

Étude Alcool



Laura Ricci

Eté 2022

Table des matières

| | | |
|-----------|--|-----------|
| 1 | Architecture des fichiers sur les clusters | 2 |
| 2 | Généralisation des codes | 3 |
| 2.1 | Commandes utiles | 3 |
| 2.2 | Outils | 3 |
| 2.3 | Plan | 3 |
| 3 | Modèles employés | 4 |
| 4 | Mes codes | 5 |
| 4.1 | Clustering | 5 |
| 4.2 | Elbow method | 5 |
| 4.3 | Dataset de diffusion | 5 |
| 5 | Clustering sur les données de diffusion | 6 |
| 6 | Clustering sur les données comportementales | 7 |
| 7 | Clustering sur les données de diffusion et comportementales | 8 |
| 8 | Analyse des données de diffusion et comportementales en enlevant les outliers | 9 |
| 8.1 | Outliers | 9 |
| 8.2 | Clustering overlapping | 9 |
| 8.3 | Analyse sur la variation de volume dans le cerveau entier | 9 |
| 8.4 | Analyse et hypothèses sur la variation des métriques de diffusion | 10 |
| 8.5 | Approche biologique : activation - désactivation des microglies | 14 |
| 8.6 | Approche biologique : ondulation des axones | 14 |
| 9 | Autres codes | 15 |
| 9.1 | Lire json | 15 |
| 9.2 | Noise analysis | 15 |
| 10 | Pistes | 15 |

1 Architecture des fichiers sur les clusters

En ouvrant l'étude "Alcoolique__pilab" sur MobaXterm, les dossiers présents sont repris sur la Figure 1 et expliqués ci-dessous :



FIGURE 1 – Architecture des fichiers

1. alcoholic-study : dossier qui contient toutes les données IRM brutes et préprocessées (46 patients)
 Les sous-dossiers sont :
 - data_1 contient toutes les données au temps E1 (fichiers .bval, .bvec, .json, .nii.gz)
 - data_2 contient toutes les données au temps E2 (fichiers .bval, .bvec, .json, .nii.gz)
 - data_3 contient toutes les données au temps E3 (fichiers .bval, .bvec, .json, .nii.gz)
 - T1 contient toutes les images anatomiques
 - subjects contient un dossier par patient et par temps qui reprend les données brutes, préprocessées et les données par modèles
2. alcoholic-study-v2 : dossier qui contient toutes les données IRM brutes et préprocessées de la version 2 (53 patients)
 Les sous-dossiers sont identiques qu'au point précédent
3. Analyse : dossier qui contient tous les Excels et Plots pour les analyses.
 Chacun *Excel* reprend l'ensemble des informations de l'étude pour une métrique. Il comporte une feuille par patient et sur chaque feuille se retrouvent 7 colonnes :
 - les noms des régions du cerveau
 - la moyenne de cette métrique au temps E1
 - la moyenne de cette métrique au temps E2
 - la moyenne de cette métrique au temps E3
 - la variation de pourcentage de cette métrique entre les temps E1 et E2
 - la variation de pourcentage de cette métrique entre les temps E1 et E3
 - la variation de pourcentage de cette métrique entre les temps E2 et E3.
 Les *Plots* montrent par cluster les régions du cerveau qui ont subi une variation de pourcentage supérieure à 10% entre les temps E1 et E2 pour une métrique.
4. Atlas : dossier qui contient tous les atlas en Nifti dans l'espace de référence selon le standard MNI 150
5. Codes : dossier qui contient tous les codes
6. Nifti : dossier qui contient un fichier du cerveau complet dans l'espace de référence selon le standard MNI 150
7. Nifti-final : dossier qui contient l'ensemble des cartes MNI; plus précisément un dossier par métrique a été créé dans lequel se retrouvent toutes les cartes Nifti de tous les patients à tous les temps

2 Généralisation des codes

2.1 Commandes utiles

Dans le terminal de MobaXterm, certaines commandes peuvent s'avérer utiles pour lancer un code, arrêter des jobs,...

