

NIRS-SPM 软件包的一些特定功能如下：

1、NIRS 文件格式：NIRS-SPM 最初是为光学数据分析而开发的来自连续波 24 通道 NIRS 系统（OXYMONMKIII, Artinis）。NIRS SPM 最近更新用于分析来自其他系统的光密度数据，包括 ETG 4000（Hitachi Medical Systems），ImagentTM（ISS, Champaign, Illinois），NIRO 200（Hamamatsu Photonics），DYNOT-232（NIRx Medical） Technologies, LLC。），Spectratech OEG-16, FOIRE-3000（Shimadzu OMM），fNIR（BIOPAC Systems, Inc.），CW6 (Techen Inc.)。此外，NIRS-SPM 允许 HbO 和 HbR 的手动输入的光密度变化或 HbO, HbR 浓度变化。

2、NIRS 频道位置的空间配准：

Stand-alone NIRS: 可以使用 MNI 坐标输入将 NIRS 信道空间配准到 MNI 空间，NIRS-SPM 提供两种接收 MNI 坐标的方法：1) 手动输入 MNI 坐标，2) 从 SPM 模板图像中选择 MNI 坐标。此外，NIRS-SPM 允许使用 NFRI“fNIRS 工具将 NIRS 通道空间配准到 MNI 空间而无需 MRI。

3、Wavelet-MDL detrending: Wavelet-MDL 去趋势算法有效地去除了一个由于呼吸，心脏，血管运动或其他实验性错误导致的未知全局趋势。具体而言，小波变换用于将 NIRS 测量分解为全局趋势，血液动力学信号和不相关的噪声分量作为不同的尺度。因此，最小描述长度（MDL）原理在防止过度拟合或欠拟合方面起重要作用，并促进全局趋势估计的最佳模型顺序选择。

4、在估计时间相关性：NIRS-SPM 提供预着色和预着色方法。在我们的数据集中，我们发现预着色更合适用于估计 NIRS 数据的时间相关性而不是预白化方法。因此，我们建议使用预着色方法。

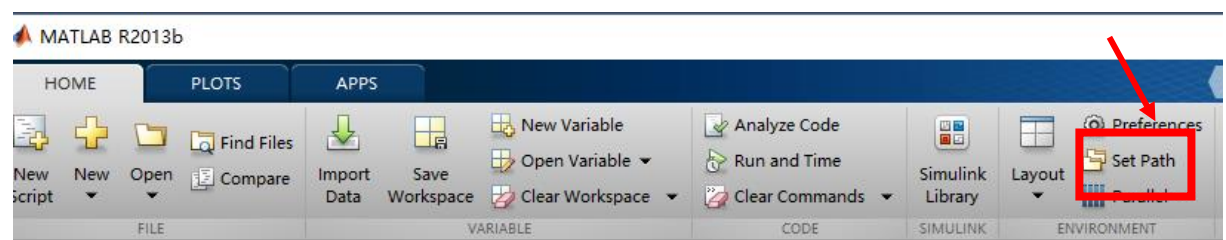
5、在推断中：NIRS-SPM 提供 Sun 的管配方校正 p 值和未校正的 p 值。在 Sun 的管子公式校正的情况下，p 值被计算为 α 上的非均匀随机场的偏移概率。表示流形取决于误差协方差矩阵和插值核的结构。

6、没有高碳酸血症的 CMRO₂ 估计：估计 CMRO₂ 和 CBF 对于定量研究血氧水平依赖（BOLD）信号中的神经血管耦合和生理成分非常重要。使用最小化来自 BOLD 和 NIRS 生物物理模型的两种形式的相对 CMRO₂-CBF 耦合比之间的差异

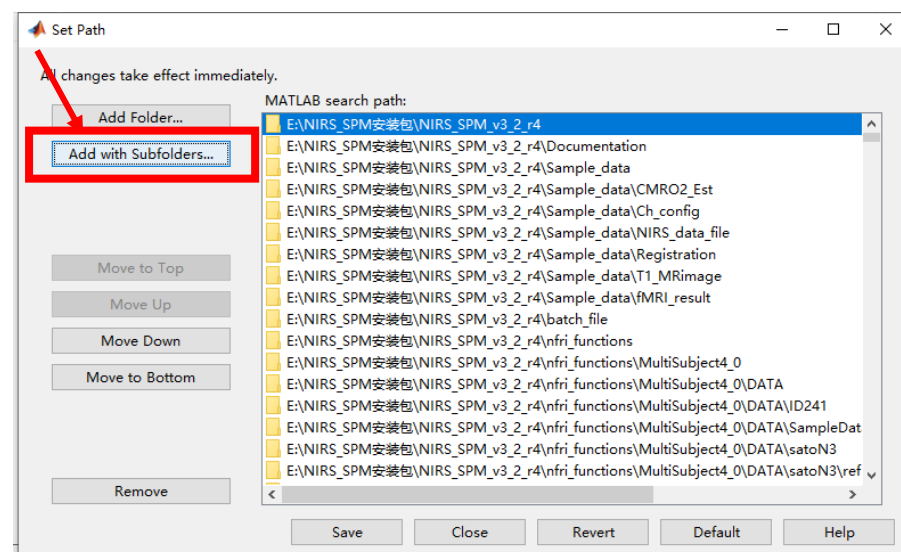
的优化框架，可以容易地优化包括高碳酸血症和基线血红蛋白浓度的未知模型参数。然后准确估计相对于其基线的 CMRO2 和 CBF。

首先需要安装 MATLAB，官网都可以下载。MATLAB 安装好后，需要把 NIRS_SPM 和 SPM 的安装包都添加到 MATLAB 的路径里面。

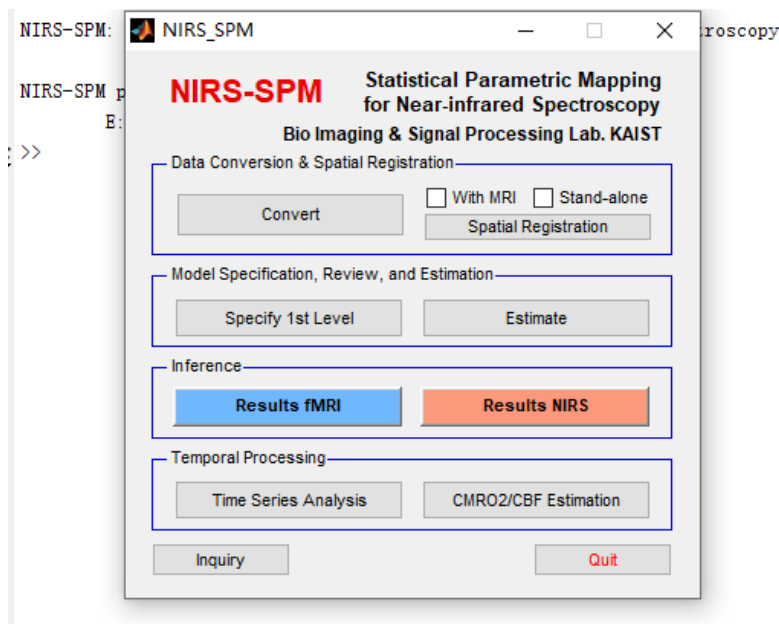
1、点击添加路径“Set Path”



