00：00：00

（スライド1）

林：では、始めます。2時間も時間をいただきました。時間をたくさんいただいて、すみません。

最初のほうで、昨年度もお話しした講義内容を中心に、少し最近のことも入れてお話しします。質問など、最初の講義のときでも遠慮なく入れてもらって構いません。

僕の話は多分、プロトコルの話なども少ししたほうがいいので、そういう話もしますし、あと、HPCパイプラインを中心とした解析の話を中心とします。（00：01：23）

（スライド2）

皆さん方はMRIの画像解析の経験がある方ばかりなので、あまりイントロの話を深くするのも何かなと少し思いましたが、MRIの画像解析のこれまでの考え方を根本的に考え直す機会にも来ているようにも思いますので、少しそういった背景も含めてお話ししたいと思います。

そもそもMRIを使って何をやりたいかというと、ヒトの脳のメカニズムを理解したい、脳の病態を理解したいなど、こういう話は当然MRIが生まれたときから期待されている技術ですが、まだ確立したとはいえません。それは、1つはMRIの再現性であったり、病態がどこまで予測できるかという能力についても十分ではありません。例えば脳卒中の診断は非常に高くて急性期の診断にもよく使われていますが、かたや精神疾患の診断にはなかなかMRIは十分な感度で一人一人の被験者の方に、患者さんに還元できるような情報はなかなか得られないというものあります。

そういった中で海外の動向も見ましても、大規模にMRIの研究をしようという動きが出ていますし、今日も午前中お話がありましたけれども、Human Connectome Project、UK biobank、それから米国のABCDプロジェクト、これらは非常に多くの桁違いのMRI研究です。従来の僕らが若い時からやっていたMRI研究は、せいぜい数十人というレベルで1つの研究をするというようなことが普通でしたが、こうした国家レベルでHCPについては1,000人規模、UK biobankについては10万人の規模、ABCDも確か万の規模です。ものすごい桁違いの数のMRIデータを集めて、ヒトとしての脳のメカニズムであったり、個人個人の違い、個人差をきちんと見られないかということが期待されているわけです。

そういった中で当然ですけれども、やはり同じ撮り方でデータを取りましょう、ないしは、同じMRI装置でデータを取りましょうというアプローチがこの10年近くで始まってきているわけです。日本でも田中先生がお話しいただいたように、川人先生が脳プロの時代から精力的に大規模研究を進めておられて、2,400人近い被験者の方を日本全国の数多くの病院で、特に患者さんのデータが主体となっているという特徴がありますが、そういったデータから非常に重要な成果が得られてきている状況です。

そういう意味では、10年前、15年前、僕らが若いころにMRIをやっていたころに比べると、かなりMRIの撮り方は確立してきて、撮影方法、データの取得方法もある程度成熟してきて、解析方法もある程度は成熟してきたというところです。でもこれらの大規模研究の間でもやはり取得法の違いは大きくて、解析方法の違いもかなり大きいです。ですから、完全な標準化は、例えばMRI分野以外のサイエンティストから見ると、まだまだ十分確立した観察手法になっていないのではないかと思います。（00：05：47）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド3）（00：11：54）

もう少し別の側面から、3次元的な脳の見方についての問題点を提供してみます。これは同じヒトの脳を同じMRIで撮影しました。2回撮影して、3次元的非線形の位置合わせを、先ほどと同じような一般的な数学的処理を行いました。今、お見せしているのは、ちょうど頭頂部分の軸断面の1回目の撮影です。これが2回目の撮影も同じ処理をして、3次元的非線形の位置合わせを行った画像を今出します。これが1回目です。これが2回目です。分かりますか。少しにょろっと動いているのが分かりますか。この動いている場所は、主に前頭部分や頭頂部分の、先ほどばらつきが多かった部分にも相当するような感じがします。これは1例だけです。

何でこのようなことが起きるのかというと、この画像だけ見てももう非常にクオリティーが高く撮影できているわけですが、これはMRIの1つの問題でもあります。信号値をなかなか均一に撮影することが非常に難しい背景があります。信号の均一性が保たれないと、コントラストも若干違ってきます。画像の位置合わせは、均一性とコントラストに応じて位置合わせをするという処理過程でもあるために、そうした均一性とコントラストが常に同じ一定の条件で撮影されないと、解析をいくら頑張ってもこのようになってしまうことが生じるわけです。（00：13：53）