- *ls* : pour voir où nous sommes dans les clusters
- *cd name* : pour entrer dans un fichier/dossier nommé "name"
- *cd ..* : pour sortir d'un fichier/dossier
- *python xyz.py* : pour lancer le code python nommé "xyz"
- *job* : pour voir l'état des jobs : pending - running - completed - failed - cancelled
- *scancel -u username* : pour supprimer tous les jobs en cours

2.2 Outils

- *perso_path* : code qui reprend la liste des numéros de patients que l'on étudie
- *job_submission* : code qui permet de paralléliser les tâches pour optimiser le temps : un job par patient

2.3 Plan

Voici un plan qui résume l'ensemble des étapes à exécuter pour faire tourner l'étude "Alcool" : on débute avec des données de diffusion brutes pour arriver à des Excels et Plots pour l'analyse.

1. Anonymiser les données : La convention adoptée est la suivante : *sub#_E1*, *sub#_E2*, *sub#_E3* représentent respectivement les scans aux temps E1, E2 et E3 avec # étant le numéro du patient.
2. Transformer toutes les données des IRM (fichiers dicom) en fichiers nifti grâce au code *dicom2nii.py*
3. Uploader manuellement tous ces fichiers sur les clusters dans "alcolic_study_v2".
 - *data1* file contient tous les *sub#_E1*
 - *data2* file contient tous les *sub#_E2*
 - *data3* file contient tous les *sub#_E3*
 - T1 contient tous les scans anatomiques de tous les temps
4. Créer de nouveaux dossiers quand de nouveaux patients entrent dans l'étude en soumettant *useful_fct.py* après avoir modifié la variable *patient_numbers* dans *perso_path.py*
 ⇒ *python useful_fct.py*
5. Préprocesser le dataset grâce au code *preprocessing.py* après avoir changé l'adresse d'erreur Slurm :
 - Soumettre seulement le job *patient_list*
 - Soumettre seulement le job *preprocessing*
 - Soumettre seulement le job *masque de matière blanche*
 - Soumettre seulement le job *modèles structuraux* un par un
 ⇒ *python preprocessing.py*

6. Analyser les régions du cerveau après avoir fait la transformation pour pouvoir passer de l'espace de référence selon le standard MNI au cerveau des patients (via le code CN2). Soumettre le job *job_submission.py* avec la commande `registration_atlas`. Les régions du cerveau employés sont dans le code `atlas_modif_name`
 \Rightarrow `python job_submission.py`
7. Créer le corps calleux en soumettant le *job_submission.py* avec la commande `reg_CC_on_sub`
 \Rightarrow `python job_submission.py`
8. Pour lisser la région du corps calleux, soumettre *job_submission.py* avec la commande `closing_opening`
 \Rightarrow `python job_submission.py`
9. Obtenir les subdivisions du corps calleux grâce à la commande `CC_division` dans *job_submission.py*
 \Rightarrow `python job_submission.py`
10. Créer des fichiers pour les modèles DIAMOND et MF via les commandes `get_fractions` et `f0_f1_to_ftot` dans *job_submission.py*.
 \Rightarrow `python job_submission.py`
11. Obtenir la version pondérée de la DTI pour DIAMOND via la commande `get_FA_DIAMOND` dans *job_submission.py*.
 \Rightarrow `python job_submission.py`
12. Créer des fichiers avec les metriques wFA, wMD, wAD et wRD via la commande `get_cMetrics` dans *job_submission.py*
 \Rightarrow `python job_submission.py`
13. Créer des Excels grâce au code *moyenne_ROI_v2.py*
 \Rightarrow `python moyenne_ROI_v2.py`
14. Déterminer les clusters via le clustering de Manon (code sur les clusters) ou via le clustering expliqué dans la Section 4 (sur le GitHub)
 \Rightarrow `python clustering.py`
15. Créer des Plots grâce au code *analyse_ttest.py* et *DTI_tissue_classification.py* en faisant attention à changer les clusters dans ces deux codes
 \Rightarrow `python analyse_ttest.py`
 puis, \Rightarrow `python DTI_tissue_classification.py`

