウンロードのオプションのどれかをクリックすると、指定されたものが \$Home/.brainstorm/templates フォルダにダウンロードされる。



その後、"Default anatomy"フォルダ内のファイルリストは新しいテンプレートに置き換えられる。





## **1 1. デフォルトの MRI 基準点の修正**

ご自分のデータを記録する時に使われていた基準点 (Nasion, LPA, RPA) の定め方は、ブレインストームの頭部画像テンプレートで使われているもの (Colin27, ICBM152, FSAverage) と同じではないかもしれない。デフォルトでは、座標系のページ (リンクあり) で赤い点で示されているように、LPA/RPA 位置は耳珠 (じじゅ、軟骨の舌状突起) と耳輪 (じりん、耳たぶ) の交点で定義されている。

もし、頭部画像テンプレートを使いたいですが上記の基準点を別のやり方で拾っている場合は、MRI ビュアーでテンプレートのデフォルト位置を以下の手順で修正しておくこと。

- anatomy ビューに行く
- ”Default anatomy” で、MRI 上で右クリックして Edit MRI を選択
- 基準点の位置を修正し、ご自分のやり方に合わせる
- [Save] をクリックする。これで新しい座標系に合致するように頭部表面がアップデートされる。

## **1 2. フィードバック**

コメント、バク・レポート、指摘、質問があればどうぞ。

## **1 3. 次へ**

これでみなさんはデフォルトの頭部画像を用いてプロトコルを作成し、MR と頭部表面を可視化する方法を学びました。

次のステップは、サブジェクトの個別の頭部画像を読み込む方法になります。