

SPM 統計入門*

Introduction to SPM statistics

Matthew Brett 著 根本 清貴 訳

目次

1	はじめに	2
2	用語について	3
2.1	Covariate の日本語訳について	3
3	PET と fMRI	4
4	SPM での解析例	5
5	ステップ 1: 画像からデータを取り出す	5
6	ステップ 2: データを解析できるようにする	5
6.1	画像信号値の全体量: Global image signal	5
6.2	総平均のスケーリング: Grand mean scaling	9
7	統計: もっとも単純な場合 - 相関解析	9
8	モデルから行列へ	12
9	t 統計量とコントラスト	16
10	仮説の検定について一言	17
11	t 統計量から Z 値に	17
12	Covariate が 1 つ以上の場合	18
13	条件の追加: 一般線形モデル	20
14	おわりに	22

* このドキュメントは包括型脳科学研究推進支援ネットワーク活動の一環として、根本清貴が Matthew Brett 氏から承認を得て翻訳しました。原文は、<http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/imaging/PrinciplesStatistics> にあります。

ここでは SPM での統計の基本をお伝えします。SPM96 以降に対応しています。統計の知識が少ない人を対象にしているため、数式は最小限にしています。この内容を理解するのに MATLAB 言語の理解は必須ではありませんが、もし MATLAB についての知識があるならば本文中の図を作成するために使ったコードを見たくなるかもしれません。コードは <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> にあります。このスクリプトにサンプルデータの置き場所およびデータ解析のためのコードがいくつか入っています。また、スクリプト内にコードを実行するための方法が記載されています。

SPM の統計に関してもっと詳しい情報を知りたかったら、Human Brain Function 第 2 版 <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/doc/books/hbf2/> の一般線形モデルの章 <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/doc/books/hbf2/pdfs/Ch7.pdf> をご覧になったらよいと思います。また、fMRI, PET, VBM に関しては Wellcome Trust Centre for Neuroimaging のサイトにて SPM コースのビデオ <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/course/video/> を見ることもできます。

1 はじめに

SPM での統計インターフェースは初心者にとって簡単ではありません。SPM は SPSS のような統計ソフトと同じ数学計算を行なっています。SPM の統計インターフェースの理解が難しいのは、SPM がユーザに数学を理解してもらうことを期待しているからです。容易さを犠牲にしている分、同じインターフェースでいろんな統計ができるようになっていきます。従って、SPM のインターフェースを理解するためにはその背景にある数学を理解する必要があります。統計の初心者であってもこれは到底無理なことではないということをこれから示したいと思います。最初に理解してもらいたいことは SPM は個々のボクセルに対して別々の統計を行うということです。他の脳機能画像プログラムと同じように SPM は個々のボクセルを別々に解析します。

もう少し具体的に言うと、

1. 個々のボクセルで分散を計算します。
2. その結果から個々のボクセルに対して t 検定を行います。
3. t 統計量から Z 値を算出します。
4. t 統計量の画像 (SPM99) もしくはそれに相当する Z 値の画像 (SPM96) を表示します。
5. 有意な t 統計量 (SPM99) やそれに相当する Z 値 (SPM96) に対して多重比較補正を行い、その結果を提示します。

このドキュメントでは、1-4 のステップがどのようになっているかを説明します。ステップ 5 の基本については別に確率場理論 (Random Field Theory) についてのチュートリアル <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/imaging/PrinciplesMultipleComparisons> を書いています。

もう一度強調しておきますが、SPM は個々のボクセルに対して別々に統計をおこない、 t 統計量 (および Z 値) を求めているということです。ここで使われている統計はかなりシンプルなもので、たいいていの統計の教科書に説明されています。

2 用語について

このセクションでは、解析における標準的な統計用語を示し、それらがどのように SPM での解析に関わるかを見ていきましょう。

応答変数 (response variable) は統計において、ある観察において測定されるデータです。応答変数はしばしば 従属変数 (dependent variable) とも言われます。SPM での応答変数は、各スキャンの個々のボクセルから得られるすべての値です。

予測変数 (predictor variable) は応答変数を予測するために使われる値です。予測変数は 独立変数 (independent variable) とも呼ばれます。各々の変数は何らかの 効果 (effect) を有しています。これから扱うデータの場合、予測変数は各スキャンにおけるタスク困難度のような説明変数 (covariate)^{*1} となります。予測変数は応答変数に影響を与えます。今の場合には応答変数はボクセル値となります。

つまり、SPM では

観察値 (observation) = 一つのスキャンにおいて、解析するボクセルのボクセル値

応答変数 = あるボクセルにおけるすべてのスキャンでのボクセル値 (観察値すべて)

予測変数 = 説明変数 (covariate) = 効果

ということです。

2.1 Covariate の日本語訳について

この節の内容は原著にはありません。上にも出てきますが、“covariate” がこれから何度も出てきます。日本語に翻訳される際には、「共変量」として訳されますが、“covariate” と「共変量」の包含する意味は違うことに注意が必要です。

Wikipedia 英語版では、covariate について以下のように説明されています。

In statistics, a covariate is a variable that is possibly predictive of the outcome under study. A covariate may be of direct interest or it may be a confounding or interacting variable.

ここで、covariate は結果を予測する変数であり、直接関心のある変数のこともあれば、そうでないこともあると書かれています。日本語の「共変量」の意味するところは、後者のことだけを指しますので、英語の covariate の方が広義ということになります。

Wikipedia に戻ります。

The alternative terms explanatory variable , independent variable , or predictor, are used in a regression analysis . In econometrics , the term "control variable" is usually used instead of "covariate".

*1 訳注: 2.1 を参照のこと

上記で述べたように、covariate は説明変数、独立変数、予測因子とも表現されると書かれています。さらに、以下のようにも述べられています。

In a more specific usage, a covariate is a secondary variable that can affect the relationship between the dependent variable and other independent variables of primary interest.

