

RABIES — Confound Correction

Problemas Comunes / Troubleshooting (fMRI en ratón)

Este documento resume los problemas más frecuentes durante la etapa de 'confound correction' en RABIES y cómo resolverlos. El formato sigue el de los documentos previos (tablas, ejemplos y notas prácticas). Se hace referencia a los outputs de RABIES (p. ej., `cleaned_timeseries/`, `frame_censoring_mask/`, `aroma_out/`, `plot_CR_overfit/`) y a opciones de la CLI del subcomando ``confound_correction``. Las rutas y ejemplos usan placeholders genéricos para evitar exponer directorios reales.

Cómo usar este documento / How to use this document

- Identifique el síntoma en la tabla (columna “Síntoma”).
- Revise la causa y qué output de RABIES inspeccionar para confirmarla (columna “Detección (QC)”).
- Aplique la corrección propuesta con las opciones de ``confound_correction`` (columna “Solución”).
- Vuelva a evaluar con el checklist de QC al final.

Checklist de QC (rápido) / Quick QC Checklist

- Validar máscara de censura: ``confound_correction_datasink/frame_censoring_mask/``.
- Revisar series limpiadas: ``confound_correction_datasink/cleaned_timeseries/``.
- Verificar AROMA: ``confound_correction_datasink/aroma_out/`` (componentes y clasificación).
- Comprobar sobreajuste: ``confound_correction_datasink/plot_CR_overfit/``.
- Confirmar TR y bandas de filtrado en los parámetros de ejecución.
- Corroborar que las máscaras/ROIs sean del mismo espacio (nativo vs commonspace).

Problemas comunes / Common issues

| # | Síntoma | Causa probable | Detección (QC) | Solución (RABIES) |
|---|--|---|---|---|
| 1 | Tras la 'limpieza', persiste relación conectividad-movimiento o reaparecen artefactos. | Orden y compatibilidad espectral entre filtrado y regresión; pasos modulares mal orquestados. | Inspeccionar correlaciones residuales con movimiento y espectros post-filtrado; revisar etapa y orden aplicado. | Usar el orden de RABIES (censura → detrend → AROMA → filtrado con simulación → regresión → escalado → suavizado). Mantener regresores |

| | | | | |
|---|--|--|--|---|
| | | | | compatibles con el filtrado; re-lanzar con el pipeline estándar. |
| 2 | Duraciones muy distintas entre sujetos tras scrubbing; métricas inestables por tDOF. | Censura agresiva (FD/DVARs) que deja diferentes números de volúmenes por sujeto. | Contar TRs válidos por sujeto (frame_censoring_mask/) y revisar estabilidad de métricas. | Usar `--match_number_timepoints` y ajustar `minimum_timepoint` dentro de `--frame_censoring`. |
| 3 | Varianza explicada por confounds 'demasiado' alta; pérdida de señal neuronal. | Sobreajuste por demasiados regresores vs. duración (pocas TRs). | Revisar `confound_correction_datasink/plot_CR_overfit/` (reales vs. aleatorios). | Activar `--generate_CR_null`; reducir o priorizar regresores (p. ej., `mot_6` en vez de `mot_24` si procede). |
| 4 | Aparecen anticorrelaciones 'nítidas' solo con cierto pipeline. | Regresión de señal global (GSR) sin estrategia de reporte/interpretación. | Comparar matrices/conectividad con y sin GSR. | Si se usa `global_signal` en `--conf_list`, reportar ambos (con/sin GSR) y justificarlo. |
| 5 | Señal neuronal removida o movimiento residual tras ICA-AROMA. | Clasificación subóptima de componentes; parámetros AROMA por defecto no adecuados. | Revisar `aroma_out/` (componentes, clasificación) y QC posterior. | Ajustar `--ica_aroma` (p. ej., `dim=0` auto, `random_seed` fijo). Validar componentes antes/después. |
| 6 | Filtros no coinciden con el TR real; bordes con artefactos. | TR incorrecto en cabecera NIfTI o asumido. | Confirmar TR real; coherencia con bandas (Nyquist). | Especificar `--TR` explícito y usar `--edge_cutoff` (~20–30 s) para mitigar artefactos de borde. |
| 7 | Conectividad inestable a pequeños cambios de banda; posible aliasing. | Banda de frecuencias inadecuada para el TR/duración total. | Inspeccionar espectros y estabilidad de métricas al variar banda. | Elegir banda compatible con TR (p. ej., 0.01–0.1 Hz cuando encaje con muestreo y duración). |