3 Modèles employés

Les quatre modèles et leurs principaux paramètres sont :

- DTI : AD - FA - RD - MD
- NODDI : fextra - fintra - fiso - odi
- DIAMOND : wAD - wFA - wRD - wMD - frac_csf - frac_tot
- MicroFingerprinting : frac_csf - frac_ftot - fvf_ftot - wfvf

4 Mes codes

4.1 Clustering

Le clustering est une méthode d'analyse de données. Cela consiste à catégoriser les sujets en groupes afin de répartir ceux qui sont similaires de ceux qui possèdent des caractéristiques différentes. *Kmeans* est un algorithme itératif qui minimise la somme des distances entre chaque sujet et le centroïde.

PCA est une méthode utilisée pour réduire la dimensionnalité d'un dataset constitué d'un grand nombre de variables. Cela consiste à trouver un nouvel ensemble de variables qui ne sont pas corrélées et qui maximisent la variance du dataset.

La *Standardisation* permet de normaliser les caractéristiques en supprimant la moyenne et en mettant la variance à 1.

4.2 Elbow method

La méthode *elbow* permet de sélectionner le nombre optimal de clusters en ajustant le modèle avec une gamme de valeurs pour k ¹ dans l'algorithme *Kmeans*.

Cela consiste à tracer un graphique linéaire de l'inertie en fonction du nombre de clusters. Il reste ensuite à trouver le "point du coude" c'est-à-dire le point à partir duquel l'inertie commence à diminuer de façon linéaire.

4.3 Dataset de diffusion

Dans cette étude, nous recensons 53 patients. Onze patients ont dû être retirés de l'analyse car les données de diffusion en E1 ou E2 manquaient (patients 3 - 6 - 7 - 10 - 16 - 23 - 25 - 38 - 44 - 47 - 49).

Analyse de type I :

Nous avons étudié le dataset entier en y substituant les patients manquant les données E1 ou E2 et les patients avec une ou plusieurs régions du cerveau pour laquelle/lesquelles le préprocessing à attribuer une valeur de 0.

Les patients retenus sont : 2, 4, 8, 9, 11, 13, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 26, 31, 32, 33, 35, 37, 39, 42, 43, 45, 48, 50, 51.

⇒ 25 patients

Analyse de type II :

Nous avons étudié le dataset entier en y substituant les patients manquant les données E1 ou E2 et en enlevant les régions du cerveau pour lesquelles le préprocessing à attribuer une valeur de 0.

Les patients retenus sont : 1, 2, 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53.

⇒ 42 patients

1. k étant le nombre de clusters

Les régions du cerveau non-retenues sont :

Cerebellum Crus II L-R
 Cerebellum VIIa L-R
 Cerebellum VIIb L-R
 Cerebellum IX L-R
 Cerebellum X L-R
 Cingulum subsection Peri-genua L-R
 Frontal Medial Cortex
 Subcallosal Cortex
 Inferior Temporal Gyrus anterior - posterior
 Middle Temporal Gyrus anterior
 Temporal Fusiform Cortex anterior

Analyse de type III :

Nous avons étudié le dataset entier en y substituant les patients manquant les données E1 ou E2. Pour éviter de perdre des régions, nous avons remplacé les valeurs assignées à 0 par des moyennes sur l'ensemble de la population si moins de 10% de la population voit le préprocessing attribuer une valeur de 0 à ces régions.

Les patients retenus sont 1, 2, 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53.