ここで、「より狭義の意味では、covariate は従属変数と最も関心のある独立変数との関係に影響を与える二次的な変数である」となっています。これがまさに日本語に訳されるどころの「共変量」ということになります。

つまり、covariate には、広義の covariate と狭義の covariate があり、狭義の covariate は日本語で言うところの共変量を指し、広義の covariate は、回帰分析における説明変数のような変数も入ってくるわけです。

このことを鑑み、本稿では、covariate の訳を訳し分けることにしました。“covariate of no interest”および、そのような意味で使っている covariate は「共変量」として訳し、“covariate of interest”は、「説明変数」と訳すことにします。どちらも、必ず原著でどのように表現されているか明示することといたします。また、中には、説明変数と共変量のどちらの意味も包含して covariate と使っている場合もありますので、その場合はあえて訳さずに covariate としてあります。

なお、本稿では出て来ませんが、SPM のドキュメントでは、狭義の共変量をあらかず言葉として、covariate of no interest, confounding covariate, nuisance variables といった表現もあります。つまり、以下のように言えるでしょう。

(狭義の) 共変量 = covariate of no interest = confounding covariate = nuisance variable

以上をまとめると、表 1 のようになります。

分類	同義語		
covariate of interest	explanatory variable	predictor variable	independent variable
covariate of no interest	confounding covariate	nuisance variable	

表 1

3 PET と fMRI

ここで使う例は一人の被験者の PET 解析です。なぜかという、PET 解析は典型的な一人の被験者の fMRI 解析よりも単純だからです。PET データが fMRI より簡単な理由の一つは観察値（ボクセル値）がほぼ独立していることにあります。何を言いたいかというと、あるスキャンにおけるボクセル値（VV）は次のスキャンをとる際には多かれ少なかれ無視出来るレベルまで減衰してしまっているのです。ですから、2 番目のスキャンのボクセル値は最初のスキャンとは独立している信号の測定値と考えることができます。ランダム効果における解析 (random effect analyses) ではよくあることですが、個々の被験者の画像が異なる場合の解析でも同じことが言えます。しかしながら、fMRI の場合、1 回のセッションにおいてスキャンとスキャンの間の時間は非常に短いことがしばしばです。このような場合、あるスキャンでの信号値はその次のスキャンに

おいても残っているかもしれません。この場合、時系列解析 (time-series approaches) を行う必要があり、数学が複雑になります。しかしながら、ここで PET について記載する内容は、fMRI にも応用できます。

4 SPM での解析例

SPM96 の解析結果をみてみましょう (図 1)。この解析では以下に示すデータを使っています。

これはある一人の説明変数 (covariate)^{*2}のみの PET 解析 (single subject, covariates only) であり、比例スケールリングを使っています。その他は SPM96 のデフォルトのままです。被験者のスキャン順 (1 から 12) にファイルを選択しました。説明変数 (covariate) としては表 2 にあるタスク困難度を入れました。コントラストは '1' としています。(下記参照) もし SPM96 や SPM99 を持っていたら、この解析を再現することができます。そのためには画像ファイルをダウンロードして適当なディレクトリに展開してください。(詳しい説明は <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> にあります。)

SPM99 で行った同じ解析結果を図 2 に示します。

このチュートリアルで、図の中の表にある Z 値がどのように計算されたかを説明できたらと思います。Z 値は表の中ほどにある括弧でくくられた数値です。SPM96 では Z 値は 'voxel-levelZ' のところにあり、SPM99 では、'voxel-level' の下にある 'Z=' の列にあります。私はこの図の右にある「計画行列 Design matrix」とその上にある「コントラスト」についても説明したいと思います。

5 ステップ 1: 画像からデータを取り出す

あるボクセルについて統計を行うために、SPM は各々のスキャンからそのボクセルのデータを取り出す必要があります。SPM がどうやってそれをするかは、<http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> で見ることができます。簡単に言うと、SPM は画像を構成するあるボクセルの数値を抽出し Matlab に入力します。ここでは、図 1 の表の最初にある座標 $x=-20$, $y=-42$, $z=34$ のボクセル値を取り出します。

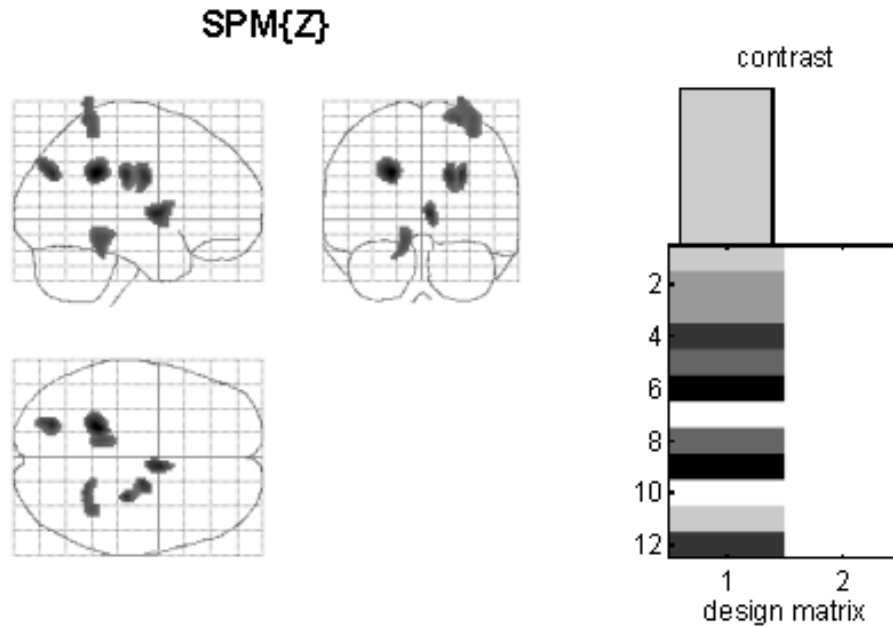
6 ステップ 2: データを解析できるようにする

データを入手した後、もういくつかの処理が必要です。次の 2 つのセクションはその処理について説明します。頭がいっぱいになりすぎてしまいそうだったら、ここで説明する処理を鵜呑みにしてもらって、次の「統計: もっとも簡単な場合-相関解析」にとんでもないかもしれません。

6.1 画像信号値の全体量: Global image signal

解析で重要なステップの一つに全体量の影響を調整することがあげられます。全体量とは画像のすべてのボクセル値の総和を指します。スキャン毎のボクセル値の変動の大半はそのスキャンの信号値の総和で説明できます。PET の場合、スキャンの信号値は頭に届いた放射性物質の量によって定まります。従って、この値は腕から心臓までの血液循環の速度や注射された放射性物質の量によって影響されます。もし多くの放射性物質が

