

Batch file builder マニュアル

ATR Neural Information Analysis Laboratories (June 15, 2011)

はじめに.....	1
作業の流れ.....	2
ディレクトリをまとめて作成する.....	4
概要.....	4
step1: Batch file builder を起動する.....	4
step2: ディレクトリ作成テンプレートパラメータを追加する.....	5
step3: ディレクトリ作成テンプレートパラメータを編集する.....	5
step4: 変数を定義する.....	6
step5: パラメータを作成する.....	7
step6: バッチファイルを作成する.....	9
step7: バッチ処理を実行する.....	10
ディレクトリを作成しつつ、複数の被験者の脳モデルファイルをインポートする.....	12
準備.....	12
step1: 脳モデルインポートパラメータを加える.....	13
step2: 脳モデルインポートパラメータを編集する.....	14
step3: 変数\$MRI\$を追加する.....	15
step4: 変数を定義する.....	16
step5: パラメータを作成する.....	17
step6: バッチファイルを作成する.....	18
step7: バッチ処理を実行する.....	20
Tips.....	22
パラメータ編集画面.....	22
ダブルクリック操作.....	24
制約事項.....	25

Batch file builder マニュアル

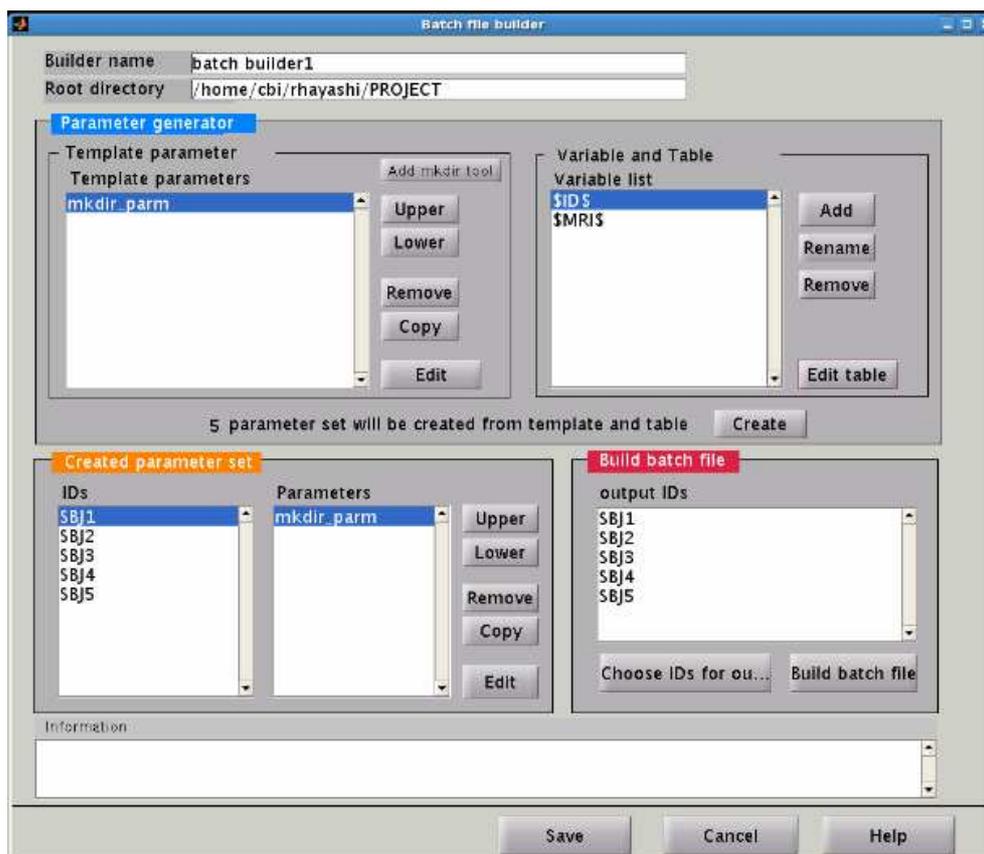
はじめに

VBMEG は、パラメータを生成するための様々な GUI を持ち、ある被験者に特化したパラメータを生成することができる。しかし、これらの GUI では、多数の被験者のデータをまとめてバッチ処理することはできない。

そこで、バッチ処理を支援するための GUI として、Batch file builder を作成した。

Batch file builder は、パラメータ生成 GUI が生成したパラメータを柔軟に変更するための機能を提供する。

パラメータをある被験者に特化する要素はファイル名であり、ファイル名を他の被験者のものと差し替えれば、多数の被験者用のパラメータを生成することができる、というコンセプトに基づいて作成されている。



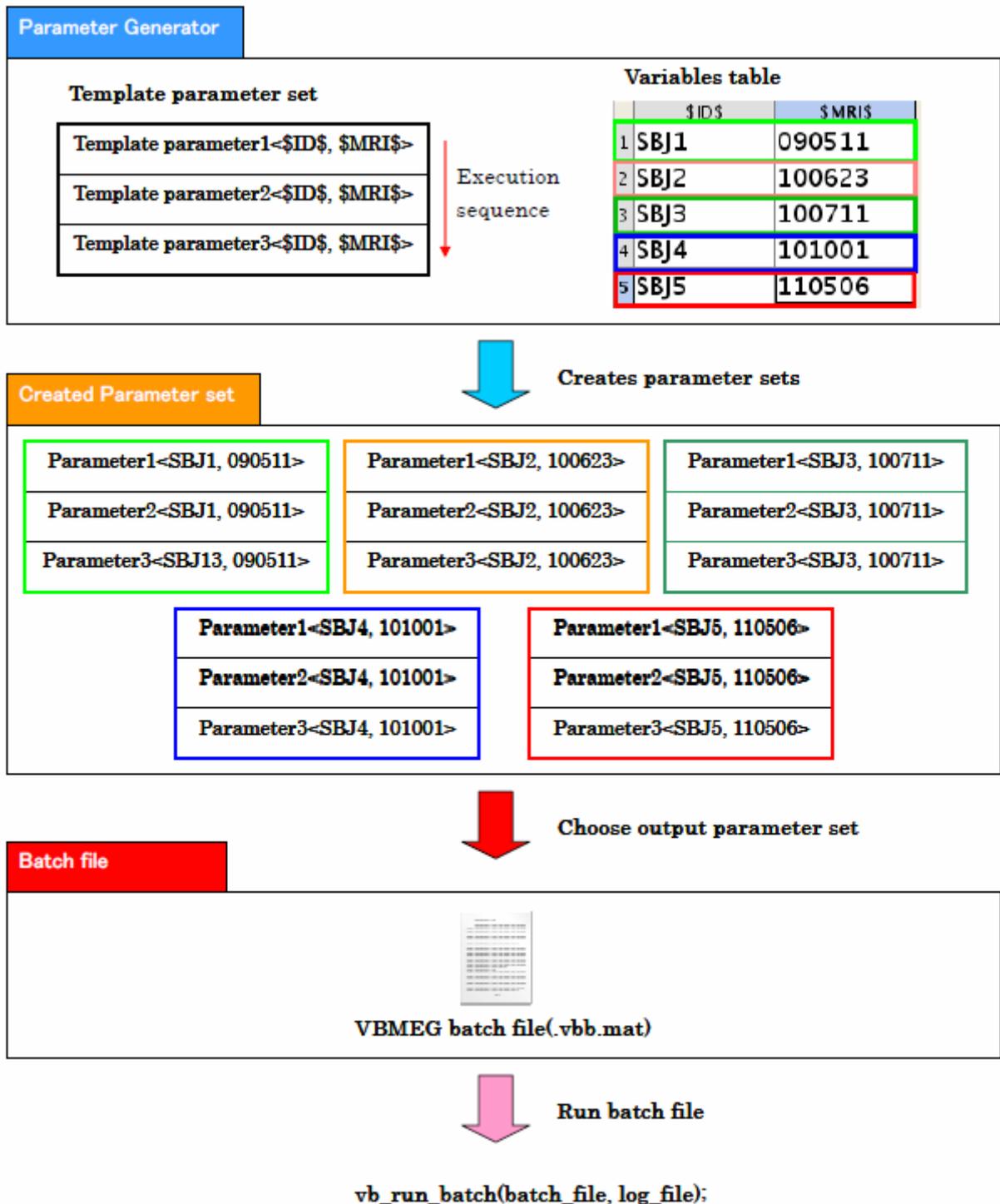
作業の流れ

GUIでの作業の流れは以下のようになる。

1. 雛形となるテンプレートパラメータを列挙する
 - project_mgr に保存されたパラメータ
 - ディレクトリ作成パラメータ

をテンプレートパラメータとして登録する。ジョブの実行順序は、パラメータの定義順となる。

2. テンプレートパラメータ内に変数を埋め込む。
変数は\$で囲まれる文字列(\$ID\$, \$MRI\$など)で、任意の個数の変数を定義することができる。
3. 変数の値を決める
4. パラメータセットを作成する
5. バッチファイルを出力する



