



**SPM12**

# Einführung in fMRI-Datenanalyse

Version Juni 2018



2. Inhalt
3. SPM (Statistical Parametric Mapping)
4. MRT-Datensätze
5. Voxel
6. SPM Installation und Dokumentation, MATLAB-Umgebung
7. Matlab Editor
8. SPM Fenster
9. SPM-Menü (linkes oberes SPM-Fenster)
10. SPM-Toolbox
11. Batch-Modus: Einführung
12. Batch-Editor: Fensteraufbau
13. Batch-Editor: Bedienung
14. Batch-Konfiguration
15. Batch-Konfiguration: Dependency (DEP)
16. Batch-Formate, -Bearbeitung und -Hierarchie (Basis-/Metabatches)
17. SPM-Datenspezifikationsfenster - Überblick
18. SPM-Datenspezifikationsfenster - Bedienung
19. SPM-Grafikfenster („Graphics“)
20. SPM Bildorientierung
21. SPM-fMRI-Achsen und Ansichten
22. Datenformate DICOM und NIFTI
23. SPM-Dateikennungen, Nomenklatur
24. Übersicht – Hauptschritte der Auswertung
25. I.1. Sichtung der Rohdaten (DICOM-Format) – Header lesen mit MRIconvert und Matlab
26. I.2. Sichtung der Rohdaten (DICOM—Format) mit MRIconvert
27. I.2.1. Konversion DICOM- in NIFTI-Format: SPM-DICOM-Import
28. I.2.2. Konversion DICOM- in NIFTI-Format: MRIConvert
29. I.3.1. Datenreduktion: Verkleinerung umfangreicher T1- Datensätze
30. I 3.2. Datenreduktion: Entfernen von „dummy scans“
31. I.4.1. Nifti-Bilddatensichtung - Display Image: eine Bilddatei
32. I.4.2. Nifti-Bilddatensichtung - Check Registration: bis zu 24 Bilddateien
33. II.1. Nullpunktkorrektur (NPK)
34. II.2.1. Preprocessing Batches – Übersicht, 3 Varianten
35. II.2.2. Preprocessing Standard-Batch „preprocess\_fmri“: 8 Module
36. II.2.4. Details zu slice timing
37. II.2.3. Details zu Realign und Unwarp
38. II.2.5. Details zu Segment
39. II.2.6. Details zu Smooth
40. III. Statistik - Übersicht
41. III.1.1. Statistik Ebene1 – Model Specification
42. III.1.2. Statistik Ebene1 – Model Specification - multiple conditions Datei
43. III.1.3. Statistik Ebene1 – Model Specification – conditions manuell eingeben
44. III.1.4. Statistik Ebene1 – Beispiel
45. III.1.5. Statistik Ebene1 – Designmatrix Beispiele
46. III.1.6. Statistik Ebene1 – Model Estimation
47. III.1.7. Statistik Ebene1 – Contrast Manager (Batch)
48. III.1.8. Statistik Ebene1 – Contrast Manager Output
49. III.1.9. Statistik Ebene1 – Results Report (Batch)
50. III. 2.1. Statistik Ebene 2 – Übersicht Gruppenanalysen
51. III. 2.2. Statistik Ebene 2 – t-Test-Designs
52. III.2.3. Statistik Ebene 2 – Beispiel faktorielles Design
53. III. 2.4. Statistik Ebene 2 – Full factorial Design
54. III.2.5. Statistik Ebene 2 – multiple covariates
55. IV. Results – Übersicht
56. IV.1. Results – Review – Daten-/Designsichtung
57. IV.2. Results – Contrast manager – define contrast
58. IV.3. Results – Contrast manager – Select contrasts
59. IV.4. Results – Maskierung von Kontrasten
60. IV.5. Results – Signifikanzniveau (Fehlerwahrscheinlichkeit) - Clusterumfang
61. IV.6. Results – automatische Darstellung „Glass Brain“
62. IV.7. Results - Darstellung in MRT-Schichten oder auf der Hirnoberfläche
63. IV.8. Results – Ergebnistabelle „Results Table“ - Aufbau
64. IV.9. Results – „Results Table“ - Details
65. IV.10. Results – Anzeigeeoptionen
66. IV.11. Results - plot - optionale Diagramme
67. IV.12. Results Plot-Daten exportieren nach XL
68. IV.13. Results - Small volume correction (SVC) bzw. ROI-Analyse
69. IV.14. Results - ROI-Analyse und Hirnregionen zuordnen mit WFU Pickatlas
70. IV.15. Results – Hirnregionen zuordnen mit AAL - Automated Anatomical Labeling\*
71. IV.16. Results – Hirnregionen zuordnen mit AAL – XL-Tabelle
72. Anhang - WFU Pickatlas: Masken erstellen für ROI-Analyse
73. Anhang - Hirnoberflächenberechnung („render“) - *optional*
74. Anhang - Image Calculator
75. Anhang - Batcheditor: BasicIO (Input-/Output) Module
76. Anhang - Basis- und Meta-Batchfile
77. Anhang - Batch-Wiederholungsschleife für mehrere Pbdn
78. Anhang - Batch: Bildserien drucken
79. Flexible Renamer - Übersicht
80. Flexible Renamer – Beispiel „Erweiterte Umbenenne“
81. Autor



- **Statistical**

- Statistik\*: Sammlung, Organisation, Analyse von Daten
  - deskriptive (beschreibende) Statistik
    - Tabellen, Grafiken, Kennwerte (Maßzahlen): MW, Streuung
  - induktive (schließende, beurteilende) Statistik
    - Hypothesentestung
    - Untergruppen:
      - » parametrisch: mit vorausgesetzter Wahrscheinlichkeitsverteilung
      - » non-parametrisch („verteilungsfrei“): ohne vorausgesetzte Wahrscheinlichkeitsverteilung

- **parametric**

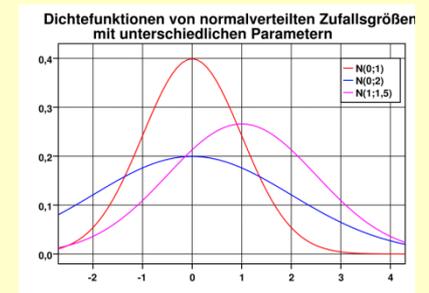
- parametrische Statistik: auf Wahrscheinlichkeitsverteilung basierend

- **mapping**

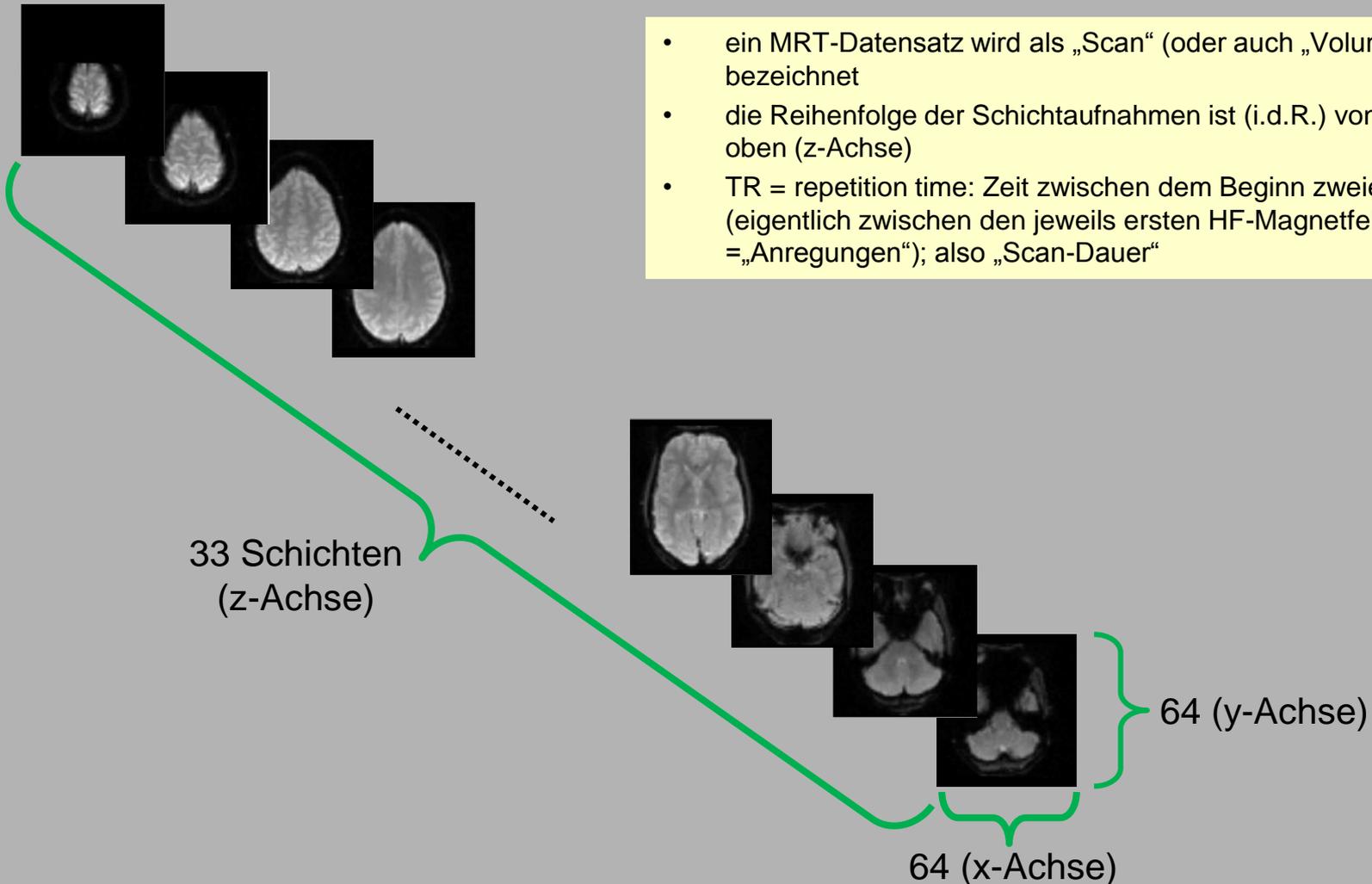
- map = Karte, mapping = Kartierung
- hier: aus Voxeln bestehendes Hirnschnittvolumen (3D-Bild)

- aktuelle Version ist SPM12

- SPM benutzt seit Version 5 ein neues Datenformat für die Bilddaten und ist daher nicht (nur bedingt) kompatibel mit den früheren Versionen (SPM2, SPM99)



\*Die Begriffe „Statistik“ und „Parameter“ bezeichnen auch die Maßzahlen der Stichprobe (Statistik) und der (Gesamt-) Population, aus der die Stichprobe stammt (Parameter)

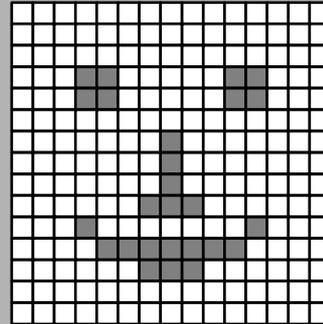


- ein MRT-Datensatz wird als „Scan“ (oder auch „Volume“, da 3D) bezeichnet
- die Reihenfolge der Schichtaufnahmen ist (i.d.R.) von unten nach oben (z-Achse)
- TR = repetition time: Zeit zwischen dem Beginn zweier Scans (eigentlich zwischen den jeweils ersten HF-Magnetfeldpulsen = „Anregungen“); also „Scan-Dauer“

die funktionellen Bilder („epi“-Bilder) haben eine relativ schlechte Auflösung; deshalb werden möglichst zusammen mit den funktionellen anatomische („strukturelle“) T1-gewichtete Daten aufgezeichnet, die als Referenzbilder verwendet werden. Die funktionellen und strukturellen Daten werden durch „Koregistrierung“ räumlich aufeinander bezogen, so dass anhand der Ergebnis-Koordinaten der funktionellen Bilder die detaillierten anatomischen Strukturen in den strukturellen Bildern zu finden sind.

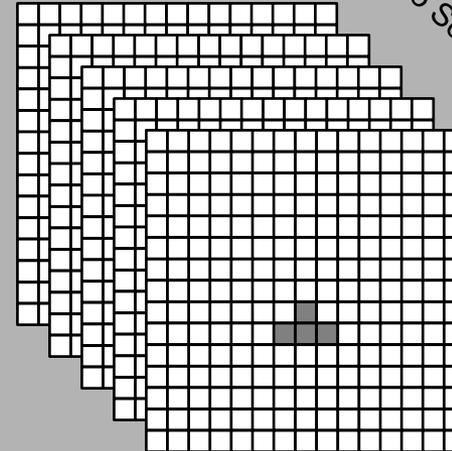


2D Raster 15 x 15



225 Pixel

3D Raster 15 x 15 x 5

3. Dimension:  
5 Schichten

1125 Voxel

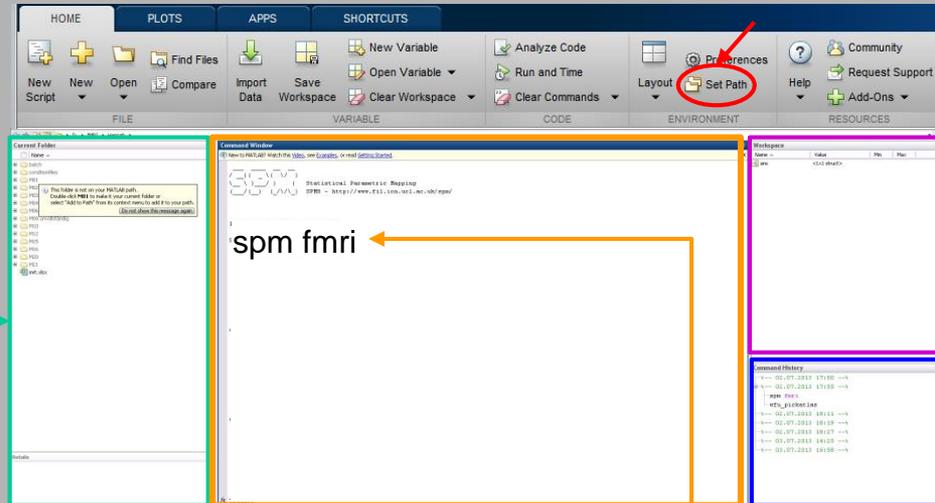
- zweidimensionales Bild besteht aus Bildelementen = **picture elements** → pic(s)els → pixels
- Rastereinheit im 2-dimensionalen Bild: **Pixel**
- Rastereinheit im 3-dimensionalen **V**olumen: **V**oxel

Pixel bzw. Voxel unterscheiden sich hinsichtlich der Farb- (Graustufen-) Werte.  
fMRT-Signaländerung bedeutet Graustufenänderung (Aufhellung) der Voxel, in denen der BOLD-Kontrast auftritt



- SPM webpage: <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/>
- Installation: Download nach kostenloser Lizenzvergabe
- Bedienungsanleitung: umfangreiches PDF-Manual wird mit geliefert (282 Seiten)
- Hilfe:
  - im Netz: diverse Links zu nützlichen/informativen Seiten
  - im Programm: an verschiedenen Stellen ist Hilfe eingeblenet bzw. abrufbar, im Wesentlichen um Auszüge aus dem Manual

- MATLAB muss installiert sein, damit SPM benutzt werden kann (außer bei der Standalone-Version)
- für MATLAB ist eine Lizenz erforderlich (teuer!)
- SPM wird aus dem Matlab-Programm heraus gestartet
- MATLAB-Spezialkenntnisse nützlich, aber nicht erforderlich für SPM
- MATLAB-Fenster: 4 Standard-Bestandteile
  - **command window**: Befehlseingabe
  - **current folder**: Anzeige des aktuellen Ordners
  - **workspace**: Anzeige von Variablen und Matrizen
  - **command history**: Liste bisheriger Befehle
- zusätzlich ggf. Fenster des Matlab-Editors, s.d.
- **current folder** (= working directory = Standardordner) festlegen:
  - sukzessive Wahl des Pfads (Klicken in Kopfleiste bzw. Ordnerbaum)
- der SPM-Programmordner muss in der Liste der Matlab-Zugangspfade eingetragen sein:
  - **Set Path** – Add Folder (nicht „with Subfolders“, die erforderlichen Unterordner werden automatisch angepasst!) ... (Ordner auswählen) – Save – Close



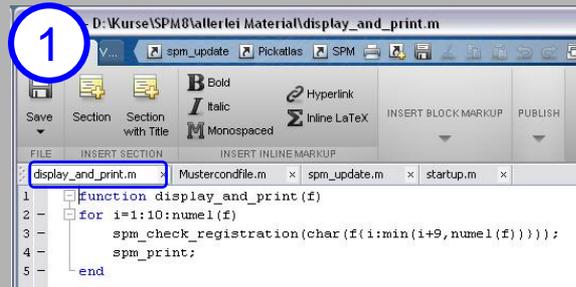
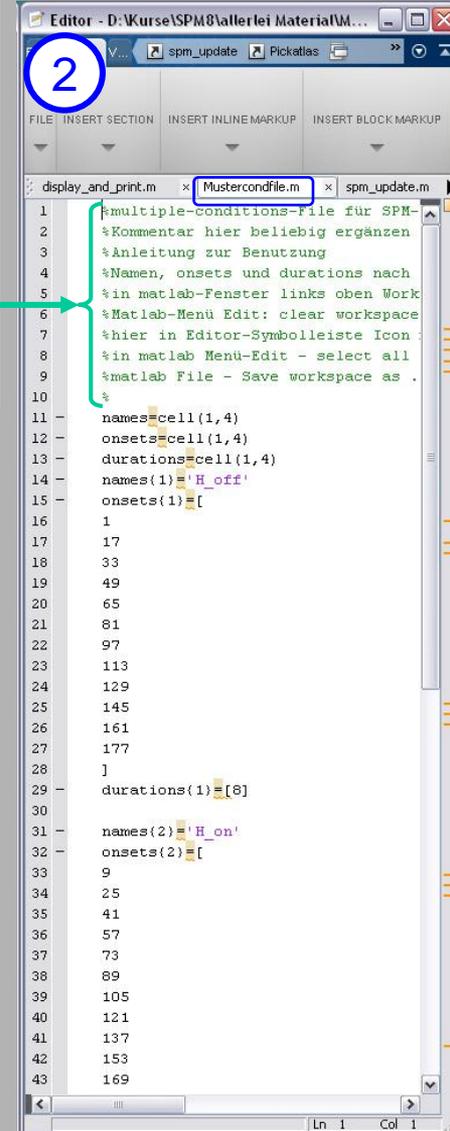
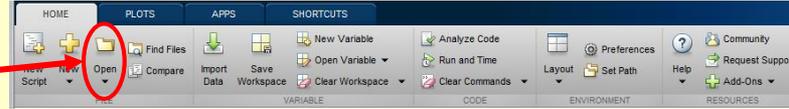
Eingabe im Befehlsfenster für SPM-fMRI-Analyse: spm fmri

siehe auch: Matlab-Editor

- Bearbeitung von .m-Files, z.B. Batch-/Script-files:

1. display\_and\_print.m
2. mustercondfile.m

- Datei öffnen: „open“
- alle Zeilen, die mit % beginnen (automatisch in grüner Farbe), sind „Kommentare“, d.h., nicht Bestandteil des ausführbaren Codes, sondern nur als Hilfestellung für den Benutzer gedacht
- farbige Markierungen anderer Textteile kennzeichnen bestimmte Code-Elemente
- man kann aus der Textverarbeitung bekannte Standard-Funktionen wie copy/paste, finden/ersetzen etc. benutzen, z.B., um in einem im SPM-Batcheditor erstellten File alle Stellen mit „Pbd01“ durch „Pbd02“ zu ersetzen
- aber Vorsicht bei allen Änderungen: wenn man sich mit dem Code nicht auskennt, passieren leicht Fehler und die Datei ist nicht mehr ausführbar oder die Ausführung wird fehlerhaft!



- 3 Haupt-Teile

1. **SPM-Menü:** links oben, eine Art „Schaltpult“, zum Aufruf der SPM-Teilprogramme bzw. Funktionen („Aufgaben“) auf zweierlei Weise:

- a) direkte Ausführung der Prozesse mit konsekutiver Abfrage der erforderlichen Details (z.B. Dateninput)
  - gilt für die Menüschaltflächen Review, Results, Display, CheckReg, Toolbox, PPIs, DCM, Help
- b) vermittelte (programmierte) Prozessausführung per „Batch“
  - Batch = „Stapel“ (Liste) von Befehlen, die beim Ausführen des Batches automatisch nacheinander abgearbeitet werden
  - Anklicken der Schaltfläche öffnet den „Batch-Editor“ mit vorformuliertem Batch
  - gilt für die Menüschaltflächen Realign, Slice timing, Smooth, Coregister, Normalise, Segment, Specify 1st Level, Specify 2nd Level, Estimate, Render, ImCalc, Dicom Import
  - Vorteil des Batchmodus: Speichermöglichkeit und damit
    - Nachvollziehbarkeit ausgeführter Prozesse (ggf. leichtere Fehlerbehebung)
    - wiederholte Ausführung mit gleichen/angepassten Details

2. links unten „Detailfenster“ (variable Bezeichnung) – zwei Modi

1. **Statusmeldungen** (z.B. Verlauf langwieriger Prozesse mit %-Angaben), teilweise auch in graphischer Form
2. **Bedienungselemente** (Schaltflächen/Eingabefelder) für manche interaktiven Teilprogramme, z.B. „Results“ (s.d.)

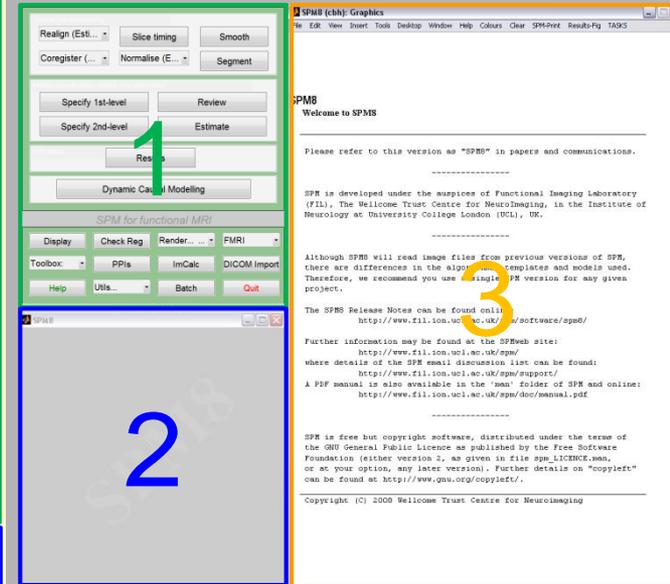
3. **„Graphics“** rechts (langes Fenster) – Hauptfunktionen:

- **graphische** Darstellung von Bildern und (Zwischen-) Resultaten, mit einigen Bearbeitungsoptionen (s.d.)
- kopieren, speichern, ausdrucken der Grafiken (s.d.)

• ggf. werden noch zusätzliche Fenster eingeblendet:

- **„Select ...“** (**Datenspezifikationsfenster**) zur Spezifikation zu bearbeitender Datei(en) oder zu benutzender Verzeichnisse
- **Batch-Editor** zur Erstellung und Bearbeitung von Batchfiles
- **Kontrastmanager** zur Erstellung und Auswahl von Kontrasten (für Statistik)
- **„Satellite Results Table“:** **Ergebnistabelle**

• die SPM-Fenster und das MATLAB-Fenster werden bei Platzmangel in der windows-„Taskleiste“ gemeinsam erfasst.



# SPM-Menü (linkes oberes SPM-Fenster)



blau umrahmt: **Batch-Editor** wird geöffnet mit vorformuliertem Batch\* (vermittelte Prozessausführung)

**P** Bewegungskorrektur (**Realign**)

**P** Koregistrierung funktioneller und struktureller Bilder (**Coregister**)

**P** Anpassung individueller MR-Bilder an Standardbilder (**Normalise**)

**S** Modelldefinition für Statistik Ebene1 (individuelle Daten)

**S** Modelldefinition für Statistik Ebene2: (Gruppenanalyse)

Ergebniskonfiguration

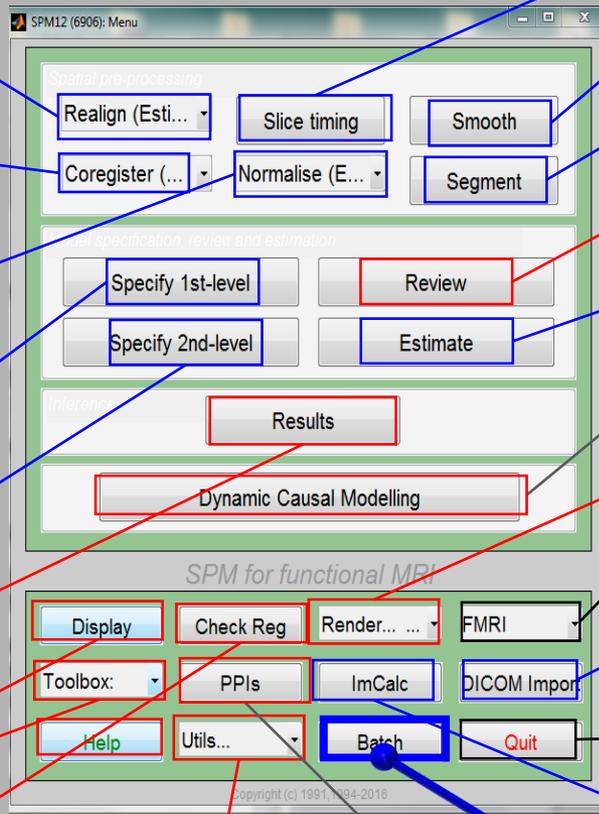
**B** Darstellung eines Bilds mit Zusatzinformationstafeln

- Toolbox:**
- DEM
  - FieldMap
  - MEEGtools
  - aal
  - cat12
  - rfxplot
  - wfupickatlas

**B** Darstellung von bis zu 24 Bildern (Zusatzinformationen über Kontextmenü)

siehe **AAL**

siehe **WFU Pickatlas**



für „event related“ Design – siehe Handbuch

Glättung (**Smooth**) **P**

Segmentierung in graue u. weiße Substanz u. Liquor (**Segment**) **P**

Sichtung der Designmatrix etc.

Parameterschätzung = Rechenprozess der Statistik, nach vorheriger Modelldefinition **S**

DCM – siehe Handbuch

SPM Hirnoberflächenberechnung/-darstellung („render“) siehe Anhang **B**

Methodenwahl fMRI/PET/EEG

Originaldaten vom Scanner (Dicom-Format) ins SPM-Format (NIFTI) konvertieren (**DICOM-Import**)

SPM beenden

SPM Image Calculator z.B. Mittelwertbildung mehrerer Bilder

**Aufruf Batcheditor: Laden vorhandener oder Erstellung benutzerdefinierter Batches**

PPI (Psycho-Physiological Interactions) - siehe Handbuch

- Utils...**
- CD
  - PWD
  - Run M-file
  - Load MAT-file
  - Save MAT-file
  - Delete files
  - Show SPM
  - Show MATLAB

rot umrahmt: direkte Prozessausführung - Fenster wird geöffnet zur Anzeige/Abfrage spezifischer Details – z.B. das Datenspezifikationsfenster

**P** Teilschritt des „Preprocessing“

**S** Teilschritt der Statistikprozedur

**B** auch als Batch verfügbar! siehe Menü „SPM-Util“ im Batch-Editor

\*Batch („Stapel“) = automatisierte, programmierte Abfolge von Prozessen



**DEM** = Dynamic Expectation Maximisation: PDF, videos und matlab-Code zu diversen Themen

**Field Map**: Möglichkeit der Korrektur geometrischer Verzerrungen aufgrund von Feldinhomogenitäten, die in der Nähe luftgefüllter Hohlräume auftreten (z. B. mesiotemporal). 2-teiliges Fenster:

- create field map
- create VDM (voxel displacement map) and unwarp EPI

Die Funktion müsste wohl im Rahmen des Preprocessing ([s.d.](#)) angewendet werden; allerdings fehlt sie im SPM12-Batch „Preprocessing“. Außerdem ist die Dokumentation über dieses Tool im Internet alt (Anfang 2000er Jahre) bzw. bezieht sich auf das obsoletere Datenformat „Analyze“.

**MEEGtools**: für MEG- (Magnetoenzephalographie) plus EEG-Daten

**aal**: automated anatomical labeling:

- Zuordnung von Hirnregionen zu den Aktivierungsergebnissen – [s.d.](#)
- 2 Versionen: global (aal) und OFC (orbitofrontaler Cortex; aal2)
- ggf. herunterladen von:
  - <http://www.gin.cnrs.fr/en/tools/aal-aal2/>
  - aal\_for\_SPM12.tar.gz entpacken und in spm12/toolbox installieren
  - aal2\_for\_SPM12.tar.gz entpacken und in spm12/toolbox installieren

**cat12**: computational anatomical toolbox: nicht für fMRI, sondern für VBM (Voxel based morphometry), eine Methode, um Unterschiede in strukturellen Daten zu testen. Ein ausführliches Manual ist verfügbar.

**rfxplot**: Darstellung von Daten der Gruppenstatistik mit diversen Grafikoptionen  
ggf. herunterladen von

- <http://rfxplot.sourceforge.net/download/download.html>
- rfxplot.zip entpacken und in spm12/toolbox installieren

**wfupickatlas** (WFU = Wake Forest University)

1. Analyse von fMRI-Ergebnissen wie mit SPM Results
  2. ROI-Analyse (ROI = Region of interest): Beschränkung des Analysebereichs auf bestimmte interessierende Gebiete = Masken ([s.d.](#))
  3. Zuordnung der Aktivierungsergebnisse zu den Hirnstrukturen anhand von Atlanten ([s.d.](#))
- ggf. herunterladen von
  - <http://fmri.wfubmc.edu/software/pickatlas>
  - und in spm12/toolbox installieren
  - die Verzeichnisse wfu\_pickatlas, wfu\_results und wfu\_tbx\_common müssen direkt im toolbox-Ordner stehen (ohne Zwischenebene „WFU\_pickatlas\_3.0.4“ o.ä.)