*2 訳注: 2.1 を参照のこと



P values & statistics: ../data/matthew.brett/Sample_ana/96

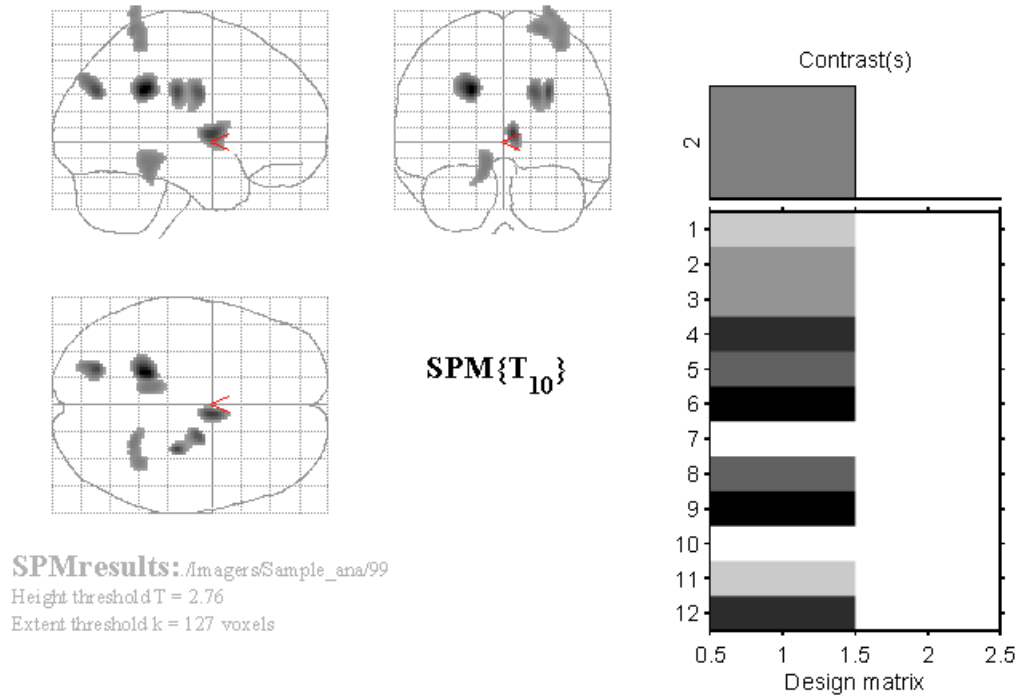
set-level {c}	cluster-level {k,Z}	voxel-level {Z}	uncorrected k & Z	x,y,z {mm}
0.488 (6)	0.127 (290, 4.37)	0.068 (4.37)	0.128 0.000	-20 -42 34
	0.547 (155, 3.75)	0.472 (3.75)	0.252 0.000	6 0 6
	0.629 (260, 3.67)	0.562 (3.67)	0.142 0.000	28 -22 32
		0.761 (3.49)	0.000 0.000	20 -8 30
	0.653 (163, 3.65)	0.590 (3.65)	0.240 0.000	-22 -72 32
	0.932 (274, 3.01)	0.994 (3.01)	0.133 0.001	26 -50 70
		0.998 (2.92)	0.002 0.002	36 -46 70
		0.999 (2.83)	0.002 0.002	30 -50 80
	0.985 (184, 3.00)	0.994 (3.00)	0.213 0.001	-10 -40 -12

Height threshold {t} = 2.33, p = 0.010
 Extent threshold {k} = 127 voxels, p = 0.299
 Expected voxels per cluster, E{k} = 127.1
 Expected number of clusters, E{n} = 5.6

Volume {S} = 238187 voxels or 443.3 Resels
 Degrees of freedom due to error = 10.0
 Smoothness FWHM {mm} = 14.3 16.3 18.5
 {voxels} = 7.1 8.1 9.3

SPM96 (matthew) - 21.08/1999 (14.53)

Positive slope for Task Difficulty



Statistics: volume summary (p-values corrected for entire volume)

set-level		cluster-level			voxel-level				x,y,z (mm)
p	c	p _{corrected}	k	p _{uncorrected}	p _{corrected}	T	(Z)	p _{uncorrected}	
0.461	6	0.919	290	0.065	0.280	7.96	(4.37)	0.000	-20 -42 34
		0.997	155	0.165	0.945	5.79	(3.75)	0.000	6 0 6
		0.974	260	0.079	0.899	5.56	(3.67)	0.000	29 -22 32
					0.970	5.07	(3.49)	0.000	20 -8 30
		0.993	163	0.156	0.911	5.49	(3.65)	0.000	-22 -72 32
		0.949	274	0.072	1.000	3.97	(3.01)	0.001	26 -50 70
					1.000	3.80	(2.92)	0.002	36 -46 70
					1.000	3.63	(2.93)	0.002	30 -50 80
		0.970	184	0.133	1.000	3.96	(3.00)	0.001	-10 -40 -12

table shows at most 3 maxima > 8.0mm apart per cluster

Height threshold: T = 2.76, p = 0.010 (1.000 corrected)
 Extent threshold: k = 127 voxels, p = 0.207 (0.996 corrected)
 Expected voxels per cluster, <k> = 85.352
 Expected number of clusters, <c> = 5.44

Degrees of freedom = [1.0, 10.0]
 Smoothness FWHM = 15.1 17.3 19.4 { mm } = 7.6 8.6 9.7 { voxels }
 Search volume: S = 1905496 mm³ = 238187 voxels = 353.8 resels
 Voxel size: [2.0, 2.0, 2.0] mm (1 resel = 634.43 voxels)

頭に届いた場合、脳のボクセル値は放射性物質が少なく届いた場合に比べて高くなります。SPMはこの全体量を閾値平均ボクセル値 Threshold Mean Voxel Value (TMVV) によって評価します。TMVV を計算するためには、平均値を 2 回計算します。最初に、画像を構成するすべてのボクセルから平均を計算します。サンプルデータセットの最初のスキャンでは、この平均値は 0.0038 となります。それからこの値を 8 で割ります。この閾値を与えることにより、基本的にこの値より小さい値はたいてい脳以外の領域ということになります。そして、次にこの閾値よりも大きいボクセル値の平均値を計算します。サンプルデータの最初のスキャンでは、閾値 $0.0038/8$ で 510340 ボクセルのうちの 415717 ボクセルが閾値以上であり、この 415717 ボクセルの平均値は 0.0046 となります。この計算のコードは <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> の中にあります。図 3 に X 軸に TMVV を、Y 軸にボクセル (-20 -42 34) におけるボクセル値をプロットしたグラフを示します。