以下に、実例に沿って、使い方を説明する。

ディレクトリをまとめて作成する

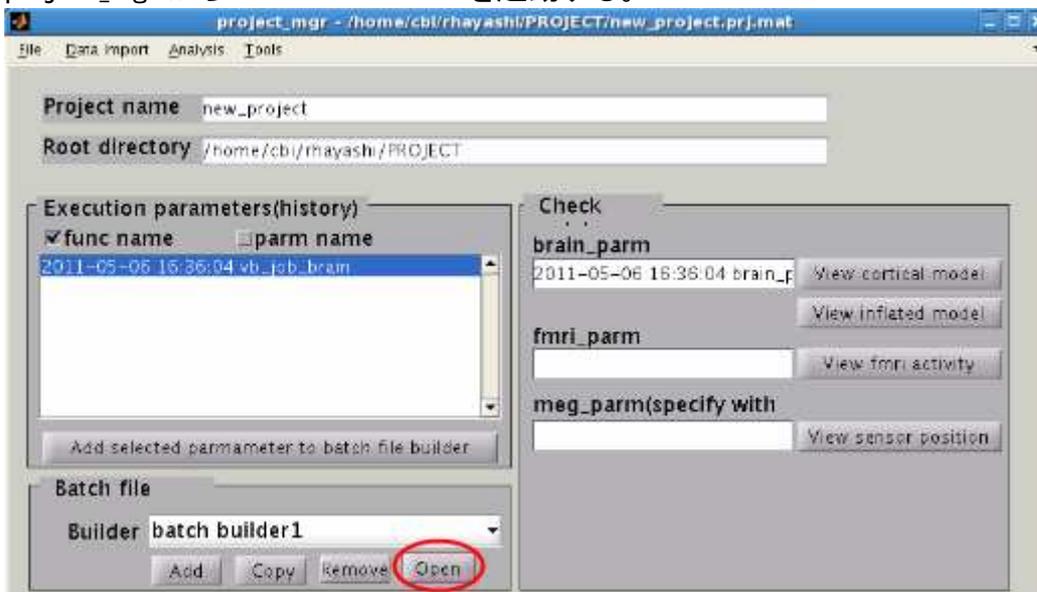
概要

- 以下のように、SBJ[n]の部分が、(SBJ1,SBJ2,SBJ3,SBJ4,SBJ5)となるディレクトリをバッチ処理で作成する。

(SBJ[n]の部分を変数として与える事で自動化する。)
/home/cbi/rhayashi/PROJECT/SBJ[n]/brain
/fmr i
/meg
/leadfield
/estimation
/current

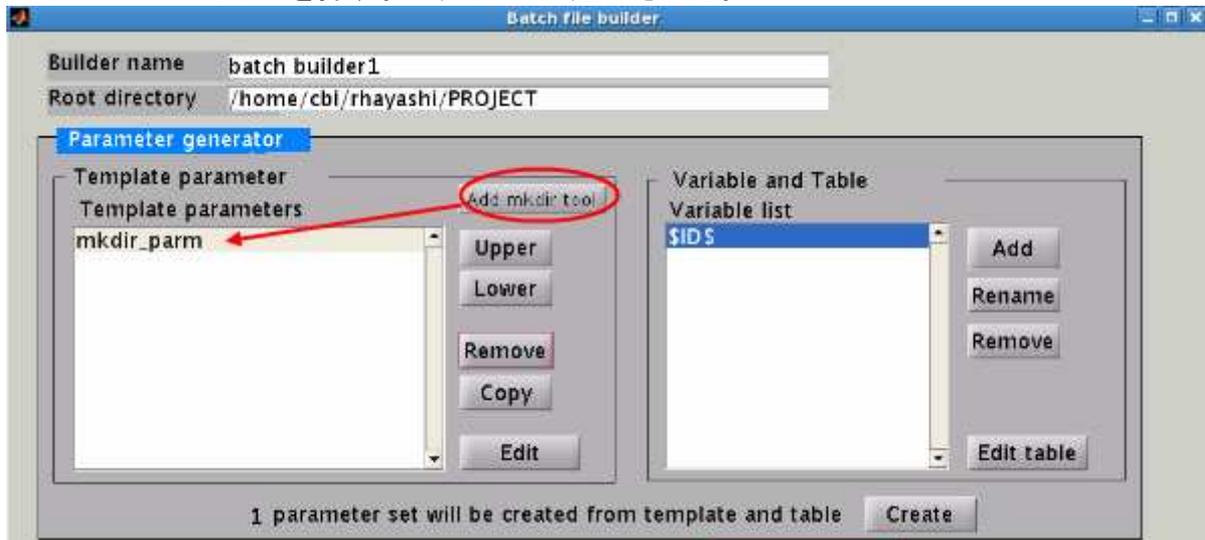
step1: Batch file builder を起動する

project_mgr から Batch file builder を起動する。



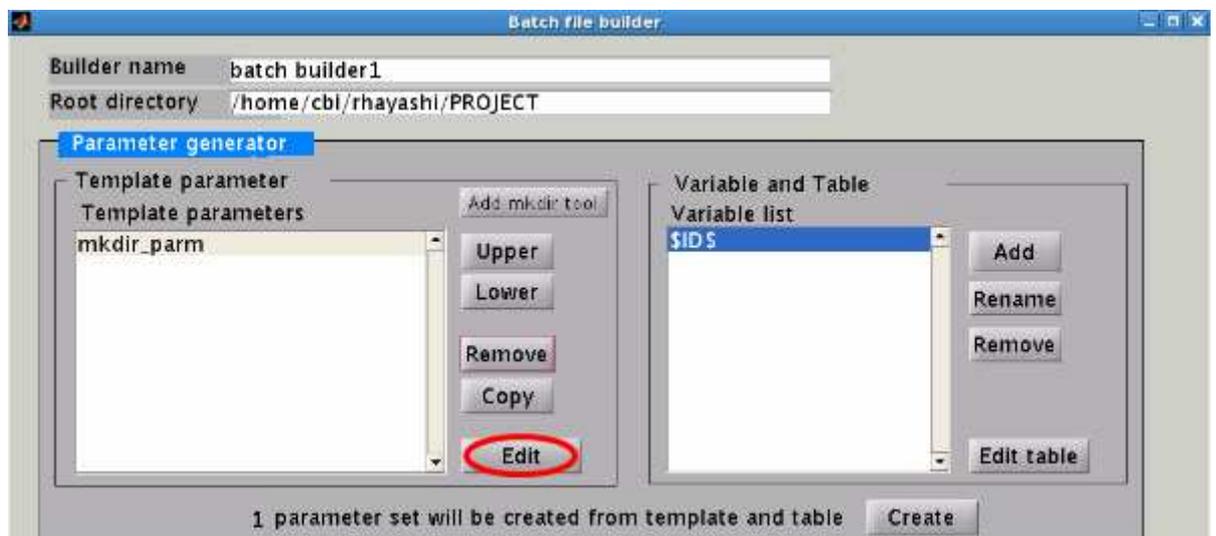
step2: ディレクトリ作成テンプレートパラメータを追加する

add mkdir tool ボタンを押す。パラメータが追加される。



step3: ディレクトリ作成テンプレートパラメータを編集する

1. Edit ボタンを押す

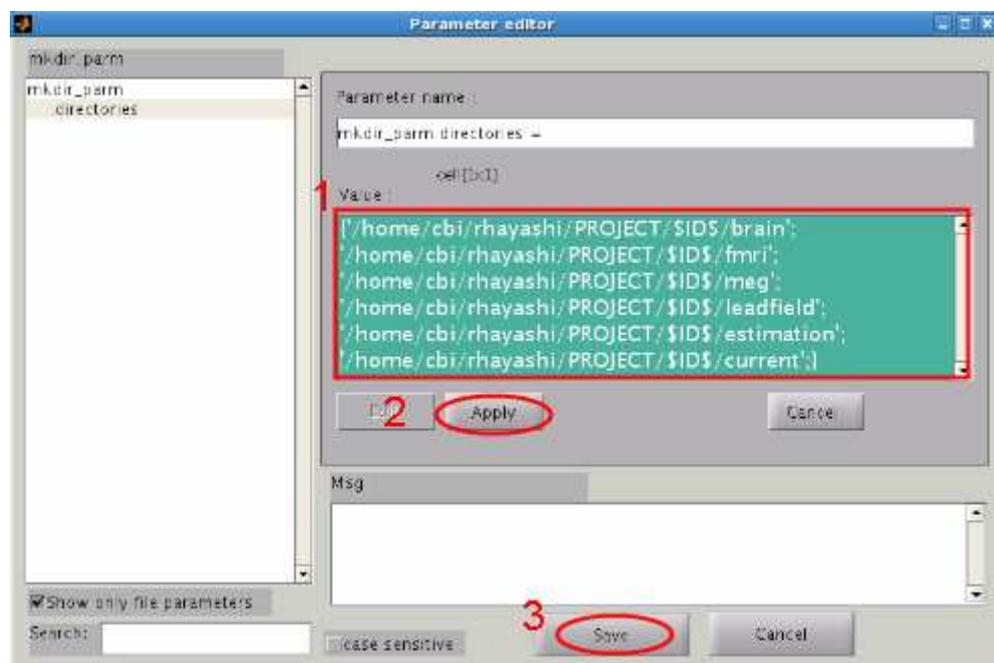


2. パラメータ編集画面が表示されるので、Edit ボタンを押し、Value に以下のように入力する。

Apply ボタンでフィールドを変更し、Save ボタンで編集を終了する。

Value:

```
{'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/brain';  
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/fmri';  
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/meg';  
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/leadfield';  
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/estimation';  
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/$ID$/current';}
```



