CORRÉLATIONS EN IRMF

Applications à la représentation de l'identité vocale

Marianne Latinus

Please cite this article in press as: Latinus et al., Norm-Based Coding of Voice Identity in Human Auditory Cortex, Current Biology (2013), http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2013.04.055

Current Biology *23*, 1–6, June 17, 2013 ©2013 Elsevier Ltd All rights reserved http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2013.04.055

Report

Norm-Based Coding of Voice Identity in Human Auditory Cortex

Marianne Latinus,[1,2,5,*] Phil McAleer,[1] Patricia E.G. Bestelmeyer,[1,3] and Pascal Belin[1,4,5,*]
[1]Institute of Neuroscience and Psychology, University of Glasgow, Glasgow G12 8QB, Scotland
[2]Department of Psychological and Brain Sciences, Indiana University, Bloomington, IN 47405, USA
[3]School of Psychology, Bangor University, Bangor, Gwynedd LL57 2AS, UK
[4]Département de Psychologie, Université de Montréal, Montréal, QC H2V 2S9, Canada
[5]Institut des Neurosciences de La Timone, UMR 7289, CNRS & Université Aix-Marseille, 13005 Marseille, France

to the pitch of voice), formant dispersion (FD, the average frequency difference between formants, related to vocal tract size [17]), and the harmonics-to-noise ratio (HNR, a measure of spectrotemporal regularity); together they defined a three-dimensional acoustical voice space (Figure 2A).

Experiment 1

In Experiment 1, recordings from 32 male and 32 female adult speakers uttering the syllable "had" [24] were subjected to a series of acoustical measures (Table S1; Figure S1; Supplemental Experimental Procedures). Each voice stimulus was represented as a point in the voice space with coordinates cor-

Corrélations entre distance au prototype et signal BOLD

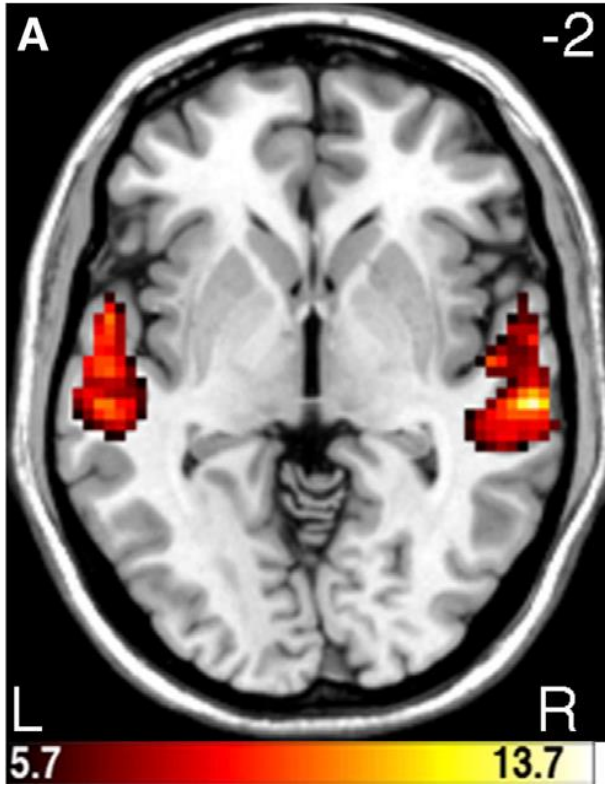
Designs

	Design	N stim	Voxel size	TR (s)	TA (s)
TVA	Block	40	$3mm^3$	2	2
XP1	Fast ER	126	$3mm^3$	2	1.5
XP2	Fast ER	64	$3mm^3$	3	2
XP3	Fast ER	64	$3mm^3$	2	1.5

Temporal
Voice Areas

P < 10-5
(uncorrected)

1096 voxels

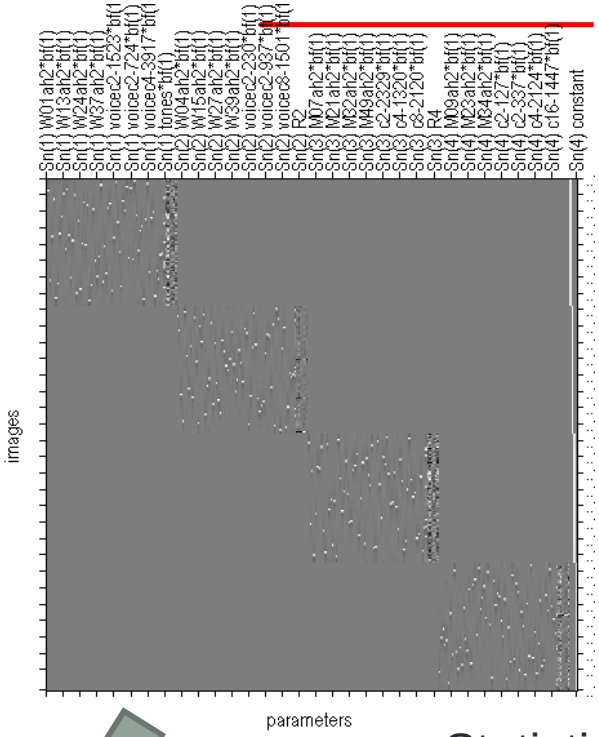


Analyse

Standard preprocessing pipeline:

