

# N I R S データ解析プログラム ヘルプ

本プログラムで利用できるのは、弊社N I R S測定器H b 1 3 - n、H b 1 3 1、1 3 2、1 3 3  
及び1 3 4で測定されたc s vファイル及び、本プログラムが出力したc s vファイルのみです。

## 目次

N I R S データ解析プログラム ヘルプ .....	1
1. 画面構成.....	3
2. メニュー .....	3
2. 1 ファイル .....	3
2. 1. 1 開く .....	3
2. 1. 2 処理結果の保存 .....	3
2. 1. 3 印刷設定 .....	4
2. 1. 4 印刷.....	4
2. 1. 5 終了.....	4
2. 2 表示.....	4
2. 2. 1 初期表示に戻す。 .....	4
2. 3 ヘルプ .....	4
2. 3. 1 ヘルプ .....	4
2. 3. 2 情報.....	4
3. ファイル読み込み.....	5
4. 表示データの選択.....	6
5. 表示モード .....	6
6. データモード .....	7
7. 移動平均.....	8
8. 倍率 .....	8
9. C H選択.....	9
10. ドラッグ操作 .....	9

1 1. リードアウト .....	11
1 2. イベント表示 .....	11
1 3. 脳血流動態分離技術（HDMS）の概要 .....	11
1 4. 準 備.....	12
1 5. 処 理.....	12
1 5. 1 データ処理可能な機種及び測定項目 .....	12
1 5. 2 H b 1 3 - n のデータ読み込み.....	12
1 5. 3 H b 1 3 - n 以外の機種で取得したデータの読み込み.....	13
1 5. 4 脳血流動態分離処理（HDMS） .....	13
1 6. 元データ .....	14

