

# TOAD tutorial

**Auteur :** GT Vallet

**Version :** v0.2.4 du 2016/03/19

## 1 Références fondamentales

Avant de commencer à utiliser TOAD, nous vous recommandons de lire les articles suivant afin de mieux comprendre les analyses utilisées par le pipeline :

- [Jones, D. K., & Cercignani, M. \(2010\). Twenty-five pitfalls in the analysis of diffusion MRI data. \*NMR in Biomedicine\*, 23\(7\), 803–820.](#)
- [Smith, R. E., Tournier, J. D., Calamante, F., & Connelly, A. \(2012\). Anatomically-constrained tractography: Improved diffusion MRI streamlines tractography through effective use of anatomical information. \*NeuroImage\*, 62\(3\), 1924–1938.](#)
- [Tournier, J.-D., Mori, S., & Leemans, A. \(2011\). Diffusion tensor imaging and beyond. \*Magnetic Resonance in Medicine\*, 65\(6\), 1532–1556. \[PDF\]](#)

## 2 Pré-requis

### 2.1 Compte sur les serveurs UNF

Pour utiliser TOAD au CRIUGM, il faut disposer d'un compte sur les serveurs informatiques de l'unité. Ce compte peut être personnel ou celui d'une équipe. L'informaticien de l'UNF, [Mathieu Desrosiers](#), est en charge de la création et de la gestion de ces comptes.

### 2.2 Ligne de commande

L'ensemble des outils de TOAD repose sur des commandes à entrer dans un terminal. L'introduction à l'usage de la ligne de commande et d'un terminal va au-delà de TOAD. Ainsi, nous vous renvoyons à de la documentation externe, par exemple :

- [Tutoriel OpenClassRooms](#)

### 2.3 Utilisation de SSH

L'utilisation de TOAD nécessite une connexion à distance entre votre ordinateur et les serveurs de l'UNF (même si vous utilisez les salles de traitement du centre). Il est vivement recommandé d'utiliser le protocole SSH. Ce dernier est installé par défaut sur les ordinateurs Apple McIntosh et sur les distributions GNU/Linux. Pour Windows, nous vous renvoyons à différentes documentations externes :

- [Tutoriel sur CommentCaMarche.net](#)
- [Tutoriel OpenClassRooms](#)
- [Vidéo Youtube en anglais](#)

### 2.4 Ajouter TOAD à votre session

#### 2.4.1 Savoir si TOAD est disponible

Afin de pouvoir utiliser TOAD, vous devez ajouter ses sources à votre session. Tout d'abord, connectez-vous à votre session sur un des serveurs du l'UNF :

```
# Remplacer 'username' par votre identifiant UNF
ssh -Y username@stark.criugm.qc.ca
```

Pour savoir si TOAD est déjà disponible, taper la commande suivante :

## which toad

Si la commande retourne un chemin d'accès du genre `/usr/local/toad/...`, vous n'avez rien de plus à faire. Si la commande ne retourne rien (écran vide), c'est que TOAD n'est pas disponible depuis votre session et que vous devez l'ajouter.

### 2.4.2 Ajouter TOAD

Si vous utilisez TOAD que très occasionnellement, vous pouvez sourcer TOAD à *chaque fois* que vous vous connectez au serveur en tapant la ligne de commande suivante :

```
source /usr/local/toad/etc/unf-toad-config.sh
```

Sinon, vous pouvez ajouter cette ligne de commande à votre profil de session pour que TOAD soit automatiquement ajouté à votre session à chaque connexion :

1. Ouvrir/Créer le fichier `~/.bash_profile`

```
vi ~/.bash_profile
```

2. Passer en mode 'édition' pour ajouter du texte en appuyant sur **i**
3. Copier cette ligne à la fin du document (sans les guillemets) : `source /usr/local/toad/etc/unf-toad-config.sh`
4. Pour sauvegarder et quitter l'éditeur, presser d'abord la touche **échappe** (ESC) puis taper **:wq** (ne pas oublier les deux points!)
5. Rafraîchir la mémoire de l'ordinateur pour tenir compte de cette modification :

```
source ~/.bash_profile
```