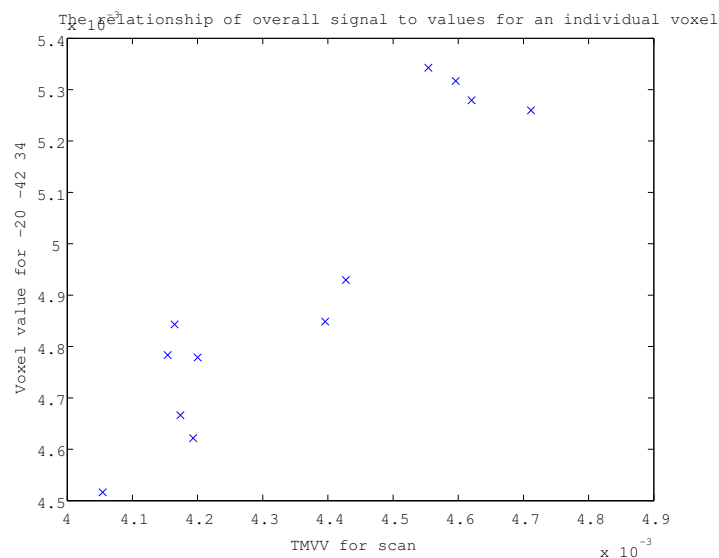


図 3

この図からわかるように、TMVV が高いとボクセル値も高くなります。これは既に述べてきたことですから驚くことではありませんが、同じことが脳全体に言えるわけです。つまり、あるスキャンにおける全体量である TMVV はそのスキャンにおけるボクセル値の強い予測因子になるわけです。この因子はたいていの場合、私たちの実験デザインには関係がないものです。ですからもし私達が自分たちの実験がデータに影響したより小さな変化を見たいならば、この影響を除く必要があります。影響を取り除くシンプルな方法は、個々のボクセル値をそのスキャンの TMVV で割ってあげる事です。これによって新しいボクセル値はそのスキャンにおける脳の全体量の平均値に対する比率になります。例にあげたボクセルについて言えば、最初のスキャンでのボクセル値は 0.053 で、TMVV が 0.046 ですから、比例スケーリング後の新しいボクセル値は $0.053/0.046 = 1.15$ となります。

6.2 総平均のスケーリング：Grand mean scaling

総平均のスケーリングは解析にとりかかる前によく行われるもう一つの方法です。総平均のスケーリングはボクセル値をよりよく解釈できるように調整します。例えば、ある PET スキャナーで得られたボクセル値は画像によって異なります。図 3 では、ボクセル値は 0.0045 から 0.0054 までの範囲を取ります。この値の範囲は生理学的に解釈するには適当な値ではありません。従って、この値に何らかの値をかけて解釈しやすい値にすることができます。この掛け算する値（倍率）に何をを用いるかは自由です。PET 賦活試験では、全脳の前平均血流は生理学的にもっともらしい 50ml/脳 100ml/min(脳 100ml あたり 1 分間に 50ml) と仮定することが多いです。そこで、ボクセル値にある倍率をかけて個人の全ボクセル値平均が 50 になるようにします。これによって、ボクセル値の単位は脳血流値に近いものとなりますが、あくまでも近似値です。今の場合、私たちは既に画像を比例スケールで補正していますので、すべての画像の TMVV は 1 となり、これらの値の平均値も 1 となります。従って、単に 50 をかけます。この単純な 1 個人の場合では、全てのスキャンは同じ倍率によって補正されますので、総平均のスケーリングは統計に何ら影響を与えません。データの単位を変化させるだけです。

7 統計：もっとも単純な場合 - 相関解析

それでは、SPM で 1 変量の相関解析を行なってみましょう。ある一人の被験者のスキャンが 12 あり、各々のスキャンに対してタスク困難度 (Task Difficulty: TD) が説明変数 (covariate)^{*3}として記録されています。仮説として、TD が大きくなるとボクセル値が大きくなるとします。各スキャンにおけるボクセル (-20 -42 34) におけるボクセル値と TD 値は表 2 のようになります。

スキャン	ボクセル 1	タスク困難度
1	57.84	5
2	57.58	4
3	57.14	4
4	55.15	2
5	55.9	3
6	55.67	1
7	58.14	6
8	55.82	3
9	55.1	1
10	58.65	6
11	56.89	5
12	55.69	2

表 2

*3 訳注: 2.1 を参照のこと

図 4 は TD とボクセル値の関係をプロットしたものです。

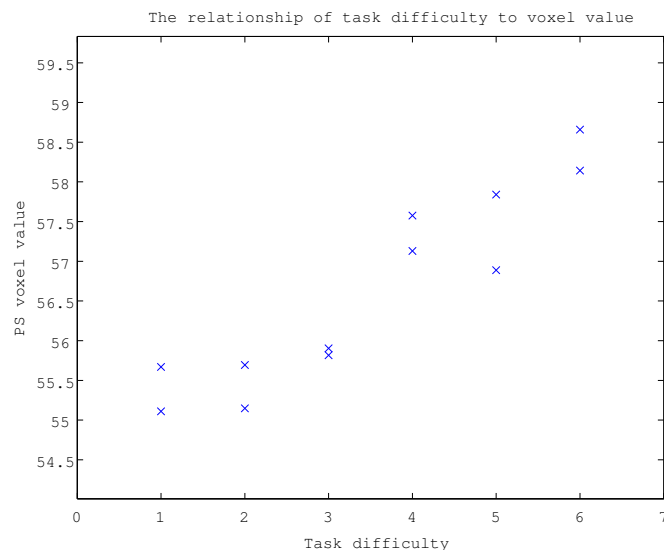


図 4

仮説は TD の増加とボクセル値の増加は関連するというものでした。もう少し思いきって、TD とボクセル値には線形的関係があるとしましょう。これは、TD とボクセル値の関係は直線で表示できると考えているということと同じであり、Y 切片とグラフの傾きがわかれば定義できるものです。ここで、この直線の Y 切片が 55 で、傾きは 0.5 としましょう。この直線は図 5 に示すようなものになります。しかし、これは最適な直線でしょうか？この直線がデータによくフィットしているかどうかをみるひとつの方法は、実際のデータと直線によって予測される値との差の 2 乗の平均をしてみる事です。図 5 に、データと、それにもっとも合いそうな直線と、データと直線で予測される値の距離を示す垂直な線をひいてみました。

直線とデータの距離は、残差 (residuals) と呼ばれます。なぜ残差と呼ばれるかというと、直線関係が考慮された後でも残っているものだからです。もし、これらの残差をすべて 2 乗するならば、すべて正の値となり、直線から遠いと大きい値をとります。これらの残差の平方和を平均する (つまり二乗平均を求める) ことで、平均的にその直線がどれだけデータによくフィットするかの指標を得ることができます。つまり、この残差の二乗平均が小さいほど直線はデータによりフィットするということです (ここで深くはつっこみませんが、実際にはこの残差の二乗平均を求めるためには、残差平方和を単に観測値の個数でわるのではなく、自由度 (degree of freedom: df) の数で割ります。今の場合、df は観測値から 2 をひいた数、つまり 10 となります)。今の直線に関しては残差の二乗平均は 0.31 となります。

