

## 2本の時系列データの類似部分自動抽出法の提案 —fNIRS時系列データに対する検討

廣安 知之<sup>1,a)</sup> 福島 亜梨花<sup>2,b)</sup> 山本 詩子<sup>1,c)</sup> 横内 久猛<sup>1,d)</sup>

受付日 2014年2月3日, 再受付日 2014年3月25日/2014年5月21日,  
採録日 2014年6月20日

**概要:** fNIRS 装置で計測された 2 つの異なる脳血流時系列データから類似部分を抽出するアルゴリズム “Multiple analogy Parts extracting algorithm (MaPea)” を提案する. MaPea では, 完全一致部分だけでなく微小な差異を考慮した類似部分も抽出する. また, 時系列長の異なる類似部分を抽出することも可能である. また, 時間軸上で時間差を持った類似部分の組み合わせも抽出できる. 脳血流時系列データはさまざまな要因に影響されることが報告されており, 同じ脳活動を表す波形でも微小な差異が存在することが考えられるからである. MaPea では, 異なる時系列データごとにベクトル化を行い, それらをコサイン類似度により評価する. 2 つのデータセットから動的計画法の概念を用いて類似部分を抽出する. MaPea の有効性を fNIRS 時系列データを使った実験により検証した. 実際の fNIRS 時系列データを用いて脳機能の検定を t 検定を用いた解析手法と MaPea を用いた解析手法で行い, 結果を比較した. その結果, MaPea による解析手法のほうが神経血管カップリングの理論にそって脳活動を探索できていた. 以上より, MaPea が脳血流時系列データに対して有用であることが示唆された.

**キーワード:** functional Near Infrared Spectroscopy (fNIRS), 類似部分, 時系列データ

## Suggestion an Algorithm Extracting Similar Parts between Two Time-series Data —Examination for fNIRS Time-series Data

TOMOYUKI HIROYASU<sup>1,a)</sup> ARIKA FUKUSHIMA<sup>2,b)</sup> UTAKO YAMAMOTO<sup>1,c)</sup> HISATAKE YOKOUCHI<sup>1,d)</sup>

Received: February 3, 2014, Revised: March 25, 2014/May 21, 2014,  
Accepted: June 20, 2014

**Abstract:** In this study, the algorithm, Multiple analogy Parts extracting algorithm (MaPea), is proposed. The proposed algorithm is a method to extract similar parts from two different time series data sets of cerebral blood flow using functional Near-infrared Spectroscopy (fNIRS). The MaPea can extract not only the exact similar parts but also the similar parts having a few differences. This method also extracts similar parts whose sampling numbers are different and which have time lags. In the MaPea, each two different time-series data sets of cerebral blood flow is vectorized and the similarity of these vectors are evaluated using cosine similarities. The similar parts of these two data sets are extracted using the similar method of Dynamic Programing. In the latter half of this paper, the experiment is performed and MaPea is applied to fNIRS time-series data to confirm the effectiveness of the proposed method. The results of MaPea are compared with those of t-test. The results suggest that the analysis using MaPea leads the brain activities which are occurred by the neurovascular coupling. From the results, it is suggested that MaPea is effective for fNIRS time-series data.

**Keywords:** functional Near Infrared Spectroscopy (fNIRS), Similar parts, Time-series data

<sup>1</sup> 同志社大学生命医科学部  
Faculty of Department of Life and Medical Science, Doshisha  
University, Kyotanabe, Kyoto 610-0394, Japan

<sup>2</sup> 同志社大学生命医科学研究科  
Graduate School of Life and Medical Sciences, Doshisha Uni-  
versity, Kyotanabe, Kyoto 610-0394, Japan

a) tomo@mis.doshisha.ac.jp

b) afukushima@mis.doshisha.ac.jp

c) utako@mis.doshisha.ac.jp

d) hyokouch@mis.doshisha.ac.jp

## 1. はじめに

functional Near-infrared Spectroscopy (fNIRS) 装置をはじめとする脳機能イメージング装置が急速な進歩にとともに、脳科学分野への関心が高まっている [1]. fNIRS 装置は脳機能イメージング装置の中でも、神経活動にとともなう、血流中の酸素が消費されることに起因する局所的な脳血流変化 (神経血管カップリング) を計測する装置である [2]. また fNIRS 装置には多くの計測点 (チャンネル, 以下, CH とする) が存在し, 脳活動を反映した脳血流変化の時系列データ (以下, fNIRS 時系列データとする) はサンプリングに優れている [1]. たとえば, ETG-7100 (日立メディコ製) では 120CH で, 1CH ごと 10 [Hz] のサンプリング周波数で fNIRS 時系列データを取得する. このように, fNIRS 装置から得られるデータは多 CH 時系列データとなる.

fNIRS 時系列データから脳の活性化部位を推定する方法として,  $t$  検定による解析手法が現在用いられている [3].  $t$  検定における解析手法では, 安静状態時の脳血流変化量の平均と脳活性化時の脳血流変化量の平均の有意差を検定, 活性化 CH の推定を行っている. しかし, 活性化 CH と判断された CH の時系列データにおいて必ずしも神経血管カップリングによる脳血流の上昇が確認されないという問題点がある. 従来の解析手法であるブロックデザインと  $t$  検定による活性化 CH 抽出法では, ブロックデザインにおけるレストの脳血流変化量の変化がタスク中の脳血流変化量の変化より微小であることが, 活性化 CH を抽出可能である前提条件として必要となるからである. さらに,  $t$  検定では時系列データの平均を比較するため, 時系列データの時間的情報は失われてしまう.

そこで, 本稿では脳活動時の脳血流変化を仮定したモデル (以下, 活性化基準波形とする) と複数の CH 間の fNIRS 時系列データ相関を検討し, 活性化 CH を推定する方法を提案する. すなわち, 活性化基準波形に類似した部分を活性化した部分とみなし, それ以外を活性化しなかった部分と判断する手法である. fMRI (functional Magnetic Resonance Imaging) の基礎的な解析手法である一般線形モデルによる回帰分析手法, SPM (Statistical Parametric Mapping) を fNIRS 時系列データに適用する研究と等価であるといえる. この手法を行うには, 複数の CH 間の fNIRS 時系列データの類似部分を抽出する必要がある. fNIRS 時系列データの類似性に着目した研究は, 脳機能 [4], [5], [6] やノイズ除去法 [7] について検討するものが報告されている. しかしながら, これらの類似部分抽出は目視で行われており, 自動的に類似部分抽出を行う必要がある. さらに, fNIRS 時系列データは相対的な脳血流変化であるため類似部分抽出には絶対値ではなく形状の類似のみを考慮すること, 抽出部分の時間範囲をあらかじめ指定しないこと, 時系列長の異なる部分の抽出ができることなどが必要となる.

