Das GLM in der fMRT

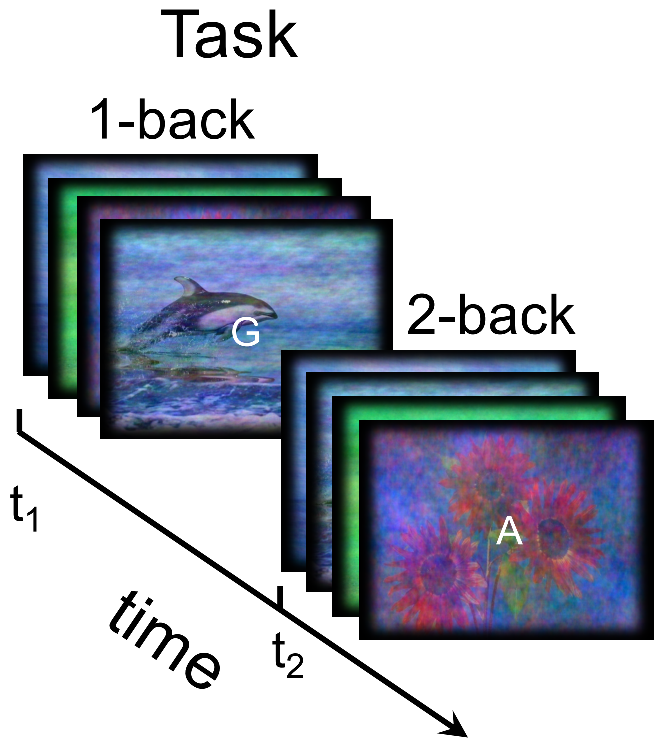
Spezifizierung
Schätzung
Visualisierung

SPM-Kurs 2018

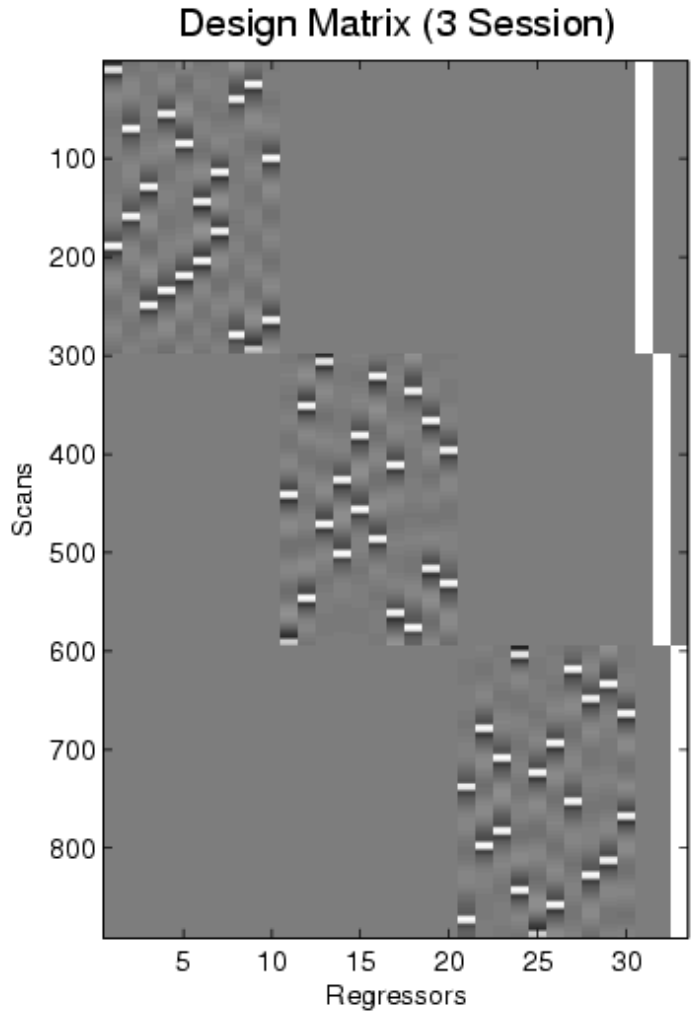
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf

Jan Gläscher

Modellspezifizierung



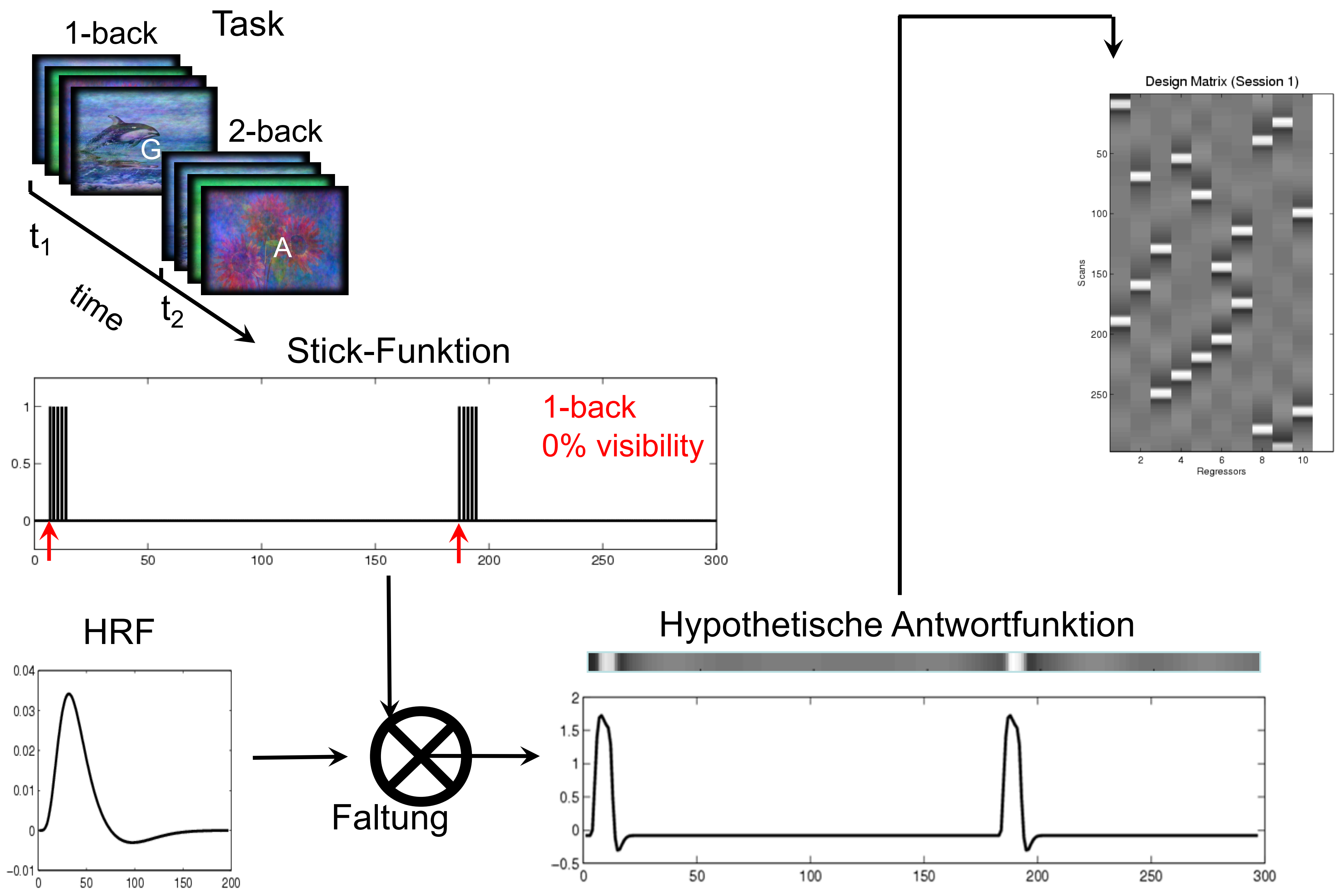
?



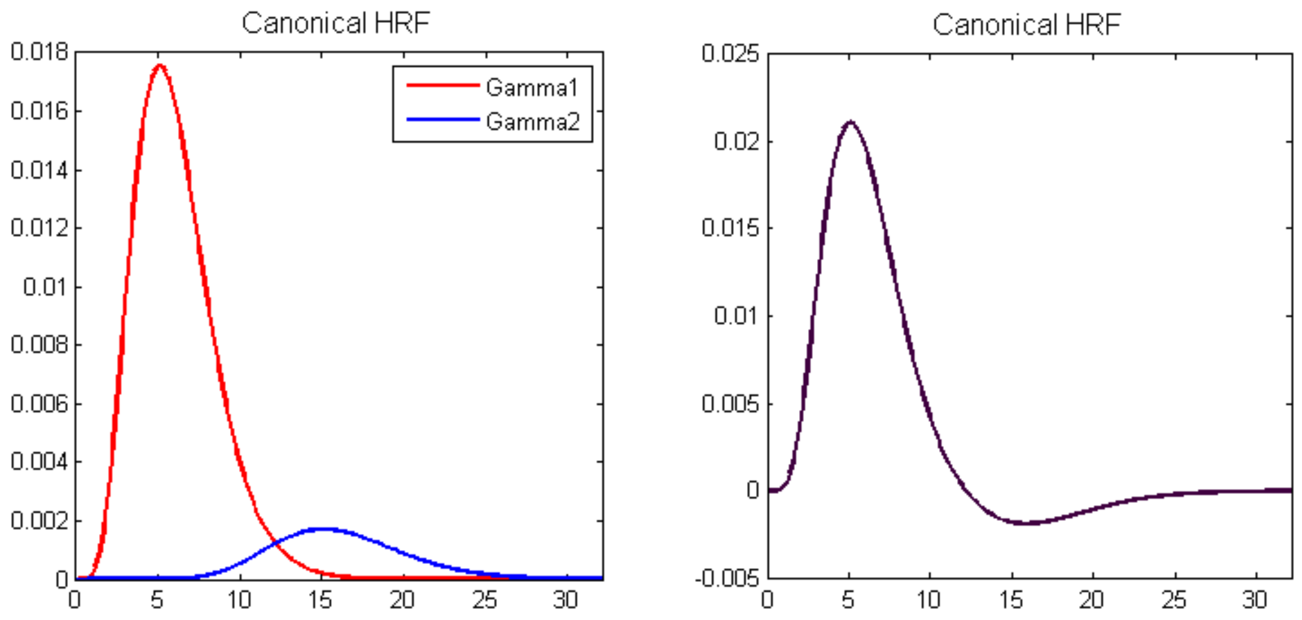
Notwendige Informationen

- Was wurde präsentiert (z.B., 1-back) ?
- Wie lange wurde es präsentiert (z.B., Blocklänge 10 s) ?
- Wann wurde es präsentiert (z.B., t_1) ?

