
PIGAL Documentation

Release 1.0

KETZINGER,PELEGRINI-ISSAC,MESSE

December 30, 2013

Contents

1	Description technique version 1.1	1
1.1	Laboratoires	1
1.2	Auteurs	1
2	Brève description	3
2.1	Tutoriel d'utilisation	3
3	Introduction	15
4	Search	17

Description technique version 1.1

PIGAL est une application web pour l'analyse par la théorie des graphes des interactions anatomiques et fonctionnelles dans le cerveau humain

1.1 Laboratoires

Laboratoire d'imagerie Fonctionnelle UMR_S 678 Inserm/UPMC CHU Pitié-Salpêtrière 91 boulevard de l'Hôpital, 75013 Paris

1.2 Auteurs

KETZINGER Jean-Christophe, Ingénieur de Recherches (IR) - UPMC

MESSE Arnaud, Ingénieur de Recherches (IR) - IHU-A-ICM

PELEGRINI-ISSAC Mélanie, Ingénieur de recherches (IR) - Inserm

BENALI Habib, Directeur de recherche (DR) - Inserm

Brève description

Le cerveau humain est un réseau complexe dont les connexions fonctionnelles et anatomiques peuvent être étudiées à partir de données de neuroimagerie (en particulier d'IRM fonctionnelle et de diffusion). Ce réseau peut être représenté sous forme de graphe, ce qui fait de la théorie des graphes une approche de choix pour l'analyse de la connectivité anatomo-fonctionnelle. J'ai développé la plateforme logicielle Web "Python Interactive Graph Analysis Library" (PIGAL), qui permet de calculer de nombreuses mesures sur les graphes, de les comparer entre sujets, et de les visualiser de façon interactive. Le logiciel a été validé sur des données de connectivité anatomique de sujets sains et sur des données de connectivité fonctionnelle de patients atteints du syndrome de Gilles de la Tourette, ce qui a permis d'obtenir des résultats conformes à ceux de la littérature.

Contents:

2.1 Tutoriel d'utilisation

2.1.1 Execution

Pour exécuter PIGAL, deux cas de Figure possibles :

- **Exécuter PIGAL sur un serveur local.** Si vous avez accès aux codes sources de PIGAL et que vous avez installées toutes les dépendances requises, depuis une console dans le fichier source (branches) de PIGAL, ouvrir une console et taper : `python manage.py runserver & firefox "http://127.0.0.1:8000"` & Par défaut le port utilisé est le 8000. Cependant il est possible de choisir votre propre port en le spécifiant lors de l'appel python : `python manage.py runserver 8080 & firefox "http://127.0.0.1:8080"` &
- **Se connecter à un serveur où PIGAL est exécuté.** Si PIGAL est accessible via une url, il suffit de se connecter à cet url. Ouvrez votre navigateur et connectez vous à cet url ou via une console : `firefox "http://url-where-it-is-installed.something"` &

une fois sur l'application, il y a deux modes d'utilisation possible. le mode déconnecté et le mode connecté.

- **Le mode déconnecté, qui permet d'utiliser le logiciel avec un statut de visiteur.** Ce mode risque d'entraîner des comportements inattendus si une autre personne utilise le logiciel en même temps. Et toutes les informations utilisées seront accessibles par tous les autres utilisateurs.
- **Le mode connecté, qui permet d'utiliser le logiciel avec un statut privé.** Ce mode risque est sécurisé et permet de s'assurer qu'il n'y aie pas de conflit avec les autres utilisateurs. De plus les données des sessions de ce mode sont privées et toutes les matrices ajoutées sont privées. Pour utiliser PIGAL en mode privé,

vous devez vous inscrire puis vous connecter. Pour ce faire, cliquez sur l'icône "Login/Signup" en haut à gauche de l'écran.

2.1.2 En cas de problème

Ajoutez à l'url /PIGALAPP/ la petite solution reset : /PIGALAPP/reset Cette fonction réinitialisera PIGAL à son état d'origine mais gardera néanmoins toutes vos données en mémoire (Jeux de données et résultats). Si vous rencontrez à nouveau des problèmes, n'hésitez pas à entrer en contact avec le laboratoire et à envoyer un mail, pour décrire ce qui a causé ce bug. De manière plus générale, n'hésitez pas à faire remonter un bug sur le github de la documentation de PIGAL disponible à l'adresse : <https://github.com/jcketz/PIGAL>

2.1.3 Jeux de données

PIGAL est basé sur l'utilisation de matrices de corrélation acquises en se servant d'atlas et des fichiers de coordonnées qui y sont liés. De ce fait, il est primordial d'avoir à disposition ces fichiers ou de les préparer afin qu'ils respectent un bon format de fichier permettant d'être ajoutés et traités par le programme PIGAL.

