

Travaux Dirigés sur Anatomist et BrainVISA - Novembre 2009

Travaux Dirigés sur Anatomist et BrainVISA - Novembre 2009

Table of Contents

INTRODUCTION	1
TELECHARGEMENT ET INSTALLATION DES LOGICIELS	1
ORGANISATION DU TP	1
Connexion	1
Contenu du répertoire de formation	1
Programme du TP	1
Introduction à BrainVISA et Anatomist	2
Traitements des données d'IRM T1 : anatomie, segmentation, morphométrie	3
Traitement des données de diffusion	15
Traitement des données d'histologie	23
Traitement des données d'IRM fonctionnelle	24
Programmation avec BrainVISA	25

List of Figures

1. Importation d'une IRM T1	4
2. Préparation du sujet pour le pipeline anatomique	6
3. Pipeline anatomique 2007	8
4. Reconnaissance automatique des sillons	9
5. Statistiques morphométriques sur les sillons	11
6. Gonflement du maillage de la surface corticale	12
1. Importation des données de diffusion	16
2. Utilisation du pipeline de Modèle de diffusion	17
3. Utilisation du <i>Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres</i>	18
4. Découpage de faisceaux à partir de ROIs	20
5. Analyse de faisceaux	21
6. Visualisation des caractéristiques des faisceaux	22

INTRODUCTION

La version du paquetage BrainVISA utilisée est la 3.2.0, elle contient tous les outils nécessaires à la réalisation de ce TD à savoir, le logiciel Anatomist pour la visualisation et la manipulation des objets, la plate-forme BrainVISA pour l'organisation des données et les chaînes de traitements et les bibliothèques Aims et VIP pour les algorithmes.

TELECHARGEMENT ET INSTALLATION DES LOGICIELS

- Téléchargement sur : <http://brainvisa.info/downloadpage.html>.
- Procédure d'installation : <http://brainvisa.info/download.html#installation> et le [Manuel de BrainVISA](#).

ORGANISATION DU TP

Connexion

Démarrez la machine sous Linux Debian 32 bits. Vous utiliserez un compte différent sur chaque machine de imatp2 à imatp13. Les données et logiciels sont installés sur /tsi/medikit/tp-data/brainvisa. Vous travaillez dans le répertoire local /scratch/imatp<numéro>.

Contenu du répertoire de formation

- data_for_anatomist : données utilisées pour la partie sur Anatomist
- data_unprocessed : données non traitées utilisées pour la partie sur BrainVISA
- db_processed : base de données BrainVISA contenant des données déjà traitées
- cartopack : les logiciels utilisés pendant le TP.

Programme du TP

- Lundi 16 - 9h00-12h30 : Introduction à BrainVISA et Anatomist
- Lundi 16 - 14h00-17h30 : Traitement des données d'IRM T1
- Mardi 17 - 9h00-12h30 : Traitement des données d'IRM de diffusion
- Mardi 17 - 14h00-17h30 : Traitement des données d'histologie
- Mercredi 18 - 9h00 - 12h30 / 14h00 - 17h30 : Traitement des données d'IRM fonctionnelle
- Jeudi 19 - 9h00 - 12h30 / 14h00 - 17h30 : Programmation avec BrainVISA
- Vendredi 20 - 9h00 - 12h30 / 14h00 - 17h30 : Programmation avec BrainVISA, 2ème partie.

Introduction à BrainVISA et Anatomist

BrainVISA est une plate-forme logicielle modulaire et personnalisable qui réunit divers outils de recherche en neuroimagerie. Ces outils sont regroupés par thème dans des boîtes à outils dont certaines sont distribuées avec BrainVISA (T1 MRI, Diffusion & Tracking) et d'autres séparément (MEEG).

- Harmonisation des communications entre différents logiciels.
- Organisation des données selon une ontologie permettant de partager des données et d'automatiser des traitements.
- Visualisation interactive de données multimodales.
- Génération automatique d'interface graphique pour les traitements
- Possibilité d'étendre et de personnaliser le logiciel
- Disponible sous Linux, Mac et Windows.

BrainVISA est développé dans le cadre d'un institut fédératif de recherche, l'IFR49, qui regroupe des laboratoires de plusieurs organisations du gouvernement français : CEA, INSERM, INRIA et CNRS. BrainVISA est un logiciel libre écrit en Python et distribué sous licence CeCill v2 (compatible GPL).

Pour plus de détails sur le fonctionnement la plate-forme logicielle BrainVISA, reportez-vous au [Manuel de BrainVISA](#).

See the slides of the presentation : [BrainVISA Advanced Training - Introduction](#)

See the [tutorial of Anatomist](#)

Traitements des données d'IRM T1 : anatomie, segmentation, morphométrie

Introduction

Ce chapitre a pour objectif de vous guider à travers les différentes étapes permettant de traiter vos données d'IRM T1. La boîte à outils IRM T1 propose des traitements de segmentation anatomique, construction de maillages 3D. D'autres boîtes à outils : Sillons, Morphométrie, la complètent par des traitements de reconnaissance des sillons et de morphométrie.

Les différentes étapes seront les suivantes :



- **Importation des données** : importation des images brutes dans la base de données BrainVISA. Indispensable pour la suite.
- **Préparation du sujet** : cette étape permet de positionner des points de référence et de réorienter l'image si nécessaire.
- **Pipeline de segmentation** : enchaînement de plusieurs traitements à partir des données d'IRM T1 importées : correction du biais, analyse de l'histogramme, calcul du masque du cerveau, ... jusqu'à l'extraction des sillons.
- **Reconnaissance automatique des sillons** : étiquetage automatique des sillons.
- **Statistiques morphométriques** : cette étape permet d'extraire un grand nombre d'informations sur les sillons comme leur position et leurs relations avec d'autres sillons.
- **Gonflement du maillage de la surface corticale** : nous verrons enfin un traitement permettant d'obtenir un maillage gonflé de la surface corticale, utile pour certaines visualisations avancées.

Exemple : sujet01

ETAPE 1 : Importation des données

Cette étape est **indispensable** afin d'utiliser pleinement les fonctionnalités de BrainVISA, notamment la complétion automatique des paramètres des traitements. Pour cela, vous devez avoir choisi une base de données BrainVISA et disposer de données de type T1.

Pour importer une IRM T1 :

- Ouvrez le traitement *IRM T1 => Importation => Importation d'une IRM T1*.
- Sélectionner les données à importer avec l'icône .
- Sélectionnez la sortie avec l'icône  du paramètre *output*. Vous devez renseigner certaines informations concernant la donnée : nom du protocole, nom du sujet.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : importez l'IRM T1 de *sujet01* (*data_unprocessed/sujet01/anatomy*) dans votre base de données.