Hypothetische Antwortfunktion



Kanonische Hämodynamische Antwortfunktion

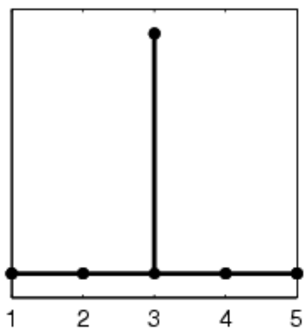


Form der HRF wird durch 7 Parameter beschrieben:

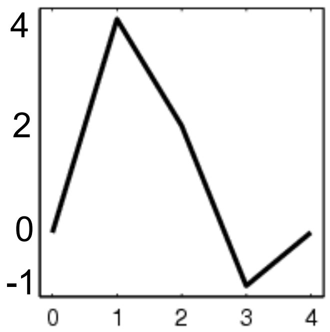
1. Delay of response (s) relative to Onset
2. Delay of undershoot (s) relative to onset
3. Dispersion of Response
4. Dispersion of Undershoot
5. Ratio of response to undershoot
6. Response onset (s)
7. Length of kernel (=Länge der HRF)

Faltung: 1 Event

Onsetvektor



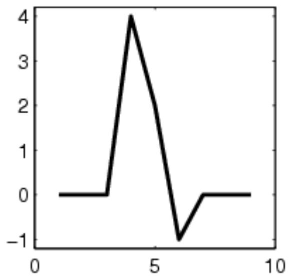
Einfache HRF



1. Punktweise Multiplikation aller Elemente des Onsetvektor mit der HRF unter Beibehaltung der seriellen Position im Onsetvektor
2. Summe dieser Multiplikation

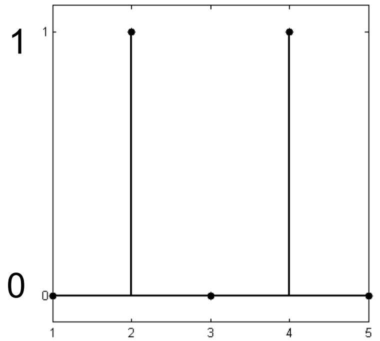
$$\begin{array}{ccccc r ccccccccc l}
0 & & & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;-1\;\;0\,]=[& 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & & & & &]\\
 & 0 & & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;-1\;\;0\,]=[& & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & & & &]\\
 & & 1 & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;-1\;\;0\,]=[& & & 0 & 4 & 2 & -1 & 0 & & &]\\
 & & & 0 & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;-1\;\;0\,]=[& & & & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & &]\\
 & & & & 0 & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;-1\;\;0\,]=[& & & & & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 &]\\
\hline
 & & & & & [& 0 & 0 & 0 & 4 & 2 & -1 & 0 & 0 & 0 &]
\end{array}$$

gefalteter Onsetvektor (Regressor)

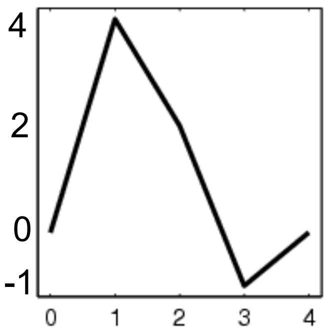


Faltung: 2 Events

Onsetvektor

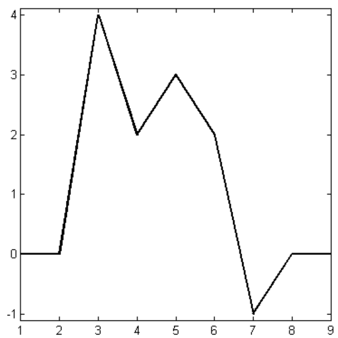


Einfache HRF

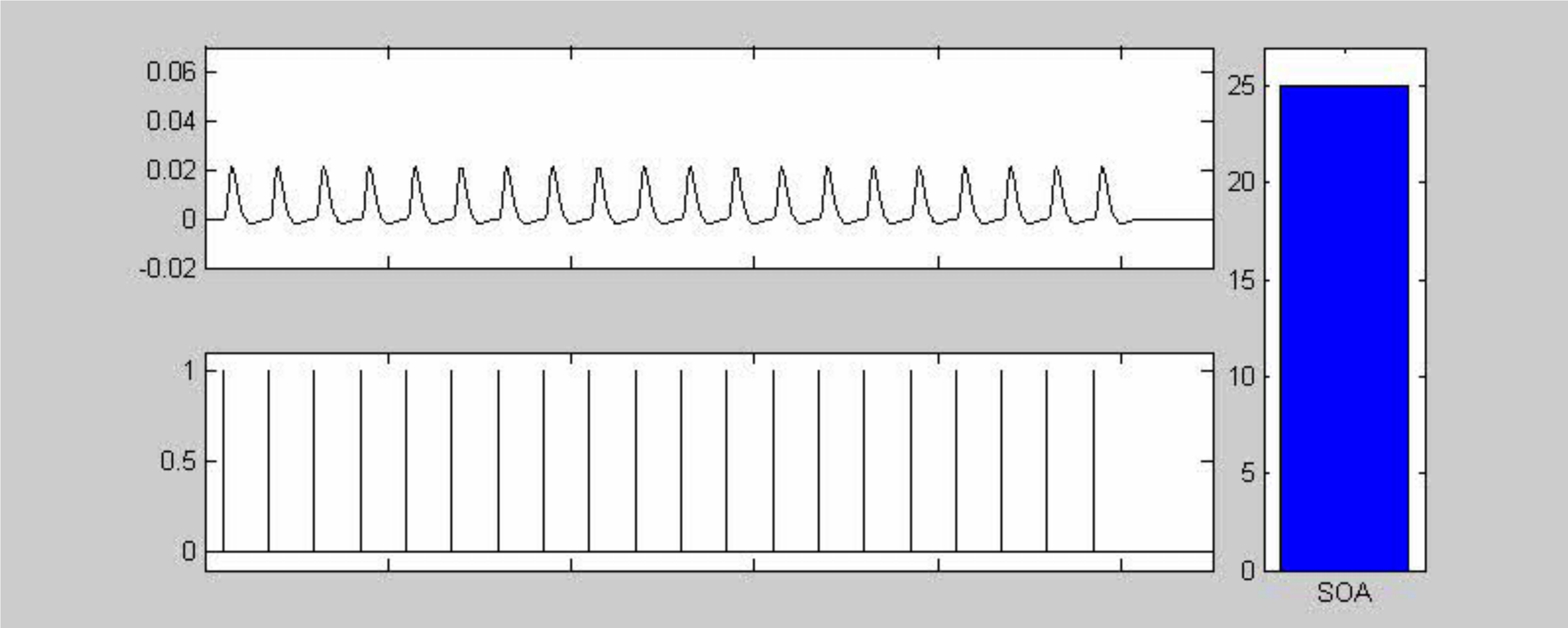


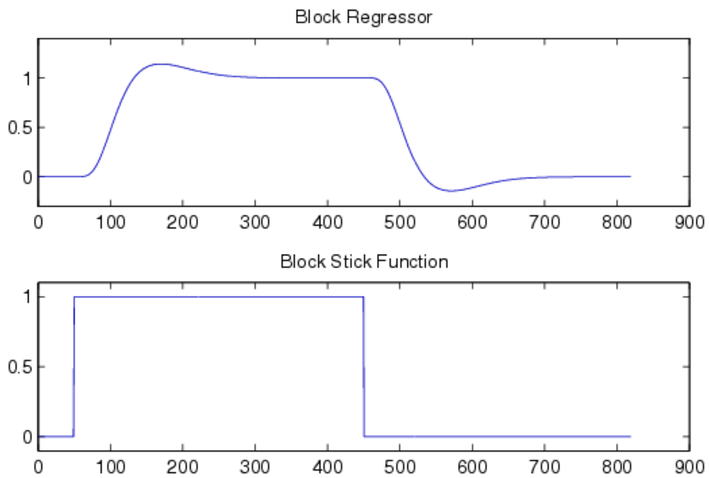
$$
\begin{array}{ccccc l ccccccccc l}
0 & & & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;{-1}\;\;0\,]=[& 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & & & & &] \\
& 1 & & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;{-1}\;\;0\,]=[& & 0 & 4 & 2 & -1 & 0 & & & &] \\
& & 0 & & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;{-1}\;\;0\,]=[& & & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & & &] \\
& & & 1 & & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;{-1}\;\;0\,]=[& & & & 0 & 4 & 2 & -1 & 0 & &] \\
& & & & 0 & \times[\,0\;\;4\;\;2\;\;{-1}\;\;0\,]=[& & & & & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 &] \\
\hline
& & & & & [& 0 & 0 & 4 & 2 & 3 & 2 & -1 & 0 & 0 &]
\end{array}
$$