時系列データ類似抽出法として, 時系列長の異なる類似部分の評価値を算出する Dynamic Time Warping (DTW) が応用されている [8], [9]. しかし, DTW は 2 本の時系列データの類似度を評価する手法であるため, 時系列データから類似 “部分” を切り取ることはできない. 類似 “部分” を切り取るためにあらかじめ時系列データを断片的に切除して時間窓を作成し, 類似を探索する場合もあるが, 断片的に切除する組み合わせは膨大であり, 多量の計算資源が必要となる.

本研究では 2 本の fNIRS 時系列データから類似 “部分” を自動で探索・抽出する手法, Multiple analogy Parts extracting algorithm (MaPea) を提案する. 提案手法である MaPea は 2 つの fNIRS 時系列データから時間軸方向の伸縮を考慮し, 時系列長が異なる類似部分を自動で探索, 抽出する手法である. 各 fNIRS 時系列データにベクトル化を行い, 2 本の fNIRS 時系列データが持つおのおののベクトルどうしがなす角を考慮することで時系列データの波形形状の類似を評価する. 類似度の算出方法として AMSS (Angular Metrics for Shape Similarity) [10] を採用した. また, 動的計画法 (Dynamic Programming: DP) [11] の一種である Smith Waterman 法 [12] の概念を取り入れることにより類似 “部分” の抽出を可能にした. 実験では, MaPea により各 CH から得られる fNIRS 時系列データの活性化基準波形と類似した部分を抽出することで, 活性化した部位を推定できることを示し, 従来の解析手法である  $t$  検定と比較する.

## 2. fNIRS 時系列データ

fNIRS 時系列データでは, 脳の活性化が, 局所的な脳血流変化量の上昇として現れるという神経血管カップリング (Neurovascular coupling: NVC) の理論により, 脳の活性化状態を判断する [13], [14], [15], [16]. 脳活動による局所的な血流増加がみられる要因としては, 神経活動に伴って生じるさまざまな生化学的変化が血管拡張を引き起こすからであると考えられている. よって, 通常, 同じ脳活動が観測された fNIRS 時系列データでも生体情報であるため脳血流変化量の微小な差異は存在する. また, 脳血流変化量は脳活動のみでなく, 心拍などのさまざまな要因により変化するため, 脳の活性化による血流上昇中にも心拍などの微小なノイズが fNIRS 時系列データに表れる可能性がある.

### 2.1 $t$ 検定による解析手法

現在, fNIRS 時系列データから目的の脳の活性化を判断する解析手法として, ブロックデザインと  $t$  検定によるものが一般的である [3]. fNIRS 時系列データは相対値であるため, 活性化の判断を行う際に目的の活性が起こっていないと過程される fNIRS 時系列データ (以下, レストとする) が必要となる [17], [18]. そのために, 実験デザインは

ブロックデザインが採用されることが多い。fNIRS 時系列データにおけるブロックデザインとは、図 1 のように目的の脳活動が得られるとされるデータ（以下、タスクとする）をレストで挟む実験デザインである。この際に得られたレストの fNIRS 時系列データとタスクの fNIRS 時系列データの有意差の確認を t 検定で行い、有意差があった場合を脳が活性化したとする。

この手法の問題点として、脳の活性化状態を判断するためには必ずレストが必要である点、また、t 検定により脳血流変化量の時間情報が喪失してしまう点があげられる。たとえば、図 1 ではレストの間は安静にしているため、脳血流変化量は上昇や下降は起きないことを前提としているが、実際には脳血流変化量はさまざまな要因により変化するため完全なコントロールはできない。その結果、タスクで脳血流変化量の上昇がみられるにもかかわらず、レストでの変化が大きすぎるため、レストとタスク間で有意差がないと判断される場合がある。

また、同じ脳血流変化量の上昇があったとしても、fNIRS 時系列データの描く波形形状が異なる場合、生理学的な意味は異なると考えられる。しかし、t 検定では時系列的な情報を失うために波形形状を考慮した解析はできない。

## 2.2 fNIRS 時系列データの類似部分を用いた解析手法

レストに頼らず、神経血管カップリングによる脳血流変化量の上昇を時系列でとらえる解析手法が望ましいと考えられる。そこで、複数の CH から得られる fNIRS 時系列データ間の類似部分を見ることにより、脳の活性化部位を検討する手法を提案する。

まず、目視確認や t 検定により観測した複数 CH のデータから神経血管カップリングに沿った脳血流変化量の上昇が確認される CH を探索する。次に、その CH のタスクの fNIRS 時系列データとその他の CH の fNIRS 時系列データとの類似部分を探すことにより、活性化 CH を推定する。

この際、基準となる CH のタスク中の全 fNIRS 時系列データが他方の fNIRS 時系列データの一部と合致するとは

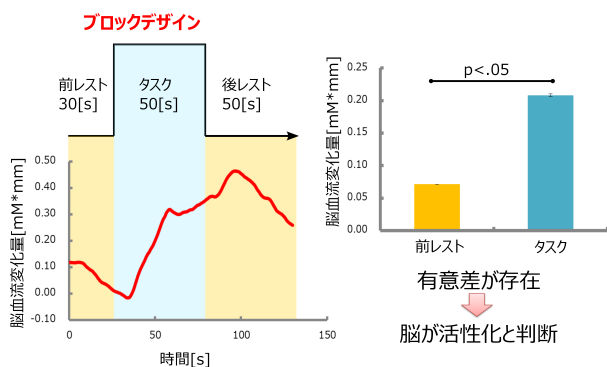


図 1 ブロックデザインと t 検定  
Fig. 1 Block design and t-test.

限らない。そのため、基準 CH と比較する CH 双方で類似“部分”を切り取る必要がある。また、CH 間には類似部分の時間的ズレもあると考えられるため、そのことも考慮しなくてはならない。

ほかにも、fNIRS 時系列データの類似部分として次の 3 つが要求されると考える。

まず第 1 は、時間軸方向の微小な差異を包括し、部分的に時系列データを伸張すると他方の fNIRS 時系列データと類似する場合でも類似部分を抽出することである。同じ脳活性を示している 2 つの fNIRS 時系列データでも、その間に生体特有の時間軸方向の微小な差異が存在すると考えられる。そこで、fNIRS 時系列データから抽出する類似部分は時間伸縮も考慮し、時系列長の異なる類似部分も抽出する必要がある。

また、脳血流変化量は脳活動のみでなく、心拍などのさまざまな要因により変化するため、fNIRS 時系列データには脳活動以外のノイズを表す脳血流変化量を類似部分に含む可能性がある。そこで、第 2 に抽出すべき類似部分は、ノイズを含む場合でも類似部分であると判断するために、内部にある程度の不一致部分も許容する必要がある。

第 3 に基準 CH との類似部分は、脳血流変化量が局所的にさまざまな要因により変化することにより、比較する CH ごとに異なる可能性があることも考えなくてはならない。