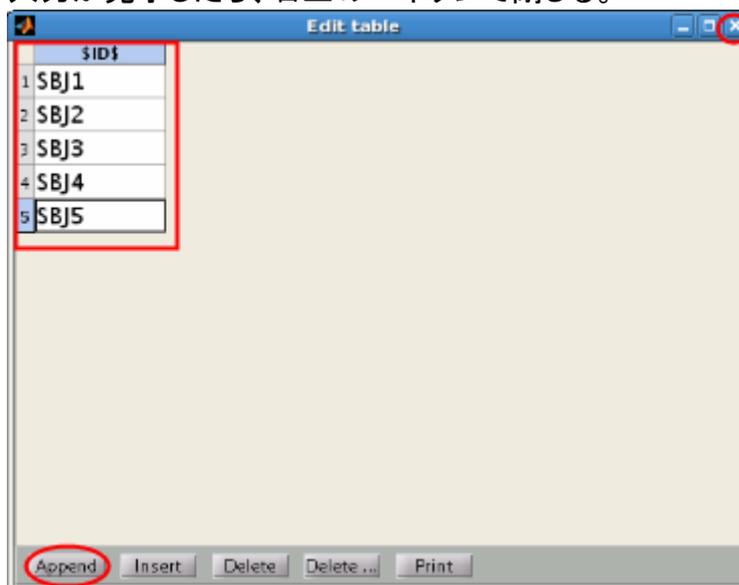
step4: 変数を定義する

1. Edit table ボタンを押すと、Table 編集画面が開く。



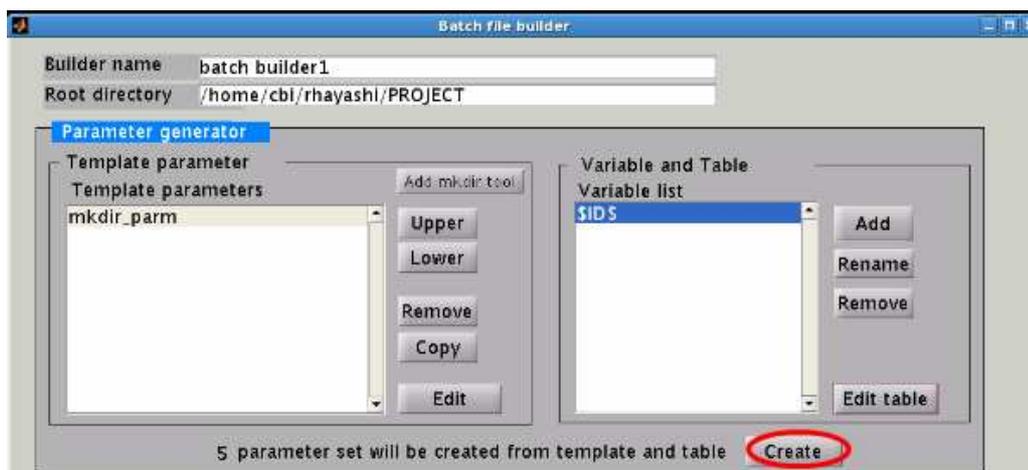
2. 左下の Append を4回押して、セルの数を5個にしてから、SBJ1～SBJ5 まで入力する。

入力が完了したら、右上の×ボタンで閉じる。

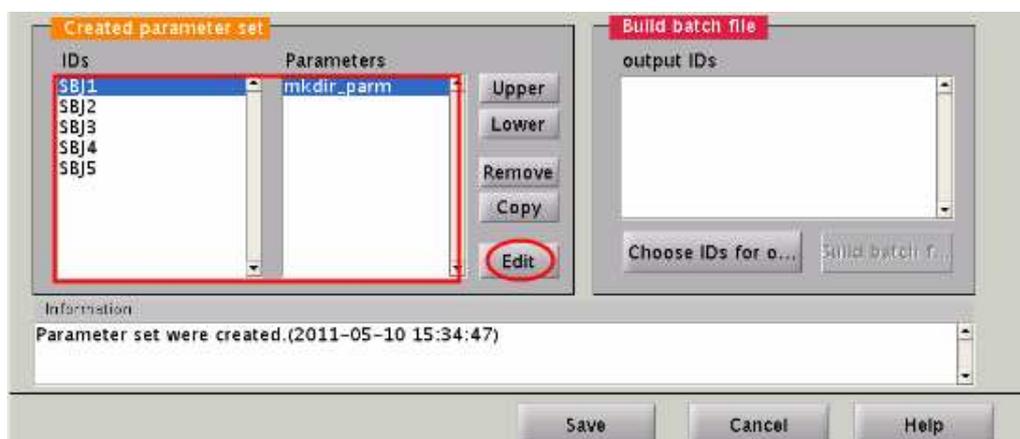


step5: パラメータを作成する

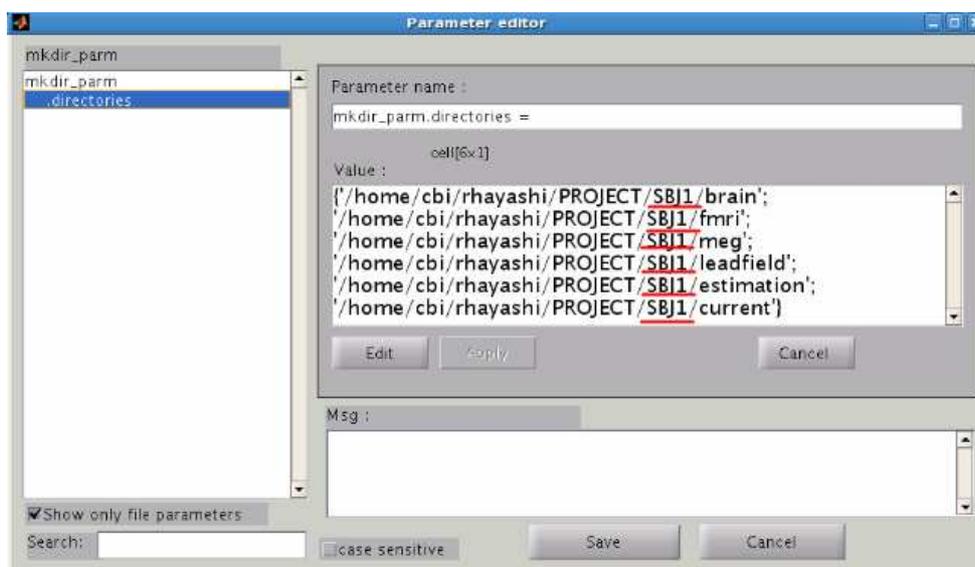
1. Create ボタンを押す



2. パラメータが作られる。Edit ボタンを押して、パラメータを確認する。



3. 変数:\$ID\$が Table で定義した値 :SBJ1 に置きかえられている。

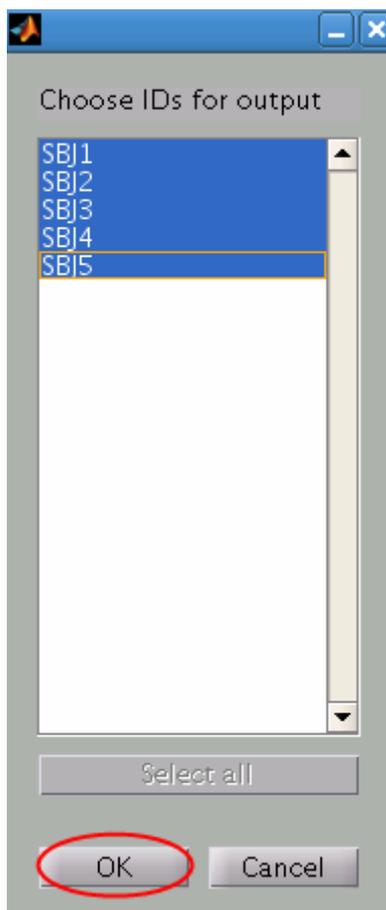


step6: バッチファイルを作成する

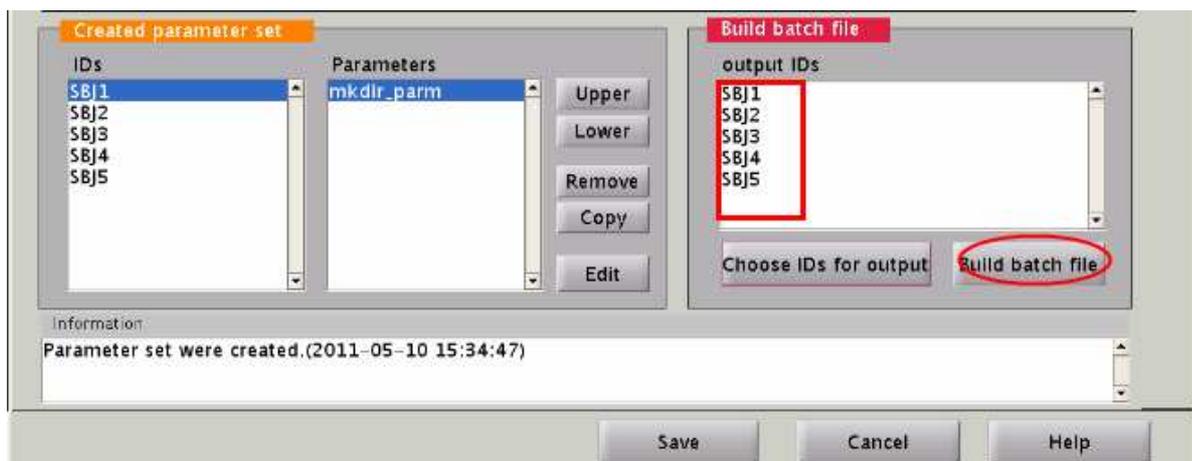
1. Choose IDs for output ボタンを押す。



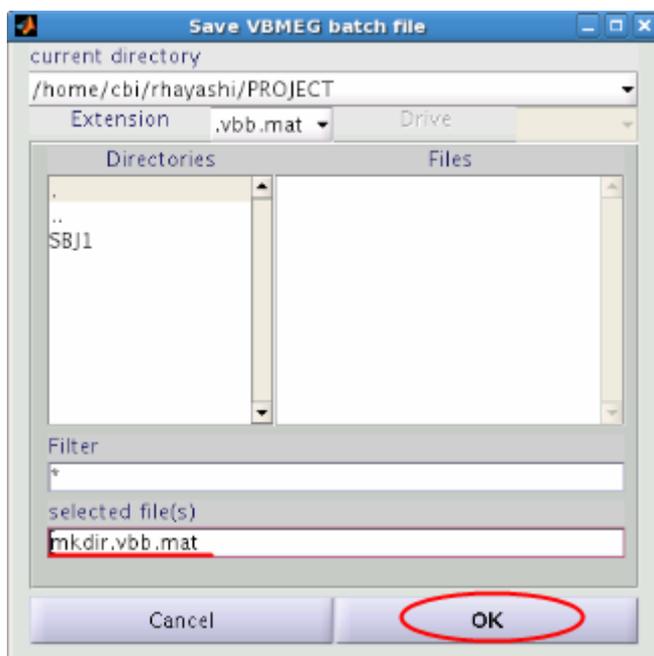
2. テンプレートから作成された全てのパラメータを選択し、OK ボタンを押す。



3. Build batch file ボタンを押す。



4. ファイルダイアログが表示されるので、ファイル名を入力し、OK ボタンを押す (拡張子*.vbb.mat)。



step7: バッチ処理を実行する

1. バッチファイルのパスを引数として、MATLAB 上で `vb_run_batch` コマンドを実行する。

```
vb_run_batch('/home/cbi/rhayashi/PROJECT/mkdir.vbb.mat',
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/mkdir_log.txt');
```

