

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：34310

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2022

課題番号：20K11963

研究課題名（和文）社会的相互作用中の動的な脳間ネットワーク分析

研究課題名（英文）Dynamic brain-to-brain network analysis during social interaction

研究代表者

廣安 知之（Hiroyasu, Tomoyuki）

同志社大学・生命医科学部・教授

研究者番号：20298144

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,400,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、非侵襲的な脳機能イメージング装置であるfNIRSを用いたハイパースキャンニングシステムを開発した。同時に複数人の脳機能データを取得し、データ駆動的に解析する新手法を提案した。この手法は、特に人間の社会的行動、具体的には利他的な行動が示される際の脳機能状態の理解に有効であることを示した。さらに、スパースなマトリクスの構築が脳機能状態の理解に重要であることも明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、非侵襲的な脳機能イメージング装置、fNIRSを用いたハイパースキャンニングシステムを開発した。これにより、社会的行動、特に利他的な行動時の脳機能状態の解析が可能となった。また、遺伝的アルゴリズムやスパースアルゴリズムを用いたデータ解析手法の有効性も確認した。これらの結果は、社会的行動の理解や予測、改善への道筋を示すものであり、社会学、心理学、教育学、人工知能など、多岐にわたる分野への影響が期待される。

研究成果の概要（英文）：In this study, we developed a hyperscanning system using fNIRS, a non-invasive brain function imaging device. We proposed a novel method for simultaneous acquisition and data-driven analysis of brain function data from multiple individuals. This method proved to be particularly effective in understanding brain function states during human social behaviors, especially altruistic actions. Furthermore, we demonstrated the importance of constructing sparse matrices for understanding brain function states.

研究分野：システム工学

キーワード：脳機能イメージング fNIRS 利他的な行動 遺伝的アルゴリズム ハイパースキャンニング

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

ヒトの脳機能状態を計測し利用する研究は神経科学、認知科学、医工学など広い範囲で行われており、主に functional magnetic resonance imaging (fMRI) や Electroencephalogram (EEG)、functional near-infrared spectroscopy (fNIRS) といった非侵襲な脳機能イメージング装置が用いられている。これまで各種の刺激に対する個人の脳機能の反応を検討する研究が主であったが、近年、複数人の脳活動を同時計測する技術が注目を集めている。これはヒトが社会的な活動を行うことを特徴とするため、複数のヒトが互いにインタラクションを行う際の脳機能状態に興味が集まるからである。ヒトの社会的な行動時の脳機能状態の把握においては、2 点の課題が存在する。第 1 に、複数人の脳機能計測を同時に行うことと、第 2 に得られたデータの解析方法を確立することである。ハイパースキャニング(Hyperscanning; HS)は fMRI や EEG を用いて複数人の脳活動を同時計測する技術である。特に fNIRS は fMRI と比較して、計測する際の被験者の自由度が確保しやすい装置であり、ヒトのインタラクションを計測する実験において有用であるため、第 1 の課題として fNIRS を利用した HS 実験の確立が望まれる。これまでも fNIRS を利用した HS の構築に関連する研究はいくつか実施されているが、さらに数多くの種類の実験の実施と多チャンネル装置によるシステムの構築が期待される。第 2 の課題は、複数人の脳をそれぞれサブシステムとしてとらえ、全体システムをどのように解析・検討するかである。そこには 3 つのサブ課題が存在すると考える。これまで脳機能解析では部位の賦活解析が中心であったのに対し、近年、脳領域間の機能的結合を明らかにする手法が研究されている。これは部位における時系列データの類似度をもとにネットワーク解析を行い、ネットワークを表すマトリクスにより脳機能状態を表現することで可能になると考えられる。しかしこの脳機能ネットワークで対象とする脳部位は 100 以上であり、これらの相関を考えると考慮すべきデータは 5,000 以上と膨大になる。脳機能状態を理解するには、このデータ量は過剰であるため、重要な要素のみを抽出して提示する必要がある。サブ課題 1 はこの重要な要素の抽出にある。この抽出はスパース性を考慮したネットワークの決定問題であるが、これまでのスパースモデリング手法を適用する場合、適切なパラメータを決定することは極めて難しい。サブ課題 2 は、抽出した重要なネットワークを、静的に解析するだけでなく、動的に解析する必要があることである。これは、ヒトの状態が常に一定ではなく同じ環境においても動的に変化するからである。サブ課題 3 は、それらの動的ネットワーク状態を同一のヒトだけでなく、ヒト-ヒト間でも構築し解析することである。本研究ではこれらの課題に取り組み、効果的な手法を提案する。提案手法がヒトの社会的行動時の脳機能状態の把握に有効であることを示すための実験対象として、本研究では利他的行動を行っている際の脳機能データをとりあげる。利他的行動を知るとはヒトが社会的にどのような振る舞いをしているのかを知ることにつながり、さまざまな分野での応用が期待される。