## 1. 画面構成



### ①処理結果表示エリア

表示モード、データモード、移動平均の設定に応じた処理の結果波形が表示されます。

### ②生データ表示エリア

CH選択で選択されたチャンネルの生データ波形が表示されます。

### ③加速度表示エリア

加速度データの波形が表示されます。

## 2. メニュー

### 2. 1 ファイル



#### 2. 1. 1 開く

c s v ファイルを読み込みます。

#### 2. 1. 2 処理結果の保存

処理結果波形を c s v ファイルへ出力します。

### 2. 1. 3 印刷設定

プリンター、用紙の設定を行います。

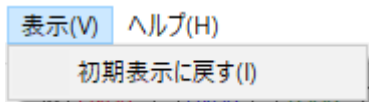
### 2. 1. 4 印刷

画面イメージを印刷します。

### 2. 1. 5 終了

プログラムを終了します。

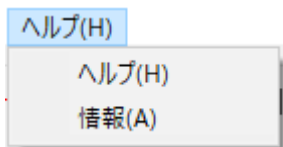
## 2. 2 表示



### 2. 2. 1 初期表示に戻す。

ドラッグしてスクロールや時間軸圧縮表示された状態を元に戻します。

## 2. 3 ヘルプ



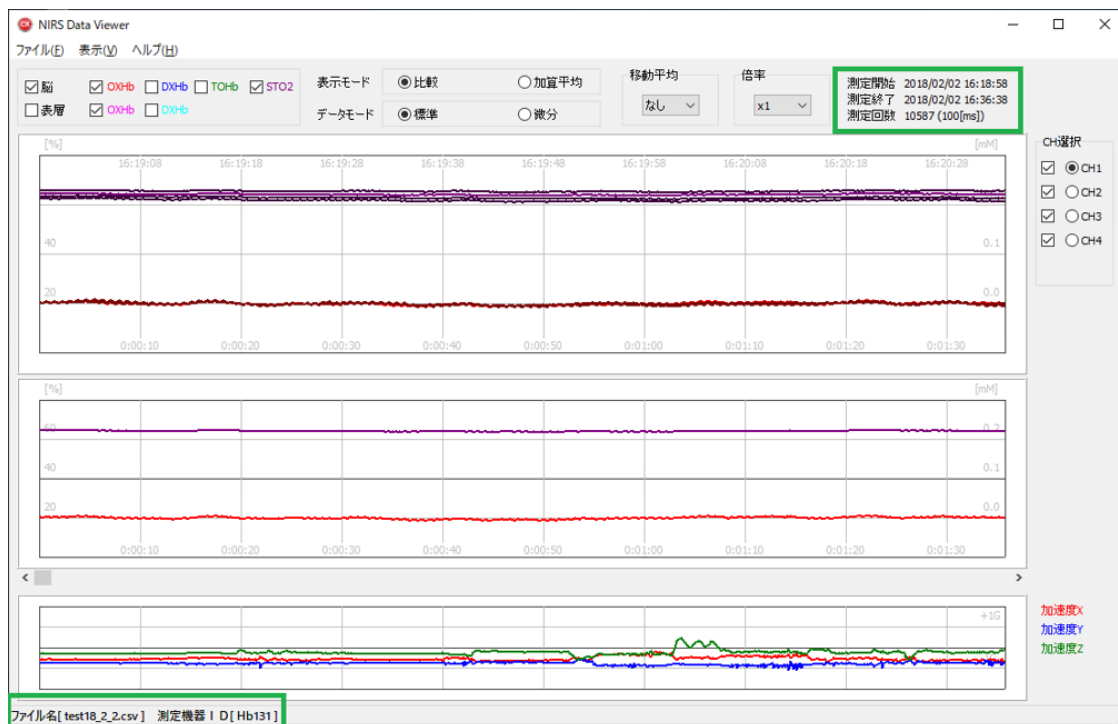
### 2. 3. 1 ヘルプ

このヘルプファイルを開きます。

### 2. 3. 2 情報

プログラムのバージョン情報を表示します。

### 3. ファイル読み込み

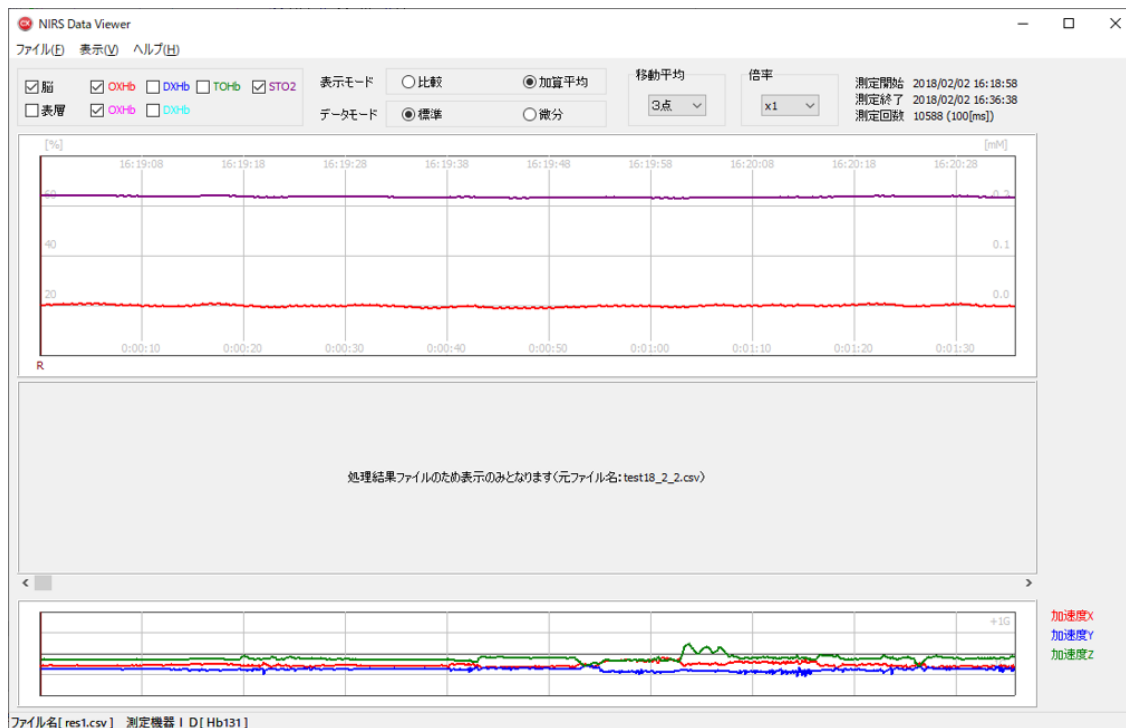


メニュー [ファイル (F)] [開く (O)] で c s v ファイルを選択すると、読み込んで波形が表示されます。