（スライド4）

そういうことを避けるために、皮質を正確にトレースして解析したほうがいいのではないかということで、Van Essen先生たちが取り組んできたSurfaceの抽出とRegistrationという処理です。Volume-basedで解析した場合の、これは組織学的に同定したヒトの脳の、エリア2（感覚野）の領域をVolume-basedで非線形に位置合わせして、その後でSurfaceにマッピングするという、従来型のVolume analysisの方法だと、エリア2は非常にばらけてしまって、広い領域に、ないしは脳回を越えて別の脳回の所にプロットされていたということが現れるわけです。これを一人一人の被験者の方について正確に皮質を抽出して、その皮質の上でエリア2をお互いの被験者さんで位置合わせをするという処理をすると、この右下にあるように、非常に局所的にRegistrationしていることになるわけです。これは1つサジェスチョンしているのは、個人間の脳のしわの構造の違いに基づいたエリア2の分布というものが、このSurface-based analysisによってかなり標準化されているのではないかということを示唆するわけです。（00：15：36）

（スライド5）

では、そうしたことをやったらいいのではないかということで、SurfaceのRegistrationというものを行えば、皮質を中心としてSurface上でRegistrationをすると、位置合わせをすることで行えば全て解決するかというと、世の中そんな簡単になかなかいかなかったことがあります。例えば一次視覚野のような一次感覚運動野といった部位では、しわの構造に基づいて位置合わせをするだけでもかなり被験者間で位置がそろうことが分かりました。もう少し高次の領域のMT野は、視覚系の第五次の情報処理の部位に相当しますが、この部分の被験者間の位置合わせをしわの構造に基づいて行うと、このようにばらついてしまいます。うまく位置が合わないということが生じてしまうわけです。ですから、脳のしわというのは、なかなかこれはくせもので、最初のスライドでお示ししたように、しわが特に頭頂葉、側頭葉、前頭前野で非常に複雑に、ヒトの場合には形成されているせいで、そのしわのコントラストに基づいて位置合わせをしてもやはりぼやけたままです。一次運動感覚野ではきれいに合いますが、連合野では難しいということを示しているわけです。

では、それをさらにインプルーブするためにどういうアプローチを取ったかというと、しわの構造だけではなくて、もっと他のモダリティー、脳の機能や脳の構造を表すSurface上の情報を全て使って位置合わせをしたらいいのではないかというのが、発想として生まれてきたわけです。（00：17：36）

（スライド6）

そういった発想に基づいて技術屋さんたちが、画像解析技術の研究者が、Multi-modal Surface Matchingという位置合わせ技術を開発しました。Robinsonという女性のロンドンの方です。

大脳皮質の表面にいろいろなコントラストが得られるわけです。例えばミエリン脳マップです。ミエリンについては後でお話しします。それから、しわの構造であったり、resting-stateのコネクティビティーの情報であったり、こういったいろいろなコントラストを、resting-stateについては各Seedについてもう山のようなコントラストがいっぱい生まれるので、こうした情報を使って皮質表面上で位置合わせをすればいいのではないかということになったわけです。（00：18：31）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド7）（00：26：26）

お伝えしたかったことは、3次元的な解析の難しさということと、functional MRIのデータの取得依存、データのクオリティー依存ということです。その2つを今日はお伝えしたいと思います。こうした背景に基づいて、国際脳でも他施設でデータを取って、大規模の研究を進めるに当たって、データの取り方の要であるプロトコルを、できる限りパラメーターの合致したプロトコルを作ることを目標に作ってきました。こうしたプロトコルを各施設で使っていただいて、被験者のデータ収集、健常者と患者さんのデータ収集に使っていただくことをターゲットにしています。

それから、解析としては、先ほどお話ししたような皮質解析、Surface-based analysisということを念頭にしたデータの取り方、プロトコルというものを設定しました。これが最も精度が高く解析できるからだろうという前提に基づいていますが、ゆくゆくはHCPの解析データであったり、UK biobankとのデータのHarmonizeにも有用であろうと考えています。

こうしたHarmonization、これはデータの採り方についてのHarmonizationだと考えています。今日、先ほどもお話があったComBatのような方法は、統計的にHarmonizationを行うという点では、データを得られた後にRetrospectiveのHarmonizationだと思いますが、あらかじめHarmonizeすることを目的にProspectiveにHarmonizationのプロトコルを作ったということです。これはすなわちtraveling subjectと組み合わせることで相乗効果も上がるでしょうし、それに加えてRetrospectiveのHarmonizationと加えることで、非常に高いレベルのHarmonizationが可能になるのではないかということを将来期待しています。（00：29：02）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド8）（00：33：32）

