**Angio scans analyseren:**

1. bij de r2agui van de angio scans: ANG1\_ en ANG2\_ als prefix erin zetten
2. **In SPM8/12:**
3. anatomie segmenteren. Segmentation in SPM12 is a bit different than described here, you have to select the option that deformation fields are stored, and you have to use the iy\_ file during the normalize write procedure.
   1. segment
   2. data: anatomie
   3. output files: niks aan veranderen
   4. custom: bias regularization: specify menu item: extremely heavy regularization
   5. run
   6. dit geeft in het anatomie-mapje 3 .nii files (c1, c2 en m) en twee .mat files, de \_seg\_inv\_sn.mat/iy\_ANAT.nii heb je straks nodig
4. angio scan coregistreren met anatomie (zie preproc\_angio voorbeeld-batch), met behulp van de referentie-angio scan (dus niet de ‘gewone’ FA27). De referentie angio-scan is een van de angio-scans die gemaakt worden, zie batch voor welke file waar moet (let op nummers ANG1 en ANG2, en op nummers 0002 en 0004!). Reference scan = ANAT. Source scan = Angio.
5. normalize: write
   1. data à new subject
      1. Deformation field = iy\_ANAT.nii (dus inverse normalisatie)
      2. images to write = brainmask.nii (halen uit usr/local/matlabtools/spm8/apriori)
      3. writing options à bounding box groot genoeg maken, voxel size 1 x 1 x 1
      4. RUN
      5. Dit geeft een wbrainmask.nii.
      6. Open in mricron the skullstripped anat and overlay the wbrainmask. You can overlay also the angio and change colorscale to see all three layers. Deze samen met rangio (threshold 50-100 in MRIcron) als overlay over anatomie leggen in MRIcron. Kijken wat de beste drempel zou kunnen zijn, zodat de vaten (vessels) die je wilt zien nog te zien zijn en de vaten die je niet wilt zien, niet. Drempel is bv 0.001, 0.01 of 0.1. The smaller the threshold the larger gets the mask.
6. new util: new image calculator
   1. input images: wbrainmask.nii en rangio (in deze volgorde!)
   2. output filename: masked\_angio\_tesf290808
   3. output directory: kiezen
   4. expression:  i2.\*(i1>**drempelwaarde**)
      1. die drempelwaarde is dus de bv. 0.001, 0.01 of 0.1 die je kiest bij het bekijken in MRIcron
   5. RUN

**Skull stripping in terminal**:

bet anat.nii anat\_skullstripped.nii –f 0.5 (smaller f gives larger balloon)

**If 7T angio follow this:**

[**https://gpiantoni.github.io/gridgen/preparation.html**](https://gpiantoni.github.io/gridgen/preparation.html)

1. You get two images from the scanner: one with the whole brain (let's called it A)

and the second one with the blood vessel (let's call it B).

Realign the angiogram to the structural MRI and rename it to angiogram.nii:

a) realign A to T1 MRI and get the transformation matrix.

b) apply transformation matrix to B.

2. Mask the angiogram with outskull, so that you don’t get veins in the skin.

3. If the angiogram has a resolution higher than 1mm isotropic, you can also resize to 1mm. This will speed up the calculation without impacting the results:

*flirt -in angiogram.nii.gz -ref angiogram.nii.gz -applyisoxfm 1 -o angio\_1mm*

*mv angio\_1mm.nii.gz angiogram.nii.gz*