2. ディレクトリが作成される。

```
>> ! tree /home/cbi/rhayashi/PROJECT
```

```
/home/cbi/rhayashi/PROJECT
|-- SBJ1
|   |-- brain
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
|-- SBJ2
|   |-- brain
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
|-- SBJ3
|   |-- brain
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
|-- SBJ4
|   |-- brain
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
|-- SBJ5
|   |-- brain
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
```

Batch file builder の Save ボタンを押せば、作業途中の状態が、project file(.prj.mat) に保存される。

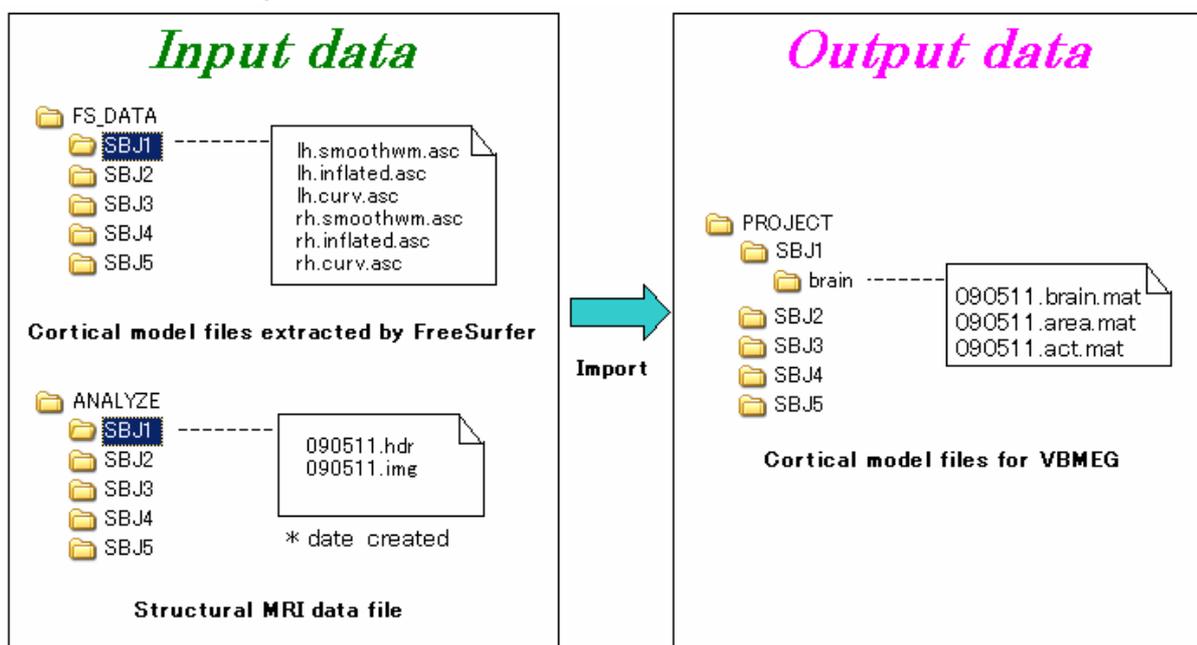
ディレクトリを作成しつつ、複数の被験者の脳モデルファイルをインポートする

準備

1. 入出力ディレクトリ構成を検討する

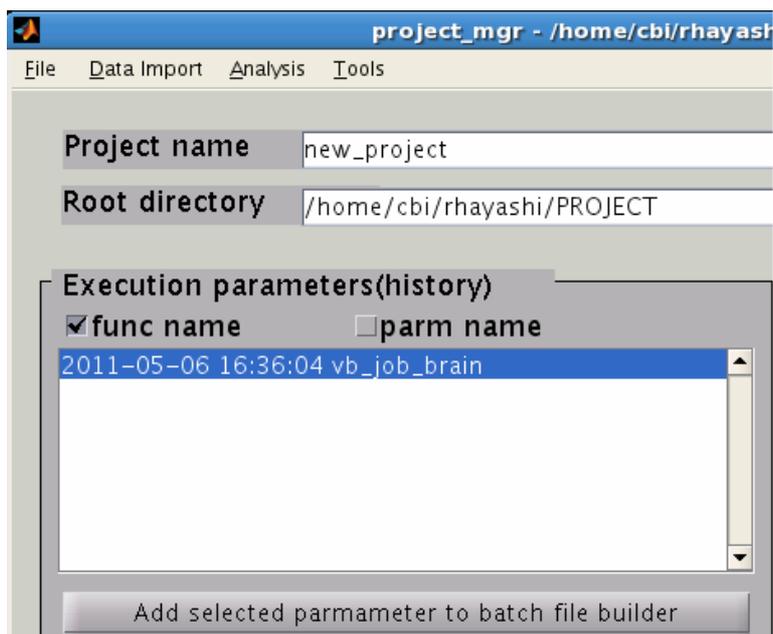
ここでは、以下のような入出力構成と仮定する。

Root:/home/cbi/rhayashi



2. 被験者1名分(SBJ1)のデータを脳モデルインポート GUI を使ってインポートしておく。

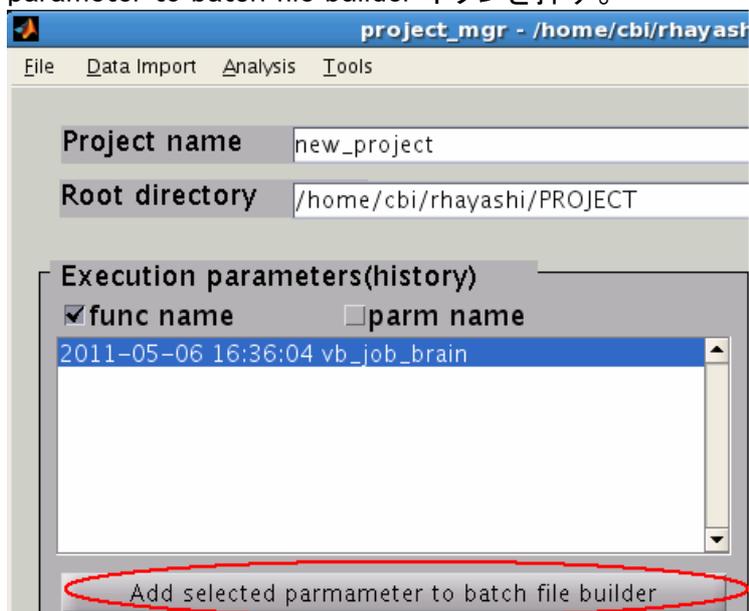
インポートした結果について検証し、パラメータの妥当性を確保する。
この時に `project_mgr` に保存されたパラメータを、テンプレートパラメータとして使う。脳モデルインポートの方法については、ユーザズマニュアルもしくはチュートリアルを参照のこと。