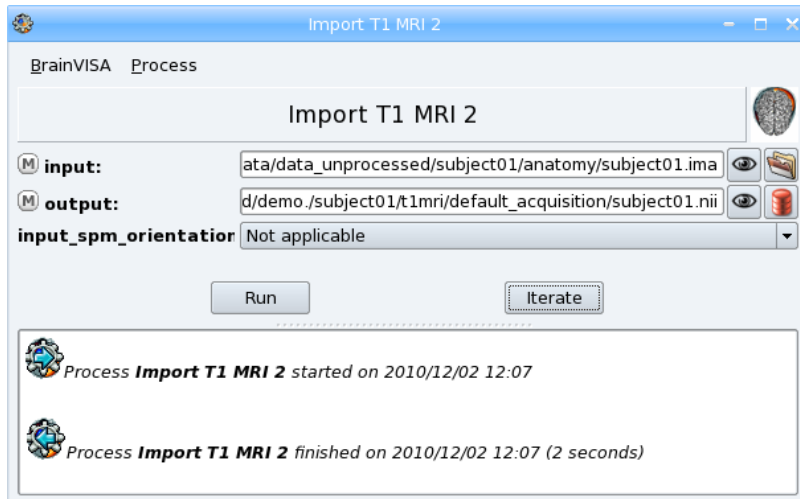


Figure 1. Importation d'une IRM T1

Ce traitement va copier et renommer le volume à importer en créant automatiquement l'arborescence des dossiers et des fichiers dans la base de données BrainVISA. Vous pouvez voir le contenu de vos bases de données avec le traitement *Gestion des données => Explorer les bases de données*. La donnée importée se trouve dans `<database>/<protocol>/<subject>/t1mri/<acquisition>/<subject>.ima`.




NOTE : si votre IRM T1 est au format SPM (ANALYZE), vous avez la possibilité d'indiquer la convention utilisée pour le stockage de ces données (radiologique ou neurologique) de façon à configurer correctement le champ `spm_radio_convention` du fichier .minf qui sera créé lors de l'importation. Reportez-vous au [chapitre sur le chargement et l'affichage des objets](#) du manuel d'Anatomist.

ETAPE 2 : Préparation du sujet pour le pipeline anatomique

Cette étape est **obligatoire**. Ce traitement permet de générer un fichier .APC contenant les coordonnées des points de référence : la commissure antérieure, la commissure postérieure, un point du plan inter-hémisphérique et un point de l'hémisphère gauche. Ce fichier sera utilisé lors du pipeline anatomique. Il permet :

- de réorienter le volume si nécessaire.
- de créer le fichier .APC nécessaire au calcul de la transformation vers le référentiel **Talairach AC/PC**. Cette transformation sera utilisée pour mettre tous les volumes de différents sujets dans le même référentiel sans modifier les données. Cette transformation sera calculée lors de l'exécution du pipeline.

Ce traitement est intégré au pipeline anatomique, c'est la première étape. Il est aussi possible de le lancer séparément :

- Ouvrez le traitement *IRM T1 => Pipeline de segmentation => Composants => Préparation du Sujet pour le Pipeline Anatomique*.
- Sélectionnez la donnée à traiter avec l'icône  pour le paramètre *TImri*. La sortie *Commissures_coordinates* doit se remplir automatiquement grâce à l'ontologie de données de BrainVISA.
- Le champ *Normalised* est à renseigner seulement si votre IRM T1 a été normalisée.
- Avant d'exécuter ce traitement, il faut récupérer les coordonnées des différents points AC, PC, ... via Anatomist. Après avoir cliqué sur l'icône , Anatomist est lancé et l'IRM T1 est chargée dans une fenêtre. Pour reporter les coordonnées, positionnez le curseur d'Anatomist à l'endroit souhaité, puis revenez sur le traitement BrainVISA pour cliquer sur l'icône  afin de transmettre les coordonnées d'Anatomist vers BrainVISA. Faites cette opération pour les différents points.
- Le dernier champ à renseigner est *allow_flip_initial_MRI*. La valeur de ce paramètre autorisera ou pas la modification de la donnée sur le disque si le traitement détecte qu'elle n'est pas correctement orientée.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : préparez l'IRM T1 de *sujet01*.

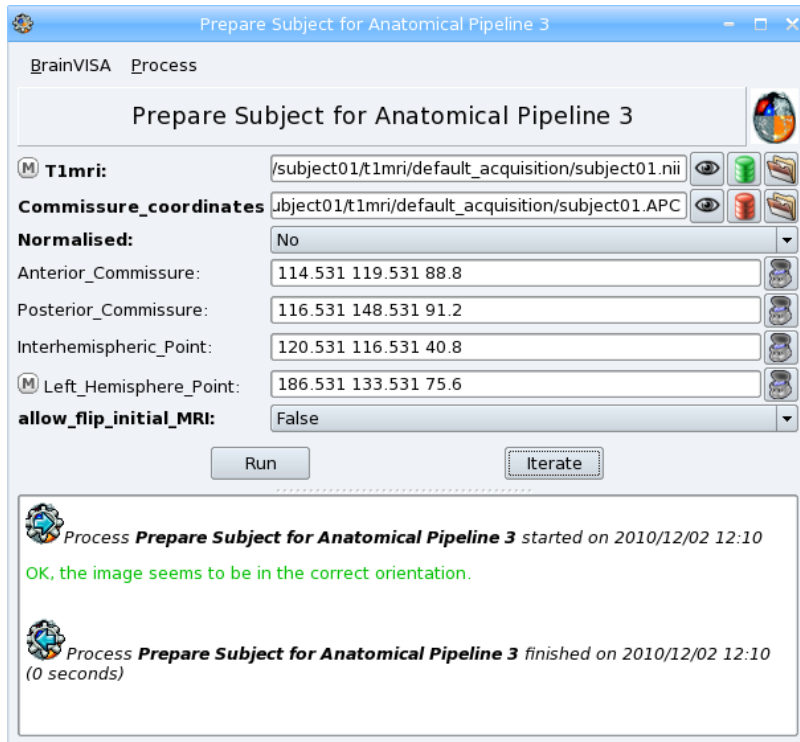


Figure 2. Préparation du sujet pour le pipeline anatomique

ETAPE 3 : Pipeline anatomique sur l'IRM T1

Le pipeline anatomique regroupe un ensemble de commandes permettant de corriger, d'analyser et d'extraire des informations à partir d'une IRM T1. Le pipeline est constitué des étapes suivantes :

- **Correction de biais T1** (*mri_corrected*) : Correction du biais spatial. Le résultat peut être utilisé dans le cadre d'une étude VBM.
- **Analyse de l'histogramme** (*histo_analysis*) : Recherche des plages de niveaux de gris correspondant au fond, et à la matière grise et blanche. C'est une étape importante sur laquelle sont basées les étapes suivantes de segmentation. L'analyse est fonction du contraste de l'IRM T1.
- **Segmentation du masque du cerveau** (*brain_mask*) : En s'appuyant en partie sur l'analyse de l'histogramme, le masque du cerveau (la matière grise et blanche) est créé.

