

誘発脳波の解析

1-3) 波形同士の引き算を行う

収録時に作成された加算データ、もしくは再加算データの2波形の差(サブストラクション)を算出します。波形同士の引き算を行うことによって、2つの試行や部位、または別の被験者との違いをわかりやすく表示します。

この操作によって、ミスマッチ陰性電位 (Mismatch negativity[MMN])などの潜時や電位を算出することができます。

< 操作の流れ >

- 加算波形を2つ表示する。
- 波形上の縦軸値が反転していないかどうか確かめる。
- 2波形の差を算出する。

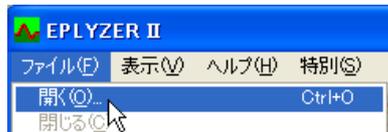
注: 波形同士の引き算を行う条件

下記の3条件をすべて満たしている波形同士で、引き算を行うことができます。

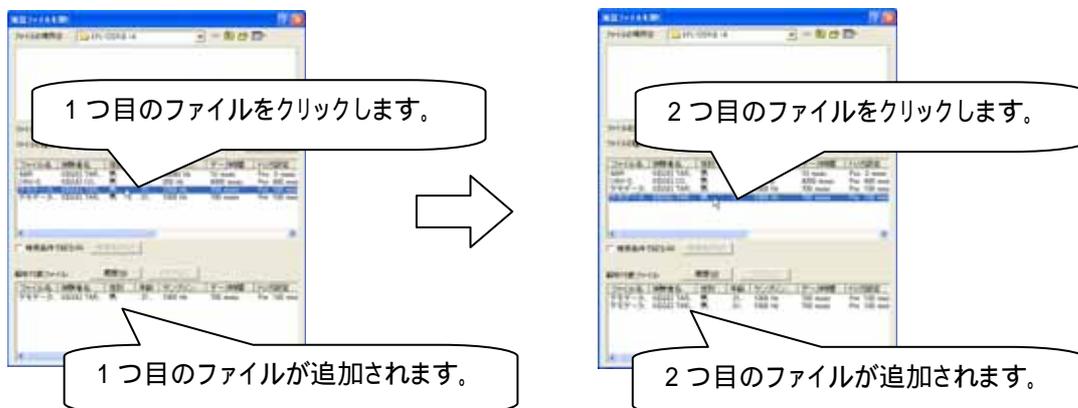
- 1. サンプル周波数が同じであること
- 2. データ時間が同じであること
- 3. トリガ種類と、トリガからの抽出時間が同じであること

加算波形を2つ表示する。

「ファイル」メニューの「開く」を選択します。



比較する2ファイルをクリックします。



注: 引き算できる波形の確認方法

「ファイル」メニューの「開く」ダイアログで、加算データのサンプリング周波数、データ時間とトリガ設定を確認することができます。

ここで表示される 3 項目 (サンプリング周波数・データ時間・トリガ設定) がすべて同じである波形同士で引き算を行うことができます。

ファイル名	被験者	性別	年	サンプリング周波数	データ時間	トリガ設定
デモデータ...	KISSE...	男	31...	1000 Hz	700 msec	Pre 100 msec
CNV-S	KISSE...	男	20...	250 Hz	4000 msec	Pre 400 msec
デモデータ...	KISSE...	男	31...	1000 Hz	700 msec	Pre 100 msec
ABR	KISSE...	男	31...	50000 Hz	10 msec	Pos 0 msec

この 3 項目がすべて同じである必要があります。

データが大量に管理されている場合は、「検索条件」ボタンを押すことで、表示されるデータを絞ることができます。

検索条件にチェックをつけ、「検索条件」ボタンを押します。

「検索条件を絞る」チェックをつけ、検索条件ボタンを押します。

検索条件を設定し、OK ボタンを押します。

先頭にチェックをつけ、条件を入力します。

条件に合致するデータのみが表示されます。

ファイル名	被験者	性別	年	サンプリング周波数	データ時間	トリガ設定
デモデータ...	KISSE...	男	31...	1000 Hz	700 msec	Pre 100 msec
デモデータ...	KISSE...	男	31...	1000 Hz	700 msec	Pre 100 msec

条件を絞らず全てのデータを表示するには、「検索条件で絞る」チェックをはずします。

「検索条件で絞る」チェックをはずします。

波形上の縦軸値が反転していないかどうか確かめる。

加算波形が上下反転、極性反転していないかどうか確かめます。

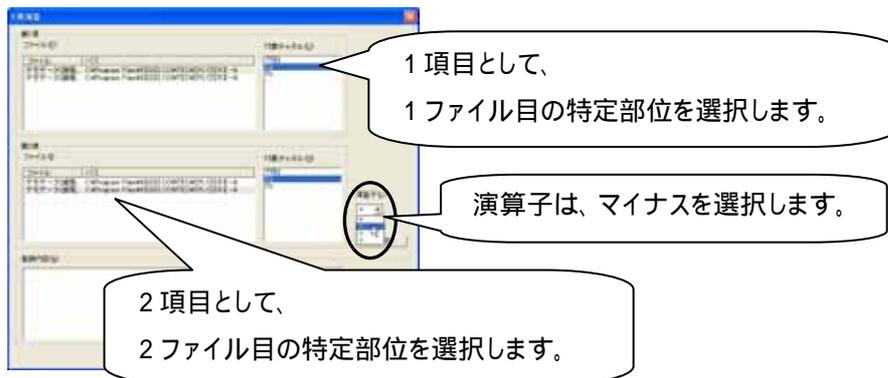
詳しくは、3章 操作のワンポイント「2)波形の縦軸が逆転したデータを、正常に表示するには」を御覧ください。