## 3 Récupération et préparation des données de neuroimagerie

### 3.1 Depuis la plateforme de l'UNF

La solution la plus simple et pratique pour la récupération des données de neuroimagerie acquises à l'unité de neuroimagerie fonctionnelle (UNF) est d'utiliser la plateforme mise à disposition sur le site internet de l'UNF. Cette plateforme s'occupe de la préparation des données et de leur compression pour un téléchargement et partage simplifié. Elle est accessible soit depuis **le site internet de l'unité de neuroimagerie** (Menu **Services** puis **Récupération des données IRM**), soit directement depuis **la plateforme de téléchargement**.

#### 3.1.1 Préparation des données

1. Connectez-vous à <https://unf-montreal.ca>
2. Entrer votre identifiant et mot de passe de votre compte UNF
3. Sélectionner les données à récupérer et cliquer sur **Préparer les images** (garder le choix par défaut pour la compression des images **tar.gz**)
4. Donner un nom à l'archive à télécharger, pour notre exemple **unf-data** et cliquer sur **Soumettre**

Les données seront prêtes à télécharger après quelques instants. **Ne fermer pas** votre fenêtre de navigation, nous y reviendrons après.

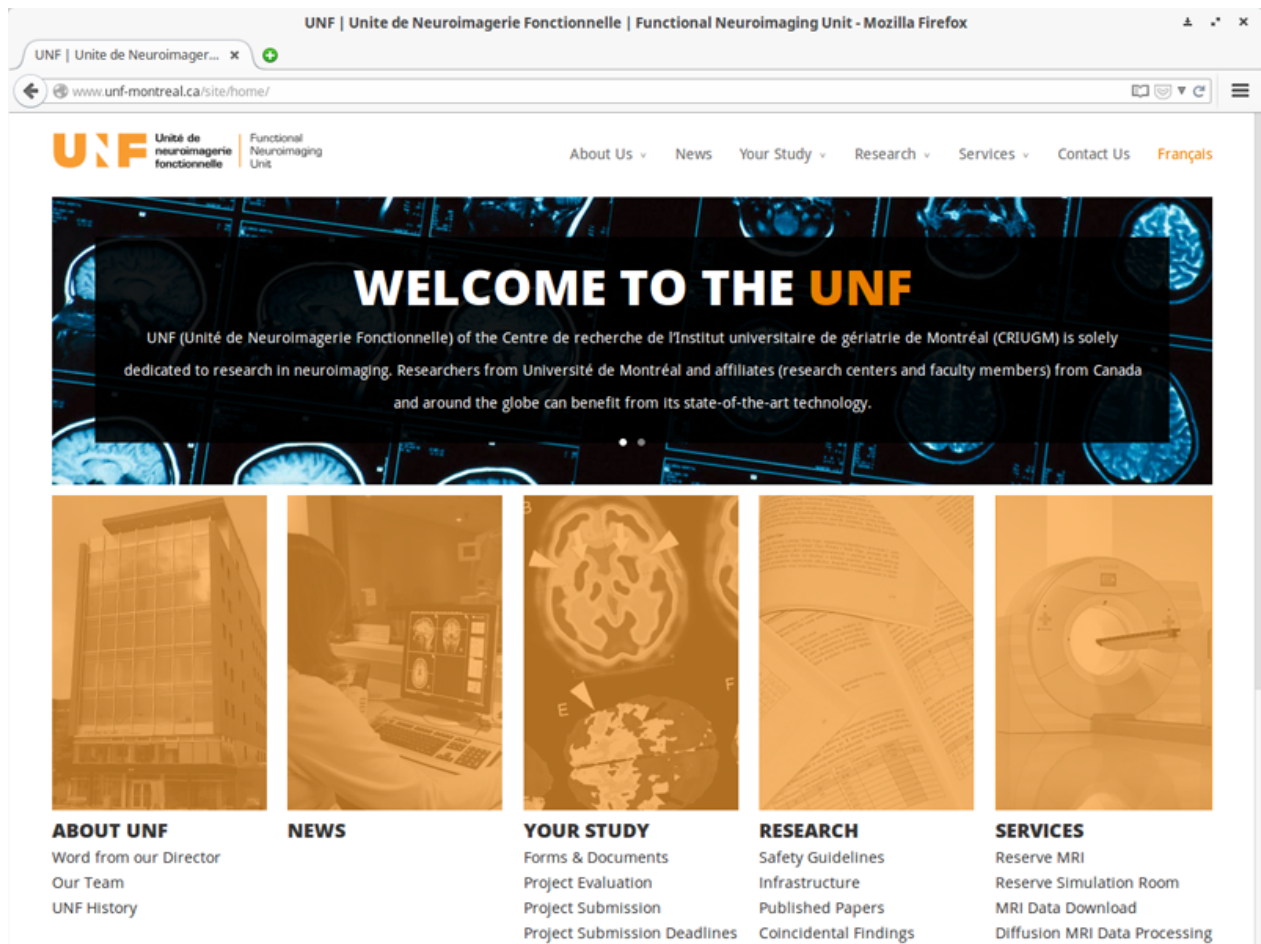


FIGURE 1 – Page d'accueil de l'UNF

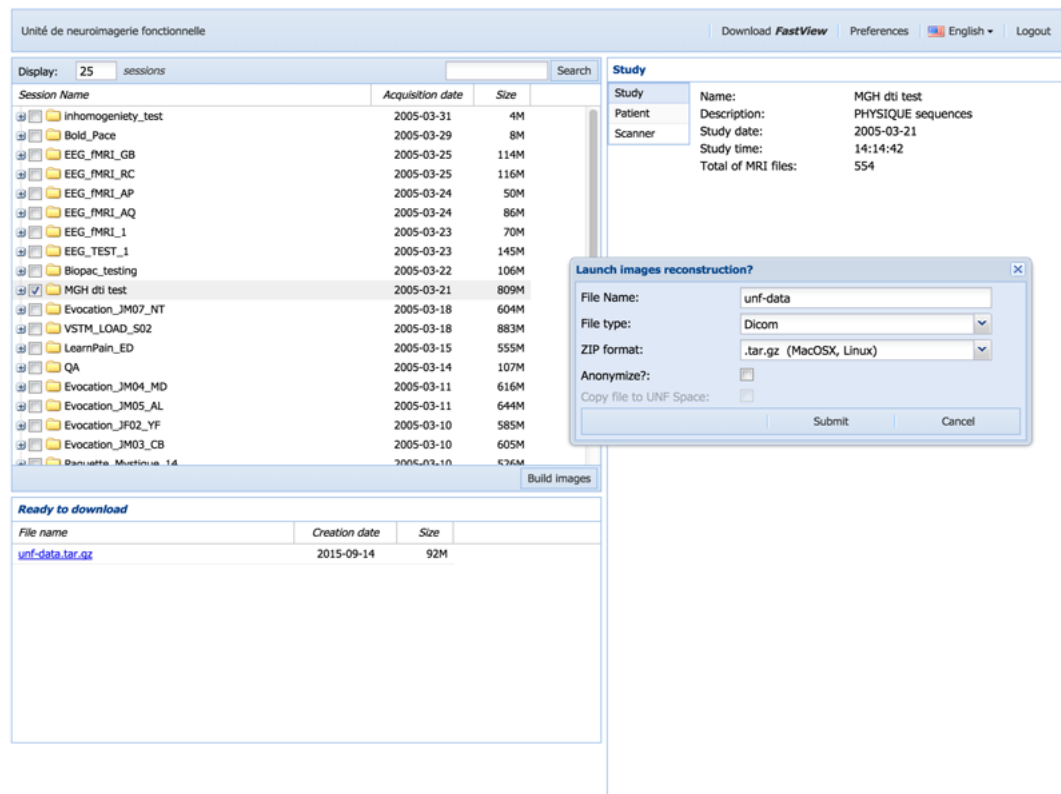


FIGURE 2 – Interface pour télécharger des sessions d'imagerie

### 3.1.2 Téléchargement des données

Pendant ce temps, ouvrez un terminal sur votre ordinateur et connectez-vous en ssh à un des serveurs de l'UNF (Magma ou Stark).

```
# Remplacer 'username' par votre identifiant de votre compte UNF  
ssh -Y username@stark.criugm.qc.ca
```

Le serveur vous demandera alors le mot de passe de votre compte UNF.

