

Fundació ACE-Institut Català de Neurociències Aplicades Another Command Line Interface for Neuroimaging Analysis

Introducción

Esta es una interfaz de línea de comandos pensada para facilitar el análisis de neuroimagen por métodos establecidos perviamente. La interfaz asume una serie de decisiones como la amplitud del smooth que se realiza o el número de procesos paralelos que se lanzan. Está optimizada para el servidor de procesamiento actual y deberá revisarse y optimizarse si este cambia.

La interfaz del flujo de trabajo utiliza fundamentalmente dos herramientas: Freesurfer ([Athinoula A. Martinos Center for Biomedical Imaging](#)) y FSL ([Analysis Group](#), FMRIB, Oxford, UK). El proceso consta de varios pasos para ir desde las imágenes NifTI-1 hasta las métricas de estudio y lo que se ha construido es un forma fácil (más o menos) y probada (mmm, casi) de ir realizando los pasos necesarios.

Configurando el estudio

- El primer paso es crear el estudio en cuestión a realizar. Para son necesarios dos pasos. Primero ejecutar el comando,

```
make_std.pl estudio
```

Este comando crea, entre otras cosas, un directorio con el nombre del estudio que será en adelante el espacio de trabajo. Además crea el archivo `.config/neuro/estudio.cfg` con toda la información de las variables de entorno.

- El segundo paso es crear un archivo de nombre ***estudio.csv*** con los códigos y la clasificación de cada paciente (ad, mci, con) a analizar en formato CSV y separados por punto y coma. Ejemplo:

```
...
0095;con
0096;mci
0097;ad
0098;mci
0099;ad
0100;mci
0101;ad
0102;mci
0103;mci
0104;ad
0105;con
0106;ad
0107;ad
0108;ad
0109;mci
0110;mci
0111;mci
0112;mci
...
```

Los códigos deben ser un conjunto de 4 caracteres numéricos y la clasificación un conjunto de entre 1 y 4 caracteres alfabéticos. Este archivo debe ubicarse dentro del directorio del estudio, creado anteriormente (data/estudio/). La idea inicial es poder dividir fácilmente los sujetos por grupos pero en caso de no tener esta información, o no desear utilizarla, el código puede ser cualquiera (por ejemplo *uk*)

- Por último se han de organizar adecuadamente las imágenes en formato NifTI-1 dentro del estudio. Para cada tipo de imagen debe crearse el directorio apropiado. (Véase el archivo de configuración creado en el paso 1). Las imágenes correspondientes han de copiarse en el directorio apropiado con el formato:

[clasificación][código]s[serie].nii.gz

siendo la clasificación y el código las dadas en el archivo **estudio.csv** y la serie es un número de cuatro cifras para distinguir las diferentes imágenes de un mismo sujeto.

Ejemplo, las imágenes MRI del sujeto *001* con clasificación *uk* han de almacenarse como

```
data/estudio/mri/uk0001s0001.nii.gz
data/estudio/mri/uk0001s0002.nii.gz
data/estudio/mri/uk0001s0003.nii.gz
```

NifTI-1 a FreeSurfer

Para la extracción de métricas de las imágenes MRI estas deben convertirse a FreeSurfer. Esto se hace con el comando,

```
fs12fs.pl estudio
```

Este comando crea la estructura necesaria y convierte las imágenes del estudio en formato FreeSurfer.

Procesamiento MRI

Para extraer las métricas se ha de correr el comando,

```
precon.pl estudio
```

El proceso de cálculo puede tomar varios días, dependiendo de la cantidad de sujetos del estudio. Las métricas de cada sujeto quedan alojadas en *data/subjects/estudio_sujeto/stats/*

Chequeo de errores de FreeSurfer

Una vez que el proceso de extracción de métricas haya terminado se debe revisar que no ha habido errores en su ejecución. Para ello se ejecuta el comando,

```
check_fs_run.pl estudio
```

La salida del comando nos dirá en que sujetos ha habido errores y que archivo debemos mirar con más atención.