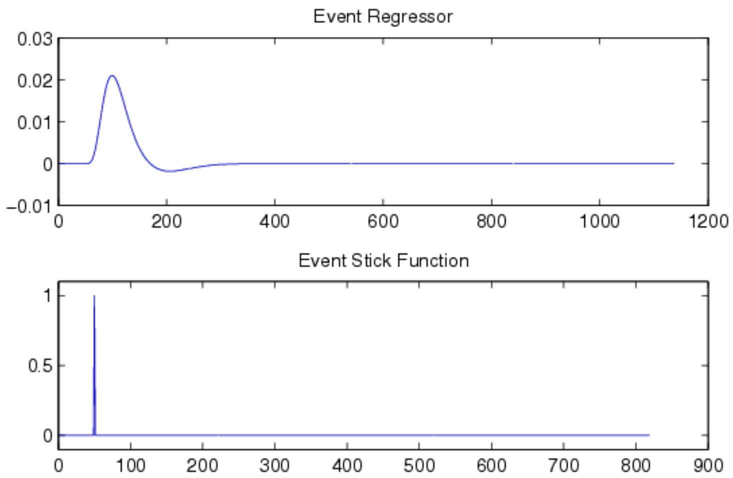
gefalteter Onsetvektor
(Regressor)



Faltung: viele Events

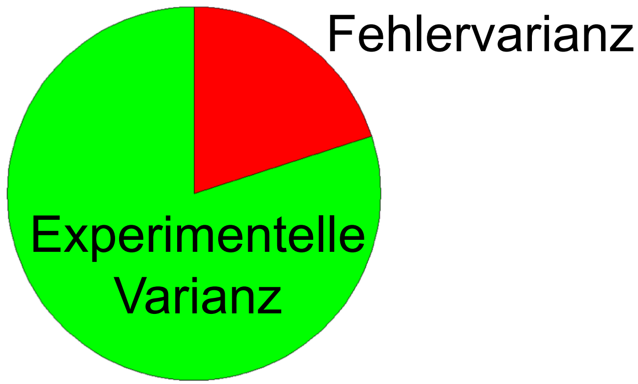






GLM in Matrizenform

$$y = X\beta + \varepsilon$$



Regressoren

Zeit

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1p} \\ x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{np} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \vdots \\ \beta_p \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix}$$

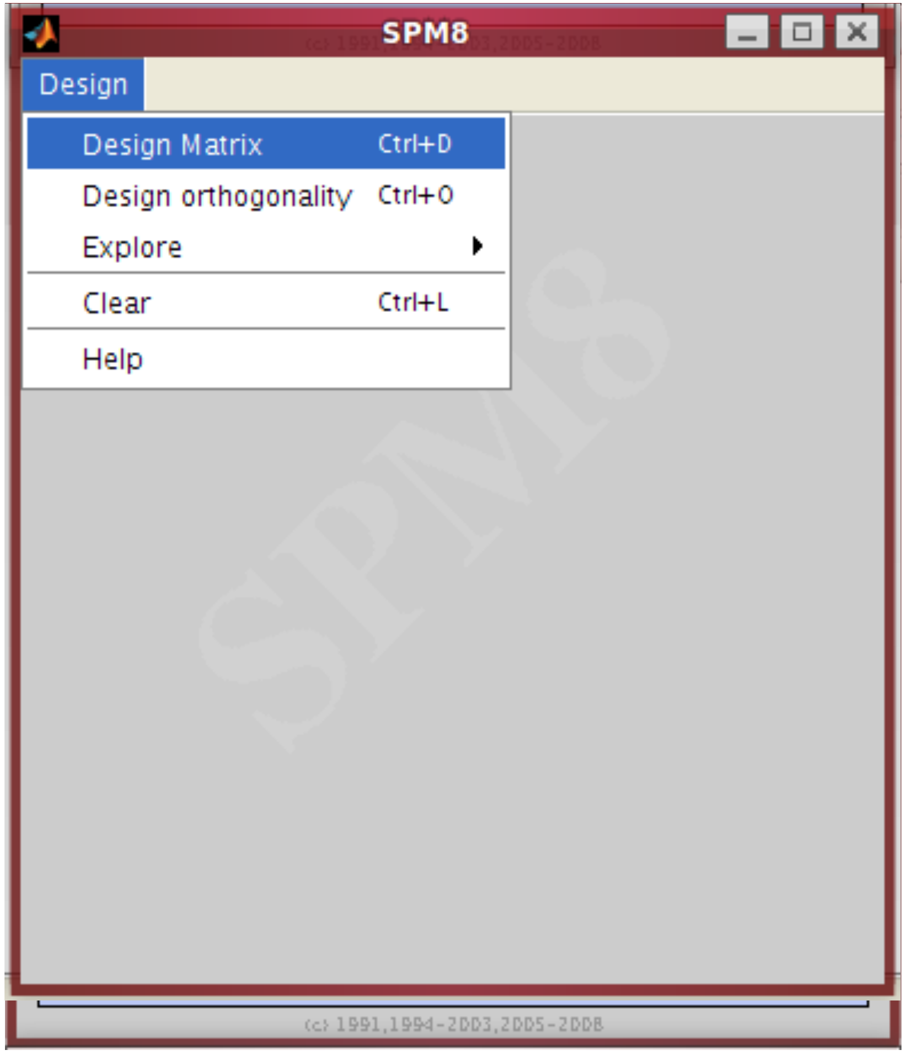
Daten

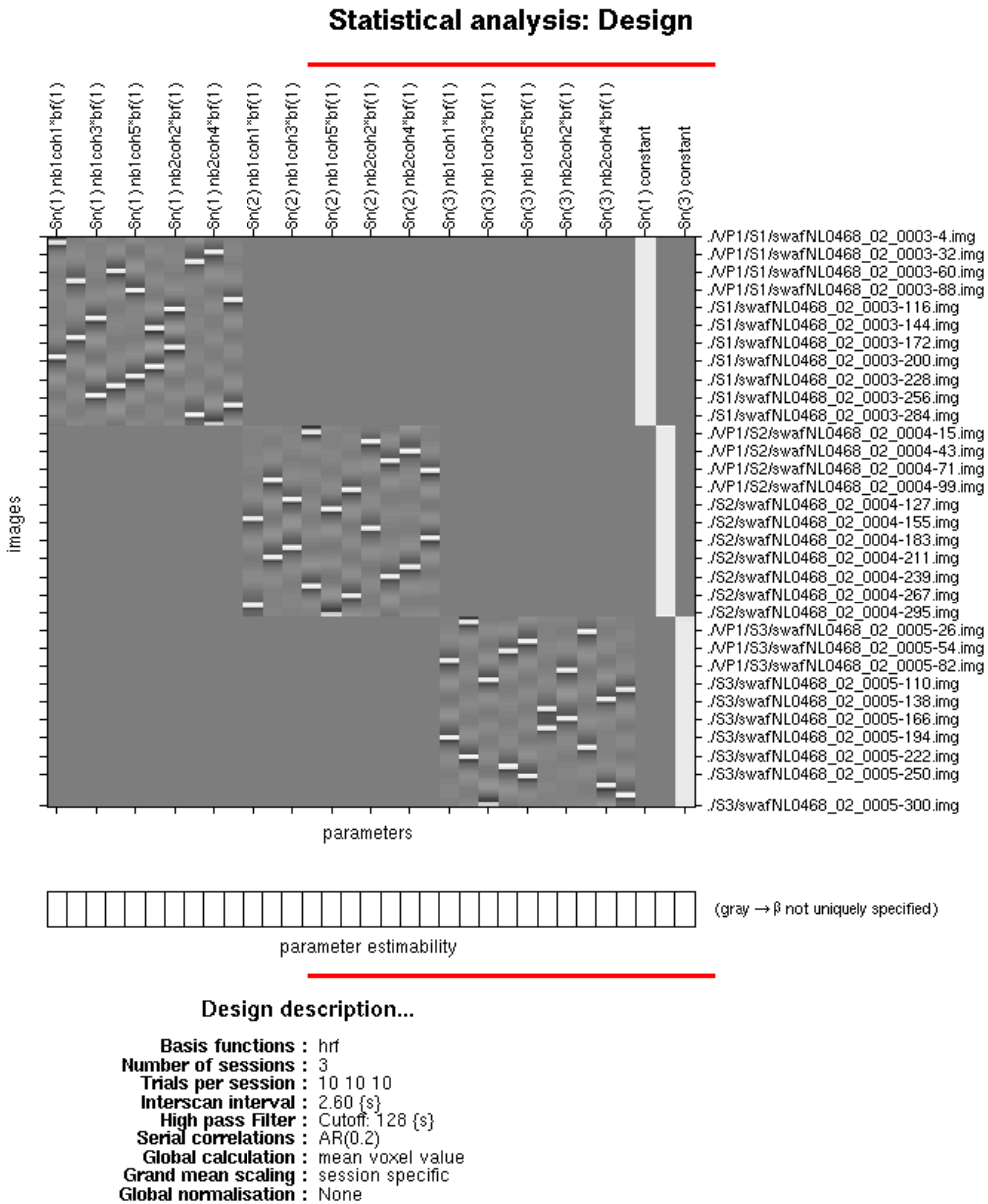
Design Matrix (Modell)