- Correction des mouvements
- Coregistration
- Normalisation
- Smoothing (8mm)
- Analyse statistique en deux étapes:
  - Stat. individuelle
  - Stat. de groupe

Statistiques de premier niveau (sujet individuel): 1 regresseur par stimulus



XP1
126 betas

XP2
64 betas

Coregistration avec Voice Loc

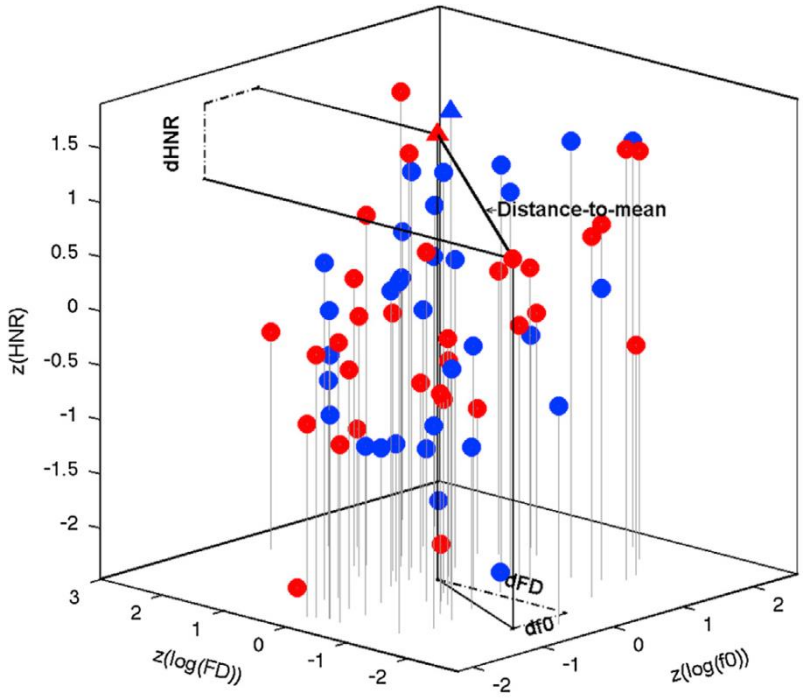
Extraction des paramètres bétas pour chaque voix dans chaque voxel du masque

Statistiques de second niveau (analyse de groupe): T-tests (126 ou 64)

Extraction des paramètres bétas pour chaque voix dans chaque voxel du masque

Analyse

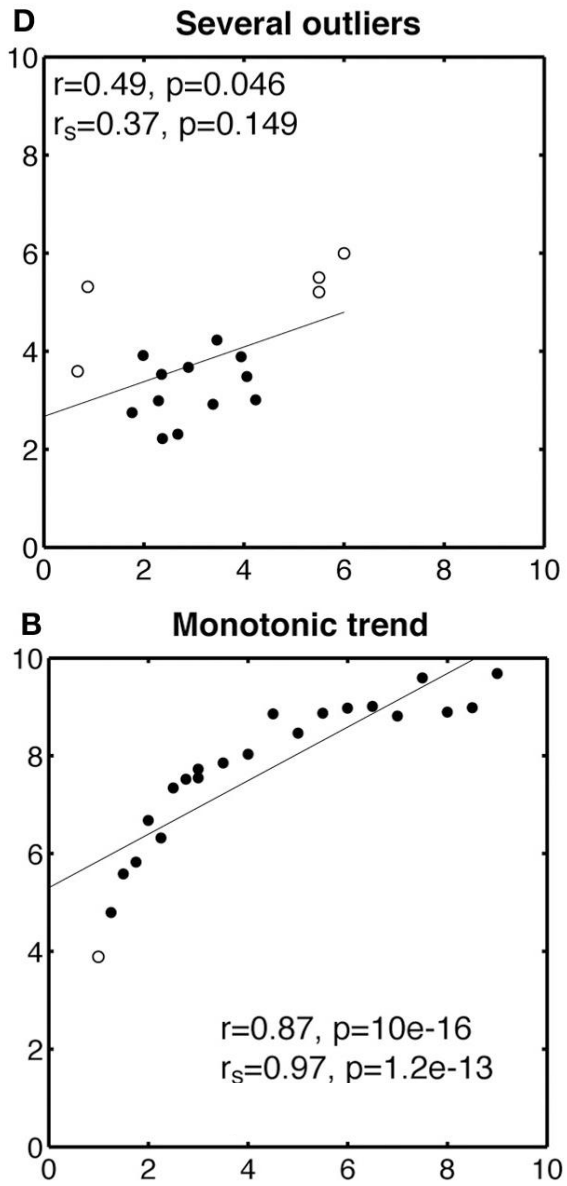
- Pour chaque voix:
  - Distance aux prototypes (male et femelle) dans espace 3D
  - Distance au barycentre de l'espace 3D
  - Estimation des paramètres béta dans chaque voxel du masque TVA