画面右上と左下には、読み込まれたデータの情報が表示されます。

処理結果表示エリアのグラフには、上に時刻、下に測定開始からの経過時間が表示されます。

処理結果ファイルを読み込むと、以下の様な表示になります。



処理結果ファイルでは、表示モード、データモード、移動平均などの操作が不可となり、生データ波形も表示されません。

#### 4. 表示データの選択

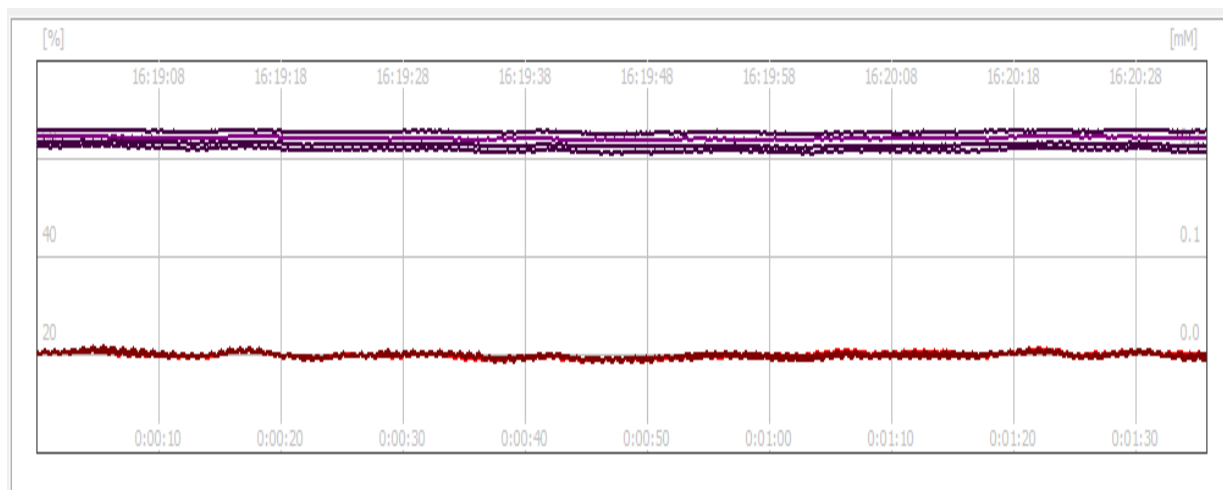
<input checked="" type="checkbox"/> 脳	<input checked="" type="checkbox"/> OXhb	<input type="checkbox"/> DXhb	<input type="checkbox"/> TOhb	<input checked="" type="checkbox"/> ST02
<input type="checkbox"/> 表層	<input checked="" type="checkbox"/> OXhb	<input type="checkbox"/> DXhb		

このチェックボックスがチェックされたデータが波形表示されます。  
脳、表層のチェックを外すと、その右側の項目は全て非表示となります。  
チェックボックスの文字色とそのデータの波形の色が対応しています。

#### 5. 表示モード

表示モード	<input checked="" type="radio"/> 比較	<input type="radio"/> 加算平均
-------	-------------------------------------	----------------------------