- Toolbox:
- DEM
- FieldMap
- MEEGtools
- aal
- cat12
- rfxplot
- wfupickatlas

**Achtung: Fehler bei rfxplot  
Feedback-Email noch ohne  
Antwort**

**Achtung: Fehler beim  
wfupickatlas Download  
1.7.2018: Seite unsicher!  
Feedback-Email noch ohne  
Antwort**



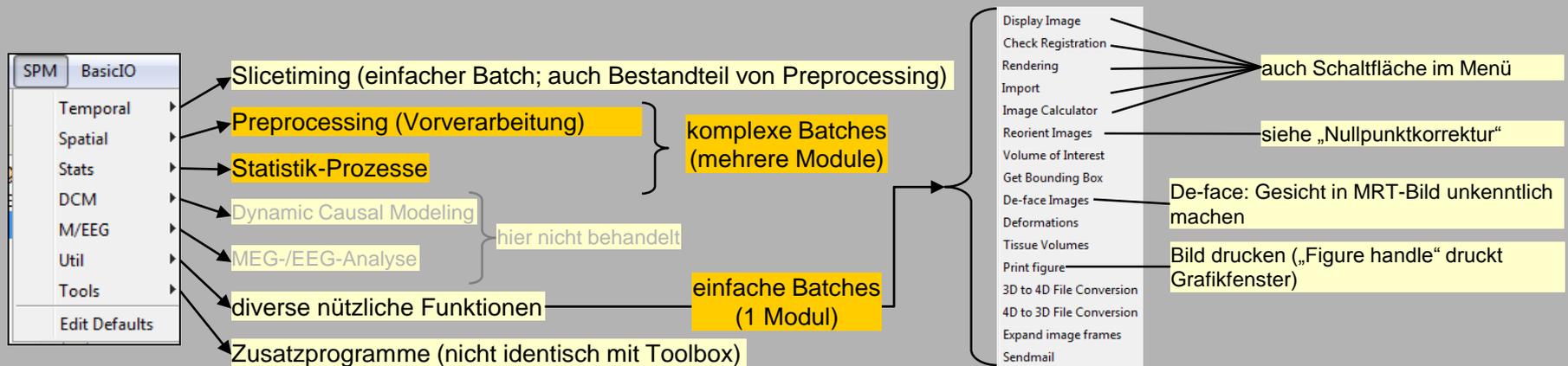
Die Schaltflächen im SPM-Menü rufen Prozesse („Tasks“ – „Aufgaben“) auf zweierlei Weise auf:

1. **direkte Ausführung** der Prozesse mit konsekutiver Abfrage der erforderlichen Details (z.B. Dateninput)
  - gilt für die Menüschaltflächen Review, Results, Display, CheckReg, Toolbox, PPIs, DCM, Help
2. **vermittelte (programmierte) Prozessausführung per „Batch“**
  - gilt für die Menüschaltflächen Realign, Slice timing, Smooth, Coregister, Normalise, Segment, Specify 1st Level, Specify 2nd Level, Estimate, Render, ImCalc, Dicom Import
  - a) Anklicken einer dieser Schaltflächen öffnet den „Batch-Editor“ mit **vorformuliertem** Batch
    - Batch = „Stapel“ (Liste) von Befehlen, die beim Ausführen des Batches automatisch nacheinander abgearbeitet werden
    - im einfachsten Fall umfasst die Liste nur einen einzigen

Prozess („Modul“)

- jedes Modul erfordert die Spezifikation bestimmter Details (z.B. Dateninput)
  - die über die Menüschaltflächen aufrufbaren Batches sind einfache „Ein-Modul-Batches“
  - Batches können gespeichert und ggf. korrigiert, modifiziert und wieder verwendet werden – auf diese Weise kann nachvollzogen werden
    - welche Details bei einem Prozess angewendet wurden
    - ggf. welche Fehler vorliegen
  - komplexe vorformulierte Batches mit mehreren Modulen: siehe Programmordner spm12\batches
- b) **Spezialfall Schaltfläche „Batch“**: Öffnen des leeren Batch-Editors zur Erstellung benutzerdefinierter bzw. zum Laden vorhandener Batches

## SPM vorformulierte Batches





**Batch-Editorfenster öffnen**

- Schaltfläche „Batch“ im SPM-Menü
- aufgabenspezifische SPM-Menü-Schaltfläche (gilt nicht für alle – s.d.)

hier gezeigter Beispiel-Batch:

- markiertes Modul : DICOM Import:
- markiertes Element: DICOM files
- zugehörige Information: Dateinamen
  - bereits eingegeben
  - Anzahl (478 Files) rechts in Elementzeile
  - Liste der Dateien im Informationsfenster unten

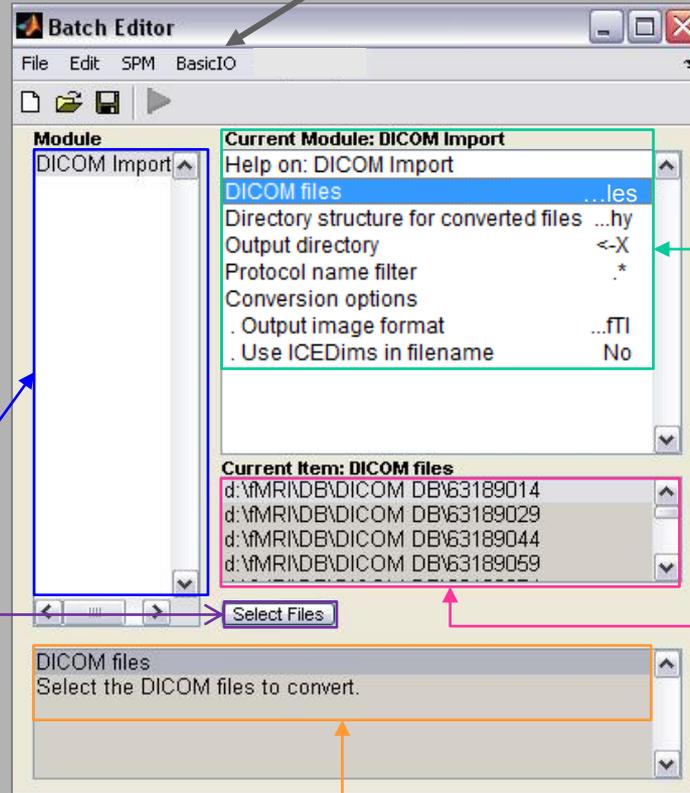
Liste der **Module** (Aufgaben, Prozesse) – hier 1 Modul (DICOM Import) eingetragen

- Module erstellen: Auswahl aus Menü
  - SPM - ... oder BasicIO - ...
  - Module einzeln eins nach dem anderen (Zwischeneinfügung nicht möglich)
- komplette Batch(es) als Module laden (kein nachträgliches Laden, aber Anfügen einzelner weiterer Module möglich)
- komplette Liste als Batchdatei speicherbar

Schaltfläche zur Spezifikation von Details zum markierten Element; Funktion und Beschriftung abhängig vom markierten Element

hier: Spezifikation der zu bearbeitenden Dicom-Dateien  
alternativ Eingabetaste oder Doppelklick auf Element

Menü- und Symbolleistenfunktionen siehe „Bedienung“

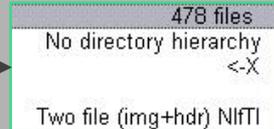


Hilfe zum markierten Modul / Element

Liste der für das markierte Modul erforderlichen **Elemente (Items)**

- hierarchisch angeordnet: unter "Conversion options" zwei eingerückte untergeordnete Elemente (davor steht ein Punkt)
- manchmal auch Unter-Unterpunkte (mit 2 Punkte-Markierung ..)
- markiert: DICOM files, schon spezifiziert
- rechtsbündig: zugehörige Spezifikationen:
  - fehlend: gekennzeichnet mit <-X
  - oder bereits definiert
  - z.T. nur fragmentarisch – Fenster breiter ziehen, siehe unten!

Fenster breiter ziehen – rechte Seite lesbar!



**Informationen** zum markierten Element:

- Anzeige spezifizierter Daten (wie hier) oder
- Bearbeitungsoptionen
  - New = neues (Unter-) Element
  - Replicate = (Unter-) Element duplizieren
  - Delete = (Unter-) Element löschen

\* es wird **nicht** angezeigt, ob eine bereits gespeicherte bzw. welche Batchdatei geladen ist! Beim Sichern wird jedoch ggf. vor Überschreiben und beim Schließen/Neuerstellen/Laden vor Verlust ungesicherter Batches gewarnt



**Menü View**

- Change Font/Fontsize: Schriftart bzw. Schriftgröße ändern
- Show .m Code: Anzeige (nur Kopierfunktion; siehe )

**Batch speichern unter:**

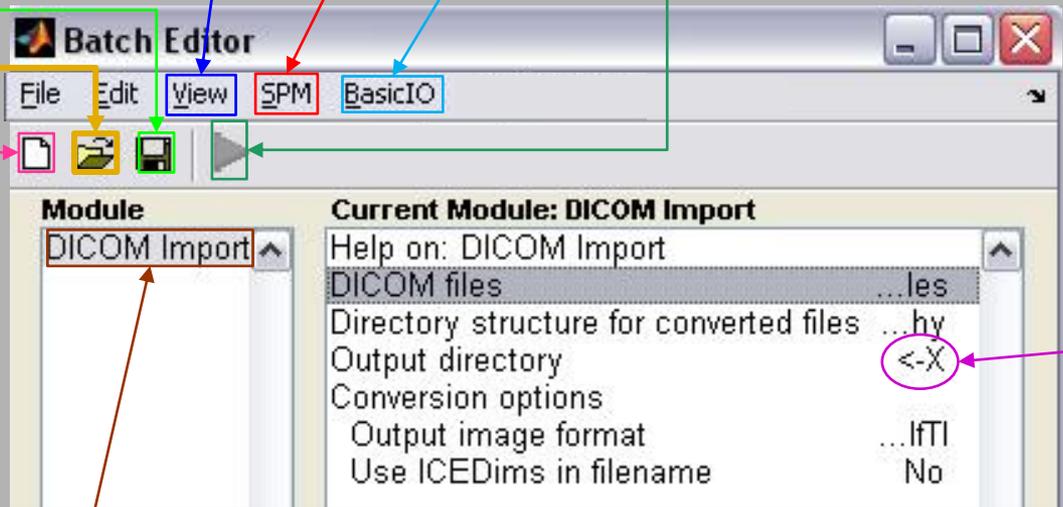
- empfohlen: .m („matlab- Scriptfile“)
- default: .mat (siehe Batchformate)

**Menü SPM - Modul-Auswahl**

**Menü BasicIO – Modulauswahl:**  
diverse Input-/Outputfunktionen, siehe dort

**Batch ausführen** (nur, wenn Dreieck grün ► hier Dreieck grau – es sind noch nicht alle Details spezifiziert!)

**Batchfile(s) als Modul(e) laden**



**neuen Batch erstellen**  
(Liste leeren)

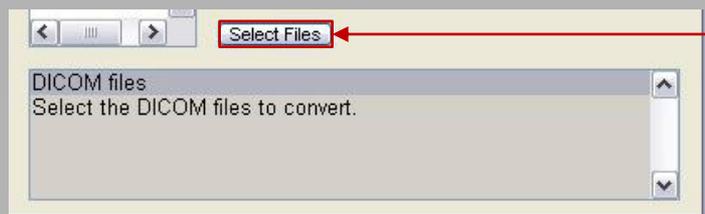
**<-X = Symbol für noch fehlende Daten-/Ordnernspezifikation**

- Zeile markieren (klick) und
  - Eingabetaste oder
  - kkl oder
  - „Select Files“ anklicken

**RMT auf markiertes Modul:**  
duplizieren (replicate) oder löschen

Press <Enter> or double click to edit

Aktivierung der Elementspezifikation:  
Eingabetaste oder kkl Element



Schaltfläche zum Öffnen des Dialogfensters zur Spezifikation der Daten für das markierte Element:

- Select Files – Datenspezifikationsfenster ([s.d.](#))
- Edit vaule - Eingabe- bzw. Auswahlfenster

Module können nur sukzessive eingefügt werden – nicht nachträglich zwischen schon bestehende Module!  
Gespeicherte Batches (auch mehrere auf einmal) können als Module eingelesen, aber nicht an eine bestehende Modulliste angefügt werden!



### Batch (Stapel) erstellen

- Aufruf des [Batch-Editors](#)
- Modul-Auswahl (Modul = Prozess/Aufgabe)
  - Menü „SPM“ (geschachtelte Untermenüs) oder „BasicIO“
  - Modulliste wird im linken Fenster dargestellt
  - Modul markieren: anklicken
  - Liste der Elemente (Items) des jeweils markierten Moduls wird im rechten Fenster eingeblendet

### Modul-Spezifikation(en) (Detailinformation zu den Prozessen)

- siehe rechte Seite!

### Batchfile speichern (optional, aber sehr zu empfehlen)

- Schaltfläche „Save Batch“; Dateiformat: [2 Optionen](#)
  - .m (= „Matlab Scriptfile“): auch im Matlab-Editor ([s.d.](#)) lesbar (empfehlenswert, da dort bequeme Editierfunktionen wie Suchen/Ersetzen verfügbar sind!)
  - .mat = NUR im Batch-Editor, nicht im Matlab-Editor lesbar
- ob der aktuelle Batch gespeichert ist, und wenn ja, unter welchem Namen, **ist nicht ersichtlich!** Jedoch Warnung beim Schließen ungesicherter Batches und vor Überschreiben

### Batchfile ausführen: Schaltfläche [Run](#) (grünes Dreieck)

- die Dreiecks-Schaltfläche ist grau, solange noch nicht alle Details spezifiziert sind, und wird grün, sobald der Batch formal ausführbar ist (was aber nicht bedeutet, dass er fehlerfrei ist!)
- im Matlabfenster wird die Abarbeitung des Batches protokolliert – ggf. mit Fehlermeldungen!

### Batchfile(s) aufrufen

- „Load Batch“ (Datei-Öffnen-Schaltfläche); ggf. mehrere Batchfiles ( $M_a, M_b, \dots$ ) in einen neuen Stapel laden; alle Module ( $M_{a\ 1..n}, M_{b\ 1..m}$  etc) werden untereinander gelistet (nicht die Namen der Batchfiles)

### Modul-Spezifikationen (Detailinformation zu den einzelnen Elementen/Items)

- Schaltfläche „**Specify**“: je nach Element muss spezifiziert werden
  - Dateninput: [Datenspezifikationsfenster](#) öffnen: klick in Elementzeile oder klick „Specify“ oder klick und Eingabetaste
  - Text oder Zahlen, Eingabe manuell oder aus vorgegebener Liste
  - untergeordnetes Element zu einem Haupt-Element, z.B.:
    - Hauptelement „Data&Design“
    - Unter-Element (eingerückt) „Subject/Session“
    - Auswahl „New: Subject/Session“
    - Unter-Elemente erscheinen nummeriert in der Auswahlliste unten; beim Markieren des Hauptelements können Unterelemente repliziert/gelöscht bzw. neue erzeugt werden
    - Achtung: Unterelemente nur anhand der Nummern identifizierbar
    - Achtung beim Löschen eines Unterelements vor dem letzten der Liste! Nummerierung wird neu generiert (Neue bzw. replizierte Unterelemente werden an den Schluss der Liste angehängt.)
- Schaltfläche „**Dependency**“
- erscheint zusätzlich zu „Specify“, sobald vorher ein Modul M definiert wurde, dessen Ausgabe als Input für das aktuelle Element möglich ist
- klick öffnet ein Fenster mit Auswahl aus Liste
  - Modulnamen und Beschreibungen der Einträge
  - chronologisch angeordnet
- nach Auswahl wird „DEP“ in Elementliste angezeigt
- Siehe auch nächste Folie

Module können nur sukzessive eingefügt werden – nicht nachträglich zwischen schon bestehende Module!

Gespeicherte Batches (auch mehrere auf einmal) können als Module eingelesen, aber nicht an eine bestehende Modulliste angefügt werden!



- außer der Dependency-Auswahl bleibt immer auch direkte „Specify“-Option verfügbar
- Achtung: in der Auswahlliste erscheint beim Öffnen immer der erste Eintrag markiert – auch, wenn bereits ein anderer zugewiesen wurde (der auch gültig bleibt)
- wenn mehrere Batches zusammen geladen wurden, kann mit Dependency kann auch auf den Output von Modulen eines weiter oben stehenden Batches zugegriffen werden (Beispiel rechts)

The screenshot shows the 'Batch Editor' window. On the left is the 'Module List' with 'Smooth' selected. The 'Current Module: Smooth' panel shows parameters like 'FWHM' and 'Data Type'. The 'Current Item: Images to Smooth' panel shows a 'Reference from' dropdown with 'Normalise: Write: Normalised Images (Subj 1)' selected. A red circle highlights the 'DEP' checkbox next to this reference. A red arrow points from this checkbox to the 'Dependency' button at the bottom of the 'Smooth' configuration panel. Below this, a 'Specify...' dialog box is open, showing a list of modules from previous batches, with 'Normalise: Write: Normalised Images (Subj 1)' selected.

The diagram illustrates the 'Module List' for a batch. It is divided into two sections: 'Batch1 preprocessing' and 'Batch2 Stats'. The 'Batch1 preprocessing' section includes modules like 'Named Directory Selector', 'File Selector', 'Change Directory', 'Realign & Unwarp', 'Segment', 'Get Pathnames', 'Image Calculator', 'Coregister: Estimate', and 'Normalise: Write'. The 'Batch2 Stats' section includes 'Smooth', 'Normalise: Write', 'Call MATLAB function', 'Change Directory', 'Named Input', 'Make Directory', 'fMRI model specification', 'Model estimation', 'Contrast Manager', 'Results Report', and 'Image Calculator'. A red arrow points from the 'Smooth' module in the 'Batch2 Stats' section to a detailed view of the 'Smooth: Smoothed Images' module. This view shows a list of dependencies, including 'File Selector (Batch Mode): Selected Files (\*.\*)', 'Realign & Unwarp: Unwarped Images (Sess 1)', 'Segment: Bias Corrected (1)', 'Segment: c1 Images', 'Segment: c2 Images', 'Segment: c3 Images', 'Segment: Forward Deformations', 'Get Pathnames: Directories', 'Image Calculator: ImCalc Computed Image: Brain', 'Coregister: Estimate: Coregistered Images', and 'Normalise: Write: Normalised Images (Subj 1)'. The 'Smooth: Smoothed Images' module is highlighted in blue.

die geglätteten Daten für fMRI model specification im zweiten Batch können mit Dependency aus dem ersten Batch eingelesen werden



Format	.m („Matlab-Scriptfile“ im ASCII-Code)	.mat (Binärformat)
SPM-Batch-Editor	Erstellung, Bearbeitung, Speicherung, Einlesen (Menü View: Darstellung des Matlab-Scriptcodes)	Bearbeitung
Matlab-Editor	Bearbeitung mit Textverarbeitungsfunktionen (z.B. Find/Replace)	nicht lesbar!

- **Bearbeitung im Batch-Editor:** schrittweise Erstellung der Module und ihrer Elemente, wie in den Folien für die verschiedenen SPM-Prozeduren beschrieben
  - gespeicherte Batches können wieder verwendet und modifiziert werden
  - Modifikation einer Dateiauswahl: „Specify“ – Datenspezifikationsfenster – „Ed“ – Zusatzfenster für manuelle Änderungen
  - zeitsparend: Erstellung einer Basis-Batchdatei als Schablone (im .m-Format gespeichert), die anschließend im Matlab-Editor für andere Probanden angepasst werden kann
- **Bearbeitung im Matlab-Editor**
  - vorteilhaft bei
    - vielen gleich strukturierten Batchfiles (z.B. für mehrere Probanden)
    - einheitlichem Schema der Ordnerhierarchie und Ordner- und Dateinamen für alle Probanden, z.B. Nummerierung P01, P02 ... statt individueller Personenkennungen
  - so kann anhand einer einzigen im SPM-Batch-Editor erzeugten Basis-Batchdatei eine ganze Batchserie durch Austausch der Probandencodes mit „Find and Replace“ erzeugt werden:
    1. Batchdatei öffnen: Matlab-Menü File – Open (Datei auswählen)
    2. Text austauschen: im Editormenü Edit – Find and Replace – Suchen-/Ersetzen-Fenster öffnet sich
      - Such- und Ersetztext eingeben
      - „Alle ersetzen“ und überprüfen, ob die Ersetzungs-Anzahl korrekt ist
    3. Menü File – Save As – unter neuem Namen sichern (Achtung: direkt benachbart zu „Save As“ ist die Option „Save All“: nicht verwechseln - ursprüngliche Datei würde überschrieben!)

## **Hierarchisch geschachtelte Batches** (siehe Anhang)

- Mit dem Modul „Run Batch Jobs“ aus dem Menü „BasicIO“ kann eine Schablonen-Batchdatei („Basis-Batch“) mit spezifischen Lücken (fehlenden Inputs) wiederholt in einem Sammelbatch („Metabatch“) mit mehreren „Runs“, z. B. für mehrere Probanden, abgearbeitet werden, wobei in jedem Run nur die fehlenden Inputs definiert werden müssen
- im Matlab-Editor kann ggf. in einer Metabatchdatei eine Wiederholungsschleife programmiert werden, womit Daten einer ganzen Anzahl von Pbn bearbeitet werden können



wird in allen SPM-Teilprogrammen zum Einlesen von Dateien/Ordnern verwendet

**Titelleiste:** welche Dateien /Ordner sind zu spezifizieren?

**Drive:** Anzeige aktuelles Laufwerk (Option Laufwerksauswahl)

die 2 Punkte .. anklicken, um auf nächsthöhere Ebene zu wechseln

**Anzeige:** Ordner im aktuellen Pfad (Dateien werden nicht angezeigt)

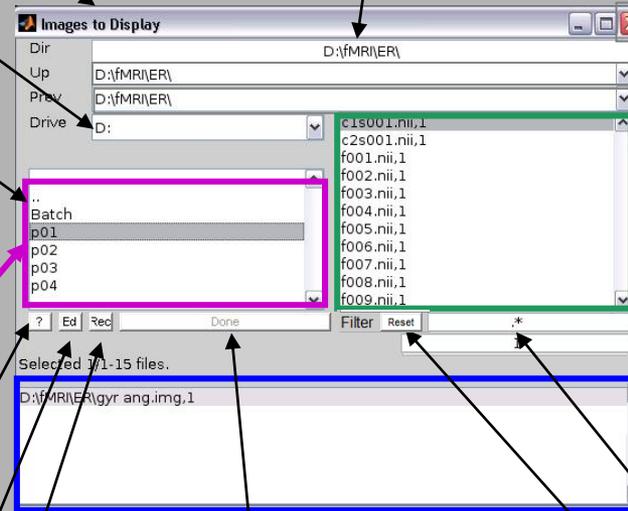
**? = Hilfe:** wird im selben Fenster eingeblendet. Enthält Filtersymbolliste!

**Ed** = ausgewählte Einträge bearbeiten

- Datei-/Ordnernamen ändern
- mit RMT verwerfen/annehmen: (cancel/accept)

**Rec** = (recursive) Auswahl aller dem Filter entsprechenden Dateien in und unterhalb der aktuellen Ebene

aktueller Pfad



Fenster schließen und Auswahl verwerfen

**Up:** Auswahl von übergeordneten Ordnern

**Prev:** Auswahl vorher benutzter Pfade

**Vor-Auswahl:** im gewählten Ordner verfügbare Elemente (Ordner oder Dateien, abhängig davon, was zu spezifizieren ist; hier: images = NIFTI-Dateien)

Filter: ggf. eintippen, dann Eingabetaste (Filterliste in Hilfe!)

Filter löschen

End-Auswahl akzeptieren, Fenster schließen

**End-Auswahl:** abhängig von der aufrufenden Funktion nur einer oder mehrere Einträge erlaubt

**Achtung! Keine Doppelklicks!!!**

**Achtung!** alphabetische Sortierung – aber unter Berücksichtigung von Groß- und Kleinschreibung! Erst werden alle groß, dann alle klein geschriebenen Elemente gelistet





### Darstellung von MR-Bildern und diversen grafischen Elementen

- Darstellung eines einzelnen Bildes [siehe Display Image](#)
- Darstellung von bis zu 24 Bildern im Vergleich [siehe Check Registration](#)
- Bilddarstellung-Orientierung [siehe Bildorientierung](#)

### Menü (Auswahl)

- [File – Save as](#): z.B. Ablage des gesamten Grafikfensters als Grafikdatei (z.B. jpg)
- [View – Figure Toolbar](#): Symbolleiste mit nützlichen Funktionen („Tools“, s.u.)
- [Insert](#) – verschiedene grafische und Texteingfügungen (Linien, Pfeile etc)
- [Tools](#): eine aktivierte Funktion (Häkchenmarkierung) bleibt so lange aktiv, bis sie wieder deaktiviert wird!
  - zoom in, zoom out: vergrößern/verkleinern am Klickpunkt (nur in 1 Ansicht, nicht in allen 3 simultan)
  - pan: Bildausschnitt mit der „Hand“ (Maus) verschieben (nützlich bei Vergrößerung)

- [SPM Figure](#): Figure = Grafikfensterinhalt
  - Save figure as: verschiedene Formate
  - Copy figure: in Zwischenablage kopieren
  - Clear figure: Fensterinhalt löschen – Achtung: kein Rückgängig!
  - Colours:
    - colourmap: Farbspielereien
    - effects: heller/dunkler/Farbumkehr
  - Font Size: Schrift größer/kleiner
  - **Results Table: Einblenden der Ergebnistabelle**

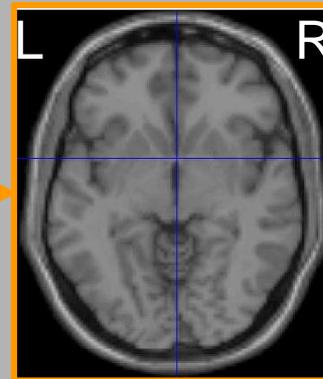
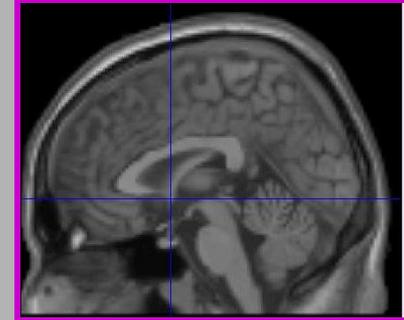
### SPM-Standard-Output = Ausgabe in postscript-Dateien

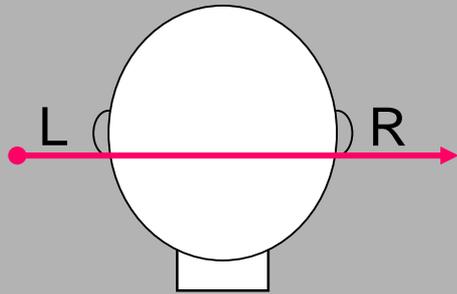
- **automatisch** werden Resultate der SPM-Teilprogramme als Grafiken in ps-Ausgabedateien abgelegt, sofern das Grafikfenster geöffnet ist
- SPM-Vorgabe ist postscript-Format\*:
  - [ps-Datei](#)
  - Dateiablage auf dem aktuellen Standardverzeichnis (ggf. im MATLAB-Fenster nachschauen)
  - Dateiname: [spm\\_JJJJMonTT.ps](#)
    - Jahr vierstellig;
    - Monatsname-Abk. 3 Buchstaben;
    - Tag zweistellig
  - an die jeweils erste Datei eines Datums (pro Verzeichnis) werden die Daten der folgenden Print-Vorgänge angehängt
  - um eine ps-Datei in PDF umzuwandeln: ggf. PDF-Konverter herunter laden, z.B. PDF24 Creator, Freeware



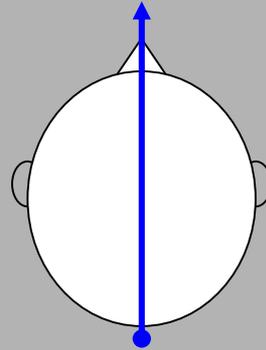
Auszug aus der Bedienungsanleitung (Kap.18, S.129-130):

- If you have put your images in the correct file format, then (possibly after specifying some rigid-body rotations):
- The top-left image is coronal with the top (superior) of the head displayed at the top and the left shown on the left. This is as if the subject is viewed from behind.
- The bottom-left image is axial with the front (anterior) of the head at the top and the left shown on the left. This is as if the subject is viewed from above.
- The top-right image is sagittal with the front (anterior) of the head at the left and the top of the head shown at the top. This is as if the subject is viewed from the left.