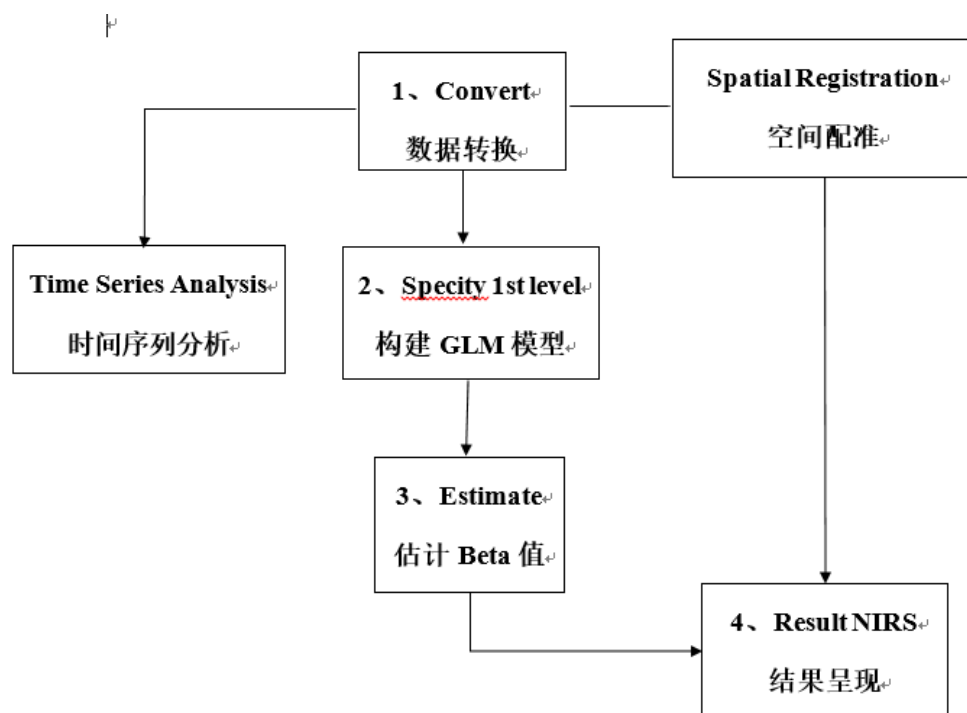
2、点击添加安装包及子文件夹



3、在 MATLAB 命令窗口中输入“NIRS_SPM”。然后它的主要面板将打开。



使用 NIRS-SPM 数据分析思路



功能介绍

(1) **Convert 数据转换**: 原始数据导入后, Beer-Lamber 定律用于根据光密度变化计算氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白的浓度变化。计算的氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白浓度变化将保存为“*.mat”文件。

(2) **Spatial Registration 空间配准**: 查看 3D 定位数据怎么样, 可以把被试的空间定位信息导出 Export (可以图片格式, 也可是 txt 的脑区数据), 也需将其保

存为.mat 格式的文件，后期结果呈现可用。这一步只要在结果呈现之前做都可以。

(3) **Specity 1st Level 构建 GLM 模型**：将转换后的数据根据我们的实验设计去构建 GLM 模型。

(4) **Estimate 估计 Beta 值**：将建好模型的数据进行 Beta 值的估计，用于后续的分析。

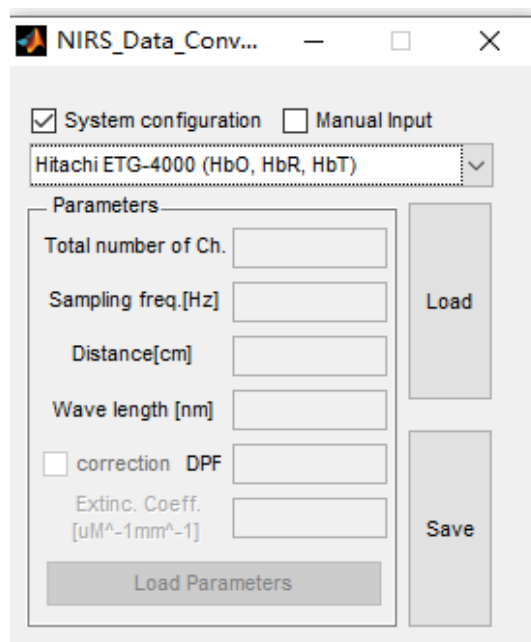
(5) **Result NIRS 结果呈现**：将估计好 Beta 值的文件和定位数据的文件一起导入，可以将各种条件（HbO，HbR 和 HbT）对比分析的激活的区域可视化。

(6) **Time Series Analysis 时间序列分析**：可以做简单的预处理，也可以做简单的 ROI 分析

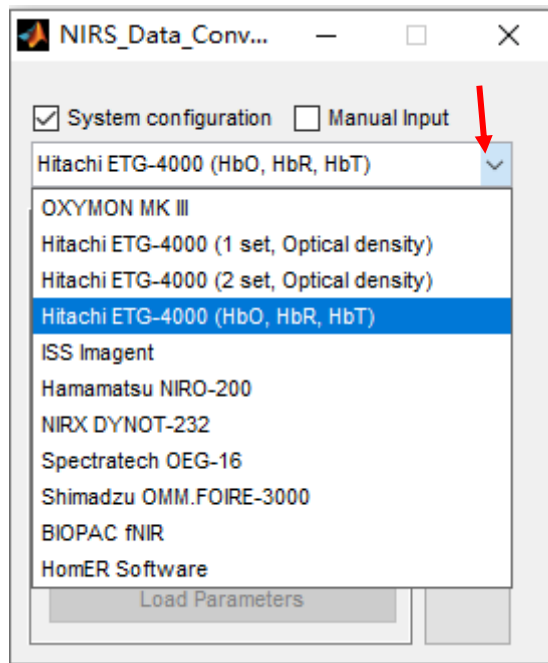
具体每一个功能的介绍

一、Convert（数据转换）

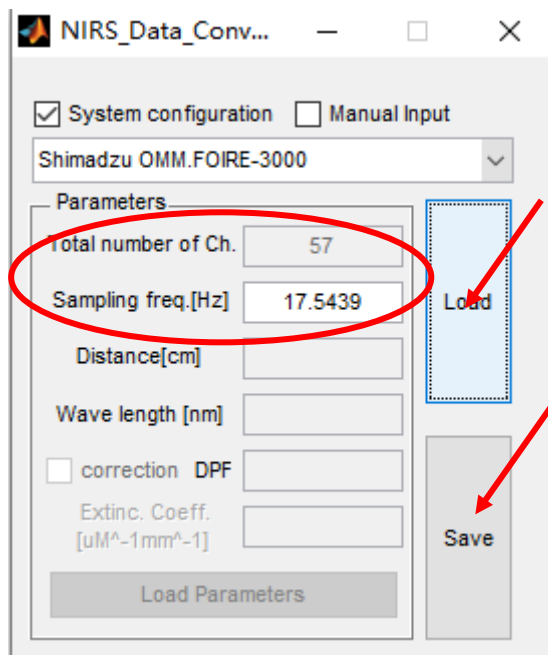
1、点击 NIRS_SPM 主界面的 **convert** 按钮，即会弹出如下窗口