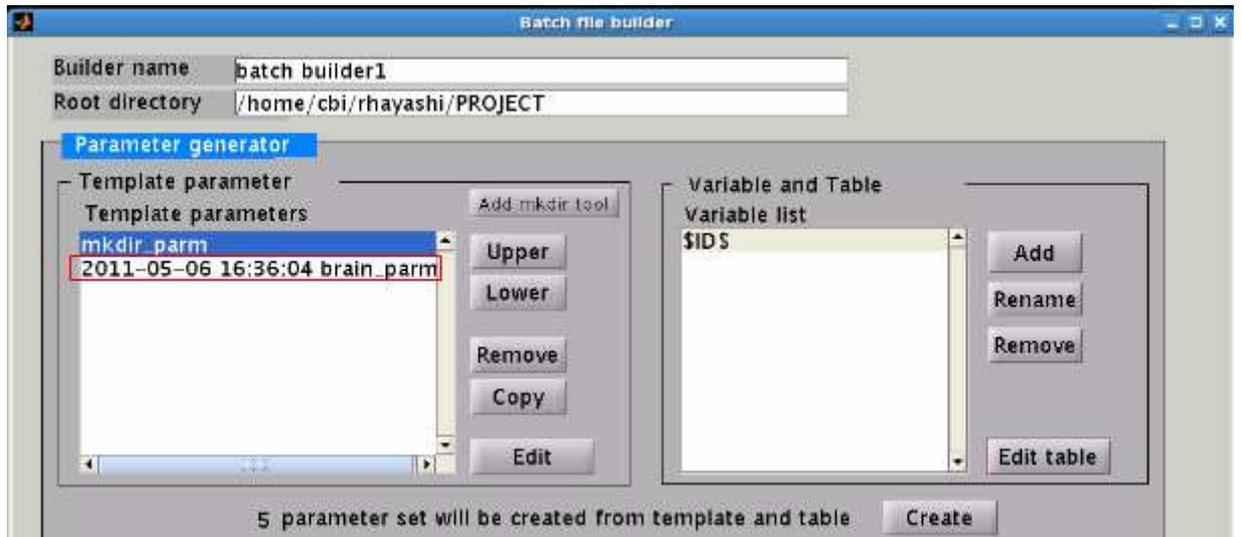


project_mgr に保存された脳モデルインポートパラメータ

step1: 脳モデルインポートパラメータを加える

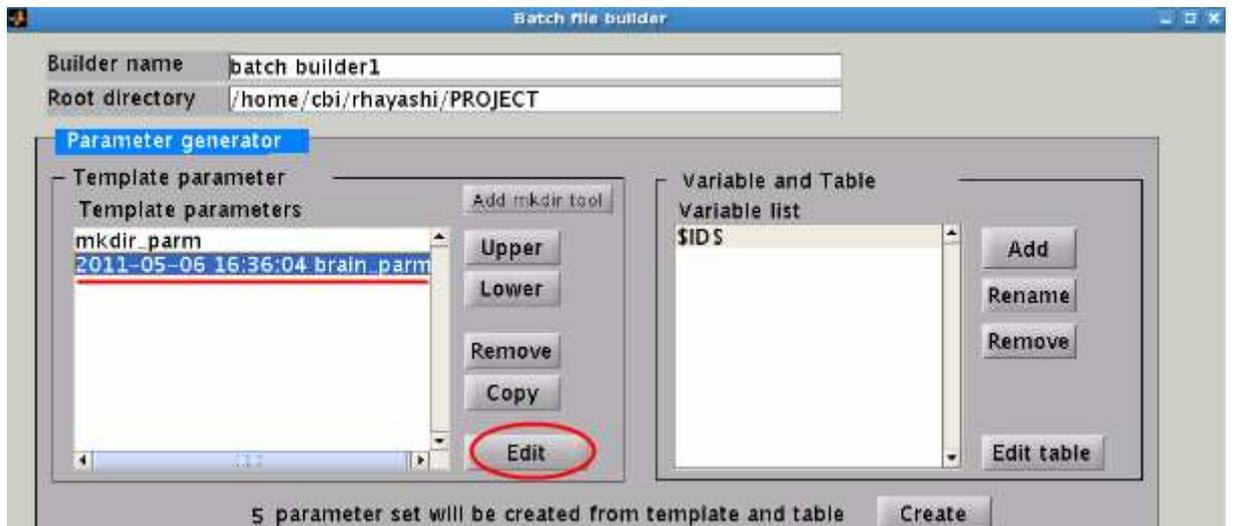
1. 「ディレクトリをまとめて作成する」の step4 まで作業しておく。
2. project_mgr に保存された脳モデルインポートパラメータ選択し、Add selected parameter to batch file builder ボタンを押す。





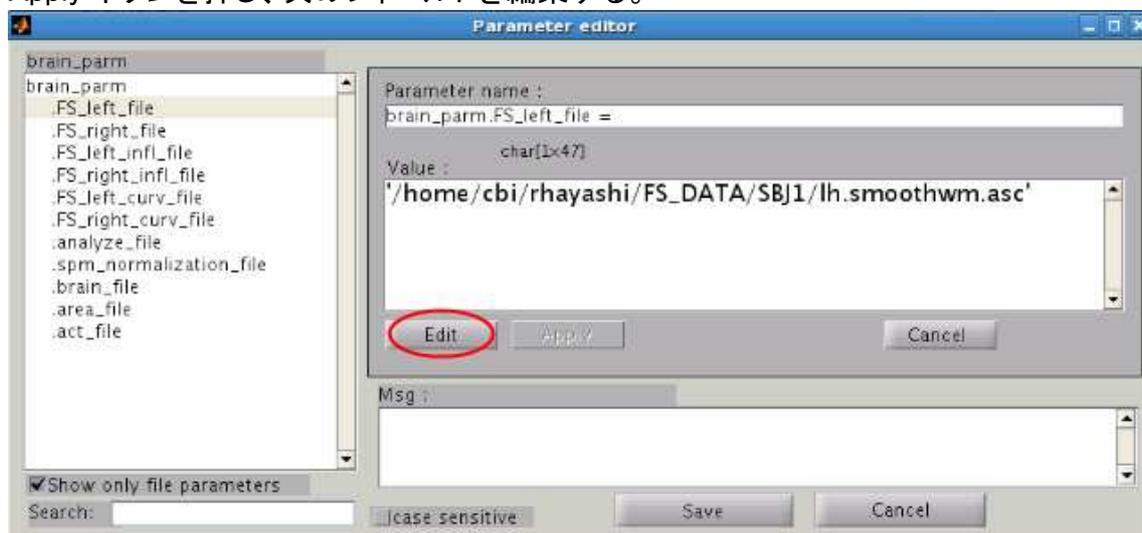
step2: 脳モデルインポートパラメータを編集する

1. 追加されたパラメータを選択し、Edit ボタン(もしくはパラメータ名をダブルクリック)で編集画面を開く。



2. フィールド名を1つ選択し、Edit ボタン(もしくはフィールド名をダブルクリック)で編集する。

変数(\$ID\$, \$MRI\$)をフィールドに埋め込む。フィールドの入力が完了したら、Apply ボタンを押し、次のフィールドを編集する。

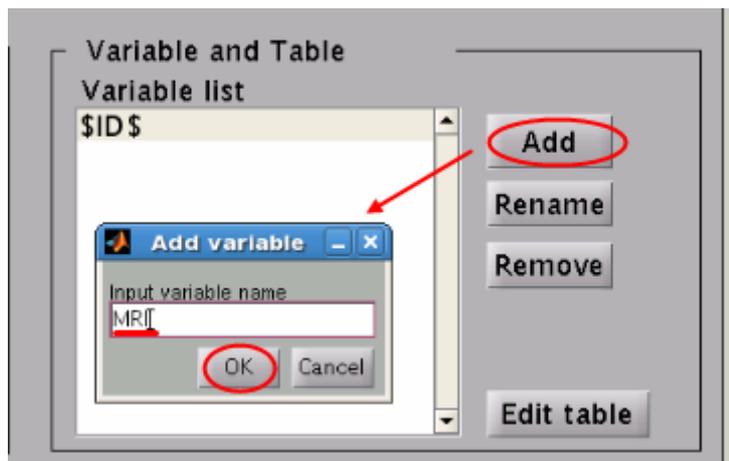


FS_left_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/lh.smoothwm.asc'
FS_right_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/rh.smoothwm.asc'
FS_left_infl_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/lh.inflated.asc'
FS_right_infl_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/rh.inflated.asc'
FS_left_curv_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/lh.curv.asc'
FS_right_curv_file	'/home/cbi/rhayashi/FS_DATA/\$ID\$/rh.curv.asc'
analyze_file	'/home/cbi/rhayashi/ANALYZE/\$ID\$/\$MRI\$.hdr'
brain_file	'./\$ID\$/brain/\$MRI\$.brain.mat'
area_file	'./\$ID\$/brain/\$MRI\$.area.mat'
act_file	'./\$ID\$/brain/\$MRI\$.act.mat'