| | | | | |
|----|--|---|--|---|
| 8 | Regresores WM/CSF poco efectivos; 'fugas' fuera del tejido objetivo. | Máscaras en espacio incorrecto o mala superposición EPI↔máscara. | Verificar solapamiento de máscaras (nativo vs commonspace). | Alinear máscaras al espacio de la EPI correspondiente o usar `--nativespace_analysis` cuando aplique. |
| 9 | Pérdida de contraste regional; ROIs pequeñas 'difuminadas'. | Suavizado espacial excesivo respecto al tamaño de estructura. | Comparar métricas con/sin suavizado; revisar tamaño de kernel. | Reducir `--smoothing_filter` (p. ej., 0.3–0.8 mm) o desactivar si análisis laminar/MVPA. |
| 10 | Demasiados TRs censurados o, al contrario, residuos de movimiento. | Umbrales FD/DVARS mal calibrados para el dataset. | Revisar `frame_censoring_mask/` y relación conectividad-movimiento residual. | Ajustar `--frame_censoring` (p. ej., `FD_threshold`, activar DVARS) y re-evaluar tDOF. |
| 11 | Resultados no reproducibles entre corridas iguales. | Semillas aleatorias no fijadas; diferencias menores de config. | Cambios en clasificación AROMA, particionado o librerías. | Fijar `random_seed` donde aplique (p. ej., en `ica_aroma`) y registrar versión/imagen Docker. |
| 12 | RABIES no encuentra archivos esperados; outputs inconsistentes. | Estructura de datasinks distinta a la esperada o rutas mezcladas. | Validar que `*_datasink/` mantiene la jerarquía estándar. | Usar `--read_datasink` con rutas coherentes y revisar consistencia de sujetos/sesiones. |

Snippets de solución rápida (Docker + PowerShell, Windows 11)

```
# Re-evaluar sobreajuste
docker run --rm -it -v "<HOST_PREPRO_DIR>:/data/prepro_out:ro" -v "<HOST_CONFOUND_DIR>:/data/conf_out" `
ghcr.io/cobralab/rabies:latest -p MultiProc --local_threads 6 `
confound_correction /data/prepro_out /data/conf_out `
--conf_list WM_signal CSF_signal mot_6 aCompCor_5 `
--generate_CR_null --highpass 0.01 --lowpass 0.10 --edge_cutoff 30

# Igualar tDOF entre sujetos después de scrubbing
docker run --rm -it -v "<HOST_PREPRO_DIR>:/data/prepro_out:ro" -v "<HOST_CONFOUND_DIR>:/data/conf_out" `
ghcr.io/cobralab/rabies:latest -p MultiProc --local_threads 6 `
```

```

confound_correction /data/prepro_out /data/conf_out `
--frame_censoring "FD_censoring=true,FD_threshold=0.05,DVARS_censoring=true,minimum_timepoint=300" `
--match_number_timepoints

# TR manual + mitigación de bordes por filtrado
docker run --rm -it -v "<HOST_PREPRO_DIR>:/data/prepro_out:ro" -v "<HOST_CONFOUND_DIR>:/data/conf_out" `
ghcr.io/cobralab/rabies:latest -p MultiProc --local_threads 6 `
confound_correction /data/prepro_out /data/conf_out `
--TR 0.8 --highpass 0.01 --lowpass 0.20 --edge_cutoff 30

# AROMA con semilla fija + suavizado moderado
docker run --rm -it -v "<HOST_PREPRO_DIR>:/data/prepro_out:ro" -v "<HOST_CONFOUND_DIR>:/data/conf_out" `
ghcr.io/cobralab/rabies:latest -p MultiProc --local_threads 6 `
confound_correction /data/prepro_out /data/conf_out `
--ica_aroma "apply=true,dim=0,random_seed=1" --smoothing_filter 0.6

```

Referencias y recursos

RABIES Documentation: https://rabies.readthedocs.io/en/stable/confound_correction.html

Hallquist, M. N., Hwang, K., & Luna, B. (2013). *The nuisance of nuisance regression: Spectral misspecification in a common approach to resting-state fMRI preprocessing reintroduces noise and obscures functional connectivity*. *NeuroImage*, 82, 208-225.

<https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2013.05.116>

Lindquist, M. A., Geuter, S., Wager, T. D., & Caffo, B. S. (2019). *Modular preprocessing pipelines can reintroduce artifacts into fMRI data*. *Human Brain Mapping*, 40(8), 2358-2376. <https://doi.org/10.1002/hbm.24528>

Pruim, R. H. R., Mennes, M., van Rooij, D., Llera, A., Buitelaar, J. K., & Beckmann, C. F. (2015). *ICA-AROMA: A robust ICA-based strategy for removing motion artifacts from fMRI data*. *NeuroImage*, 112, 267-277. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2015.02.064>