

# Analisis SBM con Freesurfer (a.k.a. FSGA) para BIOFACE

## Haciendo los archivos

Para construir los archivos *.fsgd* a partir de la base de datos han de hacerse una serie de pasos. Voy a poner el ejemplo con la variable RLPP. Para cualquier otra variable simplemente se cambia.

```
[osotolongo@brick03 fsga2]$ sed 's/;/,/g' ../bioface_mri.csv >
bioface_join.csv
[osotolongo@brick03 fsga2]$ awk -F"," '{print $3","$5","$6","$7","$21}'
../bioface_np.csv > bioface_rlpp.csv
[osotolongo@brick03 fsga2]$ sed -i 's/Subjecte/PSubject/g' bioface_rlpp.csv
[osotolongo@brick03 fsga2]$ join -t"," -1 2 -2 1 bioface_join.csv
bioface_rlpp.csv > bioface_data_rlpp.csv
[osotolongo@brick03 fsga2]$ awk -F"," '{print
"bioface_"$2","$3","$4","$5","$6}' bioface_data_rlpp.csv | sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Años_Estudios/Edu
cation/' | sed 's/bioface_\([^,]*\),/Input bioface_\1 Main /; s/,/ /g' >
rlpp_body.csv
[osotolongo@brick03 fsga2]$ head rlpp_body.csv
Variables Age Gender Education RLPP
Input bioface_0001 Main 64 1 11 2
Input bioface_0002 Main 53 2 9 10
Input bioface_0003 Main 60 2 8 3
Input bioface_0004 Main 64 2 7 3
Input bioface_0005 Main 62 2 16 7
Input bioface_0006 Main 64 2 5 7
Input bioface_0007 Main 62 2 11 5
Input bioface_0008 Main 58 2 11 8
Input bioface_0009 Main 51 2 11 7
[osotolongo@brick03 fsga2]$ cat headers_rlpp.txt
GroupDescriptorFile 1
Title BIOFACE_rlpp
Class Main
[osotolongo@brick03 fsga2]$ cat headers_rlpp.txt rlpp_body.csv > rlpp.fsgd
```

y por otra parte el modelo,

```
[osotolongo@brick03 fsga2]$ cat rlpp.mtx
0 0 0 0 1
```

## Preparando la ejecucion

Ahora voy a hacer un script que corra todo el proceso, para no saltarme ningun paso

```
[osotolongo@brick03 fsga2]$ cat fsga_rlpp.sh
#!/bin/bash
mris_preproc --fsgd rlpp.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi lh --out lh.rlpp.thickness.10.mgh
mris_preproc --fsgd rlpp.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi rh --out rh.rlpp.thickness.10.mgh
mri_glmfit --y lh.rlpp.thickness.10.mgh --fsgd rlpp.fsgd --C rlpp.mtx --surf
fsaverage lh --glmdir lh.rlpp.glmdir
mri_glmfit --y rh.rlpp.thickness.10.mgh --fsgd rlpp.fsgd --C rlpp.mtx --surf
fsaverage rh --glmdir rh.rlpp.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.rlpp.glmdir --cache 2 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.rlpp.glmdir --cache 2 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.rlpp.glmdir --cache 2 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.rlpp.glmdir --cache 2 pos --cwp 0.05 --2spaces
```

y se lanza todo con,

```
[osotolongo@brick03 fsga2]$ ./fsga_rlpp.sh
```

## Buscando resultados

Para encontrar los clusters hacemos,

```
[osotolongo@brick03 fsga2]$ for x in `find ./ -name "*.summary"`; do echo
${x}; grep -v "^#" ${x}; done
./lh.rlpn.glmdir/rlpn/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
./lh.rlpn.glmdir/rlpn/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
./lh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
./lh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
  1      3.519  112413  3477.26  -18.5  -75.6  28.2  0.00020  0.00000
0.00040  6595   15036.07 precuneus
  2      3.947  157071  2138.53  -58.6  -51.1   1.7  0.00020  0.00000
0.00040  4377   10588.38 bankssts
  3      4.314   99360  1135.62  -44.3   7.6   5.7  0.00878  0.00719
0.01057  2749    7526.91 parsopercularis
./rh.rlpn.glmdir/rlpn/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
./rh.rlpn.glmdir/rlpn/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
./rh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
./rh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
  1      4.982  104537  7071.55   46.5  -57.5  23.1  0.00020  0.00000
0.00040 14015   35733.48 inferiorparietal
  2      3.430   29029  2647.45   27.8   19.3  42.7  0.00020  0.00000
0.00040  5370   11735.45 caudalmiddlefrontal
  3      4.229   45003  1848.86   12.5  -52.8  30.8  0.00020  0.00000
0.00040  4269   10182.11 precuneus
  4      2.481  143807  1116.95   30.5  -49.7  -13.8  0.01276  0.01077
0.01475  2172    4473.95 fusiform
```

Ahora, en el hemisferio/modelo que hemos encontrado resultados podemos identificar estos clusters