Il est possible de modifier ce masque en changeant des options ou en le corrigeant manuellement avec le module de dessin de région d'intérêt d'Anatomist.

- **Séparation du masque du cerveau** (*brain_voronoi*) : Ce traitement vise à séparer les hémisphères et à éliminer le cervelet ainsi qu'une partie du tronc cérébral de manière à accéder aux faces internes et basses du cortex.
- **Transformation Talairach** (*Talairach_transform*) : calcul de la transformation entre le référentiel de l'image et le référentiel Talairach AC/PC.
- **Interface gris / blanc** : création d'un masque de la matière blanche et grise (*LGW_interface* et *RGW_interface*) ainsi que des maillages de l'interface gris / blanc (*right_white_mesh* et *left_white_mesh*) pour chaque hémisphère.


Ces maillages peuvent être gonflés pour réaliser des fusions avec d'autres objets comme des cartes d'activations.

- **Extraction de la surface ouverte d'un hémisphère** : création des masques LCR (liquide céphalo-rachidien) + matière grise (*left_hemi_cortex* et *right_hemi_cortex*) et des maillages de la surface externe du cortex (*left_hemi_mesh* et *right_hemi_mesh*) pour chaque hémisphère.

Ces objets ne peuvent pas être déformés car ce ne sont pas toujours des maillages à topologie sphérique. Mais ils peuvent être utilisés pour la visualisation.

- **Maillage de la tête** (*head_mesh*) : Création du maillage de la tête. Il peut être utilisé pour la visualisation en le superposant en transparence à d'autres objets.
- **Graphe de plis corticaux** (*left_graph* et *right_graph*) : Extraction des sillons du cortex sous forme de graphe de sillons pour chaque hémisphère.
- **Reconnaissance automatique des sillons** : Cette étape labellise les graphes obtenus à l'étape précédente. Elle n'est pas sélectionnée par défaut dans le pipeline car elle prend beaucoup de temps.

Pour lancer le traitement du pipeline anatomique :

- Ouvrez le traitement *IRM T1 => Pipeline de Segmentation => Pipeline T1 2007*.
- Sélectionner l'IRM T1 à analyser via l'icône .
- Tous les autres paramètres doivent se remplir automatiquement.
- Vous pouvez décocher l'étape de préparation du sujet puisque nous l'avons déjà faite.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : lancez le pipeline anatomique sur l'IRM T1 de *sujet01*.



Figure 3. Pipeline anatomique 2007

NOTE : Il est possible de décocher certaines étapes si vous n'avez pas besoin de toutes les données du pipeline. Il est aussi possible d'ouvrir et d'exécuter une des briques du pipeline indépendamment. Ces traitements se trouvent dans *IRM T1* => *Pipeline de Segmentation* => *composants*. La plupart de ces traitements ne sont cependant pas visibles lorsque le *userLevel* sélectionné dans les préférences de BrainVISA est *Basic*.

Faire plusieurs analyses


Pour certaines étapes, il y a un choix possible entre deux méthodes. C'est le cas notamment pour la correction de biais et l'analyse d'histogramme. Il peut être utile de changer de méthode quand celle par défaut ne fonctionne pas sur vos données. Une ancienne version du pipeline anatomique (celle de BrainVISA 3.0) est encore disponible dans *IRM T1* => *Pipeline de Segmentation* => *composants04* => *Pipeline anatomique IRM T1 classique*.


Si vous voulez essayer plusieurs méthodes en conservant les résultats à chaque fois, changez la valeur de l'attribut *analysis* pour la première donnée de sortie, les données seront alors écrites dans un nouveau répertoire et les données obtenues précédemment ne seront pas effacées.

Il est aussi possible de sauvegarder le traitement avec tous les paramètres choisis. Cela peut être utile pour garder une trace de l'analyse effectuée. Pour cela, utilisez l'option *Sauver* du menu *Process* du traitement.

Visualisation des données

Une fois que le pipeline est terminé, les données de sortie existent et sont donc visualisables. Vous pouvez visualiser une

donnée en cliquant sur l'icône  se trouvant à côté. Cela lance le traitement de visualisation approprié pour ce type de données, généralement en utilisant Anatomist. Pour refermer la visualisation, cliquez à nouveau sur l'icône en forme d'oeil ou fermez le pipeline.

Vous pouvez également ouvrir le traitement de visualisation en cliquant avec le bouton droit sur l'icône .


APPLICATION : Visualisez les résultats du pipeline pour sujet01.

ETAPE 4 : Reconnaissance automatique des sillons

Cette étape a été réalisée en amont car son temps d'exécution est long (de 20min à 2h suivant la machine). Les reconnaissances se font indépendamment pour chaque hémisphère, pour un cerveau entier, il faut donc doubler ce temps.

Ce traitement est inclus dans le pipeline et est aussi disponible dans *Sillons* => *morphométrie* => *Reconnaissance automatique*. Il est possible d'utiliser le mode itératif pour lancer le traitement sur plusieurs données (les deux hémisphères d'un sujet) comme dans l'exemple ci-dessous.

Itérer d'un traitement

Pour **itérer un traitement**, il faut ouvrir ce traitement et cliquer sur le bouton *itérations*. Cliquez ensuite sur l'icône  pour sélectionner les données d'entrée. Comme il s'agit d'une itération, vous pouvez sélectionner plusieurs données.