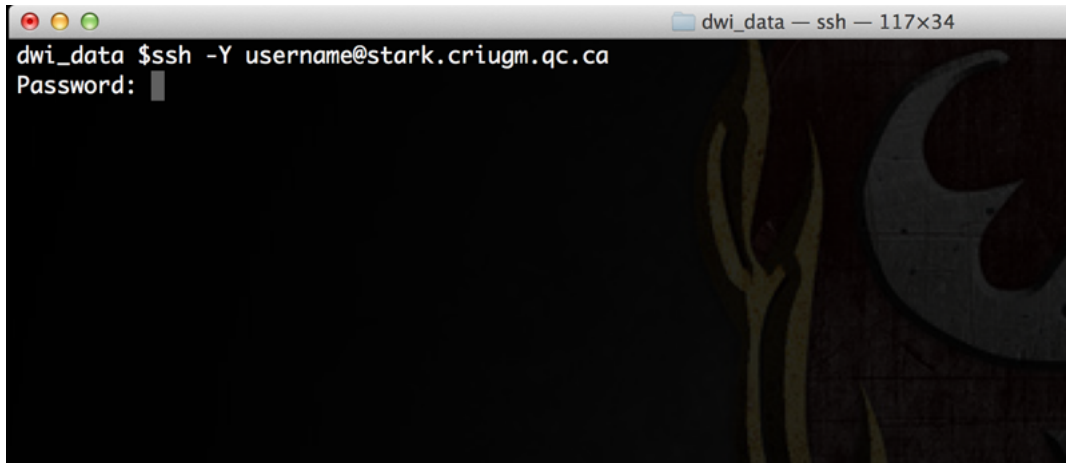


FIGURE 3 – Connexion SSH à Stark

Une fois connecté, naviguez dans votre répertoire de données :

```
# Remplacer 'labname' par le nom du laboratoire  
# Remplacer 'username' par l'identifiant de votre compte UNF  
cd /data/labname/username/
```

Au besoin, créez un nouveau répertoire pour votre projet et déplacez-vous dans ce répertoire :

```
# Remplacer 'project_name' par le nom du projet  
mkdir project_name  
  
# Aller dans le nouveau répertoire  
cd project_name
```

Téléchargement des données préparées par l'UNF :

1. Retourner sur la page internet du site internet de l'UNF (si vous avez fermé votre navigateur, le lien est disponible pendant 7 jours dans la section **Services/Récupération des données IRM**)
2. Dans l'encadré en bas à gauche de la fenêtre, vous trouverez le lien (en bleu) des données préparées (le nom donné auparavant, comme 'unf-data.tar.gz'). **Copier le lien préparé par le système (clic droit, Copier le lien/Copy link location)**, dans notre exemple <http://downloads.criugm.qc.ca/username/unf-data.tar.gz>
3. Dans le terminal, entrer la commande suivante pour télécharger les données

```
# Taper wget puis un espace et faire un clic droit 'Coller' ou control-shift-v  
wget http://downloads.criugm.qc.ca/username/unf-data.tar.gz
```

Vos données sont maintenant prêtes à être converties pour TOAD (voir section '3 Conversion des données').