Regressions-koeffizienten

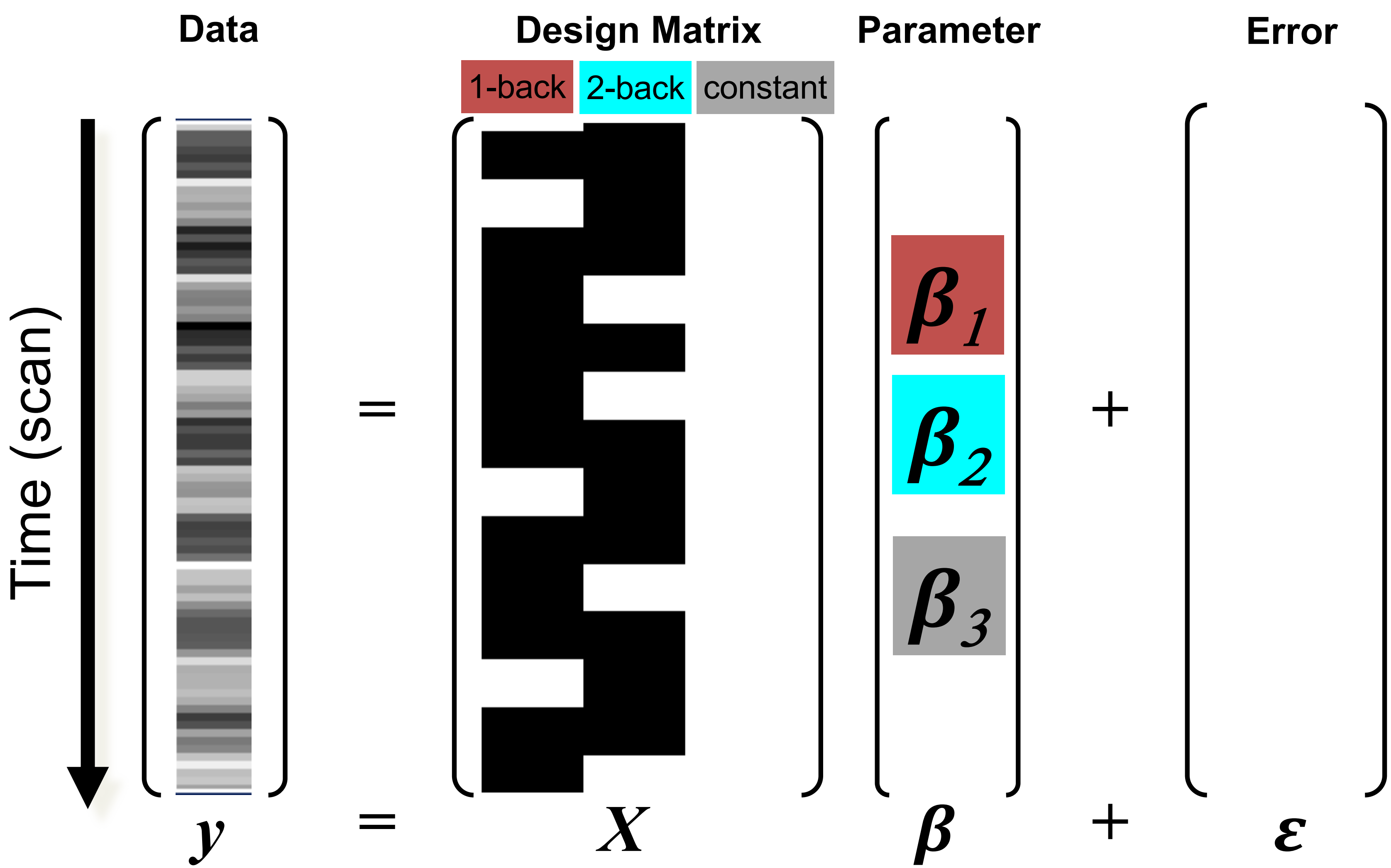
Fehler

Visualisierung der Designmatrix





Modellschätzung: GLM mit drei Regressoren

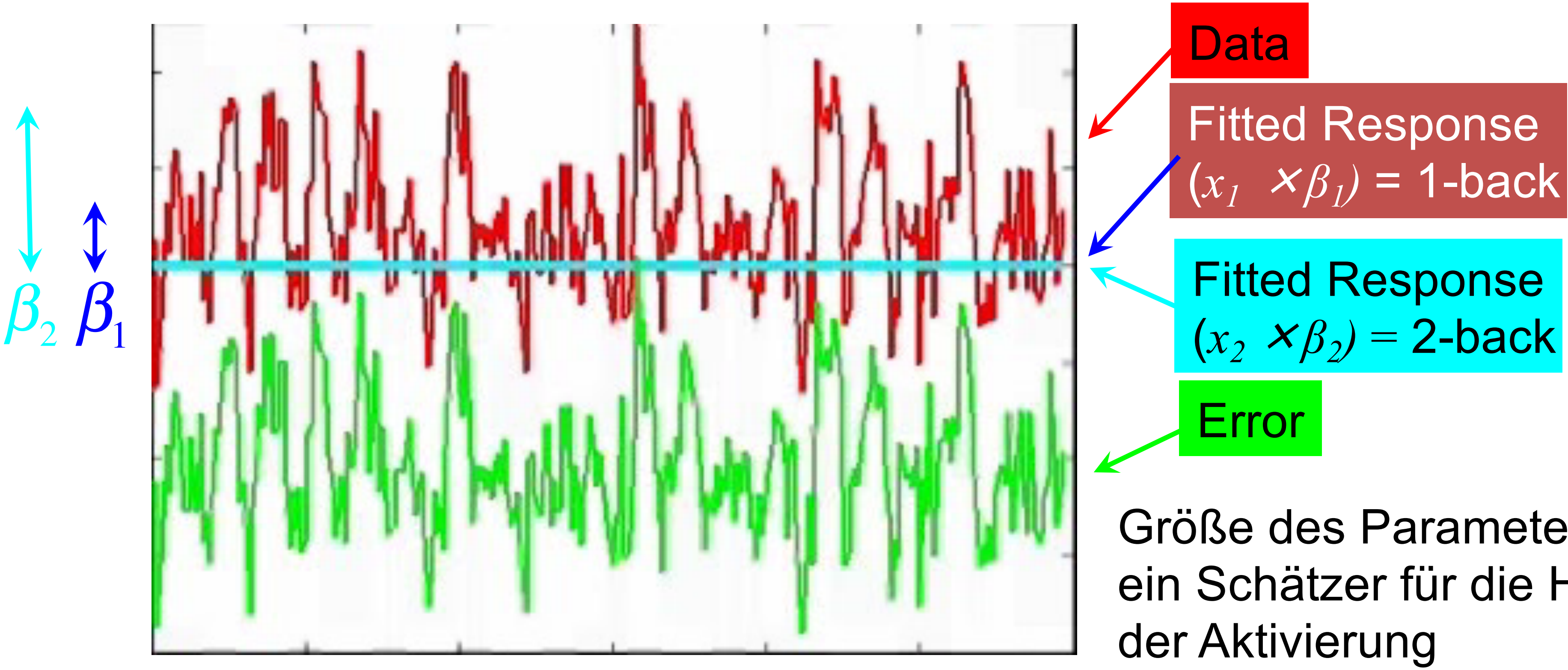


$$b = (X'X)^{-1}X'y$$

Parameterschätzung

GLM
Model equation

$$y = x_1\beta_1 + x_2\beta_2 + 1\beta_3$$



$$b = (X'X)^{-1}X'y$$

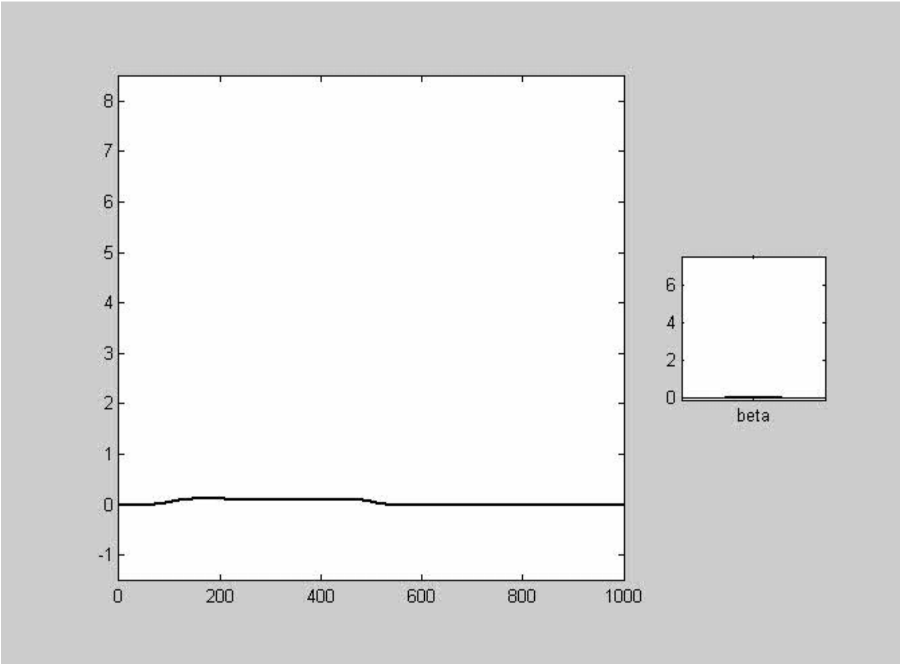
Größe des Parameters ist ein Schätzer für die Höhe der Aktivierung

⇒ Amplituden- / Onset-regressor

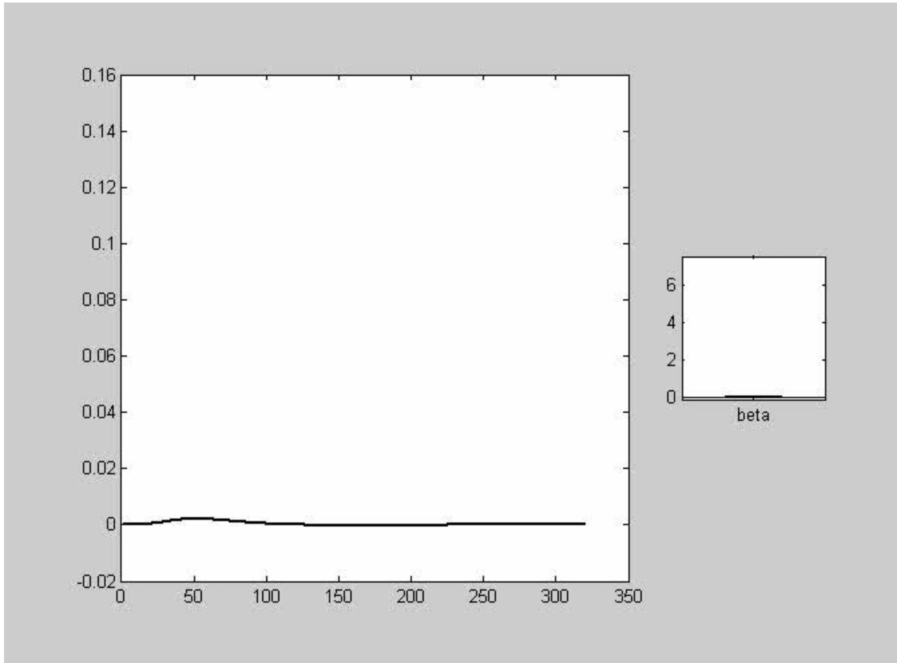
⇒ Statistik: Vergleich der Parameter (Betas)