2、点击图中的下拉框，选择自己采数据使用的设备型号



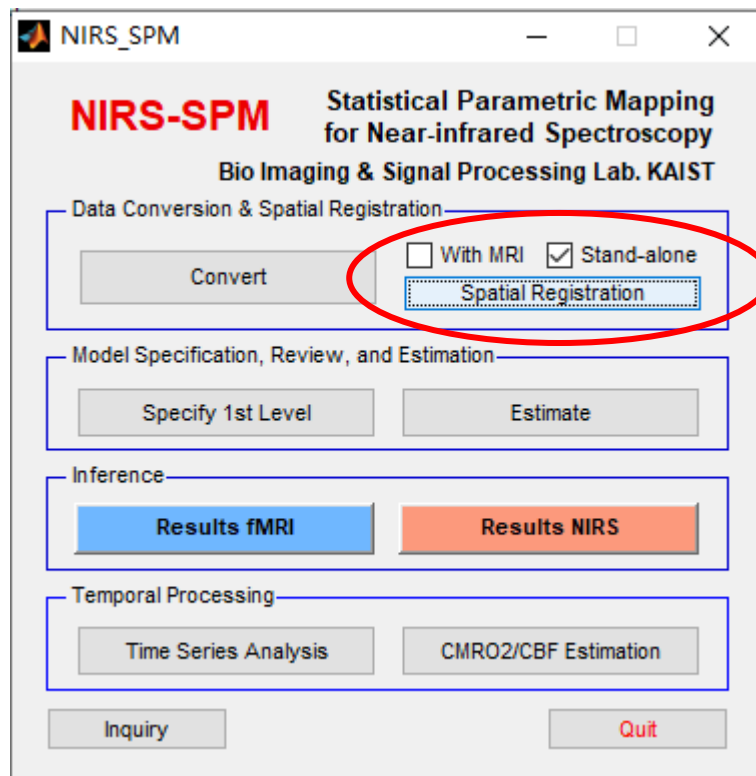
3、点击 load 按钮，导入原始数据，（导入时需要把 oxy、doxy 和 total 三个 Excel 表按顺序导入，通道和采样率会自动识别，然后就可以保存了。）它会自动识别通道数和采样率，然后点击保存 save 按钮，界面如下：



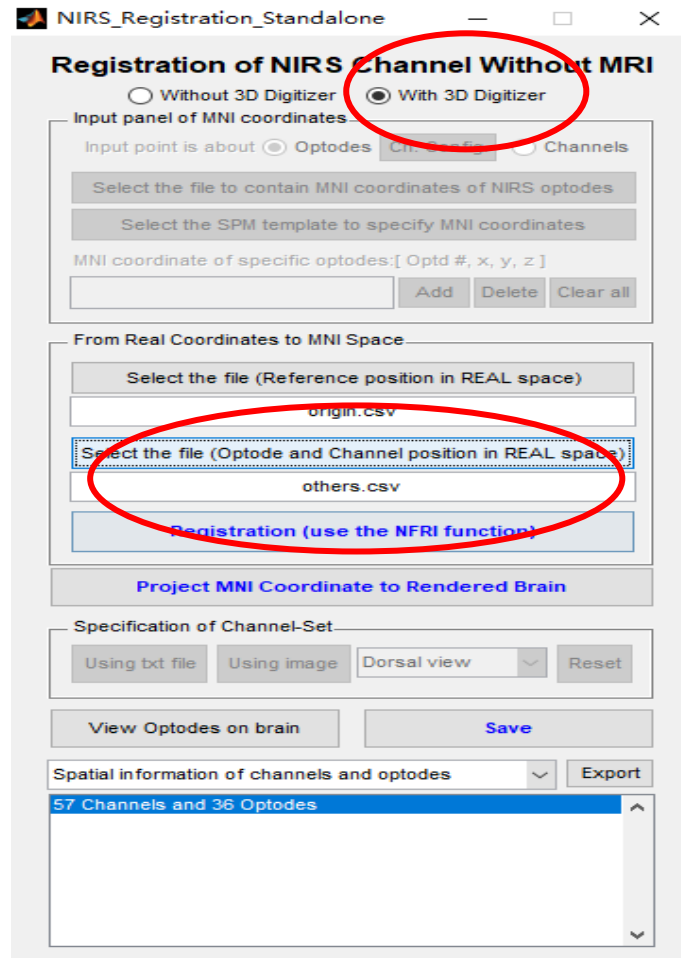
二、定位（spatial registration of NIRS channels location）

Using 3D digitizer

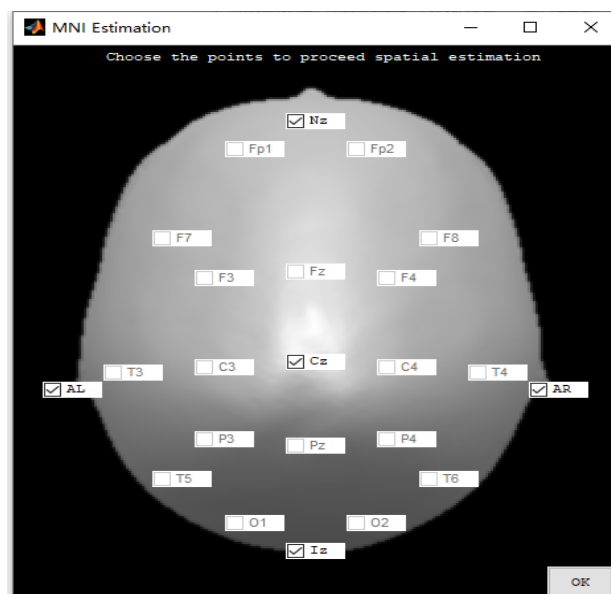
1、将主界面的“Stand-alone”打钩，点击“**Spatial Registration**”按钮，然后打开。



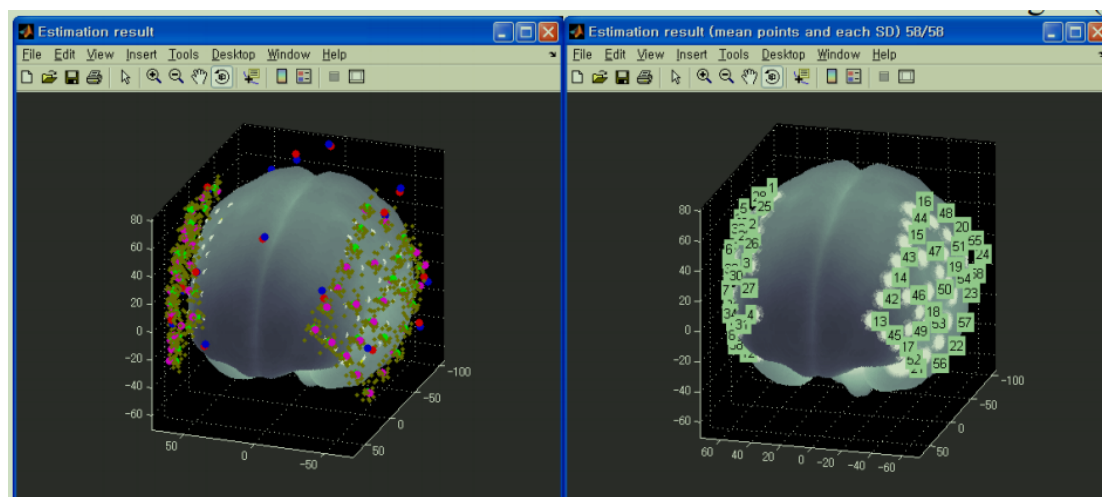
2、在“NIRS_Registration_Standalone”窗口中，选中“With 3D Digitizer”复选框。然后分别导入“Origin.csv”参考点定位文件和“Others.csv”其他点（通道和光源）定位文件。