⇒ 42 patients

Les régions du cerveau non-retenues sont :

Cerebellum VIIa L-R
 Cerebellum VIIb L-R
 Cerebellum IX L-R
 Temporal Fusiform Cortex anterior

5 Clustering sur les données de diffusion

Kmeans :

Pour le *type I*, les clusters sont :

- 35
- 11, 13, 17, 19, 31, 32, 33, 43
- 2, 4, 8, 9, 15, 18, 20, 22, 26, 37, 39, 42, 45, 48, 50, 51

Pour le *type II*, les clusters sont :

- 35
- 1, 2, 8, 20, 26, 39, 40, 50, 53
- 4, 5, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 21, 22, 24, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 51, 52

Pour le *type III*, les clusters sont :

- 30
- 5
- 1, 2, 4, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53

PCA + Kmeans :

Pour le *type I*, les clusters sont :

- 35
- 11, 13, 17, 19, 31, 32, 33, 43
- 2, 4, 8, 9, 15, 18, 20, 22, 26, 37, 39, 42, 45, 48, 50, 51

Pour le *type II*, les clusters sont :

- 35
- 1, 2, 8, 20, 26, 39, 40, 50, 53
- 4, 5, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 21, 22, 24, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 51, 52

Pour le *type III*, les clusters sont :

- 5
- 30
- 1, 2, 4, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53

PCA + Standardisation + Kmeans :

Pour le *type I*, les clusters sont :

- 2, 20, 26, 35, 39, 50
- 11, 17, 19, 31, 32, 33
- 4, 8, 9, 13, 15, 18, 22, 37, 42, 43, 45, 48, 51

Pour le *type II*, les clusters sont :

- 17, 29
- 1, 2, 8, 20, 22, 26, 27, 35, 39, 40, 45, 50, 53
- 4, 5, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 21, 24, 28, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 41, 42, 43, 46, 48, 51, 52

Pour le *type III*, les clusters sont :

- 17, 29
- 1, 2, 8, 20, 22, 26, 27, 35, 37, 39, 40, 45, 50, 53
- 4, 5, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 21, 24, 28, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 41, 42, 43, 46, 48, 51, 52

6 Clustering sur les données comportementales

Analyse de type III :

Les patients retenus sont : 2, 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53
 \Rightarrow 42 patients

Les données comportementales non-retenues sont : /.

Pour **Kmeans**, les clusters sont :

- 2
- 4
- 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53

Pour **PCA + Kmeans**, les clusters sont :

- 2
- 4
- 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53

Pour **PCA + Standardisation + Kmeans**, les clusters sont :

- 2
- 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 17, 19, 21, 22, 28, 33, 35, 37, 39, 41, 46, 50, 52
- 14, 15, 18, 20, 24, 26, 27, 29, 30, 31, 32, 34, 36, 40, 42, 43, 45, 47, 48, 51, 53

7 Clustering sur les données de diffusion et comportementales

Analyse de type III :

Les patients retenus sont : 2, 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53.

⇒ 41 patients

Les régions du cerveau non-retenues sont :

Cerebellum VIIla L-R

Cerebellum VIIlb L-R

Cerebellum VIIlb L-R

Temporal Fusiform Cortex anterior

Les données comportementales non-retenues sont : /

Pour **Kmeans**, les clusters sont :

- 2
- 5
- 4, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53

Pour **Kmeans + PCA**, les clusters sont :

- 2
- 5
- 4, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 53

Pour **Kmeans + PCA + Standardisation**, les clusters sont :

- 17, 29
- 2, 20, 26, 27, 35, 39, 40, 50, 53
- 4, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 21, 22, 24, 28, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 51, 52

8 Analyse des données de diffusion et comportementales en enlevant les outliers

8.1 Outliers

Sur base des clusterings réalisés aux Sections 5, 6 et 7, certains sujets se font isoler dans un cluster comme le montre la Table 1. Nous les considérerons comme des outliers.

| | Diffusion | Comportement | Les deux |
|----------|------------------|--------------|-----------------|
| Type I | 35 | | |
| Type II | 17 - 29 - 35 | | |
| Type III | 5 - 17 - 29 - 30 | 2 - 4 | 2 - 5 - 17 - 29 |

TABLE 1 – Outliers en fonction du type d’analyse et des données employées

Les patients éliminés de l’étude sont : 2 - 4 - 5 - 17 - 29 - 30 - 35.