それではこの直線がどれだけデータにフィットしているか計算しましょう。もし残差の二乗平均が最小になる線を見つけることができれば、その直線がもっともデータにフィットする直線ということになります。このときの残差は 最小二乗値 (least squares) となっています。直線の最小二乗値を求めるために、問題を少しだけ数式にしてみましょう。

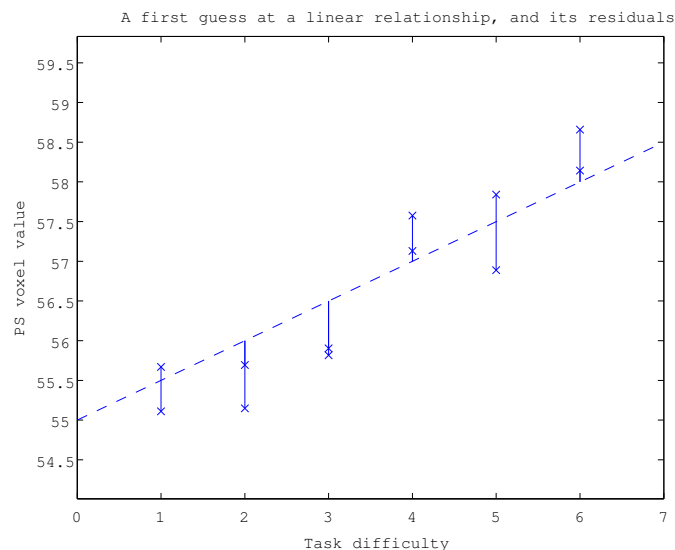


図 5

もう少し堅苦し表現で私たちの仮説を表現してみます。今、TD とボクセル値の間には直線関係があるとしていたのです。これは次のように表現することができます。

$$Y_j = \beta \times x_j + c + \epsilon_j$$

ここで

- j は 1 から 12 までの各スキャンを示します。
- Y はボクセルにおける各スキャンでのデータです。(応答(従属)変数)
- β は直線の傾きで、この時点ではまだ算出されていません。
- x は各スキャンにおける TD の値です。(今の場合、予測変数となります)
- c は直線の y 切片であり、これから算出します。
- ϵ は各スキャンの誤差もしくは残差です。

さきほどの表に戻ると、2 列目 (ボクセル 1) のデータは各スキャンのボクセル値であり、 Y_j となります。すなわち、 Y_1 は 57.84 になるわけです。同様に、3 列目 (タスク困難度) のデータは各スキャンの TD 値となり、 x_j となります。

これが単相関解析を統計学的に数式であらわしたものとなります。この数式を見ることで、我々がデータが TD の線形効果によって構成されている ($\beta \times x_j + c$) と仮定していること、さらにそれだけでは説明できないゆらぎ (ϵ_j) も仮定していることがわかります。

もっともフィットする直線を計算するために、もう少し数式をいじってみましょう。先ほどの数式を行列の観点で書き直すと、問題は非常に簡単に解くことができます。ここで行列を使うことは大きなメリットがあります。まず、計算が容易になります。そして、異なる相関を求めるときにも、同じ数式を使って問題を解くことができるようになります。そのことはこれから示します。

8 モデルから行列へ

SPM もそうですが、ほとんどの統計手法は行列演算で表示することができます。このセクションでは先ほどのシンプルなモデルを行列の観点から書きなおしてみます。行列の基礎を知らないか、忘れてしまったならば、私の書いた行列再入門 <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/pdfs/matrices.pdf> をごらんください。それではモデルを行列で書き換えてみましょう。 Y_j と x_j に関しては簡単です。なぜなら、この2つはすでにベクトルだからです。しかし、定数の c に関してはどうでしょうか？これに関しては先程の表に新たな列、定数 (constant variable: cv) を付け加えることで解決できます。cv はすべて 1 とします。(表 3)

スキャン	ボクセル 1	タスク困難度	定数 (cv)
1	57.84	5	1
2	57.58	4	1
3	57.14	4	1
4	55.15	2	1
5	55.9	3	1
6	55.67	1	1
7	58.14	6	1
8	55.82	3	1
9	55.1	1	1
10	58.65	6	1
11	56.89	5	1
12	55.69	2	1

表 3

これは次のように表せます。

$$Y_j = \beta \times x_j + c \times cv_j + \epsilon_j$$

ここで、 cv_j は常に 1 ですから、これは次のように書き換えられます。

$$Y_j = \beta \times x_j + c + \epsilon_j$$

これはとりもなおさず、私たちの最初のモデル式ですね。

さて、これを行列の観点から書きなおしてみましょう。

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X} \times \mathbf{B} + \mathbf{E}$$

(\mathbf{Y} , \mathbf{X} , \mathbf{B} , \mathbf{E} は行列であり太字になっていることに注意してください)

\mathbf{Y} はデータ行列です。(表 4)

\mathbf{X} は計画行列です。(表 5)

57.84
57.58
57.14
55.15
55.9
55.67
58.14
55.82
55.1
58.65
56.89
55.69

表 4

5	1
4	1
4	1
2	1
3	1
1	1
6	1
3	1
1	1
6	1
5	1
2	1

表 5

B はパラメータの行列です。(表 6)

β
C

表 6

E は 12 行 1 列の残差の行列です。(表 7)

この計画行列は SPM で用いられる計画行列そのものです。解析の結果表示からわかるように、SPM は計

スキャン 1 の残差
スキャン 2 の残差
.....
スキャン 12 の残差

表 7

画行列を图示します。この計画行列の中では、各列のもっとも小さな値が黒に近く、もっとも大きな値が白に近くなるように階調表示されます。たとえば、上の表において、計画行列の最初の列は 1 から 6 まであります。SPM であらわすと、第 1 列目は 1 は黒として、6 は白として表示され、残りはその中間の灰色で表示されます。従って、計画行列は図 6 に示すようになります。予想通りだと思いますが、計画行列において第 1 列目は 6 行目と 9 行目は黒で、これは計画行列の 1 に相当します。そして 7 行目と 10 行目は白であり、計画行列の 6 に相当します。