構造のMRI画像ですが、T1、T2の強調画像を撮影しています。解像度が0.8ミリです。特に皮質解析のために大事なパラメーターとしてFat suppression、脂肪抑制というものを入れまして、解析に悪影響を与えないようなデータ採りをすることを行っています。この提案はHCPのプロトコルに合わせていますが、UK biobankの場合はFat suppressionがオフになっていますので、実際にUK biobankのデータをSurfaceで解析しようとすると、大脳皮質表面の推定がうまくいかないという症例が多く見られます。ですから、全自動で大容量のデータを解析するためには、できる限りSurfaceのエラーが起きにくいような設定でデータを取るようにしています。

このようなSurfaceを推定して、それからミエリンマッピングも作成してということを行います。ミエリンマップといいますのは、T1強調画像とT2強調画像の割り算の画像ですが、これが非常に脂肪にセンシティブなコントラストになるということで、脳の中については主要な構成成分であるミエリンのコントラストをほぼ反映しているだろうということが言われています。神経生物学的に有用なコントラストとして考えられています。このように一次聴覚野、一次視覚野、一次体性感覚運動野もですが、そういった一次レベルの運動感覚野ではミエリンのコントラストが高いことが分かっていまして、それを表現しているのだろうと考えられます。（00：35：35）

（スライド9）

こうしてミエリンマップを作る際にはT1、T2の画像を使うわけですが、もう1つのT1、T2の画像を使う1つの理由は、ここにありますけれども、信号の均一性の問題です。均一性の問題は、最初のスライドで3次元的に位置合わせをすると、同じ人を2回撮っても少し頭の形がずれてしまうという紹介をしました。そのときに信号の不均一性がMRIで問題になるとお話ししました。信号の不均一性を補正するためにT1とT2の画像を撮っているという、もう一つの理由のためにこうした撮り方をしています。

従来の方法だと、画像のソフトウエア的な解析で均一性補正を行うことが常とう手段でしたが、そうした補正でも非常に軽微に残る不均一性というものが影響して、最初にお話ししたような解析の再現性の悪さにつながってくるわけです。できる限り均一度の高いデータを取るために、このようなT1、T2の両方の画像を使って補正するというアルゴリズムを、ワシントンのGlasser先生が開発しまして、それに基づいてデータ処理を行うことをやっています。（00：37：08）

（スライド10）

そうして作ったミエリンマップは、これは多数のデータの平均マップですので、非常にきれいに一次運動感覚野、MT野、IPSの部分のコントラストが高くなっているのが分かると思います。

こうした皮質表面上での分布は、100年近く前にFlechsigという脳の解剖の先生が、ヒトの脳のミエリン染色をして、そのミエリン染色のコントラストが高い部位を皮質の表面上にマップしています。ほぼこれと非常に似たような感じで、例えばMT野はこの部分です。恐らくここがMT野だろうと考えています。IPSの部分はこのように高くなっているのが分かると思います。非常に酷似して、ミエリンが反映したコントラストがMRIによっても得られると考えています。（00：38：09）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド11）（00：42：55）

Structural MRIの話をずっとしてきましたけれども、ここからはfunctional MRIの話をします。先ほどもお話ししましたが、functional MRIは本当に再現性があるのかということです。再現性がないものは測定器とは言えないと思います。そういった問題点が、これまでにも多く論文が出されています。ついこの間、Natureにも4月にfunctional MRIの再現性に関する論文が載っていました。それぐらいまでにfunctional MRIの再現性の問題は、今、問われている時代になってきていると思います。（00：43：33）

（スライド12）

国際脳のHARPのプロトコルでは、プロトコルを決める際に、空間解像度を幾つにするか、時間分解能を幾つにするか、それからコントラストをどうするか、それはTEという値が影響しますが、全ていろいろ議論しまして、最終的に2.4ミリの空間解像度で撮影し、0.8ミリの非常に高い時間分解能で撮影することで決定しました。これはマルチバンドシーケンスという、研究用に開発されたシーケンスをインストールしないと撮影できない仕組みになっていますし、ないしは3テスラMRI装置であっても32チャンネルのマルチコイルを併設している施設でないと、マルチバンドの0.8秒という時間分解能は達成できないことになっています。そういった意味で、少し高性能のMRI装置を保有している5施設しかまだ参加できない状況ではあります。そこまでこだわったのは、最初お話ししたように、やはりfunctional MRIは高性能で撮らないと再現性が得られないだろうという見込みに基づいていることにもよります。