## 3. Multiple analogy Parts extracting algorithm

本稿では、図 2 のように 2 つの時系列データに対し時間軸方向の伸縮を考慮し、同様または異なる時系列長の類似部分を抽出する手法、MaPea を提案する。MaPea が抽出する類似部分は fNIRS 時系列データが成す波形形状の類似のみを考慮したものである。これは、fNIRS 時系列データが原理上、相対値しか計測できないことに起因している。

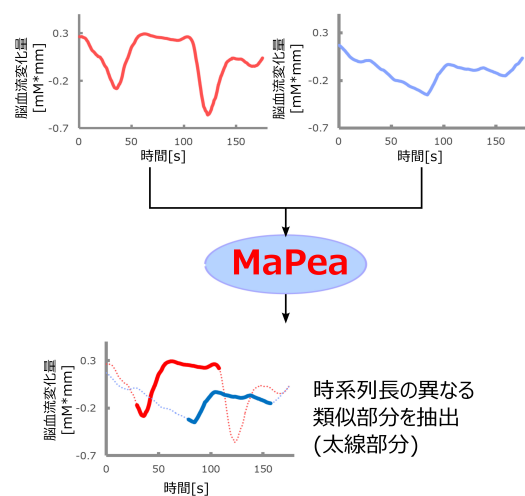


図 2 複数の類似部分抽出アルゴリズム  
Fig. 2 Multiple analogy Parts extracting algorithm.



提案する MaPea には次の 4 つの特徴があげられる。

- 基準 CH と比較する CH ごとに異なる類似部分を複数の CH で抽出可能な点
- 基準 CH, 比較する CH とともに類似“部分”を抽出する点
- fNIRS 時系列データの類似部分の時間軸方向の部分的な伸縮を考慮し、時系列長が異なる類似部分も抽出する点
- 類似部分の中にノイズと仮定される少量の不一致部分があった場合でも類似部分として抽出する点

### 3.1 アルゴリズム

MaPea のアルゴリズムは、大きく 4 つのステップに分かれる。以下に、アルゴリズムを示す。

#### Step 1 fNIRS 時系列データのベクトル化

図 3 のように、fNIRS 時系列データ  $A_n$  (ただし、 $n$  は整数で、最大値は fNIRS 時系列データの保有する時系列長と同じとなる) の  $t$  番目 (ただし、 $t = 1, 2, \dots, n$  とする) のデータ  $A_t = (x_t, y_t)$  の脳血流変化量に対し、その次点である  $A_{t+1} = (x_{t+1}, y_{t+1})$  との差を取り、ベクトル  $\text{vec\_A}_t(x_{t+1} - x_t, y_{t+1} - y_t)$  を求める。これを fNIRS 時系列データのすべての計測された脳血流変化量に対して行い、 $\text{vec\_A}_t$  を列ベクトルとして並べた行列  $\text{Vec\_A}_n = (\text{vec\_x}_n, \text{vec\_y}_n)$  を求める。もう 1 つの fNIRS 時系列データ  $B_m$  (ただし、 $t = 1, 2, \dots, m$  とする) に対して求めたベクトルを列ベクトルとして並べた行列  $\text{Vec\_B}_m = (\text{vec\_p}_m, \text{vec\_q}_m)$  とする。

ベクトル化することにより fNIRS 時系列データを 1 次微分に変換する [10]。類似を評価するステップで fNIRS 時系列データのある 1 点のベクトルを他方の fNIRS 時系列データの持つ行列のすべてのベクトルと比較する。これにより、1 次微分の値が表す脳血流の単位時間変化量、すなわち波形形状のみを類似部分として考慮できる。

#### Step 2 ベクトルの正規化

求めた  $\text{Vec\_A}_n, \text{Vec\_B}_m$  の  $y$  軸方向成分である  $\text{vec\_y}_n, \text{vec\_q}_m$  に対し、正規化を行う。MaPea ではベクトルどうしのなす角を評価するが、 $x$  軸方向成分であ

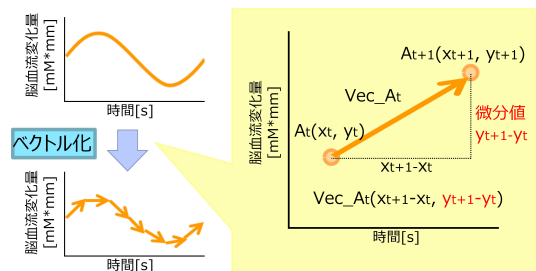


図 3 時系列データのベクトル化  
Fig. 3 Vectorizing time-series data.

る時間と  $y$  軸方向成分である脳血流変化量は独立する単位であり、横軸  $\text{vec\_x}_n, \text{vec\_p}_m$  は“1”に固定する。そのため、波形形状の情報、すなわち 1 次微分値である  $y$  軸方向成分  $\text{vec\_y}_n, \text{vec\_q}_m$  に対し、 $-1 < \text{vec\_y}_n, \text{vec\_q}_m < 1$  の範囲で正規化をする。時間  $t$  秒における  $\text{vec\_y}_t$  の正規化の式は式 (1) のように表される。なお、 $\text{vec\_y}_n, \text{vec\_q}_m$  の最大値を  $\text{max}$ 、最小値を  $\text{min}$  とする。

$$\text{vec\_Y}_t = 2 * \left( \frac{\text{vec\_y}_t - \text{min}}{\text{max} - \text{min}} - \frac{1}{2} \right) \quad (1)$$

同様に  $\text{vec\_q}_m$  に対し、正規化を行った結果を  $\text{vec\_Q}_m$  とする。

#### Step 3 スコアテーブルを用いた評価値の算出

図 4 のようなスコアテーブルと呼ばれる表を使い、表の中のセルの値 (以下、評価値とする) を算出する。正規化された行列  $\text{vec\_Y}_n, \text{vec\_Q}_m$  を図 4 のようにスコアテーブルのセルに時系列順に対応させる。次に、各セルの評価値を算出するためにスコアテーブルの 1 行目と 1 列目に初期値 0 を設定する。1 行目と 1 列目以外の  $i$  行目と  $j$  列目の評価値  $S(i, j)$  はすべて算出する (図 5)。

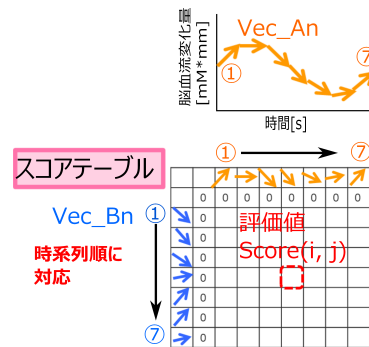


図 4 スコアテーブル  
Fig. 4 Score table.