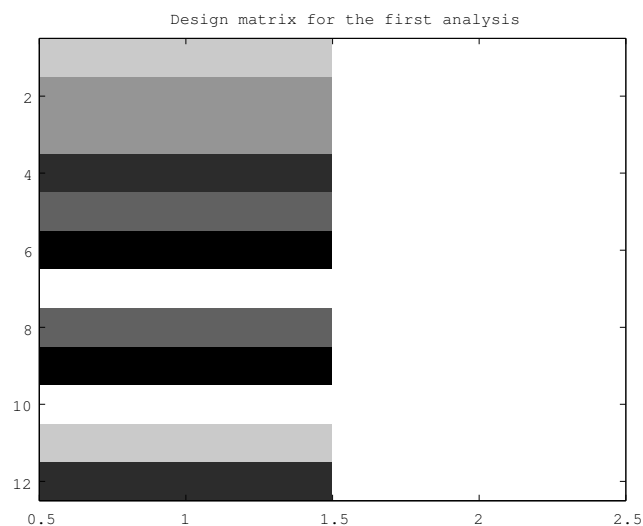


図 6

行列演算の掛け算のやりかたを考慮すると、行列モデル ($Y = X \times B + E$) は数学的にはその前に示した数式、

$$Y_j = \beta \times x_j + c + \epsilon_j$$

と同一です。

ですから、 Y の第 1 行 (Y_1) は、

$$x_1 \times \beta + cv_1 \times c + \epsilon_1 (= 5 \times \beta + c + \text{スキャン 1 の残差})$$

Y の第 2 行は

$$x_2 \times \beta + cv_2 \times c + \epsilon_2 (= 4 \times \beta + c + \text{スキャン 2 の残差})$$

であり以下同様に続きます。

行列式を用いると、直線にフィットする最小二乗値を見つけることが容易にできます。Matlab では、次の 1 行を書くだけです。

```
B = inv(X) * Y
```

ここで

`inv(X)`

は計画行列の逆行列です。どのようにこの数式が導かれるかに関しては SPM コースの Andrew Holmes の章をご覧ください。今、行列 B(表 8) はこれまで扱ってきたパラメータの最小二乗値を含んでいます。

0.64
54.39

表 8

B の第 1 要素、0.64 は直線の傾き β で、第 2 要素の 54.39 は y 切片である c です。

図 7 に示すのは、最小二乗値にフィットする直線です。

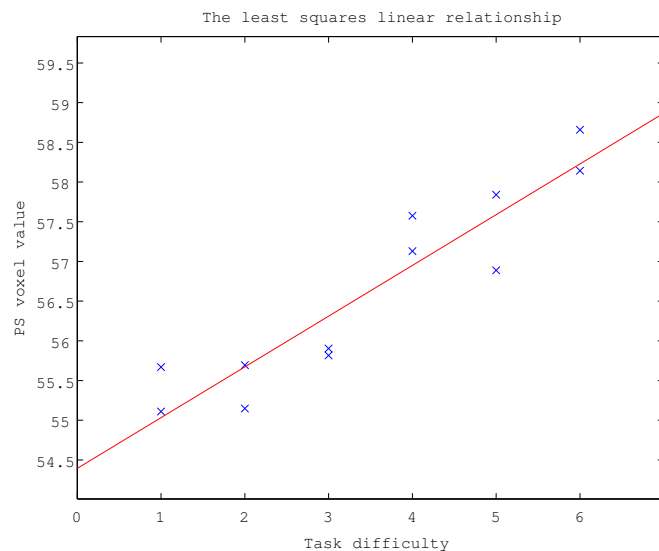


図 7

それでは、残差の E を求めましょう。それは、以下によって求められます。

$$\mathbf{E} = \mathbf{Y} - \mathbf{X} \times \mathbf{B}$$

これは次のように言っているのと同じです。

$$E_1 = Y_1 - \beta \times x_1 + c$$

$$E_2 = Y_2 - \beta \times x_2 + c$$

と続いていきます。

これは最小二乗法で求めた直線で予測される値と実際のボクセル値の距離と同じ意味です。ここで、最初想定した残差の二乗平均は 0.31 だったことを思い出してください。予想していたことですが、もっとも最適な直線での残差の二乗平均はそれよりも小さく 0.23 となります。

9 t 統計量とコントラスト

TD とデータの傾きをみたもともとの理由は、TD が増加するとボクセル値が直線的に増加すると考えたからでした。実際にそうなのかを評価できます。本当にそうならば、TD とボクセル値には 正の 相関があるからです。検定は帰無仮説に対して行います。今の場合の帰無仮説は、TD とボクセル値には何の相関もないということです。帰無仮説では、直線の傾きである β は統計学的にゼロと有意に違わないはずで、これは t 統計量によって評価できます。ここでの t 統計量は以下で示されます。

$$\frac{\beta}{\text{傾きの標準誤差}}$$

(この検定は、TD とボクセル値の間にゼロでない相関があるかどうかを見るのと同じです。) 標準誤差は残差と行列 \mathbf{E} を用いることで分散分析から求めることができます。(詳しくは <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> のコードか、SPM コースの Andrew Holmes の章をご覧ください。) この t 統計量は、もし直線の傾きが有意に 0 より大きいならば、正の大きい値を示し、もし有意に 0 より小さいならば、負の大きい値を示します。

今の場合、t 統計量の分子である “ β ” は簡単に求められます。しかしながら、以下に示しますが、ときに計画行列に多くの列があると、仮説はより複雑になってきます。このような場合、仮説を “コントラスト” という、より一般的な方法によって示すことが有用です。この一般的な方法は SPM で採用されており、計画行列における効果についての仮説を表現することができます。たとえば、TD の効果を見ることにしましょう。

TD の t 統計量の分子を求めるためにコントラストの重みづけベクトル (contrast weights vector) を使うことができます。今後はこのコントラストの重みづけベクトルを単に “コントラスト” ということにします。コントラストは行列であり、 \mathbf{B} をかけると、t 統計量の分子の値を求めることができます。今の場合、コントラストの行列は $(1 \ 0)$ となります。なぜならば、以下のように書けるからです。

$$(1 \ 0) \times \begin{pmatrix} \beta \\ c \end{pmatrix} = \beta$$

実際、SPM は定数を “興味のない効果 (effect of no interest)” としてあなたから見えなくないようにしています。従って、 B は

$$(\beta)$$

となり、定数は (1) となります。SPM ではこのようにして、1 つの説明変数 (covariate-of-interest)^{*4} に対してのコントラストを設定します。<http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/scripts/statstalk.m> のファイルが示すように、Matlab で数行のコードを書くことで、本稿の例で使ってきているボクセルとコントラストにおける t 値を計算することができ、それは 7.96 となります。この値は、図 2 に示した SPM99 の結果の表で、一番上にあるボクセルの t 値ですね。