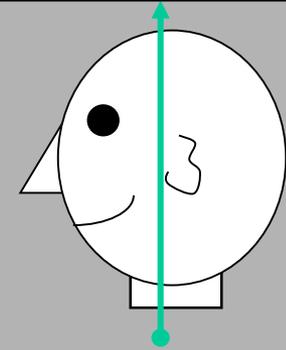




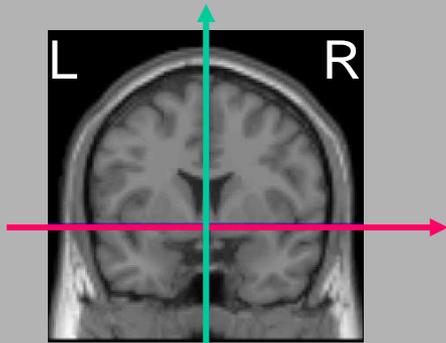
x-Achse  
 von links nach rechts  
 links minus  
 rechts plus  
 (Blick von hinten)



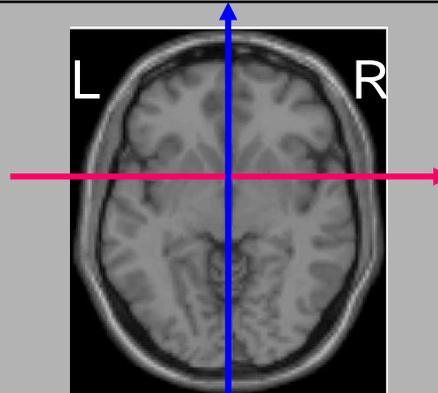
y-Achse  
 von hinten nach vorn  
 hinten minus  
 vorn plus  
 (Blick von oben)



z-Achse  
 von unten nach oben  
 unten minus  
 oben plus  
 (Blick auf Profil, von links)



coronal  
 (frontal)



axial  
 (horizontal)

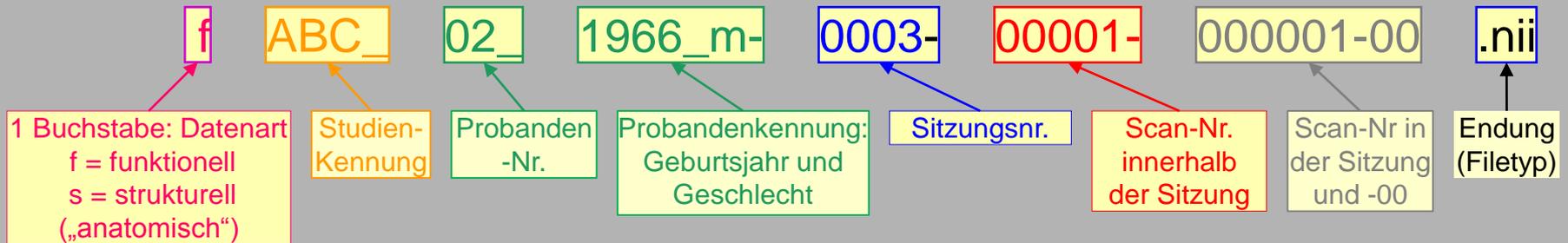


sagittal

**minus ist links hinten unten**



- **DICOM-Format** (Digital Imaging and Communications in Medicine), vom Scanner geliefert: Dateinamen ohne Endung oder .ima, nur Nummerncodes, in SPM nicht verwendbar, muss konvertiert werden, z.B. mit „Dicom-Import“
- **NIFTI-Format** (Neuroimaging Informatics Technology Initiative) = SPM- Standardformat ; in 2 Varianten (Auswahl beim Dicom-Import):
  - pro Bild nur eine **einzig**e Datei; Kopfteil (header) und Bildteil (image) einbezogen; Endung **.nii**
    - **empfohlen**, weil Platz sparend und übersichtlicher
  - pro Bild 2 Dateien (vormals üblich; „Relikt“):
    - die eigentliche Bilddatei, Endung **.img** (im Datenspezifikationsfenster einzulesen, enthält die Matrix der Graustufenwerte der Voxel)
    - die so genannte Header-Datei („Kopfteil“, Informationen über die Bilddaten), Endung **.hdr** \*
    - bei manueller Verwaltung (Kopieren in neue Verzeichnisse etc.) immer beide mitnehmen!
  - Dateinamen-Struktur, verschiedene Elemente, z. B.:



- Ordnung der Daten nach f, s und Sitzung, je nach Studiendesign
- in verschiedenen SPM-Bearbeitungsschritten werden neue Dateien mit spezifischen Kennbuchstaben am Anfang der Dateinamen erzeugt und in denselben Verzeichnissen gespeichert wie die Vorversionen (siehe [SPM-Dateikennungen](#))

**Die Anfangsbuchstaben f und s werden nur von SPM, nicht von anderen Konvertierungsprogrammen erzeugt!**

\* Header-Informationen (z.B. TR, slice thickness u.v.a.m.) können mit verschiedenen Programmen gelesen werden:

- syngo (Siemens Software, oft mit den Daten vom Scanner zusammen geliefert)
  - MRIconvert
  - matlab
- } siehe Folie 26



- Endung der Bilddaten-Dateien (NIFTI-Format): **.nii** (s.d.)
- die **Kennbuchstaben der Dateiert** stehen zunächst am Anfang der Dateinamen
  - **f** = funktionelle Daten („epi“)
  - **s** = strukturelle (anatomische, T1-gewichtete) Daten
- **Kennbuchstaben/Kennworte für durchgeführte Prozesse** werden jeweils vor bereits vorhandene Kennungen an den Anfang der Dateinamen gesetzt:

Kennung	Bedeutung	aus Prozess
a	mit slice time correction bearbeitet	Slice time correction
Brain	detailliert korrigierte s-Datei	segment
c1 c2 c3	graue, weiße Substanz, Liquor	segment
m	strukturelle Datei „bias corrected“	segment
mask	alle bei Statistik zugelassenen Voxel	Statistik
mean	Mittelwert funktioneller Dateien	realign
rp	bewegungskorrigierte Dateien	realign
render	Hirnoberfläche	render
s	geglättete Daten	smooth
u	verzerrungs-/bewegungskorrigierte Daten	realign & unwarp
w	normalisierte Daten	normalise <u>w</u> rite

- die Kennung des *zuletzt* durchgeführten Prozesses steht am *Anfang*
- Kennungen eigener Wahl können alternativ verwendet werden (nützlich, um mit unterschiedlichen Prozessen verarbeitete, z.B. mit und ohne Segmentierung

normalisierte, Daten zu vergleichen)

- Realign-Prozedur gibt Parameterfile als Textdatei aus: **rp\_f...txt**
- Segmentierung erzeugt Parameterfile **sn...mat**
- Kontrastmanager gibt pro Kontrast 2 Dateien aus (nnnn = vierstellige Nummer; bei F-Kontrasten F statt T) **con\_nnnn.nii**, **SPMT\_nnnn.nii**, Matlab-spezifische Date*endungen*: (s.a.Batchfiles)
  - **.m** – Dateien können im Matlab-Editor bearbeitet werden (ASCII-format)
  - **.mat** – Dateien (Binärformat) sind unter Matlab ausführbar, aber nicht im Matlab-Editor lesbar
  - mit dem SPM-Batch-Editor können Batchdateien sowohl im .m- als auch im .mat-Format bearbeitet und gespeichert werden, allerdings bietet der Batch-Editor nicht dieselben Bearbeitungsfunktionen wie der Matlab-Editor!
- Spezialdatei „**SPM.mat**“
  - wird von verschiedenen SPM-Prozessen erzeugt
  - immer identischer Name – ggf. Überschreiben vermeiden, separate Ordner verwenden
  - essentiell wichtig, enthält Informationen über ausgeführte Prozeduren
  - wird von nachfolgenden Prozessen wieder eingelesen und ggf. modifiziert
  - **darf nicht umbenannt werden!**
- automatisch erstellte Protokolldatei **spm\_JJJJMonDD.ps** (postscript-Format) umfasst während der Batchbearbeitung dargestellte Inhalte des Grafikfensters und kann mit kostenloser Software in PDF umgewandelt werden.

## Nomenklaturhinweise:

- estimate/estimation = Ausführung einer Berechnung. „Model estimation“ immer nach der Design-/Datenspezifikation in der Statistik!
- write = reslice = Bilddaten nach Berechnung mit neuem Vor-Buchstaben neu schreiben (statt nur Parameter im Header ablegen?); daher „Normalise write“ mit „w“ als Kennung, weil die in „Segment“ berechneten Parameter nun angewendet und neue Bildversionen gespeichert werden
- model specification (design only) = Statistikmodell definieren, ohne Berechnung

# Übersicht – Hauptschritte der Auswertung



Nr.	Kap.	Folientitel	Folie
I.1.	I. Datenvorbereitung	Sichtung der Rohdaten (Dicom-Format) – Header lesen mit matlab und MRIconvert	25
I.2.		Sichtung der Rohdaten (Dicom-Format) mit MRIconvert	26
I.2.1.		Konversion Dicom- in Nifti-Format: SPM-Dicom-Import	27
I.2.2.		Konversion Dicom- in Nifti-Format: MRIConvert	28
I.3.1.		Datenreduktion: Verkleinerung umfangreicher T1-Datensätze	29
I.3.2.		Datenreduktion: Entfernung von „dummy“-Scans	30
I.4.1.		Nifti-Bilddatensichtung: Display Image (1 Bilddatei)	31
I.4.2.		Nifti-Bilddatensichtung: Check Registration (bis zu 24 Bilddateien)	32
II.1.		II. Preprocessing	Nullpunktkorrektur
II.2. 1.	Preprocessing Batches – Übersicht: 3 Varianten		34
II.2. 2.	Preprocessing Standard Batch „preprocess_fmri“ – 8 Module plus ggf. slice timing		35
II.2.3.	Details zu slice timing		36
II.2.4.	Details zu Realign		37
II.2.5.	Details zu Segment		38
II.2.6.	Details zu Smooth	39	
III.	Statistik Übersicht		40
III.1.1	III. Statistik Ebene 1	Model specification	41
III.1.2.		Model specification – multiple conditions Datei	42
III.1.3.		Model specification – conditions manuell eingeben	43
III.1.4.		Beispiel	44
III.1.5.		Designmatrix-Beispiele	45
III.1.6.		Model estimation	46
III.1.7.		Contrast Manager (Batch)	47
III.1.8.		Contrast Manager Output	48
III.1.9.		Results Report (Batch)	49
III.2.1.	III. Statistik Ebene 2	Statistik Ebene 2 – Übersicht: Gruppenanalysen	50
III.2.2.		Statistik Ebene 2 – t-Test-Designs	51
III.2.3.		Statistik Ebene 2 – Beispiel faktorielles Design	52
III.2.4.		Statistik Ebene 2 – full factorial design	53
III.2.5.		Statistik Ebene 2 – multiple covariates	54

Nr.	Kap.	Folientitel	Folie
IV.	IV. Results	Results – Übersicht	55
IV.1.		Review: Inspektion der Daten und des Designs	56
IV.2.		Contrast manager – Define contrasts	57
IV.3.		Contrast manager - Select contrast	58
IV.4.		Maskierung von Kontrasten	59
IV.5.		Signifikanzniveau - Clusterumfang	60
IV.6.		automatische Darstellung „Glass Brain“	61
IV.7.		Darstellung in MRT-Schichten oder auf der Hirnoberfläche	62
IV.8.		„Results Table“ – Aufbau	63
IV.9.		„Results Table“ – Details	64
IV.10.		Anzeigeoptionen	65
IV.11.		„Plot“ – optionale Diagramme	66
IV.12.		Plot-Daten exportieren nach XL	67
IV.13.		SMV –Small Volume Correction (ROI Region of Interest)	68
IV.14.		ROI-Analyse und Hirnregionen zuordnen mit WFU-Pickatlas	69
IV.15.		Hirnregionen zuordnen: AAL – Automated Anatomica Labeling	70
IV.16.	Hirnregionen zuordnen mit AAL – XL-Tabelle	71	

# I.1. Sichtung der Rohdaten (DICOM-Format) – Header lesen mit MRIconvert und Matlab



Die DICOM-Daten (Rohdaten vom Scanner) haben die Endung .ima und umfassen je zwei in einer einzigen Datei vorhandene Anteile:

1. Bilddaten
2. Header: ausführliche Informationen über die Bilddaten, z.B. repetition time (=TR)

Diese Daten (sowohl Header als auch Bilder) können inspiziert werden mit dem Programm:

**MRIConvert** (freeware, auch für Datenkonversion Dicom-Nifti, siehe dort:

im oberen Teilfenster: add folder = Dicom-Ordner aufrufen  
 Unterverzeichnisse einblenden (+): Serienliste (1) = series to convert) – RMT - Series info; enthält alle Informationen über die Bildserie („Run“, z.B. repetition time=TR)

Dateien einblenden (+)

RMT auf einzelne Datei – Optionen:

- (2) Series info: wie aus Serienliste
- (3) View Dicom: Header der Datei (sehr lange Liste)
- (4) View image: Bilddarstellung

**1 Serienliste (series to convert)**

**2 Series info (Info über den ‚Run‘)**

**3 Header (Datei-Info)**

**4** (Image view)

Mit **Matlab** kann der Header ebenfalls gelesen werden:

- Matlab-Eingabe, in Klammern und einfachen Anführungszeichen steht der **komplette Pfad** der DICOM-Datei:
  - `hdr=spm_dicom_headers('D:\xyz2018 .....IMA')`
- Matlab gibt zurück:
  - `hdr =`
  - `[1x1struct]`
  - und im Fenster „Workspace“ erscheint
    - unter Name: `() hdr`
    - und unter Value: `1x1 cell`
- ‚hdr‘ doppelt anklicken - zusätzlicher Fensterabschnitt „Variables - hdr“ wird geöffnet im Tabellenformat mit einer Zelle
- Inhalt dieser Zelle (`1x1 struct`) doppelt klicken öffnet Ansicht "hdr{1,1}", das sind die Header-Einträge (im Bild ein Auszug).
- DICOM-Bilder: `X=dicomread(filepath)`

**Workspace**

Name	Value
hdr	1x1 cell

**Variables - hdr**

Field	Value
FileMetaInformationGroupLength	178
FileMetaInformationVersion	[0 1]
MediaStorageSOPClassUID	'1.2.840.10008.5.1.4.1.1.4'
MediaStorageSOPInstanceUID	'1.3.12.2.1107.5.2.36.40701.20130'
TransferSyntaxUID	'1.2.840.10008.1.2.1'
ImplementationClassUID	'1.3.12.2.1107.5.2'
ImplementationVersionName	'MR_VB17A'
SpecificCharacterSet	'ISO_IR 100'
ImageType	'ORIGINAL\PRIMARY\M\NORM'
InstanceCreationDate	735428
InstanceCreationTime	3.2569e+04
SOPClassUID	'1.2.840.10008.5.1.4.1.1.4'
SOPInstanceUID	'1.3.12.2.1107.5.2.36.40701.20130'

## I.2. Sichtung der Rohdaten (DICOM—Format) mit MRIconvert

- eine Untersuchung umfasst eine Anzahl von „Serien“, von denen nur ein Teil für die Analyse relevante Daten enthält
- normalerweise werden mehrere funktionelle „Runs“ plus eine Serie mit strukturellen Daten aufgezeichnet und analysiert
- darüberhinaus werden „field mapping“ Serien und u.U. diverse andere aufgezeichnet

Subject name: M.Gustologie\_01\_1990\_w

- Study 1 20160207 Neuroradiologie^HNO-fMRI
  - Series 1 20160207 localizer
  - Series 2 20160207 gre\_field\_mapping\_vor\_shim
  - Series 6 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run1 Mean\_&t-Maps
  - Series 5 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run1 EvaSeries\_GLM
  - Series 4 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run1 Design
  - Series 3 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run1 bas\_ep2d\_bold\_fmRT\_Run1
  - Series 7 20160207 gre\_field\_mapping\_nach\_shim
  - Series 11 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run2 Mean\_&t-Maps
  - Series 10 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run2 EvaSeries\_GLM
  - Series 9 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run2 Design
  - Series 8 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run2 bas\_ep2d\_bold\_fmRT\_Run2
  - Series 15 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run3 Mean\_&t-Maps
  - Series 14 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run3 EvaSeries\_GLM
  - Series 13 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run3 Design
  - Series 12 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run3 bas\_ep2d\_bold\_fmRT\_Run3
  - Series 19 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run4 Mean\_&t-Maps
  - Series 18 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run4 EvaSeries\_GLM
  - Series 17 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run4 Design
  - Series 16 20160207 ep2d\_bold\_fmRT\_Run4 bas\_ep2d\_bold\_fmRT\_Run4
  - Series 20 20160207 t1\_mpr\_sag\_1mm\_o.Interpol
  - Series 21 20160207 t2\_tse\_cor\_1mm

field mapping, series 2 und 7, evtl. für Korrekturzwecke verwenden (???)

funktionelle Scans: ep2d\_bold\_fmRT Runs 1 ... 4

- run1 – series 3
- run2 – series 8
- run3 – series 12
- run4 – series 16

struktureller scan t1\_mpr...

für die Analyse relevante Serien

RMT ruft Series info auf

```

Series info
Series UID: 1.3.12.2.1107.5.2.36.40701.2017031809303892384224441.0.0.0
Study date: 20170318
Study time: 092113.625000
Series date: 20170318
Series times: 093146.093000
Subject: noltus_01_1986_m
Subject birth date: 19861201
Series description: act_ep2d_bold_fmRT_Run1
Manufacturer: SIEMENS
Model name: Venio
Study id: 1
Series number: 3
Repetition time (ms): 2500
Echo time[0] (ms):
Echo time[1] (ms): 30
Inversion time (ms):
Flip angle: 90
Number of averages: 1
Slice thickness (mm): 3
Slice spacing (mm): 3.0000000089496
Image columns: 448
Image rows: 448
Number of frames:
Phase encoding direction: COL
Voxel size x (mm): 3
Voxel size y (mm): 3
Number of volumes: 215
Number of slices: 38
Number of files: 215
Number of frames: 0
Slice duration (ms) : -1.#IND
Volume interval (s): 2.51
Orientation: tra
Mosaic rows: 64
Mosaic columns: 64
Acquisition order: Interleaved Even
1255.00000000
0.00000000
1320.00000001
&&
    
```

- wieviele funktionelle Runs umfasst die Studie?
- welche Seriennummer hat jeder Run (Standardreihenfolge? Abweichungen?)
- welche Serien sind relevant für die Analyse?
  - wenn, wie im obigen Beispiel, viele Serien irrelevant sind, ggf. beim Datenimport in SPM nur die relevanten zulassen:
  - welcher Dateiname ist allen funktionellen Runs, und nur diesen, gemeinsam – danach kann ggf. gefiltert werden! In diesem Beispiel ist es die Zeichensequenz „bas“
- was geschah in jedem Run? – das muss im individuellen manuellen Protokoll stehen!

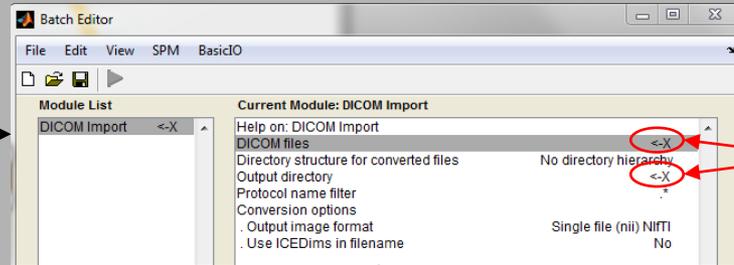


- Originaldaten
  - Empfehlung: in gesondertem Verzeichnis aufbewahren
  - Format: DICOM, Filetyp-Kennung IMA
- Batch: SPM – Util – Import - Dicom Import
- siehe „[Batch-Editor: Bedienung](#)“

## Batch für Dicom Import

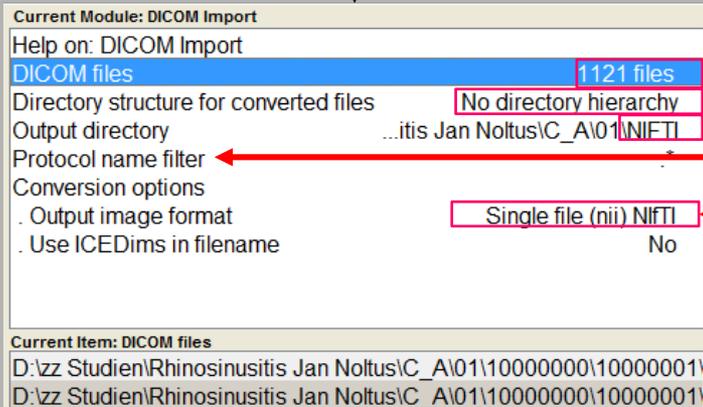


Batcheditorfenster nach Aufruf des Dicom-Import Batches



<-X zeigt an, dass Eingaben fehlen

Dicom-Import Batch-Elemente bearbeitet



### Anzahl der Dicom-Dateien

normalerweise „no directory hierarchy structure“, d.h., alle konvertierten Nifti-Dateien stehen ohne Unterordner im NIFTI-Ordner. Ausnahme: viele für die Analyse irrelevante Serien, die beim Import aussortiert (herausgefiltert) werden sollten – siehe Protocol name filter

**vor** der Konvertierung neuen Ordner für konvertierte Dateien anlegen!

Protocol name filter: normalerweise kein Filter (leer =.\*); ggf. nur die relevanten Serien zulassen, indem der Filter die Zeichensequenz angibt, die den relevanten Serien gemeinsam ist (Beispiel letzte Folie: „bas“; der Filter wird dann so formuliert: `.*bas.*` Achtung! Diese Filterung funktioniert nicht zuverlässig! Ggf. die irrelevanten Serien manuell entfernen!

single file (einfachere Handhabung als die früher benutzte Doppelfilestruktur, mit 2 Dateien für Bild- und Headerdaten)

Anzeige der der Dicom-Dateien

Tipp: nach der Datenkonversion in NIFTI-Format mit [Flexible Renamer](#) alle Dateinamen vereinheitlichen (z.B. Pbdnr statt individuelle Probandenkennung) und auf essentielle Elemente beschränken (zur einfacheren Handhabung, u.a. von Batchfiles im matlab-Editor)!

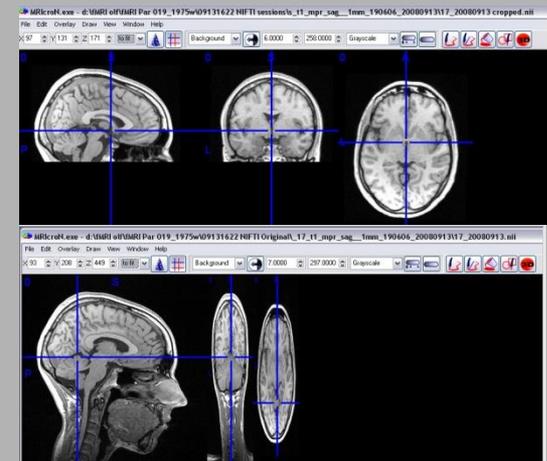


- sehr umfangreiche strukturelle Datensätze konnten gelegentlich von SPM8 nicht verarbeitet werden; nach anfänglich korrekt erscheinendem Ablauf beim DICOM-Import oder beim Segmentieren erfolgt **Abbruch und Fehlermeldung** im Matlab-Fenster „out of memory ...“
- **Alternative** für die DICOM-NIFTI-Konversion: **MRIConvert**
  - Freeware
  - Download von: <http://lcni.uoregon.edu/~jolinda/MRIConvert/>
  - unzip – Installation
- **Bedienung:**
  - oberes Teilfenster: zu konvertierende Daten
    - Add files bzw. folder (Dateien bzw. Ordner hinzu fügen), Remove (entfernen)
    - nur zu konvertierende Daten auswählen; ggf. irrelevante Serien entfernen
    - ggf. mit RMT „Series info“ (**Header**) einblenden, um die Anordnung der Daten (welche sessions entsprechen welchen funktionellen „Runs“ oder den strukturellen Aufnahmen), TR oder andere Details zu erfahren
  - Mitte: Auswahl des Zielformats: **NIFTI**
  - unteres Teilfenster: Ausgabe-Vorschau
    - Options:
      - Informationen, die im Filenamen erscheinen sollen
      - NIFTI mit 1 Datei pro Bild (nii) oder 2 Dateien (img und hdr): empfohlen **nii**
    - Directory: Ausgabe-Ordner
    - Rename: Ausgabedateien neu benennen
  - New Session: Neuer Konvertierungsvorgang mit neuen Daten
  - Convert all: alle im oberen Teilfenster angezeigten Daten werden konvertiert
  - Quit: Programm beenden



- Bei umfangreichen strukturellen Daten, die mit SPM-DICOM-Import nicht konvertiert werden können, scheitert möglicherweise auch der Segmentierungsvorgang (nach anfänglich korrekt erscheinendem Ablauf **Abbruch und Fehlermeldung** im Matlab-Fenster „out of memory ...“).
- Abhilfe bietet Reduktion des Datenumfangs, indem die Ränder der Bilder beschnitten werden
- Programm: **MRIcroN**
  - Nachfolgeversion von MRICro; Freeware
  - Download von: <http://www.sph.sc.edu/comd/rorden/mricron/install.html>
  - unzip, Installation
- Bedienung:
  - File – load
  - Menü **Draw – Advanced – Crop Edges**
    - im eingblendeten Zusatzfenster können die Randbereiche definiert werden, indem die Anzahl der Randschichten in jeder Richtung eingetragen werden
    - diese Randbereiche der Bilder werden rot markiert
    - wenn der Bildausschnitt optimiert ist: „**save cropped**“ anklicken: die rot markierten Bereiche werden gelöscht
    - Ergebnis sofort kontrollieren – manchmal verzerrt! (dann nochmal versuchen)
  - File – **Save as NIFTI ...** (gewünschten Dateinamen - .nii - spezifizieren)

Die eingelesenen Bilder sehen manchmal „normal“ und manchmal gequetscht aus; die Bearbeitung klappt aber dennoch (i.d.R.) und liefert korrekte Ausgaben

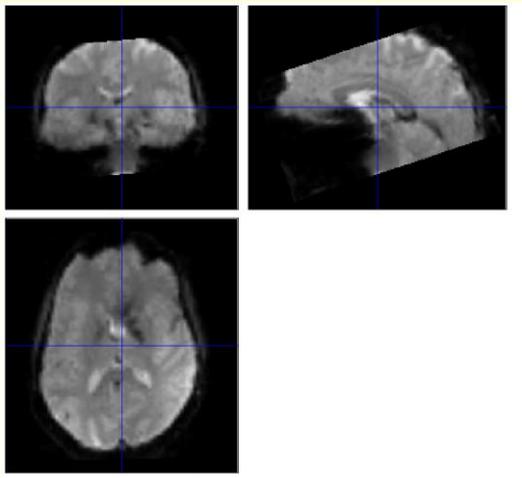




- die ersten Bilder einer Messung („dummy scans“; dummy = Attrappe) werden i.d.R. verworfen
- die Anzahl ist nicht einheitlich vorgegeben und bewegt sich etwa zwischen 4 und 8
- ➡ unbedingt die anhand des Studiendesigns erwartete Anzahl Scans berechnen und mit der vorgefundenen vergleichen!
- i.d.R. wird an einem Scanner immer dieselbe Anzahl „dummy scans“ verwendet
- es ist sehr wichtig zu wissen
  - ob diese „dummy scans“ mit in den gelieferten Daten enthalten sind (oder ob sie bereits vor der Speicherung/Weitergabe entfernt wurden)
  - wieviele dummy scans ggf. vorhanden sind
- es empfiehlt sich,
  - die entsprechende Anzahl (dummy) scans entweder zu löschen,
  - oder sie vor Beginn der Verarbeitung in separate, entsprechend gekennzeichnete Ordner zu kopieren – als Sicherheits-Dokumentationsmaßnahme!
- „dummy scans“ können aber auch im Verzeichnis verbleiben und bei der eigentlichen Datenauswahl für die Analyse deselektiert werden (dabei die Scannummern genau beachten!)