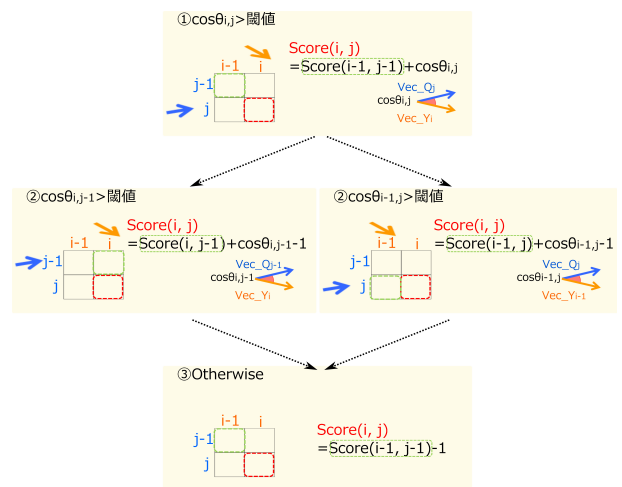


図 5 評価値の算出  
Fig. 5 Evaluation score calculation.



また、MaPea では、使用者があらかじめ閾値  $\alpha$  を決定する必要がある。この  $\alpha$  は、ベクトルどうしがなす角の類似度をどの程度許容するかで設定できるため、直感的に表現することができる。

評価値  $S(i, j)$  は式 (2) に従い算出する。

$$S(i, j) = pre\_score + Similarity \quad (2)$$

以下の評価値の算出方法は Smith Waterman 法 [12] を参考にしている。ただし、 $pre\_score$  は  $S(i, j)$  を計算する 1 つ前の評価値であり、 $S(i, j)$  の手前までの波形がどの程度類似しているかを表す。評価値に手前までの評価値を入れることにより、手前までの時系列データの波形がどの程度類似しているかを考慮することができる。また、 $Similarity$  は  $S(i, j)$  自体が持つベクトルの類似度を表す。この評価値は値が高いほど、時系列データの類似部分がなす波形形状が長く類似している。

以下に  $Similarity$  と  $pre\_score$  を決定するまでの過程を記述する。

●  $Similarity$  の決定

$Similarity$  の類似度はベクトルどうしがなす角で評価する。そのため、 $i$  番目ベクトルの  $y$  軸成分  $vec\_Y_i$  と  $j$  番目ベクトルの  $y$  軸成分  $vec\_Q_j$  のなす角の  $\cos \theta_{i,j}$  をコサイン類似度を用いて算出する。これは時系列長の異なる 2 本の時系列データの類似度を評価する AMSS (Angular Metrics for Shape Similarity) を参考にした [10]。コサイン類似度とはベクトル空間モデルにおいて、文書どうしを比較する際に用いられる類似度計算手法である [19]。コサイン類似度はベクトルどうしのなす角を三角関数の 1 つであるコサインで表現するため、1 に近ければ近い程類似しており、-1 に近ければ類似していない、すなわち、方向の異なるベクトルとなる。 $i$  番目ベクトルの  $(1, vec\_Y_i)$ 、 $j$  番目ベクトルの  $(1, vec\_Q_j)$  のなす角の  $\cos \theta_{i,j}$  を式 (3) に示す。

$$\cos \theta_{i,j} = \frac{1 + vec\_Y_i vec\_Q_j}{\sqrt{vec\_Y_i^2 + 1} \sqrt{vec\_Q_j^2 + 1}} \quad (3)$$

MaPea では式 (4) のように計算するセル自体が持つベクトルと閾値  $\alpha$  の関係によって、 $Similarity$  の値が変化する。

$$Similarity = \begin{cases} \cos \theta_{i,j} & (\text{if } \cos \theta_{i,j} > \alpha) \\ \max \begin{cases} \cos \theta_{i-1,j} - 1 \\ \cos \theta_{i,j-1} - 1 \end{cases} & (\text{else if } \cos \theta_{i-1,j} > \alpha \text{ or } \cos \theta_{i,j-1} > \alpha) \\ -1 & (\text{else}) \end{cases} \quad (4)$$

まず第 1 に、計算するセル自身が持つ  $i$  番目ベクトルの  $y$  軸成分と  $vec\_Y_i$ 、 $j$  番目ベクトルの  $y$  軸成分  $vec\_Q_j$  のコサイン類似度を算出する。この際のコサイン類似度が  $\alpha$  以上の場合、そのコサイン類似度が  $Similarity$  となる。

上記のようにコサイン類似度が  $\alpha$  以下の場合、次に時間伸縮を考える。たとえば  $i$  番目のベクトルと  $j-1$  番目のベクトルのコサイン類似度が  $\alpha$  以上であった場合、 $j-1$  番目のベクトルを 1 つ伸ばせば  $i$  番目のベクトルと類似するため、時間伸縮があったと考える。しかし、時間伸縮があった場合は  $Similarity$  としてそのままコサイン類似度を足すのではなく、ペナルティ、すなわち負数で表現したいため、コサイン類似度から -1 を引く。この場合、コサイン類似度が高い程、ペナルティは小さくなる。また、 $i-1$  番目のベクトルと  $j$  番目のベクトルも同様に考える。もし  $i$  番目のベクトルと  $j-1$  番目のベクトル、 $i-1$  番目のベクトルと  $j$  番目のベクトル両方のコサイン類似度が  $\alpha$  より高い場合は、2 つを比較し、値の高かった方を採用する。

最後に時間伸縮を考慮しても類似していない場合、すなわち、どのコサイン類似度も  $\alpha$  を下回った場合は、 $Similarity$  として “-1” を採用する。これにより、時間伸縮する際よりも大きなペナルティとして表現できる。

●  $pre\_score$  の決定

$Similarity$  の決定方法と同様に、式 (5) 計算するセル自体が持つベクトルと閾値  $\alpha$  の関係によって、 $pre\_score$  の値が変化する。また、その決定方法は  $Similarity$  の算出で採用されたコサイン類似度を算出するベクトルが各セルによって異なるため、 $Similarity$  に依存する。

$$pre\_score = \begin{cases} Score_{i-1,j-1} & (\text{if } Similarity = \cos \theta_{i,j}) \\ Score_{i-1,j} & (\text{if } Similarity = \cos \theta_{i-1,j-1}) \\ Score_{i,j-1} & (\text{if } Similarity = \cos \theta_{i,j-1-1}) \\ Score_{i-1,j-1} & (\text{if } Similarity = -1) \end{cases} \quad (5)$$

そのセル自体が持つ  $i$  番目ベクトルの  $y$  軸成分と  $vec\_Y_i$ 、 $j$  番目ベクトルの  $y$  軸成分  $vec\_Q_j$  のコサイン類似度を採用した場合、手前までの評価値は  $Score_{i-1,j-1}$  となる。それ以外で、時間伸縮が起こった場合は、それを考慮するため、手前までの評価値が  $Score_{i-1,j}$  か  $Score_{i,j-1}$  を  $pre\_score$  として採用する。時間伸縮も考慮できない、類似していないと

判断できる場合は、 $Score_{i-1,j-1}$  が手前の評価値となる。

最後に  $S(i,j)$  が負数であった場合は、 $S(i,j)$  の値を“0”にする。これにより、類似していない値が続いたとき、初期値である“0”に評価値がなり、これを目印に次のステップで類似“部分”の抽出が可能となる。