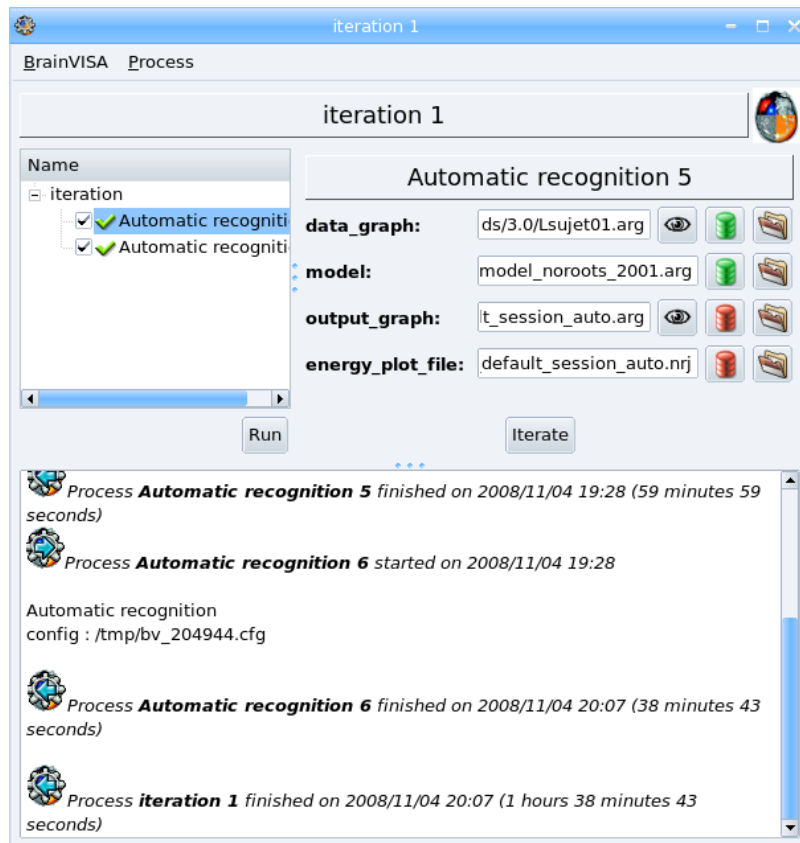


Figure 4. Reconnaissance automatique des sillons

APPLICATION : ajoutez la base de données *db_processed* située dans *jirfni2008*, contenant des sillons déjà étiquetés. Ouvrir le traitement de reconnaissance des sillons, entrez un graphe d'entrée et visualisez le graphe étiqueté en sortie (*output_graph*).

Il est possible d'itérer le traitement de visualisation de graphe de façon à comparer les graphes de sillons de différents sujets.

APPLICATION : Itérer le traitement de visualisation des graphes de sillons sur les graphes étiquetés de sujet01 et de sujet02.

ETAPE 5 : Statistiques morphométriques

Ce traitement permet de calculer un ensemble de descripteurs pour chaque sillon comme des coordonnées, des surfaces, des profondeurs, des relations avec les autres sillons... Ces descripteurs pourront ensuite être utilisés pour réaliser des statistiques à travers des populations de sujets. L'outil Datamind, développé à NeuroSpin, est un outil permettant d'organiser les données morphométriques et de les croiser avec des données cliniques. Cet outil n'est pas distribué avec BrainVISA, il faut voir avec Edouard Duchesnay si vous voulez l'utiliser.

Pour utiliser ce traitement :

- Ouvrez le traitement *Morphométrie* => *Statistiques morphométriques*.
- Sélectionner le modèle à utiliser pour la morphométrie: c'est ce modèle qui détermine quelles mesures seront faites et écrites en sortie. Pour les sillons, les modèles de morphométrie sont les mêmes que les modèles de reconnaissance des sillons. Attention ce modèle est latéralisé (ce n'est pas le même pour l'hémisphère droit et pour l'hémisphère gauche).
- Sélectionner les graphes étiquetés à analyser via le bouton base de données. Ces graphes doivent être compatibles avec le modèle choisi.
- Préparez un dossier pour y stocker les fichiers résultats. Dans notre exemple, nous avons */volatile/stat_morpho/* mais sur vos postes de travail, cela pourrait être */home/etudiant/stat_morpho*. Il faut également ajouter un préfixe, dans cet exemple nous avons le préfixe *sujet01*, ce qui pourrait donner */home/etudiant/stat_morpho/sujet01* pour le paramètre *output_prefix* dans le cadre de ce TD.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : lancez ce traitement sur un des graphes étiquetés (L ou R) du sujet *sujet01*. Puis après l'exécution du traitement, placez-vous dans le dossier indiqué par *output_prefix* et ouvrez l'un de ces fichiers avec un éditeur de texte.

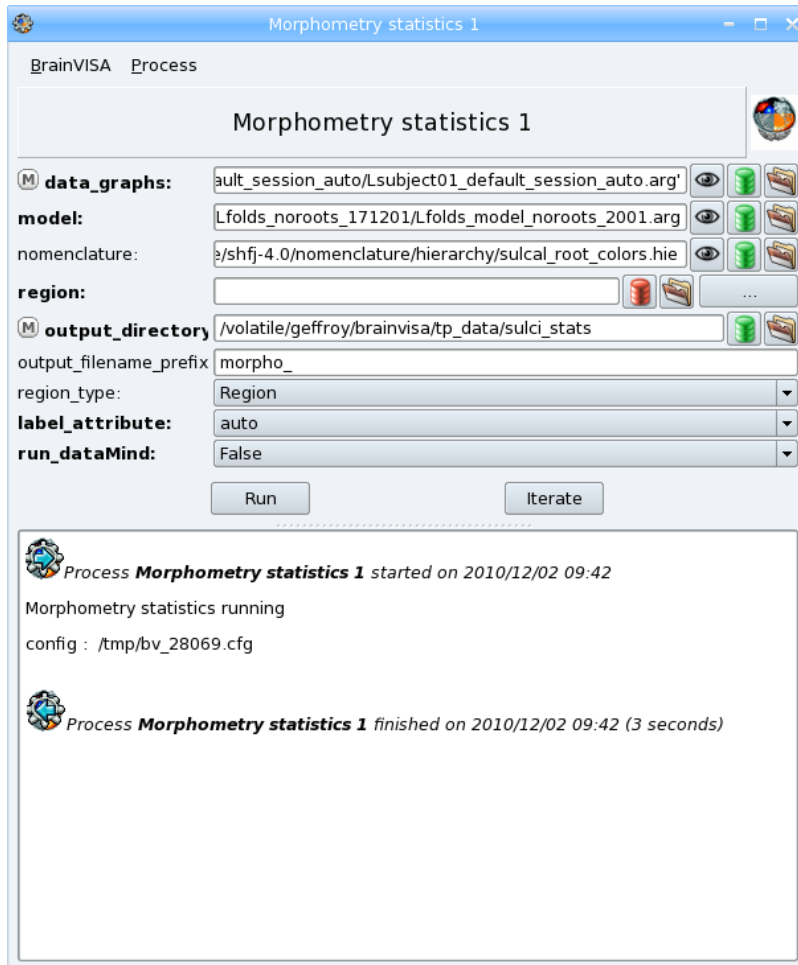


Figure 5. Statistiques morphométriques sur les sillons

ETAPE 6 : Gonflement du maillage de la surface corticale

Cette étape permet de gonfler le maillage de la surface corticale obtenu lors du pipeline. Ce maillage pourra être utilisé à des fins de rendu 3D dans Anatomist en le fusionnant par exemple avec une carte d'activation ou une texture. Ce traitement devra être utilisé uniquement avec les maillages de l'interface matière grise / matière blanche (< sujet >_Lwhite.mesh et < sujet >_Rwhite.mesh) car sa structure (topologie sphérique) permet de le déformer correctement contrairement au maillage de la surface d'un hémisphère < sujet >_Lhemi.mesh et < sujet >_Rhemi.mesh.

