1. **两种模态进行抑郁症检测**

**1.1运行文件，图1所示：**



图1

**1.2输入：**

输入形式为经过处理后的影像组学特征格式为.csv文件结尾

分别为fMRI和sMRI。

输入地址默认为（不要乱动），图2所示：

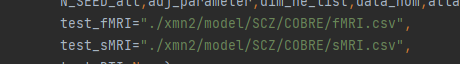


图2

用户上传文件，将文件放在以上位置，后端负责读取该文件，推荐一次进行多个患者的测试。

**1.3输出：**

输出分为预测概率和构图可视化。

1.首先，概率地址默认为：

./xmn2/model/SCZ/COBRE/145/models\_aal\_116/models\_true\_VCDN/alff\_gmv\_adj\_parameter\_10/s.txt

内容为：1.预测正常概率+-标准差 2.预测抑郁症概率+-标准差。

2 ./xmn2/results/COBRE/文件中存储可视化结果，如图3所示。可视化文件夹命名规则为患者{ id } \_test。

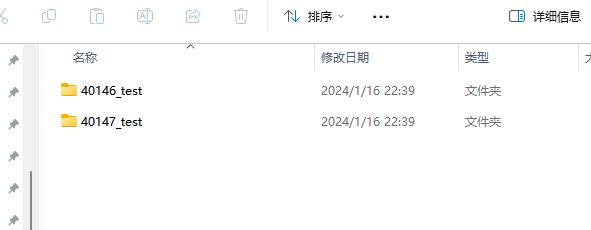


图3

以40146\_test为例，40146\_test中有如下1，2，3…文件夹，存放的为五折交叉验证的结果，如图4所示。

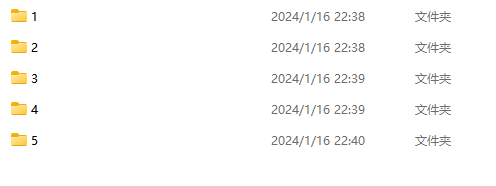


图4

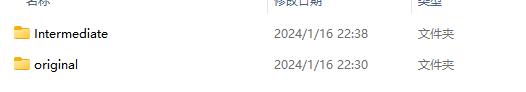


图5

Intermediate为经过图神经网络后的构图；Original为原始图。Original文件夹中含有如图6的文件：

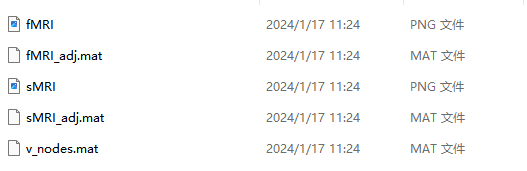


图6

fMRI、sMRI分别为对应的graph（png）。fMRI\_adj.mat、sMRI\_adj.mat和v\_nodes.mat存储了graph的邻接矩阵和节点，方便与用户交互。

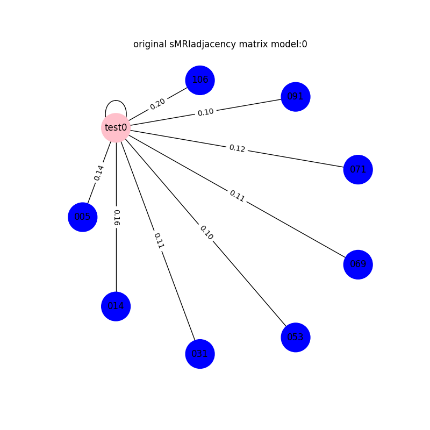


图7展示了原始图

1. **三种模态进行抑郁症检测**

**2.1输入文件：**



图8运行文件

**2.2输入：**

输入形式为经过处理后的影像组学特征格式为.csv文件结尾

分别为fMRI、sMRI和DTI。

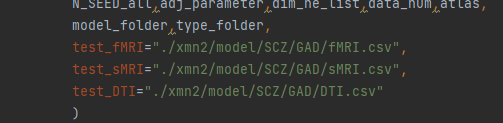


图9默认输入地址

**2.3输出：**

输出同1，地址有所不同。

概率地址默认为：

**./xmn2/model/SCZ/GAD/56\_new/models\_aal\_116/models\_true\_VCDN/3+s+d\_adj\_parameter\_10/s.txt。**

可视化地址为：./xmn2/results/GAD/文件中均为可视化结果。