以上に従い、スコアテーブルのすべてのセルの評価値  $S(i,j)$  を算出する。

#### Step 4 トレースバック

すべてのセルにおいて評価値  $S(i,j)$  を計算した後、トレースバックを行う。トレースバックとは、評価値の最大値から式 (5) における手前の評価値である  $pre\_score$  をたどり、 $pre\_score$  が“0”になるまでこれを繰り返す作業のことである。この際に  $pre\_score$  がたどるセルに対応するベクトルが成す波形が fNIRS 時系列データの類似部分となる。

### 4. MaPea による類似部分の検討

MaPea の fNIRS 時系列データへの類似部分の特性を検討するために fNIRS 時系列データに対し、閾値と不一致の関係、類似部分の時間伸縮の関係を検討した。本実験では、安静状態を保ちながらレスト時間 30 [s]、Go/Nogo 課題を行うタスク時間 120 [s]、前のレストと同様に安静状態でレスト 30 [s] の計 180 [s] の実験を行った際の左側頭部 24CH の脳血流変化量を使用した。なお、fNIRS 装置として ETG-7100 (日立メディコ製、日本) を使用した。ETG-7100 のサンプリング周波数は 10 [Hz] であり、MaPea のベクトル化する際のサンプリングも同様の 10 [Hz] に設定した。これは、計測された脳血流変化量が 0.1 [s] 以下の変化をとらえられておらず、0.1 [s] 以下の変化は検討できないことに起因する。

fNIRS 時系列データを全組み合わせ 276 通りで MaPea により類似部分を抽出し、以下のことを検討した。第 1 に閾値と時系列長、不一致部分の個数を検討し、閾値と類似部分の関係性を検討した。なお、ここで言及する“不一致”とは、各時系列データから取り出した 2 つのベクトルの類似を判断する際、閾値  $\alpha$  以上のため似ていないと判断されたベクトルどうしのことを指す。抽出された類似部分を含む不一致と判断されたベクトルどうしの個数を調査した。この際の閾値は  $\cos 10^\circ$ 、 $15^\circ$ 、 $20^\circ$  を使用した (以下  $\cos 10^\circ$  を  $\cos 10$ 、 $\cos 15^\circ$  を  $\cos 15$ 、 $\cos 20^\circ$  を  $\cos 20$  とする)。次に類似部分と時間伸縮について検討を行った。

#### 4.1 実験結果

閾値と MaPea により抽出された類似部分の時間長の平均を図 6 に示す。閾値が大きければ大きいほど、類似部分の時間長が長くなることが確認できた。

閾値と MaPea により抽出された類似部分の不一致部分

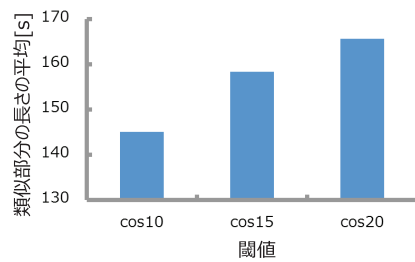


図 6 閾値と長さの実験結果

Fig. 6 A result of threshold and time-series length.

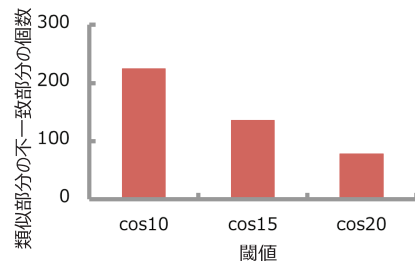


図 7 閾値と不一致部分の個数の実験結果

Fig. 7 A result of threshold and The number of unmatched sample.

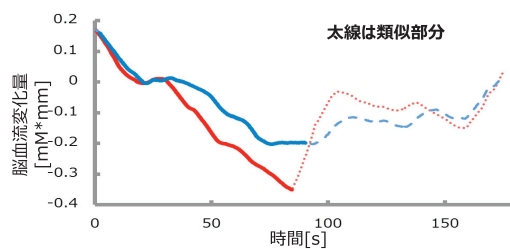


図 8 最も時間伸縮をした fNIRS 時系列データの類似部分

Fig. 8 fNIRS time-series data with max expansion.

の個数の平均を図 7 に示す。閾値が大きければ大きいほど、類似部分の不一致部分の個数は小さくなる。

また、全 276 通りの類似部分で、最も時間伸縮があった fNIRS 時系列データと類似部分を図 8 に示した。この類似部分では 4.0 [s] の時間伸縮を確認できた。

#### 4.2 考察

第 1 に閾値と MaPea による類似部分の時間長、不一致の個数の検討を行った。閾値が大きくなるにつれて、類似部分の長さは長くなるが、不一致の個数が少なくなることが確認できた。しかし、 $\cos 20$  が閾値の場合、全 267 通りの類似部分の長さは 165.8 [s] と全時系列長に近い長さの類似部分を判定していた。逆に  $\cos 10$  では不一致部分の個数の平均が長さの平均 145.1 [s] 中、224 個 (時間に直すと 22.4 [s]) も存在した。閾値により MaPea の類似部分の時間長と不一致部分はトレードオフ関係にあると考えられる。今後はそのことをふまえて検討していく必要があるが、以降の実験では今回は中間の値である閾値  $\cos 15$  を設定した。

次に MaPea による類似部分の時間伸縮を検討した。結

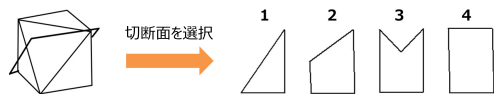


図 9 切断面実形視テスト  
Fig. 9 Mental cutting test.

果, 全 276 通りの類似部分で最大 4.0 [s] の時間伸縮が確認された. これは, 脳血流変化に神経活動の差異が現れるまで約 0.5 [s] かかることから考えても, 生体の微小な差異を考慮した範囲であると考えられる. 時間伸縮を考慮する必要性は生体が持つ類似部分の微小な差異に起因する. よって, DTW のように時間伸縮を大きく許容するようなアルゴリズムでは過剰に時間伸縮を許してしまう. しかし, MaPea では, スコアの計算中やトレースバック中に時間伸縮を許容しない場合を優先可能のように条件分岐を設けたため, 最大で 4.0 [s] の微小な差異の時間伸縮のみを許容できたと考えられる.

### 5. fNIRS 時系列データでの有効性の検討

MaPea の fNIRS 時系列データへの有効性を検討するために, 実験で得られた fNIRS 時系列データに対し, MaPea による類似部分を用いた解析手法と t 検定を用いた従来の解析手法で活性化 CH の判定を行った. その結果, 両解析手法で活性化と判定された CH, 双方不活性化と判断された CH, MaPea のみ活性化と判定された CH, t 検定のみ活性化と判断された CH の 4 群に fNIRS 時系列データを分類し, 比較を行った. 本実験では, fNIRS 装置を用いて研究されている課題である切断面実形視テスト実施時の fNIRS 時系列データの類似部分を用いて脳機能を検討した. 以上より, MaPea を用いた解析手法の有効性を検討することを目的とした.