Corrélations entre "distances" et BOLD signal

Corrélations

- Correlations de Spearman
  - Equivaut à faire une corrélation de Pearson sur le rang
  - Plus robuste pour les données aberrantes univariées
  - Pas besoin d'une relation **linéaire**
- Analyse robuste
  - **Bootstrap** pour estimation de l'intervalle de confiance à 95%
  - Comparison statistique entre différentes corrélations
    - Mesure de la différence
  - Correction pour comparaisons multiples

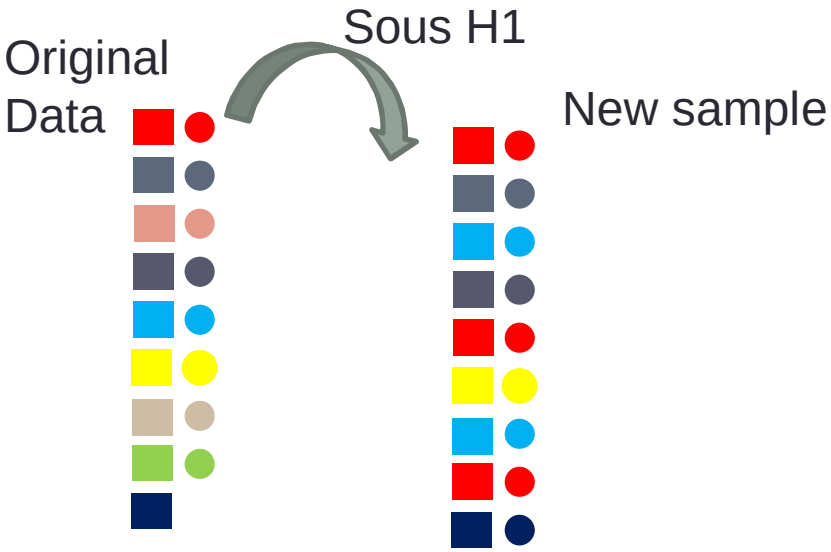


Rousselet & Pernet, Frontiers in Human Neuroscience, 2012

Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Créer une distribution de rho pour estimer p

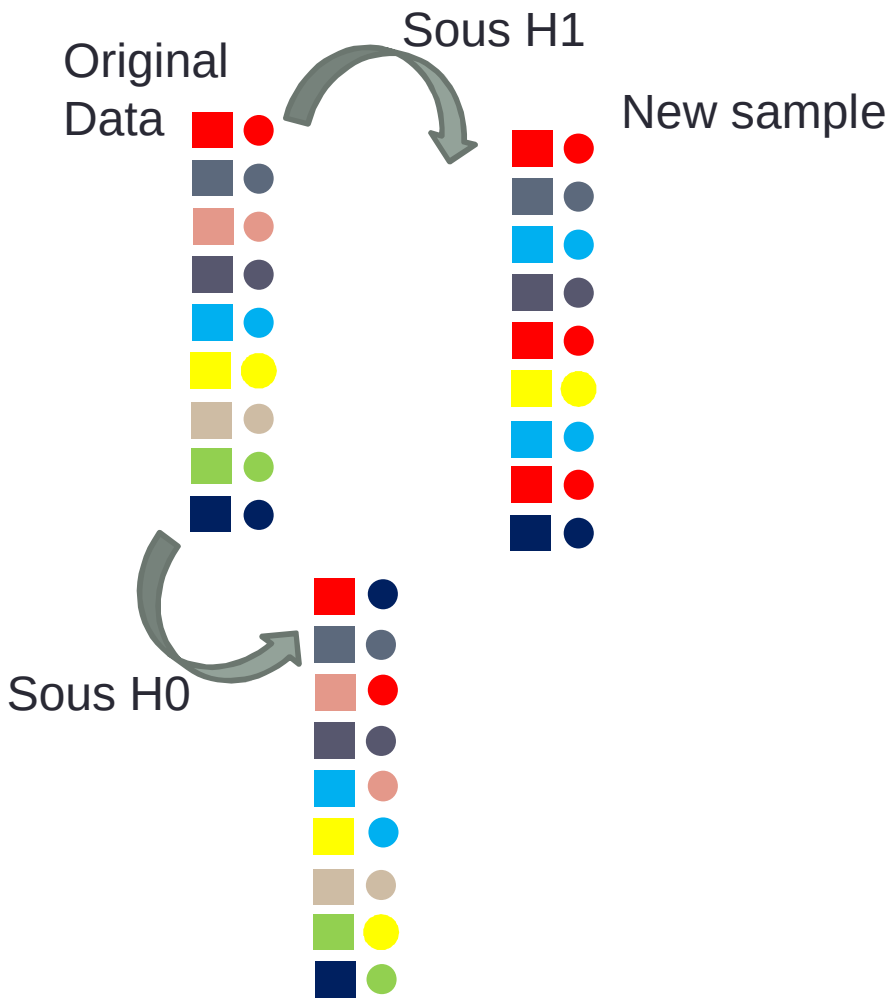
1. **Re-echantillonage**
   a. **Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes**
   b. Sous H0: sans remplacement, casser les paires
2. Mesure du coefficient de correlation
3. Répéter 2 et 3, N fois (9999 fois)
   - Distributions de rhos sous H1 et sous H0
   - Trier les éléments
   - Obternir
     - CI95%
     - Valeur seuil de rho



Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Créer une distribution de rho pour estimer p

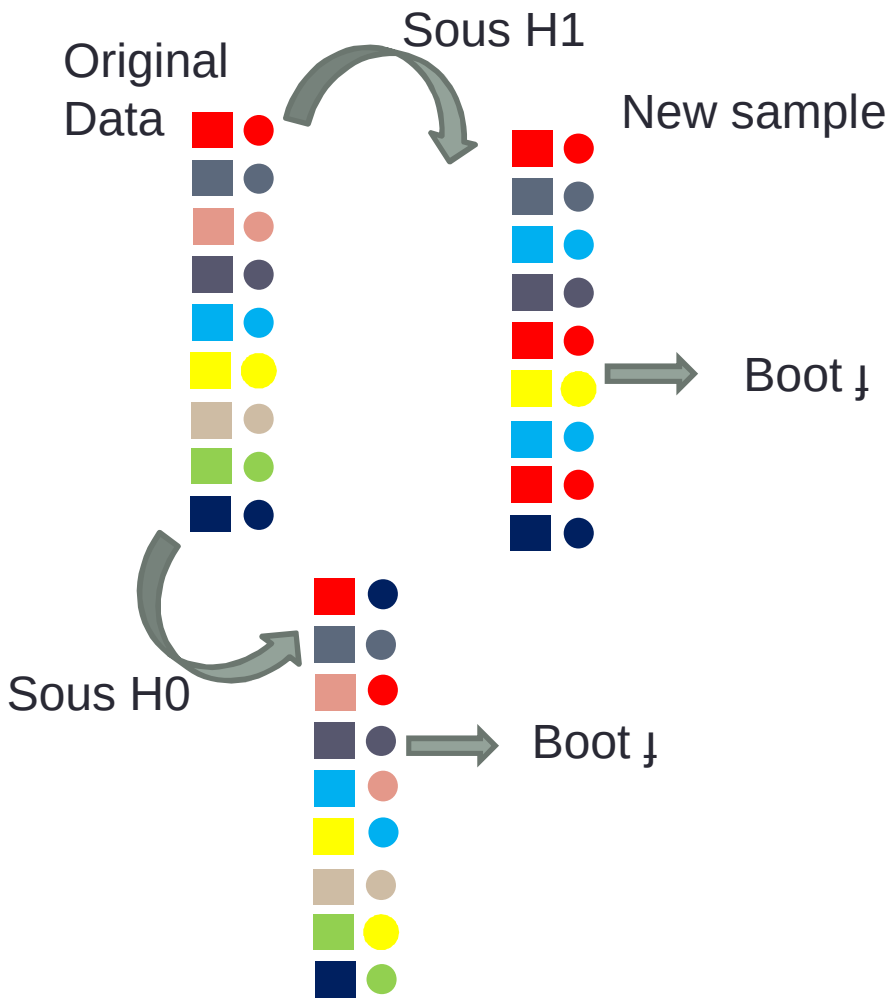
1. **Re-echantillonage**
   a. **Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes**
   b. **Sous H0: sans remplacement, ñcasserò les paires**
2. Mesure du coefficient de correlation
3. Répéter 2 et 3, N fois (9999 fois)
   - Distributions de rhos sous H1 et sous H0
   - Trier les éléments
   - Obternir
     - CI95%
     - Valeur seuil de rho



Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Créer une distribution de rho pour estimer p

