**MANUAL PARA EL PROCESAMIENTO**

**DE IMÁGENES DE DTI DEL PROYECTO ‘AGES II’**

javisantoja@gmail.com

Este manual está referido a la función de MATLAB ‘*Run\_DTI\_Pipeline\_AGESII.m*’, adjuntada. También se adjuntan 1) algunas subfunciones requeridas por ‘*Run\_DTI\_Pipeline\_AGESII.m*’, 2) una carpeta llamada ‘*Subjects\_Original\_Data*’, donde se guardarán las imágenes nifti que servirán de input al programa (el sujeto de prueba *Sub1* se encuentra en su interior), 3) una carpeta llamada ‘*Sub1’,* que se corresponde con la carpeta de output de Freesurfer para este sujeto, 4) la carpeta ‘*connectome’,* donde se guardará el output de las operaciones de Motion Correction (en su interior se encuentra este output para el sujeto ‘*Sub1*’) y 5) los archivos de configuración (*Configuration files*) para las operaciones de Motion Correction y Tracula (*Configuration\_File\_DWI\_Template.txt*  y *Tracula\_AGESII\_Template.txt*, respectivamente).

*Run\_DTI\_Pipeline\_AGESII.m* controla el procesamiento de las imágenes de DTI con Tracula, un programa contenido en Freesurfer (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/Tracula>). Para que esta función se realice correctamente, se requiere que estén instalados en el sistema Freesurfer (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>) y ANTs (<http://stnava.github.io/ANTs>); además, la parte de Motion Correction requiere de la instalación de spm12 en MATLAB. El output que nos interesa se corresponde con los valores de Fractional Anisotropy, Mean, Radial y Axial Diffusivity en cada uno de los 18 tractos principales (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsTutorial/TraculaOutputs>).

A demás necesitra SPM8… Por que?? Solo Javier lo sabe…

Es necesario tener en la carpeta de SPM8 el toolbox de VBM8 que se pude descargar aquí(<http://www.neuro.uni-jena.de/vbm/download/)>

A demás utiliza ambas versiones, por lo que es necesario poder cambiar de versión con una función llamada spms.m.

No solo eso. A demás es necesario importar los paths necesarios para ejecutar freesurfer, fsl y ANTS. Esa importación se ha hecho en el

El input de esta función es ‘*Dir*’, el directorio raíz donde vienen adjuntados todos los archivos y carpetas.

Las operaciones que ‘Run\_DTI\_Pipeline\_AGESII.m’ realiza son divididas en 3 partes:

**PARTE 1: INICIALIZACIÓN**

En este paso, la función enumera los sujetos que se van a procesar (mirando la carpeta ‘*Subjects\_Original\_Data*’). Despues, crea las *configuration files* para los subsiguientes programas. Esto lo hace sustituyendo los strings ‘HEREGOESTHEDIRECTORY’ y ‘HEREGOESTHE SUBJECTSNAME’ por el directorio y el nombre del sujeto correspondiente en cada caso, obtenido del input *Dir*. Se crean nuevas conf files, llamadas ‘*Configuration\_File\_DWI.txt*’ y ‘*Tracula\_AGESII.txt*’.

En la carpeta adjuntada, estos archivos han sido modificados para el sujeto de prueba *Sub1*.

**PARTE 2: MOTION CORRECTION**

En esta parte, se ejecuta la función ‘*DWI\_Correction\_Pipeline\_AGESII*’, la cual realiza varios algoritmos de preprocesamiento (ver el script de la función para ver cuáles son estos pasos). Despues, se colocan los archivos en las carpetas correspondientes dentro del directorio de outputs de Freesurfer (en nuestra carpeta, el directorio de *Sub1*) para poder ejecutar Tracula. Esta reorganización de archivos consiste básicamente en copiar la imagen de diffusión, los bvals, los bvecs, y las imágenes creadas tras el motion correction de FA, MD, RD y AD a los directorios ‘*dmri’ y ‘dlabel’.*

**PARTE 3: TRACULA**

En esta parte se ejecuta Tracula, mediante el comando ‘*trac-all*’, ejecutado en el sistema. Se divide en tres partes, el preprocesamiento (‘*-prep*’), el bedpost (‘*-bedp*’) y la construcción de paths (‘*-path*’). Nótese que la ejecución de Tracula dura mucho tiempo, especialmente el paso de bedpost, que puede durar 8-10 horas.

Los valores de FA, MD, RD y AD para cada tracto se pueden encontrar en los archivos llamados ‘*pathstats.overall.txt*’, dentro de la carpeta de cada tracto en el directorio ‘*dpath*’, contenido en la carpeta de output de Freesurfer de cada sujeto.

En el sujeto de prueba *Sub1*, por tanto, tras haber ejectuado todo el programa, se deberían encontrar los outputs requeridos para, por ejemplo, el tracto llamado ‘Corpus Callosum Forceps Major’ en:

./AgesII\_DTI/Sub1/dpath/fmajor\_PP\_avg33\_mni\_bbr/pathstats.overall.txt

spms.m

function spms(spmver)

%SPM switcher

%You can select to run eithr SPM8 or SPM12

%Usage; spms will bring up a dialogue to select which SPM you want to run

% spms(8) will run SPM8 and spms(12) will run SPM12 directory.

%%Specification of the parent directory of spm

%Please specify the location of your spm installation.

%This script assumes that your spm12 or spm8 is installed under this

%directory.

%For example

%Windows: c:\spm

%MacOSX: /Users/your\_username/spm

%Linux: /home/your\_username/spm

spm\_path='TYPE/HERE/YOUR/SPM/PATH';

if nargin == 0

    SelectVer = questdlg('Which SPM do you want to run?',...

        'Select SPM ver.','spm12','spm8','spm12');

else

    SelectVer = ['spm' num2str(spmver)];

end

%remove spm paths

while true

    try

        evalc('spm\_rmpath;');

        catch break;

    end

end

%add paths for your selected spm

addpath(genpath(fullfile(spm\_path,SelectVer)));

%clear

clear classes

%run spm

%spm;

return;