

誘発脳波の解析

1-4) グランドアベレージを行う

収録時に作成された加算データ、もしくは再加算データについて、複数ファイル分の加算平均をします。

グランドアベレージを行うことによって、2 回以上に分けて収録した同じ試行のデータを1つの加算データにまとめることができます。

< 操作の流れ >

「ファイル」メニューの「グランドアベレージ処理」を選択する。

グランドアベレージする加算ファイルを選択する。

グランドアベレージ結果を保存する。

注: グランドアベレージを行う条件

下記の 3 条件をすべて満たしている波形同士で、グランドアベレージを行うことができます。

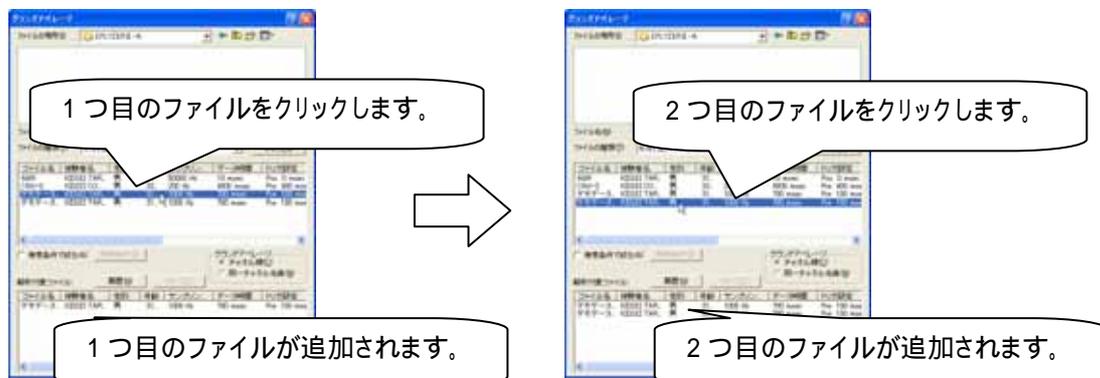
1. サンプル周波数が同じであること
2. データ時間が同じであること
3. トリガ種類と、トリガからの抽出時間が同じであること

「ファイル」メニューの「グランドアベレージ処理」を選択する。



グランドアベレージする加算ファイルを選択する。

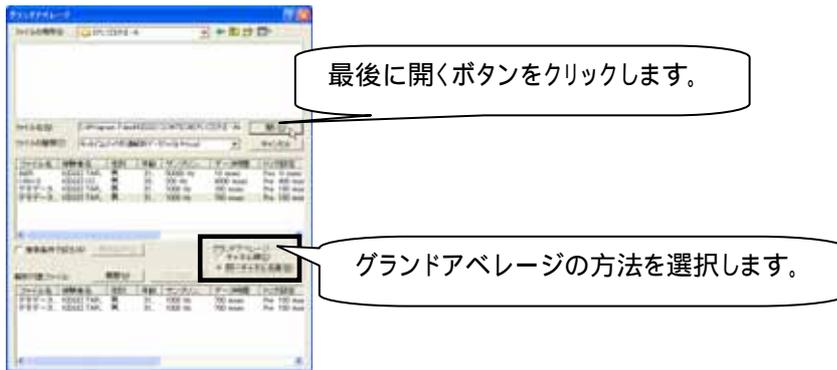
グランドアベレージするファイルを選択します。



EPLYZERII-A を使用した解析手順

同様にして、すべてのファイルをクリックし選択します。

グラントアベレージをチャンネル番号順に行うか、同名チャンネル毎に行うかを選択し、開くボタンを押します。



注: グラントアベレージできる波形の確認方法

「ファイル」メニューの「グラントアベレージ処理」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グラントアベレージを行うことができます。

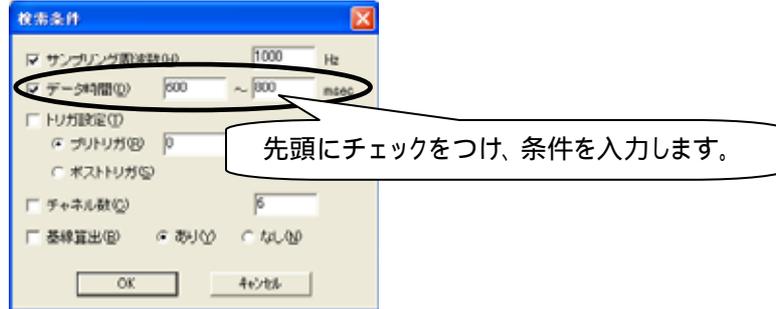


データが大量に管理されている場合は、「検索条件」ボタンを押すことで、表示されるデータを絞ることができます。

検索条件にチェックをつけ、「検索条件」ボタンを押します。



検索条件を設定し、OK ボタンを押します。



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	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

検索条件で絞る(A)

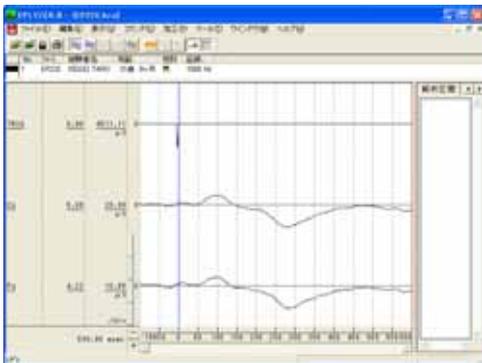
条件を絞らず全てのデータを表示するには、「検索条件で絞る」チェックをはずします。

ファイル名	被験	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-5	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

検索条件で絞る(A)

「検索条件で絞る」チェックをはずします。

グラントアベレージの結果が表示されます。



作成したデータについて潜時や振幅差を算出することができます。詳しくは、「4 章 解析手順 1-2)加算データを解析する」を御覧ください。

注: グラントアベレージについて

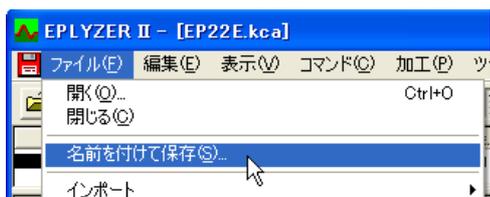
「グラントアベレージ処理」では、母集団の重さについて考慮しません。

例: 3つのファイルについて、グラントアベレージを行う場合
 (加算ファイルAのデータ + 加算ファイルBのデータ + 加算ファイルCのデータ) ÷ 3を行い、
 波形を描画します。

EPLYZERII-A を使用した解析手順

グラントアベレージ結果を保存する。

「ファイル」メニューの「名前をつけて保存」を選択します。



保存先を入力し、グラントアベレージデータを保存します。