本実験では, fNIRS 装置として ETG-7100 を使用し, 被験者 2 名に安静状態 30 [s], 切断面実形視テスト 50 [s], 安静状態 50 [s] の実験を行った. その際の左側頭部 24CH の fNIRS 時系列データを用い, 検討を行った.

切断面実形視テスト (Mental Cutting Test : MCT) は図 9 のように提示された立体の見取り図と切断面に対し, その断面の実形図を複数の選択肢から選ばせる課題である. 切断面実形視テストでは脳での高度な視覚情報の処理が必要であると考えられる. 視覚情報の高度な処理には背側視覚経路と腹側視覚経路が必要である [20]. 腹側視覚経路は形や色の情報を処理する what 経路, 背側視覚経路は空間や動きの情報を処理する where 経路と呼ばれている. 本実験では, 切断面の図を選択するため, 形の情報を処理する腹側視覚経路の活性化が期待される.

#### 5.1 解析手法

t 検定を用いた従来の解析手法と類似部分を用いた解析

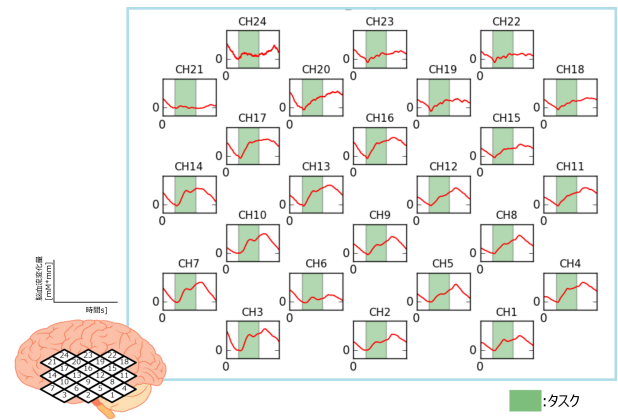


図 10 取得した fNIRS 時系列データ  
Fig. 10 fNIRS time-series data.

手法の詳細を以下に述べる.

##### 5.1.1 t 検定を用いた従来の解析手法

まず, 1 つの CH につき, 前レストの fNIRS 時系列データ 300 個とタスクの fNIRS 時系列データ 500 個を 1 秒ごとにリサンプリングし, レスト 30 個, タスク 50 個のデータとした. なお, 神経活動が起こってから脳血流変化量の増加が始まるまで約 0.5 [s] 以内とされており [3], 1 秒ごとにリサンプリングすることによりデータを離散値としてとらえ, レストとタスクで独立していると仮定する. その後, 同じ CH 内のレスト区間とタスク区間のデータで F 検定を行い, 等分散性を検定した. t 検定では, F 検定の結果を考慮し, 等分散の t 検定, 不等分散の t 検定を有意水準 5 [%] で行い, 有意差があった CH を活性化とした.

##### 5.1.2 類似部分を用いた解析手法

今回実験で得られた被験者 A の fNIRS 時系列データを図 10 に示す.

本実験では, 期待される脳活動領域 (本実験における腹側視覚経路) において実際に計測されたデータには神経血管カップリングによると考えられる脳血流変化量の増加傾向が確認された. そこで, タスク期間中の全体的な増加傾向を定量的に調査するために, 各 CH のタスク期間中の fNIRS 時系列データで最小二乗法を行い, タスク期間中の近似直線の傾きを算出した. 本実験ではその傾きが 0.007 [mM\*mm/s] の CH のタスク期間中の fNIRS 時系列データの各サンプリング点で脳血流変化量を平均し, 活性化基準波形を作成した. 本実験では, 神経血管カップリングに基づいた大きな増加傾向がタスク期間中に確認されたが, 他の fNIRS 時系列データ解析においては多様な脳活動を反映した非線形かつ複雑な波形であるため, 活性化基準波形の作成は今後検討していかなければならない. 作成した活性化基準波形を図 11 (被験者 A), 図 12 (被験者 B) に示す.

活性化基準波形と観測された 24CH 分の fNIRS 時系列データとの類似部分を MaPea で抽出した. なお, 脳活動



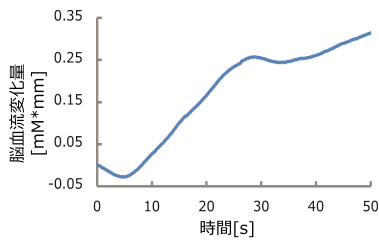


図 11 被験者 A の活性化基準波形  
Fig. 11 Subject A's model of brain action.

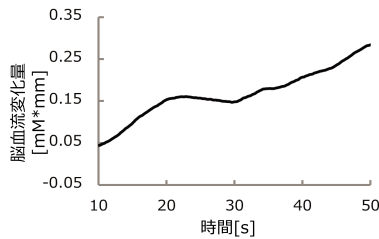


図 12 被験者 B の活性化基準波形  
Fig. 12 Subject B's model of brain action.

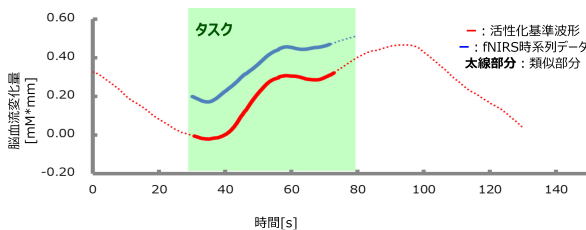


図 13 抽出された類似部分の一例  
Fig. 13 An example of similar parts.

は非常に複雑であり、タスク中に課題により脳の活性化のみが現れるとは考えにくい。そのため、活性化基準波形も類似“部分”を抽出する必要がある。よって、fNIRS 時系列データから抽出された類似部分が目的の脳活動が発生していると考えられるタスク中の 75 [%] の fNIRS 時系列データ部分と一致している CH を活性化 CH とした。

### 5.2 実験結果

MaPea により、抽出された活性化基準波形と fNIRS 時系列データの類似部分の被験者 A の fNIRS 時系列データの一部を 図 13 に示す。

この CH では、活性化基準波形と fNIRS 時系列データの類似部分の開始時間が 0.1 [s] と異なった。また、類似部分は活性化基準波形の方が時系列長が 0.7 [s] 小さく、時間軸方向の伸縮があったことも確認できた。図 13 よりタスク中の 84.2 [%] に fNIRS 時系列データの類似部分が存在していた。このことにより、MaPea ではこの CH を活性化 CH と推定する。

次に被験者 A で、活性化判断ごとの fNIRS 時系列データ波形は同様の傾向を示したため、各判断ごとに fNIRS 時系列データを平均した (図 14)。ただし、図 14 の活性、

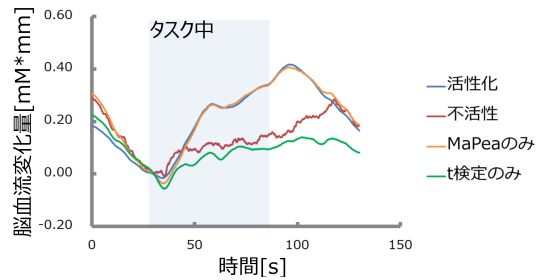


図 14 被験者 A の fNIRS 時系列データの解析結果  
Fig. 14 A result using each analysis (Subject A).