Pour **Kmeans + PCA + Standardisation**, les nouveaux clusters sont :

- 19, 31, 32, 33, 36, 41, 43, 52
- 20, 26, 27, 39, 40, 50, 53
- 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 21, 22, 24, 28, 34, 37, 42, 45, 46, 48, 51

8.2 Clustering overlapping

En analysant les différents clusterings de type III, certains groupes de patients se retrouvent toujours ensemble. Nous pouvons citer :

- 31, 32, 33, 36, 41, 43
- 20, 26, 27, 40, 53
- 9, 11, 12, 13, 21, 28, 46
- 14, 15, 18, 24, 42, 48, 51
- 8, 22, 37

8.3 Analyse sur la variation de volume dans le cerveau entier



FIGURE 2 – Changements de volume dans le cerveau entier (changement en pourcentage) pour le cluster 0



FIGURE 3 – Changements de volume dans le cerveau entier (changement en pourcentage) pour le cluster 1

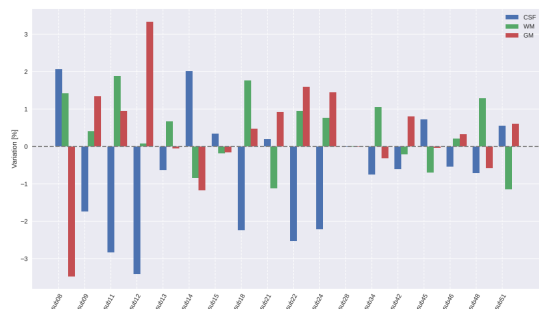


FIGURE 4 – Changements de volume dans le cerveau entier (changement en pourcentage) pour le cluster 2

En observant les trois Figures précédentes (mais particulièrement le cluster 1 sur la Figure 3), nous remarquons que :

- le CSF tend à diminuer
- la matière blanche (WM) et matière grise (GM) tendent à augmenter.

Cela pourrait montrer qu'en arrêtant de consommer de l'alcool, l'inflammation réduit.

8.4 Analyse et hypothèses sur la variation des métriques de diffusion

Intéressons maintenant aux pourcentages de variation entre les temps E1 et E2. Cela se fera pour chacune des métriques et par cluster.

Le tableau² suivant reprend les régions du cerveau pour lesquelles la métrique subit une augmentation (+) ou diminution (-) d'au moins 10%. Les régions du cervelet n'ont pas été analysées car elles ont souvent été sacrifiées lors des scans.

2. L'abréviation ILF signifie Inferior Longitudinal Fasciculus

| Métriques | Cluster 0 | Cluster 1 | Cluster 2 |
|-----------|--|--|--|
| AD | Cingulum - | Corps calleux + Gyrus opercularis + | Cortex posterior - Brain stem - Peduncle - Forceps Minor + Corps calleux + Cingulum + Thalamic radiation + |
| FA | / | Uncinate Fasciculus + Forceps Minor + Gyrus Frontal - | / |
| MD | Subcallosal cortex - Cingulum - | Gyrus opercularis + | Fronal medial cortex + Brain stem - Peduncle - Forceps Minor + Corps calleux + Cingulum + Thalamic radiation + |
| RD | Cingulum - Frontal Medial Cortex - Subcallosal Cortex - | / | Corps calleux + Cingulum + Thalamic radiation + Forceps Minor + Frontal Medial Cortex + |
| fextra | Putamen - Uncinate Fasciculus - Forceps Minor - Corps calleux - Cingulum - Thalamic radiation - | / | Peduncle - ILF - Cingulum + Forceps Minor + Brain stem - Corps calleux + Thalamic radiation + |
| fintra | Caudate + | / | / |
| fiso | / | Hippocampe - Caudate - Uncinate Fasciculus - ILF - Fornix - Forceps Minor - Cingulum - | / |
| odi | Corps calleux + Forceps Minor + | Uncinate Fasciculus - | Brain stem + |
| wAD | / | / | / |
| wFA | / | / | / |
| wMD | / | / | / |
| wRD | / | Uncinate Fasciculus - Peduncle - Forceps Minor - Thalamic radiation - | / |