Pour utiliser ce traitement :

- Ouvrez le traitement *IRM T1 => surface => Gonflement de la surface corticale*.
- Sélectionnez un maillage de l'interface gris / blanc via le bouton base de données. Vous pouvez aussi utiliser le mode **Itérations** pour traiter les 2 hémisphères en même temps.
- Sélectionnez True pour l'option save_sequence. Cela permet d'obtenir les étapes intermédiaires de gonflement. Le maillage en sortie output_mesh aura dans ce cas une dimension temporelle.
- Lancez l'exécution.

Ce traitement crée en sortie deux objets : le maillage gonflé et la texture contenant l'information de courbure de la surface.

En fusionnant ces deux objets dans Anatomist, on obtient un maillage gonflé sur lequel les sillons sont représentés par des ombres.

APPLICATION : lancez ce traitement sur un maillage de la surface corticale (L ou R) du sujet *sujet01*. Visualisez le résultat.

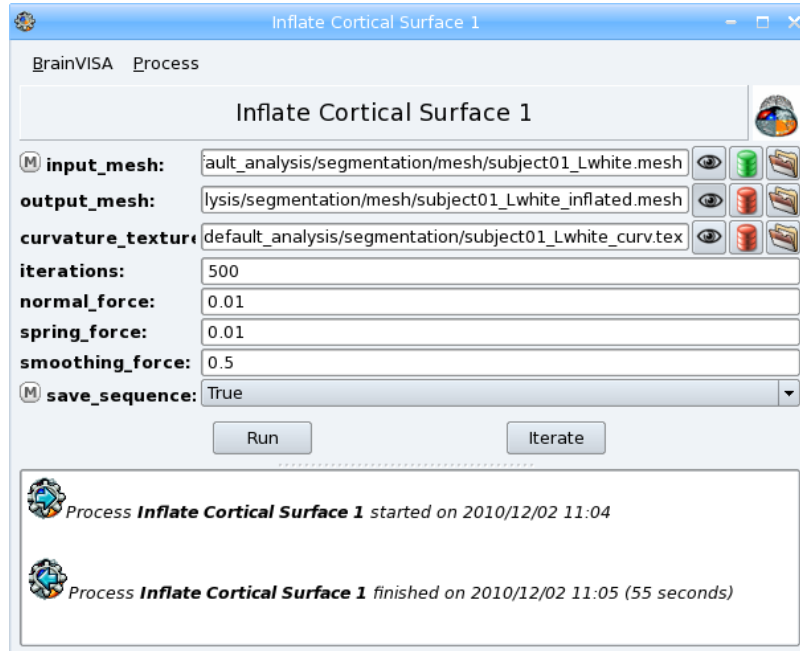


Figure 6. Gonflement du maillage de la surface corticale

Autres exemples : sujet02 et sujet03

Importer plusieurs images

Lorsque vous avez plusieurs images à importer dans votre base de données, il est pratique d'utiliser la fonctionnalité d'itération sur le traitement d'importation.

Pour cela :

- Ouvrir le traitement *Importation d'une IRM T1*
- Cliquer sur le bouton *Iterations*
- Remplir le paramètre *input* avec les images à importer en utilisant l'icône . Si les images sont dans le même répertoire, il suffit de toutes les sélectionner d'un coup. Sinon, choisir la première et ensuite cliquer à nouveau sur l'icône mais avec le bouton droit pour ajouter une entrée au lieu de remplacer.
- Remplir le paramètre *output* via l'icône . Remplissez les différents attributs comme pour une importation simple sauf pour l'attribut *subject* qui a une valeur différente pour chaque image à importer. Vous devez donc entrer pour l'attribut *subject* une liste de valeur, chaque valeur étant séparée par un espace.
- Sélectionnez les noms de fichiers proposés par BrainVISA et cliquez sur OK.
- Une fenêtre représentant les itérations du traitement apparaît. Lancer le traitement.

APPLICATION : importez les IRM T1 de sujet02 et sujet03 (data_unprocessed/sujet02/anatomy et data_unprocessed/sujet03/anatomy) dans votre base de données en itérant le traitement d'importation.

Que faire en cas de problème avec le pipeline anatomique ?

Lancer le pipeline anatomique en laissant tous les paramètres par défaut ne marche pas toujours. En effet, Les réglages par défaut correspondent à l'alternative que nous considérons comme la plus robuste ou la plus performante, mais il peut être nécessaire de les changer pour certaines images.

Lorsqu'une erreur se produit, commencez par regarder les résultats obtenus avant cette erreur pour situer l'étape qui s'est mal passée. Il peut arriver par exemple que le masque du cerveau soit faux, ce qui fait échouer les étapes suivantes.

Vous pouvez également consulter les logs de BrainVISA pour avoir plus de détail sur le déroulement du traitement :

Visualisation et sauvegarde du fichier de log

Toutes les actions (traitement + valeurs des paramètres) sont sauvegardées dans un fichier log, il est possible de :


- Consulter ces informations via le menu *BrainVISA* -> *Voir le Log*.
- Sauver le contenu en copiant le fichier correspondant. Il se trouve dans votre répertoire personnel (généralement `C:\Documents and Settings\nom` sous Windows ou `/home/nom` sous linux, ou encore `/Users/nom` sous Mac), dans un répertoire `.brainvisa` et s'appelle `brainvisa.log`.
- Recharger un fichier de log préalablement sauvegardé en cliquant sur ouvrir dans la fenêtre présentant les logs de BrainVISA.

APPLICATION : visualisez le log de BrainVISA. Fermez BrainVISA et sauvez le fichier de log situé dans le dossier `/home/etudiant/.brainvisa`.