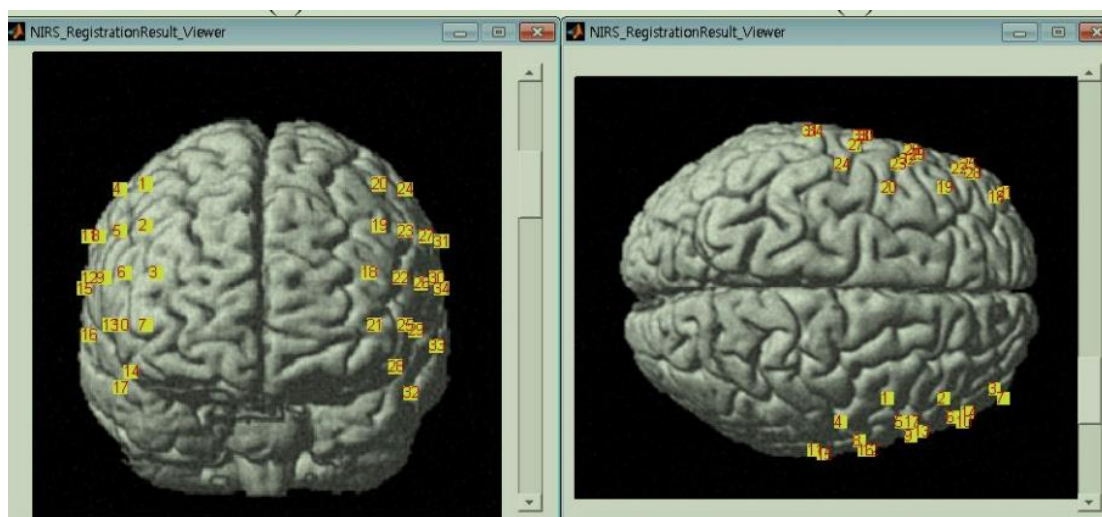
然后选择“Registration（use the NFRI function）”按钮，出现下图，点击“ok”。



3、然后，开始空间配准的过程，一段时间后，获得结果，如下图所示（1，2）。



4、选择“Project MNI Coordinate to Rendered Brain”，然后获得渲染大脑上 NIRS 通道的位置（3,4），如下图。



（1）红色点是传递到 MNI 空间的真实世界参考点。蓝点是 MNI 空间中的参考位置（仅显示平均值）。因此，如果红点和蓝点位于接近位置，您可以猜测转换成功。棕色圆点表示头部表面配准的分布参考大脑，其平均值以粉红色表示。将其投射回假想的头部表面（绿色），并投射在皮质表面上，表示 25 英寸白色。

（b）白色圆圈区域表示由标准偏差定义的估计的概率边界。数据编号显示为出现在其他文件中。（c）在渲染大脑的背侧，额侧（腹侧，枕侧，侧面）视图上描绘的通道。

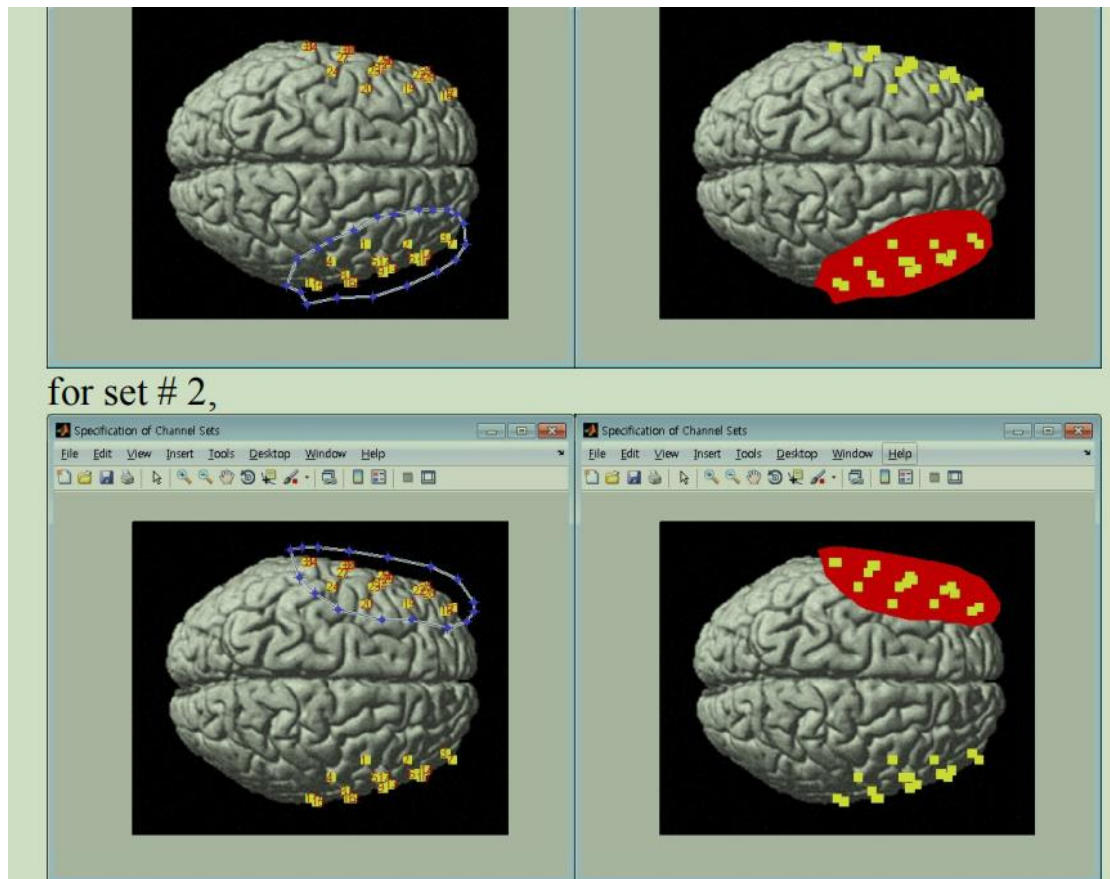
5、如果通道被分成两组以上（通常是左右两组）半球），需要手动指定包含特定通道的集合区域。

A（使用交互式工具选择脑图像中的通道集：）

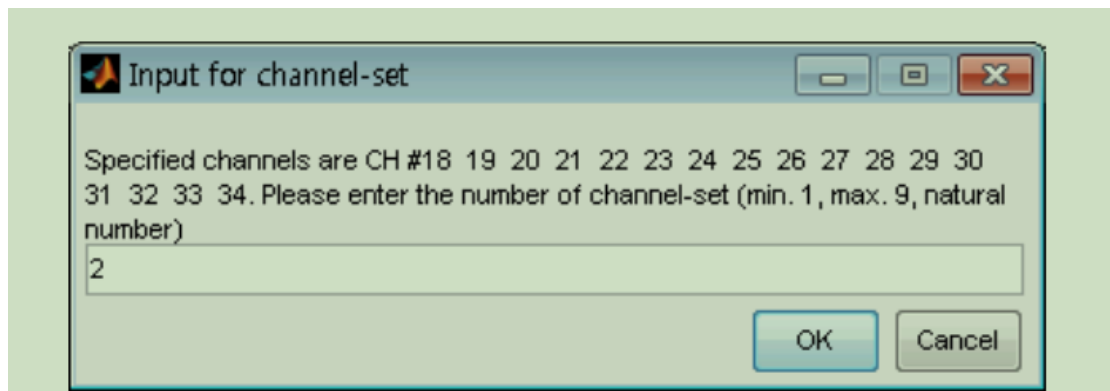
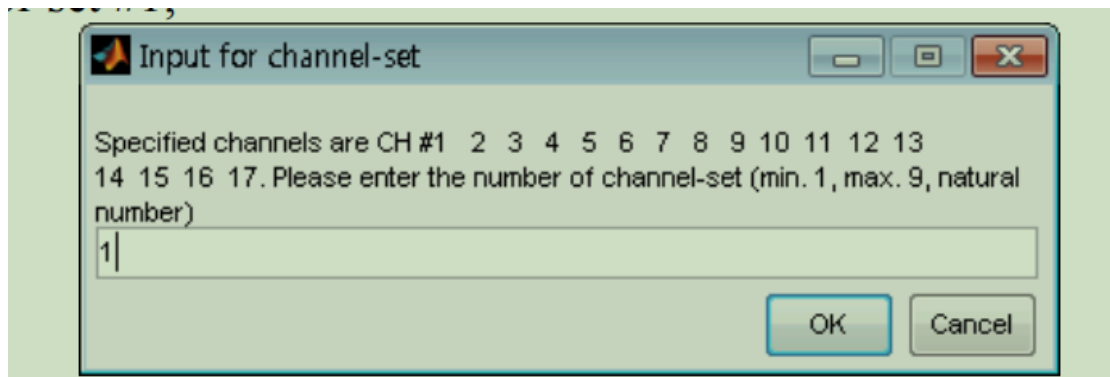
1 选择渲染大脑的视图，显示所有元素最有效地在特定组内的（通道），例如背视图。