Bedeutung der Parameter

Block regressor

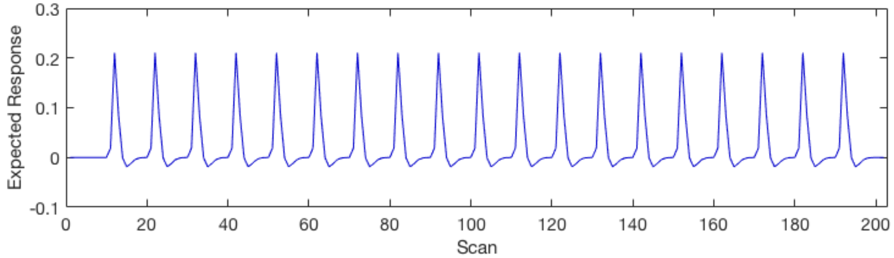


Event-related regressor



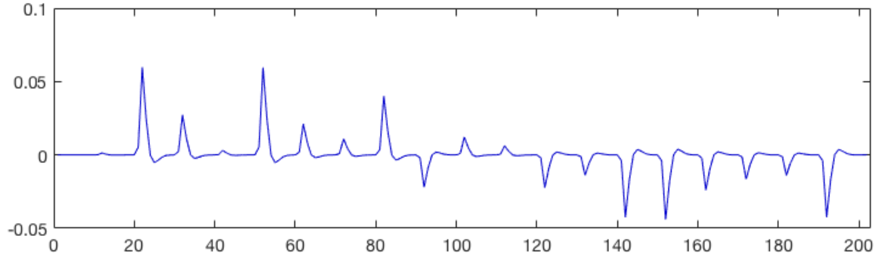
2 „Klassen“ von Parameter

Onset Regressoren



- Modell: Gleiche kanonische BOLD-Antwort für alle Events
- Nur die Onsets bestimmen den Zeitpunkt der Antwort
- Die Höhe der BOLD-Anwort wird as identisch angenommen.
- Interpretation der Betas: Höhe der gefitteten BOLD-Antwort

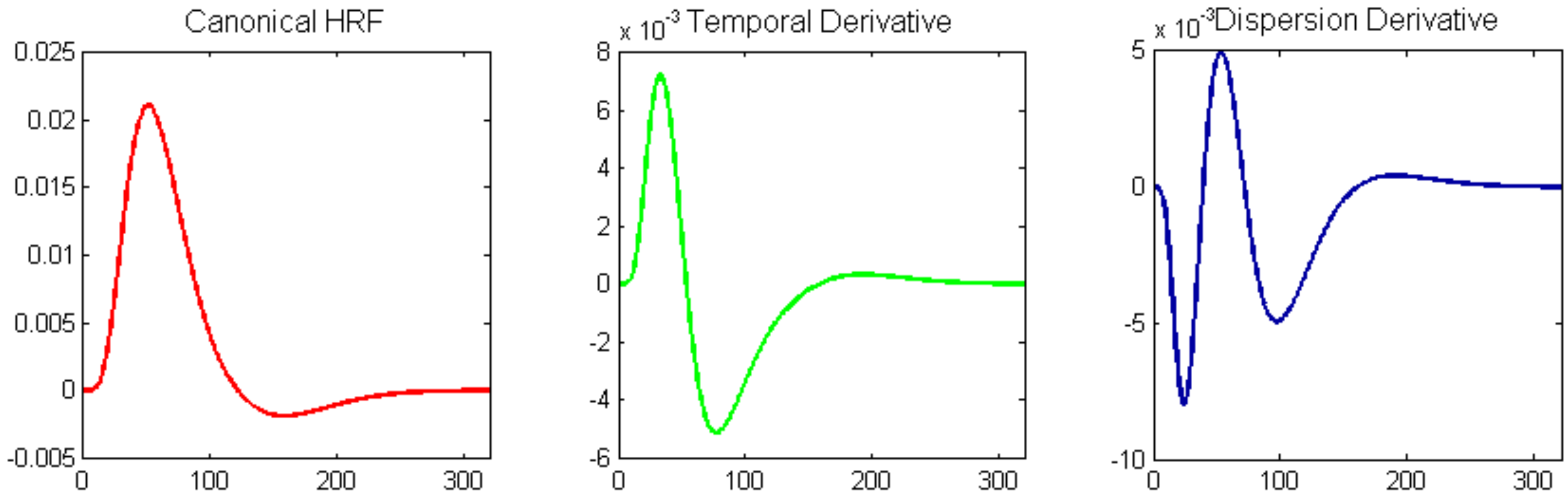
Parameterische Modulationen



- Modell: BOLD-Antworten fuer verschiedenen Events sind unterschiedlich stark
- Parametrischen Werte geben die Höhe der erwarteten BOLD-Antwort exakt vor
- Modell-basierte Signale und Variablen koennen so einfach getestet werden
- Interpretation der Betas: Stärke der Korrelation zwischen parametrischen Werten und der BOLD-Zeitreihe

Exkurs: mehrere Basisfunktionen

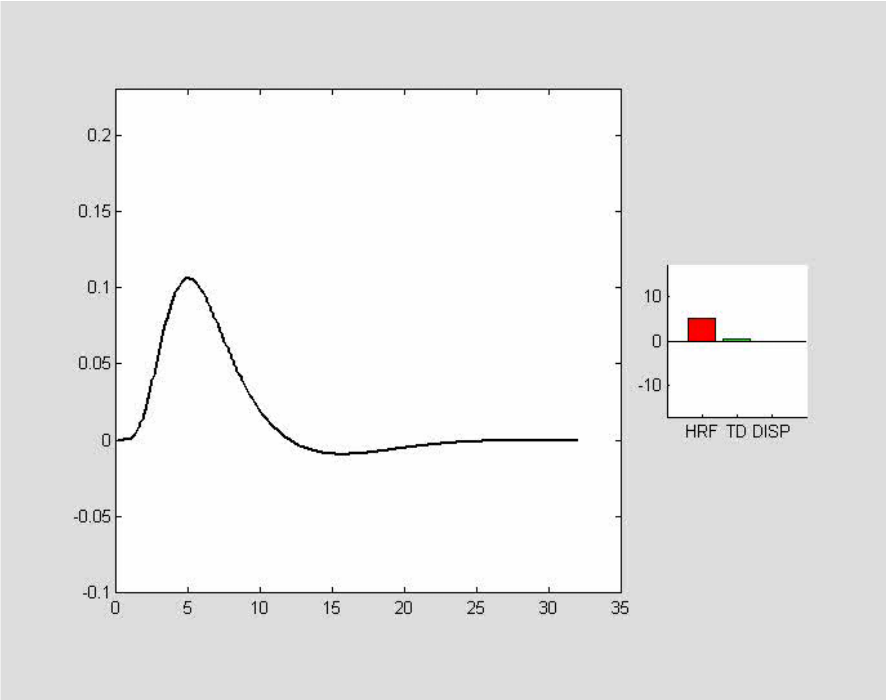
Frage: Ist das tatsächlich gemessene BOLD Signal immer Konform mit dem Verlauf der kanonischen HRF?



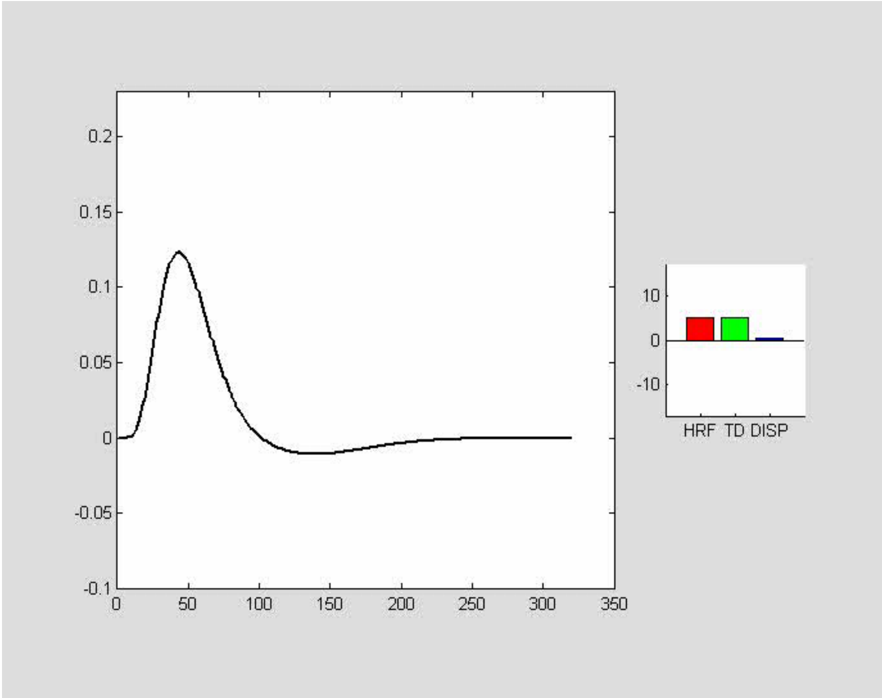
- Mehrere Basisfunktionen erlauben eine variablere Modellierung des Verlaufs des BOLD Signals
- Jede zusätzliche Basisfunktion erhält einen eigenen Regressor in der Designmatrix → eigener Parameter