2 波形の差を算出する。

「加工」メニューの「二項演算」を選択します。

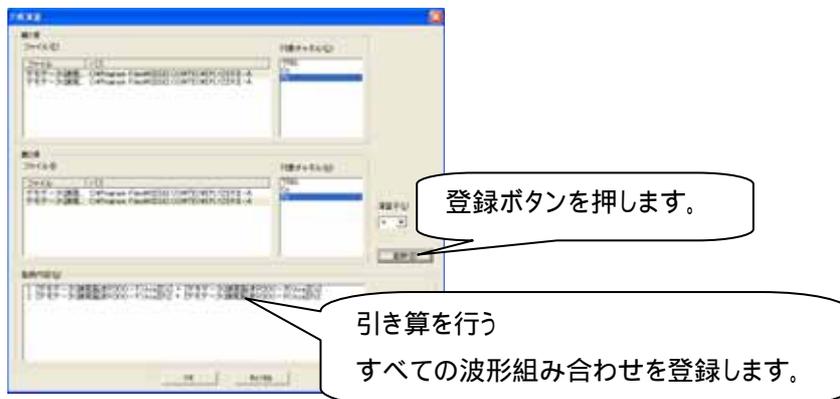


「二項演算」ダイアログ上で、引き算する2波形を選択します。

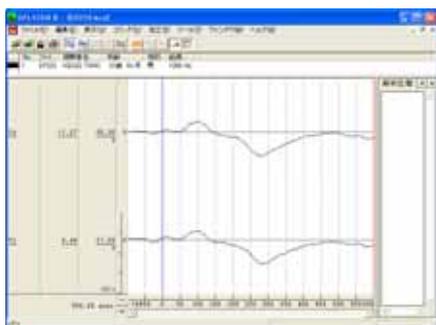


「二項演算」ダイアログ上で、「登録」ボタンを押します。

続けて別部位の2波形を選択し「登録」ボタンを押すことで、引き算を行うすべての波形を選択します。



波形同士の引き算の結果が表示されます。

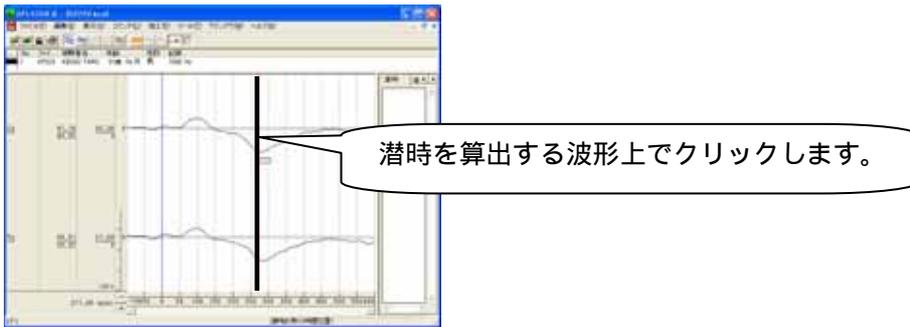


EPLYZER II-A を使用した解析手順

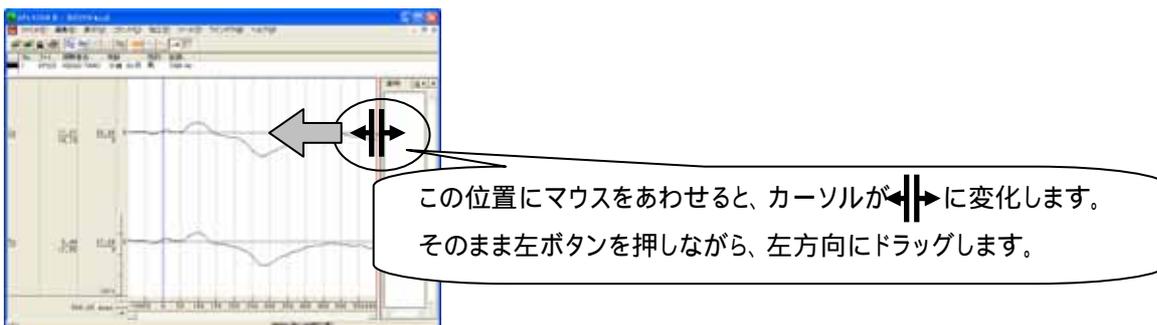
この後で、潜時や振幅差を計測する場合は、「コマンド」メニューの「潜時・振幅差計測」から「0 時間位置とカーソル区間」を選択します。



潜時を算出したい波形上にマウスを合わせて、クリックします。



タブ領域を拡大します。



潜時タブをクリックして、算出した潜時と電位を表示します。