SPM は脳のすべてのボクセルにおいてこの計算を行い、それによって、各ボクセルに対して個々の β が計算されます。コントラストによって各ボクセルの t 統計量が求められ、もっともフィットする直線の傾きが正ならば正の値となり、傾きが負ならば負の値となります。

10 仮説の検定について一言

t 検定は仮説の検定についての一例です。 t 検定は帰無仮説を検定します。今の場合、帰無仮説は TD とボクセル値には何の直線関係もないということになります。もし何の直線関係もないとしたら、この二者での直線の傾きは 0 になるはずですが、今、観察値は 12 と少ないので、直線の傾きは誤っている可能性もあり得ます。そこで疑問がうまれます。もし観察値に誤差があるとすれば、たとえ帰無仮説が真実だとしても直線の傾き (β) についての推定値は偶然の結果なのでしょうか？ 反対に、 β が大きすぎて妥当ではないということはないのでしょうか？ t 統計量は傾きの最小二乗推定値を傾きの誤差で割っているわけで、誤差を考慮したうえで直線の傾きがゼロからどれだけ離れているかの指標となります。 t 統計量の分布は既にわかっていますので、もし帰無仮説が真実とするならば、自由度が 10 の t 統計量が偶然に 7.96 以上である可能性は 0.0006 パーセントです (p 値は 0.000006 です)。これはかなり考えにくい状況です。しかしながら、SPM の統計画像に関しては、多重比較の問題があることを覚えていてください。そのことについての詳しい情報は、確率場 random fields のチュートリアル <http://imaging.mrc-cbu.cam.ac.uk/imaging/PrinciplesMultipleComparisons> をご覧下さい。

11 t 統計量から Z 値に

t 統計量を計算した後、SPM は t 統計量を Z 値に変換します。 Z 値は SPM が t 統計量から得られる p 値を表示する一つの方法です。 Z 値は正規分布 (平均 0, 標準偏差/分散 1) から得られる値であり、 t 統計量と同じ p 値を得ることができます。たとえば、あるボクセルの t 値が -2.76 だとしましょう。上記の解析では、自由度は 10 であり、 p 値は片側検定 (下部棄却域検定) で 0.01 となります。この p 値は次のように解釈できません。自由度 10 において、-2.76 以下の t 値が得られる確率は 1 パーセントであると。これは、自由度 10 において、 t 値が -2.76 以下の t 分布の面積は t 分布全体の面積の 1 パーセントということと同じです。これと同等の Z 値は -2.33 となります。これは、正規分布における面積の 1 パーセントは -2.33 以下だからです。同じ論理で、 t 値が +2.76 の場合、 p 値は 0.99 となります。つまり、99 パーセントの可能性で t 値は 2.76 かそれ

*4 訳注：2.1 を参照のこと

以下であると予想できます（そして 1 パーセントの可能性でそれ以上の t 値の可能性がります）。 p 値 0.99 は Z 値で +2.33 となります。（正規分布の 99 パーセントは 2.33 以下となります。）もし SPM96 で Z 検定の画像を出すようにすると、 Z 値 2.33 を閾値とするならば、 Z 値が 2.33 以上の領域だけを示しますので、 t 値が 2.76 以上の画像と全く同じものとなります。逆に、もし有意に負の相関をもつボクセルを見たいとするならば、コントラストを (-1) とします。そのことで、負の β が正となり、負の t 統計量が正となります。そして、SPM96 に 2.33 以上の Z 値を表示するようにさせます。

SPM99 は Z 値よりも t 統計量を扱いますので、 $t=2.76$ の閾値を設定することで同じ結果を得ることができます。

12 Covariate が 1 つ以上の場合

（訳注:ここでの covariate は、covariate of interest と covariate of no interest の双方を指します。）あるボクセルのデータを 2 つの変数で説明すると考える時にも、これまでと同じ原則を用いることができます。例として、被験者がスキャナーの中で行う視覚タスクを考えてみましょう。このタスクを行う際に、タスク困難度 (TD) とともに TD とは独立している視覚刺激の提示率 (presentation rate of visual stimuli: PR) が記録されています。この PR が血流に影響するかもしれないと考える時、もしくは、PR でデータの分散が説明できるのではないかと考えるとき、PR をモデルに入れることで、モデルそのものと、TD の効果の推定値をよりよいものにできるかもしれません。

次のようにモデルを書くことができます。

$$Y_j = \beta(TD) \times x(TD)_j + \beta(PR) \times x(PR)_j + c + E_j$$

ここで、 $\beta(TD)$ はデータの TD に関連する傾きで、 $x(TD)_j$ はスキャン j のときの TD スコアです。 $\beta(PR)$ はデータの PR に関連する傾きで、 $x(PR)_j$ はスキャン j のときの PR です。サンプルデータは表 8 のように示すことができます。

そして、計画行列は表 10 のようになります。

これは、SPM では図 8 のようになります。

これまでに使ってきたものと同じ手法で、 $\beta(TD)$ 、 $\beta(PR)$ および c にもっとも適合する最小二乗値を求めることができ、パラメータ行列 B は表 11 のようになります。

繰り返しになりますが、SPM は、最後のパラメータを興味のない共変量 (covariate of no interest) として隠します*5。従って、実際の B は表 12 のようになります。

もし PR の影響も考慮したうえで、TD の傾きがどれだけ正かを t 統計量を用いて評価したいのならば、コントラストは以下ようになります。

$$(10)$$

*5 訳注: 2.1 を参照のこと

スキャン	ボクセル 1	タスク困難度	PR
1	57.84	5	1
2	57.58	4	2
3	57.14	4	3
4	55.15	2	4
5	55.9	3	5
6	55.67	1	6
7	58.14	6	7
8	55.82	3	8
9	55.1	1	9
10	58.65	6	10
11	56.89	5	11
12	55.69	2	12