Obtención de métricas

El comando para obtener las métricas calculadas es,

```
mri_metrics.pl estudio
```

De esta manera se obtiene el archivo **estudio_mri.csv** con las métricas morfológicas de cada sujeto situado en el directorio del estudio.

Procesamiento DTI

Las imágenes DTI proporcionan una medida de el movimiento ordenado en el cerebro a través de los vectores de movimiento en cada punto. Las medidas que se usan para describir este movimiento, como la anisotropía fraccional (FA) o la difusividad media (MD), no son más que distintas definiciones de normas de estos vectores. Dado que estas medidas son equivalentes hemos escogido la FA.

El comando,

```
dti_reg.pl estudio
```

corrige, procesa y coregistra al espacio *FMRI58* cada una de las imágenes DTI del estudio.

Obtener estadísticas DTI

Se obtiene el valor medio y la desviación estandard de FA de varias regiones de materia blanca. Estas regiones son las definidas por los *Atlas JHU*, elaborados en la Johns Hopkins University.

El comando,

```
dti_metrics.pl estudio
```

extrae estas métricas y las copia en el archivo *estudio_dti.csv*, situado en el directorio del estudio.

Procesamiento PET-FDG

El primer paso para analizar las imágenes PET-FDG es registrarlas a un espacio común (Hemos elegido el espacio MNI). Para ello es necesario tener las imágenes MRI previamente procesadas con Freesurfer. El script es capaz de buscar y convertir las imágenes necesarias y copiarlas al directorio de trabajo (*data/estudio/working/*).

El comando a utilizar para el coregistro es,

```
pet_reg.pl -e estudio
```

esto dará como resultado el registro de los PET-FDG al espacio MNI.

Es posible limitar el número de sujetos utilizando la opción *-cut* como en el script de extracción independiente.

```
pet_reg.pl -e estudio -cut cuts.csv
```

Esto se ha pensado para realizar el registro de los PET sólo en un grupo seleccionado de sujetos. El registro es lento y esto permite procesar por lotes. El script de registro en el espacio MNI produce además un informe de dicho registro en el archivo *data/estudio/working/pets/index.html* que puede consultarse para comprobar que el registro de todas las imágenes se haya producido satisfactoriamente.

Tras esto solo hay que decidir que normalización ha de hacerse y que ROI debe analizarse. Por ejemplo,

```
cd data/estudio/working; for x in *_pet_inMNI*; do a=`echo $x | awk -F"_" '{print $1}' | sed 's/mci//;s/hc//'; b=`fslstats $x -k /opt/neuro.dev/lib/bin_rpons_vermis.nii.gz -M`; c=`fslstats $x -k /opt/neuro.dev/lib/ADNI_Composite.nii.gz -M`; echo $a, `echo $c/$b | bc -l` ; done > ../slandau.csv
```

normaliza por pons todos los pet-fdg de los sujetos catalogados como mci o hc y halla el valor medio de la ROI de trabajo de ADNI.

Esta línea está aquí a modo de ejemplo pero también puede hacerse con el comando,

```
parallel_fdg_adnroi_metrics.pl estudio
```

que deja los resultados en el archivo, *estudio_fdg_adni_suvr_predef.csv*. Ver más sobre las ROI de ADNI en: <http://adni.loni.usc.edu/methods/research-tools/>

Procesamiento PET-PIB

Aquí el procedimiento es similar pero registramos la imagen al espacio anatómico del sujeto con el comando,

```
pib_reg.pl -e estudio
```

y luego se extrae el valor medio en el cortex, normalizado por el cerebelo, con el comando,

```
parallel_pib_rois_metrics.pl estudio
```

los resultados se escriben en el archivo *estudio_pib_fs_suvr_predef.csv*

Procesamiento PET-FBB

Idéntico procedimiento el registro se realiza con el comando,

```
fbf_correct.pl -e estudio
```

y luego se extrae el valor medio en el cortex, normalizado por el valor en la materia gris del cerebelo, con el comando,

```
parallel_fbb_rois_metrics.pl estudio
```

los resultados se escriben en el archivo *estudio_fbb_fs_suvr_predef.csv*