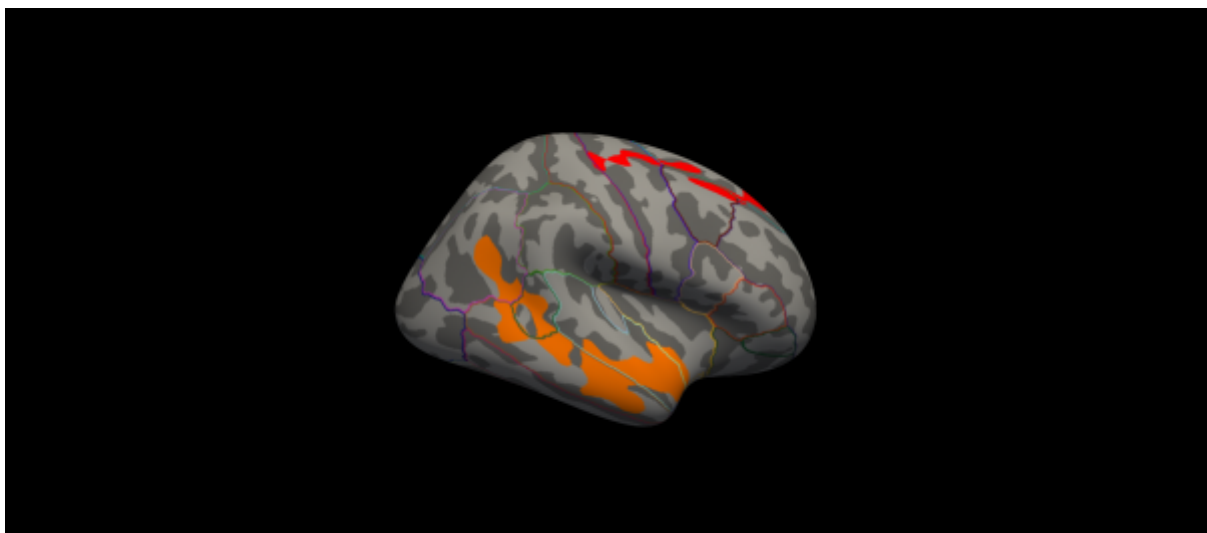
con,

```
$ freeview -f  
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/rh.inflated:overlay=rh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.t  
h20.pos.sig.cluster.mgh:overlay_threshold=0.1,5:annot=rh.rlpp.glmdir/rlpp/ca  
che.th20.pos.sig.ocn.annot -viewport 3d &
```



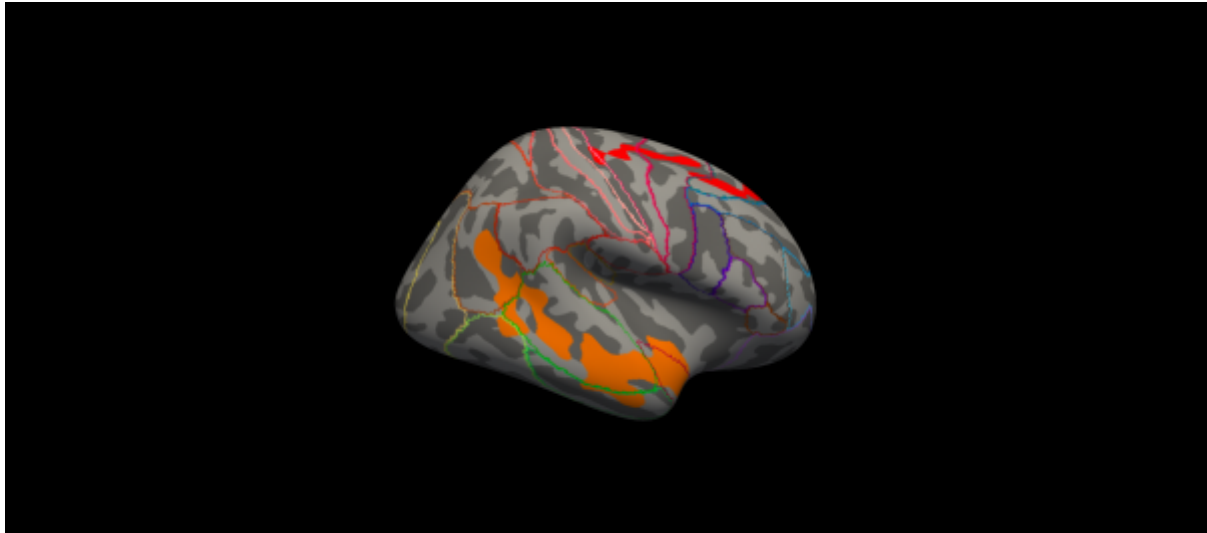
Para superponer el atlas DK,

```
$ freeview -f  
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/rh.inflated:overlay=rh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.t  
h20.pos.sig.cluster.mgh:overlay_threshold=0.1,5:annot=aparc.annot:annot_outl  
ine=1 -viewport 3d &
```



y para ver las áreas de Brodman afectadas,

```
$ freeview -f  
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/rh.inflated:overlay=rh.rlpp.glmdir/rlpp/cache.t  
h20.pos.sig.cluster.mgh:overlay_threshold=0.1,5:annot=PALS_B12_Brodmann.anno  
t:annot_outline=1 -viewport 3d &
```



## Cambiando a Volumen

Para area y/o otra variable es los mismo, con un solo ejemplo ya la idea la tenemos. Hay que hacer las 9 combinaciones pero no deberia tomar demasiado.

### Extraer ICV

```
[osotolongo@brick03 fsga]$ awk -F"," '{print $1,"$67}'
../fsrecon/aseg_stats.csv > bioface_icv.csv
[osotolongo@brick03 fsga]$ head bioface_icv.csv
Subject,EstimatedTotalIntraCranialVol
0001,1486505.98285
0002,1249118.11926
0003,1333969.51364
0004,1344500.90389
0005,1408317.34379
0006,1321218.04232
0007,1501903.59123
0008,1480617.98715
0009,1368664.47062
[osotolongo@brick03 fsga]$ cat convert_icv.r
setwd("/nas/data/bioface/fsga")
read.csv("bioface_icv.csv") -> x
x$zICV <- (x$EstimatedTotalIntraCranialVol -
mean(x$EstimatedTotalIntraCranialVol))/sd(x$EstimatedTotalIntraCranialVol)
write.csv(x, file="bioface_zic_tempv.csv", row.names=FALSE)
[osotolongo@brick03 fsga]$ Rscript convert_icv.r
[osotolongo@brick03 fsga]$ head bioface_zic_tempv.csv
"Subject","EstimatedTotalIntraCranialVol","zICV"
1,1486505.98285,0.41844790218558
2,1249118.11926,-1.20476544891787
3,1333969.51364,-0.624567648851558
4,1344500.90389,-0.552555992480593
5,1408317.34379,-0.116191236089841
```

```

6,1321218.04232,-0.711759800041669
7,1501903.59123,0.523733838540968
8,1480617.98715,0.378186900266852
9,1368664.47062,-0.387330089465778
[osotolongo@brick03 fsga]$ awk -F"," '{ $1 = sprintf("%04d",$1); print $1,"",$3}' bioface_zic_tempv.csv | sed 's/"//g;s/0000/Subject/' >
bioface_zicv.csv
[osotolongo@brick03 fsga]$ head bioface_zicv.csv
Subject,zICV
0001,0.41844790218558
0002,-1.20476544891787
0003,-0.624567648851558
0004,-0.552555992480593
0005,-0.116191236089841
0006,-0.711759800041669
0007,0.523733838540968
0008,0.378186900266852
0009,-0.387330089465778