Paramètres réglables dans le pipeline


- Méthode de correction de biais : deux méthodes existent, celle proposée par défaut est la plus récente et est en général plus robuste que l'ancienne en cas de faible contraste gris/blanc et/ou large amplitude du biais.
- Méthode d'analyse d'histogramme : Celle proposée par défaut n'est pas la plus récente car la nouvelle méthode n'est pas suffisamment validée. Cependant elle peut permettre d'éviter certaines faiblesses de la précédente lorsque l'histogramme présente un grand pic de graisse.
- Segmentation du masque du cerveau : il existe aussi deux méthodes. De plus il est possible de corriger le masque manuellement.

Correction manuelle du masque du cerveau

Si malgré les réglages effectués vous n'obtenez pas un masque du cerveau satisfaisant, il est toujours possible de le corriger à la main. Pour cela, cliquez sur l'icône  à côté du paramètre `brain_mask` du traitement. Cela ouvre Anatomist et son module de dessin de ROI, vous pouvez alors dessiner avec la souris pour corriger le masque.

Ce type de correction est nécessaire quand il existe des problèmes localisés sur le masque. Si vous avez des voxels en dehors du cerveau ou si le masque est trop érodé, il vaut mieux essayer de régler les options du traitement de création du masque.

- Ouvrez le traitement du pipeline anatomique.
- Sélectionnez le sujet pour lequel vous souhaitez modifier manuellement le masque du cerveau par .

- Cliquez sur l'icône  du paramètre *brain_mask*.
- Anatomist est lancé et le masque est chargé comme une région d'intérêt avec un nom comme *label_255*.
- Repérez l'interface indiquant : *Click here when finished* et mettez la de côté.
- Réglez votre pinceau dans l'onglet *Dessin ROI*.
- La région à corriger doit apparaître sur l'anatomie qui a été chargée automatiquement et placée dans une fenêtre axiale.
- Si vous avez besoin d'AJOUTER DES VOXELS : cliquer avec le bouton gauche de votre souris.
- Si vous avez besoin d'ENLEVER DES VOXELS : cliquer sur *Ctrl* et le bouton gauche de votre souris.
- Quand vous avez terminé votre correction, cliquez sur *Ok* de la boîte de dialogue *Click here when finished*.

Warning

Attention, après une correction manuelle, il faut penser à dé-cocher les étapes précédentes du pipeline avant de le relancer, sinon votre correction manuelle sera écrasée par le nouveau calcul automatique. Ou alors changer de session de traitement.

APPLICATION : lancez le pipeline sur les sujets *sujet02 et sujet03*. Tester différents réglages pour faire marcher le pipeline correctement sur ces sujets. Vous pouvez conserver une trace des différents essais en sauvegardant le traitement à chaque fois. Vous pouvez également conserver les données obtenus à chaque essai en changeant à chaque l'attribut *analysis* de vos données de sortie.

Traitement des données de diffusion

Introduction

Ce chapitre a pour objectif de vous guider à travers les différentes étapes qui vous permettront de traiter vos données de diffusion. Les traitements que nous allons voir sont regroupés dans la boîte à outils *Diffusion et Tractographie*.

Les différentes étapes seront les suivantes :


- **Importation des données** : importation des images dans la base de donnée BrainVISA. Cette étape est indispensable pour que vos données soient reconnues par BrainVISA.
- **Pipeline Modèle de diffusion** : enchaînement de plusieurs traitements à partir des données de diffusion importées : correction des distorsions, création d'un masque du cerveau, calcul d'un modèle de diffusion et création d'un ensemble de cartes standards (ADC, FA, Volume Ratio, RGB ...).
- **Suivi de faisceaux de fibres** : reconstruction de faisceaux de fibres à partir d'une ou plusieurs ROIs et d'un modèle de diffusion.
- **Transformation des faisceaux** : Cette étape permet de transformer les faisceaux de fibres de différentes manières : application d'une transformation affine, sélection et découpage des faisceaux suivant les régions traversées, suppression des fibres trop courtes.
- **Analyse des faisceaux** : Cette étape permet d'obtenir des informations sur les faisceaux comme la longueur ou l'anisotropie fractionnelle le long du faisceau.

Exemple : sujet01

ETAPE 1 : Importation des données

Comme pour l'importation des données d'anatomie, vous devez au préalable avoir choisi une base de données BrainVISA.

Pour importer des données de diffusion :

- Ouvrez le traitement *Diffusion et Tractographie* => *Importation* => *Importation générique de diffusion*.
- Sélectionnez les données à importer avec l'icône  du paramètre *files* : le ou les fichiers contenant un volume pondéré en T2 et plusieurs volumes pour les informations de diffusion (1 par direction).
- Vous devez aussi fournir en entrée (paramètre *bValuesAndOrientations*) un fichier texte donnant la bvalue et l'orientation pour chaque volume.
- Sélectionnez les sorties avec la loupe rouge du paramètre *output*.
- Si vos données ont déjà été corrigées des distorsions, sélectionnez *True* pour le paramètre *dw_already_corrected*.

APPLICATION : importez les données de diffusion de *sujet01* (*data_unprocessed/sujet01/diffusion*) dans votre base de données. Le fichier texte contenant les informations de bvalue et d'orientation s'appelle *diffusion_o41.txt*.