2. 研究の目的

本研究の目的は、ヒトの社会的な活動時の脳機能を計測できる fNIRS を利用したハイパースキャニングシステム(HS システム)を構築し、得られたデータから脳機能の状態の推定を行うヒト-ヒト間の動的なネットワークを抽出するアルゴリズムの構築することである。

本研究においては、fNIRS を利用した HS システムを構築する。複数名の脳機能を同時に計測する必要があることから大規模システム(製造元情報により日本初の 116ch の fNIRS を利用)の構築を予定している。これまでの fNIRS の HS システムは前頭葉を計測する数十チャンネルの利用が主であるが、本システムではヒトそれぞれに 50 チャンネル以上の利用が可能であり、前頭葉以外の計測も可能であることが特徴の一つである。

3. 研究の方法

・fNIRS を利用した HS システムの構築

本研究では、まず fNIRS を利用した HS システムを構築し、実験環境を構築する。116ch を有する fNIRS(ETG)を利用して 2 名の被験者で計測可能なシステムとする。実験については申請者らの既存研究をもとに利他的行動実験の設計を行う。実験者は他者を配慮して行う作業と配慮しなくても行える作業を断続的に行い、その際の脳状態の相違を分析する。

10 ペアの実験を行い、得られた結果の精度検証を行い、システムへの反映を実施する。実験の適切なサンプル数の決定のための予備実験にも位置づける。

・動的脳機能ネットワークを表現する脳状態マトリクス決定、および多目的遺伝的アルゴリズムの開発

得られた脳機能データは、脳部位をノード、時系列データの類似度をエッジの太さとすることで、ネットワーク表示し、脳機能ネットワークと呼ぶ。脳機能状態は脳機能ネットワークを表すマトリクスにより表現できると考えられているため、利他的行動時に特徴的な脳機能ネットワークの特定も、利他的行動時とそれ以外の状態を最もよく識別するマトリクスを決定することで実現できる。脳機能状態を理解するためには特に重要な要素から構成されるスパースなマトリクスを構築する必要があるため、このマトリクスの構成要素はできるだけ数が少なく、かつ社会的活動時と他の行動時との識別精度が求められる。そこで本研究ではこのマトリクスの決定にあたり、次の2点の理由から多目的遺伝的アルゴリズムを利用する。第1に識別率の向上とマトリクス構成要素の最小化を目的関数とする多目的最適化を適用することによりパレート解集合を求めるが、一度の探索試行で識別精度とマトリクスの構成要素数のトレードオフの関係を把握することで、妥当なマトリクスを決定できるからである。第2に、決定変数が5,000以上と超多次元問題であるが、遺伝的アルゴリズムを利用することにより並列処理が可能なモデルを構築でき、実時間内での処理が期待されるからである。本研究ではアルゴリズムの遺伝子型を2次元マトリクス型とし、このデータ構造を維持して処理を行う交叉・突然変異などの遺伝オペレータを設定することで効率性を向上させる。またマトリクスの全体ではなく部分ごとの遺伝オペレータの適用といった分散処理可能な手法を適用することで、高速処理を追求する。こうして効率的かつ高速な探索が可能なアルゴリズムを確立する。

・ヒト-ヒト間の動的脳機能ネットワークの解析方法の確立

得られた脳機能ネットワーク決定手法を基盤として、ヒト-ヒト間の脳機能ネットワークの解析方法を確立する。2名の重要な脳機能部位を決定し、ネットワークを導出する。

4. 研究成果

本研究では、非侵襲性の脳機能イメージング装置であるfNIRSを使用してハイパースキャニングシステムを構築し、同時に取得した複数人の脳機能データの解析から、各者の脳機能状態をデータ駆動的に明らかにする手法を提案した。これを用いて、「利他的な行動」時の脳機能状態の把握について検討し、有効性を示した。

非侵襲脳機能イメージング装置として日立メディコ社製116chのfNIRS ETG-7100を利用しハイパースキャニングシステム構築した。多チャンネルfNIRS装置であるため、2名用のチャンネルを十分に備えていた。提示ソフトウェアは、Neurobehavioral Systems社のPresentationである。