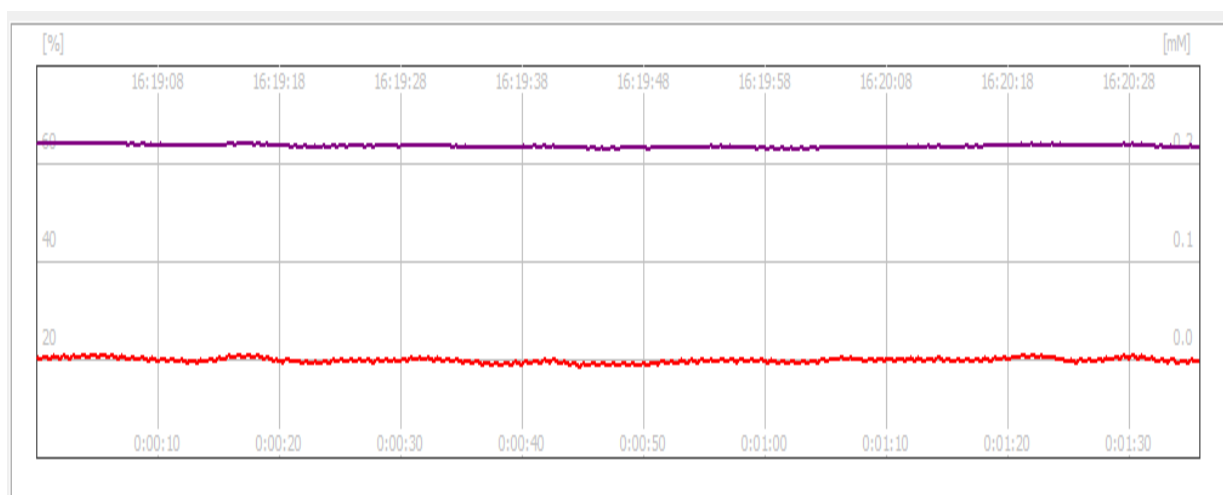
処理結果表示エリアの表示形式を指定します。



比較・・・CH毎の処理結果を重ねて表示。

CH選択で選択されたチャンネルがハイライトされ、その他のチャンネルは暗い色で表示されます。

チェックが外されたチャンネルは、非表示となります。



加算平均・・・チャンネル間の加算平均に対する処理結果が表示されます。

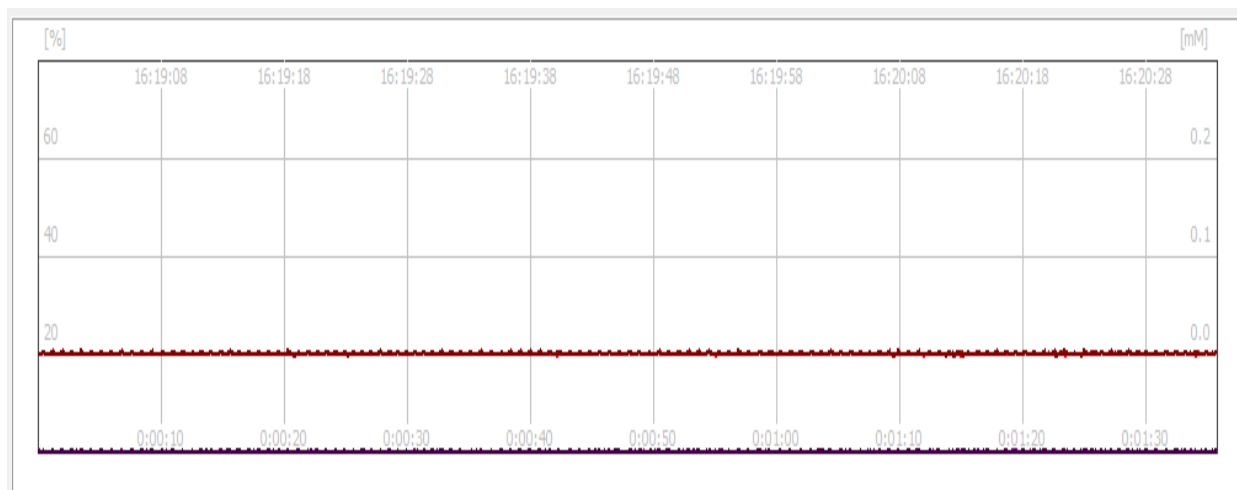
CH選択でチェックが外されたチャンネルは、チャンネル間平均から除外されます。

## 6. データモード

データモード ☒ 標準 ☐ 微分