```

## Integrando con los datos

```

[osotolongo@brick03 fsga]$ join -t"," -1 2 -2 1 bioface_data.csv
bioface_zicv.csv > bioface_vdata.csv
[osotolongo@brick03 fsga]$ head bioface_vdata.csv
Subject,PSubject,Edad,Sexo,Estudios,FACEmem,zICV
0001,B001,64,1,11,13,0.41844790218558
0002,B002,53,2,9,48,-1.20476544891787
0003,B003,60,2,8,10,-0.624567648851558
0004,B004,64,2,7,21,-0.552555992480593
0005,B005,62,2,16,30,-0.116191236089841
0006,B006,64,2,5,25,-0.711759800041669
0007,B007,62,2,11,39,0.523733838540968
0008,B008,58,2,11,45,0.378186900266852
0009,B009,51,2,11,28,-0.387330089465778
[osotolongo@brick03 fsga]$ awk -F"," '{print
"bioface_"$1,""$3,""$4,""$5,""$6,""$7}' bioface_vdata.csv | sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Estudios/Educatio
n/' | sed 's/bioface_\([^,]*\),/Input bioface_\1 Main /; s/,/ /g' >
memv_body.csv
[osotolongo@brick03 fsga]$ head memv_body.csv
Variables Age Gender Education FACEmem zICV
Input bioface_0001 Main 64 1 11 13 0.41844790218558
Input bioface_0002 Main 53 2 9 48 -1.20476544891787
Input bioface_0003 Main 60 2 8 10 -0.624567648851558
Input bioface_0004 Main 64 2 7 21 -0.552555992480593
Input bioface_0005 Main 62 2 16 30 -0.116191236089841
Input bioface_0006 Main 64 2 5 25 -0.711759800041669
Input bioface_0007 Main 62 2 11 39 0.523733838540968
Input bioface_0008 Main 58 2 11 45 0.378186900266852
Input bioface_0009 Main 51 2 11 28 -0.387330089465778

```

```
[osotolongo@brick03 fsga]$ cat headers.txt
GroupDescriptorFile 1
Title BIOFACE_mem
Class Main
[osotolongo@brick03 fsga]$ cat headers.txt memv_body.csv > memv.fsgd
[osotolongo@brick03 fsga]$ head memv.fsgd
GroupDescriptorFile 1
Title BIOFACE_mem
Class Main
Variables Age Gender Education FACEmem zICV
Input bioface_0001 Main 64 1 11 13 0.41844790218558
Input bioface_0002 Main 53 2 9 48 -1.20476544891787
Input bioface_0003 Main 60 2 8 10 -0.624567648851558
Input bioface_0004 Main 64 2 7 21 -0.552555992480593
Input bioface_0005 Main 62 2 16 30 -0.116191236089841
Input bioface_0006 Main 64 2 5 25 -0.711759800041669
```

## Preparando el run

```
[osotolongo@brick03 fsga]$ cat memv.mtx
0 0 0 0 1 0
```

[fsgav.sh](#)

```
#!/bin/bash
mris_preproc --fsgd memv.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi lh --out lh.bioface.volume.10.mgh
mris_preproc --fsgd memv.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi rh --out rh.bioface.volume.10.mgh
mri_glmfit --y lh.bioface.volume.10.mgh --fsgd memv.fsgd --C memv.mtx -
-surf fsaverage lh --glmdir lh.bioface.vglmdir
mri_glmfit --y rh.bioface.volume.10.mgh --fsgd memv.fsgd --C memv.mtx -
-surf fsaverage rh --glmdir rh.bioface.vglmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.bioface.vglmdir --cache 2 neg --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.bioface.vglmdir --cache 2 pos --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.bioface.vglmdir --cache 2 neg --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.bioface.vglmdir --cache 2 pos --cwp 0.05 -
-2spaces
```

## Sacar resultados

Ahora,

```
$ ./fsgav.sh
```

y buscamos los resultados,

```
[osotolongo@brick03 fsga]$ for x in `find *vglmdir/memv/ -name
"*th20*.summary"`; do echo ${x}; grep -v "^#" ${x}; done
lh.bioface.vglmdir/memv/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
lh.bioface.vglmdir/memv/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
  1      3.959  79787   828.17   -32.6  -76.7  -11.8  0.00180  0.00100
0.00260  1178    3049.31 fusiform
  2      2.513  56552   625.22   -47.9  -26.0  -10.1  0.01574  0.01355
0.01792  1292    2610.65 middletemporal
rh.bioface.vglmdir/memv/cache.th20.neg.sig.cluster.summary
rh.bioface.vglmdir/memv/cache.th20.pos.sig.cluster.summary
  1      5.991  47819   954.75    45.3  -50.6   24.1  0.00060  0.00020
0.00100  2214    6368.82 inferiorparietal
  2      3.719   5713   674.59    54.4    3.4  -15.3  0.01157  0.00958
0.01355  1372    3261.33 superiortemporal
```



## SBM vs NBACE

Antes de ejecutar el análisis para las variables de NBACE, vamos a mirar que hay en la base de datos,

```
[osotolongo@brick03 fsga_nbace]$ head -n 1 bioface_full_db.csv | sed
's/,/\n/g' | cat -n
  1 SUJETO
  2 Interno
  3 INV_Edinburgh
  4 ISIS
  5 Suenyo_Pitsb
  6 P_Orofonatorias
  7 R_Pseudopalabras
  8 R_Palabras
  9 R_Frases
 10 C_Palabras
 11 C_Ordenes
 12 Proces_Sintactico
 13 L_Numeros
 14 L_Logotomos
 15 L_Textos
 16 Escritura
 17 TAP
 18 Secuencias_Posturas_D
 19 Secuencias_Posturas_I
 20 Grafestesia_D
 21 Grafestesia_I
 22 Recon_Digital_D
```