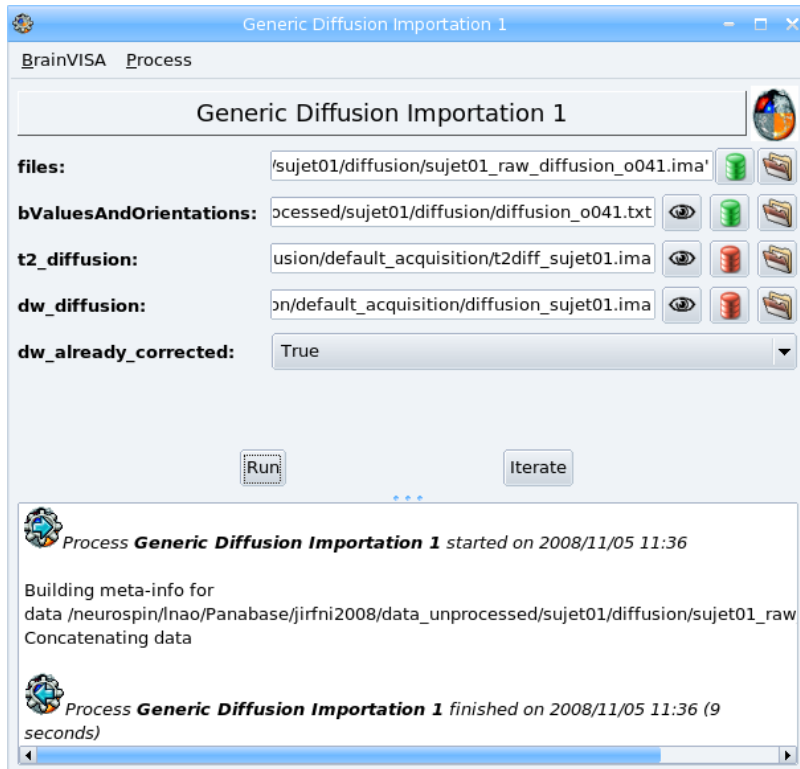



Figure 1. Importation des données de diffusion

NOTE : Il existe d'autres traitements d'importation, spécifiques d'une séquence d'acquisition et/ou d'un scanner. Cela évite de devoir donner à chaque fois la liste des directions. Mais si aucun traitement d'importation spécifique ne s'adapte à vos données, vous pouvez toujours utiliser le traitement générique ou créer votre propre traitement d'importation.

ETAPE 2 : Pipeline Modèle de diffusion

Pour lancer ce pipeline :

- Ouvrez le traitement *Diffusion et Tractographie* => *Pipeline Modèle de Diffusion*.
- Sélectionnez l'IRM T2 de diffusion à analyser via l'icône .
- Tous les autres paramètres doivent se remplir automatiquement.
- Sélectionnez le modèle à calculer. Deux types de modèles sont possibles : Tenseur de diffusion (DTI) et QBall. Par défaut, seul le modèle DTI est calculé. Il est plus rapide à calculer mais aussi plus simple, il ne permet pas de modéliser les croisements de fibres notamment.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : lancez le pipeline de diffusion sur les données de *sujet01* en changeant la valeur *erosion_size* de l'étape *Brain mask from T2* à 8. Visualisez les résultats.

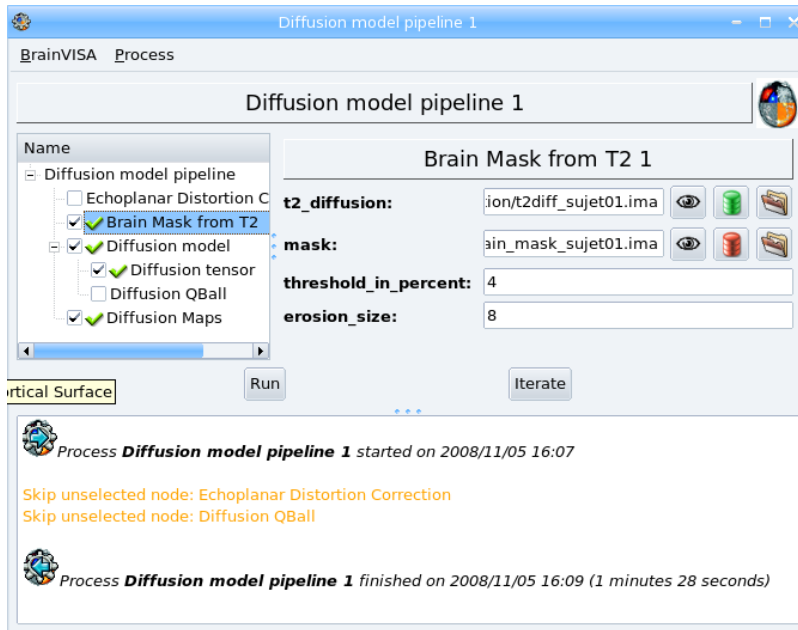


Figure 2. Utilisation du pipeline de Modèle de diffusion


NOTE : Dans notre exemple, l'étape de *Correction des distorsions échoplanaires* a été désélectionnée automatiquement car les données importées étaient déjà corrigées.

ETAPE 3 : Suivi de faisceaux de fibres

Cette étape permet de réaliser de la tractographie des fibres de matière blanche. Cette méthode nécessite de définir les points de départ du tracking sous la forme d'un masque ou d'un graphe de régions d'intérêt. La première étape du pipeline propose donc de dessiner des régions d'intérêt.


A partir de ROIs déjà dessinées

Dans un premier temps, nous allons tester le tracking avec des régions d'intérêt existantes, que nous allons au préalable importer dans la base de données. Pour cela, nous allons utiliser un traitement d'importation générique permettant d'importer tout type de données dans la base.

- Ouvrez le traitement *Gestion des données => Importation => Importation Générale*.
- Choisissez le graphe à importer avec l'icône du paramètre *input*.
- Choisissez le type de données à importer avec le paramètre *data_type*, ici *Tracking regions graph*.
- Sélectionnez le paramètre de sortie avec l'icône . Entrez la valeur des attributs *protocol* et *subject*.
- Sélectionnez l'image pondérée en T2 correspondante pour le paramètre *copy_referential_of* afin d'en copier le référentiel.
- Lancer le traitement.

APPLICATION : Importez dans votre base de données le graphe de ROI pour sujet01. (data_unprocessed/sujet01/diffusion/sujet01_tracking_roi.arg).

Nous allons maintenant utiliser ces régions d'intérêt comme points de départ pour l'algorithme de suivi de faisceaux. Positionnez-vous dans *Diffusion et Tractographie* => *Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres*.

- Sélectionnez la T2 de diffusion dans votre base de données grâce à l'icône  du paramètre *t2_diffusion*.
- Sélectionnez les régions d'intérêt importées précédemment pour le paramètre *starting_points*.
- Lancez le pipeline.

APPLICATION : Lancez la tractographie sur sujet01 en utilisant les régions d'intérêt importées précédemment.