- Darstellung eines nii-Bilddatensatzes plus Informationstafeln
- SPM-Menü **Display**
- Datenspezifikationsfenster: Auswahl einer Datei
- Grafikenster-Aufteilung:
  - **oben** die drei Bildansichten (vgl. Bildorientierung)
  - **unten links** Koordinatenanzeige und Datenmodifikationsfelder
  - **unten rechts** Headerinformationen (z.B. **TR**) und Darstellungsoptionen



**Crosshair Position**

mm:

vc:

Intensity:

right (mm)	0
forward (mm)	0
up (mm)	0
pitch (rad)	0
roll (rad)	0
yaw (rad)	0
resize (x)	1
resize (y)	1
resize (z)	1

File...003-00001-000001-01.nii

Dimensions 64 x 64 x 38

Datatype: uint16

Intensity: 1 - 1 X

3T 2D EP **TR=2500ms** TE=30ms/FA=90deg

Vox size: 3 x 3 x 3

Origin 38.38.3 15.3

Dir Cos: 0.997 -0.019 -0.075  
0.042 0.946 0.321  
0.065 -0.323 0.944

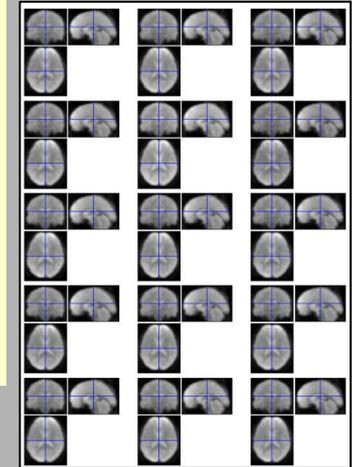
Full Volume	<input type="button" value="Hide Crosshair"/>
World Space	<input type="button" value="Trilinear interp."/>
Auto Window	<input type="button" value="Add Overlay..."/>

TR=2500ms

- Koordinatenanzeige
  - „Crosshair“ = Fadenkreuz, „Origin“ anklicken, um Fadenkreuz auf den (zunächst arbiträren) Nullpunkt zu setzen
- Bildmodifikationen:
  - Nullpunktänderung s.d.
  - Bilddrehung: pitch (um die x-Achse: „Kopfnicken“), roll (um y-Achse, Kopfseitenneigung), yaw (um z-Achse, „Kopfschütteln“)
  - Größenänderung (resize)
  - „Reorient images“: (Achtung: „world space“ muß gewählt sein!) Modifikationen abspeichern, mit Abfrage der zu modifizierenden Dateien (z.B. alle f-Dateien einer Sitzung)
  - „Reset“: nur Drehungs-Änderungen zurück setzen (Nullpunkt u. Größe bleiben geändert!!!)
- rechtes unteres Feld
  - full Volume oder Ausschnittvergrößerungen aller 3 Bilder simultan in mehreren Stufen
  - World Space (korrekte Orientierung) oder Voxel Space (gedreht)
  - **Hide Crosshairs: Fadenkreuz aus-/einblenden**
  - Add Blobs: Resultate eintragen, ggf. aus mehreren Analysen! (siehe Ergebnisfolien)



- Darstellung mehrerer (bis zu 24) Bilddatensätze im Grafik-Fenster
- Aufruf im SPM-Menü
  - Schaltfläche „Check Reg“
- im Datenspezifikationsfenster können maximal 24 Dateien ausgewählt werden
- keine Zusatzinformationfelder wie in Display Image
- **aber viele Informationen im RMT-Kontextmenü zu jedem Bild (u.a. TR)**
- Aufruf im Batch-Editor
  - SPM – Utils – Check Registration
  - anschließend ggf. Printprozess: SPM – Utils - Print



## Batch für Check Registration und Print

Help on: Check Registration  
Images to Display  <-X

Help on: Print  
Print Filename  <-X

Figure to print  Graphics

Figure Name

Printing Options  Baseline JPEG image

Spezifikation der Daten, z.B. mit Filter:

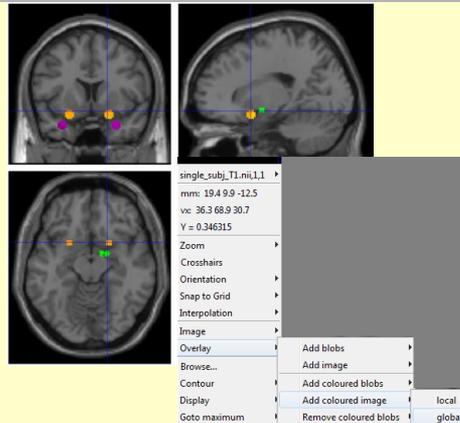
\\f.\*-sa-00[0-9].\* (...sa-000 bis 009)  
\\f.\*-sa-01[0-9].\* (...sa-010 bis 019)

Ausgabe-Dateiname

„Graphics“ druckt Grafikfenster

z.B. JPG (Standard = ps)

- im Check Registration Modus stehen per RMT diverse Optionen zur Einblendung von „Masken“ ([s.d.](#)), Ergebnis- und anderen Bildern zur Verfügung, z.B.:
- RMT – Overlay – Add coloured image – global – nii-Datei und Farbe wählen; die Überlagerungen können auch einzeln entfernt werden (Remove)
- RMT – ROI tool – launch – Maske wählen (löschen: ... quit)



FTann\_Pb01\_ad\_0009.nii,1,1

mm: 1.5 48.8 32.3  
vx: 32.5 32.5 13.5  
Y = 570.905

Zoom  
Crosshairs  
Orientation  
Snap to Grid  
Interpolation

Image  
Blobs  
Movie tool  
Reorient image(s)  
RGB overlays  
ROI tool

D:\fMRI\CBH\NIFTI

1.5T 2D EP\SE\EP TR=2500ms/ TE=45ms/

Data type: uint16  
Intensity: Y = 1 X

Image dims  
64x64x31

Voxel size  
-3.00 3.00 3.75

Origin  
106.86 -101.08 -57.78

Rotations  
1.00 -0.00 -0.09  
-0.01 1.00 -0.09  
0.09 0.09 0.99

Specify other image...



Der Nullpunkt (Origin) des Koordinatensystems liegt zunächst willkürlich meist okzipital oder im Kleinhirn-Bereich. Die Korrektur (Definition des Nullpunkts etwa bei der vorderen Kommissur) ist „eigentlich“ nicht erforderlich, da ein SPM-Algorithmus die vordere Kommissur genau genug identifiziert, jedoch gelang in SPM8 die Segmentierung zuverlässiger, wenn NPK durchgeführt wurde

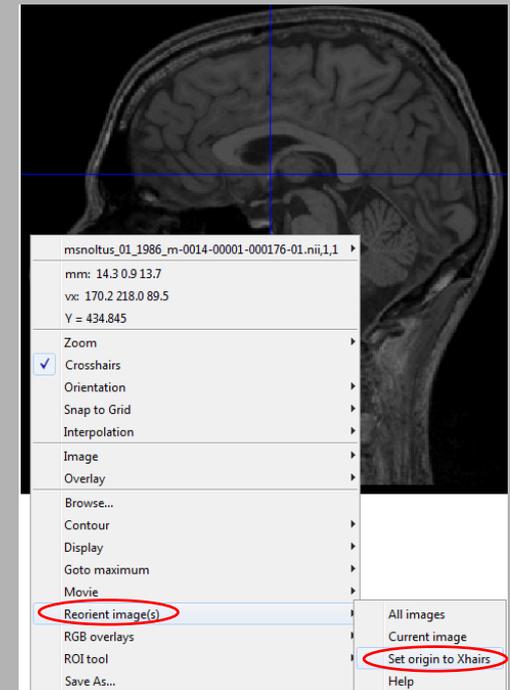
- Überprüfung des Nullpunkts: Display – Datenspezifikationsfenster – s-Bilddatensatz aufrufen, Fadenkreuz (= Crosshairs bzw. xhairs) testweise auf Koordinaten-Nullpunkt setzen:

- Crosshair Position "Origin" anklicken; 

- wenn Nullpunkt etwa bei vorderer Kommissur, (ac = anterior commissure; siehe Bilder) keine Korrektur erforderlich - ansonsten Korrektur, siehe unten

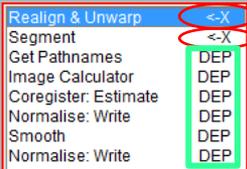
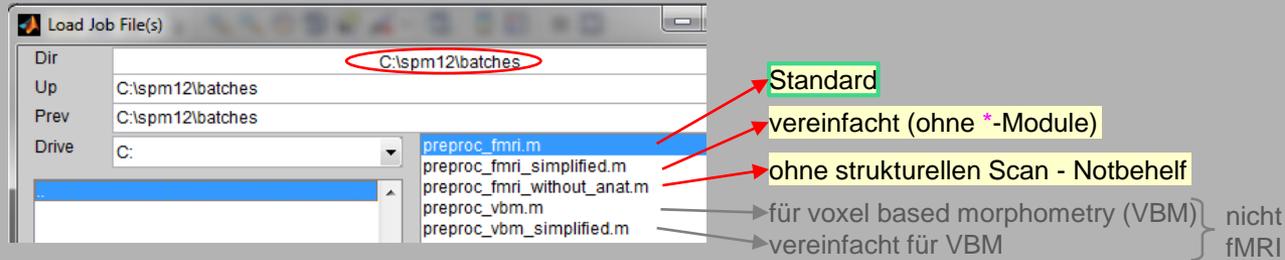


- **Check Reg** (nicht Display!) – Datenspezifikationsfenster – s-Datensatz aufrufen
  - Fadenkreuz ungefähr auf vordere Kommissur setzen
  - RMT in Bild – Kontextmenü – Reorient images – set origin to xhairs
  - add others – Datenspezifikationsfenster – **alle s- und f-Dateien** der Person (sofern gemessen in derselben Scan-Position) auswählen
  - Reorientierungsmatrix speichern – ggf. für selbe Datei (im Originalzustand!) wiederverwendbar:
    - mit Batchmodul SPM – util - reorient,
    - „Reorient By Saved Matrix“ wählen
    - gespeicherte Datei spezifizieren



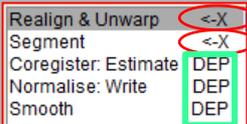


SPM-Programmordner/batches enthält mehrere vorformulierte Preprocessing-Batches im „.m“ Format



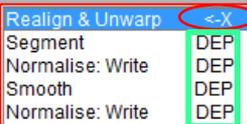
### Standard „preproc\_fmri“

- \* Start mit Abfrage Slice Timing (siehe nächste Folien) und Anzahl Sessions im *interaktiven* SPM-Fenster
- 8 Module (linkes Batcheditorfenster) jeweils mit „Help on ...“ und zugehörigen Elementen (im Batcheditor rechts gelistet)
  1. Realign and Unwarp (Erfassung von Bewegungsartefakten und Korrektur geometrischer Verzerrungen)
  2. Segment (Zerlegung in Kompartimente: weiße und graue Substanz, Liquor – c1, c2, c3 und Berechnung eines korrigierten strukturellen Bilds „Bias corrected“)
  3. \*Get Pathnames (Einlesen von Bias corrected-Datei - fehlt bei vereinfachter Version\*)
  4. \*Image Calculator (Berechnung korrigierte strukturelle „Brain“-Datei aus c1, c2, c3 und Bias corrected - fehlt bei vereinfachter Version\*)
  5. Coregister: Estimate (Berechnung der Beziehung zwischen strukturellem „Brain“ und funktionellen Bildern)
  6. Normalise: Write (funktionelle Daten werden auf Standardhirn bezogen)
  7. Smooth (Datenglättung)
  8. \*Normalise: Write (strukturelles Bild „Brain“ wird auf Standardhirn bezogen - fehlt bei vereinfachter Version\*)
- 6 **„DEP“ (Dependence=Abhängigkeit) Module (3 bis 8) greifen auf Output vorheriger Module zurück**
- <-X zeigt immer fehlenden Input an; in den DEP-Modulen ist kein Input mehr erforderlich
- der Batch ist so konfiguriert, dass normalerweise nur die Daten in den ersten beiden Modulen spezifiziert werden müssen!



### vereinfacht „preproc\_simplified“ – Abweichungen gegenüber dem Standard:

- ohne Abfrage Slice Timing
- nur 5 Module; es fehlen die oben mit \* gekennzeichneten:
  - statt komplizierter Berechnung des „Brain“-Bildes wird das korrigierte strukturelle Bild „ms...“ für die Koregistrierung verwendet; c1s und c2s werden nicht gespeichert
  - die Normalisierung der strukturellen Daten entfällt



### ohne strukturellen Scan „preproc\_fmri\_without\_anat“

- nur 5 Module, wie im vereinfachten Batch
- segmentiert und im letzten Modul normalisiert wird, gewissermaßen behelfsmäßig, das funktionelle Mittelwertsbild



ggf. Start mit slice timing – erzeugt prefix **a**, siehe nächste Folie

Help on: **Realign & Unwarp** ①

```

Data
. Session
. Images
. Phase map (vdm* file) 0 files
Estimation Options
. Quality 0.9
. Separation 4
. Smoothing (FWHM) 5
. Num Passes Register to first
. Interpolation 2nd Degree B-spline
. Wrapping No wrap
. Weighting 0 files
Unwarp Estimation Options
. Basis Functions 12x12x*
. Regularisation 1
. Reg. Factor Medium
. Jacobian deformations No
. First-order effects [4 5]
. Second-order effects []
. Smoothing for unwarp (FWHM) 4
. Re-estimate movement params Yes
. Number of iterations 5
. Taylor expansion point Average
Unwarp Reslicing Options
. Resliced images (unwarp)? All Images + Mean Image
. Interpolation 4th Degree B-Spline
. Wrapping No wrap
. Masking Mask images
. Filename Prefix u
    
```

Sessions ergänzen („New oder Replicate“) oder löschen

f-Dateien der Session angeben

alle Bilder werden neu (korrigiert) abgespeichert und ein Mittelwertsbild wird erstellt

die neuen Bilder werden mit „u“ am Dateinamensanfang gekennzeichnet: **u(a)f...**

Help on: **Image Calculator** ④

```

Input Images DEP 4 outputs
Output Filename Brain
Output Directory DEP Get Pathnames: Directories (unique)
Expression (i1 + i2 + i3) .* i4
Additional Variables
Options
. Data Matrix No - don't read images into data matrix
. Masking No implicit zero mask
. Interpolation Trilinear
. Data Type INT16 - signed short
    
```

ein exaktes, korrigiertes strukturelles Hirnbild „Brain“ wird konfiguriert (Original ganzer Kopf)

Help on: **Coregister: Estimate** ⑤

```

Reference Image DEP Image Calculator: Imcalc Computed Image
Source Image DEP Realign & Unwarp: Unwarped Mean Image
Other Images DEP Realign & Unwarp: Unwarped Images (Sess 1)
Estimation Options
. Objective Function Normalised Mutual Information
. Separation [4 2]
. Tolerances 1x12 double
. Histogram Smoothing [7 7]
    
```

„Brain“ wird für die Koregistrierung verwendet

Help on: **Normalise: Write** ⑥

```

Data
Subject
. Deformation Field DEP Segment: Forward Deformations
. Images to Write DEP Realign & Unwarp: Unwarped Images (Sess 1)
Writing Options
. Bounding box 2x3 double
. Voxel sizes [2 2 2]
. Interpolation 4th Degree B-Spline
. Filename Prefix w
    
```

Normalisierung der von „Realign and unwarp“-Prozedur erzeugten u(a)f-Bilder

die normalisierten Bilder werden mit „w“ am Dateinamensanfang gekennzeichnet: **wu(a)f...**

Help on: **Smooth** ⑦

```

Images to Smooth DEP Normalise: Write: Normalised Images (Subj 1)
FWHM [8 8 8]
Data Type SAME
Implicit masking No
Filename Prefix s
    
```

Glättung der wu(a)f-Dateien und neuer Anfangsbuchstabe **swu(a)f...**

Help on: **Normalise: Write** ⑧

```

Data
Subject
. Deformation Field DEP Segment: Forward Deformations
. Images to Write DEP Image Calculator: Imcalc Computed Image
Writing Options
. Bounding box 2x3 double
. Voxel sizes [1 1 1]
. Interpolation 4th Degree B-Spline
. Filename Prefix w
    
```

strukturelles Bild „Brain“ wird normalisiert

Output „wBrain“

Help on: **Segment** ②

```

Data
. Channel
. Volumes
. Bias regularisation light regularisation (0.001)
. Bias FWHM 60mm cutoff
. Save Bias Corrected Save Bias Corrected
Tissues
. Tissue
. Tissue probability map C:\spm12\tpm\TPM.nii,1
. Num. Gaussians 1
. Native Tissue Native Space
. Warped Tissue None
. Tissue
. Tissue probability map C:\spm12\tpm\TPM.nii,2
. Num. Gaussians 1
. Native Tissue Native Space
. Warped Tissue None
    
```

s-Datei der Session angeben

lange Elementliste hier abgekürzt

Segmentierungs-Outputs:

- c1s, c2s: segmentierte Kompartimente graue und weiße Substanz
- neue Bilder mit Kennung „s“
- korrigiertes (bias corrected) s-Bild, Kennung „ms“

Help on: **Get Pathnames** ③

```

Files DEP Segment: Bias Corrected (1)
    
```

Ziel: Korrektur von Ungleichmäßigkeiten während der Dauer des Scans: ein Scan umfasst eine Anzahl von Slices (Schichten), deren Anzahl und Anordnung für diese Korrektur erforderlich sind. Die Anordnung ist hier durch die jeweiligen Zeiten der einzelnen Schichtaufnahmen repräsentiert - die nicht der räumlichen Anordnung von unten nach oben entspricht!

- man muss einige Informationen aus dem DICOM-Header verwenden:
- in matlab: „Clear Workspace“
- DICOM-Header aufrufen: Eingabe im Matlabfenster, kompletten Pfad der DICOM-Datei in Klammern und einfachen Anführungszeichen:
  - `hdr=spm_dicom_headers('DICOM-Dateipfad')`

➔ Slice order (bzw. slice times):

- aus dem Header lesen (siehe rechts) – Tabellenzeile kopieren; vor dem Einfügen in „slice order“ Dezimalkommas durch –punkte und Tabulatoren durch Leerzeichen ersetzen,
- oder direkt mit dem folgenden matlab-Befehl:
  - `slice_times=hdr{1}.Private_0019_1029`
  - die Zeiten werden in mehreren Zeilen angezeigt (unten rot markierte Zahlen) und portionsweise in „slice order“ kopiert;
  - die Anzahl der Slices (im slice timing batch erforderlich) geht ebenfalls aus der Anzeige hervor (hier ‚33‘ im roten Kreis):

**a**

Private_0019_1009	'1.0'
Private_0019_100a	33
Private_0019_100b	32.5000
Private_0019_100f	'Fast'
Private_0019_1011	'No'
Private_0019_1012	[0 0 -1033]
Private_0019_1013	[0 0 -1021]
Private_0019_1014	[0;0;12]
Private_0019_1015	[-576 -563.2134 -44.3683]
Private_0019_1016	0
Private_0019_1017	1
Private_0019_1018	3000
Private_0019_1023	0
Private_0019_1024	0
Private_0019_1028	29.4810
Private_0019_1029	1x33 double
StudyInstanceUID	'1.3.12.2.1107.5.2.36.40701.300000130713'

number of slices

slice times

Doppelklick

**b**

```
slice_times =
1.0e+03 *
Columns 1 through 12
    0    1.2925    0.0750    1.3675    0.1525    1.4450    0.2275    1.5200    0.3050    1.5975    0.3800    1.6725
Columns 13 through 24
    0.4550    1.7500    0.5325    1.8250    0.6075    1.9000    0.6850    1.9775    0.7600    2.0525    0.8375    2.1300
Columns 25 through 33
    0.9125    2.2050    0.9875    2.2800    1.0650    2.3575    1.1400    2.4325    1.2175
```

### Batchmodul Slice Timing

Help on: Slice Timing	
Data	
. Session	96 files
Number of Slices	33
TR	2.5
TA	0
Slice order	1x33 double
Reference Slice	0
Filename Prefix	a

- funktionelle nii-Dateien (Scans)
- Anzahl der slices pro Scan – siehe oben
- TR, geht auch aus dem Header hervor
- Enter the TA (in seconds). It is usually calculated as  $TR-(TR/nslices)$ . You can simply enter this equation with the variables replaced by appropriate numbers.
- If the next two items are entered in milliseconds, this entry will not be used and can be set to 0.
- die von matlab angegebenen Zahlen
- Zeit der ersten Schicht: 0msec

die folgenden Angaben in msec, daher hier Null; man könnte auch die Formel angeben oder den berechneten Wert



Realign: Berechnung von Abweichungen der Kopfposition in funktionellen Bildern:

- Abweichung in x-, y- und z-Richtung („verrutscht“) – „translation“
- Drehung um x-, y- und z-Achse (pitch, roll, yaw) („verdreht“) – „rotation“
- also 2 mal 3 = 6 Parameter
- Output: (XXX = Name des ersten Scans)
  - **meanXXX.nii** = gemittelte f-Daten
  - **rpXXX.txt** = Textdatei mit den in 6 Spalten angeordneten Bewegungsparametern aller einzelnen Bilddateien (rp = realignment parameters)

• Auszug aus einer rp...txt-Datei:

```

0.0000000e+00 0.0000000e+00 -3.5527137e-15 0.0000000e+00 0.0000000e+00 0.0000000e+00
3.1651552e-02 -1.1424118e-01 -2.6621324e-02 4.7099596e-04 -1.2435658e-04 2.3591726e-04
9.0494243e-02 -1.4076631e-02 -1.3559212e-02 -4.5203186e-04 5.1421037e-05 3.555537e-04
3.4245540e-02 -1.1780108e-01 -3.5957119e-02 4.1867690e-04 -3.9082905e-04 5.6224979e-04
1.4030464e-02 1.6723901e-02 -3.0715439e-02 8.1513491e-05 -7.4930627e-05 4.6235785e-04
3.0203649e-02 -1.0858672e-01 -1.5284297e-02 1.5143142e-03 -6.1955893e-04 6.0101800e-04
3.2294815e-02 2.9494087e-02 -2.8843299e-02 7.8404357e-04 -1.3306930e-04 8.9103744e-04
4.4468966e-02 -8.5917713e-02 -1.6736906e-02 1.6650135e-03 -4.3571788e-04 9.9238502e-04
2.9924581e-02 8.7980725e-02 -7.1662010e-02 1.0368482e-03 -1.2310538e-04 1.2708732e-03
8.4249272e-02 -1.0970928e-01 -1.1196558e-01 1.1333027e-03 -4.1871856e-04 1.8700509e-03
4.9022403e-02 1.1901181e-01 -1.0307510e-01 7.0798718e-04 -3.3289309e-04 1.7477960e-03
8.5334251e-02 -2.6376343e-02 -1.1429407e-01 1.3423028e-03 -6.1162722e-04 1.8513518e-03
    
```

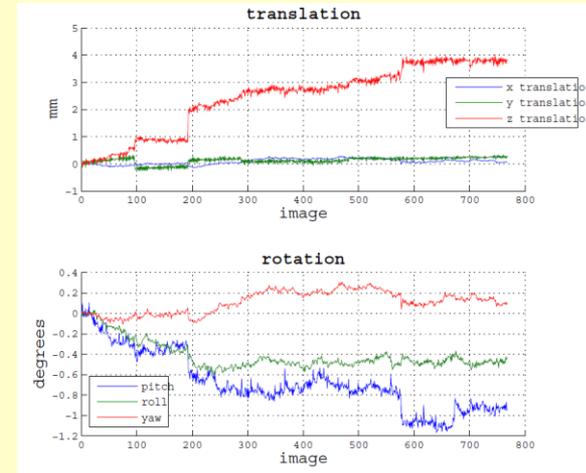
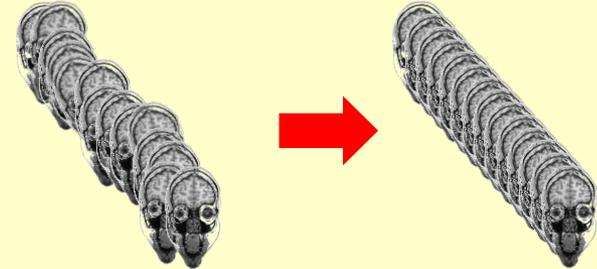
• Grafiken können ggf. auch mit Matlab geplottet werden; Eingaben im Matlabfenster (blau):

- `cd folder` (folder = Ordner, wo rp.txt-Datei steht)
- `load filename.txt` (filename = rp...txt-Datei)
  - in "Workspace" wird angezeigt:

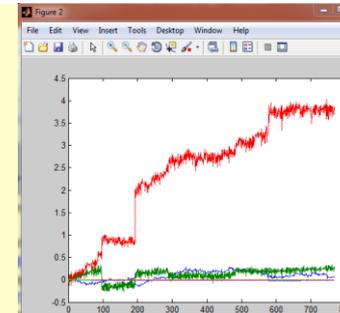
Workspace			
Name	Value	Min	Max
ans	'D:\zz Studien\Kurs 2...		
rp_f_Run1_00032013_...	768x6 double	-0.2602	4.0232

- klick auf Dateinamen – Kontextmenü – plot catalogue – Auswahl "Line Plots" – oberste Option – "plot in new figure"
- oder Eingabe im Hauptfenster (Klammern und einfache Anführungszeichen beachten!)
  - `figure;plot(Dateiname ohne Endung,'DisplayName','Dateiname ohne Endung')`
- die rp-Parameter können ggf. in der Statistik als Regressoren benutzt werden, um einen Bewegungseffekt in Rechnung zu stellen

(aber meist sind die Bewegungen zu klein, um im Vergleich zur Voxelgröße ins Gewicht zu fallen).



SPM-Ausgabe Translation und Rotation

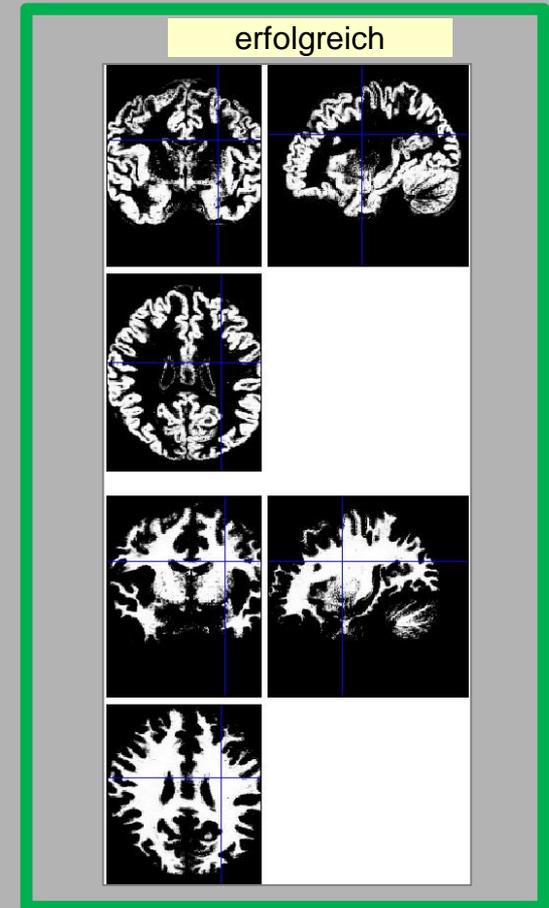
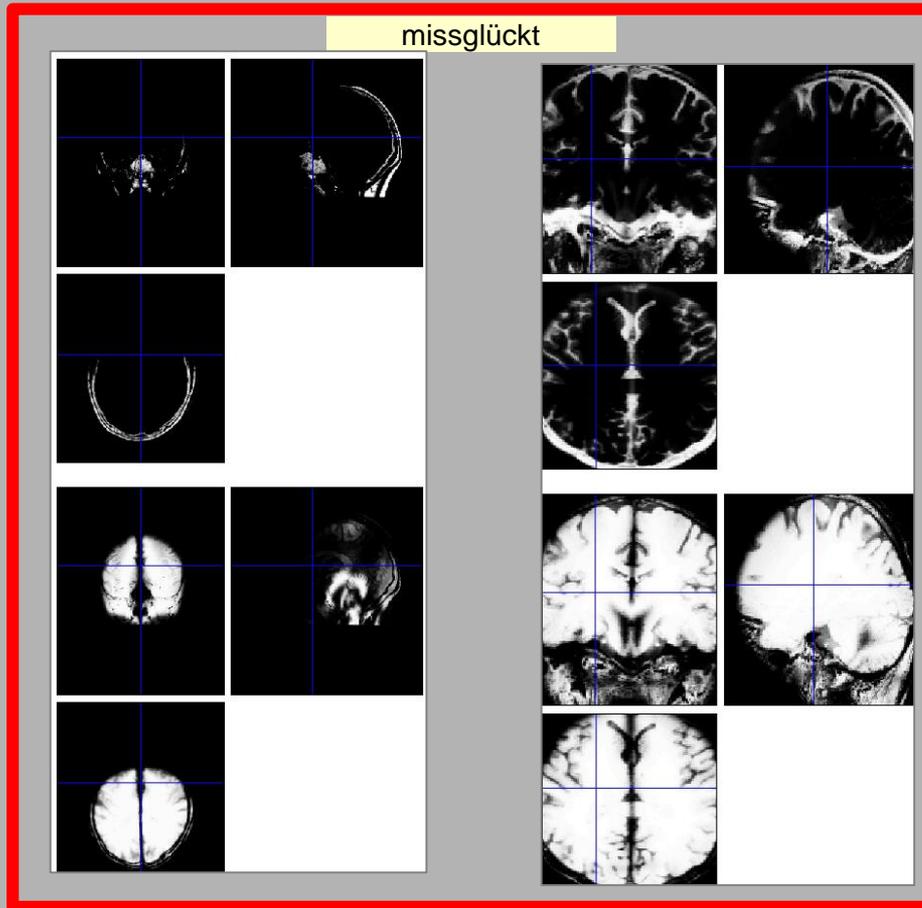


Matlab-Ausgabe nur Translation

Unwarp: in bestimmten Hirnregionen treten Bildverzerungen auf, die bei Bewegungen einer ergänzende Korrektur bedürfen (vgl. Bewegung vor einem Zerrspiegel); diese leistet Unwarp.



Erfahrung in SPM8: Der Segmentierungsprozess liefert manchmal unbrauchbare Resultate - auch, wenn am Datensatz keinerlei Mängel (zu viel „abgeschnitten“ o.ä.) erkennbar sind. Zuverlässiger gelingt die Segmentierung mit Nullpunkt-korrigierten Daten!

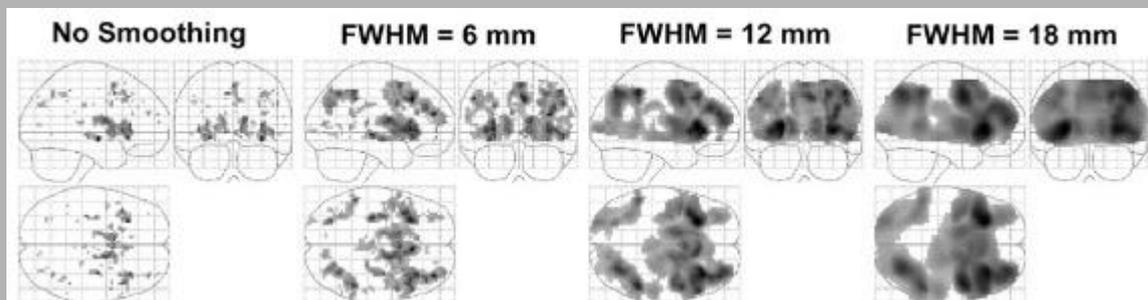
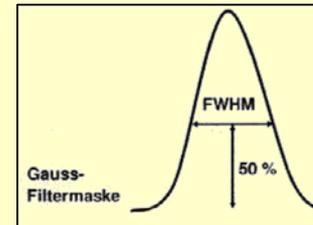


Die hier gezeigten Ergebnisse der Segmentierung (Bilddateien „c1...nii, c2...nii“) werden in SPM12 nur bei Verwendung des Standard-Preprocessing Batch „preproc\_fmri“ gespeichert!

Eine Fehlermeldung „TPM.nii does not exist“ erscheint manchmal, wenn ein Preprocessing-Batchfile auf einen anderen Computer mit einem abweichenden Pfad des SPM-Programmverzeichnisses kopiert wird. Dann muss man den realen Speicherort der Datei „TPM.nii“ suchen und im Batchfile die Datei korrekt einlesen.