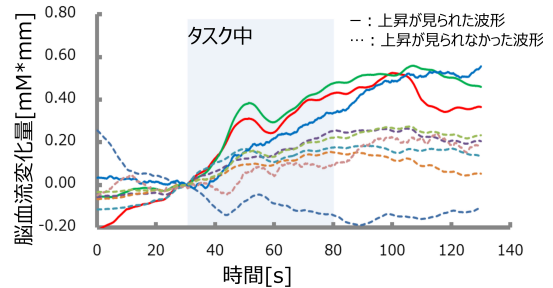


図 15 t 検定のみで活性化と判断された fNIRS 時系列データ  
Fig. 15 Time-series data decided active CH by only t-test.

不活性は t 検定と MaPea 双方が同じ判断を下した CH の fNIRS 時系列データの平均を表す。図 14 により、MaPea, t 検定両方で活性化と判断された fNIRS 時系列データではタスク中の脳血流変化量の上昇が見られた。しかし、双方不活性と判断された、また、t 検定のみ活性化と判断された fNIRS 時系列データでは、タスク中の脳血流の上昇が見られなかった。

次に被験者 B でも同様の検討を行ったが、t 検定のみ活性化と判断された fNIRS 時系列データでは、被験者 A と異なる傾向が見られた。その結果を図 15 に示す。図 15 からほとんどの波形が被験者 A と同様の傾向を占めていたことが分かったが、3 本の fNIRS 時系列データに脳血流変化量の上昇が見られた。全体の大きな増加傾向をとらえるために、活性化基準波形の作成時に使用した近似直線の傾きを検討したところ、増加傾向が見られた 3 本の fNIRS 時系列データは平均 0.005 [mM\*mm]、その他は平均 0.002 [mM\*mm] の値であった。しかし、3 つの fNIRS 時系列データに、活性化基準波形と比較し 50 [s] 付近に大きな血流変化が見られるか、まったくそのような変化が見られないかの 2 つに分かれたことが分かった。

t 検定のみ活性化と判断された fNIRS 時系列データで脳血流変化量の上昇が見られたデータを除き、双方で活性化、MaPea のみ活性化、t 検定のみ活性化、双方で不活性と判定された fNIRS 時系列データの各々の平均波形を図 16 に示す。

### 5.3 考察

本実験では、実際に fNIRS 装置を使用し研究されている

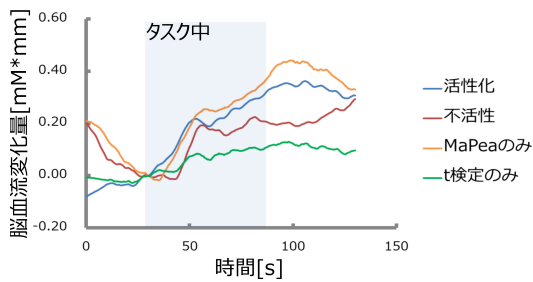


図 16 被験者 B の fNIRS 時系列データの解析結果

Fig. 16 A result using each analysis (Subject B).

切断面実形視テストを用いて、MaPea による解析手法と t 検定による解析手法で fNIRS 時系列データの活性化を判断し、その結果を比較した。

被験者 A では、図 13 より fNIRS 時系列データと活性化基準波形の類似部分の時系列長が異なっている場合でも、類似部分が抽出できることが確認された。図 14 より、双方の解析手法で活性化と判断された腹側視覚経路付近の fNIRS 時系列データにはタスク中の脳血流変化量の上昇が確認できた。また、不活性化と判断された CH ではタスク中の脳血流変化量の上昇を確認できなかった。よって、被験者 A のタスク中の脳血流変化量は神経血管カップリングによる上昇と考えられる。次に MaPea のみ、t 検定のみの活性化と判定された fNIRS 時系列データを比較した。t 検定のみで活性化した CH の fNIRS 時系列は、図 14 のようにタスク中に脳血流変化量の上昇が見られなかった。また、逆に MaPea のみで活性化と判断された CH では、脳血流変化量の上昇が見られた。よって、神経血管カップリングの理論に沿った活性化部位の抽出に関して、MaPea による解析は脳血流変化量の上昇があるにもかかわらず t 検定で活性化と判断されなかった fNIRS 時系列データにも有効な可能性が示唆された。t 検定において、理論に沿った解析ができなかった要因には、レスト時の脳血流変化量がタスク中と比較し、大きく見られ有意差が検出できなかったためと考えられる。

被験者 B では、fNIRS 時系列データがおおよそ被験者 A と同じ傾向が得られた。しかし、図 15 より MaPea で検出できず、t 検定でのみ抽出できた波形に増加傾向が見られる波形を 3 つ検出した。このように増加傾向が見られるにもかかわらず、MaPea で活性化と判断できなかった可能性として活性化基準波形の問題点が考えられる。本実験では、1 つの活性化基準波形を使用し、類似部分を抽出したが、実際には脳機能ごとに活性化した際のパターンが異なると考えられ、広範囲の脳血流変化量において 1 つの活性化基準波形のみではすべてを包括した活性化 CH の検出は困難であると考えられる。そこで、今後は MaPea の類似部分を用いての fNIRS 時系列データの分類を行い、活性化基準波形を作成していくなど活性化基準波形の作成が課題となる。また、それに際して、適切な活性化基準波形を

MaPea に適用しなければならないことも分かった。t 検定のみで増加傾向が見られた 3 つの fNIRS 時系列データを除いた各解析結果は被験者 A と同様の傾向が見られた。

被験者 A と被験者 B において MaPea では、レストの脳血流変化量の変動が大きいと、t 検定で活性化と判断されなかった fNIRS 時系列データに対しても適切な活性化基準波形を MaPea に適応すれば、活性化 CH と判断できると考えられる。以上より、MaPea による類似部分を用いた解析手法が fNIRS 装置を用いたデータ処理に有効である可能性が示唆された。

## 6. 結論

本稿では、時系列データからの類似部分自動抽出法として Multiple analogy Parts extracting algorithm を提案した。MaPea では fNIRS 時系列データの解析に必要な、複数の CH で類似部分を抽出できること、基準 CH と比較する CH とともに類似している“部分”を抽出できること、時系列長が異なる類似部分も抽出可能なこと、ノイズと仮定される少量の不一致部分があった場合でも類似部分抽出できることの 4 つの特徴を有する。MaPea ではアルゴリズム上の特徴として fNIRS 時系列データをベクトル化することにより、fNIRS 時系列データが相対値であることを考慮、類似部分を波形の形のみとしてとらえる点がある。また、Smith Waterman 法の概念を用いて、ベクトル化した 2 つの fNIRS 時系列データを比較したことにより、時系列長の異なる類似“部分”を抽出することも可能した。