処理結果表示エリアの微分処理あり／なしを選択します。

微分を選択すると、移動平均後微分された波形を表示します。



## 7. 移動平均

移動平均

なし ▼

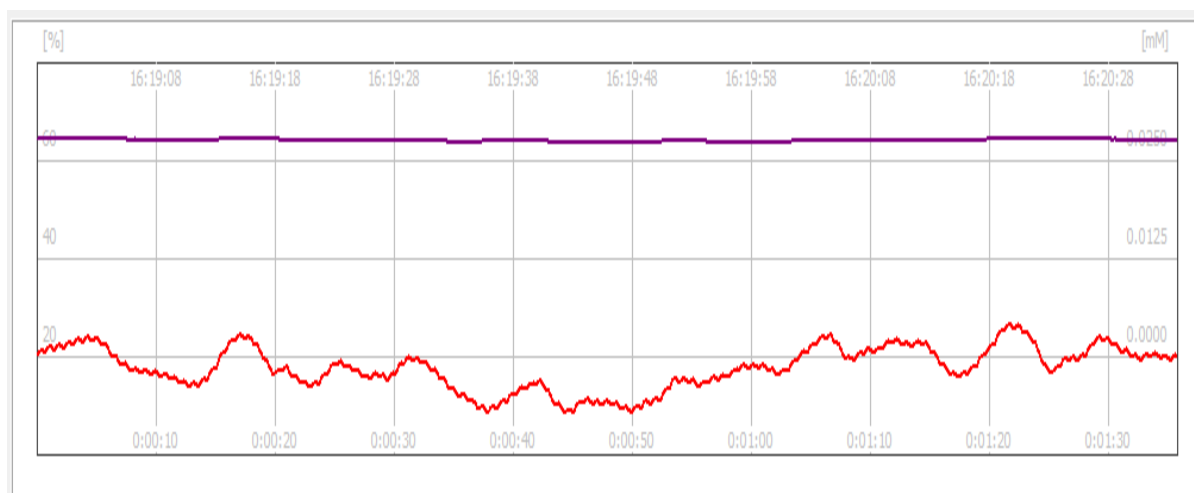
処理結果表示エリアの移動平均処理点数（なし～11点）を選択します。

## 8. 倍率

倍率

x1 ▼

OXHB、DXHB、TOHB波形の表示倍率（×0.25～×16）を切り替えます。





## 9. CH選択

CH選択

☒ ☒ CH1

☐ ☐ CH2

☐ ☐ CH3

☐ ☐ CH4