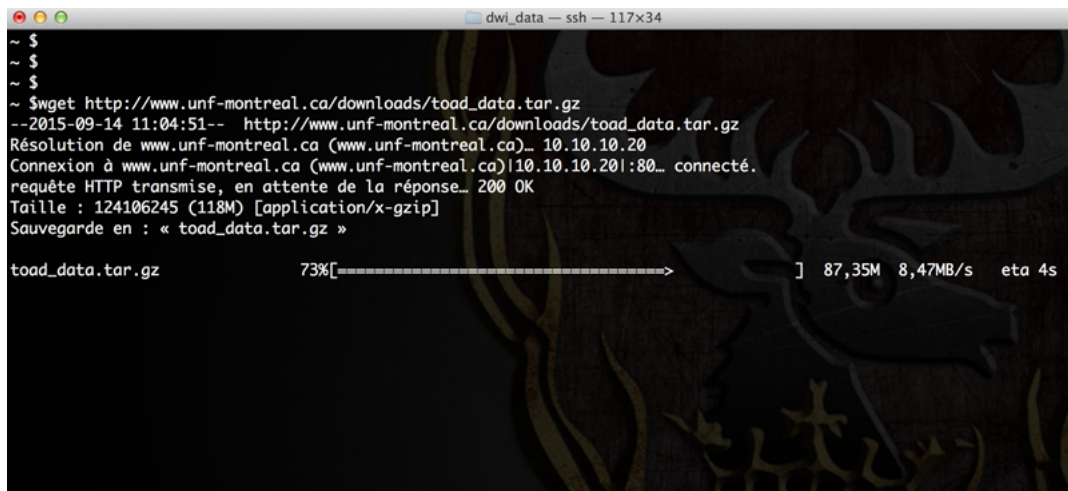


FIGURE 4 – Téléchargement des données avec WGET

### 3.1.3 Conversion des données

#### ATTENTION

TOAD propose son propre outil de conversion des données DICOM au format NIfTI, `dcm2toad`. Il est **très vivement recommandé** de l'utiliser, car cet outil permet *non seulement* de convertir vos données, mais *également* de préparer un fichier de configuration pour TOAD. Ce fichier tient compte d'informations existantes uniquement dans les données brutes et qui seront perdues par tout autre logiciel de conversion !

La décompression et la conversion des données sont automatiquement effectuées par `dcm2toad`. Différentes options sont possibles (voir l'aide `dcm2toad -h`), dont la possibilité de spécifier le nom du répertoire dans lequel ajouter les fichiers convertis. Par défaut, `dcm2toad` crée un nouveau répertoire `toad_data` dans lequel il placera les sessions/sujets convertis.

*# Remplacer 'unf-data.tar.gz' par le nom de votre archive*

```
dcm2toad unf-data.tar.gz
```

*# Pour spécifier un répertoire cible, ici 'DWI'*

```
dcm2toad -d DWI unf-data.tar.gz
```

Le logiciel vous posera une série de questions pour préciser quel dossier correspond à quel type d'images (anatomique, diffusions, etc.), indiquer le code du participant, etc.

Une des forces d'`dcm2toad` est de pouvoir gérer de multiples sessions/sujets à la fois. Ainsi, le logiciel vous indiquera tout d'abord une liste des sessions/sujets détectés au sein de l'archive. Une \* qui suit le code du sujet indique que le sujet a déjà été converti.

Lorsque plusieurs sessions/sujets partagent l'exacte même structure de données, `dcm2toad` vous proposera d'appliquer à la chaîne les choix faits pour le premier sujet de la série.

## 3.2 Depuis une autre source d'acquisition

### 3.2.1 Type de données

Les analyses de diffusion nécessitent la présence d'au moins trois types de données par participant :

1. **données anatomiques** (T1, type MPRAGE) : création des masques anatomiques, coregistration
2. **données de diffusion** (DWI) : faisceaux de matière blanche (extraction des fibres)