MaPea による類似部分の特性を見るために、実験を行った。MaPea の閾値と類似部分の長さ、不一致部分の個数はトレードオフ関係にあると考えられ、今後最適な閾値の検討が必要である。また、時間伸縮に関しては生体の微小な差異で考慮できる範囲で伸縮が行われていると考えられる。これは時間伸縮を大きく許容するため、過剰に時間伸縮を行ってしまう DTW とは異なる。

また、実際に観測された fNIRS 時系列データに対しての MaPea の類似部分による解析手法の有効性を検討するための実験を行った。この実験では、切断面実形視テストを用い、物体の形の情報を処理する腹側視覚経路の活性化を検討した。t 検定を用いた解析手法では、安静状態時の脳血流変化の影響により脳血流変化量の上昇が見られない fNIRS 時系列データでも活性化を示していた。MaPea による解析手法では、t 検定では活性化と判断できなかったが脳血流変化量が上昇している腹側視覚経路付近の fNIRS 時系列データで活性化と判定できていることが確認できた。しかし、活性化基準波形を今後検討していく必要がある。

以上より、提案手法が新たな fNIRS 時系列データの解析手法として有効である可能性が示唆された。

参考文献

- [1] Bunce, S.C., Izzetoglu, M., Izzetoglu, K., Onaral, B. and Pourrezaei, K.: Functional near-infrared spectroscopy, *Engineering in Medicine and Biology Magazine*, Vol.25, No.4, pp.52-62 (2006).
- [2] Ferrari, M. and Quaresima, V.: A brief review on the history of human functional near-infrared spectroscopy (fNIRS) development and fields of application, *NeuroImage*, Vol.63, No.2, p.921 (2012).
- [3] 酒谷 薫, 岡田英史, 星 詳子, 宮井一郎, 渡辺英寿: NIRS-基礎と臨床-, 新興医学出版社 (2012).
- [4] Kuwabara, H., Kasai, K., Takizawa, R., Kawakubo, Y., Yamasue, H., Rogers, M.A., Ishijima, M., Watanabe, K. and Kato, N.: Decreased prefrontal activation during letter fluency task in adults with pervasive developmental disorders: A near-infrared spectroscopy study, *Behavioural Brain Research*, Vol.172, No.2, pp.272-277 (2006).
- [5] Bartocci, M., Winberg, J., Ruggiero, C., Bergqvist, L.L., Serra, G. and Lagercrantz, H.: Activation of Olfactory Cortex in Newborn Infants After Odor Stimulation: A Functional Near-Infrared Spectroscopy Study, *PEDIATRIC RESEARCH*, Vol.48, No.1, pp.18-23 (2000).
- [6] 下 茂円, 菅生恵子, 揚原祥子, 杉田克生, 石井琢郎, 岩坂正和: NIRS 計測による脳血流パターンを指標とした音楽のリラクゼーション効果の評価, 千葉大学教育学部研究紀要, Vol.56, pp.343-348 (2008).
- [7] 森本章範, 河合正登志, 奥野裕樹, 柳田益造: NIRS 信号に対する類似波形選択と特徴点整合を前処理とした独立成分分析, *Technical report of IEICE. EA*, Vol.89, pp.41-46 (2011).
- [8] Bemd, D.J. and Lifford, J.: Using Dynamic Time Warping to Find Patterns in Time Series, *Knowledge Discovery and Data Mining*, pp.359-370 (1994).
- [9] Keogh, E. and Ratanamahatana, C.A.: Exact indexing of dynamic time warping, *Proc. 28th International Conference on Very Large Data Bases*, pp.406-417 (2002).
- [10] 中村哲也, 瀧 敬士, 野宮浩揮, 上原邦昭: AMSS: 時系列データの効率的な類似度測定手法, 電子情報通信学会論文誌, Vol.J91-D, No.11, pp.2579-2588 (2008).
- [11] Roth, R.S.: *The Bellman Continuum: A Collection of the Works of Richard E. Bellman*, World Scientific (1986).
- [12] Smith, T.F. and Waterman, M.S.: Identification of common molecular subsequences, *J. Mol. Biol.*, Vol.147, pp.195-197 (1981).
- [13] Roy, C.S. and Sherrington, C.S.: On the Regulation of the Blood-supply of the Brain, *J Physiol*, Vol.11, pp.85-158 (1890).
- [14] Mosso, A.: Sulla circolazione del sangue nel cervello dell'uomo, *Mem Real Acc Lincei*, Vol.5, pp.237-358 (1880).
- [15] Fox, P.T. and Raichle, M.E.: Focal physiological uncoupling of cerebral blood flow and oxidative metabolism during somatosensory stimulation in human subjects, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, Vol.83, No.4, pp.1140-1144 (1986).
- [16] Fox, P.T., Raichle, M.E., Mintun, M.A. and Dence, C.: Nonoxidative glucose consumption during focal physiologic neural activity, *Science*, Vol.241, No.4864, pp.462-464 (1988).
- [17] Owen-Reece, H., Smith, M., Elwell, C.E. and Goldstone, J.C.: Near infrared spectroscopy, *British Journal of Anaesthesia*, Vol.82, No.3, pp.418-426 (1999).
- [18] Villringer, A. and Chance, B.: Non-invasive optical spectroscopy and imaging of human brain function, *TINS*, Vol.10, No.20, pp.435-442 (1997).
- [19] Tan, P.-N., Steinbach, M. and Kumar, V.: *Introduction to Data Mining*, Addison-Wesley (2005).
- [20] 田中宏喜, 藤田一郎: 物体形状の視覚情報処理, 細胞工学, Vol.17, No.6, pp.969-979 (2008).



廣安 知之 (フェロー)

2008年, 同志社大学生命医科学部教授。医療情報処理, 進化的計算, 最適設計, 並列処理, 設計工学等の研究に従事。IEEE, 電子情報通信学会, 人工知能学会, 進化計算学会, 日本機械学会各会員。



福島 亜梨花

2012年同志社大学生命医科学部卒業。同年同志社大学大学院生命医科学研究科入学。



山本 詩子

2008年京都大学工学部電気電子工学科卒業。2011~2012年独立行政法人日本学術振興会特別研究員 DC2。2013年京都大学大学院工学研究科電気工学専攻博士後期課程修了(工学博士)。2013年4月より同志社大学生命医科学部医情報学科助教。電子情報通信学会, 日本磁気共鳴医学会, 日本生体医工学会, SfN 各会員。



横内 久猛

(株)日立製作所, (株)日立メディコを経て2008年同志社大学生命医科学部教授。2013年同志社大学研究開発推進機構嘱託研究員。日本生体医工学会, 日本医用画像工学会, 映像情報メディア学会, 日本ヒト脳機能マッピング学会各会員(工博)。