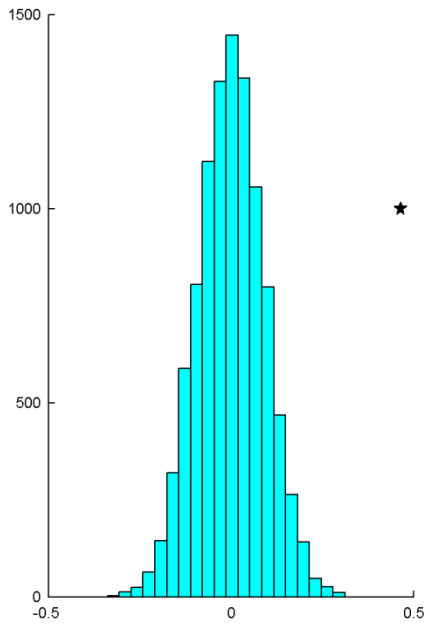
1. Re-echantillonage
   a. Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes
   b. Sous H0: sans remplacement, casser les paires
2. **Mesure du coefficient de correlation**
3. Répéter 2 et 3, N fois (9999 fois)
   - Distributions de rhos sous H1 et sous H0
   - Trier les éléments
   - Obternir
     - CI95%
     - Valeur seuil de rho



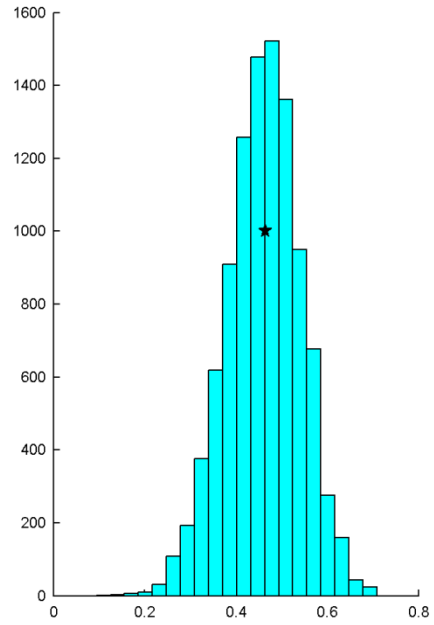
Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Créer une distribution de rho pour estimer p

1. Re-echantillonage
   a. Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes
   b. Sous H0: sans remplacement, casser les paires
2. Mesure du coefficient de correlation
3. Répéter 1 et 2, N fois (9999 fois)
   - **Distributions de rhos sous H1 et sous H0**
   - Trier les éléments
   - On obtient
     - CI95%
     - Valeur seuil de ɟ



Sous H0

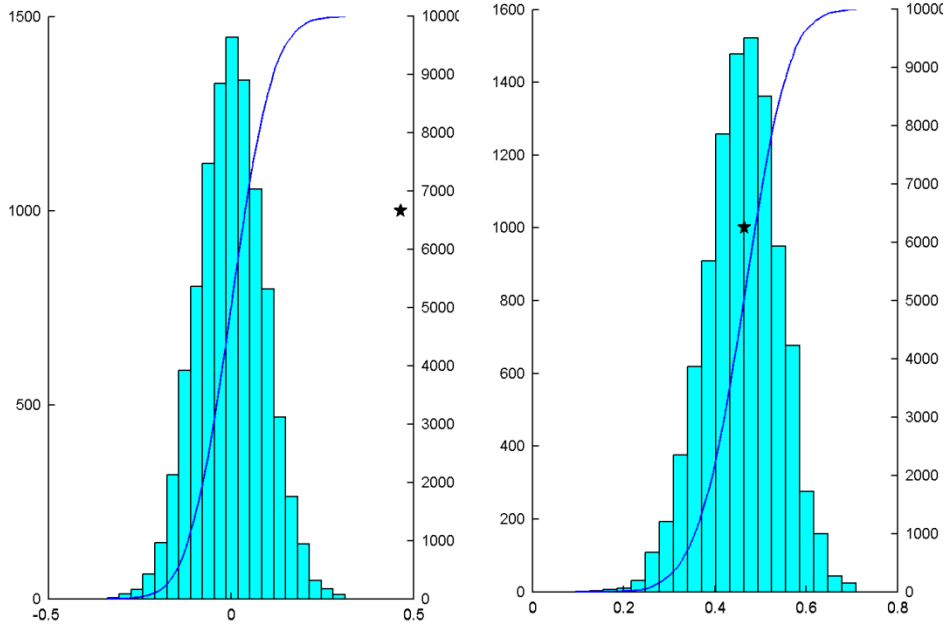


Sous H1

Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Estimation de la significativité.