それから、functional MRIでもう一つ撮影の段階から非常に考慮すべき点は、ひずみの問題です。今日も何回かお話が上がっていますが、EPIの撮影方法は、例えばこの場合には位相方向が前後の軸に沿って、極性としては後ろから前、こちらは前から後ろ、APと表記していますけれども、同じ脳であってもPAとAP、位相の極性が異なるだけで、脳は前後方向に広がったり、ないしは前後方向に縮まったり、器用なことが起きているのが分かると思います。これは決して1つの画像だけではひずんでいることは分かりません。両方向にひずんでいる画像を見ることで、初めてこんなにひずんでいたのだと分かるわけです。実際に構造画像であるT1強調画像と位置合わせを行っても、PAは前頭葉がそこに飛び出すような形になっていますし、APの画像は前頭葉がへこむような形になっているのが分かると思います。こうしたひずみを取るためには、これは解析の力が非常に重要で、両者のひずみの具合から真ん中の点を探し出すTopUpという解析技術があります。これを使って位置を補正することで、正確に大脳皮質の位置を探るわけです。（00：46：42）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド13）（00：49：21）

functional MRIの解析は、信号のばらつきを解析するという方法です。ですから、信号のばらつきがどのようにあるか、それがどのように空間的にお互いに相関しているか、それが機能的な連絡性、functional connectivityとして調べられるわけです。ですから、信号のばらつきが全て神経由来であれば信用できるわけです。では、そのばらつきのうち、神経の活動に由来するばらつきはどれぐらいなのか、それはまだ十分認識されていないところがあると思います。

これもHCPの研究者たちが取り組んできた方法で、ICAの解析結果に基づいて、ノイズか、信号か、神経由来の活動か、BOLD信号か、ノイズか、それともランダムノイズかというような分類化ができるのではないかということをやってきていたわけです。そういった観察を見ていても、本当に僕らが見たいと思っている神経活動由来の信号の変動、それはBOLD信号といいますが、それが全体の変動のうちのたった6％しかないということです。他の45％程度は、例えば被験者さんの頭の動きでしたり、MRIの信号そのものが少しずつドリフトしていったり、構造ノイズというものの多くは撮影のアーチファクトであったり、生理学的なBOLD信号ノイズ、これは呼吸や心拍、脳室の拍動やCSFの拍動など、そういったノイズが45％です。残りの50％近くがランダムなノイズになっているようであるというレベルです。ですから、僕らが見たいのは、本当はBOLD信号の変動だけの信号をキャッチしたいのですが、実際のデータはそういうわけにはいかなくて、見たいもののためにいかにノイズを減らすべきかをやはり理解した上で、解析することは重要であろうと思います。（00：51：48）

（スライド14）

特に頭の動きというのは大事な問題で、古典的な方法で数学的に位置合わせをするという方法はもう数十年と行われているわけですが、通常の数学的な動き補正をしただけですと、この真ん中の図にあるように、こんなになっています。これはfunctional MRIを高速で提示していますのですごく動いているように見えると思いますけれども、これは本当にもう少し長い時間、20秒ぐらいの時間を高速で回しています。動き補正をしたにもかかわらず、動きがやはり残っています。これは動くと同時に、画像のアーチファクトとして信号が暗くなったりするのが入るからです。これを全く同じデータですが、ICA、数学的な独立成分分析という方法を適用して、それの中でノイズだと判定されるコンポーネントの係数を0にするとその部位の変動が除去されます。残るのは脳の信号に関わる信号の変動だけが残ってくる画像を再構成できます。そうすると一番右にあるように、これはほとんど動いていないように見えますね、これは同じデータです。ICAでノイズリダクションしただけです。このノイズリダクション技術は非常にパワフルな方法で、これから使っていくべき技術だろうと思っています。（00：53：45）

