

# Workflow und Software zur Erstellung individueller Konnektivitätsatlanten

Patrick Schiffler<sup>1,\*</sup> und Jan-Gerd Tenberge<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Neuroimaging Group, Institut für Translationale Neurologie, Universität Münster

\* schiffler@uni-muenster.de

**Abstract:** The investigation of specific white matter regions got increasingly important in modern DWI research. Papers often describe white matter pathways as regions under investigation but often lacking the explanation of how the regions are derived. This abstract presents an easy to use workflow as well as belonging software to generate individual connectivity atlases. These atlases can be used to investigate specific fiber-pathways and therefore quantify the underlying connection between gray matter regions.

## Motivation

Die Untersuchung von spezifischen Marklagerregionen ist in der Forschung, welche sich der diffusionsgewichteten Bildgebung (DWI) bedient, sehr wichtig geworden. Oft werden bestimmte Faserverbindungen zwischen Arealen der grauen Substanz (GM) als zu untersuchende Regionen verwendet. Dies geschieht in der Regel durch die Markierung mit Masken oder Atlanten. Durch Mittelung der unterliegenden Diffusionsmaße kann die Qualität der markierten Faserverbindungen quantifiziert werden.

Publikationen in diesem Gebiet beschreiben oft nur welche Faserverbindungen untersucht wurden und nicht wie diese Faserverbindungen markiert oder abgeleitet wurden. Dies erschwert die Reproduktion der beschriebenen Auswertung, insbesondere da diese Regionen oft so spezifisch sind, dass dafür keine passenden Marklageratlanten existieren.

Um dieses Problem zu lösen, haben wir einen Workflow sowie eine dazugehörige Software entwickelt, mit welcher sich aus solch beschriebene Faserverbindungen Atlanten generieren lassen, welche es erlauben die unterliegenden Faserverbindungen zu markieren und somit auch zu beurteilen. Dafür werden bestehende GM-Atlanten mit Faserrekonstruktion kombiniert und mittels der entwickelten Software in einen probabilistischen Atlas überführt.

## Methoden

Der entwickelte Workflow besteht aus den folgenden 4 Schritten.

1. Wähle geeignete Atlanten, welche die GM-Regionen, die als Start- und Endpunkt der Faserverbindungen dienen, beinhalten.
2. Registriere diese Atlanten in den DWI-Raum.
3. Rekonstruiere die Faserverbindungen in den DWIs.
4. Führe die entwickelte Software aus und parametrisiere sie mit den Atlanten, den rekonstruierten Fasern und den Labels der GM-Regionen.

Mittels diesem Workflow lassen sich einfach eigene probabilistische Atlanten erstellen, welche die gewünschten Faserverbindungen markieren.