2 选择“使用图像”按钮，然后将打开大脑图像

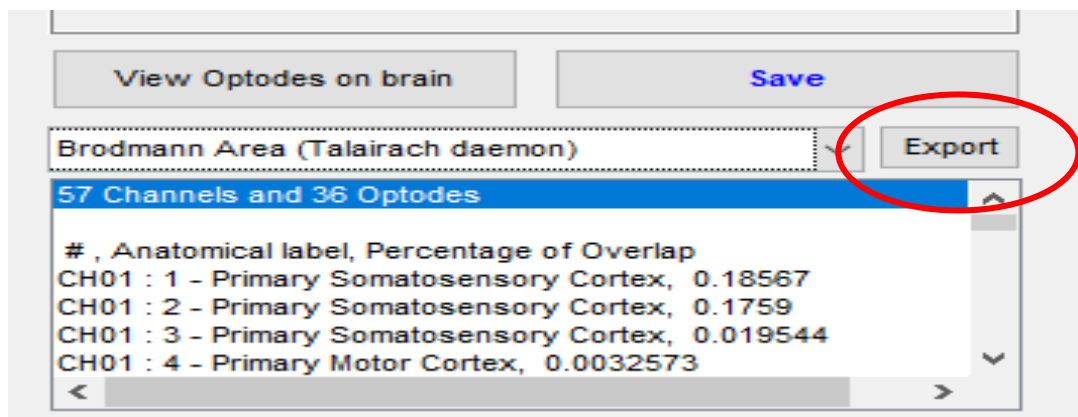
3 使用鼠标，通过选择多边形的顶点来指定区域。 完成多边形的定位和大小调整后，通过双击或右键单击区域内部并从上下文菜单中选择“创建蒙版”来创建蒙版。 e.g. for set #1,



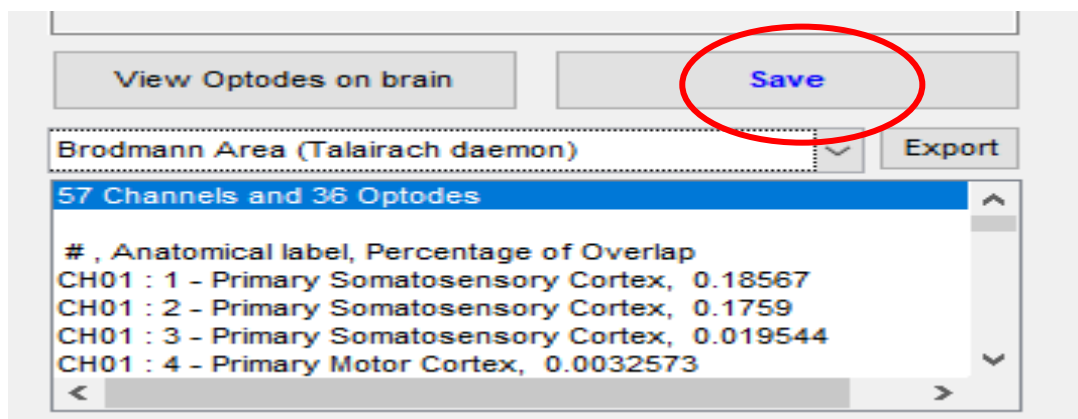
4 使用输入对话框指定包括用户所选通道的组数。请注意，在输入对话框中，将显示指定区域内通道数的信息。例如，对于集合 # 1，



6、可以选择将定位数据布鲁德曼分区等导出为“txt”格式的文件



7、选择“save”按钮并将频道位置保存为“*.mat”文件，用于后期结果呈现用。



NIRS 位置的实际坐标的'Origin'和'Others'文件的文件格式

1. 参考位置的“Origin”文件

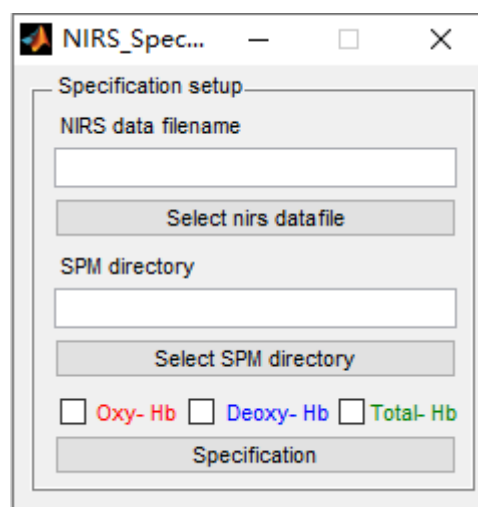
“该功能至少需要以下四个参考位置：Iz（阴离子），Nz（Nasion），AL（左耳前点），AR（右耳前点），Fp1, Fp2, Fz, F3, F4, F7, Cz, C3, C4, T3, T4, Pz, P3, P4, P5, T6, O1 和 O2（参见图 5）。优选地，参考位置应在空间上以良好的平衡分开。例如，Iz, Nz, AL, AR 和 Cz 的组合很好。如果你衡量额叶，Nz, AL, AR, Fz 和 Cz 可能是好的。参考位置的实际坐标应存储在称为“原始”文件的 csv 文件中。例如，在名为“nfri_mni_estimation_origin.csv”的文件中，第一列表示参考位置的名称。第二，第三和第四列表示 x, y 和 z 坐标。请插入 3D 坐标您偏好的参考位置，并将其他人留空。该功能仅读取指示的参考位置。”

2. NIRS 探测位置的“其他”文件

“探测器位置的实际坐标应存储在称为”其他“文件的 csv 文件中。第一列表示 NIRS 探测位置的名称。光标位置的任何名称都可以。但是，通道位置的名称应如下; CH01, CH02, CH03 等。要估算通道位置，您只需要选择一个光极对并计算其坐标中点，并将它们用作频道的真实坐标。

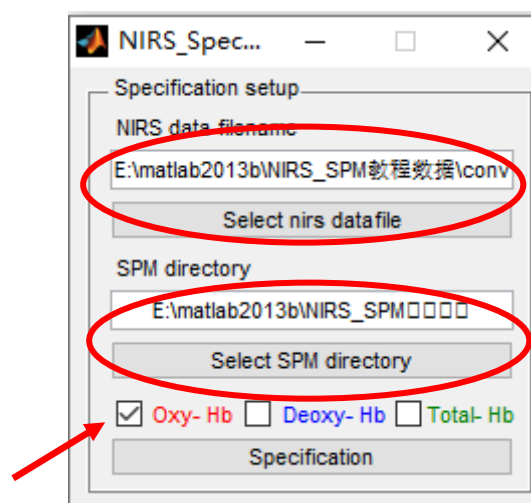
三、Specity 1st level 构建 GLM 模型

1、点击主界面的 Specity 1st level 按钮，出现下图：



2、第一栏为导入转换后的数据，第二栏为导出数据的文件夹目录，根据你需要

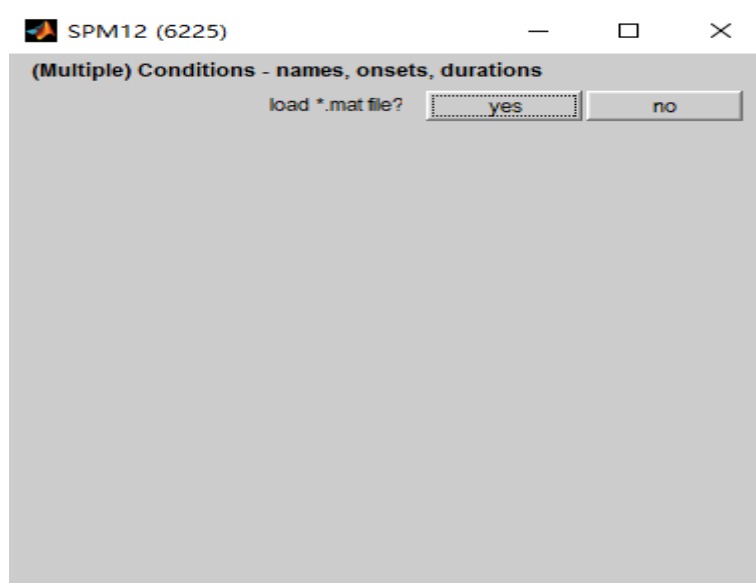
分析的指标打钩，一般是 Oxy-Hb。然后点击“Specification”按钮