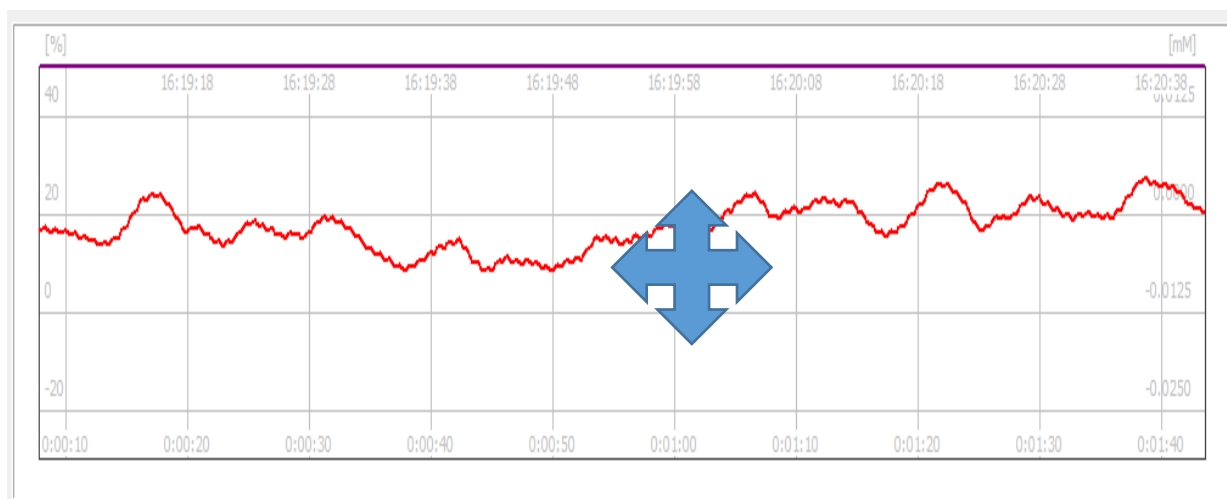
表示するチャンネルや、処理対象とするチャンネルを選択します。

チェックボックスをチェックしたチャンネルが、比較表示で表示され、加算表示で加算平均対象となります。

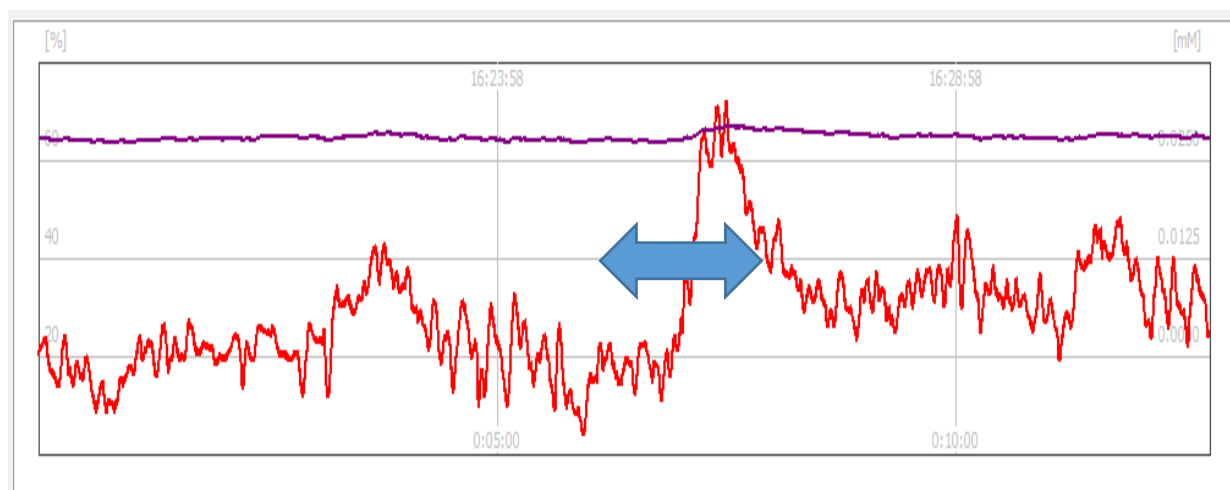
ラジオボタンで選択されたチャンネルが、比較表示でハイライトされ、生データ表示エリアに表示されます。

## 10. ドラッグ操作

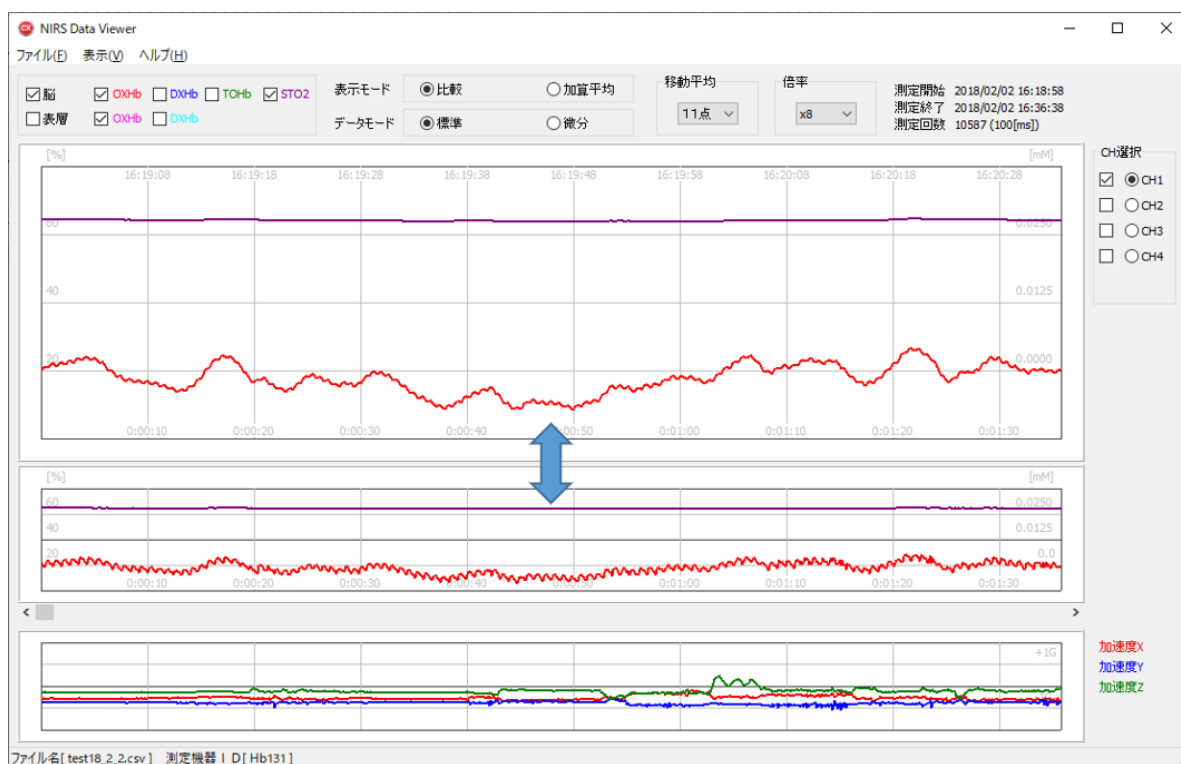
処理結果表示エリアでドラッグ操作（左ボタン）を行うと、グラフの表示エリアを移動できます。