（スライド15）

少し歴史的なことをお話ししますと、functional MRIにノイズが多いことは、当然皆さんは分かっていて使っていました。これまでのMRIの研究者です。でも、そういう方法がなかなかなかったというのが現状です。従来の方法は周波数帯域でカットする方法がメインだったわけです。ないしは、空間的な平滑化も行って、性能を上げることも行ったりしていたわけです。けれども、そういった方法ですと、実際に僕らの知りたい情報をやはりなくしてしまいます。いくら周波数帯域のノイズの部分だけを削るといっても、その中にもBOLD信号の情報が入っていたりすることもありますし、ガウシアンフィルターを掛けることによって空間情報が劣化するわけですから、大脳皮質の2.5ミリの薄い皮質の活動を正確にトレースすることができなくなってしまうことが起きるわけです。

ですから、先ほど紹介したようなICAに基づいてノイズを除去する技術はであっても、ICA-AROMAという方法は、自動でコンポーネントを分類して、アーチファクトを分類したらそれを除去することをやっています。これらはCIFTIFYやfmriprepに既に導入されています。これは非常に使いやすくていい技術ですが、動きに関連するアーチファクトしか除去できない問題や、ノイズの学習をさせることができないという問題があります。

対して、ICA-FIXという方法は、オックスフォード大学で作られているものです。動きに関連するアーチファクトだけではなくて、人が目で見てこれはノイズだと思われるもの、例えば生理的なノイズである体動の他にも拍動、呼吸や心拍、血管の拍動、脳室の拍動、CSFといった拍動も全て人の目で同定して、それを機械に教える、教師付けの機械学習を行います。それによって最終的に機械が自動化して除去するというアルゴリズムです。これは正直言って面倒くさくて、機械に教えるのも大変ですが、非常に賢くて精度はいいです。これを組み合わせることでノイズの除去率も非常に良くなるのだろうと考えています。

最近はさらに課題fMRIも、従来は動き補正だけするのが常とう手段でしたが、課題fMRIも安静時fMRIも全部組み合わせて、長いfunctional MRIを取っているデータとして仮想的に組み上げて、それによってICA-FIXを掛けてノイズを除去することも使えそうだということが分かっています。それを今後やっていくことになるだろうと思っています。

それから、もう一つ大事なのは、教師学習をする必要があるので、これも撮影のプロトコルにどうも依存している、もしかするとMRI装置にも依存している可能性はあります。ですから、国際脳のHARPのプロトコルに合わせた教師学習をさせて、皆さんに使えるようにしていきたいと考えています。（00：57：20）

（スライド16）

functional MRIは、今お話ししたように非常に精度が悪いものだという話ですが、これは物理の測定や概念を分かっていらっしゃる研究者の方には言うまでもないことですけれども、得られるデータは精度と正確度、2つの側面からの正確性、正しさという評価項目があります。精度は何回測定しても同じ結果になるという意味です。偶然誤差であったり、再現性や反復性と言ったりすることもあります。正確度というのは、その値が真値に近い値であるということです。系統誤差は小さいと表現したりします。高い正確度で精度が低い場合は、的に近いですが、ばらつきが大きくなったりします。低い正確度だけれども、高い精度であるというのは、的より少し外れていますが、このような感じでばらつきが小さくなっています。

まず測定器として何が大事かというと、どちらかというと高い正確度なのか、高い精度なのか、理想を言えば両方高いほうがいいですが、難しいわけです。実際にこれを科学的な測定器として使うためには何が重要かというと、どちらかというと正確度は低くてもいいので、高い精度であること、繰り返して同じ値を出してくれるという、こちらの方法が大事です。

それのもう一つの背景には、非侵襲的な神経画像法では、いくら頑張っても真値は分かりません。ですから、この的がどこにあるかを僕らは知らない中で研究しているわけです。真値を見る方法が別にないことにはどれだけバイアスがあるのか、系統誤差があるのかもやはり分かりません。そういう測定方法です。ですから、理屈にかなった測定方法を採択するのがまず大事なことです。例えば、身長を知りたいのに体重計で測るというのは理屈にかなっていません。それと同じでfunctional MRIで機能を見たい場合に、T1強調画像を使っては機能を見られないわけです。そういった画像方法のコントラストが何のコントラストに基づいているかに非常に注意を払って、理屈にかなった方法を使う必要があると思います。もう一つは、やはり何よりも再現性の高い、反復性の高い、精度が高い技術を使うことが大事だろうと思います。（01：00：44）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド17）（01：02：53）