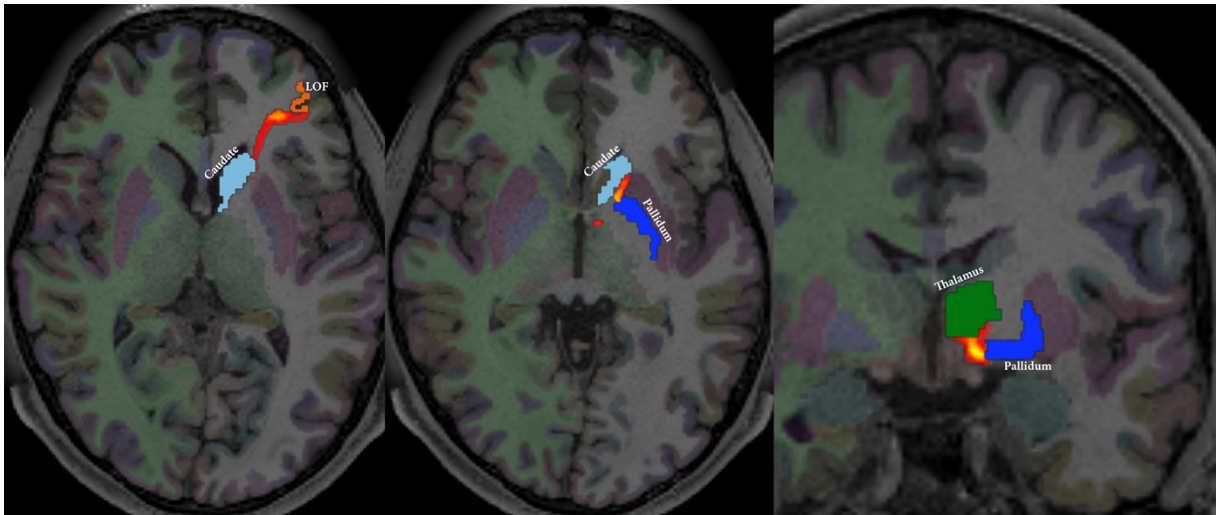
## Ergebnisse

Als Beispiel für die Verwendung dieser Methode rekonstruieren wir eine der in (1) vorgestellten cortico-striatalen Schleifen.

Die rekonstruierte Schleife, welche vom Kortex in das Striatum, vom Striatum in das Pallidum und vom Pallidum in den Thalamus führt, wird wie folgt beschrieben:

Lateraler orbitofrontaler Kortex (LOF) → Caudate → Pallidum → Thalamus

Wir verwenden im Folgenden einen Datensatz aus dem WU-Minn Human Connectome Project (HCP) collective (2), welches frei verfügbar ist und hochaufgelöste strukturelle sowie diffusionsgewichtete MRT-Aufnahmen beinhaltet. Als GM-Atlas wählen wir den Destrieux-Atlas, welcher von FreeSurfer's recon-all-Script generiert wird und in dem verwendeten Datensatz bereits enthalten ist. Die Rekonstruktion der Faserverbindungen führen wir mit dem Diffusion Toolkit durch. Nach dem Durchlauf der entwickelten Software erhalten wir als Ergebnis die Marklagerregionen wie in **Fig 1**. Jeder Teil der Schleife ist hier in einer separaten Schicht dargestellt. Die generierten Masken sind



**Fig. 1:** Ergebnis der Atlasgenerierung projiziert in eine T1-Aufnahme und die dazugehörige Kortexparzellierung mit dem Destrieux-Atlas. Die Start- und Endregionen sind jeweils hervorgehoben und beschriftet. Die Marklagerregionen sind für eine einfachere Erkennbarkeit in getrennten Schichten dargestellt.

jeweils in eine korrespondierende T1-Aufnahme projiziert und mit der Parzellierung in den Destrieux-Atlas überlagert. Es sind außerdem die Start- und Endregionen aus der GM markiert. Die probabilistische Maske, welche durch die Software generiert wurde ist als Farbverlauf dargestellt. Dieser stellt die Wahrscheinlichkeit dar, mit welcher das unterliegende Voxel zu dem Faserverlauf gehört. Es ist deutlich zu erkennen, dass der so generierte Atlas eine weitere Quantifikation der unterliegenden Fasern durch Mittelung, z.B. der maskierten Diffusionsparameter, erlaubt.

### Diskussion

Der vorgestellte Workflow erlaubt die einfache Generierung von eigenen probabilistischen Marklageratlanten, welche Faserverbindungen zwischen gewählten GM-Bereichen maskieren. Die so erstellten Atlanten eignen sich zur regionspezifischen Analyse des Marklagers sowie zur Quantifizierung der maskierten Faserverbindungen. Die dafür entwickelte

Software ist open-source und ist auf unserer Internetseite [neuro.github.io](http://neuro.github.io) frei verfügbar. Die vorgestellte Methode ist unabhängig von der Wahl der GM-Atlanten und Algorithmen zur Faserrekonstruktion und erlaubt somit eine einfache Verwendung und Integration in bestehende Auswert-Pipelines.

### Referenzen

1. Alexander, G. E., Delong, M. R., and Strick, P. L. Parallel organization of functionally segregated circuits linking basal ganglia and cortex. *Ann. Rev. Neurosci.* 9, 1986;357–381. doi: 10.1146/annurev.ne.09.030186.002041.
2. Van Essen, D. C., Smith, S. M., Barch, D. M., Behrens, T. E. J., Yacoub, E., Ugurbil, K., et al. The wu-minn human connectome project: an overview. *Neuroimage* 80, 2013;62–79. doi:10.1016/j.neuroimage. 2013.05.041.