Effekt von Ableitungen auf die Form der HRF

Temporal Derivative

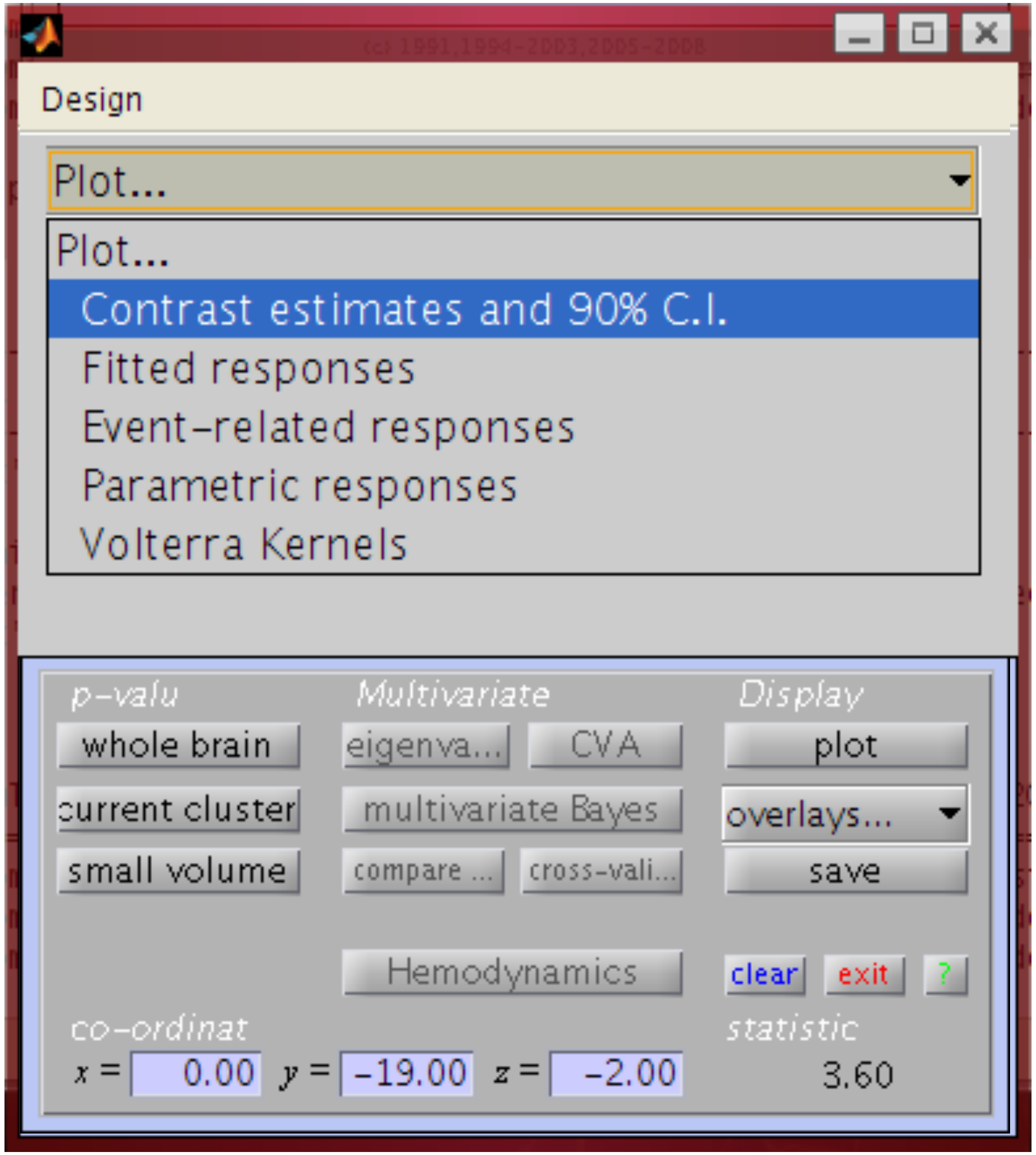


Dispersion Derivative

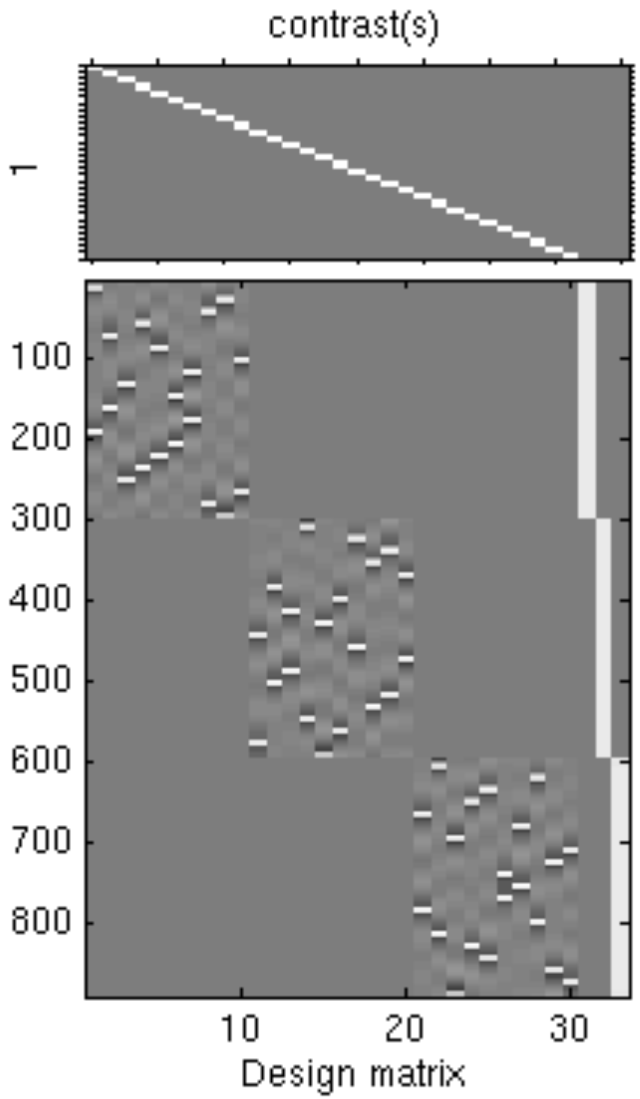


- Temporal Derivative: Verschiebung des Peaks der HRF
  - Parameter positiv: früher, negativ: später
- Dispersion Derivative: Veränderung der Breite der HRF
  - Parameter positiv: schlanker, negativ: breiter
- Alle Parameter werden in jedem Voxel geschätzt
  - ➢ Regional unterschiedliche BOLD Antworten können modelliert werden
  - ➢ Probandengruppen können verschiedene BOLD Antworten aufweisen

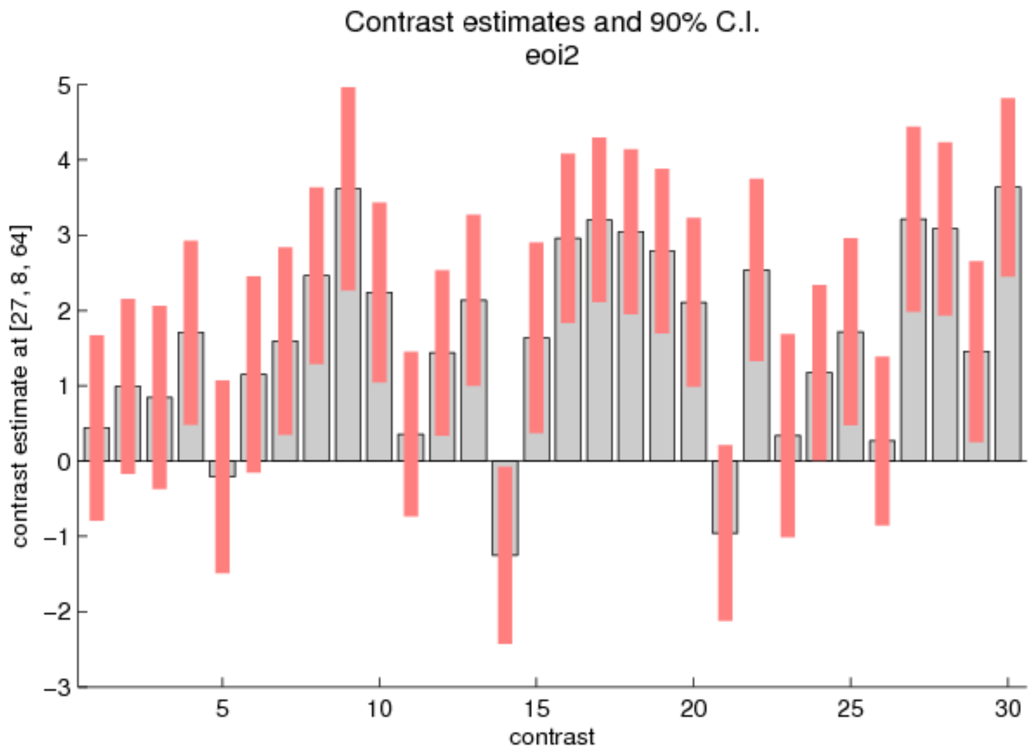
Visualisierung der Parameter



Contrast Estimate: Effects of interest (full model)

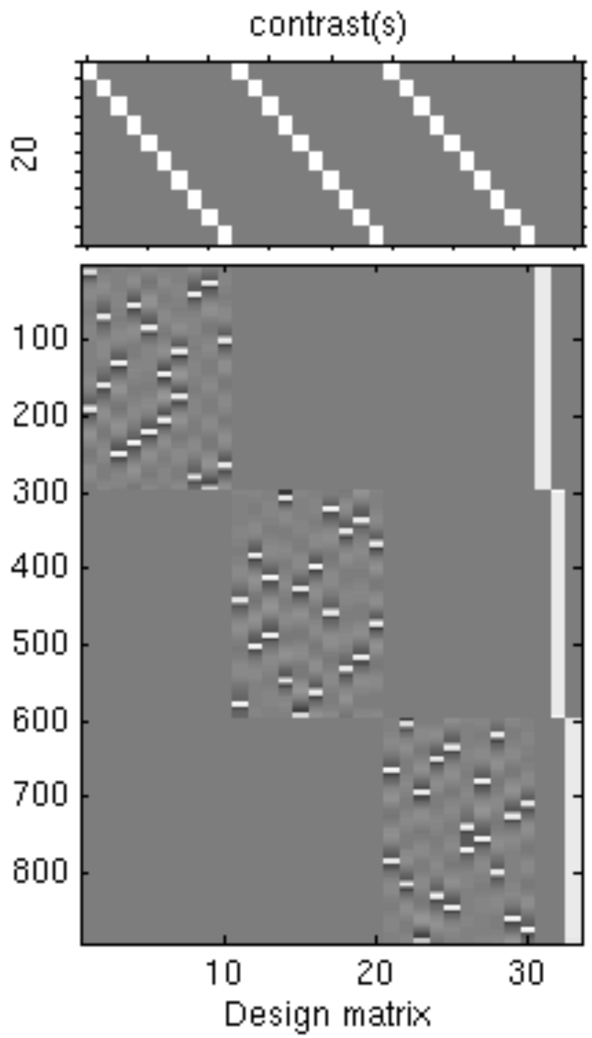


Superior Frontal Gyrus (27 8 64)