中央のボタン（又は左右両ボタン）押しで水平方向ドラッグを行うと、時間軸が圧縮表示されます。

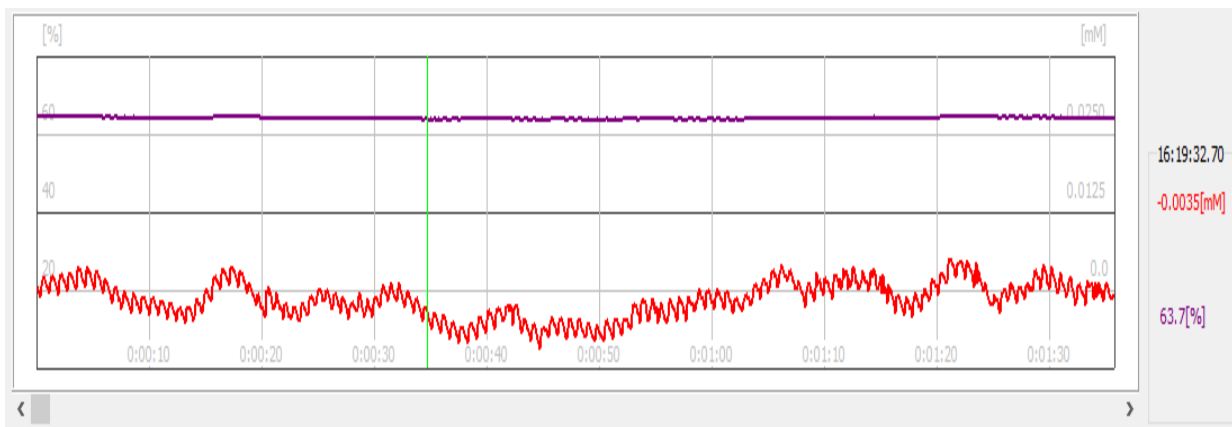


処理結果表示エリアと生データ表示エリアの仕切りをドラッグ（左ボタン）すると、表示エリアの割合を変更できます。



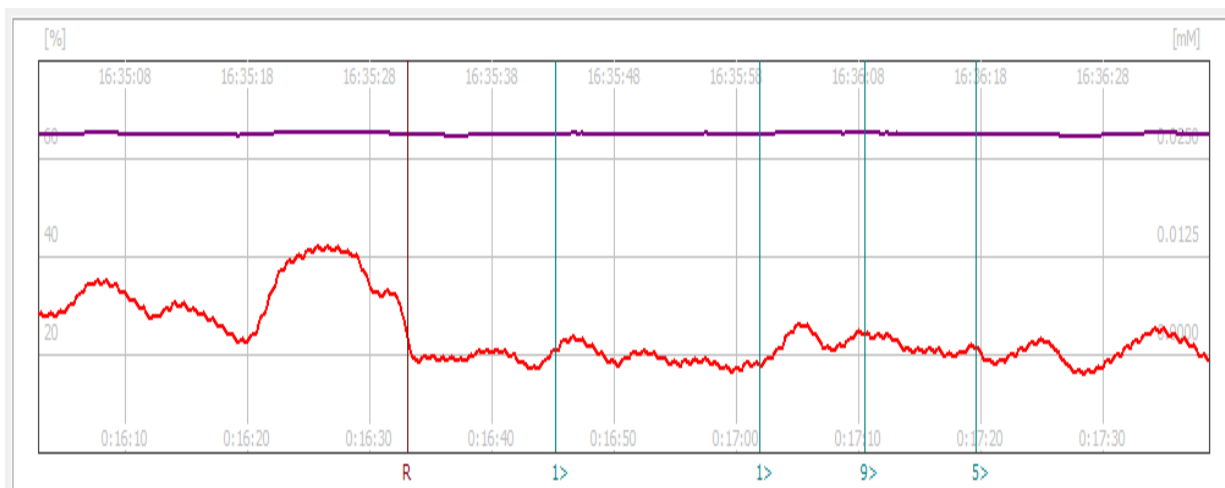
## 1.1. リードアウト

生データ表示エリアをクリック（左ボタン）すると、その位置のデータを読み出せます。  
ただし時間軸が圧縮表示されていない場合に限りです。



## 1.2. イベント表示

c s v ファイルにイベント情報が記録されていれば、グラフに縦線が表示されます。



Rは、測定時の初期値リセット操作があった事を示します。

n > は、イベント開始を示します。（< n はイベント終了）

## 1.3. 脳血流動態分離技術（HDMS）の概要

脳血流動態分離技術（HDMS）は国立研究開発法人 産業技術総合研究所(以下、産総研と言う)が開発した f N I R S (function Near-Infrared Spectroscopy) に関する技術です。

ヒトとしての精神活動を司る部位は前頭前野と言われ、人格を形成している重要な部位です。この前頭前野で繰り返される精神活動の挙動は、血液で運ばれるグルコースと酸素をエネルギー源としているため、消費される酸素を観察することで、間接的に精神活動(脳活動)を推定観察する技術が f N I R S です。計測するため皮膚表面から近赤外光を照射しますが、照射した光は生体内に入り散乱を繰り返し、一部は生体内部の情報を孕んで皮膚表面に戻ってきます。皮膚表面に戻ってきた光を受光し解析することで、内部の成分量を推定します。

近赤外光は皮膚から脳表の組織を透過し、再度皮膚を経て受光されるため、2度皮膚を透過します。

そのため、生体内の情報以外に皮膚血流の影響を多分に受けていると推測されます。

産総研では、計測した各ヘモグロビンデータを解析することで、純粋に「脳血量」の変化分と、「それ以外」の成分に分離する技術を開発しました。

「それ以外」の血量は、皮膚血流とは定義していません。詳しくは産総研の脳血流分離技術（HDMS）を紹介するWeb siteを参照願います。

[https://unit.aist.go.jp/hiiri/nrehrgh/download/index\\_02.html](https://unit.aist.go.jp/hiiri/nrehrgh/download/index_02.html)

HDMS処理プログラムは、産総研の成果を弊社のユーザーが享受できるように提供したいと考え、環境を整備しnirs\_\_data\_\_viewer（単にViewerと言う）に搭載しました。

弊社と産総研は当該技術を、当社製Viewerに搭載しユーザーに無償配布することに合意し許諾契約を交わしました。

## 14. 準備

脳血流分離技術（HDMS）はソフトウェアです。「MATLAB」の関数を使用しているため、MATLABのRUNTIMEを、使用するPCにインストールする必要があります。

その手順をお知らせします。

HDMS処理はUSBキー（有償）を挿入することで可能になりますので、当社のWeb Siteの「お問い合わせ」から、送り先を記入して「HDMSアクティベートキー」のご注文をお願いします。

MATLABの販売元のmathworks社サイトにアクセスし

[https://jp.mathworks.com/products/compiler/matlab-runtime.html?s\\_tid=srchtitle\\_runtime\\_1](https://jp.mathworks.com/products/compiler/matlab-runtime.html?s_tid=srchtitle_runtime_1)