| | | | |
|----------|------------|----------------------------------|-------------------------------------|
| frac_csf | / | / | / |
| frac_tot | / | / | / |
| frac_csf | Putamen - | Caudate - ILF - Cingulum - | / |
| frac_tot | / | / | / |
| fvf_tot | Cingulum + | / | Hippocampe + Cingulum - ILF + |
| wfvf | Cingulum + | Thalamus - | Hippocampe + Cingulum - ILF + |

Après lecture de papiers et concertation avec la médecin de référence, seules les régions suivantes seront considérées :

- Corps calleux et Forceps minor
- Cingulum et ILF
- Hippocampe
- Thalamus
- Putamen
- Cortex frontal

Nous obtenons donc la table suivante :

| Régions | Cluster 0 | Cluster 1 | Cluster 2 |
|----------------|---|-------------------------|---|
| Corps calleux | fextra - odi + | AD + | AD + MD + RD + fextra + |
| Forceps Minor | fextra - odi + | FA + fiso - wRD - | AD + MD + RD + fextra + |
| ILF | / | fiso - frac_csf - | fextra - fvf_tot + wfvf + |
| Cingulum | AD - MD - RD - fextra - fvf_tot + wfvf + | fiso - frac_csf - | AD + MD + RD + fextra - fvf_tot + wfvf + |
| Hippocampe | / | fiso - | / |
| Thalamus | / | wfvf - | / |
| Putamen | fextra - frac_csf - | / | |
| Cortex Frontal | RD - | / | MD + RD + |

Pour le cluster 0 :

- Corps calleux et Forceps minor

Cela suppose une diminution des cellules interstitielles (perte de volume) et une augmentation de la dispersion des fibres. Nous pourrions penser à une désactivation des microglies (voir Section 8.5).

- Cingulum et ILF

Cela met en évidence une densité axonale plus importante suite au sevrage de l'alcool (comme f_{vf_tot} et w_{vf} augmentent). La création de nouvelles connexions implique que les cellules extracellulaires (fextra) diminuent. Pour ce qui est de la diminution de RD, nous pouvons supposer que ces nouvelles connexions étant plus petites, la dispersion radiale tend à diminuer. Concernant la métrique AD, une hypothèse serait que les nouvelles fibres ondulent plus que les anciennes (voir Section 8.6).

- Putamen

Cela montre une augmentation de matière dans les cellules neuronales.

Pour le cluster 1 :

- Corps calleux et Forceps minor

Pour le corps calleux, c'est assez difficile à dire : cela pourrait être causé par une augmentation du nombre de fibres, une diminution de l'ondulation des fibres, un grossissement des fibres,...

Pour le Forceps Minor, les résultats indiquent que les fibres se réalignent et sont plus nombreuses.

- Cingulum et ILF

Nous déduisons que la fraction de diffusion libre diminue.

Pour le cluster 2 :

- Corps calleux et Forceps minor

Ces résultats semblent indiquer les cellules interstitielles prennent plus de place (augmentation de volume). Nous pouvons penser à une activation des microglies et donc à un signe d'inflammation (voir Section 8.5).

- Cingulum et ILF

Cela suppose une densité axonale plus importante suite au sevrage de l'alcool (comme f_{vf_tot} et w_{vf} augmentent). La création de nouvelles connexions implique que les cellules extracellulaires (fextra) diminuent. Pour ce qui est de l'augmentation de RD et AD, il est possible que les fibres neuronales grossissent et ondulent moins (voir Section 8.6).

- Cortex frontal

Cela peut montrer la tendance des cellules à croître comme il y a une augmentation de la diffusion dans la direction perpendiculaire à la direction principale de diffusion.