- 23 Recon\_Digital\_I
- 24 Orientacion\_D\_I
- 25 Probl\_aritmeticos
- 26 Num\_LCR
- 27 PLASMA\_Exosomes
- 28 PrimarioÚltimo
- 29 Primera\_Prueba
- 30 Prueba
- 31 EIN1
- 32 EIP1
- 33 EIN2
- 34 EIP2
- 35 RCPN
- 36 RCPP
- 37 RF
- 38 RLPN
- 39 RLPP
- 40 NEM
- 41 PEM
- 42 Resultado
- 43 RLPTOTAL
- 44 TABLETAPTOTAL
- 45 Fecha\_NPS\_adicional
- 46 FCSRT\_Total\_Free\_Recall
- 47 FCSRT\_Total\_Recall
- 48 FCSRT\_Delayed\_Free\_Recall
- 49 FCSRT\_Delayed\_Total\_Recall
- 50 ROCFT\_Delayed
- 51 DMS\_48\_SET1
- 52 DMS\_48\_SET2
- 53 TMT\_A\_Time
- 54 TMT\_A\_errors
- 55 TMT\_B\_Time
- 56 TMT\_B\_errors
- 57 Fluency\_M
- 58 Fluency\_R
- 59 Fluency\_P
- 60 Stroop\_P
- 61 Stroop\_C
- 62 Stroop\_PC
- 63 Stroop\_Formula
- 64 Stroop\_Interferencia
- 65 ROCFT\_Copy
- 66 ROCFT\_Time
- 67 VOSP\_Incomp\_Letters
- 68 VOSP\_Numb\_Locat
- 69 JLO
- 70 Boston\_free
- 71 Boston\_free\_CS
- 72 Boston\_free\_CS\_CF
- 73 Piram\_Palm\_Imagenes



74 Piram\_Palm\_palabras  
75 ATN\_grupo  
76 PrimaryLast  
77 Fecha\_Nacimiento  
78 Sexo  
79 Diagnostico\_Sindromico  
80 Diagnost\_secund\_agrupado  
81 Diagnostico\_secundario  
82 Diagnostico\_NPS  
83 Anyos\_escolaridad  
84 Nivel\_escolaridad  
85 Situacion\_laboral  
86 Convivencia  
87 Estado\_civil  
88 Lengua\_materna  
89 Bilingue  
90 Lateralidad  
91 Fecha\_NRL  
92 Fecha\_Inicio\_sintomas  
93 Edad\_inicio  
94 Edad\_visita  
95 Sintoma\_Inicio1  
96 Sintoma\_Inicio2  
97 Sintoma\_Inicio3  
98 Sintoma\_Inicio4  
99 Sintoma\_Inicio5  
100 Sintoma\_Inicio6  
101 Sintoma\_Inicio7  
102 Progresion  
103 Fluctuacion  
104 HTA  
105 DL  
106 DM  
107 EAP  
108 Ictus\_isq  
109 Ictus\_hem  
110 AIT  
111 Cardiopatía\_isq  
112 Tabaquismo  
113 SAHS  
114 EPOC  
115 ASMA  
116 TAnsiedad\_generalizada  
117 TDepresivo\_persistente  
118 EnfPsi0TRAS  
119 Sind\_AnsioDepre  
120 Fibromialgia  
121 Fatiga\_cronica  
122 SQM  
123 Enf\_autoinmunes  
124 RBD

- 125 APNEASSUEny0
- 126 Roncopatia
- 127 Bruxismo
- 128 MovVigorSuenyos
- 129 Somniloquios
- 130 ParaSuenyViole
- 131 Insomnio
- 132 SomnolenciaDiurna
- 133 Parasomnias
- 134 SPI
- 135 Migranya\_aura
- 136 Migranya\_sin\_aura
- 137 Migranya\_cronica
- 138 Migranya\_Episodica
- 139 IRC
- 140 hipotiroidismo
- 141 Hipo\_B12
- 142 Consumo\_riesgo\_0H
- 143 Consumo\_otras\_sustancias
- 144 m1.Antiagregantes
- 145 m2.Antihipertensivos
- 146 m3.Antidiabeticos1
- 147 m4.Hipolipemientes2
- 148 m5.Antidepresivos
- 149 m6.Ansioliticos
- 150 m7.Antiepilecticos
- 151 m8.Antiparkinsonianos
- 152 m9.Neurolecticos
- 153 m10.Antiinflamatorios
- 154 m11.Analgesicos
- 155 m12.Opiaceos
- 156 m13.Souvenaid
- 157 m14.GinkgoBiloba
- 158 m.15HormonasTiroideas
- 159 m16.Hinopticos
- 160 m17.B12
- 161 M18.Antihistaminicos
- 162 Antecedentes\_familiares\_1G
- 163 Antecedentes\_familiares\_presenil
- 164 IPAQ
- 165 UPDRSS\_III
- 166 MMSE
- 167 CDR
- 168 Talla
- 169 Peso
- 170 IMC
- 171 Perimetro\_abdominal
- 172 TA\_S
- 173 TA\_D
- 174 Obesidad\_abdominal
- 175 Obesidad