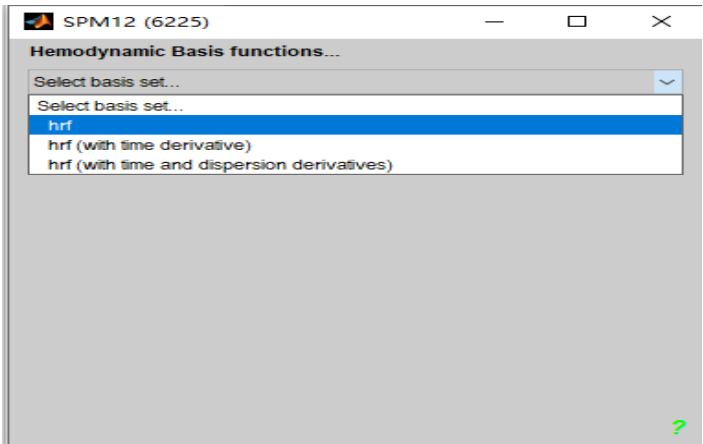
3、如果是采样点就点 scans，如果是时间就点 secs.



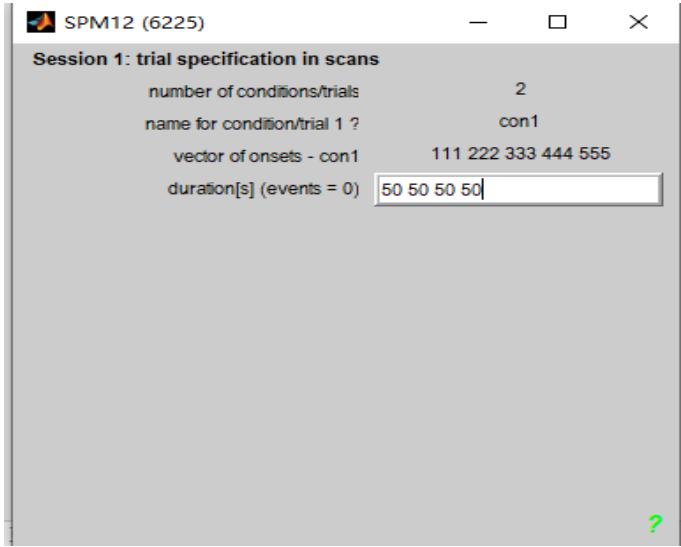
点 NO



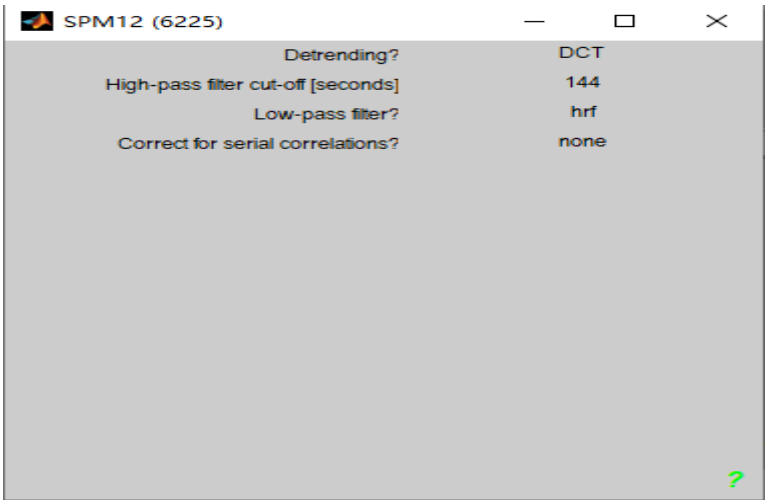
选择下拉框里的 hrf



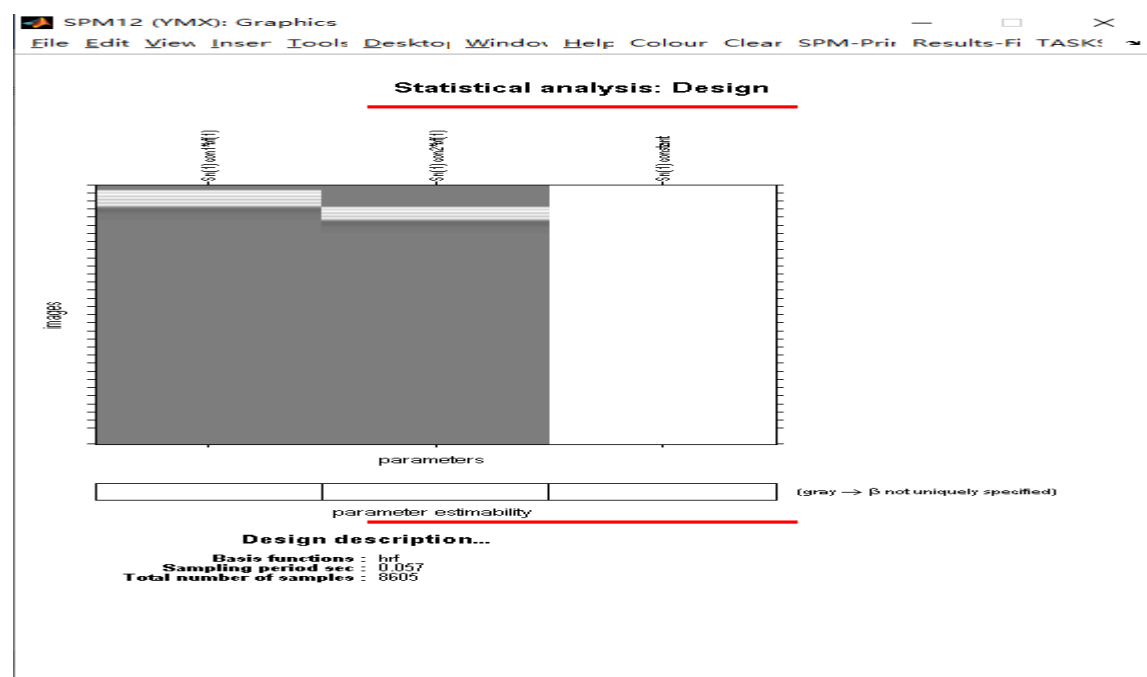
根据实验设计，输入实验条件数、条件命名，每个条件的 onset 点和 duration。



参照下图选择



出现下图表示构建完成，直接关掉即可。数据文件夹会生成“SPM_indiv_Hbo”名字的文件。



SPM_indiv_Hbo

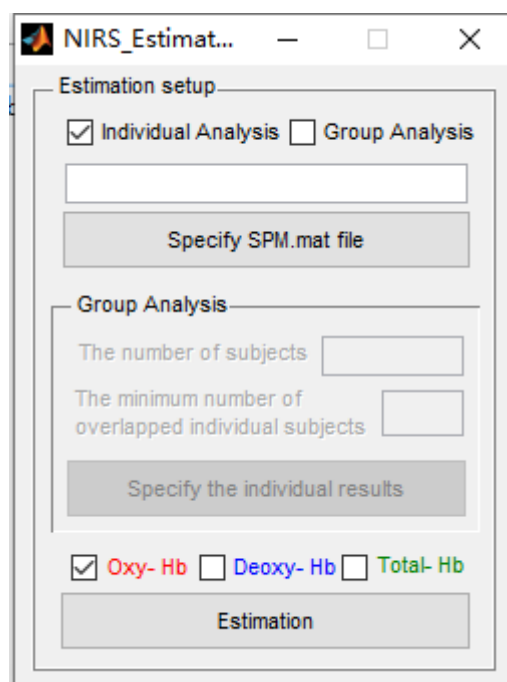
2021/3/25 16:11

Microsoft Acces...