構築したシステムでは、参加者が仮想的な経済的交換を必要とする最後通牒ゲームを対面条件と顔面ブロック条件の2つの設定で実行した。このシステムを利用して、前頭葉と側頭葉の神経活動を記録した。このゲームは、16組が実施し、その結果を分析した。

Interpersonal brain synchronization (IBS) は社会的相互作用中に観察され、親近感や社会的活動の種類などに影響を受ける。先行研究では、見知らぬ人同士の対面的な相互作用がIBSを増加させることが示されていた。本研究では、知人同士でも同様の効果があるかを確認した。また、ランダムペア解析により、IBSが社会的相互作用によって誘発されるかどうかを確認された。我々の結果では、協力的行動やタスクによるIBSの増加は見られなかった。逆に、ランダムペア解析の結果、左右の上前頭、中前頭、眼窩上前頭、右上側頭、前中心、後中心回で、課題条件でのみペア特異的なIBSが有意であることが明らかになった。この結果から、顔見知りペアの対面的相互作用はIBSを増加させないことが明らかになり、IBSは誰とどのように相互作用するかによって影響を受けることが示された。

上記とは別のデータセットを対象に、決定変数が5,000を超える大規模な問題を想定し、重要な特徴量を遺伝的アルゴリズムで決定した。この特徴量選択には、Elastic netを用いたスパースアルゴリズムを検討し、時系列マイクロアレイ遺伝子発現プロファイル問題を対象とした。

また他のデータセットにおいては、先行脳活動の機能的結合度を説明変数、行動データを目的変数とした回帰モデルを構築した。特徴選択にはブートストラップベースの手法を用い、再サンプリングしたサブセットから安定した特徴を特定した。モデルは線形回帰を使用し、最小二乗法(OLS)で係数を推定した。リープワンアウトクロスバリデーションと特徴選択を組み合わせることでモデルを学習し、予測性能を評価した。最適なハイパーパラメータ設定を選び、その設定を元に回帰モデルを解析した。各参加者に固有の特徴と共通する特徴を捉えるように構築されたモデルにより、クラスタリング解析を行い、各個体のモデル特徴の類似性を可視化した。

本研究により、fNIRS を利用した簡易なハイパースキャニングシステムの構築とその有効性の確認が可能となった。さらに、取得した脳機能イメージのデータの解析方法についても検討し、有効性を確認した。

非侵襲的な脳機能イメージング装置、fNIRS を使用したハイパースキャニングシステムを開発した。

同時に取得した複数人の脳機能データから、それぞれの脳機能状態をデータ駆動的に解析する手法を提案した。

提案手法をヒトの社会的行動時の脳機能状態の理解に有効であることを示す目的で、特に利他的な行動を行っている際の脳機能データを解析対象とした。

スパースなマトリクスを構築することが、脳機能状態を理解するために特に重要であることを示した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 2件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Kikuchi Yuto, Tanioka Kensuke, Hiroyasu Tomoyuki, Hiwa Satoru	4. 巻 -
2. 論文標題 Interpersonal brain synchronization during face-to-face economic exchange between acquainted dyads	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 1
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1101/2021.12.20.473563	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Fukushima Arika, Sugimoto Masahiro, Hiwa Satoru, Hiroyasu Tomoyuki	4. 巻 22
2. 論文標題 Bayesian approach for predicting responses to therapy from high-dimensional time-course gene expression profiles	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 1
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s12859-021-04052-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Goudo Misa, Sugimoto Masahiro, Hiwa Satoru, Hiroyasu Tomoyuki	4. 巻 -
2. 論文標題 The usefulness of sparse k-means in metabolomics data: An example from breast cancer data	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 1
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1101/2022.02.05.479235	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Fukushima Arika, Sugimoto Masahiro, Hiwa Satoru, Hiroyasu Tomoyuki	4. 巻 22
2. 論文標題 Bayesian approach for predicting responses to therapy from high-dimensional time-course gene expression profiles	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 1-20
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s12859-021-04052-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Arisa Toda
2. 発表標題 Visualization, Clustering, and Graph Generation of Optimization Search Trajectories for Evolutionary Computation Through Topological Data Analysis: Application of the Mapper
3. 学会等名 2022 IEEE Congress on Evolutionary Computation (国際学会)
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	日和 悟 (Hiwa Satoru) (00771247)	同志社大学・生命医科学部・准教授 (34310)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------