176 Atrofia\_global  
177 Atrofia\_parietal\_D  
178 Atrofia\_parietal\_I  
179 Atrofia\_temporal\_D  
180 Atrofia\_temporal\_I  
181 Fazekas\_profundo\_D  
182 Fazekas\_profundo\_I  
183 Fazekas\_periventricular  
184 ARWMC\_Frontal\_D  
185 ARWMC\_Frontal\_I  
186 ARWMC\_Parieto\_occipital\_D  
187 ARWMC\_Parieto\_occipital\_I  
188 ARWMC\_Temporal\_D  
189 ARWMC\_Temporal\_I  
190 ARWMC\_Basal\_ganglia  
191 ARWMC\_infratentorial  
192 ARWMC\_total  
193 EspaciosPV\_centrosemioval  
194 EspaciosPV\_gangliosbasales  
195 Infartos\_lacunares  
196 Microhemorragias\_menor5\_profundas  
197 Microhemorragias\_menor5\_corticales  
198 Microhemorragias\_5\_10\_profundas  
199 Microhemorragias\_5\_10\_corticales  
200 Siderosis\_superficial  
201 APOE  
202 E4\_positivo  
203 PL  
204 Fecha\_PL  
205 ABETA42\_LUMI  
206 AB42resAB40  
207 LumipTau  
208 LumihTau  
209 Lumi\_Abeta\_ratio\_dicot  
210 Lumi\_T\_tau\_dicot  
211 Lumi\_P\_tau\_dicot  
212 Lumi\_ATNr  
213 FechaNeuropsicologia  
214 O\_Total\_NP  
215 O\_T\_NP  
216 O\_E\_NP  
217 O\_P\_NP  
218 M\_numparaules\_NP  
219 M\_WMS\_total\_NP  
220 M\_ret\_NP  
221 M\_recon\_NP  
222 M\_f\_rec\_NP  
223 M\_digtspan\_direct\_NP  
224 M\_digtspan\_invers\_NP  
225 M\_digtttotal\_direct\_NP  
226 M\_digtttotal\_invers\_NP

```

227 LL_Namingtotal_NP
228 LL_compensio_NP
229 LL_R_total_NP
230 LL_escriptura_NP
231 G_pop_total_NP
232 G_15obj_NP
233 G_15obj_nf_NP
234 G_Luria_NP
235 P_Ecopraxiatotal_NP
236 P_ideo_total_NP
237 P_constr_total_NP
238 FE_SKTtemps_NP
239 FE_SKTerrors_NP
240 FE_Pflu_NP
241 FE_anflu_NP
242 Fluidesa_Verbal_Accio_NP
243 FE_R_abstracta_NP
244 FE_T_rellotge_NP
245 HAD_ansiedad_NP
246 HAD_depresion_NP

```

Entonces voy primero a enlazarlos ID de neuroimagen del proyecto (*Subject*) con los ID del proyecto (*PSubject*). Y luego voy a extraer de la DB las variables que necesito. Voy a empezar con *M\_ret\_NP* y por supuesto las covariables. Entonces voy a unir los dos archivos y esta sera mi base de trabajo.

```

[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ sed 's/;/,/g' ../bioface_mri.csv | sort -t,
-k 2 > bioface_join.csv
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ sed -i '1iSubject,PSubject'
bioface_join.csv
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ head bioface_join.csv
Subject,PSubject
0001,B001
0002,B002
0003,B003
0004,B004
0005,B005
0006,B006
0007,B007
0008,B008
0009,B009
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ awk -F"," '{print
$1",""$94",""$78",""$83",""$220}' bioface_full_db.csv > fsga_220/bioface_220.csv
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ sed -i 's/SUJET0/PSubject/g'
fsga_220/bioface_220.csv
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ join -t"," -1 2 -2 1 bioface_join.csv
fsga_220/bioface_220.csv > fsga_220/bioface_data_220.csv

```

A partir de la DB de trabajo tengo que construir el archivo *FSGD*,

```

[osotolongo@brick03 fsga_220]$ (head -n 1 bioface_data_220.csv; tail -n +2
bioface_data_220.csv | sort -t, -k 2) > bioface_data_sorted_220.csv

```

```
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ awk -F"," '{print
"bioface_"$2,"$3","$4","$5","$6}' bioface_data_220.csv | sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad_visita/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Anyos_esco
laridad/Education/' | sed 's/bioface_\([^,]*\)\/Input bioface_\1 Main /;
s/,/ /g' > 220_body.csv
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ head 220_body.csv
Variables Age Gender Education M_ret_NP
Input bioface_0001 Main 64 0 13 6
Input bioface_0002 Main 53 1 10 5
Input bioface_0003 Main 60 1 8 5
Input bioface_0004 Main 64 1 7 5
Input bioface_0005 Main 62 1 16 4
Input bioface_0006 Main 64 1 6 7
Input bioface_0007 Main 62 1 9 5
Input bioface_0008 Main 58 1 15 5
Input bioface_0009 Main 51 1 9 6
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ cat headers_220.txt
GroupDescriptorFile 1
Title BIOFACE_220
Class Main
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ cat headers_220.txt 220_body.csv > 220.fsgd
```

Y ahora me ejecuto un script que haga todos los analisis de la variable correspondiente,

[fsga\\_220.sh](#)

```
#!/bin/bash
mris_preproc --fsgd 220.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi lh --out lh.220.thickness.10.mgh
mris_preproc --fsgd 220.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi rh --out rh.220.thickness.10.mgh
mri_glmfit -y lh.220.thickness.10.mgh --fsgd 220.fsgd --C 220.mtx --
surf fsaverage lh --glmdir lh.220.glmdir
mri_glmfit -y rh.220.thickness.10.mgh --fsgd 220.fsgd --C 220.mtx --
surf fsaverage rh --glmdir rh.220.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 -
-2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 -
-2spaces
```

Ahora bien, esto me vale para el *thickness* pero para *area* y *volume* necesito el valor del *intracranial volume*, pasado a z-scores para evitar *ill-posed problems*.

```
awk -F"," '{print $1,"$65}' ../../fsrecon/aseg_stats.csv > bioface_icv.csv
Rscript convert_icv.r
awk -F"," '{ $1 = sprintf("%04d",$1); print $1,"$3}' bioface_zic_tempv.csv |
```

```
sed 's/"//g;s/0000/Subject/' > bioface_zicv.csv
```

Hago el join con los datos que ya tengo y construyo un nuevo *FSGD* con los *ZICV* incluidos.

```
join -t"," -1 2 -2 1 bioface_data_sorted_220.csv bioface_zicv.csv >
bioface_vdata.csv
awk -F"," '{print "bioface_"$1","$3","$4","$5","$6","$7}' bioface_vdata.csv
| sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad_visita/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Anyos_esco
laridad/Education/' | sed 's/bioface_\([^,]*\)\/Input bioface_\1 Main /;
s/,/ /g' > 220v_body.csv
cat headers_220.txt 220v_body.csv > 220v.fsgd
```