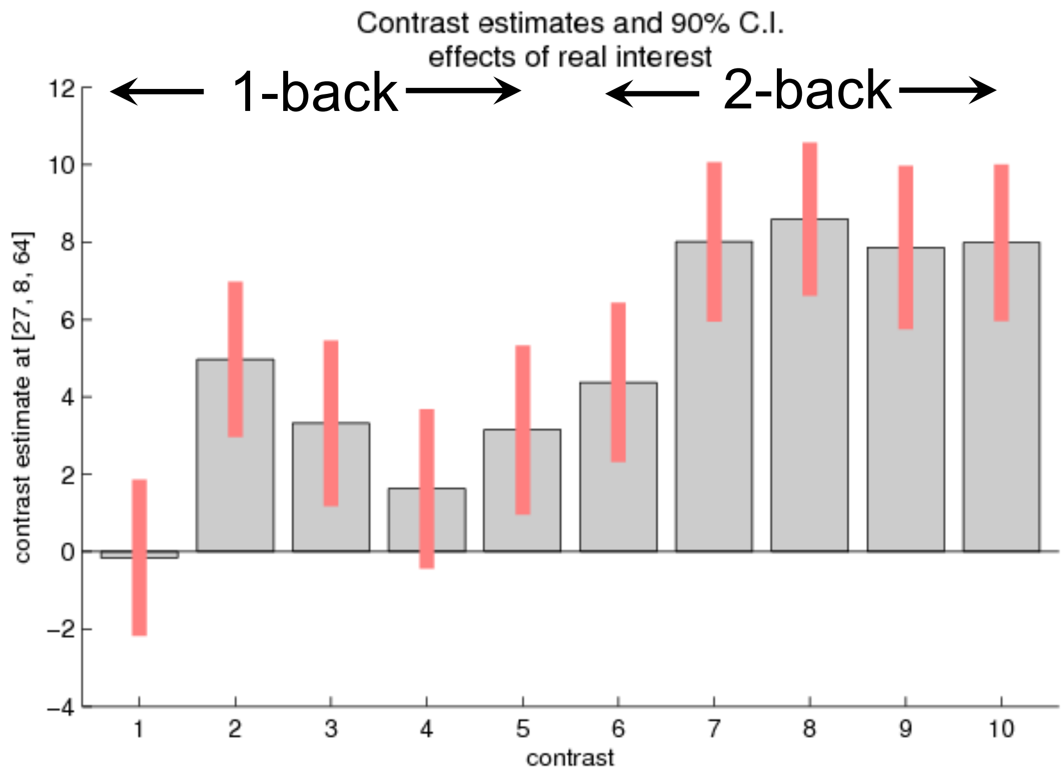


Effektstärke für jeden Regressor

Contrast Estimate: Effects of „real“ interest



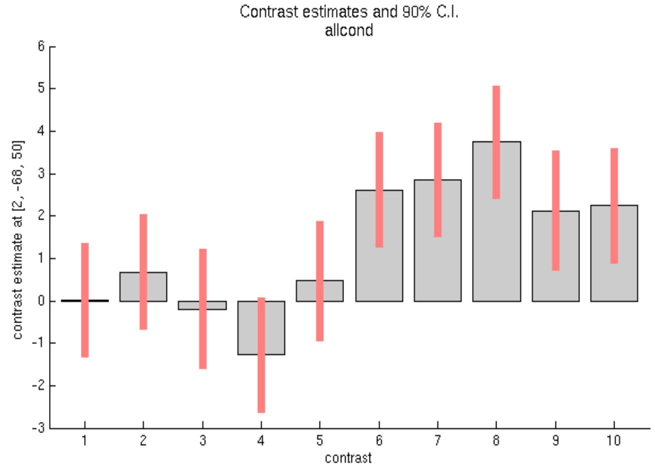
Precuneus (2 -68 50)



Effektstärke jeder Bedingung
(über Sessions gemittelt)

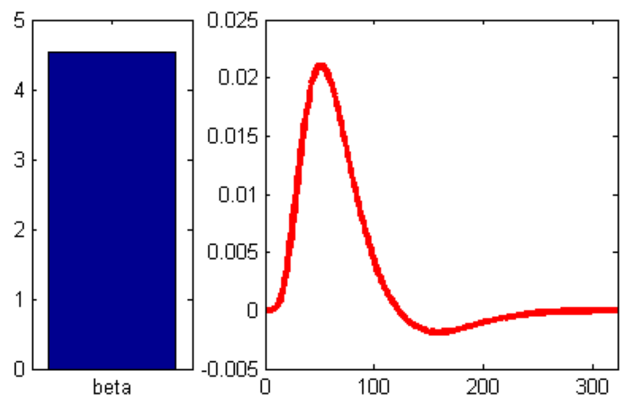
Interpretation von Contrast Estimates

- Y-Achse: % *global* signal change,
  - wenn Daten auf globalen Mittelwert von 100 skaliert wurden
  - Nullmarke = globaler Mittelwert des Bildes
  - Problem: GM, WM, und CSF haben unterschiedliche mittlere Signal-intensitäten
  - % signal change sollte in bezug auf die mittlere Intensität des Voxels berechnet werden



- % *local* signal change:

$$\frac{\max(\beta_{cond} \times HRF) \times 100}{\beta_{const}}$$



Visualisierungs-Toolbox: rfxplot

- Problem: einfache (SPM-interne) Plots reflektieren (aufgrund von Skalierungseffekten) auf dem 2. Level nicht die tatsächlichen (auf dem 1. Level gemessenen) Daten

- Ansatz von rfxplot:
  - Selektion von “interessanten” Voxel in einer 2nd Level Analyse, danach Extraktion der Daten aus dem 1st Level Analysen
  - Relativ viele verschiedene Optionen, fMRT-Daten zu plotten und publikationsfähige Abbildungen zu erstellen

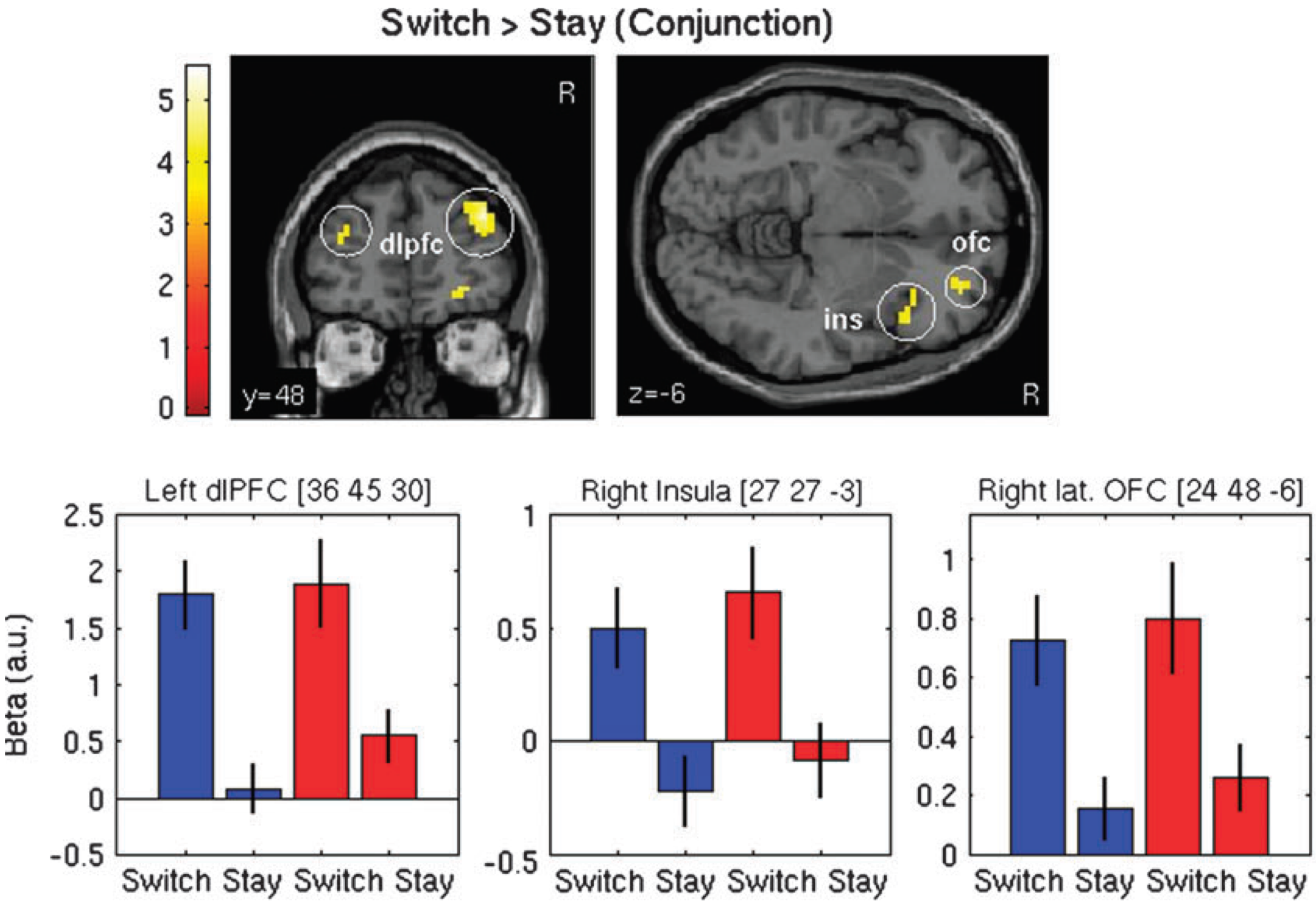
- Download: http://rfxplot.sourceforge.net

- Gläscher, Neuroinformatics, 2009.