1. Re-echantillonage
   a. Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes
   b. Sous H0: sans remplacement, casser les paires
2. Mesure du coefficient de correlation
3. Répéter 1 et 2, N fois (9999 fois)
   - **Distributions de rhos sous H1 et sous H0**
   - **Trier les éléments**
   - On obtient
     - CI95%
     - Valeur seuil de ɟ



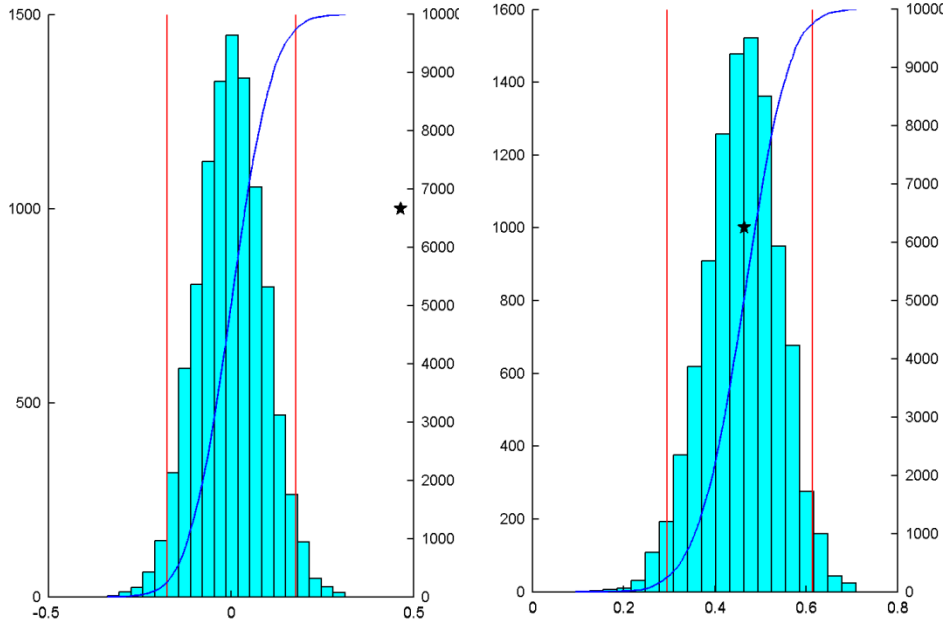
Sous H0 Sous H1

Significativité des corrélations

Sous H1: Estimation du CI95%
Sous H0: Créer une distribution de rho pour estimer p

1. Re-echantillonage
   a. Sous H1: avec remplacement, garder les paires constantes
   b. Sous H0: sans remplacement, casser les paires
2. Mesure du coefficient de correlation
3. Répéter 1 et 2, N fois (9999 fois)
   - **Distributions de rhos sous H1 et sous H0**
   - **Trier les éléments**
   - **On obtient**
     - **CI95%**
     - **Valeur seuil de ɟ**
     - **Valeur de p:**