Por supuesto que esto lo he de añadir al modelo (*mtx*),

```
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ cat 220a.mtx
0 0 0 0 1 0
```

y los nuevos scripts de *//area//* y *//volume//* tienen que usar estos nuevos archivos,

```
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ cat fsga_220a.sh
#!/bin/bash
mris_preproc --fsgd 220v.fsgd --cache-in area.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi lh --out lh.220.area.10.mgh
mris_preproc --fsgd 220v.fsgd --cache-in area.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi rh --out rh.220.area.10.mgh
mri_glmfit --y lh.220.area.10.mgh --fsgd 220v.fsgd --C 220a.mtx --surf
fsaverage lh --glmdir lh.220a.glmdir
mri_glmfit --y rh.220.area.10.mgh --fsgd 220v.fsgd --C 220a.mtx --surf
fsaverage rh --glmdir rh.220a.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220a.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220a.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220a.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220a.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
```

```
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ cat fsga_220v.sh
#!/bin/bash
mris_preproc --fsgd 220v.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi lh --out lh.220.volume.10.mgh
mris_preproc --fsgd 220v.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi rh --out rh.220.volume.10.mgh
mri_glmfit --y lh.220.volume.10.mgh --fsgd 220v.fsgd --C 220a.mtx --surf
fsaverage lh --glmdir lh.220v.glmdir
mri_glmfit --y rh.220.volume.10.mgh --fsgd 220v.fsgd --C 220a.mtx --surf
fsaverage rh --glmdir rh.220v.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220v.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.220v.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220v.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.220v.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
```

En cualquier caso, para encontrar rápidamente si hay resultados basta con hacer un grep rápido,

```
[osotolongo@brick03 fsga_220]$ grep -v "^#"
*glmdir/220*/*sig.cluster.summary
lh.220.glmdir/220/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1 4.7802
70529 384.91 -29.6 -35.2 -15.6 0.00200 0.00120 0.00280 899
3173.92 parahippocampal
rh.220v.glmdir/220a/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1 3.5435
158360 418.06 45.4 -66.0 29.0 0.00400 0.00280 0.00519 690
2060.05 inferiorparietal
```

## Automatizando

Bueno este proceso es mas o menos el mismo para todas las variables, así que como que se puede automatizar con un poco de maña.

El primer procedimiento es extraer la info de la DB, respecto a la variable a estudiar. Para esto voy a hacer un plantilla y en tonces solo hay que sustituir el código de la variables en la plantilla, ejecutar el script resultante y todo debería quedar en su sitio. Para cada variable hare un subdirectorio distinto, así no se mezclan la cosas.

El segundo paso es ejecutar las ordenes propiamente del analisis. Es decir que hago otra plantilla donde escribir los código de variable y ya esta. Igual, que antes, escribo, ejecuto y quedan los analisis en su sitio.

```
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ cat templates/organize.sh
#!/bin/bash
mkdir fsga_<code>
awk -F"," '{print $1,"$94","$78","$83","$<code>}' bioface_full_db.csv >
fsga_<code>/bioface_<code>.csv
sed -i 's/SUJET0/PSubject/g' fsga_<code>/bioface_<code>.csv
join -t"," -1 2 -2 1 bioface_join.csv fsga_<code>/bioface_<code>.csv >
fsga_<code>/bioface_data_<code>.csv
(head -n 1 fsga_<code>/bioface_data_<code>.csv; tail -n +2
fsga_<code>/bioface_data_<code>.csv | sort -t, -k 2) >
fsga_<code>/bioface_data_sorted_<code>.csv
awk -F"," '{print "bioface_"$2,"$3","$4","$5","$6}'
fsga_<code>/bioface_data_sorted_<code>.csv | sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad_visita/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Anyos_esco
laridad/Education/' | sed 's/bioface_\([^,]*\) /Input bioface_\1 Main /;
s/,/ /g' > fsga_<code>/<code>_body.csv
echo 'GroupDescriptorFile 1' > fsga_<code>/headers_<code>.txt
echo 'Title BIOFACE_<code>' >> fsga_<code>/headers_<code>.txt
echo 'Class Main' >> fsga_<code>/headers_<code>.txt
echo '0 0 0 0 1' > fsga_<code>/<code>.mtx
cat fsga_<code>/headers_<code>.txt fsga_<code>/<code>_body.csv >
fsga_<code>/<code>.fsgd
join -t"," -1 2 -2 1 fsga_<code>/bioface_data_sorted_<code>.csv
bioface_zicv.csv > fsga_<code>/bioface_vdata.csv
awk -F"," '{print "bioface_"$1,"$3","$4","$5","$6","$7}'
```

```
fsga_<code>/bioface_vdata.csv | sed
's/bioface_Subject/Variables/;s/Edad_visita/Age/;s/Sexo/Gender/;s/Anyos_esc
laridad/Education/' | sed 's/bioface_\([^,]*\)\/Input bioface_\1 Main /;
s/,/ /g' > fsga_<code>/<code>v_body.csv
cat fsga_<code>/headers_<code>.txt fsga_<code>/<code>v_body.csv >
fsga_<code>/<code>v.fsgd
echo '0 0 0 0 1 0' > fsga_<code>/<code>a.mtx
```

```
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ cat templates/runner.sh
#!/bin/bash
##thickness
mris_preproc --fsgd <code>v.fsgd --cache-in area.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi lh --out lh.<code>.area.10.mgh
mris_preproc --fsgd <code>v.fsgd --cache-in area.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi rh --out rh.<code>.area.10.mgh
mri_glmfit --y lh.<code>.area.10.mgh --fsgd <code>v.fsgd --C <code>a.mtx --
surf fsaverage lh --glmdir lh.<code>a.glmdir
mri_glmfit --y rh.<code>.area.10.mgh --fsgd <code>v.fsgd --C <code>a.mtx --
surf fsaverage rh --glmdir rh.<code>a.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>a.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>a.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>a.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>a.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
##area
mris_preproc --fsgd <code>.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi lh --out lh.<code>.thickness.10.mgh
mris_preproc --fsgd <code>.fsgd --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage --
target fsaverage --hemi rh --out rh.<code>.thickness.10.mgh
mri_glmfit --y lh.<code>.thickness.10.mgh --fsgd <code>.fsgd --C <code>.mtx
--surf fsaverage lh --glmdir lh.<code>.glmdir
mri_glmfit --y rh.<code>.thickness.10.mgh --fsgd <code>.fsgd --C <code>.mtx
--surf fsaverage rh --glmdir rh.<code>.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
##volume
mris_preproc --fsgd <code>v.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi lh --out lh.<code>.volume.10.mgh
mris_preproc --fsgd <code>v.fsgd --cache-in volume.fwhm10.fsaverage --target
fsaverage --hemi rh --out rh.<code>.volume.10.mgh
mri_glmfit --y lh.<code>.volume.10.mgh --fsgd <code>v.fsgd --C <code>a.mtx -
-surf fsaverage lh --glmdir lh.<code>v.glmdir
mri_glmfit --y rh.<code>.volume.10.mgh --fsgd <code>v.fsgd --C <code>a.mtx -
-surf fsaverage rh --glmdir rh.<code>v.glmdir
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>v.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir lh.<code>v.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>v.glmdir --cache 3 neg --cwp 0.05 --2spaces
mri_glmfit-sim --glmdir rh.<code>v.glmdir --cache 3 pos --cwp 0.05 --2spaces
```