- smooth = glätten
- Ziel: **Verbesserung des Signal-Rausch-Abstands** (SNR = Signal to Noise Ratio)
  - „gewichtete, additive Verknüpfung eines Bildpunktes mit benachbarten Bildpunkten“; „Festlegung der Wichtung der Nachbarschaft durch Filtermaske (Kernel - bis zu welchem Nachbarsabstand geht die Information benachbarter Voxel in die Glättung ein)“
- Voraussetzung für spätere Statistik!
- Kennbuchstabe: **s** (nicht verwechseln mit „strukturell“-s; smooth-s steht vor dem „Normalise-write“-w und dem „funktionell“-f; also swf...)
- FWHM (full width at half maximum):
  - jeweils 3 gleiche Zahlen
  - Richtwerte (uneinheitliche Angaben):
    - für Gruppenanalysen:
      - Standard: 7 7 7 oder 8 8 8
      - Bereich „6 bis 10“
      - bzw. „bei Normalise Write verwendete Voxelgröße (2 o. 3) multipliziert mit 2 bis 3, also 4 bis 9“
    - für individuelle Auswertungen: 4 bis 8 (also kleinere Werte als bei Gruppenanalysen)
    - bei Interesse an kleinen anatomischen Strukturen (z.B. Amygdala) Werte aus dem unteren Richtwertebereich, also bei Gruppenstudien etwa 6 6 6
- “smoothing increases statistical power. The less one smoothes, the less likely it is to obtain significant results.”  
([https://en.wikibooks.org/wiki/SPM/Spatial\\_smoothing](https://en.wikibooks.org/wiki/SPM/Spatial_smoothing))



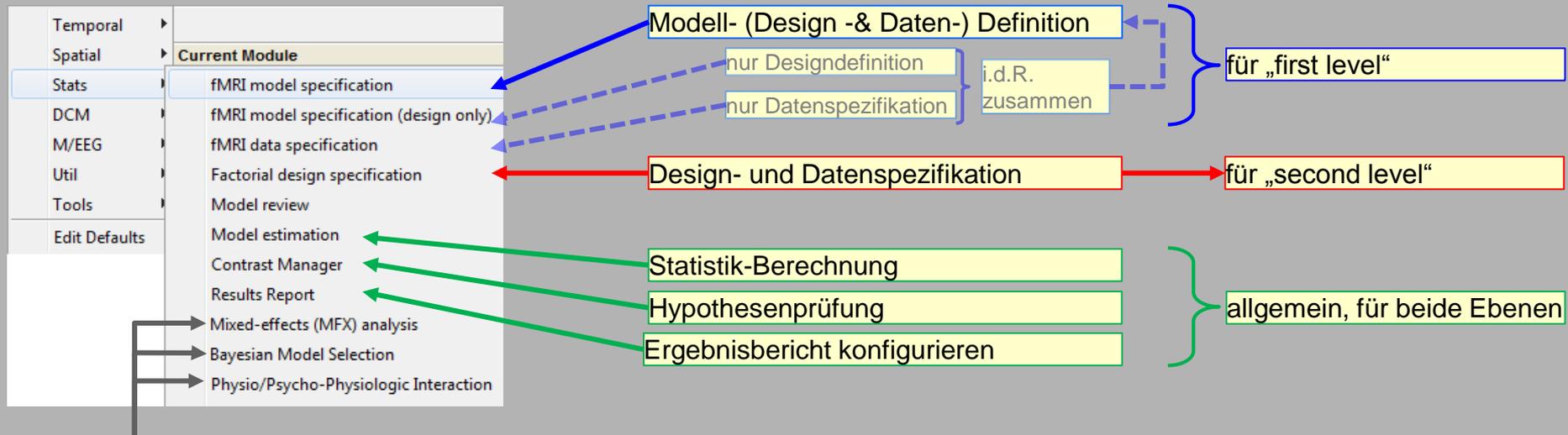
Miki et al 2008: Effects of spatial smoothing on fMRI group inferences, S. 494



## Analyse-Ebenen

- Ebene 1 (**first level**): Analyse **individueller Daten** (der Daten jeder einzelnen Versuchsperson)
- Ebene 2 (**second level**): **Gruppenanalysen**:
  - Analyse der Aktivierung innerhalb jeder Gruppe („**one sample t-test**“) = Wiederholung der Tests von der individuellen Ebene
  - Vergleich zweier Bedingungen in einer Gruppe (**paired t-test**)
  - Vergleich einer Bedingung zwischen 2 Gruppen („**two-sample t-test**“)
  - Vergleich mehrerer Bedingungen/mehrerer Gruppen („**full factorial**“ ...)

## Auswahl der SPM-Statistik- (Stats-) Module im Batcheditor:



## Schema für Batch-Module auf beiden Analyse-Ebenen

1. Design- und Datenspezifikation
2. Model Estimation (Berechnung)
3. Contrast Manager (ggf. auch separat über SPM-Menü)
4. Results Report (ggf. auch separat über SPM-Menü)



Model Specification = Designdefinition **und** Datenzuweisung; Ergebnis: Designmatrix

**Batch Stats - Model Specification:  
Blockdesign mit 2 Sitzungen**

Definition der experimentellen Bedingungen\* auf zweierlei Art:

- hier: Nutzung einer .mat-Datei, deren Namen unter „Multiple conditions“ eingegeben wird
- manuelle Einträge für jede Sitzung (umständlicher)

Help on: fMRI model specification	
Directory	<-X
Timing parameters	
. Units for design	Scans
. Interscan interval	2.5
. Microtime resolution	16
. Microtime onset	8
Data & Design	
Subject/Session	
.. Scans	<-X
.. Conditions	
.. Multiple conditions	<-X
Regressors	
.. Multiple regressors	
.. High-pass filter	128
Subject/Session	
.. Scans	<-X
.. Conditions	
.. Multiple conditions	<-X
Regressors	
.. Multiple regressors	
.. High-pass filter	128
Factorial design	
Basis Functions	
. Canonical HRF	
.. Model derivatives	No derivatives
Model Interactions (Volterra)	
.. Do not model Interactions	
Global normalisation	
.. None	
Masking threshold	0.8
Explicit mask	
Serial correlations	AR(1)

Ordner für die Ablage der Statistikdateien, z.B. Datei SPM.mat, vorher erstellen!

Einheit, in der das Design beschrieben ist: bei Blockdesign i.d.R. Scans

Interscan Interval = TR = Repetition Time (in sec) – siehe [Bilddatensichtung - Display](#)

Sitzungen/Probanden neu erstellen, duplizieren, löschen

Datenspezifikation: i.d.R. alle swuf- (bzw. swuaf-) Dateien der Sitzung

Conditions: ggf. manuell definieren [siehe separate Folie](#)

Multiple conditions: ggf. Filenamen angeben; [siehe separate Folie](#)

Multiple regressors: ggf. Realign-Parameterfile „rp...txt“ angeben (vgl. [Details zu Realign und Unwarp](#))

Sitzung 1

Sitzung 2  
nach gleichem  
Schema

explicit brain mask: leer lassen oder evtl. „C:\Programme\spm8\apriori\brainmask.nii“, um den Analyserraum explizit auf Gehirnraum zu beschränken



- **alle Bedingungen von einem separaten Mat-File\* einlesen („conditions“ entfällt!)**
- übrige Batchdetails wie vorher beschrieben
- Multiple-conditions-Datei erstellen:
  - 1) **matlab Editor öffnen**
    - 1) File - New - M-File, copy&paste onset-Spalte aus „timing.xls“ vom Stimulationsrechner
    - 2) oder Musterdatei (.m-File) öffnen und modifizieren (siehe rechts)
  - 2) **speichern als m-File\***
  - 3) **“Clear Workspace”** = leeren des entsprechenden Matlab-Teilfensters
  - 4) Variablen in Workspace übertragen:
    - RMT im Editor – **„Evaluate Current Section“**
  - 5) im Matlab-Workspace erscheinen die Variablen, im Command Window die Details (siehe Bilder unten)
  - 6) **select all** – alle Workspace-Variablen markieren (kl in workspace – Strg a)
  - 7) matlab-Menü: File - **Save workspace ... as - mat-file\***
- die **Mat-Datei\*** wird im Batchfile unter **multiple conditions** angegeben!

nach %-Zeichen folgt Kommentar = nur Hinweis für Benutzer (für Programm irrelevant), automatisch grüne Schrift

## Musterdatei

```
%HHPP K 3,4,11,12 P 2,
names=cell(1,4)
onsets=cell(1,4)
durations=cell(1,4)
names{1}='H_off'
onsets{1}=[
1
17
33
49
65
81
97
113
129
145
161
177
]
durations{1}=[8]
```

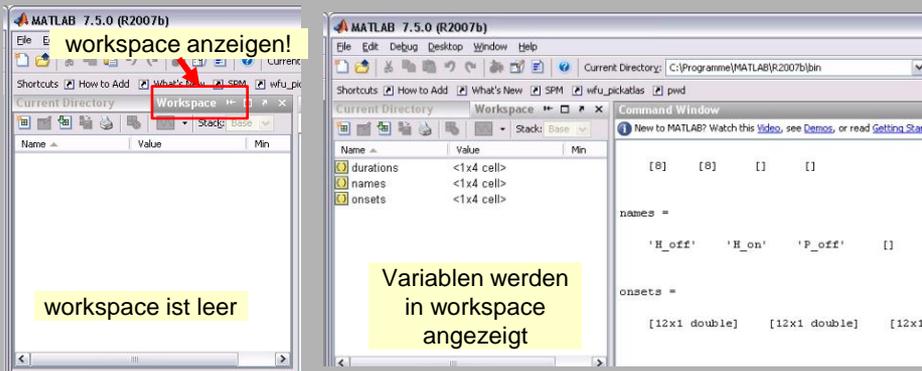
Definition von 3 Variablen:  
 „names“ (Namen)  
 „onsets“ (Start-Scans)  
 „durations“ (Dauern=Anzahl Scans)  
 für jede Variable gilt die Matrix (1,4) d.h. 4 Bedingungen; für jede Bedingung folgt anschließend eine Werteliste der 3 Variablen

Angaben für Bedingung {1}:  
 (Bedingungsnummer immer zwischen {})  
**Name** in einfachen Anführungszeichen („Hochkomma“, auf der Taste mit #)  
 Bedingung 1 heißt hier „H\_off“  
**Onsets-Liste** (Werte untereinander) und Dauer jeweils zwischen [ ]  
**Dauer** = Anzahl zu analysierender Scans = 8  
 von den im Batch für die Bearbeitung ausgewählten Scans werden jeweils 8 Scans ab dem 1., 17., 33. etc. der Bedingung „H\_off“ zugewiesen.

entsprechend werden die Angaben für die übrigen (hier insgesamt 3) Bedingungen konfiguriert

Unter Zuhilfenahme der Auto-Ausfüllfunktion können in XL die Onsets leicht ermittelt und mit copy/paste in die Multiple-Conditions-Datei übertragen werden!

bei gleicher Struktur für mehrere Probanden z.B. nur die Namen der Bedingungen ändern und unter neuem Namen speichern!



\* .m-File = „Scriptfile“ in ASCII-(ISO646-)Code, in Matlab-Editor bearbeitbar  
 .mat-File = Matlabfile, Programmcode, nicht im matlab-Editor bearbeitbar



**Batch Stats - Model Specification - conditions**  
 (statt „Multiple conditions“ aus separater Datei – siehe vorige Folie)

.. Conditions	
.. Condition	
.. Name	ON
.. Onsets	6x1 double
.. Durations	8
.. Time Modulation	No Time Modulation
.. Parametric Modulations	
.. Orthogonalise modulations	Yes
.. Condition	
.. Name	OFF
.. Onsets	6x1 double
.. Durations	8
.. Time Modulation	No Time Modulation
.. Parametric Modulations	
.. Orthogonalise modulations	Yes
.. Multiple conditions	
.. Regressors	
.. Multiple regressors	
Current Item: Onsets	
11	
31	
51	
71	
91	
111	

neue Bedingung oder vorhandene duplizieren oder löschen

erste Bedingung mit eingetragenen Variablen „Name“, „Onsets“, „Durations“

1. Bedingung: Name ON

1. Bedingung: Onsets 1 21 41 61 81 101 („6x1 double“)

1. Bedingung: Durations 8 (8 Scans)

zweite Bedingung mit eingetragenen Variablen „Name“, „Onsets“, „Durations“

2. Bedingung: Name OFF

2. Bedingung: Onsets 11 31 51 71 91 111 (markiert, daher im unteren Fenster gelistet)

2. Bedingung: Durations 8 (8 Scans)

- die Definitionsreihenfolge der Bedingungen ist beliebig (übersichtlicherweise freilich wie die tatsächliche Reihenfolge) –
  - essentiell ist nur, dass die jeder Bedingung zugeordneten Onsets stimmen!



- 4 Sitzungen mit je einer Reizkategorie A, B, C, D („Faktor“ mit 4 Ausprägungen = „Levels“)
- pro Sitzung 126 Scans, davon 6 dummies, also 120 gültige Scans
- TR = 2500 msec = 2.5 sec (ggf. nachschlagen, siehe [Dateninspektion](#))
- Blockdesign: 6 Blöcke à 20 Scans
- Blockanordnung (beginnend mit ON):
  - 10 Scans ON („Reiz“ A, B, C oder D)
  - 10 Scans OFF (Leerreiz)
- Designmatrizen für dieses Beispiel siehe nächste Folie, die beiden Darstellungen rechts
- „Onsets“ = Nummern der jeweils ersten Scans pro Block (nach Entfernung der dummy scans):
  - ON: 1 21 41 61 81 101
  - OFF: 11 31 51 71 91 111
  - diese Zahlen werden, getrennt durch Leerzeichen oder untereinander, als „Onsets“ bei der betreffenden Bedingung eingetragen, entweder in der Multiple conditions Datei oder manuell direkt im Batch
- 2 Gruppen (siehe Statistik Ebene 2-Analysen) G1 mit 13 und G2 mit 12 Probanden

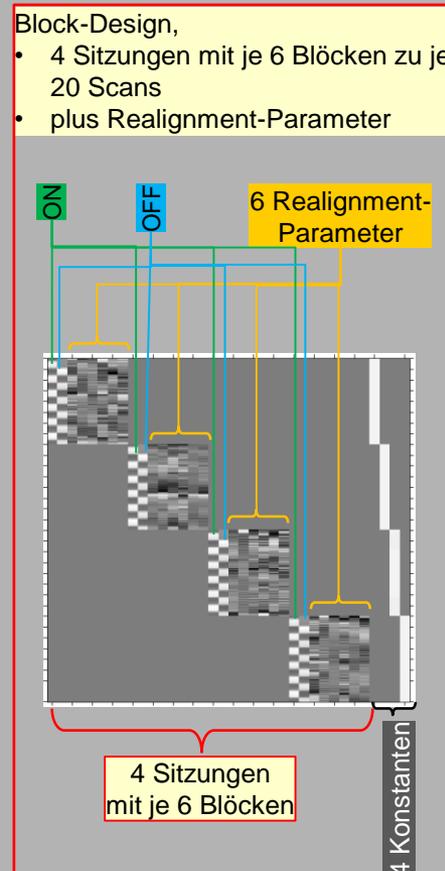
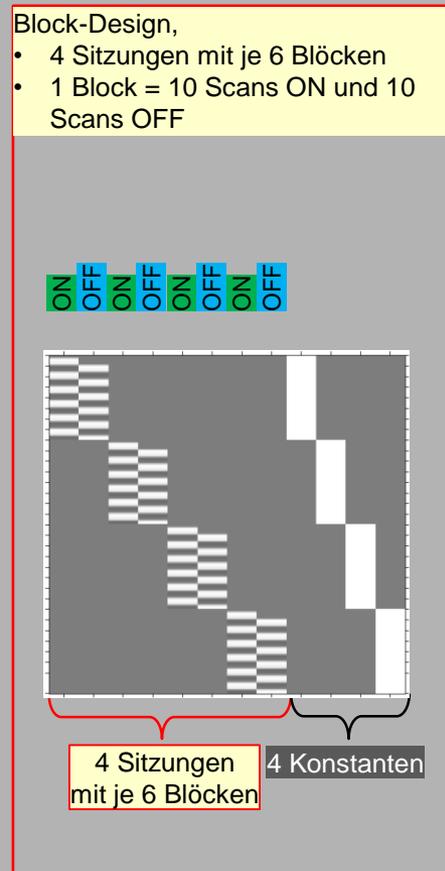
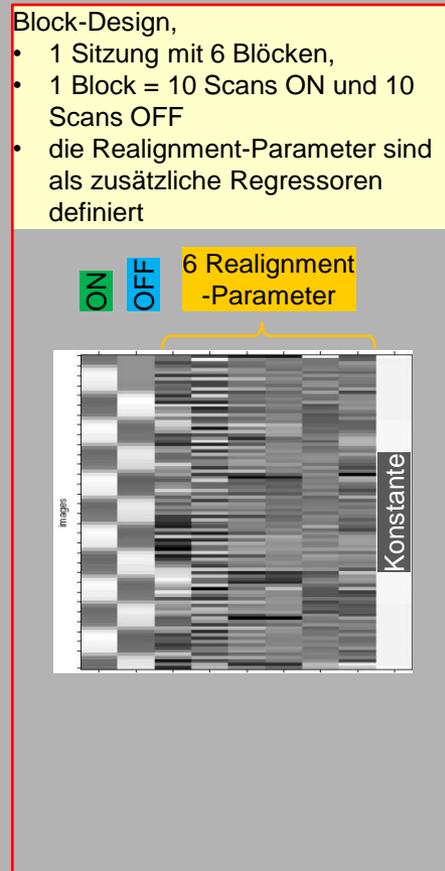
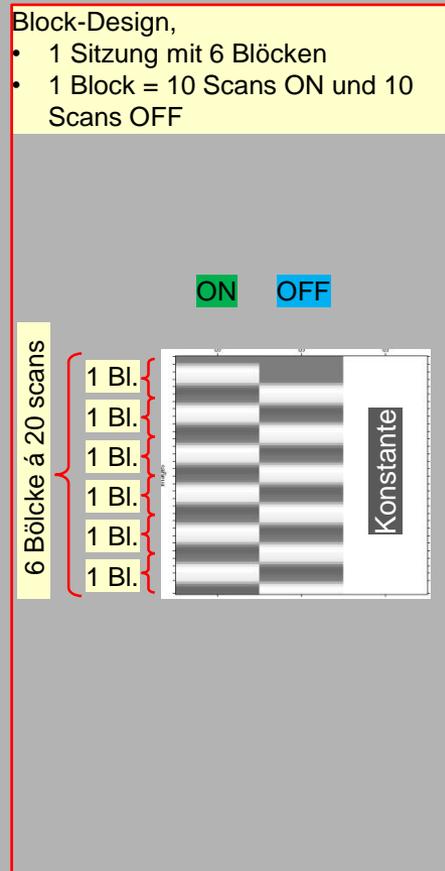


## die Designmatrix

- besteht aus je
  - einer Reihe (Zeile) pro Scan, die aber zu gedrängt sind, um sie einzeln zu erkennen
  - einer Spalte pro experimenteller Bedingung (Effekt, unabhängige Variable, Regressor, Reizfunktion) plus 1 Konstantenspalte pro Sitzung
- wird während der Modellspezifikationsverarbeitung im

## Grafikfenster eingblendet

- kann jederzeit über die Schaltfläche „Review“ im SPM-Menü (oder per Batch „Model review“) aufgerufen werden
  - Angabe der SPM.mat-Datei, dann Strg-d oder im rechten unteren Fenster im Menü Design „Designmatrix“ wählen
- ist oft schwer lesbar beschriftet (nicht jede Spalte/Zeile beschriftet; verwirrende Tiefstellung:  $A_{ON} = A_{ON}$ )





- SPM.mat
  - in der Modellspezifikation wird eine Datei „SPM.mat“ erzeugt, die in den weiteren Prozeduren jeweils wieder eingelesen, modifiziert und erneut gespeichert wird
  - der Dateiname darf nicht geändert werden – sonst wird die Datei nicht mehr eingelesen
- Model Estimation = Parameterschätzung
  - diese Prozedur hat für **beide Statistik-Ebenen dieselbe Konfiguration**
  - die Parameter werden auf denselben Ordner geschrieben, auf dem die (während der Prozedur veränderte) SPM.mat Datei liegt

### Batch mit Details für Model Estimation

Help on: Model estimation  
 Select SPM.mat ... **specification: SPM.mat File**  
 Method  
 Classical

Datei SPM.mat kann ggf. mittels Dependency ausgewählt werden: Output der Prozedur „Model Specification“ bei Spezifikation über „Select File“ den Ordner ansteuern, der in der Modellspezifikation als Directory angegeben wurde

**Model Estimation nach Designspezifikation nicht vergessen**



- s.a. [Contrast Manager-Fenster](#) für Nicht-Batch-Modus
- Signifikanztestung der Basisaktivierung (ON-Bedingung)
- Kontrastvektor: Matrix der Kontrastgewichte (KG)
  - t-test-Kontrastgewichte:
    - Zeile mit je 1 Zahl für jede Spalte der Designmatrix
    - also bei 2 Bedingungen ON und OFF 2 Zahlen, dazwischen Leerzeichen
    - Gewichts-Zahlen:
      - 1 = „Aktivierung“
      - -1 = „De- bzw. keine Aktivierung“ bzw. wohldefinierte Baseline
      - 0 = indifferent (Baseline unspezifisch)
    - für die im betreffenden Kontrast nicht berücksichtigten Bedingungen jeweils 0 (wobei Nullen nach dem eigentlichen Kontrast weg gelassen werden können)
- Standard- t-Test
  - „ON versus OFF“ (wenn OFF eine wohldefinierte Baseline repräsentiert, z.B. Kontroll-Luft ohne Duft)
    - **Kontrastvektor:**
      - wenn ON zuerst definiert: **1 -1**
      - wenn OFF zuerst definiert: **-1 1**
    - **Eingabe der Zahlen durch Leerzeichen getrennt, Anzeige erfolgt dann als Matrix [-1 1]**
  - Alternative mit willkürlicher „Baseline“:
    - Kontrastvektor: wenn ON zuerst definiert 1 0 oder, wenn OFF zuerst definiert 0 1
- **die Reihenfolge der Kontrastgewichte muss derjenigen der Bedingungen in der Designspezifikation entsprechen!**
- die Kontraste werden automatisch 4-stellig nummeriert; die Nummern und ihre zugeordneten Kontrastnamen werden im Kontrastmanager angezeigt.

#### Batch mit Details für conman (contrast manager)

Help on: Contrast Manager

Select SPM.mat

**Contrast Sessions**

T-contrast

Name

T contrast vector

Replicate over sessions

Delete existing contrasts

Datei SPM.mat: Dependency: aus Model Estimation oder über „Select File“: im Ordner, der in der Modellspezifikation als Directory angegeben wurde

Kontraste erstellen, duplizieren, löschen

Name des Kontrasts

Kontrastvektor: **Eingabe hier 1 -1** (ON als erste, OFF als zweite Bedingung definiert; zwischen den Zahlen Leerzeichen); **Anzeige** in Matrixschreibweise

• wenn mehrere identisch konfigurierte Sitzungen im Modell definiert sind:

- „Both“ = „
  - create per session“ (Kontrast für jede Sitzung erstellen) und
  - „Replicate“ (Kontrast über alle Sitzungen gemeinsam erstellen)

• wenn nur 1 oder verschieden konfigurierte Sitzungen: „**Don't replicate**“

Option, **alle** in dem betreffenden Ordner schon vorhandenen Kontraste zu löschen

diese **nur** im **Batchmodus** verfügbare Option ist die **einzige** Möglichkeit, Kontraste „aufzuräumen“ (fehlerhafte, überflüssige Kontraste zu löschen;) bei manuellem Löschen von Kontrastdateien bleiben Einträge im Kontrastmanager bestehen (Verwirrung!) Also bei Bedarf im Batchmodus alle erwünschten Kontraste neu definieren und die Löschoption aktivieren!



- SPM12 liefert als output der Statistik nii-Kontrast-Dateien
  - deren Namen mit der Silbe **con\_** beginnen
  - die gemäß der Erstellung der Kontraste **chronologisch 4-stellig nummeriert** sind
  - die Endung **.nii** haben
- die con-Dateien bilden die Grundlage für die Gruppenstatistik: sie werden als „Scans“ in die Gruppenstatistik eingelesen
- wichtig zu dokumentieren: welche Nummern repräsentieren welche Kontraste?
  - bei der Erstellung der Kontraste muss der Benutzer Namen definieren – die werden aber dann nicht generell angezeigt
  - die Nummern werden automatisch vergeben
  - insbesondere ist es sinnvoll, über die Personen hinweg identische Kontrastnummern anzustreben!
- con...-Dateien dürfen umbenannt werden: evtl. mit Personen-/Bedingungskennung versehen und in separatem Ordner sammeln
- Kontraste können nur „sauber“ **gelöscht** werden, wenn im Batchmodus als letzte Option im Contrast Manager-Modul „delete all existing contrasts – yes“ gewählt wird; bei manuellem Löschen bleiben SPM-intern noch Informationen bestehen, die zu Verwirrung führen!

- SPM8 erzeugte pro Kontrast verschiedene Dateien:
  - **con\_xxxx.img** (xxxx = automatisch zugewiesene Nummer)
  - **con\_xxxx.hdr**
- bei der Verwaltung der con-Dateien musste auf die **paarweise** Verwaltung der **img-** und der **hdr-**Dateien geachtet werden!



- s.a. [Resultate](#) für Nicht-Batch-Modus

### Batch mit Details für Results Report

Current Module: Results Report

Help on: Results Report

Select SPM.mat <-X

Contrasts

. Contrast query

.. Contrast(s) 1

.. Threshold type none

.. Threshold 0.001

.. Extent (voxels) 0

.. Conjunction number 1

.. Masking

... None

Data type Volumetric (2D/3D)

Export results

. PostScript (PS)

Datei SPM.mat: Dependency: aus Contrast Manager oder über „Select File“

Resultat zu welchem Kontrast? (contrast query = Kontrastabfrage) erstellen, duplizieren, löschen

Kontrast, zu dem das Resultat gewünscht wird: Nummer des Kontrasts eingeben (die Nummern werden automatisch in der Reihenfolge der Kontrastdefinitionen erzeugt!) – Achtung: Kontrastnummern ohne Anführungszeichen!