       somme(abs(rho_h0) > valeur empirique))/nb de bootstrap

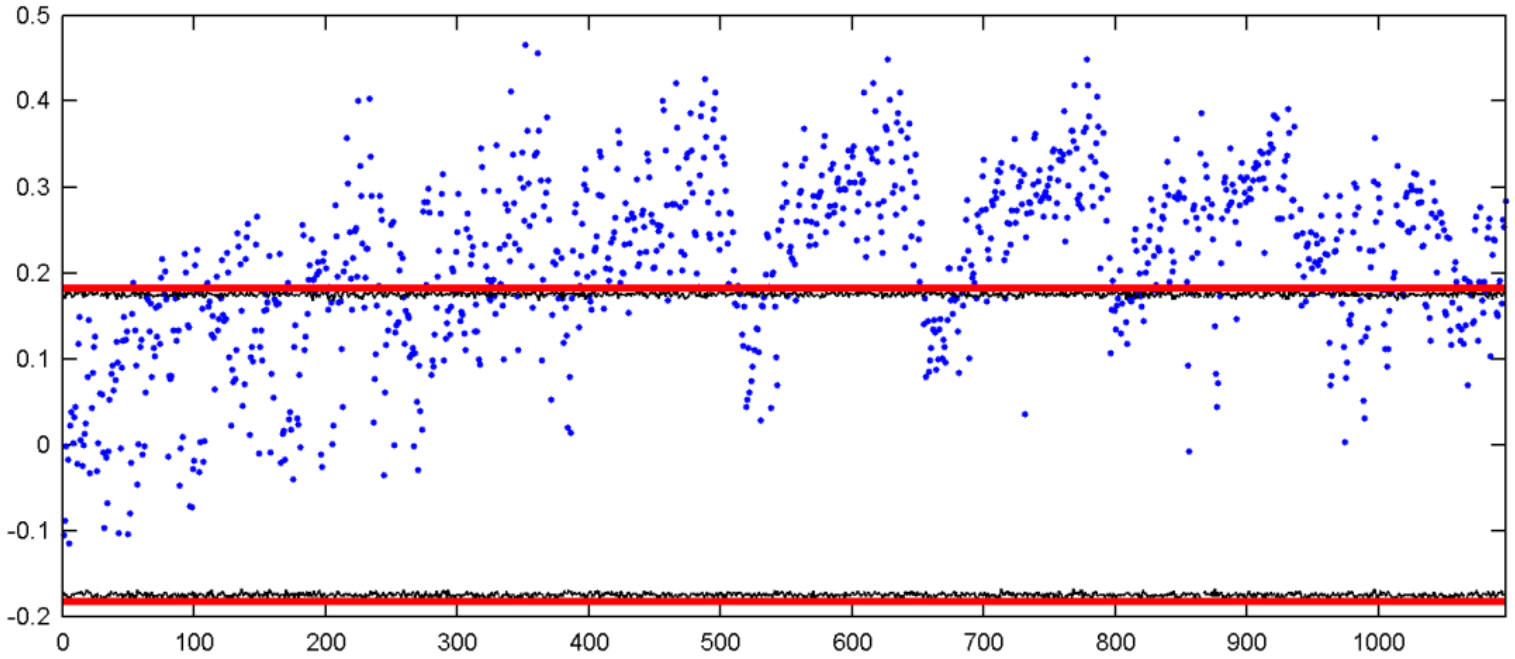


Sous H0 Sous H1

p < 0.001

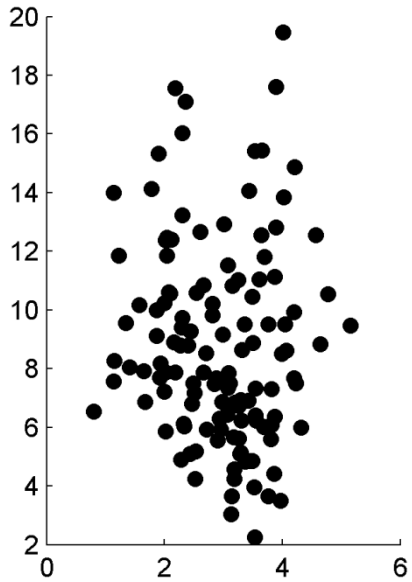
Correction pour comparaisons multiples

- Valeur seuil de rho par voxel
- Mcc = valeur maximum sur tous les voxels

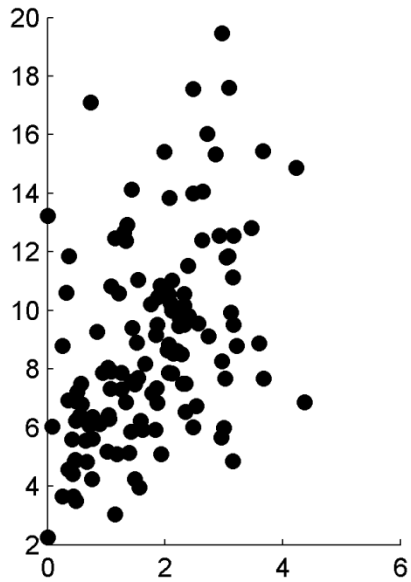


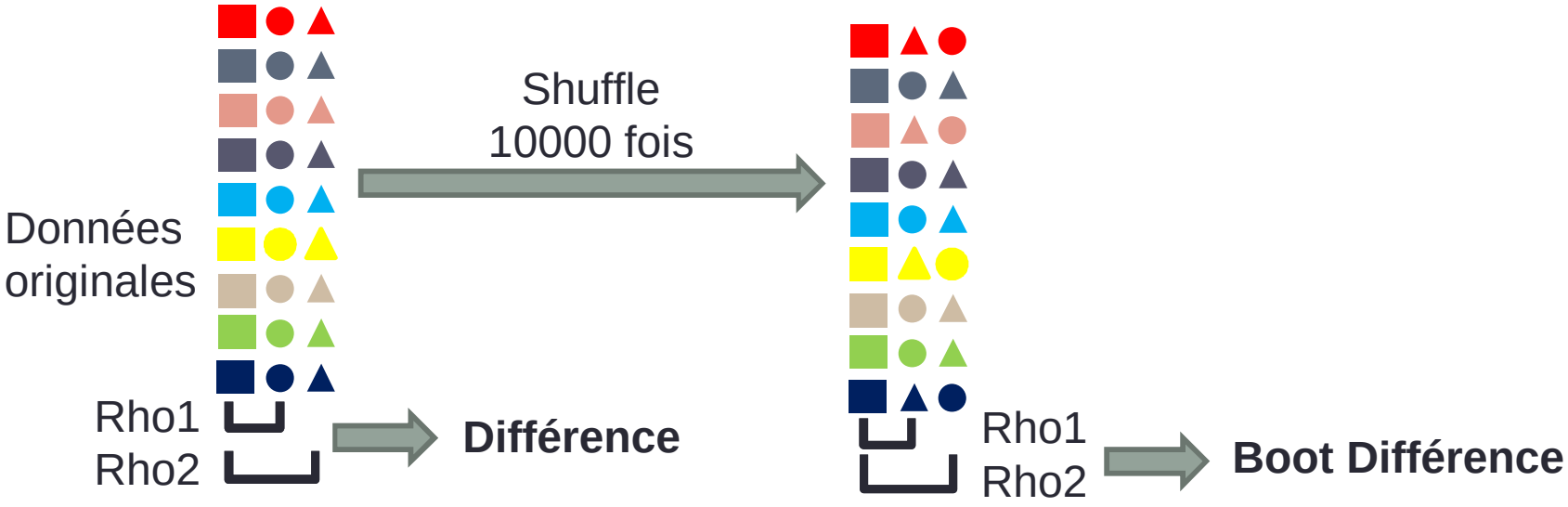
Comparer deux correlations