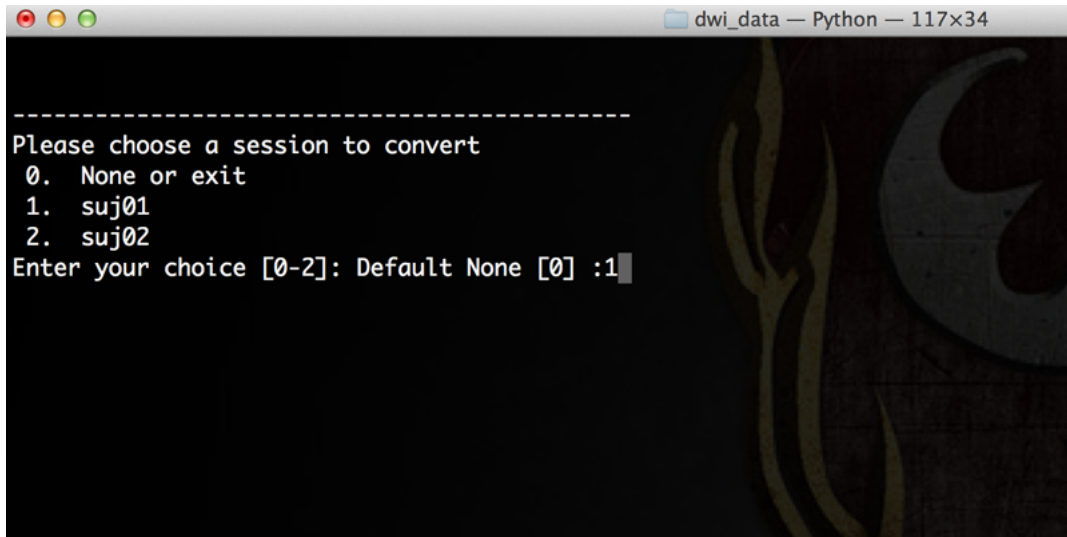


FIGURE 5 – dcm2toad en action

3. **acquisition des données de diffusion** (fichiers b) : spécifications relatives à l'acquisition des données de diffusion (intensités et directions) regroupées en un seul fichier (*.b*) ou en deux fichiers (*.bval* et *\*.bvec*)

D'autres données peuvent servir à TOAD pour le traitement des données :

- **correction des distortions géométriques/inhomogénéité du champs** :
  - une image acquise selon la direction inverse d'acquisition de la DWI initiale,
  - une image du fieldmap.
- **dossier de sortie suite au traitement Freesurfer**

### 3.2.2 Format des fichiers

Pour des raisons de simplicité, TOAD accepte seulement quelques formats :

- neuroimagerie : **format NIfTI** (.nii)
- fichier de gradients : format regroupé **MRTRIX** (.b) ou séparé FSL (.bval et .bvec).

### 3.2.3 Organisation des données

Si vous disposez de données déjà converties au format NIfTI ainsi que des fichiers d'encodage, vous pouvez utiliser TOAD sans passer par la conversion au préalable. Nous vous recommandons de regrouper les données de la façon suivante :

- un dossier parent contenant tous les dossiers participants
- chaque dossier participant contenant tous les fichiers de neuroimagerie (\*.nii, \*.b)

**Attention** : dans ce cas de figure, il est de votre responsabilité de vous assurer les données ont été correctement converties et que le fichier d'encodage respecte bien les normes habituelles (strides...). Si ces données proviennent d'un scanner Siemens 3T Tim Trio (comme à l'UNF), et si vous disposez encore des données brutes, nous recommandons fortement de reconvertir les données avec le logiciel dcm2toad voir section Conversion des données

### 3.2.4 Nomenclature des fichiers

TOAD doit identifier quels fichiers correspondent à quels types d'images. Pour ce faire, TOAD se base sur des préfixes des noms des fichiers qui doivent être communs pour chaque type de fichiers. Ainsi, toutes les images anatomiques devront commencer par un même préfixe, par défaut TOAD cherchera des fichiers commençant par **anat**. Pour les images de diffusion, TOAD cherchera des fichiers commençant par **dwi** et pour l'encodage des gradients un fichier

ayant pour préfixe `dwi` et comme extension `.b` (ou `.bvec` et `.bval`). Lorsque les données antérieur/postérieur ou postérieur/antérieur sont disponibles, TOAD cherchera comme préfixe `b0_ap` et `b0_pa`.

Vous êtes libre d'utiliser n'importe quelle nomenclature du moment qu'elle soit indiquée dans le fichier de configuration `config.cfg`. Cette nomenclature devra être constante à travers les sujets à moins de spécifier un nouveau fichier de configuration au sein du dossier du participant en question.