1時間ぐらいたってまいりまして、もう最後です。

拡散強調画像については、詳細はもう飛ばそうかと思っていました。最初に少しお話ししたように、拡散強調画像も非常に時間が長ければもっといっぱい撮りたいけれども、そういうわけにもいきませんので、6分程度の画像収集の中でできる範囲内のマッピングができるようにしたいと思います。特にNeurite Orientation Dispersion Density Imaging、NODDIという比較的最近出現した拡散テンソル法に代わる脳の白質の中の、ないしは灰白質の中の複雑な動態を見るためのモデルに適したパラメーターに設定して、解像度は1.7ミリで撮影を行っています。既に先行研究でこのNODDIで示した神経突起密度というマップは、ミエリンと非常によく相関します。それから、神経突起の分散方向のばらつきは、Thicknessと逆の相関を示す結果も既に提供しています。（01：04：10）

（スライド19）

なかなか短時間の測定なのでTractographyは大変です。HCPのデータのように280方向近い非常に多方向の拡散強調画像を撮っている場合には、神経繊維が交差している状況が非常に感度高く検出できます。私どもが同じような状況でマカクサルの脳で500方向近いデータを取っても、やはり同じような程度の交差性の繊維が検出できます。ですが、拡散方向数をどんどん減らしていくと、これはシミュレーションの結果ですが、140、70、45、90と方向数を減らしていくと、そうした交差性の繊維の検出率がどんどん減っていってしまいます。HARPは大体90方向ぐらいの撮影をやっていますので、これぐらいだと、HCPの結果に比べると10％ぐらいになってしまうという、少し悲しい結果になります。これも中の解析技術の開発が必要だろうと思っています。（01：05：33）

（スライド20）

HCPの解析の基本的なアプローチ、信条というのを7つの項目でまとめてあります。Glasser et al. Nat Neurosci 2016と書いてあります。ひたすら大量のマルチモーダルのデータを取得すること、もうこれもあくまで制限時間内での話なので、最初にお話ししましたように、国際脳の中では30分から1時間の範囲内で、できる限りのデータを取るというアプローチでプロトコルを作りました。画像の解像度と画質を最大化します。ひずみがないように、ぼけがないような、最小限にした撮影方法を行って、正確な位置情報を重視します。位置合わせも正確に行い、分画化も正確に行うということです。それから、データの共有や技術の共有も重視していくということです。（01：06：31）

（スライド21）

そのためのデータのフォーマットはCIFTIというフォーマットを使って、ヒトの脳の大脳皮質はSurfaceの2次元の表面として、皮質下構造部分については3次元の構造として行います。（01：06：45）

（スライド22）

データの標準はWorkbench Viewerを使って標準にしますし、このWorkbench Viewerは同時に論文の図を作ったりする、Figureを作ったりするのにも非常に有用です。●を入れたり、color barを入れたりすることもできます。

それから、Workbench Viewerからデータを共有するためのシステム、これはBALSAというクラウド上にありますが、ここにデータをアップロードすることで、他の研究者の方が実際にデータを見て、結果を表示することが可能になります。（01：07：23）

（スライド23）

パイプラインは非常にごちゃごちゃしています。これはあとでチュートリアルで話します。（01：07：31）

（スライド24）

そうしたパイプラインを使ってプリプロセスを行った結果について統計処理を行ったり、より高次の解析を行います。一般的なGLMをはじめとする統計であったり、最近は多変量の解析もできるようになって、PALMというプログラムがオックスフォードから提供されていますので、これが非常に有用だと思います。CIFTIというフォーマットにも対応しますし、NIFTIという従来のボリュームデータにも対応できます。もっと言うとテキストデータでも対応できます。CSVのテキストデータでやっても、このPALMで非常に高度な統計処理を行うことができます。こうしたPALMを使うためにもMatlabを使ったり、Pythonを使ったりします。Pythonの場合は、他にも先ほど田中先生も話をしていたようにCIFTI、PALMと組み合わせて使ったりということになると思います。（01：08：34）

（スライド25）

パイプラインの実際の走らせ方は、これも後ほどお話しします。以上です。（01：08：39）

（スライド26）（01：08：40）

＜公開不可スライドあり＞

（スライド27）（01：10：17）

以上のような内容でまとめとさせていただきたいと思いますけれども、いいでしょうか。

（スライド28）

（以降質疑はカット）