Distance au barycentre
Rho = -0.11
p = 0.2179



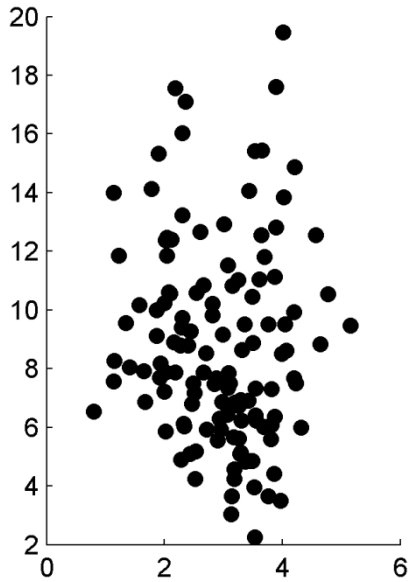
Distance à la moyenne
Rho = 0.47
P < 0.001



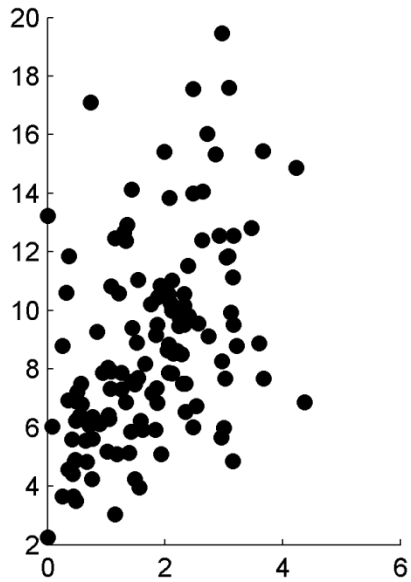


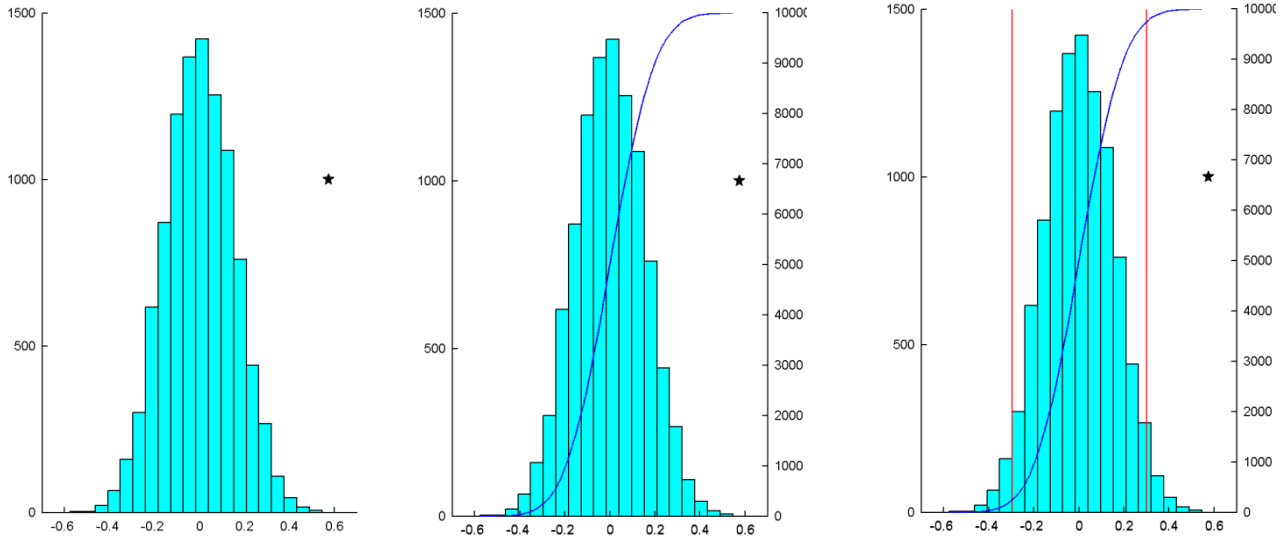
Comparer deux correlations

Distance au barycentre
Rho = -0.11
p = 0.2179



Distance à la moyenne
Rho = 0.47
P < 0.001





Différence significative
p<0.001