MATLAB RUNTIME R2016a（9.0.1）をインストールしてください。

当社サイトからnirs\_\_data\_\_viewer ver 2.1以降をインストールしてください。

<https://astem-jp.com/download/>

## 15. 処理

### 15.1 データ処理可能な機種及び測定項目

処理可能なデータ(機種)は、以下の機種で測定した酸素化ヘモグロビン（OXHB）、脱酸素化ヘモグロビン（DXHB）です。

Hb13-n（n=1～8）

Hb131S

Hb133

Hb134

Hb13-nタイプのデータ形式は他のHb131S、Hb133、Hb134と異なるため、データの読み込み方法は他とは異なりますので次項にて説明します。

### 15.2 Hb13-nのデータ読み込み

データは1ch毎に読み込みます。

メニュー[ファイル(F)][開く(O)]でcsvファイルを選択し、読み込んで波形が表示されます。

続けて2 c hのデータを読み込む場合メニュー[ファイル (F)][追加読み込み (A)]で次に読み込むファイルを選択します。

続けて同様に行い、最大8つのファイルを読み込むことが可能です。

### 15.3 H b 1 3 - n以外の機種で取得したデータの読み込み

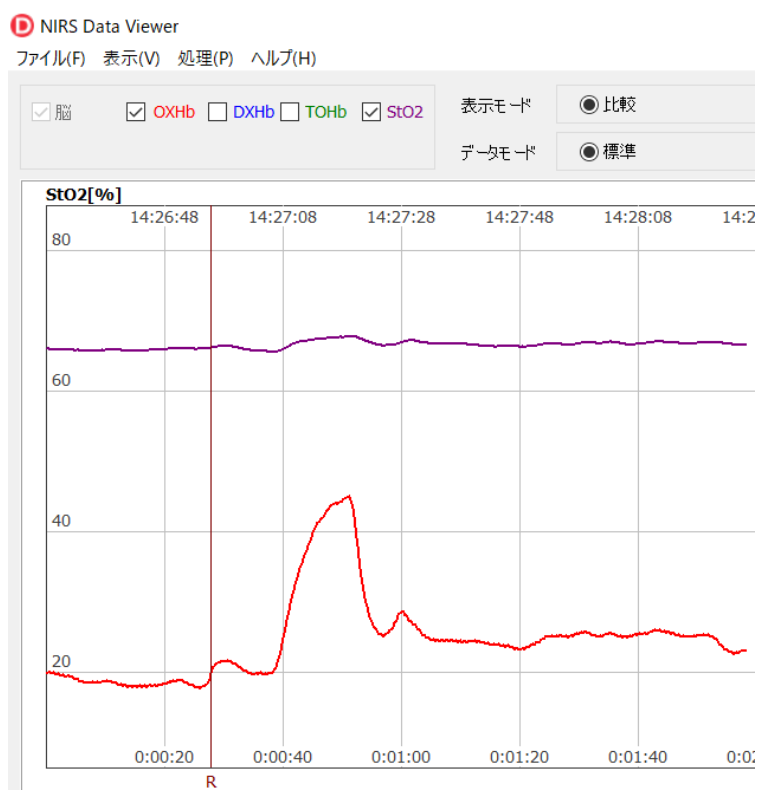
メニュー[ファイル (F)][開く (O)]でc s vファイルを選択することで、  
H b 1 3 1 Sの場合、4 c hデータ  
H b 1 3 3、H b 1 3 4の場合、2 c hデータ

### 15.4 脳血流動態分離処理 (HDMS)

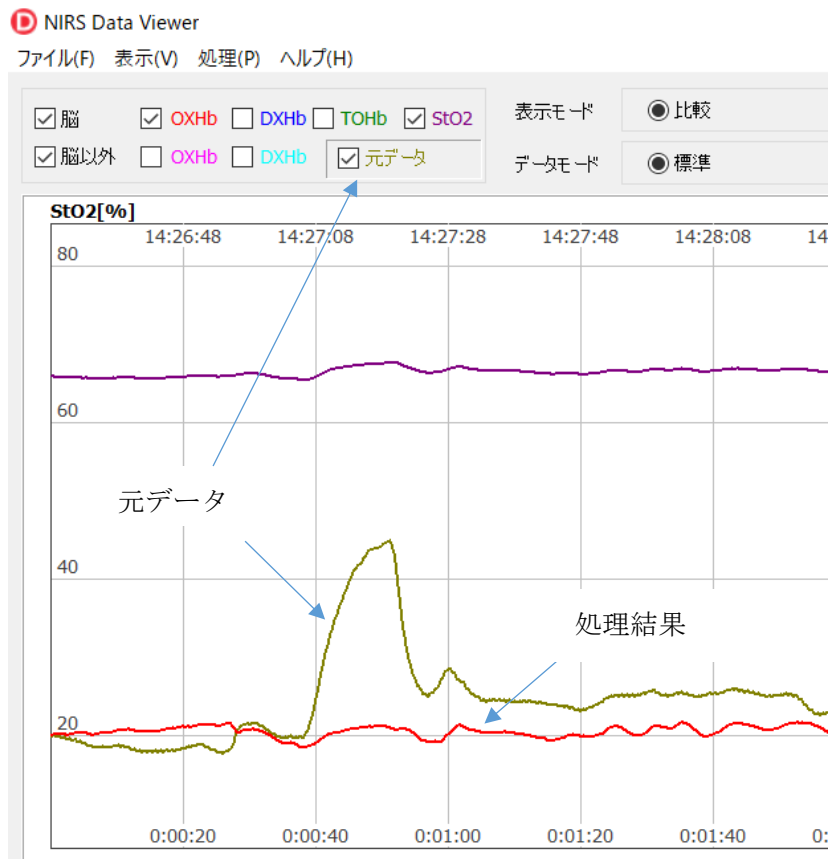
メニュー[処理 (P)][血流分離 (H)]を選択することで、ダウンロードされたc s vファイルに対してHDMS処理を実行します。

この処理はP Cに搭載されているC P Uやメモリ容量などにより処理時間が左右されます。

処理結果は処理結果ウィンドウに表示されます。次図参照。



HDMS処理の実行



HDMS 処理を実行することで、設定欄に以下の項目が追加表示されます。

☐ 脳以外 ☐ OXHb ☐ DXHb ☐ 元データ

## 16. 元データ

HDMS 処理は各ファイルの OXHb、DXHb に対して処理します。

その際、処理前のデータと比較をするため、処理前の元データを表示できます。

元データのトレンドは濃緑で表示されます。

処理結果トレンドは、該当するアイテムのカラーで表示されます。