Korrekturmodus (s.a. [Fehlerwahrscheinlichkeit](#)): none = unkorrigiert

Signifikanzschwelle p

Schwelle für Cluster\*größe; minimale Anzahl von Voxeln pro Cluster: für erste Ergebnissichtung 0, sonst z.B. Vielfaches von „expected voxels per cluster“ (siehe [Results Table](#))

\* Cluster = Bündel, Gruppe, Ansammlung – hier: Gruppe nahe beieinander liegender Voxel



- Ebene 2 (second level): **Gruppenanalysen**
- Batchmodule:
  1. **factorial design specification**: Designwahl s.u.
    - Spezifikationen für einzelne Designs: siehe folgende Folien
  2. **Model Estimation** (SPM.mat Dependency = Output aus Factorial Design Specification)
  3. **Contrast Manager** (SPM.mat Dependency = Output aus Model Estimation)
  4. evtl. **Results Report**

**Batch mit Details für Factorial design specification**

<div style="border: 1px solid black; padding: 5px;">                 Help on: Factorial design specification                  Directory &lt;-X  <b>Design</b>                  One-sample t-test                  Scans &lt;-X                  Covariates                  Masking                  Threshold masking                  None                  Implicit Mask Yes                  Explicit Mask                  Global calculation                  Omit                  Global normalisation                  Overall grand mean scaling                  No                  Normalisation None  <hr/>                 Current Item: Design                  *One-sample t-test                  Two-sample t-test                  Paired t-test                  Multiple regression                  One-way ANOVA                  One-way ANOVA - within subject                  Full factorial                  Flexible factorial             </div>	<p>Ordner für Ablage von SPM.mat und aller Output-Dateien der Analyse (für jede Analyse wird ein separater Ordner angelegt)</p> <p>hier sind mit „Scans“ die Kontrastbilder (<b>con....nii</b>) aus den Individualanalysen gemeint (<a href="#">s.d.</a>!)   <span style="background-color: #e0ffe0; padding: 2px;">con..nii-Dateien dürfen umbenannt werden (evtl. mit Personen-/Bedingungskennung versehen und in separatem Ordner sammeln)</span></p> <p>i.d.R. keine Änderungen erforderlich: diese Optionen werden in den folgenden Batchbeispielen ausgeblendet</p> <p>Untersuchung der Aktivierung der ON-Bedingung innerhalb einer Gruppe (separat für jede Gruppe und jede experimentelle Bedingung anhand der Basis-Kontraste ON vs. OFF)</p> <p>Vergleich von 2 Gruppen hinsichtlich einer Bedingung (z.B. Patienten-Gesunde)</p> <p>Vergleich zweier Bedingungen innerhalb einer Gruppe (z.B. vorher-nachher)</p> <p>Analyse der Aktivität in Abhängigkeit von Messwerten einer Variable (z.B. Alter)</p> <p>Vergleich mehrerer Gruppen (nur 1 Bedingung)</p> <p>Vergleich mehrerer Bedingungen innerhalb einer Gruppe</p> <p>multiple Vergleiche zwischen mehreren Bedingungen und mehreren Gruppen</p>
---	--



**Batch mit Details für One-sample t-test**

- Testung der ON-Aktivierung innerhalb Gruppe G1 für eine experimentelle Bedingung (z.B. Reiz A)
- **Kontrastvektor besteht nur aus der Zahl 1**

Design	
One-sample t-test	
Scans	13 files

alle con...-Dateien mit derselben Kontrastnummer für alle Personen der Gruppe (hier 13 Probanden, also 13 files)

**Batch mit Details für Two-sample t-test**

Vergleich zweier Gruppen bezgl. einer Bedingung (z.B. Reiz A)

con-Dateien einer Bedingung (selbe Kontrastnr.) der Personen der **einen** Gruppe

Design	
Two-sample t-test	
Group 1 scans	13 files
Group 2 scans	12 files
Independence	Yes
Variance	Unequal
Grand mean scaling	No
ANCOVA	No

con-Dateien derselben Bedingung in der **anderen** Gruppe

**Batch mit Details für Paired t-test**

Vergleich zweier Bedingungen innerhalb Gruppe G1 (z.B. Reiz A versus Reiz B)

Design	
Paired t-test	
Pairs	
Pair	
Scans [1,2]	2 files
Pair	
Scans [1,2]	2 files
Pair	
Scans [1,2]	2 files
Pair	
Scans [1,2]	2 files
Grand mean scaling	No
ANCOVA	No

Paare neu erstellen, löschen, duplizieren

1 Paar con-Dateien: je 1 Datei pro Bedingung

je ein Paar pro Person, 13 Paare insgesamt (es fehlen noch 9)

Covariates	
Masking	
Threshold masking	None
Implicit Mask	Yes
Explicit Mask	
Global calculation	Omit
Global normalisation	
Overall grand mean scaling	No
Normalisation	None

i.d.R. gleich bleibend, ausgeblendet

nach der Designspezifikation nicht vergessen:

- **Model Estimation**
- evtl. Contrast Manager
- ggf. Results Report



- 2 experimentelle Faktoren:
  - Reizkategorie mit 3 Ausprägungen = „Levels“, z. B. 3 verschiedene Düfte
  - Reizintensität mit 2 „Levels“, z. B. schwach und stark
- das ergibt eine („Kreuz“-) Tabelle (contingency table) mit
  - 3 Zeilen (Reizkategorien) und 2 Spalten (Intensitäten)
  - 3 mal 2 = 6 Zellen
- die Zellen der Kreuztabelle enthalten Vektoren, deren Länge der Anzahl der Faktoren entspricht (hier 2)
- die Zahlen der Vektoren werden entweder untereinander oder durch Leerzeichen getrennt eingegeben
- die Ausprägungen der Faktoren werden jeweils in gleicher Reihenfolge gelistet:
  - 1. Zahl: Ausprägung Faktor 1
  - 2. Zahl: Ausprägung Faktor 2
  - usw.
- unten eine andere Darstellung der Tabelle mit fortlaufenden Zellnummern
- Beispiel: Zelle 5 mit dem Vektor [3 1] repräsentiert Ausprägung 3 des ersten und Ausprägung 1 des zweiten Faktors

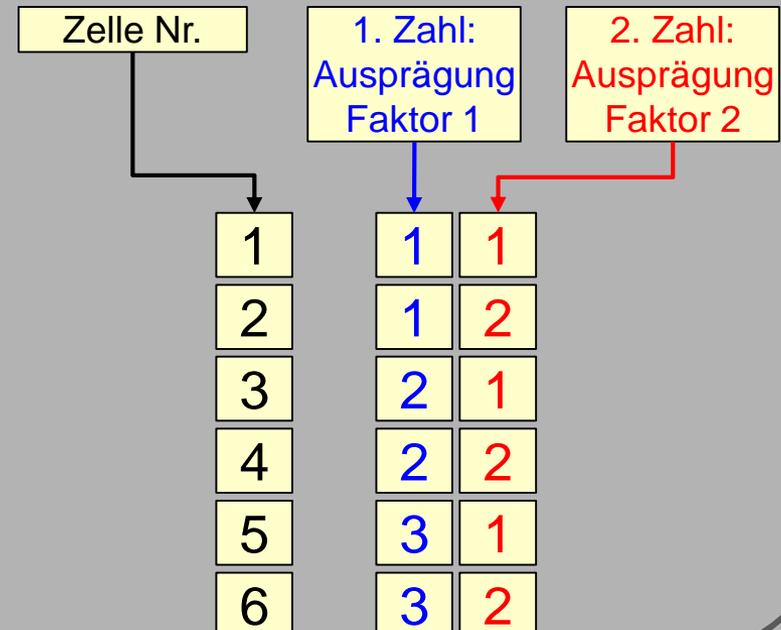
Darstellung in (Kreuz-) Tabelle

2 Spalten = Faktor 2

3 Zeilen = Faktor 1

[11]	[12]
[21]	[22]
[31]	[32]

Darstellung in fortlaufenden Zellen-Nummern





Batch mit Details für full factorial design: multiple Vergleiche von Bedingungen und Gruppen

Design  
Full factorial

**Factors**

Factor  
Name  
Levels  
Independence  
Variance  
Grand mean scaling  
ANCOVA

Factor  
Name  
Levels  
Independence  
Variance  
Grand mean scaling  
ANCOVA

**Specify cells**

Cell  
Levels  
Scans

Cell  
Levels  
Scans

- Faktoren erstellen, löschen, duplizieren
- Faktor 1: Name
- Faktor 1: Anzahl Levels
- Faktor 2: Name
- Faktor 2: Anzahl Levels
- Zellen der Kreuztabelle (siehe [vorige Folie](#)) erstellen, löschen, duplizieren
- Zelle 1: Levelnummern des ersten und zweiten Faktors
- Zelle 1: betreffende con-Dateien
- Zelle 2: Levelnummern des ersten und zweiten Faktors (1 2)
- Zelle 2: betreffende con-Dateien
- alle Zellen der Kreuztabelle konfigurieren  
(Levelangaben in den 6 Zellen des Beispiels: 1 1 1 2 2 1 2 2 3 1 3 2)

Covariates  
Masking  
Threshold masking  
Implicit Mask  
Explicit Mask  
Global calculation  
Omit  
Global normalisation  
Overall grand mean scaling  
Normalisation

None  
None  
Yes  
None  
No  
None

i.d.R.  
gleich bleibend,  
ausgeblendet

- nach der Designspezifikation nicht vergessen:
- **Model Estimation (essentiell)**
  - evtl. Contrast Manager
  - evtl. Results Report

- die Anzahl der „Scans“ (con-Dateien) muss nicht in allen Zellen identisch sein!
- SPM erzeugt bei faktoriellen Designs automatisch eine Reihe von F- und t-Kontrasten – die ggf. per Batch vom Benutzer erzeugten haben die darauf folgenden Nummern! (Achtung bei Results Report, wo die Kontrastnummern angegeben werden müssen)



- zusätzliche Variablen (Alter, Geschlecht, Riechtestergebnisse, Persönlichkeitsmerkmale ...), die evtl. einen Einfluss auf die abhängigen Variablen haben, können unter „covariates“ bzw. „multiple covariates“ definiert werden.
- covariates
  - werden direkt im Batch definiert
    - new covariate
    - vector: Werte für alle Pbdn in der Reihenfolge wie weiter oben verwendet eingeben (für Geschlecht Zahlen verwenden)
    - name: Name der Variable
    - Interactions: mit welchem Faktor eine Interaktion erwartet wird (none, With Factor 1, With Factor 2...)
- multiple covariates
  - werden aus Datei eingelesen (txt oder mat)
  - die Datei enthält die Werte wie oben beschrieben (Interaktionsangaben?)



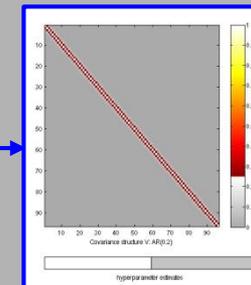
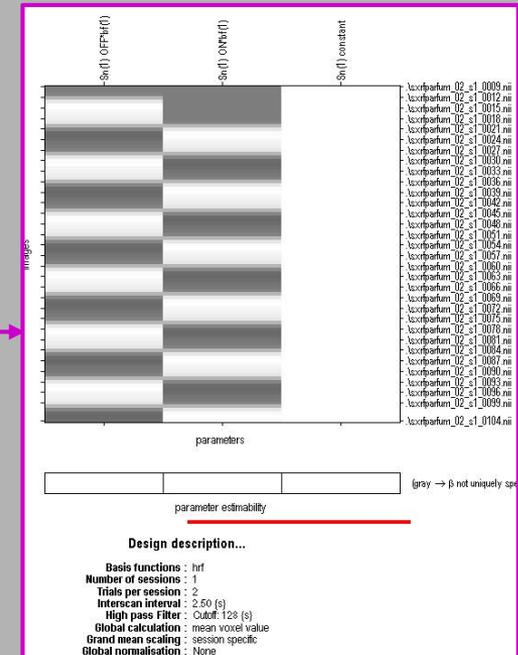
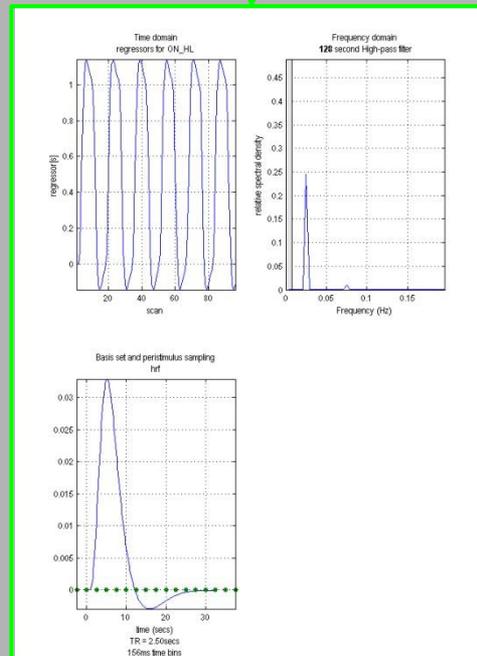
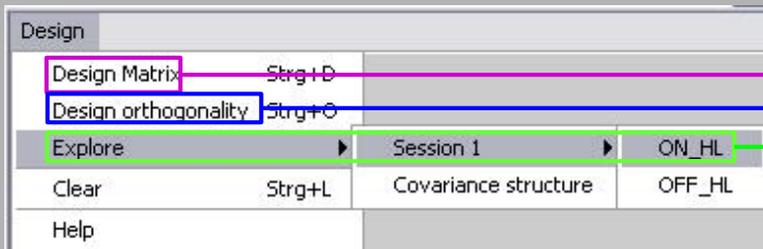
- das Batch-Modul „Results Report“ erlaubt die schematische Erstellung von Resultaten - siehe [Results Report \(Batch\)](#)
- abschließend: „**manuelle**“ detaillierte Sichtung und Dokumentation der Resultate per SPM-Menü
- Übersicht Design-Einheiten: Schaltfläche **Review** des SPM-Menüs
- Ergebnisse: Schaltfläche **Results** des SPM-Menüs:
  - Auswahl der betreffenden SPM.mat-Datei
  - Kontrastmanager (separates Fenster): Test von Effekten
    - [Neudefinition von Kontrasten](#)
    - [Auswahl aus bestehenden Kontrasten](#)
  - [Maskierung von Kontrasten](#)
  - [Signifikanzniveau p und Mindest-Clusterumfang](#)
  - [Resultate - Anzeigeoptionen](#)
    - [automatische Darstellung: „Glass Brain“](#)
    - [Results Table - Aufbau](#)
    - [Results Table - Details](#)
    - [Darstellung der Resultate in MRT-Bildern](#)
    - [plot - optionale weitere Grafiken](#)
    - [„Small Volume Correction“ – „ROI = Region of Interest Analyse“](#)
    - [ROI-Analyse und Hirnregionen zuordnen mit wfu pickatlas](#)
    - [Hirnregionen zuordnen mit AAL \(Automated Anatomical Labeling\)](#)
    - [Hirnregionen zuordnen mit AAL – XL-Tabelle](#)





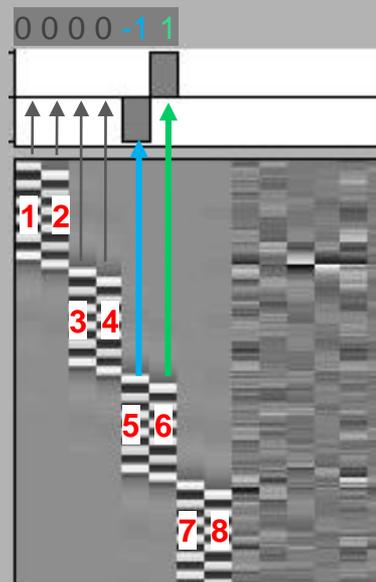
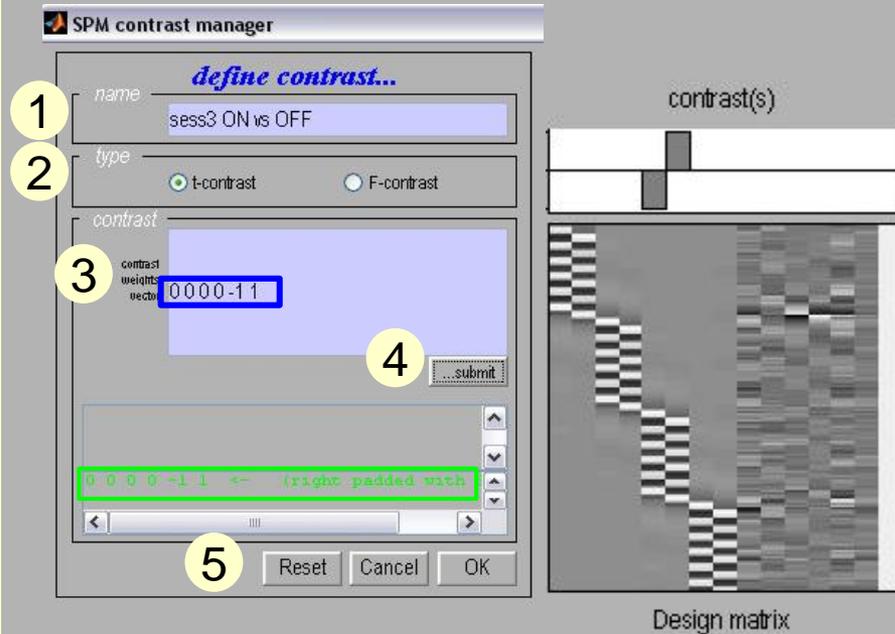
- SPM-Menü – Review
- Abfrage betreffende SPM.mat-Datei

- weiter im unteren linken Fenster
- verschiedene Optionen





- Um einen Effekt zu testen, wird ein Kontrast zwischen den betreffenden Bedingungen definiert.
- define new contrast**
  - Namen für den Kontrast eingeben
  - Standard-Typ ist t-Kontrast: Vergleich zweier Bedingungen
  - Kontrastvektor eingeben:
    - Zeile mit je 1 Ziffer (Null, 1 oder -1) für jede Spalte der Designmatrix:
      - Null: Spalte nicht relevant
      - 1: positives Gewicht
      - 1: negatives Gewicht
    - zwischen den Zahlen Leerzeichen
    - Nullen am Ende der Kontrastzeile können weggelassen werden (werden automatisch ergänzt: Anzeige „right padded with zeros“)
  - „Submit“:
    - wenn Kontrast formal korrekt: Anzeige des Vektors grün und Balkengrafik oberhalb der Designmatrix
    - sonst Fehlermeldung rot
  - weiter mit
    - Reset: Definition zurück setzen
    - Cancel: zurück zur Kontrastauswahl
    - OK: Kontrastdefinition abschließen



### Beispiel

- Kontrast für den Effekt „ON versus OFF“ in der 3. Sitzung, d.h., ob (pro Voxel!) in der ON-Bedingung dieser Sitzung ein Effekt („Aktivierung“) vorhanden ist im Vergleich zur OFF-Bedingung
- je 2 Spalten repräsentieren 1 Sitzung
- ungerade Spalten = „OFF“, gerade Spalten = „ON“
- Spalten 1-4 (Sitzungen 1 und 2) sind für diesen Kontrast irrelevant: 4 Nullen
- Spalte 5: Sitzung 3, „OFF“: -1
- Spalte 6: Sitzung 3, „ON“: 1
- alle weiteren Spalten: Nullen, entfallen

As a general rule of thumb, for each question to your data you should try hard to only bring one contrast per subject to the group level. If this is not possible, still try to keep your 2nd-level models as simple as possible. (Volkmar Glauche, <https://www.jiscmail.ac.uk/cgi-bin/webadmin?A2=ind1806&L=SPM&P=R40783&1=SPM&9=A&J=on&X=1A50B066767A247001&d=No+Match%3BMatch%3BMatches&z=4>)



- SPM-Menü – **Results**
- Abfrage betreffende **SPM.mat-Datei**
- **neues Fenster: SPM Contrast Manager**
- Auswahl bereits definierter Kontraste\*: Select

Nr. des markierten Kontrasts  
(Schrift um 90° gedreht)

Veranschaulichung des markierten Kontrasts  
(Nr.2)  
ON = 1 (Balken nach oben)  
OFF = -1 (Balken nach unten)

man beachte, dass in diesem Fall „ON“ die erste Bedingung (Spalte) ist und „OFF“ die zweite!

markiert = gewählt, hier Nummer 2, wie auch rechts angezeigt\*\*

Auswahl bestätigen Fenster schließen

Auswahl zurück setzen

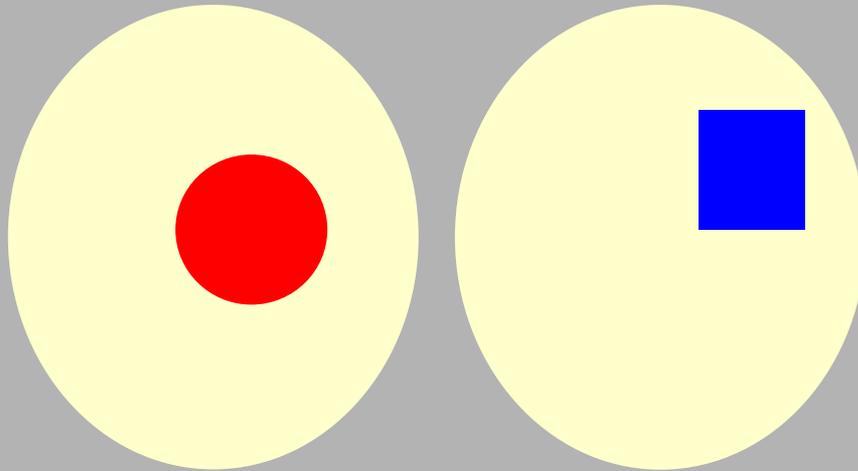
\* F-Kontraste werden bei faktorieller Designspezifikation automatisch erstellt; sie geben allgemein Auskunft über Effekte; z. B.: „ist der Effekt des Faktors ‚Reiz‘ signifikant“ – ohne einzelne Reizbedingungen gegeneinander zu kontrastieren. Die automatisch erstellten F-Kontraste sind nicht immer leicht zu interpretieren bzw. nicht immer relevant.

\*\* Zuordnung von Kontrastnummern und -namen nur im Kontrastmanager! Im Results-Grafikfenster wird nur die Nummer angezeigt, im Menü „Contrasts“ – Change Contrast im linken unteren Fenster sind nur die Namen zur Auswahl gelistet (bei einer größeren Anzahl von Kontrasten etwas unübersichtlich/verwirrend)



- SPM-Results-Fenster (links unten) - interaktiv
- vom Ausgangsbild (signifikante Voxel eines Kontrasts je nach Signifikanzniveau) können Anteile verdeckt (maskiert, ausgeblendet) werden
- es handelt sich um eine rein darstellende Funktion ohne zusätzliche statistische Analyse!
- apply masking (verschiedene Maskierungsoptionen):
  - none: default
  - contrast: anderes Ergebnis
- image: beliebiges nii-Bild, z.B. WFU-Maske ([s.d.](#))
- atlas: Maskenauswahl aus einem Atlas
  - TPM.nii: SPM stürzt ab!
  - labels\_Neuromorphometrics.nii,1: Auswahl aus einer Liste mit Regionen (mehrere Regionen: Strg gedrückt halten) – bei inklusiver Maskierung wird noch ROI-Analyse angeboten ([s.d.](#))

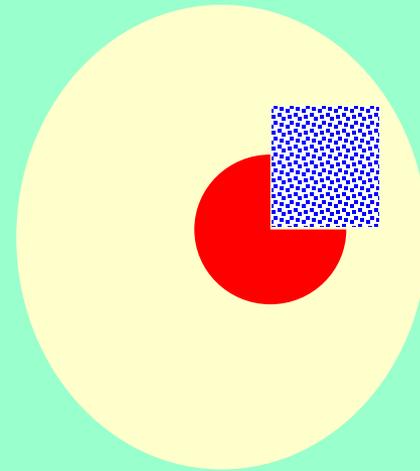
2 Komponenten:



**Ausgangsbild:** ein bestimmtes Resultat, wovon ein Teil verdeckt (maskiert, ausgeblendet) werden kann

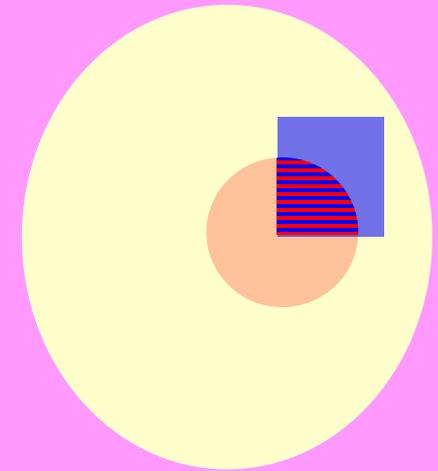
**Maske:** zum Ausblenden (Maskieren, Verdecken) unerwünschter Voxel

Maskierung „exklusiv“



sichtbar = rote Fläche  
 = Ausgangsbild minus Maske (**Differenzmenge**),  
 ausgeblendet = Maske (punktiert)  
 z. B., um Aktivierung im Ventrikel zu maskieren (auszublenden)  
 d.h. Maske = Ventrikel

Maskierung „inklusive“



sichtbar = schraffierte Fläche  
 = **Schnittmenge**;  
 ausgeblendet = restliches Ausgangsbild (orange)  
 z. B., um nur Aktivierung in einem bestimmten Areal darzustellen  
 d.h. Maske = Zielareal (ROI)



## significance level - „Signifikanzniveau“

- = Irrtumswahrscheinlichkeit; Fehlerwahrscheinlichkeit
- = Wahrscheinlichkeit des „Fehlers erster Art“ („Alpha-Fehler“)
- = Wahrscheinlichkeit, eine wahre Nullhypothese (es liegt kein Effekt vor; es gibt keinen Unterschied zwischen den getesteten Bedingungen) zurück zu weisen
- = Wahrscheinlichkeit falsch positiver Entscheidung (einen Effekt anzunehmen, obwohl in Wahrheit keiner da ist)
- angegeben als  $\alpha$  (alpha) oder p-Wert, z.B. 0.005 oder 0.001

$\alpha$	jedes wievielte Voxel falsch positiv	falsch positive bei 150000 Voxeln
0.05	Zwanzigste	7500
0.01	hundertste	1500
0.001	tausendste	150

## Signifikanz-Korrektur:

Bei multiplen Tests (also z. B. bei Testung Tausender einzelner Voxel) ist die Gefahr zufällig positiver falscher Ergebnisse kritisch (siehe Tabelle), so dass für diese Fälle Korrekturen entwickelt wurden:

- **FWER (FamilyWise Error Rate)**
  - FWE-Kontrolle ist ein Beispiel für so genannte „Bonferroni-Korrektur“
  - SPM12-Manual, S.236: “A Family Wise Error (FWE) is a false positive anywhere in the SPM. Now, imagine repeating your experiment many times and producing SPMs. The proportion of SPMs containing FWEs is the FWE rate (FWER). A value of 0.05 implies that on average 1 in 20 SPMs contains one or more false positives somewhere in the image.”
  - bei einem p von 0.05 enthält eine von 20 wiederholten SPMs Fehler (jedes 20. SPM-Ergebnis (komplette Map=Gehirnkarte) ist fehlerbehaftet bzw. enthält beliebig viele Fehler (nicht jedes 20. Voxel innerhalb einer Map).
- **FDR- (False Discovery Rate)** im SPM-Manual nicht erklärt
- [http://www.statisticshowto.com/false-discovery-rate:](http://www.statisticshowto.com/false-discovery-rate)
- The false discovery rate (FDR) is the expected proportion of type I errors
- The FDR approach is used as an alternative to the Bonferroni correction and controls for a low proportion of false positives, instead of guarding against making *any* false positive conclusion at all. The result is usually increased statistical power and fewer type I errors.

## p value adjustment to control

Falls nach Korrektur keine signifikanten Voxel übrig bleiben (bei chemoseneorischen fMRI nicht ungewöhnlich), kann “none” (also unkorrigierte Fehlerwahrscheinlichkeit:  $p_{unc}$ ) gewählt werden, wenn  $p < 0.001$  gewählt wird

**threshold:** gewünschten p-Wert eintippen (ggf. vorgeschlagenen Wert ändern). Empfehlung für  $p_{unc}$ : 0.001

**extent threshold** (voxels):

Cluster (= Haufen, Gruppe); wieviele Voxel soll ein „signifikantes“ Cluster mindestens umfassen?

minimalen Clusterumfang (Voxelzahl) eintippen

im ersten Durchgang 0 Voxel stehen lassen, um einen Überblick zu erhalten: jedes einzelne (signifikante) Voxel wird angezeigt

für endgültiges Ergebnis evtl. ein Vielfaches der „expected number of voxels per cluster“ aus der Ergebnistabelle (siehe [Results Table](#)) verwenden: nur diejenigen (signifikanten) Voxel werden angezeigt, die Cluster der gewählten Mindestgröße bilden



im Grafikenfenster oben eingeblendetes Ergebnis zeigt „MIP“ (maximum intensity projection) = Hirnschnittschema in den 3 Ansichten sagittal, frontal und axial, mit den in eine Ebene projizierten signifikanten Voxeln („glass brain“, als blickte man durch Glas) und die Designmatrix

rotes Pfeilsymbol (Cursorposition)  
RMT: Menü Cursorsteuerung  
LMT: drag and drop

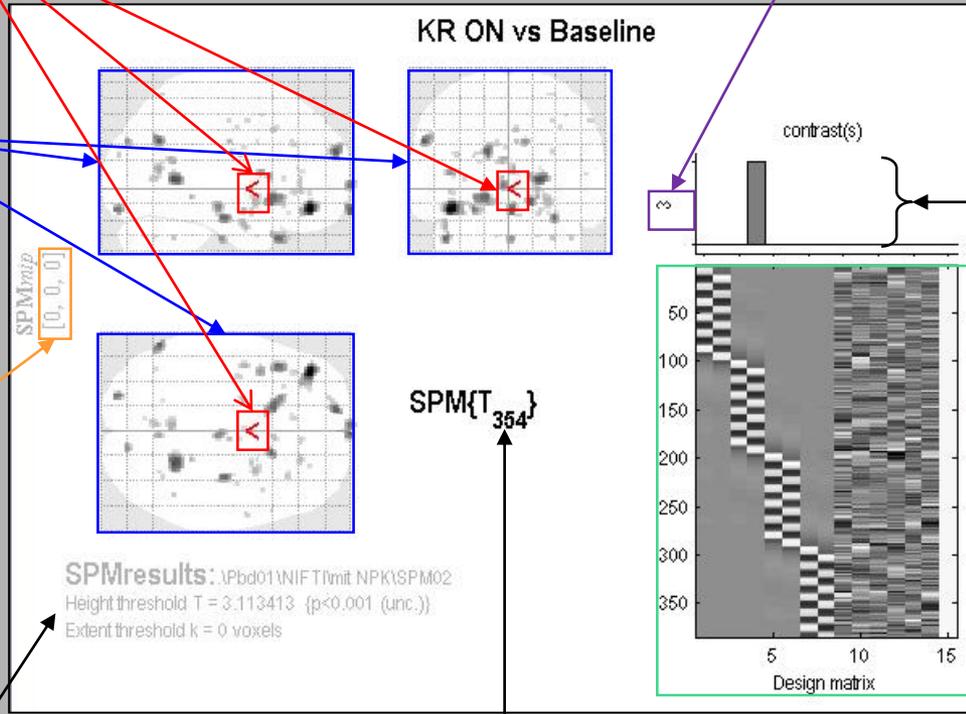
- goto nearest suprathreshold voxel
- goto nearest local maximum
- goto global maximum
- save MIP as...
- Extract data

Titel, wie eingegeben

Kontrastnummer ist 3 (con\_0003)

„Glasgehirn“  
„glass brain“  
• jeweils alle Voxel (wie durch Glas) sichtbar  
• die 3 Ansichten in anderer Anordnung als bei „Display“

Cursor-  
= Fadenkreuz-  
= „cross hairs“-  
koordinaten



Kontrastgewicht 1

Designmatrix

Legende enthält:  
1. Resultate-Ordner  
2. Schwelle für T-Wert und p, hier „unc“ = unkorrigiert  
3. Schwelle für Clusterumfang: hier 0 voxels

Kontrast-Typ (T) und Anzahl der Freiheitsgrade (FG; degrees of freedom = df) „Normally, the degrees of freedom in a general linear model are calculated as the number of observations minus the number of regressors in the model.“ (spm12\_startersguide by Erno Hermans.pdf)



## 1. MRT-Darstellung

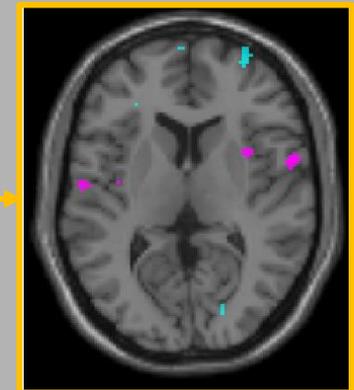
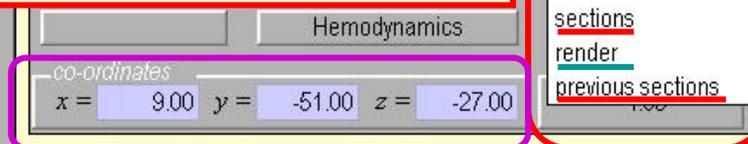
- im linken unteren SPM-Fenster, Feld „Display“, Menü „**overlays**“ (s.u.)
  - **sections**: Nutzung aller Schichten
    - individuell: coregistrierter struktureller Datensatz
    - wenn Daten normalisiert wurden: z.B. normalisierter Muster-Datensatz:
      - SPM-Programmordner - Unterverzeichnis „canonical“, z.B. **avg305T1.nii** oder **single\_subject\_T1.nii**
  - **previous sections**: Wiederaufruf zuletzt (innerhalb der aktuellen SPM-Sitzung) benutzter Bilder
- **Fadenkreuzposition**
  - **Anzeige**
    - im linken unteren Fenster, x-, y-, z-Kästchen (s.u.)
    - links neben „Glasgehirn“ (hochkant)
  - **Steuerung**:
    - Klick in Bild setzt Fadenkreuz in allen Bildern an korrespondierende Position
    - anklicken von Koordinaten in Ergebnistabelle (diese erscheinen in roter Schrift)
    - RMT im oberen Grafikensterbereich:
      - zum globalen Maximum
      - zum nächst gelegenen signifikanten Voxel
      - zum nächst gelegenen lokalen Maximum
    - Koordinaten in x-, y-, z-Kästchen direkt eintippen
- **Skalierung**: der Skalierungs-Farbbalken bezieht sich auf die T-Werte: je größer, (je „signifikanter“) umso heller

- ## 2. Hirnoberflächendarstellung
- (ggf. mit mehreren Ergebnissen) – **render...mat-Datei** muss vorhanden sein! (siehe [Hirnoberflächenberechnung](#))

- Feld „Display“ - **Menü overlays - render**
  1. Anzahl der Ergebnisfiles (SPM.mat)
  2. Kontrast, Maskierung, Schwellen
  3. Einlesen der „render...mat“-Datei
  4. Konfiguration der Darstellung: style, brighten...