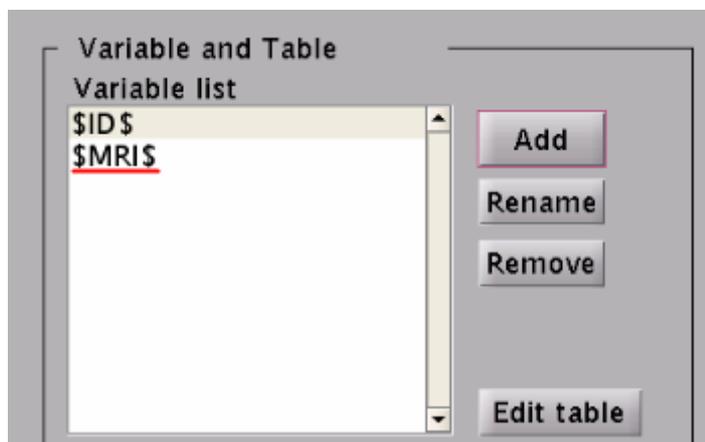
3. 全ての入力が終わったら、Save ボタンを押して、編集を終わる。

step3: 変数\$MRI\$を追加する

1. Variable and Table の Add ボタンを押し、表示されたダイアログで MRI と入力して OK ボタンを押す。

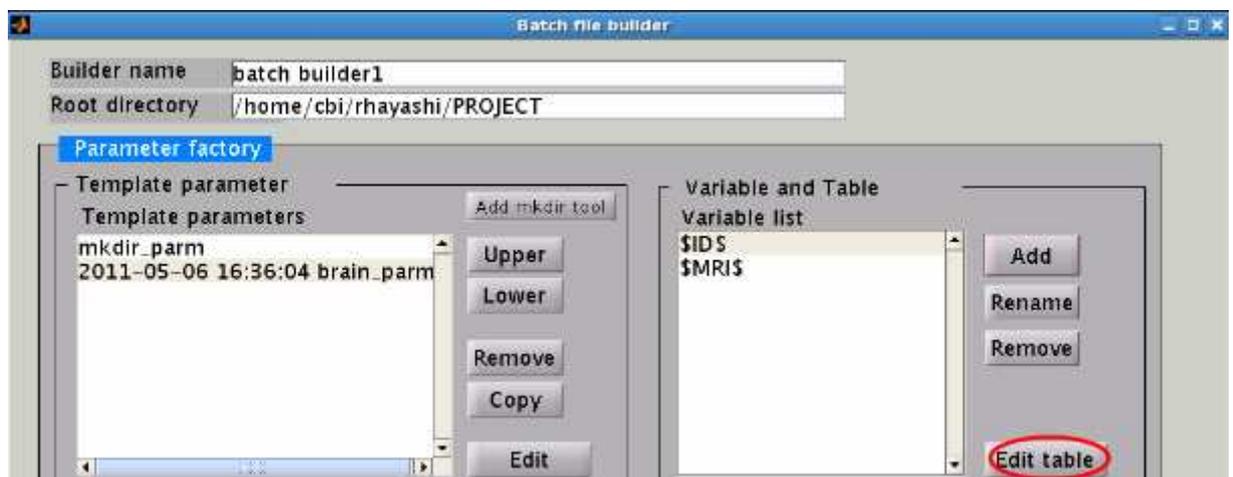


2. 変数が追加される。



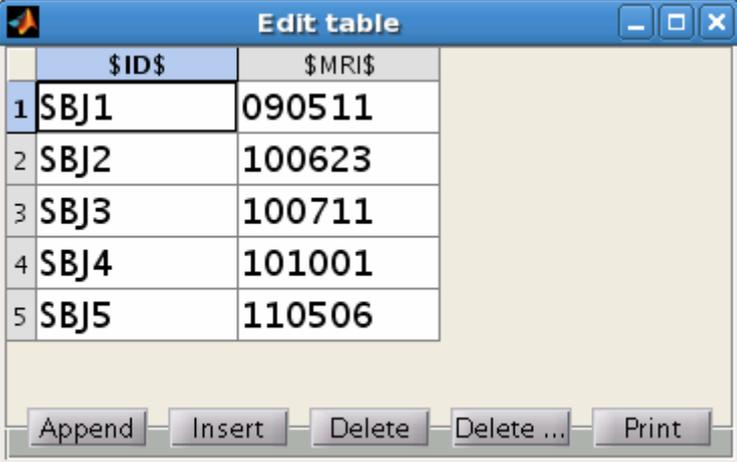
step4: 変数を定義する

1. Edit table ボタンを押すと、Table 編集画面が開く。



2. 以下のように値を入力し、右上の×で編集画面を閉じる。

Excel でデータをまとめておくと、Excel データをそのまま貼り付けることができる。



	\$ID\$	\$MRI\$
1	SBJ1	090511
2	SBJ2	100623
3	SBJ3	100711
4	SBJ4	101001
5	SBJ5	110506

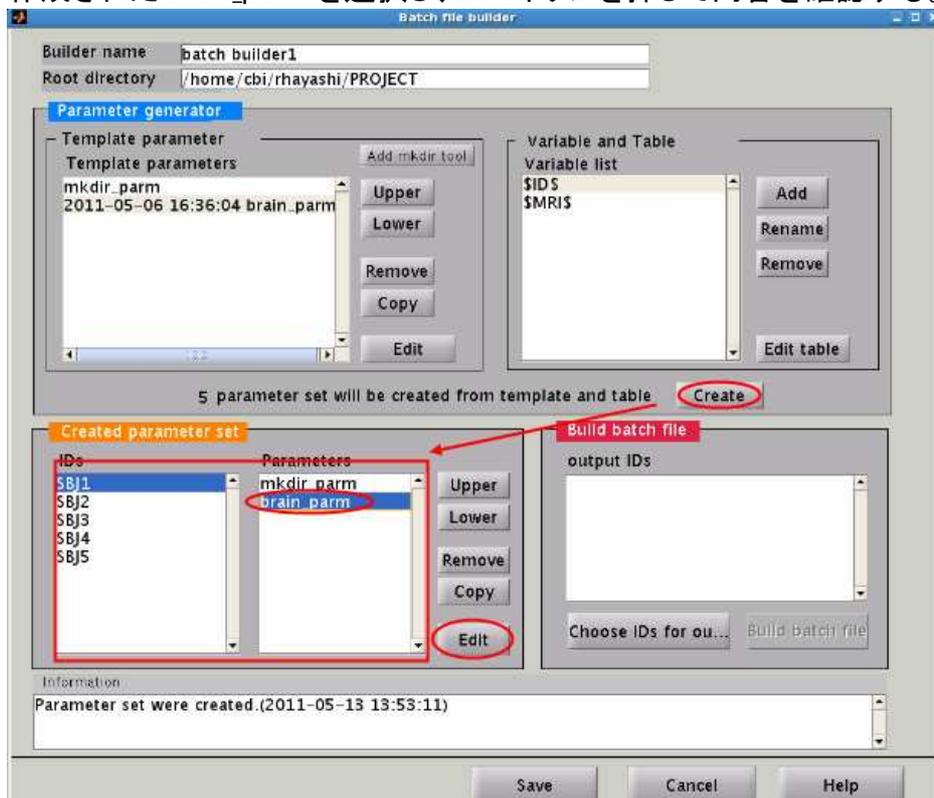
Buttons: Append, Insert, Delete, Delete ..., Print

step5: パラメータを作成する

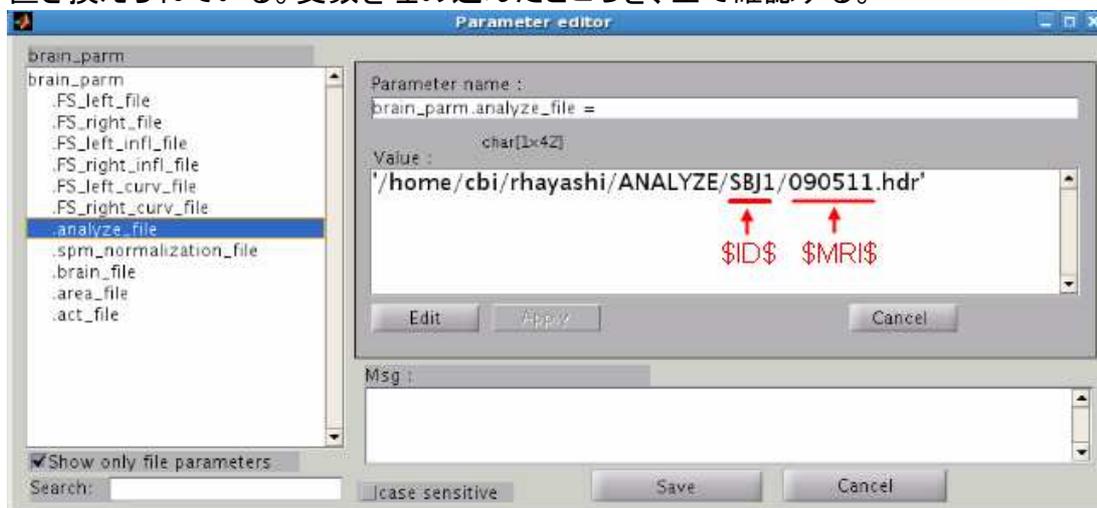
- 2 パラメータ(mkdir_parm, brain_parm) x 5 sets(テーブルの行数)が作成される。

1. Create ボタンを押すと、パラメータが作成される。

作成された brain_parm を選択し、Edit ボタンを押して内容を確認する。

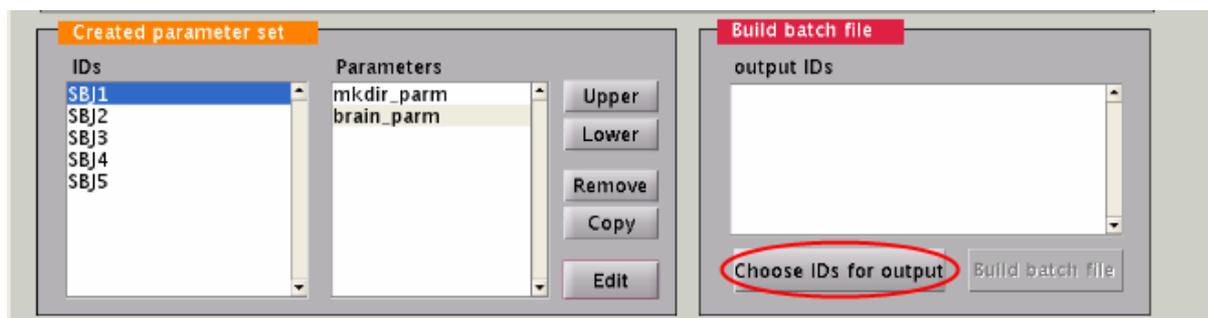


- 例えば、analyze_file フィールドを見ると、\$ID\$が SBJ1 に、\$MRI\$が 090511 に置き換えられている。変数を埋め込んだところを、全て確認する。