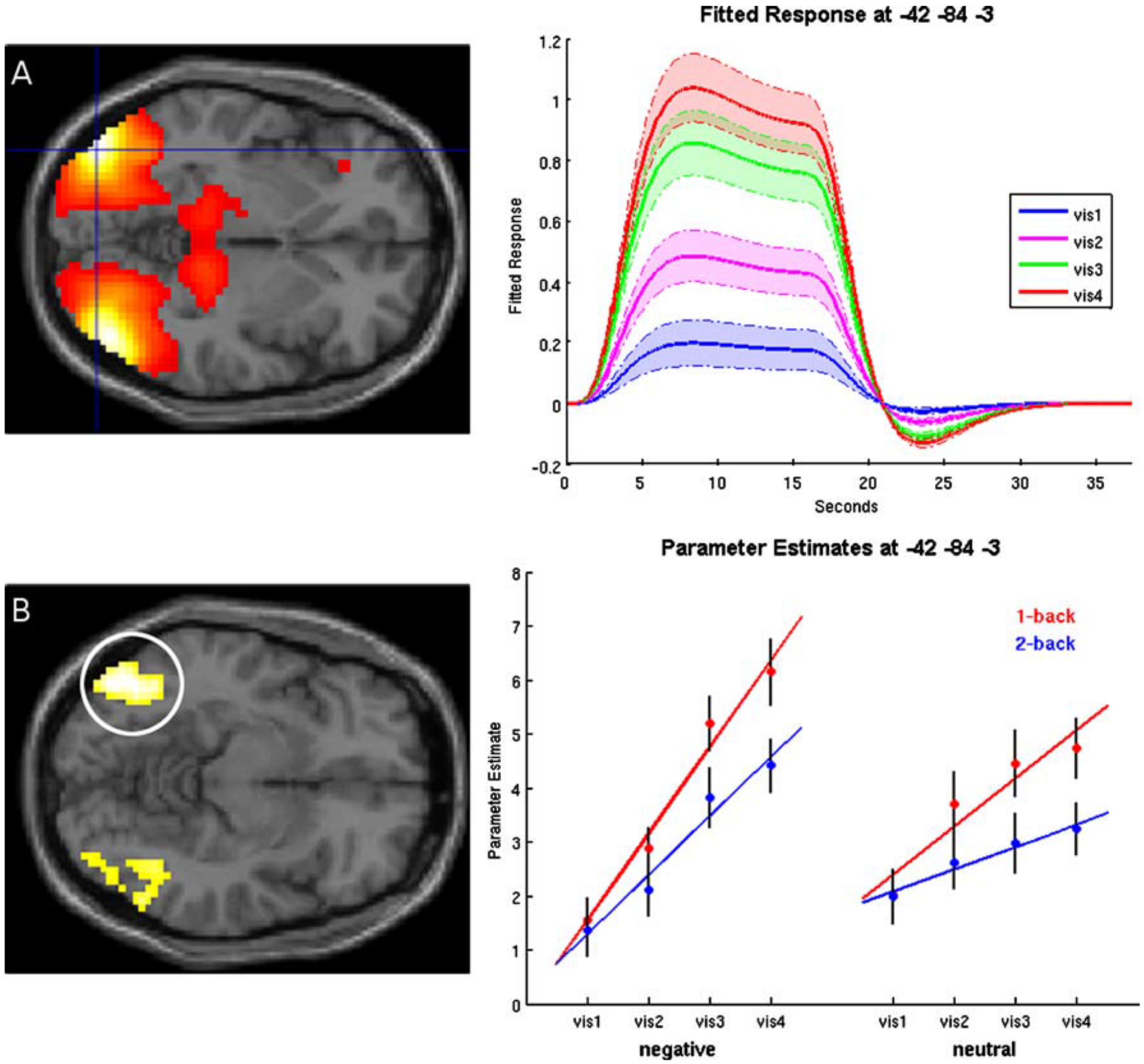
Visualisierungs-Toolbox: rfxplot

- Vorgehen
  - Definition eines Suchvolumes auf den Ergebnissen eine 2nd Level Analyse: sphere, box, mask image (auch für jeden Pbn)
  - Limitierung auf alle oder nur signifikante Voxel (in der 2nd Level Analyse
  - Extraktion der Daten (beta, con, BOLD Zeitreihen) aus den 1st Level Analysen, Mittelung über Voxel
  - Aufteilung von parametrischen Regressoren in mehrere Bins
  - Aufteilung der Pbn in mehrere Gruppen
  - Auswahl der Skalierung: percent signal change vs. raw data
  - Verschiedene Plot Typen:
    - Bar Plot: einfacher Plot von Aktivierungshoehen aus beta oder con images
    - Fitted responses: Plot der gefitteten HRF (macht nur Sinn, wenn die verschiedenen Ableitungen (TD, DISP) oder hoeher komplexe Basisfunktionen verwendet wurden ➢ man sieht die unterschiedlichen Formen der HRF
    - BOLD time courses (PSTH): BOLD Zeitreihen werden extrahiert und als Kurve geplottet

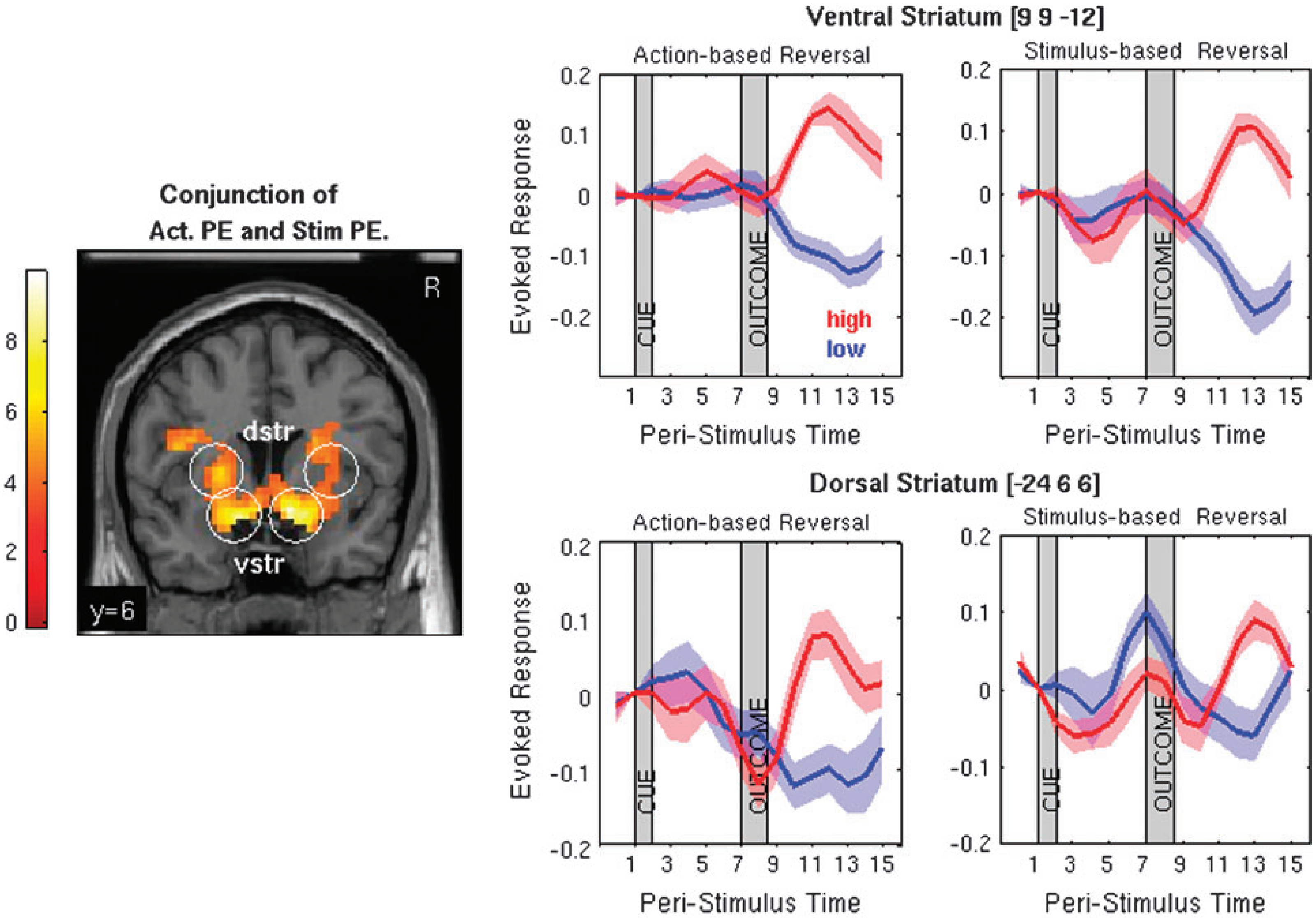
Rfxplot: Beispiele



Rfxplot: Beispiele



Rfxplot: Beispiele



rfxplot: Voraussetzungen

- 1^{st} Level Analysen sollten alle identisch konfiguriert sein (insb. müssen die gleiche exp. Bedingung denselben Namen bekommen) ➔ Batch verwenden
- Kontraste sollte auch identisch in allen 1^{st} Level Analysen sein. ➔ Batch verwenden
- Con-images sollten nicht verschoben und umbenannt werden (z.B. um sie einfacher in der SPM GUI auszuwählen) ➔ Batch verwenden