表 9

5	1	1
4	2	1
4	3	1
2	4	1
3	5	1
1	6	1
6	7	1
3	8	1
1	9	1
6	10	1
5	11	1
2	12	1

表 10

$\beta(TD)$
$\beta(PR)$
C

表 11

$\beta(TD)$
$\beta(PR)$

表 12

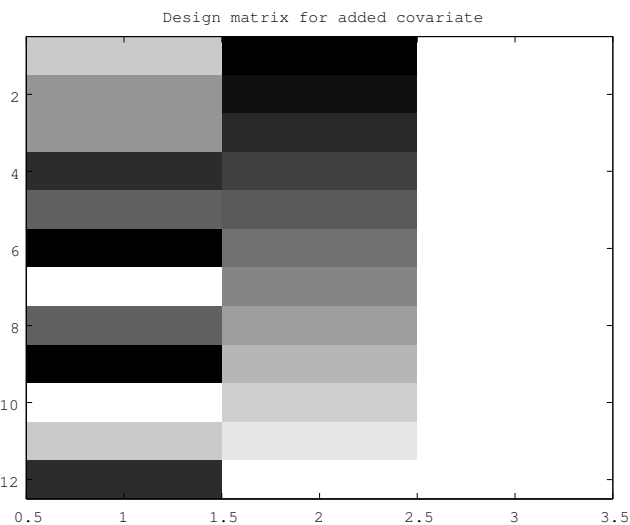


図 8

これで、 t 統計量の分子である、 $\beta(TD)$ が得られ、それ以降はこれまでやってきた流れと同様になります。同様に、TD の影響を考慮して、データに対する PR の傾きがどれだけ正かを評価したいならば、コントラストは

$$(0 \ 1)$$

となり、 t 統計量の分子である $\beta(PR)$ を得ることができます。

13 条件の追加：一般線形モデル

条件 (conditions) をモデルに追加すると、状況はもう少し複雑になってきます。これまでの解析は相関解析でした。同じ原理で、一般線形モデルを用いることで条件の影響を見ることができます。一般線形モデルを使うと、重回帰分析の観点から、多元配置分散分析や群間比較を行うことができます。これは SPSS や SAS などの全ての商用統計パッケージで用いられている標準的な方法です。以下に SPM ではどのようになっているかを示します。今、新しい実験を考えましょう。12 スキャンで、そのうち 6 スキャンが安静時 (R) で、残り 6 スキャンが賦活時 (A) です。線形回帰を用いて次のようにモデルを表示することができます。

$$Y_j = \beta(R) \times x(R)_j + \beta(A) \times x(A)_j + E_j$$

ここで、 $\beta(R)$ や $\beta(A)$ はこれから計算される定数で、 $x(R)$ や $x(A)$ は正しく解析をするために作る新しい「ダミー」変数です。このダミー変数を用いることで、重回帰分析の観点から一般線形モデルを使って多元配置分散分析を行うことができます。このダミー変数をつくる一つの方法 (SPM が採用している方法ですが) は、個々のスキャンに対して変数 $x(R)$ を用意し、スキャンが安静時ならば 1、安静時でなければ 0 とすることです。同様に、変数 $x(A)$ は、スキャンが賦活時ならば 1、そうでなければ 0 となります。つまり、これらのダミー変数は変数の値によってどのスキャンがどの条件にあるかを示す指標変数となるわけです。従って、

$x(A)$ 変数はスキャンが賦活時であるかどうかを示しています。最小二乗法によりフィットさせるために、パラメータ $\beta(R)$ は安静時におけるボクセル値の平均値、 $\beta(A)$ は賦活時におけるボクセル値の平均値でなければなりません。その点で、最初の 6 スキャンが安静時、後半 6 スキャンが賦活時ならば、計画行列は表 X3 のようになります。

1	0
1	0
1	0
1	0
1	0
1	0
0	1
0	1
0	1
0	1
0	1
0	1

表 13

これは、SPM では図 9 のように表示されます。

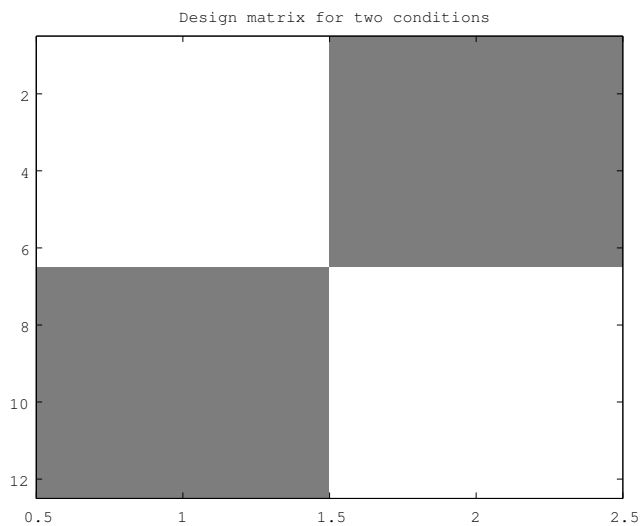


図 9

ANOVA の後に、次のパラメータ B(表 14) を得ることになります。

$\beta(R)$
$\beta(A)$

表 14

今、条件 R よりも条件 A において、有意に大きい値を持つボクセルを探したいので、統計は以下のようになります。

$$\frac{\text{スキャン } A \text{ の平均} - \text{スキャン } R \text{ の平均}}{\text{標準誤差}}$$

これは以下と同じです。

$$\frac{((-1 \ 1) \times \mathbf{B})}{\text{標準誤差}}$$

この比較におけるコントラストは (-1 1) となります。逆に、条件 A よりも条件 R で有意に大きな値をもつボクセルを探したければ、コントラストは (1 -1) となり、これにより、

$$\frac{\text{スキャン } R \text{ の平均} - \text{スキャン } A \text{ の平均}}{\text{標準誤差}}$$

の t 値を求めることができます。

14 おわりに

これを読んで原則を理解することによって、どうやって条件 (condition) と covariate*6 を一つのモデルに入れるか、どうやって複数の被験者をいれるのかということについても応用できるのではないかと思います。しかし、これはとっかかりにすぎません…。何かコメントや提案がありましたらメールしていただけたらと思います。反映させていきたいと思っています。

この原稿に対して有用なコメントをいただいた Andrew Holmes, Jon Simons, Thomasin Andrews に感謝します。もちろん、間違いがあったらそれは私のせいです。(訳注：日本語訳の間違いは全て訳者のせいです。また、日本語版作成にあたり、大西隆先生、川口淳先生、橋本亮太先生に貴重なコメントをいただきました。感謝申し上げます。)

Matthew Brett 19/8/99

訳：根本清貴 26/4/2012

- 6/8/2013: 日本語版 ver. 1.4
数式を見やすい表現に変更しました。また、平方和の平均を「二乗平均」と書き換えました。
- 29/4/2012: 日本語版 ver. 1.3
covariate に関連して、用語を整理した表を追加しました。

*6 訳注: 2.1 を参照のこと

- 28/4/2012: 日本語版 ver. 1.2
covariate の訳の扱いについて追記しました。また、誤字・誤訳を修正しました。
- 27/4/2012: 日本語版 ver. 1.1
図表の解像度を改善しました。
- 26/4/2012: 日本語版 ver. 1.0