step6: バッチファイルを作成する

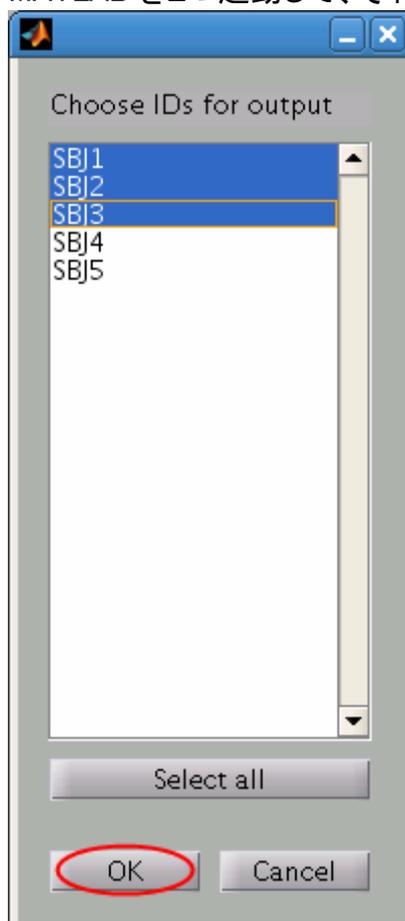
- Choose IDs for output ボタンを押す



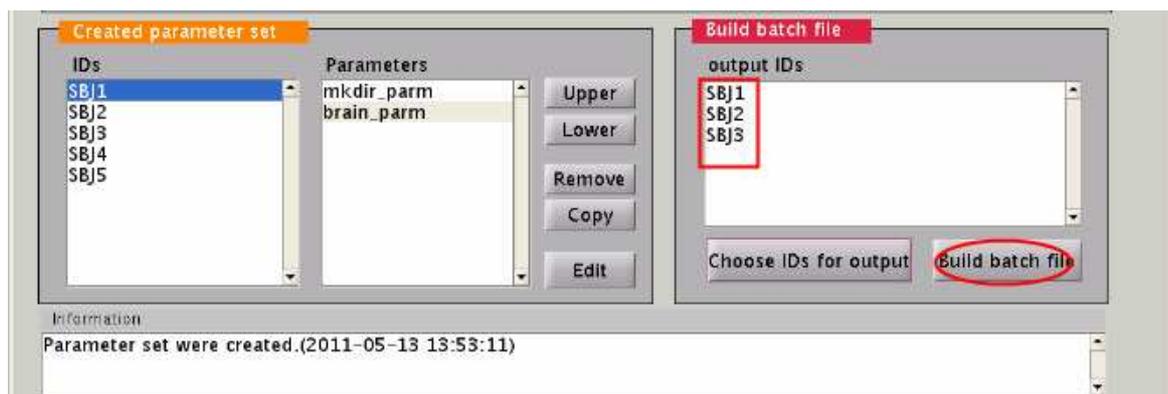
- バッチファイルに格納するパラメーターセットを選択する。

バッチファイルに格納されたパラメータは、シーケンシャルに実行されるため、電流分散推定などの時間がかかる処理が連続している場合、完了までかなりの時間を要する。このような場合は、並列処理を検討する。例えば、SBJ1, SBJ2, SBJ3 を含むバッチファイルと、SBJ4, SBJ5 を含むバッチファイル作成し、

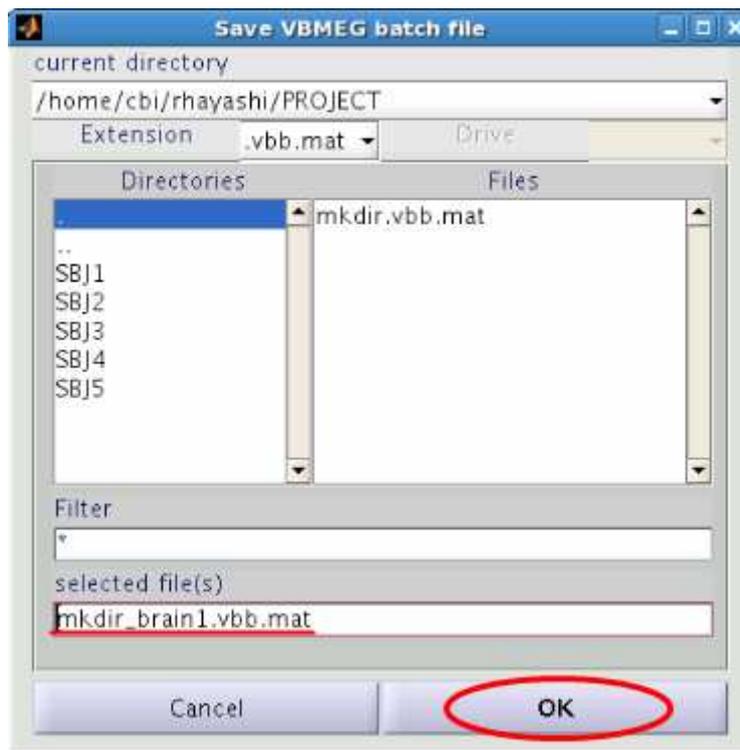
MATLAB を2つ起動して、それぞれの MATLAB 上でバッチ処理を実行する。



3. Build batch file ボタンを押す



4. ファイルダイアログが表示されるので、ファイル名を入力し、OK ボタンを押す
(拡張子*.vbb.mat)



step7: バッチ処理を実行する

1. バッチファイルのパスを引数として、MATLAB 上で `vb_run_batch` コマンドを実行する。

```
vb_run_batch('/home/cbi/rhayashi/PROJECT/mkdir_brain1.vbb.mat',
'/home/cbi/rhayashi/PROJECT/mkdir_brain1_log.txt');
```

2. 5名分のディレクトリの作成と脳モデルのインポートが完了した。

```
>> ! tree /home/cbi/rhayashi/PROJECT
/home/cbi/rhayashi/PROJECT
|-- SBJ1
|   |-- brain
|   |   |-- 090511.act.mat
|   |   |-- 090511.area.mat
|   |   `-- 090511.brain.mat
|   |-- current
|   |-- estimation
|   |-- fmri
|   |-- leadfield
|   `-- meg
|-- SBJ2
```

```
| |-- brain
| | |-- 100623.act.mat
| | |-- 100623.area.mat
| | `-- 100623.brain.mat
| |-- current
| |-- estimation
| |-- fmri
| |-- leadfield
| `-- meg
|-- SBJ3
| |-- brain
| | |-- 100711.act.mat
| | |-- 100711.area.mat
| | `-- 100711.brain.mat
| |-- current
| |-- estimation
| |-- fmri
| |-- leadfield
| `-- meg
|-- SBJ4
| |-- brain
| | |-- 101001.act.mat
| | |-- 101001.area.mat
| | `-- 101001.brain.mat
| |-- current
| |-- estimation
| |-- fmri
| |-- leadfield
| `-- meg
|-- SBJ5
| |-- brain
| | |-- 110506.act.mat
| | |-- 110506.area.mat
| | `-- 110506.brain.mat
| |-- current
| |-- estimation
| |-- fmri
| |-- leadfield
| `-- meg
```