8.5 Approche biologique : activation - désactivation des microglies

En consommant régulièrement de l'alcool, un changement du microbiote s'opère et induit un changement de perméabilité de la paroi intestinale. Des nouveaux composés peuvent passer dans le sang. Au niveau du cerveau, un processus d'inflammation est perçu : les microglies sont activées par les cytokines pro-inflammatoires. Quand de l'inflammation

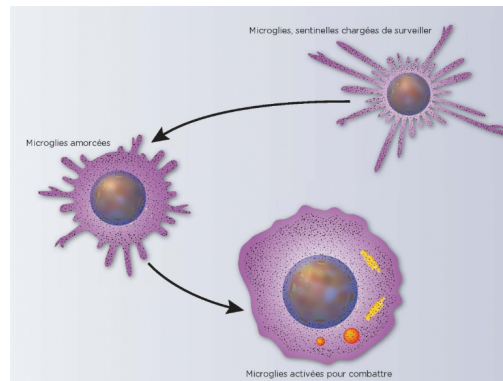


FIGURE 5 – Activation d'un microglie

est présente, les microglies sont grosses, rondes (voir Figure 5³). Quand l'inflammation se résorbe, les microglies se désactivent et deviennent plus petites, moins grosses. Ce changement de forme correspond à une diminution de volume des cellules interstitielles et à une augmentation de la dispersion.

8.6 Approche biologique : ondulation des axones

Les axones sont loin d'être des cylindres parfaits, ils ondulent comme le montre la Figure 6⁴.

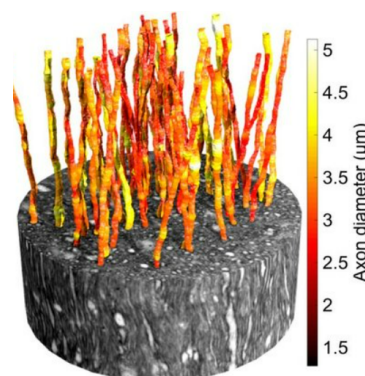


FIGURE 6 – Schéma d'axones segmentés du splenium du singe

3. Source : <https://www.mcgill.ca/channels-contribute/channels/news/des-sentinelles-silencieuses-veillent-%C3%A0-la-d%C3%A9fense-du-syst%C3%A8me-nerveux-218537>

4. Source : https://www.researchgate.net/figure/Distribution-and-morphology-of-large-axons-A-Distribution-of-54-large-axons-red-in-a_fig7347552361

9 Autres codes

9.1 Lire json

Il s'agit d'un code qui lit les fichiers eddy_corr des patients pour tous les temps afin d'avoir accès aux variables suivantes :

- Mouvement absolu (qc_mot_abs)
- Mouvement relatif (qc_mot_rel)
- CNR moyen (qc_cnr_avg)
- CNR standard (qc_cnr_std)

Elles seront stockées dans deux dictionnaires (dic1 et dic2 comprenant respectivement les variables aux temps E1 et E2).

9.2 Noise analysis

Cette analyse permet de s'assurer que le bruit⁵ ne soit pas un élément principal du clustering. Si c'est le cas, cela fausserait les clusters obtenus.

La première partie du code permet de créer un dataframe à partir des dictionnaires (dic1 et dic2). Ce dataframe reprend le numéro du patient, le temps (1 ou 2) et les quatre variables présentées dans la Section 9.1.

La seconde partie du code permet de visualiser l'évolution de ces quatre variables au cours du temps.

10 Pistes

Il serait intéressant d'analyser les données d'inflammation des patients pour confirmer ou infirmer les hypothèses de la Section 8.4.

Les cartes MNI sont disponibles sur MobaXterm. Elles sont rangées par métrique : un dossier par métrique avec tous les sujets et temps. Il faudrait les analyser et faire des statistiques sur l'ensemble des patients.

5. Le bruit est lié aux mouvements des patients lors de leur passage dans l'IRM.