- ## 3. Mehrere Ergebnisse in MRT-Schichten darstellen

- normalisierten /Musterdatensatz (siehe Punkt 1.) im **Display-Modus** aufrufen
- im rechten grauen Feld ganz unten „**Add Overlay**“\*
- SPM.mat einlesen (bis zu 6 auf einmal)
- für jede SPM.mat wird abgefragt:
  - Farbe
  - Kontrast, Maskierung, Schwellen
  - ROI-Analyse (eingeschränktes Gebiet statt ganzes Hirn – ggf. „Maske“ angeben; [s.d.](#))



\* Eine Funktion „add blobs“ ist in verschiedenen Varianten auch über RMT in den mit Results erstellten Bildern und in Check Registration vorhanden, aber die scheint nicht zu funktionieren und ist im Manual nicht erwähnt.



Platz für Ergebnistabelle (Results Table): 2 Optionen

- a) Standard: im Grafikfenster unter „glass brain“ eingeblendet
- b) in separatem Fenster: im Grafikfenster in Menüleiste „**SPM Figure – Results Table**“: leeres Fenster „Satellite Results Table“ wird geöffnet
  - Ergebnistabelle im Zusatzfenster darstellen: im SPM-Fenster links unten (siehe [diverse Optionen](#)) im Feld „**p values**“

auswählen:

- whole brain: komplette Tabelle
- current cluster: Cluster bei aktueller Cursorposition
- small volume: Voxel in selbst definierter Region um die aktuelle Cursorposition herum (siehe [small volume correction](#))

Manual S. 210: The columns in volume table show, from right to left:

- **peak-level**: the chance (p) of finding (under the null hypothesis) a peak with this or a greater height (T- or Z-statistic), corrected (FWE or FDR\*)/ uncorrected for search volume.
- **cluster-level**: the chance (p) of finding a cluster with this many (ke) or a greater number of voxels, corrected (FWE or FDR\*)/ uncorrected for search volume.
- **set-level**: the chance (p) of finding this (c) or a greater number of clusters in the search volume.

Tabellenspalten:

c	Anzahl Cluster (hier: 2)
p, q ...corr	Korrigierte Fehlerwrsch. (p bei FWE, q bei FDR)
ke	Anzahl Voxel (eines Clusters)
p uncorr	unkorrigiertes p
T	T-Wert
Z	z-normierter Wert
mm	x-, y-, z-Koordinaten

## Statistics: p-values adjusted for search volume

set-level		cluster-level				peak-level					mm mm mm		
p	c	p <sub>FWE-corr</sub>	q <sub>FDR-corr</sub>	k <sub>E</sub>	p <sub>uncorr</sub>	p <sub>FWE-corr</sub>	q <sub>FDR-corr</sub>	T	(Z <sub>≡</sub> )	p <sub>uncorr</sub>			
0.001	2	0.032	0.050	102	0.001	0.018	0.040	5.22	5.12	0.000	-40	44	-14
						0.998	0.780	3.67	3.63	0.000	-32	40	-16
		0.049	0.050	92	0.002	0.390	0.294	4.42	4.35	0.000	22	-50	6

table shows 3 local maxima more than 8.0mm apart

Height threshold: T = 3.11, p = 0.001 (1.000)  
 Extent threshold: k = 90 voxels, p = 0.002 (0.054)  
 Expected voxels per cluster, <k> = 7.778  
 Expected number of clusters, <c> = 0.06  
 FWEp: 4.985, FDRp: 5.221, FWEc: 92, FDRc: 92

Degrees of freedom = [1.0, 354.0]  
 FWHM = 8.2 8.2 8.0 mm mm mm; 4.1 4.1 4.0 {voxels}  
 Volume: 1534344 = 191793 voxels = 2654.9 resels  
 Voxel size: 2.0 2.0 2.0 mm mm mm; (resel = 66.98 voxels)

2 Cluster\*\*:

1. mit 2 Maxima, das erste an Fadenkreuzposition (rot markiert)
2. enthält 1 Maximum

\* hier wird die FDR-korrigierte Fehlerwahrscheinlichkeit angezeigt (Kennbuchstabe q); [s.d.](#)

\*\* die berechnete Organisation der Cluster (welche Voxel zu welchem Cluster gehören, wo Cluster“grenzen“ sind), ist visuell in den Bildern nicht immer gut nachzuvollziehen.



Exportieren der Tabelle in Excel: RMT zwischen die Tabellenspalten klicken – Kontextmenü – export to Excel – die Tabelle wird in Excel geöffnet (bei Fehlermeldung einfach weiter klicken) und zeigt die exakten Werte an (nicht wie hier, nur 3 Kommastellen)

„Größe (räumliche Ausdehnung)“ des Effekts

„Höhe (Stärke)“ des Effekts

RMT: Anzeige in matlab Fenster mit mehr Kommastellen!

**Statistics: p-values adjusted for search volume**

set-level		cluster-level				peak-level					mm mm mm		
p	c	p <sub>FWE-corr</sub>	q <sub>FDR-corr</sub>	k <sub>E</sub>	p <sub>uncorr</sub>	p <sub>FWE-corr</sub>	q <sub>FDR-corr</sub>	T	Z	p <sub>uncorr</sub>			
0.001	2	0.032	0.050	102	0.001	0.018	0.040	5.22	5.12	0.000	-40	44	-14
						0.998	0.780	3.6	1.63	0.000	-32	40	-16
		0.049	0.050	92	0.002	0.390	0.294	4.42	4.35	0.000	22	-50	6

rote Schrift: aktuelle Cursor-Position

table shows 3 local maxima more than 8.0mm apart

Height threshold: T = 3.11, p = 0.001 (1.000)  
 Extent threshold: k = 90 voxels, p = 0.002 (0.054)  
 Expected voxels per cluster, <k> = 7.778  
 Expected number of clusters, <c> = 0.06  
 FWEp: 4.985, FDRp: 5.221, FWEc: 92, FDRc: 92

Degrees of freedom = [1.0, 354.0]  
 FWHM = 8.2 8.2 8.0 mm mm mm; 4.1 4.1 4.0 {voxels}  
 Volume: 1534344 = 191793 voxels = 2654.9 resels  
 Voxel size: 2.0 2.0 2.0 mm mm mm; (resel = 66.98 voxels)

Klick auf x,y,z-Koordinaten setzt Cursor auf den Punkt

Height threshold: gewählte Schwelle (T bzw. p ergänzt)

expected voxels per cluster: erwarteter Clusterumfang

extent threshold: gewählte Schwelle für Clusterumfang (Voxelanzahl);

bei „whole brain“ Darstellung werden bis zu 3 Maxima eines Clusters angezeigt (Standard-Mindestabstand der Maxima 8 mm); um alle darzustellen:  
 1. Cluster aktivieren = Maximum-Koordinaten anklicken  
 2. „current cluster“ im linken unteren Fenster wählen  
 Der Mindest-Abstand der Maxima innerhalb des Clusters wird dann angepasst

Wahl der Schwelle: größer als erwarteter Wert!



diverse Optionen im linken unteren Fenster (hier eine Auswahl):

The screenshot shows the SPM8 software interface. The top window is titled "SPM8 (cbb): SPM{T}: Results". Below it are two menu boxes: "Design" and "Contrasts". The "Design" menu includes options like "Design Matrix", "Design orthogonality", "Explore", "Clear", and "Help". The "Contrasts" menu includes "New Contrast...", "Change Contrast", "Previous Contrast", "Next Contrast", and "Significance level". Below these is a configuration window with three sections: "p-values", "Regional", and "Display". The "p-values" section has buttons for "whole brain", "current cluster", and "small volume". The "Regional" section has buttons for "eigenvariante", "multivariate Bayes", "compare models", and "cross-validate". The "Display" section has buttons for "plot", "overlays...", "slices", "sections", "render", and "previous sections". At the bottom, there is a "co-ordinates" section with input fields for x, y, and z.

**Menü Design**

- Designmatrix
- Signaldarstellung
- u.a. Grafiken

**Menü Contrasts**

- Kontrast ändern/neu definieren
- Signifikanzniveau ändern

**„Display“ - „plot“:** verschiedene Diagramme:  
siehe optionale weitere Grafiken

**„Display“ - „Overlays“:** MRT-Bilder mit Darstellung der signifikanten Voxel

- „slices“: 3 benachbarte axiale Schichten zur Darstellung des aktuell gewählten Clusters
- „sections“: Bilder der 3 Schnittebenen zur variablen Darstellung beliebiger Cluster
- „render“: Hirnoberflächengrafik (siehe separate Folie)
- „previous sections“: in derselben SPM-Sitzung bereits benutzte Bilder
- siehe SPM Resultate Darstellung in MRT-Schichten

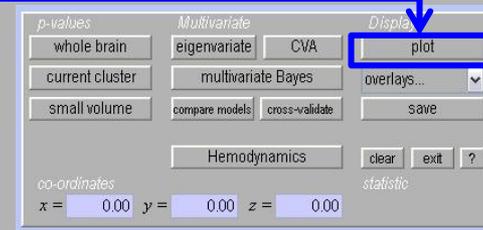
**p values“:**  
Konfiguration der Ergebnistabelle („Results Table“ – s.d.)

- Auswahl „whole brain“, „current cluster“, „small volume“
- sofern Fenster „Satellite Results Table“ offen, wird Tabelle dort eingefügt!
- siehe SPM-Ergebnistabelle

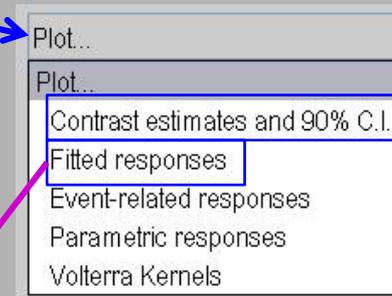
**„co-ordinates“:** Fadenkreuz-Steuerung durch Eintippen von Koordinaten



- im linken unteren SPM-“Results“-Fenster im Feld „Display“ das Menü „plot“ anklicken



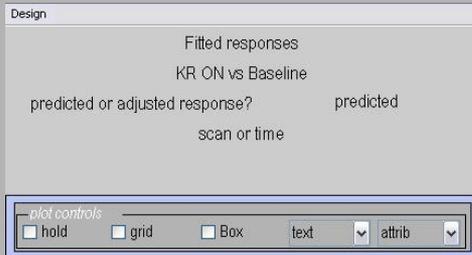
- im selben Fenster weiter oben, unterhalb der Titelleiste, Plot-Menü öffnen



- Auswahl treffen

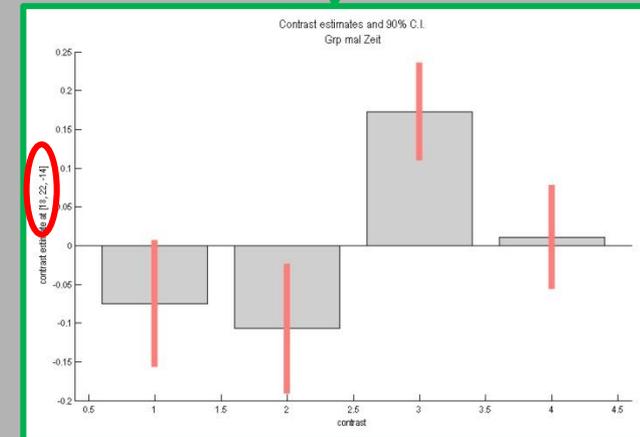
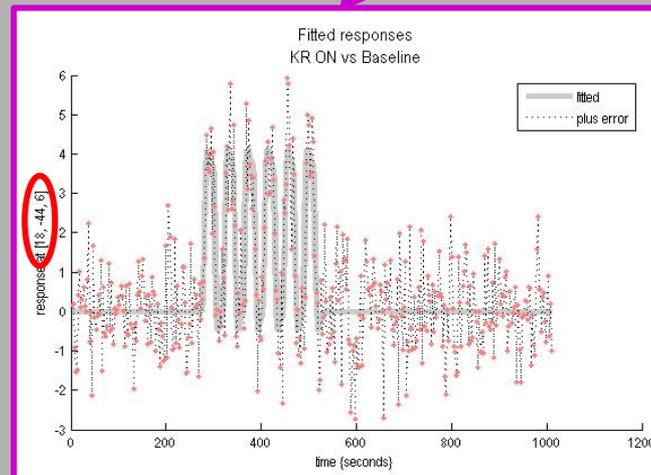
- gewünschte Details angeben

- Diagramm ggf. anpassen („plot controls“ für Rahmen, Gitternetz, Text ...)



(C.I. = Konfidenzintervall)  
Kontrast wählen

die Diagramme beziehen sich auf 1 Voxel, nämlich das im Grafikfenster per Fadenkreuz markierte, dessen Koordinaten jeweils angegeben sind (hier in roten Ellipsen)

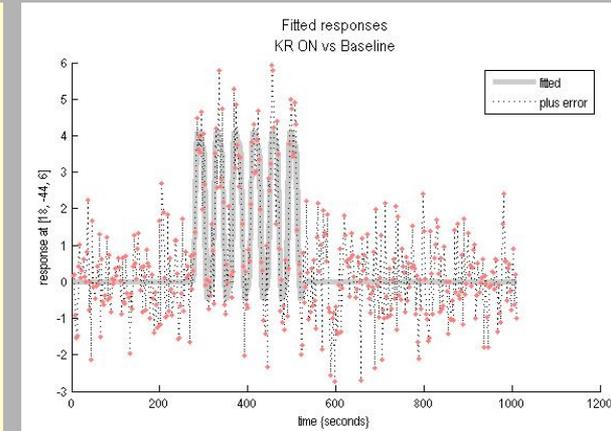


exportieren der „fitted response“ Daten in XL – siehe nächste Folie!



nicht erforderlich

- Plot erstellen wie [in voriger Folie](#) beschrieben
- im SPM-Grafikfenster-Menü: Edit – Figure Properties
  - Grafik wird neu (verzerrt) dargestellt plus darunter Property Editor
- in Kurve klicken
  - Punkte werden markiert
- im Matlab-Kommandofenster eingeben:
  - `y=get(gcf,'ydata')`
  - die Daten werden in der Variable Y im **Matlab-“Workspace”** abgelegt
  - Y: “fitted response (im SPM-Diagramm graue Kurve)”
  - y: “plus error” (im SPM-Diagramm gestrichelt und rote Punkte)
- im Matlab-Menüband wählen: “Open Variable” – Y
  - **Tabelle mit den Werten** wird im Matlabfenster eingeblendet
- Spaltenkopf anklicken – Spalte wird markiert
- copy und paste in XL
- Diagramm erstellen
- ggf. mit der y-Variable ebenso verfahren



Name	Value	Min	Max
Bcov	[0.3785 0.3716 -0.370...	-0.3757	0.3894
SPM	1x1 struct		
TabDat	1x1 struct		
Y	144x1 double	-0.2427	0.2681
beta	[-0.7733;-0.3601;177.7...	-0.7733	177.75...
hReg	524.0004	524.00...	524.00...
xSPM	1x1 struct		
y	1x144 double	-2.4679	2.0715

	1	2
1	-0.0118	
2	-0.0034	
3	-0.0218	
4	-0.0762	
5	-0.1107	
6	-0.1215	
7	-0.1219	
8	-0.1196	
9	-0.1185	
10	-0.1262	
11	-0.0667	
12	0.1211	
13	0.2384	
14	0.2681	
15	0.2589	
16	0.2383	
17	0.2199	
18	0.2139	



- Analyse eines gegenüber dem gesamten Hirn eingeschränkten, benutzerdefinierten Areals (VOI = volume of interest, auch ROI = region of interest), z.B. Gebiete der Verarbeitung olfaktorischer Reize
- günstigere Analysevoraussetzungen und entsprechend bessere Ergebnisse, als wenn gesamtes Gehirn einbezogen wird
- Vorgehen:
  - Fadenkreuz auf ein interessierendes Voxel setzen, z.B. signifikantes Voxel eines Kontrasts (siehe [Steuerung der Fadenkreuzposition](#))
  - Results Table für den betreffenden Kontrast sollte am besten schon geöffnet sein!
  - im linken unteren („Results-“) Fenster im Feld p-values „small volume“ anklicken
    - Search Volume (= VOI = ROI):
      - sphere at [x,y,z] (Kugel mit Fadenkreuzposition als Mittelpunkt)
        - » radius of VOI {mm}: Kugelradius eintippen, z.B. 3
      - box at [x,y,z] (Quader mit Fadenkreuzposition als Mittelpunkt)
        - » box dimensions [k l m] {mm}: Quaderkantenlängen eintippen, z.B. 2 2 3
      - image
        - » Bilddatei des als ROI interessierenden Areals wird abgefragt – z.B. WFU-Pickatlas-“Maske“ ([s.d.](#))
    - Signifikanzparameter angeben
    - Tabelle mit gefundenem Ergebnis für das angegebene Gebiet wird in Satellite Results Table angezeigt
      - mit Originaltabelle (ohne SVC) vergleichen: p-Werte verbessert; insbesondere auf  $FWE_{korr}$  und  $FDR_{korr}$  achten!
    - im Bild dargestellt werden weiterhin alle ohne ROI-Analyse signifikanten Voxel (ggf. die außerhalb der ROI-Region liegenden Voxel maskieren ([s.d.](#))!

Die Option „**ROI Analysis**“ wird bei der Results-Konfiguration automatisch nach der Maskierungs-Abfrage angeboten, wenn der WFU Pickatlas geöffnet ist!

- Wahl einer ROI-Maske
- Wahl p und Clustergrößenschwelle
- in diesem Fall wird im Grafikenster nur das Ergebnis der ROI-Analyse dargestellt (nicht, wie oben beschrieben, das ursprüngliche Resultat)

siehe auch ROI-Analyse mit wfu-Pickatlas!



- „Results“ im WFU Pickatlas Tool ([s.d.](#)) Fenster\*
  - WFU Pickatlas Results Fenster wird geöffnet
  - SPM.mat einlesen: File – Open ...
  - weitere Eingaben wie unter SPM-Results
  - Ergebnisanzeige im Pickatlas-Results-Fenster (leider nur axiale Ansicht; kl auf Koordinaten steuert Cursor zum Cluster)
- Pickatlas-Results-Fenster Details
  - Atlases: 3 Atlanten auswählbar
  - Contrast: Auswahl aus den definierten Kontrasten
  - ROI:
    - from Pickatlas: man muss eine Maske definieren und speichern; anschließend kann man sie mit „from File“ wählen
    - from File: gespeicherte Maskendatei ([s.d.](#))
  - Correction, Threshold, Extent: ggf. ändern – bei Eingabetaste Neuberechnung
  - Whole Brain/Single Cluster Stats: Anzeige Results Table wie in SPM
  - Whole Brain/Single Cluster **Labels**: Anzeige der Lokalisation der Cluster in den oben ausgewählten Atlanten: es werden pro Atlas „Labels“ (Regionskennungen) zugewiesen, mit Angabe der Anzahl an Voxeln des Clusters, die in der betreffenden Region liegen
  - diese Ergebnisse separat speichern: File – save report as
    - ps (in pdf konvertierbar): alles in 1 Datei, allerdings Bildteil am Rand unvollständig
    - jpg: mehrere einzelne Seiten, aber alle Bilder vollständig
    - txt: „Pseudo“-Tabelle (mit Blanks, ohne Bilder)

TD brodmann areas+  
TD Lobes  
TD Hemispheres  
TD Labels  
TD Type  
aal  
IBASPM 71  
IBASPM 116

Atlases ... aal TD Labels IBASPM 71  
Map or SPM4 report ...data\01\2018\_Jun\stat\ABCD\SPM.mat  
Contrast ... D  
ROI ... From File: OFC Kahnt 2012 aal suporb mid...  
Correction ... FWE None  
Threshold (T or p value) 0.001 T (unc) = 3.093  
Extent (voxels) 0

Whole Brain Stats Whole Brain Labels  
Single Cluster Stats Single Cluster Labels  
Single Cluster Time Course Show ROI

Statistics: p-values adjusted for search volume (ROI mask)

set-level		cluster-level				peak-level					
P	q	P <sub>FWE-cor</sub>	q <sub>FWE-cor</sub>	k	P <sub>uncor</sub>	P <sub>FWE-cor</sub>	q <sub>FWE-cor</sub>	T	(Z <sub>p</sub> )	P <sub>uncor</sub>	x,y,z (mm)
0.002	7	0.006	0.015	61	0.004	0.000	0.000	5.74	5.73	0.000	26 64 -12
						0.020	0.041	4.45	4.44	0.000	16 60 -14
						0.292	0.251	3.66	3.65	0.000	10 58 -16
		0.012	0.021	67	0.007	0.027	0.041	4.37	4.36	0.000	-14 60 -16
						0.066	0.070	4.13	4.12	0.000	-10 58 -8
						0.225	0.231	3.67	3.66	0.000	-24 62 -12

**Cluster 1 Statistics and Labels: Cluster with peak at (26 64 -12)**

Voxels in cluster: 81      Peak T: 5.7438      Mean T: 3.9021      Std T: 0.7234

Atlas	Region	Label	Voxels	mean T	std of T
TD Labels	TD Labels	Superior Frontal Gyrus	70	3.9066	0.7128
		Medial Frontal Gyrus	7	3.3418	0.1997
aal	sROI_MNI_V4	Frontal_Mid_Orb_R	40	4.1890	0.8454
		Frontal_Sup_Orb_R	36	3.6587	0.4438
		Frontal_Med_Orb_R	3	3.3250	0.2933
		Rectus_R	2	3.4121	0.1607
		lateral front-orbital gyrus right	63	4.0675	0.7342
IBASPM 71	IBASPM ATLAS 71	middle frontal gyrus right	6	3.1778	0.0699
		medial front-orbital gyrus right	1	3.5258	0.0000

\* „Analysis“ im Pickatlas Tool Fenster entspricht „Results“ im SPM-Menü!



Toolbox:   
 Toolbox:   
 DEM   
 FieldMap   
 MFETools   
**aal**   
 cat12   
 rfxplot   
 wfupickatlas

ToolBox : GIN, UMR 5296 (2015) for SPM12

### AUTOMATED ANATOMICAL LABELING

Local Maxima Labeling   
 Extended Local Maxima Labeling   
**Cluster Labeling**   
 Quit

nur Maxima

gesamtes Cluster

- SPM-Resultate wie gewohnt aufrufen und darstellen
- SPM-Satellite Results Table aufrufen und Ergebnisse eintragen
- aal aufrufen – verschiedene Optionen
- select a labelled atlas: ROI\_MNI\_V5.nii
- die automatischen Zuordnungen der Cluster zu anatomischen Regionen („Labels“) werden in einer Tabelle dargestellt
- „Cluster Labeling“: Tabelle wie rechts im Beispiel
- Local Maxima/Extended ...:Tabelle enthält nur Abstände zum Label
- Export nach XL:
- RMT zwischen die Spalten klicken
  - „Extract table structure“
  - diverse Einträge erscheinen im matlab-workspace-Fenster
  - daraus "ans" doppelklicken
  - Tabelle wird in neuem matlab-Variablenfenster geöffnet
  - darin "dat" doppelklicken
  - die nun eingeblendete Tabelle entspricht derjenigen im Satellite Results Fenster
  - alle Zellen markieren - copy - paste in XL

SPM: Satellite Results: Table

Working Dir : D:\tz Studien\Umami training ManjalGrp scans2-613factorial  
MSG vs salt

Labels : volume summary (labels and percentages per cluster)

x,y,z mm	Label	% Cluster	Nb Vx Cluster	% Label	Nb Vx Label
-14 4 54	Frontal_Sup_2_L	35.00	80	0.57	4873
	Supp_Motor_Area_L	26.25	80	0.98	2147
	OUTSIDE	1.25	80	0.00	0
18 2 54	Supp_Motor_Area_R	73.44	64	1.98	2371
	Frontal_Sup_2_R	14.06	64	0.18	5127
	OUTSIDE	1.56	64	0.00	0
-28 0 42	Precentral_L	88.89	9	0.23	3526
	OUTSIDE	11.11	9	0.00	0
-12 -26 68	Paracentral_Lobule_L	4.76	21	0.07	1349
	OUTSIDE	6.25	16	0.00	0
44 18 32	Frontal_Inf_Oper_R	25.00	4	0.07	1399
8 -38 64	Paracentral_Lobule_R	100.00	1	0.12	836
30 -10 40	OUTSIDE	100.00	1	0.00	0
28 -14 40	OUTSIDE	100.00	1	0.00	0

RMT – extract table structure

Workspace

Name	Value	Min	Max
SPM	1x1 struct		
TabDat	1x1 struct		
ans	1x1 struct		
hReg	549.0070	549.00...	5
prevsect	'C:\Program Files\sp...		
xSPM	1x1 struct		

	xyz	Label (Region)	% des Clusters im Label	Anzahl im cluster	% der Region im Cluster	Anzahl in Region
	A	B	C	D	E	F
1	'x,y,z [mm]'	'nom du label'	'% Cluster'	'Nb Vx Clust'	'% Label'	'Nb Vx Label'
2	[-14;4;54]	'Frontal_Sup_2_L'	35,00	80	0,57	4873
3	[-14;4;54]	'Supp_Motor_Area_L'	26,25	80	0,98	2147
4	[-14;4;54]	'OUTSIDE'	1,25	80	0,00	0
5	[18;2;54]	'Supp_Motor_Area_R'	73,44	64	1,98	2371
6	[18;2;54]	'Frontal_Sup_2_R'	14,06	64	0,18	5127
7	[18;2;54]	'OUTSIDE'	1,56	64	0,00	0
8	[-28;0;42]	'Precentral_L'	88,89	9	0,23	3526
9	[-28;0;42]	'OUTSIDE'	11,11	9	0,00	0
10	[-12;-26;68]	'Paracentral_Lobule_L'	4,76	21	0,07	1349
11	[-20;-38;48]	'OUTSIDE'	6,25	16	0,00	0
12	[44;18;32]	'Frontal_Inf_Oper_R'	25,00	4	0,07	1399
13	[8;-38;64]	'Paracentral_Lobule_R'	100,00	1	0,12	836
14	[30;-10;40]	'OUTSIDE'	100,00	1	0,00	0
15	[28;-14;40]	'OUTSIDE'	100,00	1	0,00	0

\*Mit „Anatomy Toolbox“ können auch Regionen zugeordnet werden, wird aber hier nicht vorgestellt, weil AAL und wfu-Pickatlas handlicher ([http://www.fz-juelich.de/SharedDocs/Downloads/INM/INM-1/DE/Toolbox/Toolbox\\_22c.html;jsessionid=9EF4BF09B1182335CBD7E375454F03F6?nn=563092](http://www.fz-juelich.de/SharedDocs/Downloads/INM/INM-1/DE/Toolbox/Toolbox_22c.html;jsessionid=9EF4BF09B1182335CBD7E375454F03F6?nn=563092))



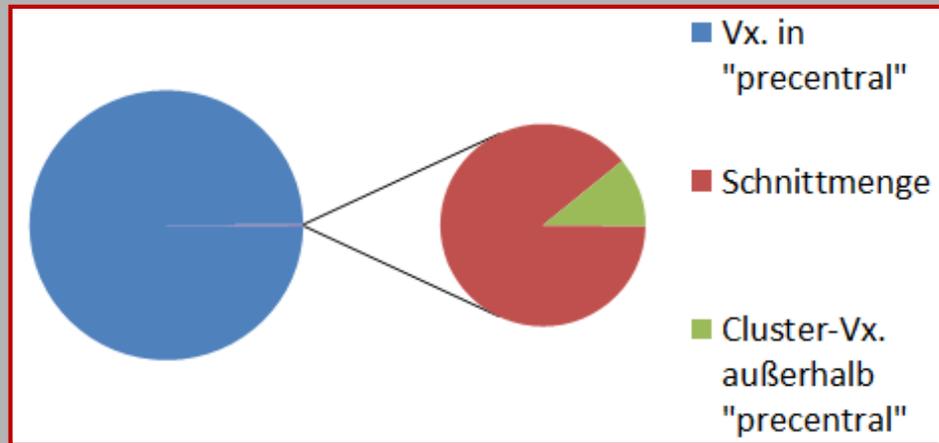
- Tabelle aus matlab in XL übertragen
- Spaltennamen :
  - xyz: Koordinaten des Peak-Voxels
  - nom du label: Name der Region („OUTSIDE“ = keiner Region zugeordnet)
  - % Cluster: Prozent des Clusters in der Region
  - Nb VX Cluster: Anzahl der Voxel des Clusters
  - % Label: Prozent der Region im Cluster
  - Nb Vx Label: Anzahl der Voxel in der Region