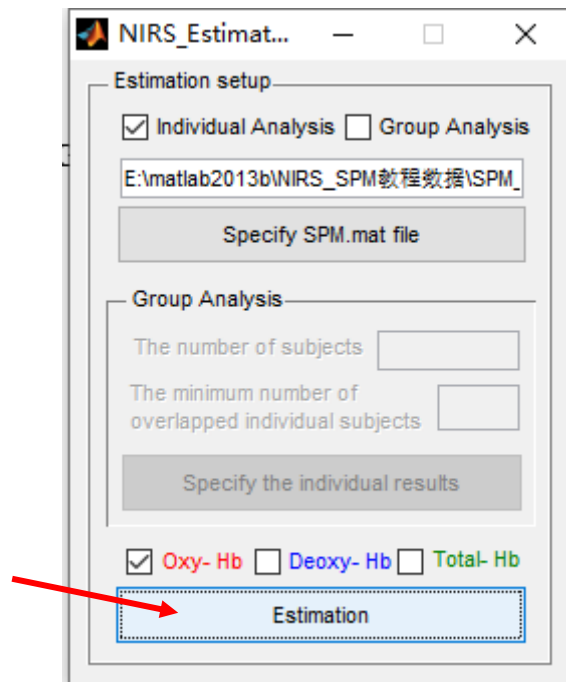
64,707 KB

四、Estimate 估计 Beta 值

1、点击主界面的“Estimate”按钮，出现下图：

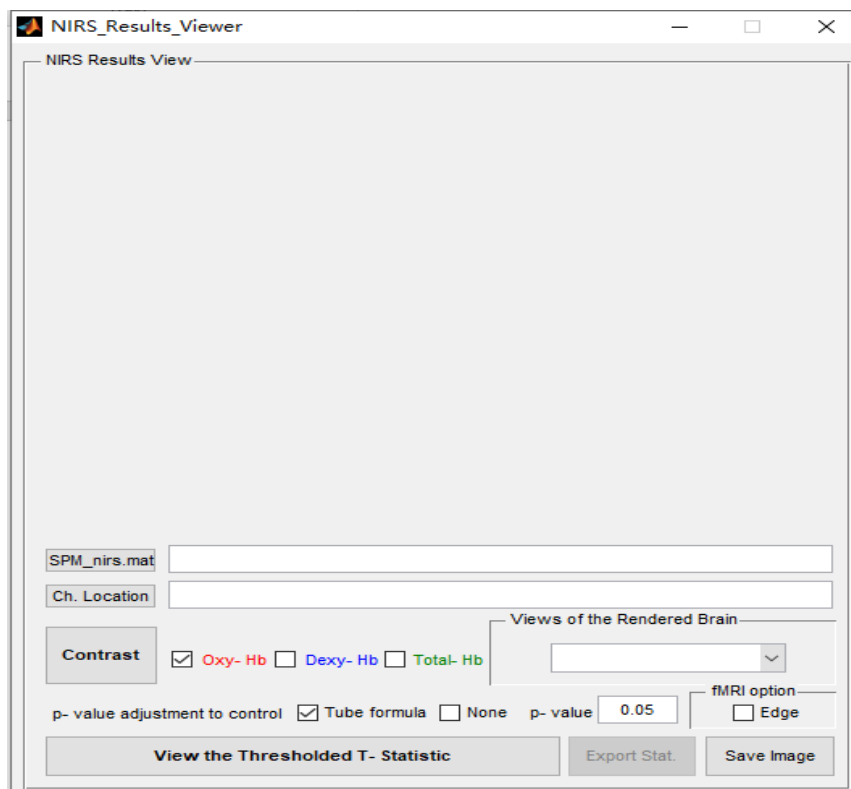


- 2、将构建好 GLM 模型名为“SPM_indiv_Hbo”的文件导入，点击“Estimate”按钮。
这个过程比较慢，估计好后，它会覆盖原来的“SPM_indiv_Hbo”的文件。