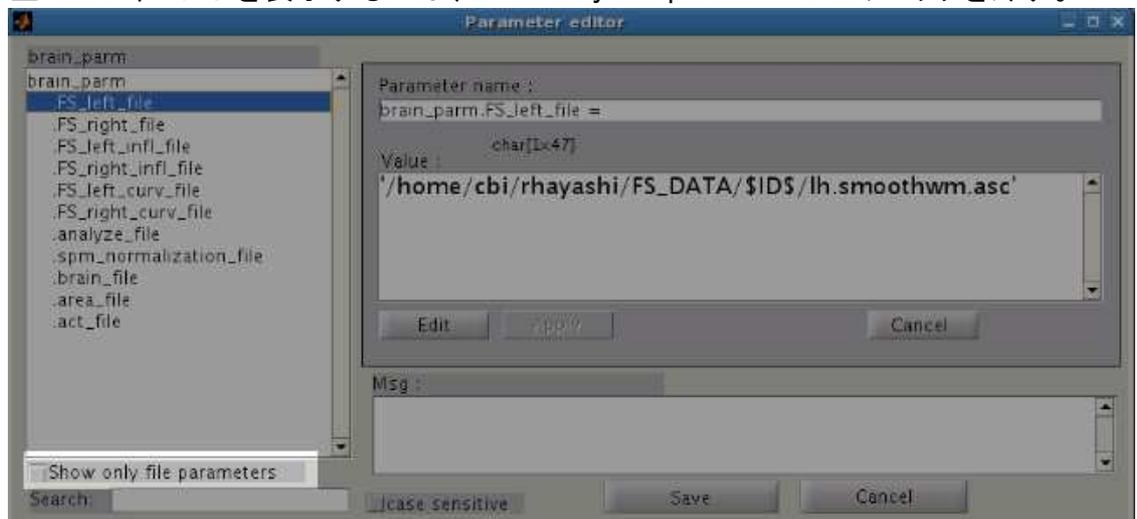
Tips

パラメータ編集画面

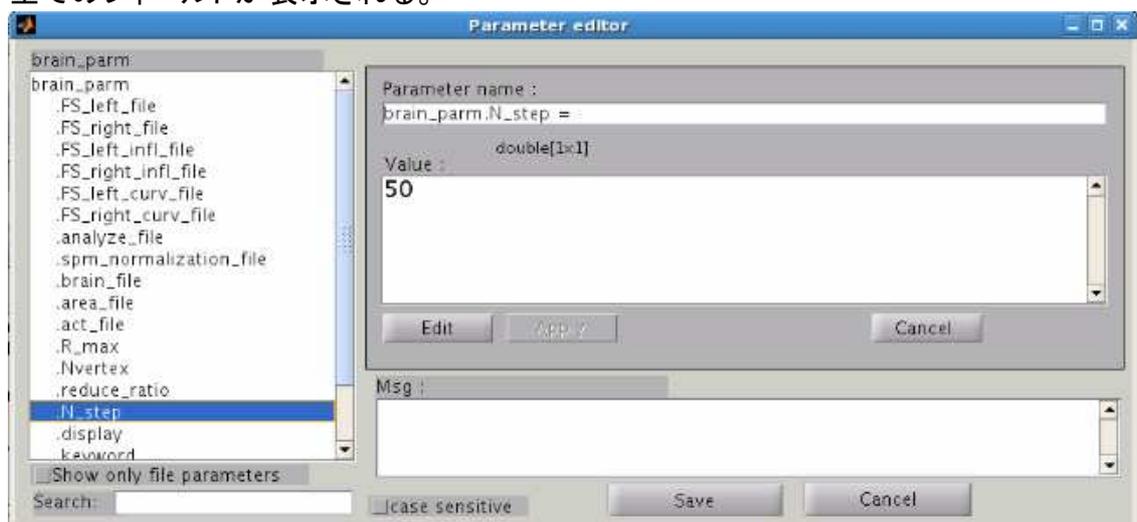
全てのフィールドを表示する

- デフォルトでは、ファイルに関連するフィールドのみが表示されている。

全てのフィールドを表示するには、Show only file parameters のチェックを外す。

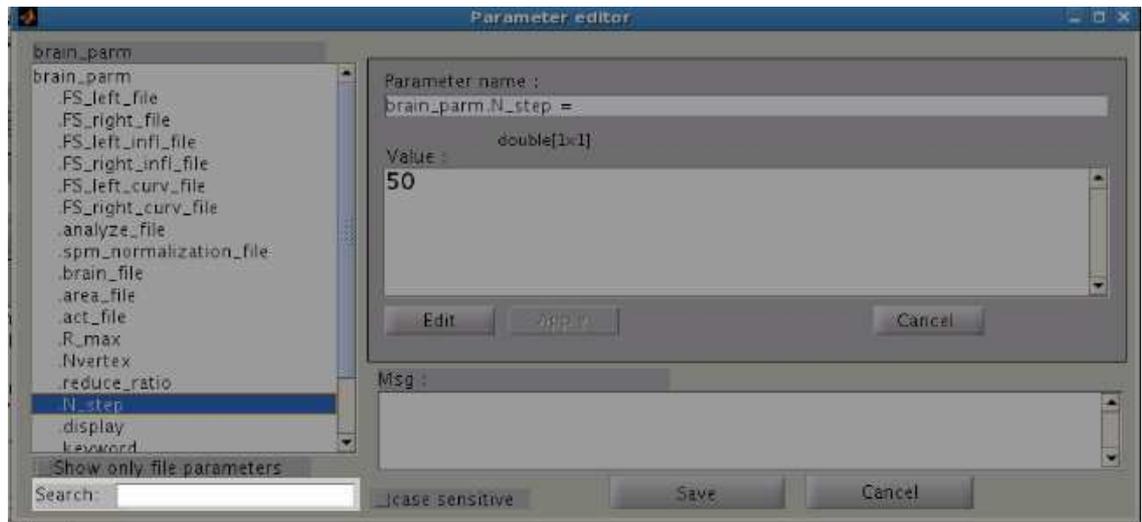


全てのフィールドが表示される。



特定の文字列をフィールド名または値に含むフィールドを探す

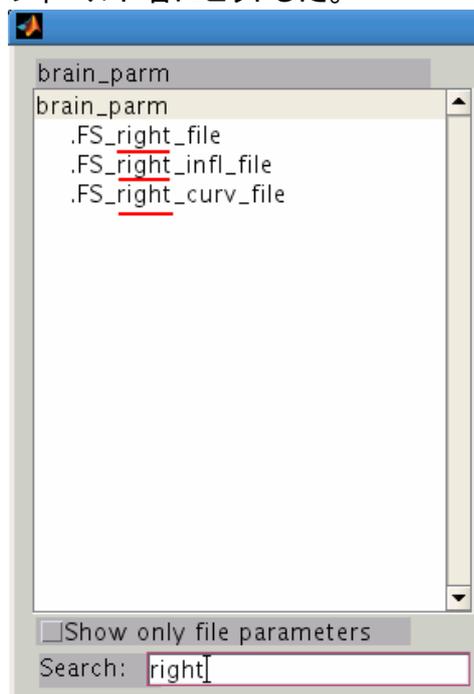
- Search: に探したい文字列を入れる。ワイルドカード(*)も使うことができる。



検索ワードに **right** を入力。

Search:

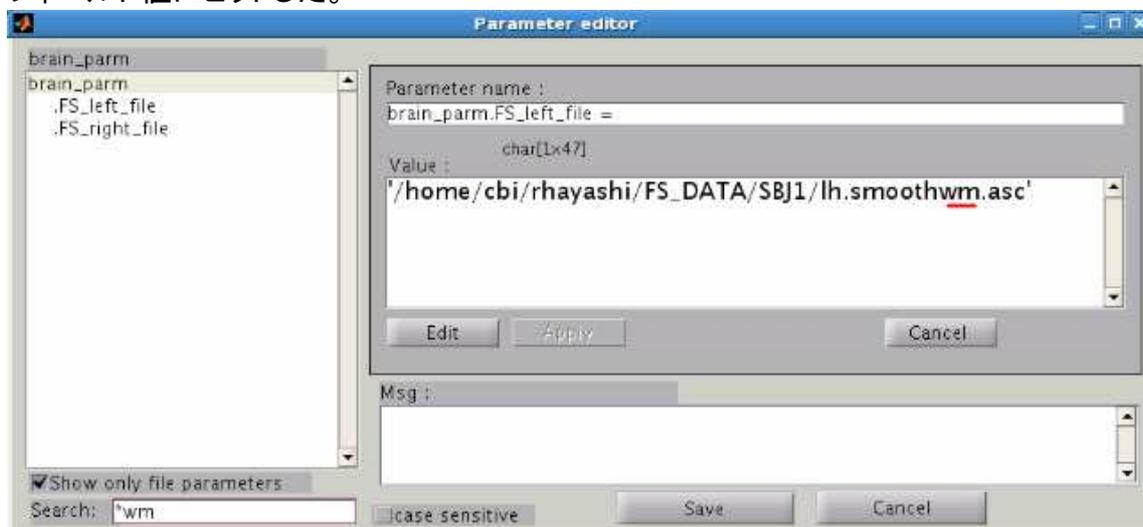
フィールド名にヒットした。



検索ワードを*wmに変更。

Search:

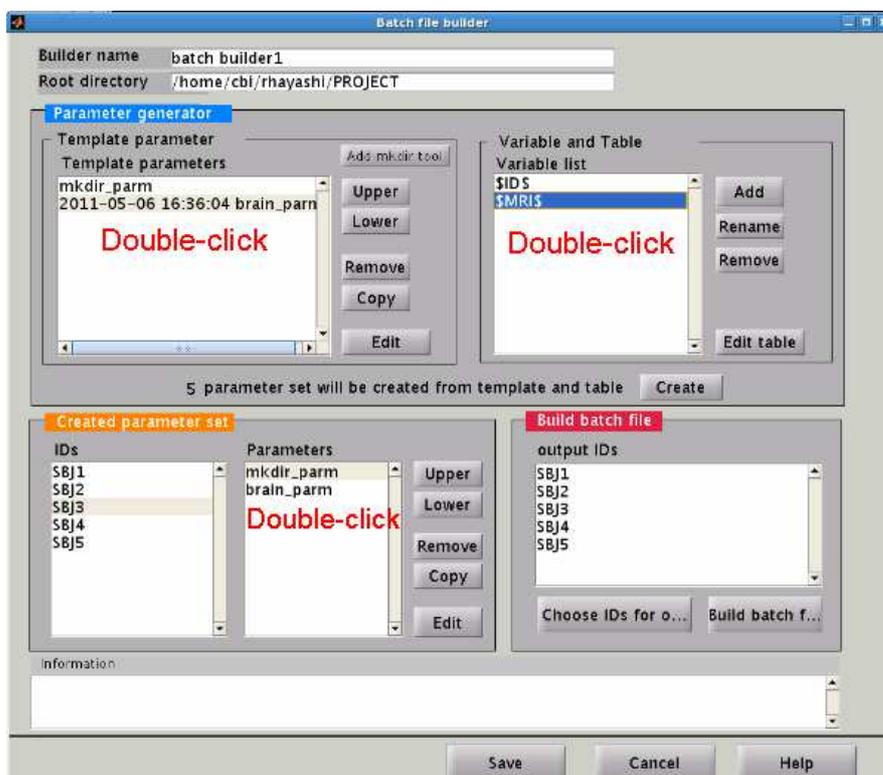
フィールド値にヒットした。



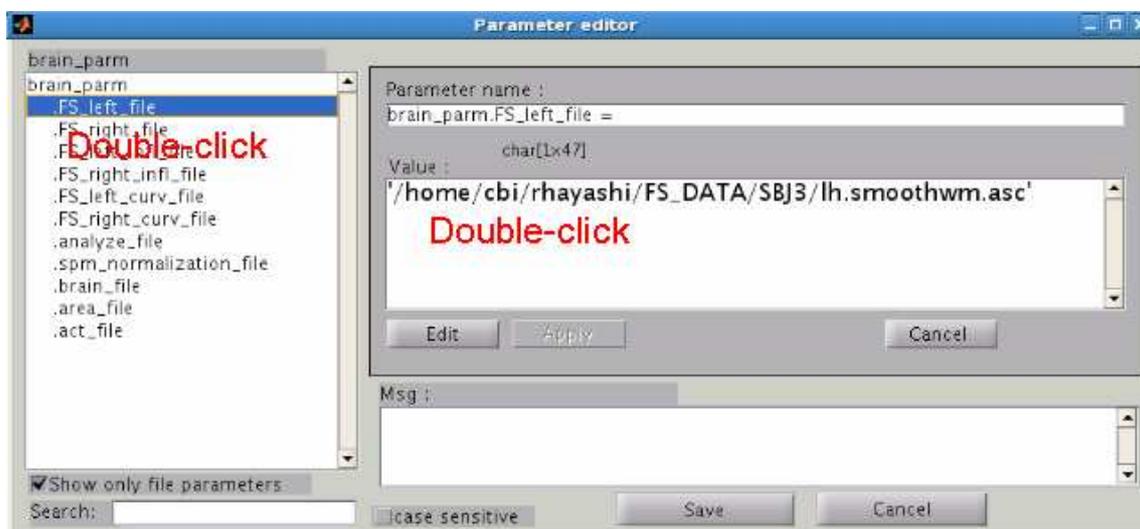
ダブルクリック操作

- ダブルクリックで、編集画面を開くことができる。

メイン画面



パラメータ編集画面



制約事項

- 現在、変数で変更できるフィールドは、文字列のフィールドに限ります。数値を変数から与えることはできません。