### 3.3 Jeu de données de démonstration

TOAD vous propose de télécharger un jeu de données limité pour découvrir comment fonctionne le pipeline. Suivre les étapes suivantes pour le récupérer :

```
# Connexion aux serveurs de l'UNF
# Remplacer 'username' par votre identifiant UNF
ssh -Y username@stark.criugm.qc.ca

# Naviguer dans votre répertoire de données
# Remplacer 'labname' par le nom du laboratoire
# Remplacer 'username' par l'identifiant de votre compte UNF
cd /data/labname/username/

# Créer un dossier pour le projet
# Remplacer 'project_name' par le nom du projet
mkdir project_name

# Aller dans le nouveau répertoire
cd project_name

# Télécharger le jeu de données
wget http://unf-montreal.ca/downloads/toad_dicom.tar.gz
```

## 4 TOAD

### 4.1 Lancement de TOAD

Une fois la conversion des données d'imagerie effectuée, il suffit de lancer la commande `toad` depuis le dossier contenant les fichiers convertis :

```
# Déplacement dans le dossier des données converties
cd toad_data

# Lancement de TOAD
toad .
```

Le traitement complet d'un participant prend environ 2 jours. Plusieurs participants peuvent être traités en parallèle sur les serveurs selon la charge qu'ils subissent à ce moment-là.

### 4.2 Vérifications

#### 4.2.1 Traitement en cours

Sur les serveurs de l'UNF, il est possible de savoir combien de sujets sont actuellement traités avec la commande `qstat -f`.

Si vos données sont toujours en cours de traitement, vous devriez voir apparaître votre nom d'utilisateur associé au nom du sujet traité et au logiciel en cours d'utilisation (comme FreeSurfer).

En cours de traitement, vous pouvez visualiser le contrôle qualité des différentes étapes au fur et à mesure de leur complétion avec la commande suivante : `firefox 00-qa/index.html` (voir ci-dessous).

#### 4.2.2 Post traitement

Une fois le travail terminé, vous trouverez un ensemble de nouveaux dossiers dans chacun des répertoires sujets. *Pour rappel*, ce dossier est par défaut inclus dans le dossier initial de votre projet sous le nom de `toad_data` ou de celui que vous lui avez spécifié lors de la conversion des données par `dcm2toad`.

Ces nouveaux dossiers contiennent l'ensemble des données, masques, et images produits par TOAD lors du traitement des données de diffusion. L'ensemble des dossiers pour chaque sujet devrait ressembler à peu près au tableau ci-dessous :

Nom du dossier	Type de données
00-backup	Données originales (Nifti)
00-qa	Quality Assessment - pages HTML de synthèse
01-preparation	Réorientation des images si nécessaire
02-parcellation	Parseg et Brodmann, gauche/droite (Freesurfer)
03-atlas	Création et application des atlas
04-denoising	Débruitage des images
05-correction	Correction mouvement, inhomogénéité du champs, etc.
05-preprocessing	
06-upsampling	Mise à l'échelle des images
07-registration	Registration T1/DWI
08-atlasregistration	
09-masking	Création des masques
08-snr	Calcul du rapport signal sur bruit
10-tensorfsl	Reconstruction des tenseurs (FSL)
11-tensormrtrix	Reconstruction des tenseurs (MRTRIX)
12-tensordipy	Reconstruction des tenseurs (Dipy)
13-hardimrtrix	Reconstruction HARDI (MRTRIX)
14-hardidipy	Reconstruction HARDI (Dipy)
15-tractographymrtrix	Reconstruction des faisceaux (MRTRIX)
16-tractographydipy	Reconstruction des faisceaux (Dipy)
17-snr	Calcul du ratio signal sur bruit
18-outputs	Regroupe tous les fichiers exploitables (images débruités, resamplées, tensors, tracts, etc.)
99-logs	Fichiers logs et erreurs

*Note* : Il est possible que cet arbre change avec les versions de TOAD. De même, le choix de certains paramètres au lancement de TOAD ou l'absence de certains types de fichiers (comme les B0 AP/PA) font que certaines tâches ne seront pas exécutées.

Ainsi, une première vérification du bon déroulement de TOAD consiste à vérifier que ces dossiers ont bien été créés pour chaque participant. L'absence d'une série de dossiers indique que le pipeline a probablement rencontré un problème et a dû s'arrêter pour le participant en question.