y ahora debo hacer un script para llenar las plantillas y ejecutarlas. Esto es cosa bastante simple.



```
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ cat run_all.sh
#!/bin/bash
code=$1
shift
sed "s/<code>/${code}/g" templates/organize.sh > org${code}.sh
chmod +x org${code}.sh
./org${code}.sh
rm org${code}.sh
sed "s/<code>/${code}/g" templates/runner.sh > fsga_${code}/run.sh
cd fsga_${code}/
chmod +x run.sh
./run.sh
cd ..
grep -v "^#" fsga_${code}/*glmdir/${code}/*sig.cluster.summary
```

El *grep* final devuelve los resultados, en caso de haber alguno. y ahora solo tendría que ir ejecutando, por ejemplo,

```
$ ./run_all 240
```

y cambiando el código para cada caso que me interese.

## Resultados

Después de ejecutar todo, puedo mirar los resultados globales con facilidad,

```
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ ls -d fsga_2*
fsga_219 fsga_220 fsga_221 fsga_227 fsga_232 fsga_238 fsga_240
fsga_241 fsga_242

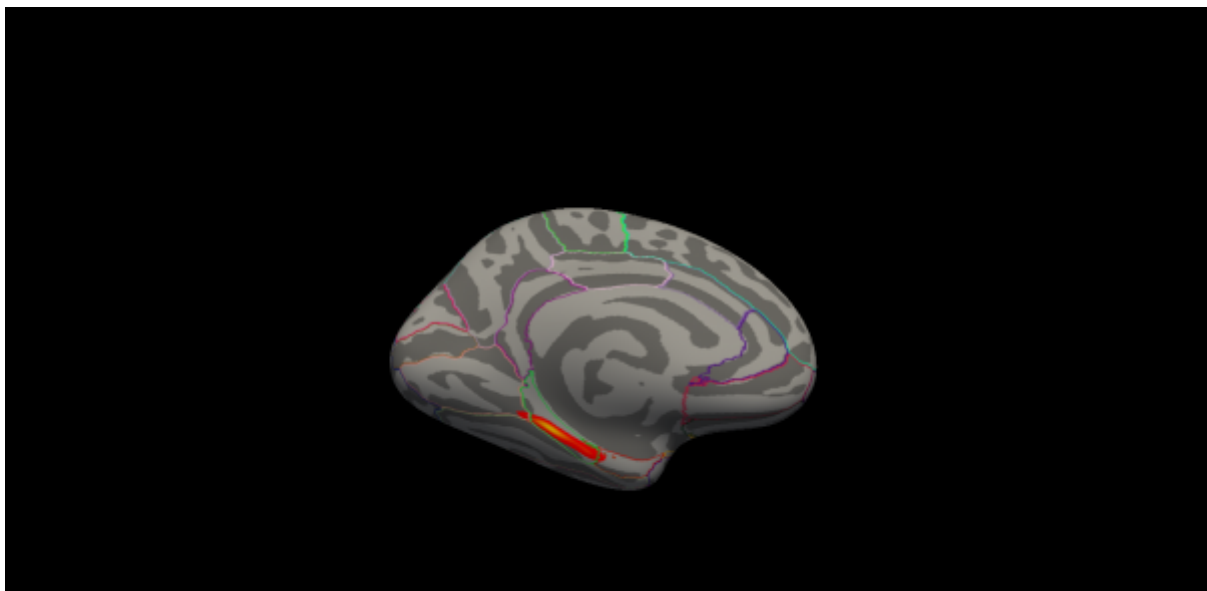
[osotolongo@brick03 fsga_nbase]$ grep -v "^#"
fsga_2/*glmdir/2/*sig.cluster.summary
fsga_220/lh.220.glmdir/220/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1
4.7802 70529 384.91 -29.6 -35.2 -15.6 0.00200 0.00120 0.00280
899 3173.92 parahippocampal
fsga_220/rh.220v.glmdir/220a/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1
3.5435 158360 418.06 45.4 -66.0 29.0 0.00400 0.00280 0.00519
690 2060.05 inferiorparietal
fsga_238/lh.238.glmdir/238/cache.th30.neg.sig.cluster.summary: 1
-4.9777 159437 405.48 -8.4 -58.6 13.1 0.00020 0.00000 0.00040
949 -3320.19 precuneus
fsga_238/lh.238.glmdir/238/cache.th30.neg.sig.cluster.summary: 2
-5.4753 28501 389.38 -51.8 -53.9 -16.1 0.00100 0.00040 0.00160
555 -2051.28 inferiortemporal
fsga_238/lh.238.glmdir/238/cache.th30.neg.sig.cluster.summary: 3
-3.9238 23271 347.97 -58.7 -49.8 14.8 0.00140 0.00080 0.00200
717 -2300.38 superiortemporal
fsga_238/lh.238.glmdir/238/cache.th30.neg.sig.cluster.summary: 4
-4.1765 125637 231.02 -55.4 -32.9 24.6 0.02524 0.02247 0.02800
```

```
409    -1345.49  supramarginal
fsga_240/lh.240a.glmDir/240a/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1
3.6678  29871  377.44  -34.8  44.8  19.1  0.01950  0.01693  0.02208
566    1720.94  rostralmiddlefrontal
fsga_241/rh.241a.glmDir/241a/cache.th30.pos.sig.cluster.summary: 1
4.3157  1024  596.17  6.6  -19.1  62.8  0.00140  0.00080  0.00200
1482    4717.49  paracentral
```