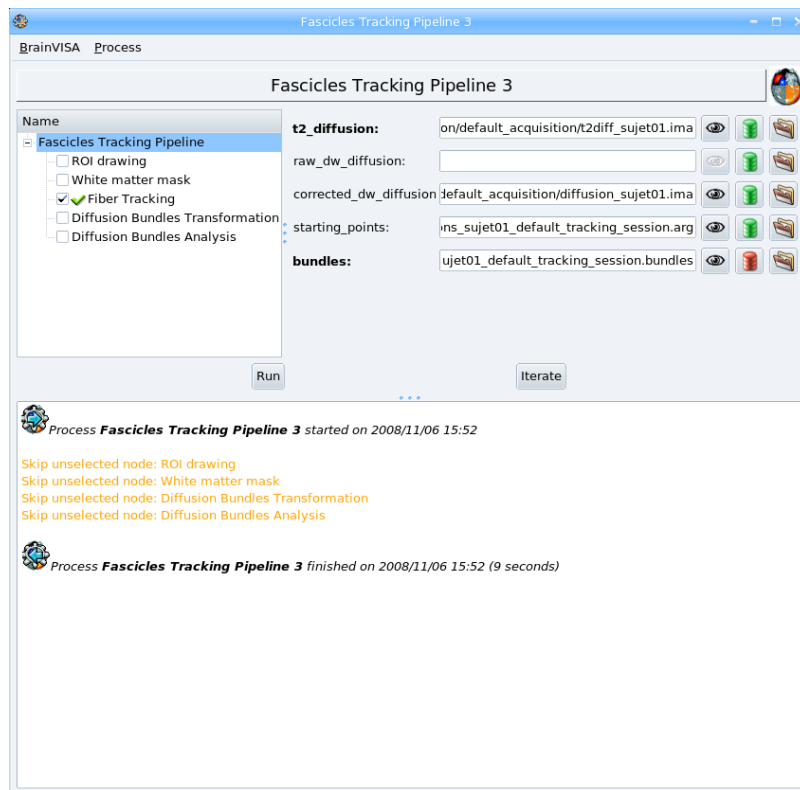



Figure 3. Utilisation du *Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres*

Si vous devez dessiner des ROIs

Pour dessiner les ROIs :

- Cochez uniquement le traitement *ROI drawing*.
- Sélectionnez l'image sur laquelle vous souhaitez dessiner vos ROIs en utilisant la loupe verte, sélectionnez par exemple la carte RGB.
- Si vous voulez conserver plusieurs graphes de ROI et plusieurs résultats de tracking, veillez à changer à chaque fois de session de tracking. Les différentes sessions seront ainsi stockées dans des répertoires différents. Grâce à l'icône  du paramètre *ROI*, sélectionnez le protocole, le sujet puis créez une session, par exemple *session1*.
- Lancer le traitement. Cela ouvre le module de ROI d'Anatomist. A présent pour dessiner, activez la région *region*

(vérifiez qu'elle soit sélectionnée) dans l'interface ROI d'Anatomist, puis réglez votre pinceau comme nécessaire dans l'onglet *paint*. Vous pouvez maintenant dessiner, lorsque vous avez fini, faites : *ROI management => File => Save As*. Vos ROIs sont à présent sauvegardées dans votre base de données BrainVISA.

APPLICATION : dessinez des ROIs dans une nouvelle session puis lancez la tractographie comme dans la section précédente.

NOTE : les faisceaux reconstruits sont stockés dans le format .bundles.

NOTE : dans une utilisation plus avancée des outils, nous aurions pu utiliser des ROIs dessinées à partir d'une IRM T1. Pour appliquer ces ROIs sur nos données de diffusion, nous aurions dû nous assurer que ces ROIs soient déjà recalées avec nos données de diffusion ou donner cette information dans le paramètre *starting_point_transformation* sous forme de fichier .trm. Mais attention les données de diffusion présentent de fortes distorsions.

ETAPE 4 : Transformation des faisceaux

Cette étape vous permettra d'affiner votre sélection de faisceaux :

=> Vous pouvez à partir d'un ensemble de faisceaux reconstruit avec le traitement Suivi de faisceaux de fibres découper ces faisceaux en fonction de ROIs (les mêmes que précédemment ou de nouvelles).

Pour lancer ce découpage :

- Ouvrez le traitement *Diffusion et Tractographie => Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres*.
- Sélectionnez l'IRM T2 de diffusion à analyser.
- Cochez uniquement le traitement *Diffusion Transformation des Faisceaux*.
- Placez-vous dessus.
- Remplissez les paramètres en fonction de votre session de tracking.
- Lancez l'exécution.

APPLICATION : lancez une sélection sur les faisceaux du sujet01 à partir des mêmes régions qu'à l'étape précédente.

=> Vous pouvez également découper votre faisceau (ou vos faisceaux) à partir de ROIs.



Figure 4. Découpage de faisceaux à partir de ROIs

NOTE : Il est aussi possible de définir un fichier de règles pour sélectionner certains faisceaux. Consultez la documentation associée au traitement *Diffusion et Tractographie* => *Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres* pour plus de détails.

ETAPE 5 : Analyse des faisceaux


Ce traitement permet d'obtenir des indications sur les tailles, moyennes... des bundles. Un fichier `.features`, contenant ces informations, est généré.



Figure 5. Analyse de faisceaux

Pour lancer cette analyse :

- Ouvrez le traitement *Diffusion et Tractographie* => *Pipeline de Suivi de faisceaux de fibres*.
- Sélectionnez l'IRM T2 de diffusion à analyser.
- Cochez uniquement le traitement *Diffusion Analyse des Faisceaux*.
- Placez-vous dessus.
- Remplissez les paramètres en fonction de votre session de tracking.
- Lancez l'exécution.

Pour visualiser le fichier `.features` avec son outil, cliquez sur l'icône .

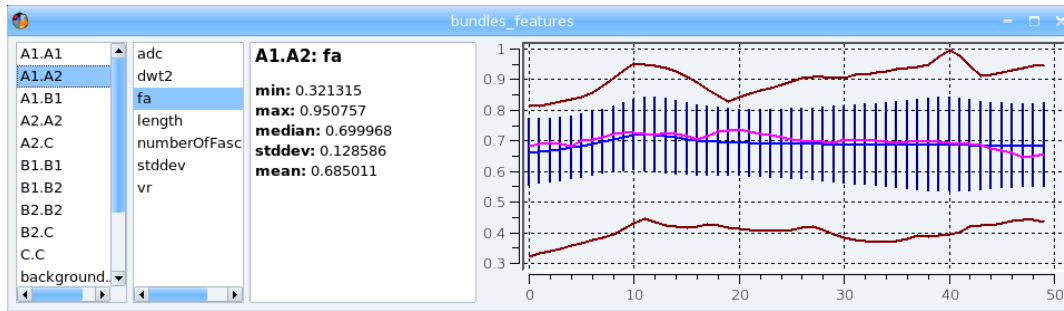


Figure 6. Visualisation des caractéristiques des faisceaux

APPLICATION : lancez cette analyse sur les faisceaux que vous avez générés.

Traitement des données d'histologie

Voir le [manuel de la boîte à outils BrainRAT](#).

Traitement des données d'IRM fonctionnelle

Voir le [document de TP](#).

Programmation avec BrainVISA

La présentation [Programming with BrainVISA](#) et les exemples correspondants [examples](#).