Dans ce cas, il est utile d'aller regarder le dernier log produit par TOAD. Ce fichier `*.log`



se trouvera dans le dernier répertoire créé par TOAD ou alors dans le dossier `99-logs`. Ce dossier de logs renferme également un fichier regroupant les erreurs rencontrées par TOAD, et possède un nom du type `numéro_sujet.e1111` où 1111 correspond au numéro de travail de la tâche dans le système.

Les résultats peuvent être rapidement évalués grâce aux QA.

#### 4.2.3 Quality Assessment

TOAD offre une interface simple et pourtant complète pour explorer la qualité des données et des résultats obtenus.

Pour lancer le QA, il suffit d'ouvrir la page internet du QA grâce à la commande : `firefox 00-qa/index.html`. L'ouverture de la fenêtre prendra un peu de temps afin de charger les différentes images associées au QA.

*Attention* : pour que la commande fonctionne, il faut avoir lancé votre session SSH avec l'option `-Y` pour permettre l'envoi de données graphiques, donc

```
ssh -Y username@stark.criugm.qc.ca
```

La page internet s'ouvrira sur une page d'accueil qui propose aussi des liens vers chacune des tâches. Vous trouverez alors les principales métriques et images qui permettent d'évaluer la qualité de vos données et le bon fonctionnement de TOAD.

Par exemple, vous pourrez observer l'effet de la correction grâce aux gifs avant/après, ou encore voir les ratios signal sur bruit, etc.

En cas de problème, vous trouverez plus d'informations dans le dossier log, consultable dans chacun des dossiers traités par TOAD :

```
# Remplacer 'toad_data' par le nom du dossier utilisé lors de la conversion
cd toad_data/subject_name/99-logs
```

```
# Lister les logs disponibles
ls
```

```
# Consultation d'un fichier log, ici results.log
vi results.log
```

### 4.3 Usage avancé et en cas de problème

#### 4.4 Options de TOAD

Il est possible de connaître les différentes options de TOAD en tapant simplement `toad` dans la console. Vous verrez alors apparaître la liste des options à ajouter à TOAD pour lancer seulement certaines tâches, pour ajouter certains paramètres ou éviter certaines étapes.

Voici deux commandes qui pourraient particulièrement vous servir.

#### 4.5 Lancer TOAD pour un seul sujet

`toad foldername` où 'foldername' désigne le nom d'un dossier de participant.

#### 4.6 Réinitialiser vos données

TOAD sauvegarde vos données brutes (converties après `dcm2toad` par exemple) et peut revenir à cet état antérieur avec la commande : `toad -r ..`

Vous pouvez aussi réinitialiser les données que d'un participant avec la commande : `toad -r foldername` où 'foldername' désigne le nom d'un dossier de participant.

## 4.7 Exemple de problème

Il est possible que vous rencontriez quelques problèmes durant le traitement des données. Par exemple, TOAD pourrait vous informer que l'algorithme utilisé par défaut (NLMEANS) n'est pas compatible avec les données que vous avez. Dans ce cas, il faudra annuler le traitement des données qui sera lancé malgré tout.

Pour ce faire, placez-vous dans le terminal (session SSH) dans votre dossier de travail :

1. Vérifier si vos participants sont en cours de traitement avec la commande : `qstat -f`
2. Arrêter le travail en cours par participant avec la commande : `qdel #id` où “#id” correspond au numéro de processus affiché par `qstat`.
3. Réinitialiser les données avant le traitement de TOAD avec la commande : `toad -r` . TOAD affichera un avertissement comme quoi les processus sont verrouiller. Il faudra appuyer sur `r` et valider pour que TOAD enlève ce verrou pour réinitialiser les données.
4. Apporter les modifications nécessaires à vos données ou au fichier de configuration (par exemple ajouter un fichier “config.cfg” dans le dossier de travail avec l'option `algorithm=lpca` sous la section `[denoising]`)
5. Relancer TOAD avec la commande : `toad` .

**Pensez à consulter la documentation** relative à chacune des tâches de TOAD pour plus d'informations.