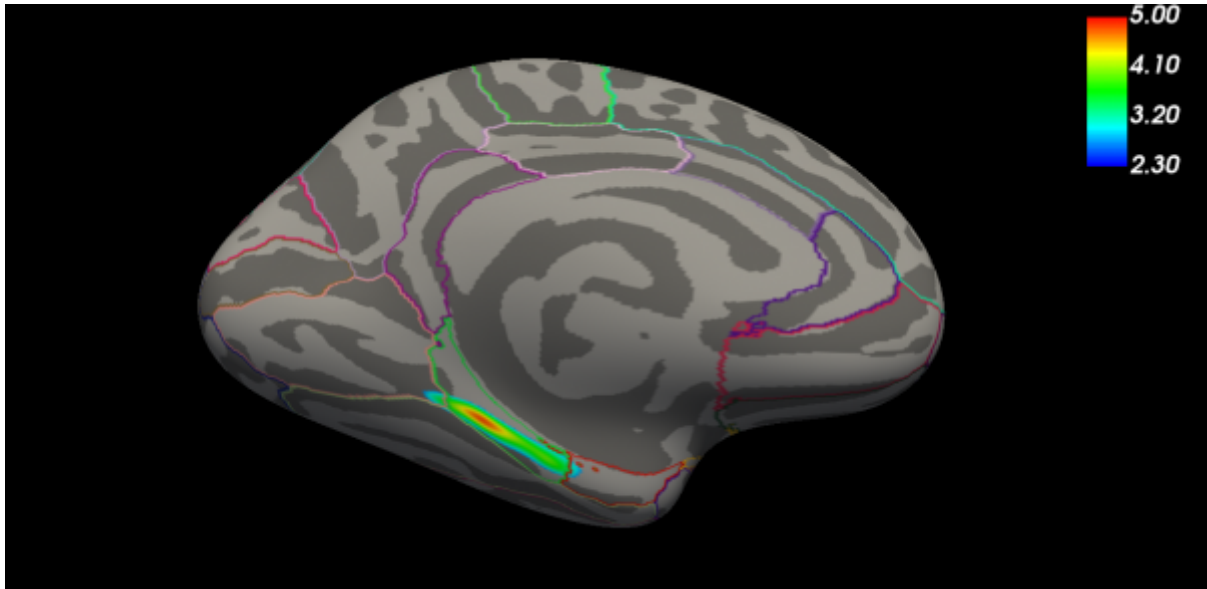
Ahora para mirar específicamente el cluster que nos interesa hagamos algo como,

```
freeview -f
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/lh.inflated:annot=aparc.annot:annot_outline=1:ov
erlay=fsga_220/lh.220.glmDir/220/cache.th30.pos.sig.masked.mgh:overlay_thre
shold=2.3,5 -viewport 3d
```

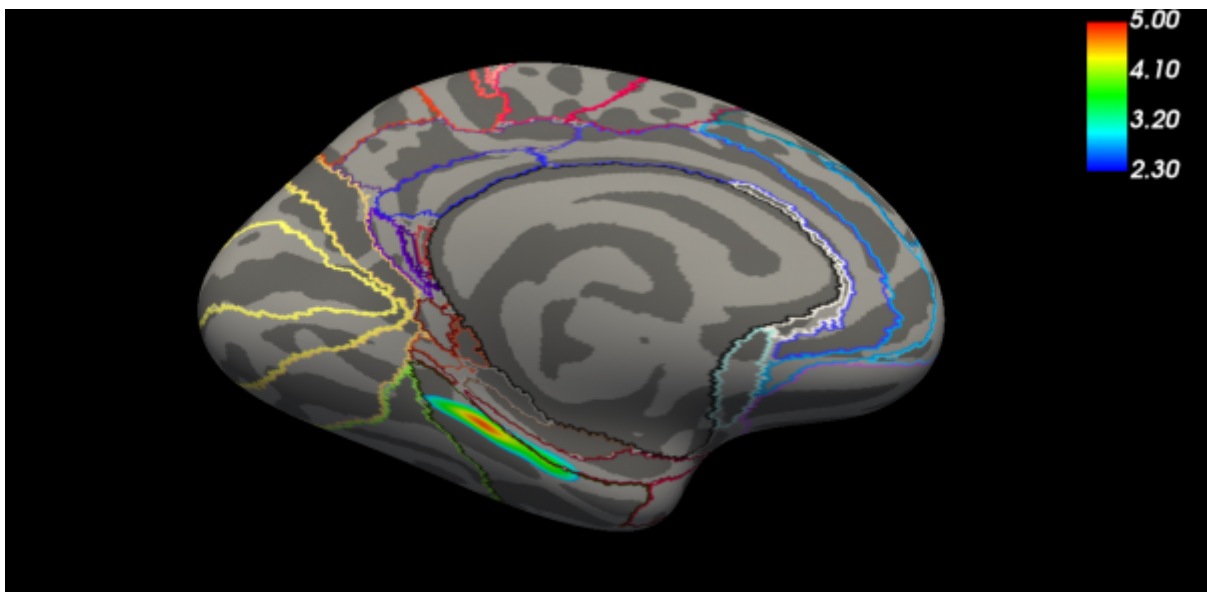
que nos muestra algo así,



Pero manipulando un poco la configuración del *overlay* y moviendo un poco la figura, nos queda algo más *enseñable*,



Aqui estamos usando *aparc.annot* como *annotation* y podemos ver las regiones del cortex afectadas por el cluster. Pero tambien podemos cargar otro archivo, por ejemplo *lh.PALS\_B12\_Brodmann.annot* y esto nos identifica las regiones de Brodman afectadas.



From:  
<https://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/> - **Detritus Wiki**

Permanent link:  
[https://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:bioface\\_sbm](https://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:bioface_sbm)

Last update: **2021/12/14 10:33**