- Filter:
  - Name der Region: OUTSIDE ausgeschlossen
  - % Cluster: mindestens 10% des Clusters soll in der Region vertreten sein (bei großen Clustern ggf. weniger)
  - Anzahl Voxel im Cluster: mindestens 5 (Standardkriterium für Clusterumfang)
- zusätzliche Spalte: Schnittmenge Region und Cluster (wieviele Voxel sind in beiden enthalten)

- Veranschaulichung zu „Precentral\_L“ in Diagramm
  - in der Region sind 3526 Voxel,
  - davon fallen 0.23% in das Cluster
  - das sind 89% des Clusters,
  - nämlich 8 der 9 Voxel, die das Cluster umfasst

	x,y,z (mm)	'nom du label'	'% Cluster'	'Nb Vx Cluster'	'% Label'	'Nb Vx Label'
2	[-14;4;54]	'Frontal_Sup_2_L'	35,00	80	0,57	4873
3	[-14;4;54]	'Supp_Motor_Area_L'	26,25	80	0,98	2147
4	[-14;4;54]	'OUTSIDE'	1,25	80	0,00	0
5	[18;2;54]	'Supp_Motor_Area_R'	73,44	64	1,98	2371
6	[18;2;54]	'Frontal_Sup_2_R'	14,06	64	0,18	5127
7	[18;2;54]	'OUTSIDE'	1,56	64	0,00	0
8	[-28;0;42]	'Precentral_L'	88,89	9	0,23	3526
9	[-28;0;42]	'OUTSIDE'	11,11	9	0,00	0
10	[-12;-26;68]	'Paracentral_Lobule_L'	4,76	21	0,07	1349
11	[-20;-38;48]	'OUTSIDE'	6,25	16	0,00	0
12	[44;18;32]	'Frontal_Inf_Oper_R'	25,00	4	0,07	1399
13	[8;-38;64]	'Paracentral_Lobule_R'	100,00	1	0,12	836
14	[30;-10;40]	'OUTSIDE'	100,00	1	0,00	0
15	[28;-14;40]	'OUTSIDE'	100,00	1	0,00	0
16						

	A	B	C	D	E	F	G
	x y z Koordinaten	Name der Region ("label"); OUTSIDE=keiner Region zugeordnet	Prozent des Clusters in der Region	Anzahl Voxel im Cluster	Prozent der Region im Cluster	Anzahl Voxel in der Region	zusätzliche Spalte: Schnittmenge Region und Cluster in Voxeln
1							
2	'x,y,z (mm)'	'nom du label'	'% Cluster'	'Nb Vx Cluster'	'% Label'	'Nb Vx Label'	
3	[-14;4;54]	'Frontal_Sup_2_L'	35,00	80	0,57	4873	28
4	[-14;4;54]	'Supp_Motor_Area_L'	26,25	80	0,98	2147	21
5	[18;2;54]	'Supp_Motor_Area_R'	73,44	64	1,98	2371	47
6	[18;2;54]	'Frontal_Sup_2_R'	14,06	64	0,18	5127	9
7	[-28;0;42]	'Precentral_L'	88,89	9	0,23	3526	8





- Toolbox:
- DEM
  - FieldMap
  - MEEGtools
  - aal
  - cat12
  - rfxplot
  - wfupickatlas**

- Auswahl HUMAN ATLAS
- Masken aus vordefinierten Regionen
  1. im linken (rosa) PickAtlas-Fenster Atlaskategorie wählen, z.B. aal (Automated Anatomical Labeling)
  2. gewünschte Region aufsuchen (Beispiel insula L)
  3. kkl – Übertrag der Auswahl ins rechte (gelbe) Fenster
  4. es können mehrere Regionen aus verschiedenen Kategorien zu einer Maske zusammengestellt werden: einfach nacheinander auswählen und doppelt anklicken
  5. ausgewählte Region(en) im Hirnschnitt in der Mitte rot markiert (ggf. zur richtigen Schnittebene scrollen)
  6. „Save Mask“ - gewählte Region(en) als Maske sichern: Namen eintippen (nii-Bilddatei wird erzeugt; „r“ am Dateinamensanfang = bei erster Benutzung automatisch geglättete Version)
- Masken als Kugeln um einen Mittelpunkt
  7. Kategorie „Shapes – Sphere“ wählen
  8. im eingblendeten Bereich (Mitte) Radius eingeben
  9. unten links MNI-Koordinaten eintippen
  10. GO anklicken: Koordinatenumrechnung in „CUBE“
  11. „Generate Shape“ – Eintrag in working region
  12. Achtung: kontralaterale Koordinaten (MNI nur anderes x-Vorzeichen) ergeben andere Werte in CUBE
  13. Save Mask, wie oben

WFU PickAtlas Tool

HUMAN ATLAS: aal

WORKING REGION1: Insula\_L

Buttons: ADD ->, MOVE ALL ->>, <- REMOVE SELECTED, <<- REMOVE ALL, 2D, 3D, DILATE 0, Flip Lock, L/R, UID, Left, Left + Right, Right, Display: Neurologic 3.7, ANALYSIS, RESULTS, Write Independent R..., SAVE MASK, DONE, CANCEL

CUBE	46	64	37	GO	ATLAS	SUBREGION	VALUE
MNI	0	0	0	GO	TD brodmann ar...	NA	1000
Tal	0	0	0	GO	TD Lobes	NA	1500

WFU PickAtlas Tool

HUMAN ATLAS->Shapes->Sphere

Dialog: R, mm, Generate Shape

CUBE	31	69	23	GO
MNI	-30	10	-28	GO
Tal	-29.7	8.5124	-23.9754	GO

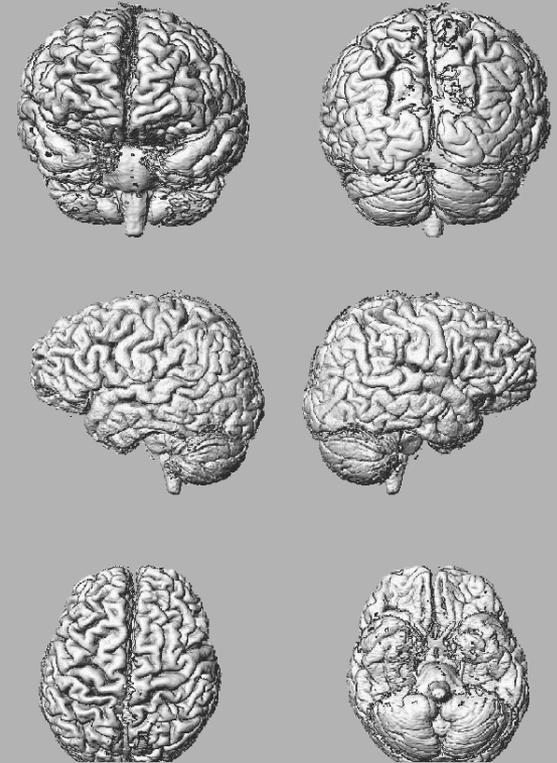
WORKING REGION1

- Sphere\_61\_69\_23\_5
- Sphere\_31\_69\_23\_5

Masken können im „check registration“ Modus in dargestellte Bilder eingblendet werden: RMT – ROI tool – launch – Maske wählen



- zusätzlich zur schichtweisen MRT-Darstellung bietet SPM die Möglichkeit der Hirnoberflächenrekonstruktion
- Voraussetzung ist die Segmentierung der strukturellen Daten
- Aufruf: im SPM-Menü: Menü „render“ – **Extract Surface**
- eingelesen werden die beiden Outputfiles der Segmentierung:
  - **c1s...** und **c2s...** (graue und weiße Substanz)
- Ausgabeoption: „**Save Rendering & Surface**“
- (ggf Surface isovalues - Vorgabe übernehmen)
- ausgegeben werden die Dateien:
  - „**render\_c1s\_....mat**“ und „**c1s...surf.gii**“
- Batch-Editor: SPM – Util – Create Rendering/Surface



### Batch mit Details für Create Rendering/Surface

Help on: Create Rendering/Surface	
Grey and white matter images	<-X
Output	Save Rendering and Surface
Surface isovalue(s)	0.5

← Dateien c1s und c2s aus Segmentierung



- Beispiel einer Funktion, die nicht für die Datenanalyse erforderlich, aber ganz nützlich ist
- Zweck: mehrere Bilder miteinander verrechnen, z.B.: Mittelwertsbildung über (normalisierte) strukturelle Bilder einer Stichprobe
- Aufruf im SPM-Menü
  - **ImCalc**

### Batch für Image Calculator

Input Images	<-X
Output Filename	output
Output Directory	
Expression	<-X
Additional Variables	
Options	
. Data Matrix	No - don't read images into data matrix
. Masking	No implicit zero mask
. Interpolation	Trilinear
. Data Type	INT16 - signed short

Spezifikation der zu verarbeitenden Bilder

Dateiname für die Ausgabedatei

Ordner für die Ausgabedatei

Rechenausdruck für die Bildverarbeitung\*: **Beispiel:**  
Mittelwertsbildung

1. simple Schreibweise:  $(i1+i2+i3+i4+i5)/5$ ; i1 i2 etc. = Bilder in der Reihenfolge wie eingelesen!
2. Matrix-Schreibweise für Bildermatrix X (Großbuchstabe!)  
 $\text{mean}(X)$  – besonders bequem bei großer Anzahl von Bildern!

je nach „Expression“: Matrixschreibweise (yes ...) oder nicht (no...)

4th degree B-spline

- \*Achtung! In den im Batch-Editor angegebenen Beispielen steht jeweils ‚f= ...‘
- die Anführungszeichen und das f= entfallen bei der realen Eingabe!



das **Menü Basic I/O** enthält **Module zur Input-/Outputsteuerung**; sie ermöglichen u.a.

- das Löschen und Verschieben von Dateien
- die Vorgabe von Ordnern
- das Erstellen neuer Ordner
- die Vorgabe von Dateien nach Filterkriterien, wie aus dem Datenspezifikationsfenster bekannt
- das Einlesen von Variablen, aus matlab-Dateien oder direkt

auf die Ordner und Dateien kann mit DEP zugegriffen werden

verschieben oder löschen von Dateien

Wechsel des aktuellen Ordners (working directory); es kann ein Verzeichnis gewählt werden, das mit einem „Named Directory Selector“ definiert wurde

erstellen eines neuen Ordners: Angabe des Namens und des übergeordneten Verzeichnisses, z.B. aus einem Directory Selector

• „benannter Ordner-Wähler“: das Modul erhält einen Namen (Input Name)  
 • Definition von beliebig vielen Ordnern, auf die mit DEP zugegriffen werden kann  
 • diese Ordner werden automatisch nummeriert und anhand von Input Name und Nummer identifiziert (etwas unübersichtlich)

• Definition eines Filters für Filenamen in einem Ordner (mit Option, Unterordner einzubeziehen „descend into subdirectories“ – yes/no)  
 • mit DEP in weiteren Modulen beliebig einsetzbar  
 • ggf. mehrere Module für verschiedene Filter verwenden, z.B.:  
 • ^f.\* = alle Dateien, deren Namen mit f beginnen  
 • mean.\* = alle Dateien mit mean im Namen  
 • vordefinierte Filter aus „Named Input“ (s.u.) mit DEP verwendbar; auch mehrere Filterteile aus mehrereren DEP-Inputs (Strg drücken während Klick auf Elemente in DEP-Liste

• beliebige Eingabe (in einfachen Anführungszeichen, auf der Taste mit #), z.B. für File Selector (Dateinamen/Filter)

- Move/Delete Files
- Change Directory
- Make Directory
- Named Directory Selector
- Named File Selector
- File Selector (Batch Mode)
- File Filter
- File Set Split
- Named Input
- Load Variables from .mat File
- Save Variables
- Access part of MATLAB variable
- Pass Output to Workspace
- Run Batch Jobs

„Named File Selector“ (Direktauswahl von Dateien oder mit DEP) und „File Filter“ (Anwendung von Filtern auf direkt oder mit DEP ausgewählte Dateien) bieten nicht die Flexibilität wie „File Selector (Batch Mode)“!

in „Metabatch“: Batch Job = Basis-Batchfile; mehrere Durchläufe mit unterschiedlichen Inputs, z.B. für mehrere Pbdn

siehe Basis- und Meta-Batchfile

Modulnamen (Input Name): ohne Anführungszeichen

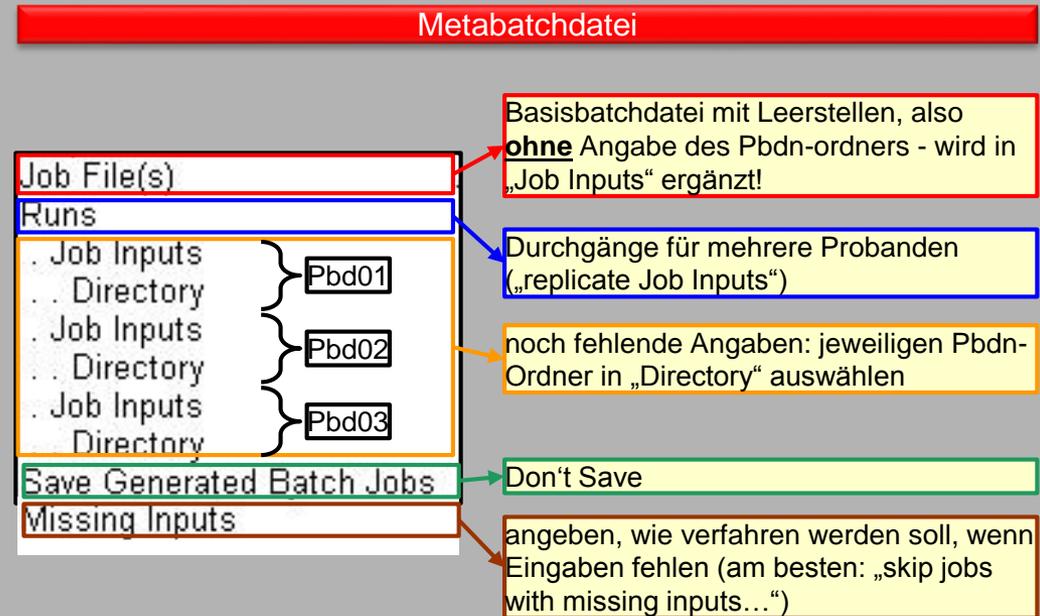
Input Variablen: in einfachen Anführungszeichen (= Hochkomma, auf der Taste mit #; werden bei nochmaliger Sichtung nicht angezeigt, müssen aber bei Korrektur nochmal eingegeben werden!) Zeichen wie Caret (^), Stern (\*), Unterstrich (\_) können in den Variablen wie andere Zeichen verwendet werden!



- Bei einheitlicher Datenstruktur kann ein Basisfile (Muster-, Schablonen-, Template-Batch) erstellt und dann für mehrere Probanden angepasst werden
- a. separate Batches für alle Probanden
  - Batchvorlage erstellen, dann
    - im Batcheditor für jeden Probanden betreffenden Ordner auswählen und neu speichern
    - im Matlab-Editor mit Find&Replace die Änderungen für jeden Probanden vornehmen

### b) Meta-Batchdatei verwenden

- im Batcheditor Batchvorlage (**Basisbatch**) erstellen, in der bestimmte Eingaben leer gelassen werden, also fehlen (Symbol <-X - daher Basisbatch nicht lauffähig\*), z.B. Pbd-Ordner
- neuen Batch anlegen = **Metabatch**
- im Meta-Batch wird der Basisbatch unter **„Run Batch Jobs“** eingelesen:
  - Job file(s) = Basisbatchfile(s) mit fehlenden Eingaben („<-X“), die erst auf der Meta-Ebene ergänzt werden, im Beispiel hier: Pbdn-Ordner
  - Runs = Durchläufe des Basisfiles, z.B. für mehrere Pbdn
  - Job Inputs = die im Basisfile noch offen gelassenen Eingaben werden für jeden Probanden ergänzt; im Beispiel: Directory
- Metadatei ggf. ebenfalls speichern



\*die Basisbatchdatei kann natürlich laufen, wenn die leer gelassenen Angaben eingegeben werden  
 gespeicherte Metadatei für andere Basisdateien wieder verwenden: nur Eingabe „Job File(s)“ ändern!  
 bei mehreren Job Files: konsekutive Eingaben der Job inputs



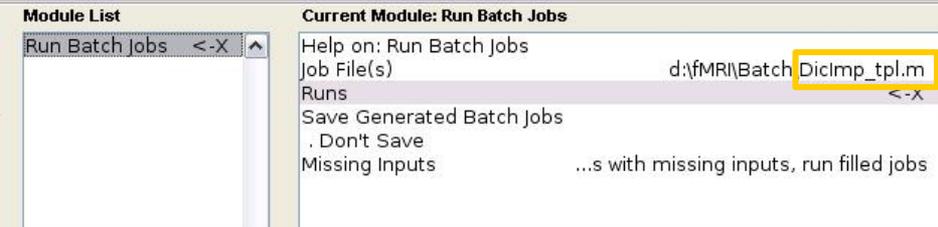
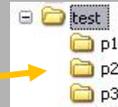
- wenn die Daten mehrerer Pbdn in **einheitlich sukzessive nummerierten** Ordnern abgelegt sind, können sie mit einer eleganten Batchlösung mit Laufschleife („loop“) abgearbeitet werden; Beispiel Dicom Import (DicImp):

1. der Basis-Batchfile für die Bearbeitung von Daten einer Person „DicImp tpl“) wird im SPM-Editor mit Run Batch Jobs in eine Metadatei eingelesen: „Meta DicImp“

2. und im Matlab-Editor in eine **Laufschleife** eingebunden: die blau umrahmte Zeile, die auf den noch unspezifizierten Input verweist, wird ersetzt durch die grün umrahmte Laufschleife, in der anzugeben sind (rot markiert):

1. Probanden- (Ordner-) zähler (hier von 1 bis 3, ausgedrückt 1:3)
2. Pfad und Anfangsbuchstaben der Ordernamen, nach denen die Nummern folgen (s.o. Auszug Explorer)
3. Anzahl der Stellen (d=digits) in der Pbd-/Ordernummerierung (hier 02)

3. fertiger Batch „Meta DicImp loop“ wiederum im SPM-Batch-Editor einlesbar, enthält komplette Serie mit automatisch fortlaufend nummerierten Ordnern



```

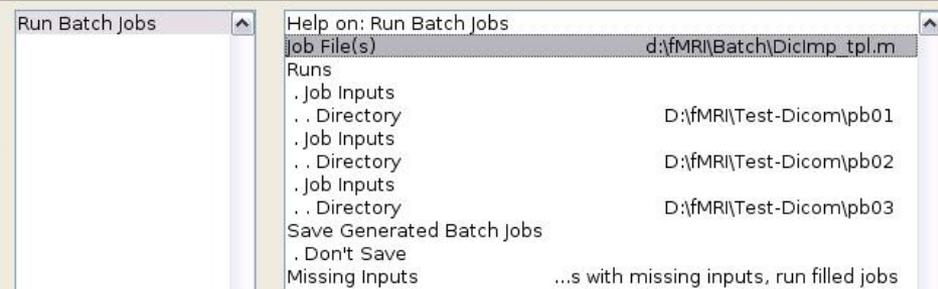
-----
* Job configuration created by cfg_util (rev $Rev: 4252 $)
-----
matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.jobs = {'d:\fMRI\Batch\DicImp_tpl.m'};
matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.inputs = {};
matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.save.dontsave = false;
matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.missing = 'skip';
    
```

```

matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.jobs = {'d:\fMRI\Batch\DicImp_tpl.m'};

for subj = 1:3
    matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.inputs(subj){1}.indir = ...
        {'d:\fMRI\Test-Dicom\pb' sprintf('%02d',subj)}];
end

matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.save.dontsave = false;
matlabbatch{1}.cfg_basicio.runjobs.missing = 'skip';
    
```





- es ist empfehlenswert, alle Bilder zu sichten (statt nur Stichproben); hierfür eignet sich ein Batch, der alle Bilder einer Kategorie (z. B. ^f) zu **je 10 pro Seite** ausgibt (mit CheckReg und print) - die resultierende PDF-Datei ist dann schnell durchzublättern
- der **Batch** heißt
  - **Display and print tpl.m**
- und enthält als Modul aus BasicIO:
  - Call Matlab function
- als Elemente sind erforderlich:
  - Inputs (z.B. alle ^f Scans eines Pbd) – dabei kann mit DEP auf zuvor definierte Daten verwiesen werden
  - Function to be called
    - die **Funktion** ist in einer .m-Datei abgelegt, in Matlab-toolbox/local, z.B.:
      - C:\...\MATLAB\...\toolbox\local\**display and print.m**
    - Eingabe in „Function to be called“:
      - ohne Anführungszeichen
      - beginnt mit @
      - dann Funktionsname
    - in der Elementliste erscheint:
      - „1x1 function\_handle“
    - und als current item wird angezeigt:
      - val = @display\_and\_print;
    - Funktion in Matlab-Editor einlesbar; der Begriff function am Anfang ist essentiell!
- die Ausgabe ist ps (postscript; „spm\_yyyyMondd.ps“) und wird ggf. an einen vorherigen SPM-Output angehängt
- Umwandlung von ps in PDF mit kostenlosen Programmen

Datei “display and print.m” muss im Matlab-Unterschiedner toolbox/local vorhanden sein

**Module List**

Call MATLAB function <-X

**Function to be called**

Enter a valid MATLAB expression.

Strings must be enclosed in single quotes ('A'), multiline arrays in brackets ([ ]).

To clear a value, enter an empty cell '{}'.  
Accept input with CTRL-RETURN, cancel with ESC.

@display\_and\_print

**Current Module: Call MATLAB function**

Help on: Call MATLAB function

Inputs  
. NIFTI Image(s) <-X

Outputs

Function to be called 1x1 function handle

**Current Item: Function to be called**

val = @display\_and\_print;

```
function display_and_print(f)
for i=1:10:numel(f)
    spm_check_registration(char(f{i:min(i+9,numel(f))}));
    spm_print;
end
```

- freeware (<http://www.flexible-renamer.softonic.de>)
- sehr bequem Dateien und Ordner **suchen**, **umbenennen**, **verschieben**, **löschen**

links: Fenster für Ordnerwahl  
Ordnerbaum wie im Explorer

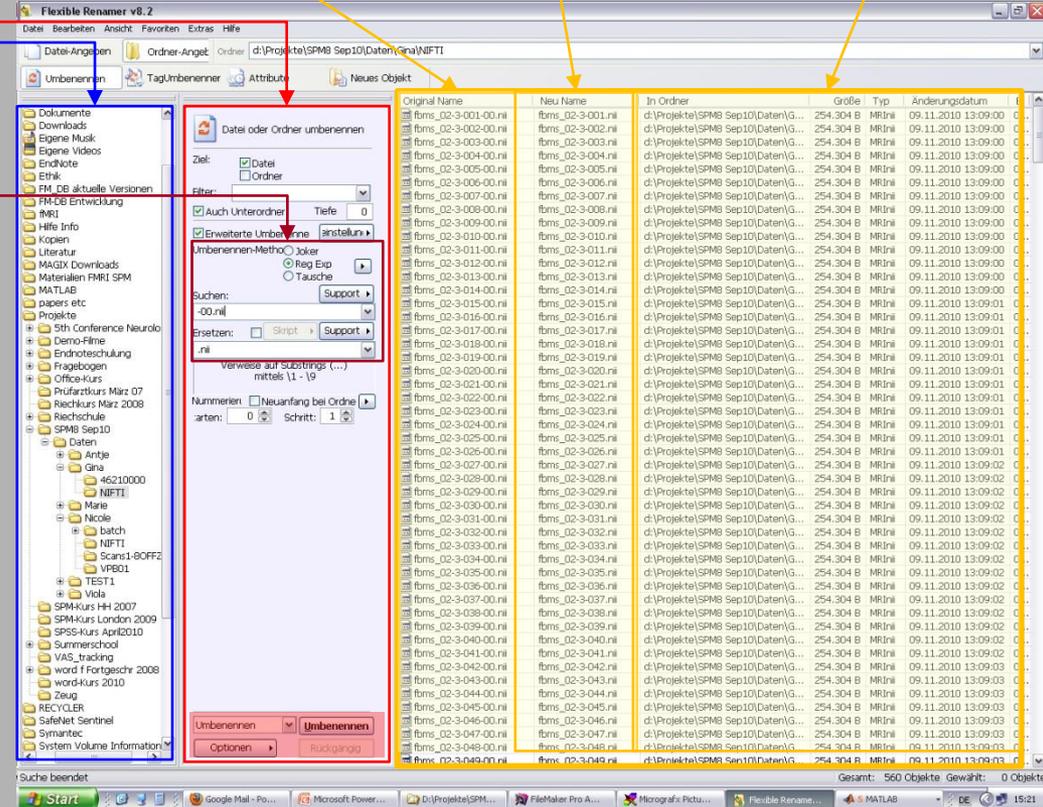
Mitte: Funktionsfenster „Erweiterte Umbenenne“  
Umbenennen Methode = Reg Exp  
• Dateien suchen (wählen/filtern)  
• Funktion wählen  
• ausführen

„Original Name“  
Dateinamen aktuell gefunden

rechts: Anzeigefenster  
„Neu Name“  
Dateinamen-Vorschau gemäß Einstellungen

Ordner und diverse andere Anzeigen

Einfaches Beispiel:  
Suchen: -00.nii  
Ersetzen: .nii  
-00 vor 1 beliebigen Zeichen, gefolgt von nii wird ersetzt durch nii mit dem davor stehenden Zeichen (der Punkt bedeutet „1 beliebiges Zeichen“) – also löschen von -00 vor .nii



Schaltfläche zum Ausführen des Vorgangs

Umbenennen  
Optionen  
Umbenennen  
Rückgängig

Funktionswahl

Umbenennen  
Verschiebe&Umbenennen in einen anderen Ordner  
Kopiere&Umbenennen in einen anderen Ordner  
Verknüpfung&Umbenennen in einen anderen Ordner  
Erstelle HardLink&Umbenenne in anderen Ordner  
Verschiebe in den Papierkorb

Der letzte Vorgang kann rückgängig gemacht werden!

Tipp: nach der Datenkonversion in NIFTI-Format alle Dateinamen vereinheitlichen und auf essentielle Elemente beschränken!



**Ziel:**  Datei  Ordner

**Filter:**

Auch Unterordner **Tiefe**

**Erweiterte Umbenenne**

**Umbenennen-Methode:**  Joker  **Reg Exp**  Tausche

**Suchen:**

**Ersetzen:**  Skript   
  
Verweise auf Substrings (...) mittels \1 - \9

**Nummerieren:**  Neuanfang bei Ordne

**Arten:**  **Schritt:**

**Vorauswahl** der zu suchenden bzw. umzubennenden Dateien

**Unterordner-Ebenen**

z.B. : \*.???

Beliebiges Zeichen ?

Beliebige Zeichenkette \*

z.B. : (\*),(\*) , (...)

**RegExp = Regular Expression:**

Ein beliebiges Zeichen	.
Eine beliebige Zeichenkette	.*
Ein Zeichen der Auswahl (hier A,B,C,...Z)	[A-Z]
Ein Zeichen, aber keins aus der [Auswahl]	[^A-Z]
Eine beliebige Nummer (entspricht [0-9])	\d
Ein Zeichen, aber keine Nummer [^0-9]	\D
Ein Alphanumerisches Zeichen [0-9a-zA-Z_]	\w
Ein Zeichen, aber kein Alphanumerisches [^0-9a-zA-Z_]	\W
Ein Leerzeichen	\s
Ein Zeichen, aber kein Leerzeichen	\S
Einen Punkt an sich	\.
Suche am Anfang des Namens	^
Suche am Ende des Namens	\$
Alternative Suche	
Keinmal oder einmal	?
Keinmal oder öfters	*
Einmal oder öfters	+
Genau 'm' mal	{m}
Mindestens 'm' mal oder öfters	{m,}
Mindestens 'm' mal, aber nicht öfters als 'n' mal	{m,n}
Gruppierung/Tag	()

## Beispiel: Dateinamen kürzen, Pb-Nr. einfügen

Originaldateiname **fHNO-0003-00001-000001-00.nii**

Sitzungs-Nr. Scan-Nr. doppelt

**Ziel:**

- rot ersetzen
- grün nicht ersetzen

fHNO-0003-00001-000001-00.nii

**Suchen:** HNO-00(..-)-...-...(..)-00.nii

**Erläuterung:**

- rot ersetzen
  - direkt definiert
  - durch Platzhalter definiert
  - durch nichts ersetzen = löschen
- grün nicht ersetzen:
  - fehlt in „Ersetzen“ (f; .nii)
  - in „Ersetzen“ als Klammerausdruck (Sitzungs- und Scan-Nr.)

direkt definiert wird ersetzt durch 01 (Pbdnr)

Einzelzeichen werden durch Platzhalter (Punkte) repräsentiert!

Klammerausdrücke werden nicht ersetzt; sie werden repräsentiert durch \ und Nummer des Auftretens (Klammerausdruck \2 enthält die variable Sitzungsnummer)

**Ersetzen:** 01-\1\2 (Bindestrich nach Pbd-Nr. ergänzt)

**Ergebnis:** f01-03-01.nii

Original Name	Neu Name
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00001-000001-00.nii	f01-03-01.nii
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00002-000002-00.nii	f01-03-02.nii
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00003-000003-00.nii	f01-03-03.nii
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00004-000004-00.nii	f01-03-04.nii
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00005-000005-00.nii	f01-03-05.nii
<input type="checkbox"/> fHNO-0003-00006-000006-00.nii	f01-03-06.nii



Dr. med. Dipl. Psych. Cornelia Hummel

Interdisziplinäres Zentrum "Riechen und Schmecken"

Universitäts-HNO Klinik

TU Dresden, Fetscherstraße 74

01307 Dresden

[hummelc@web.de](mailto:hummelc@web.de)