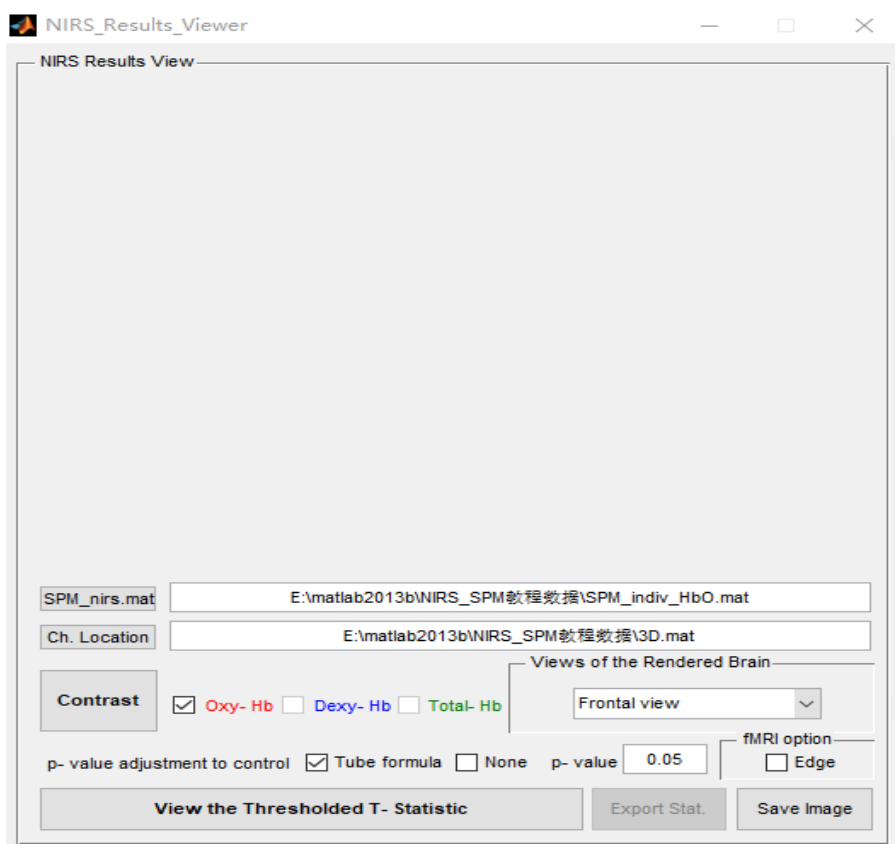


五、Result NIRS 结果呈现

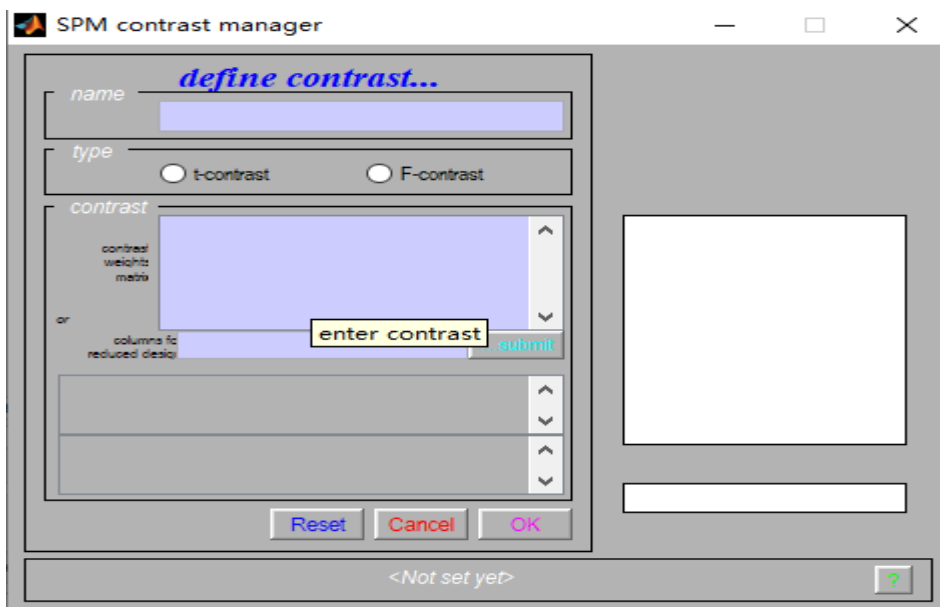
- 1、点击主界面 Result NIRS 按钮



- 3、 导入估计好 Beta 值的文件（“SPM_indiv_Hbo”的文件）和转换为.mat 格式的 3d 定位数据文件



- 4、 点击 Contrast 按钮，根据自己想要对比的条件去设置对比，结果图片可以保存。



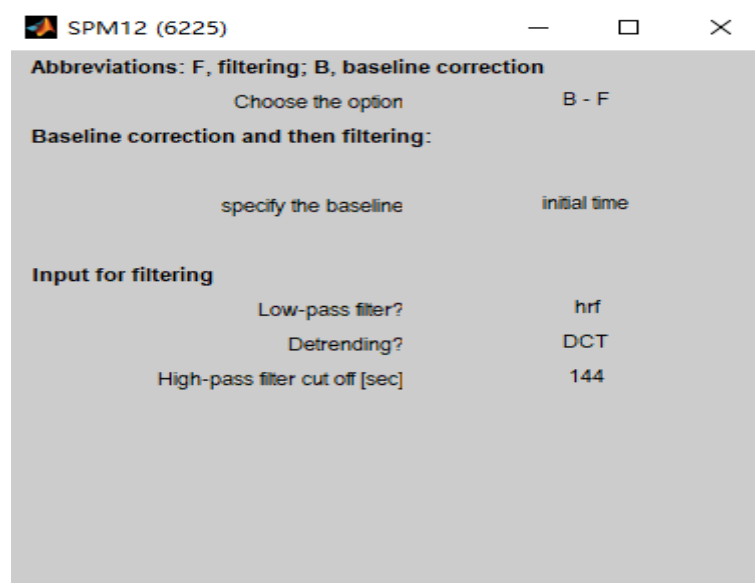
六、Time Series Analysis 时间序列分析

- 1、点击主界面的“Time Series Analysis”按钮，然后点击“load”，导入转化后的数据。

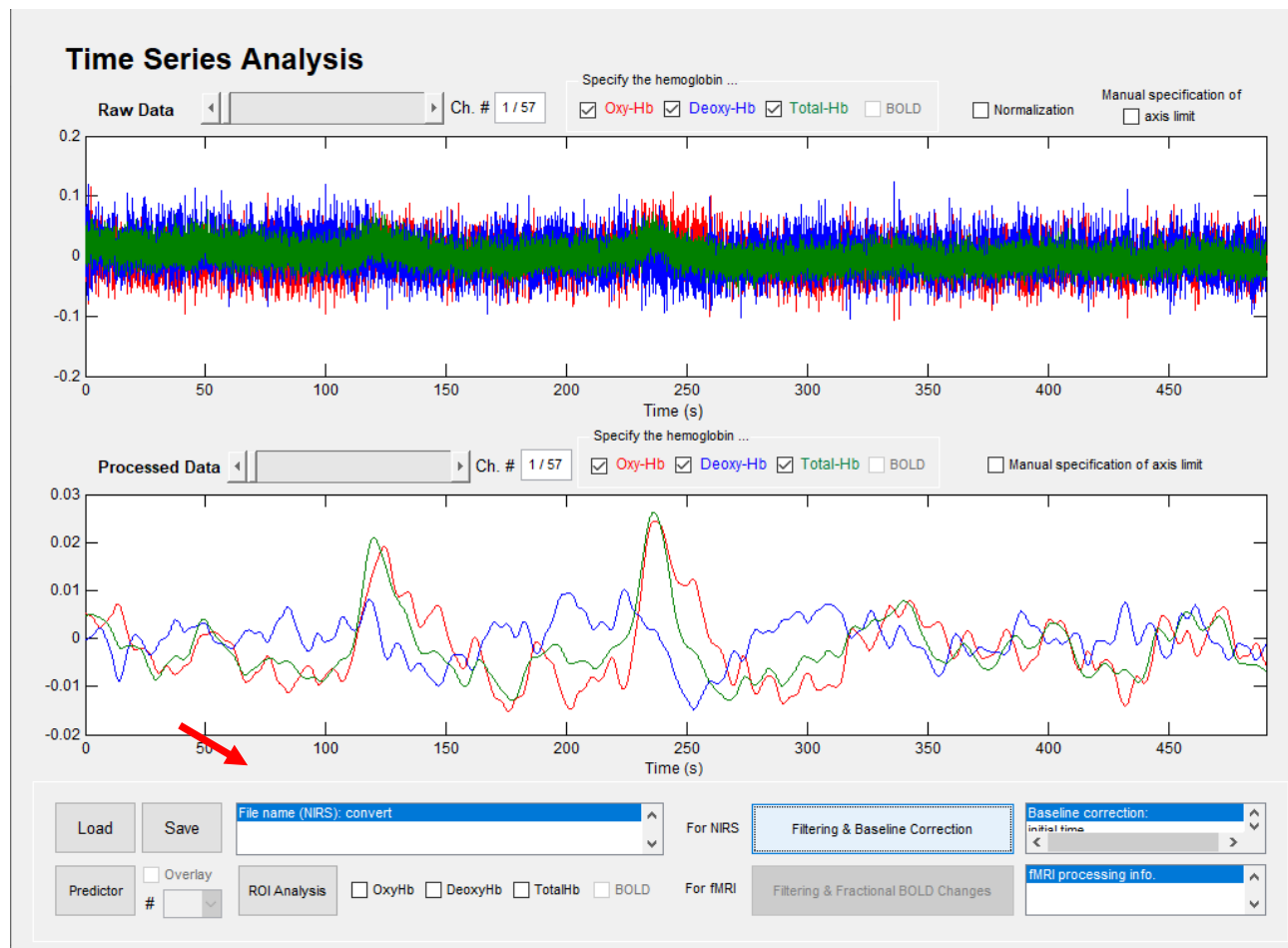


点击界面的“Filtering & Baseline Correction”按钮，进行预处理

- 2、预处理步骤参照下图



- 2、点击“ROI Analysis”进行兴趣区分析。可以选择你感兴趣的通道，然后输入 onset 信息和平均 duration，就可以看到你感兴趣的时间窗口图。



视 频 学 习 网 址 :

<https://www.bilibili.com/video/BV1jE411s7FE?from=search&seid=9261702414155036846>