Sujet unique

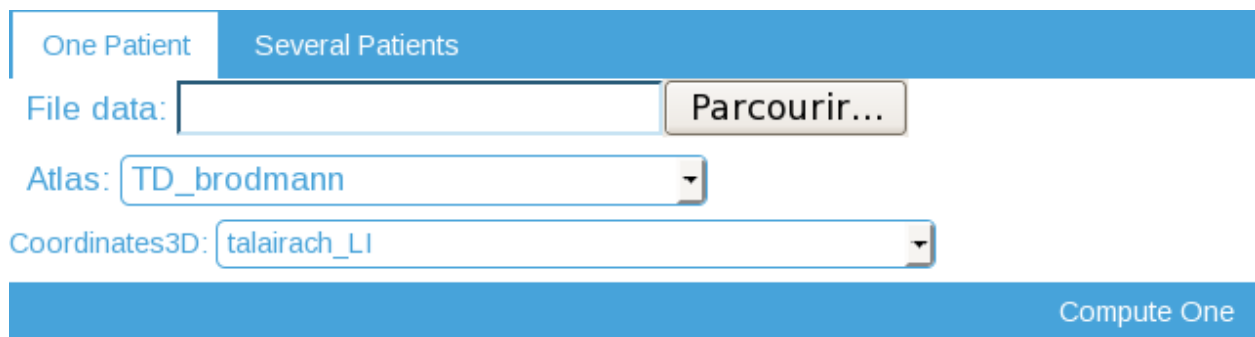
Pour utiliser PIGAL avec un sujet unique, dans l'interface de PIGAL, sélectionner l'onglet "Dataset". L'onglet "Single Patient" est activé par défaut. Il est nécessaire d'avoir en possession une matrice de corrélation. Cette dernière doit être au format .mat d'un objet MATLAB® (Un objet matlab pouvant contenir beaucoup d'informations, les matrices reconnues par PIGAL doivent être contenue dans une matrice MATLAB® appelée 'CIJ','CIJctx','cij') ou au format.txt et se présentant comme suit.

```
0.000000e+00 1.2610504e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 3.6686482e-01 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 2.6221388e-02 0.000000e+00 2.9491378e-03 9.0762331e-03 0.000000e+00
1.1226342e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 3.2698998e-01 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 4.1087918e-02 0.000000e+00 0.000000e+00 1.1487976e-02 7.9736500e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 4.5426853e-03 1.7505940e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 8.2509069e-02 7.1862246e-03 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 1.9591319e-01 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 3.8973134e-02 0.000000e+00 0.000000e+00 1.0156230e-03 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 2.2515412e-03 3.5315018e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 1.0470187e-01 1.4092561e-02 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
1.2610504e-03 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00 0.000000e+00
```

Exemple de matrice au format .txt. Chaque ligne de la matrice doit être une ligne du fichier texte et chaque valeur doit être séparée des autres par une tabulation ou une virgule.

Pour l'atlas utilisé, il y a deux possibilités :

- Soit d'utiliser un atlas déjà présent dans la base de données de PIGAL, auquel cas, il suffit de sélectionner l'atlas correspondant dans le menu déroulant.



Interface de sélection d'un patient à analyser

- Soit d'en ajouter un via le module destiné à cet effet sur le côté droit de la page de l'onglet "Dataset".

Module d'ajout d'un atlas L'atlas à ajouter devra être au format .txt et fournir la liste des labels des régions d'intérêts classés dans l'ordre désiré.

```
[freesurferlabels]
lh.G_and_S_frontomargin
lh.G_and_S_occipital_inf
lh.G_and_S_paracentral
lh.G_and_S_subcentral
lh.G_and_S_transv_frontopol
lh.G_and_S_cingul-Ant
lh.G_and_S_cingul-Mid-Ant
lh.G_and_S_cingul-Mid-Post
lh.G_cingul-Post-dorsal
lh.G_cingul-Post-ventral
lh.G_cuneus
lh.G_front_inf-Opercular
```

Format de l'atlas désiré. Le titre est optionnel mais, s'il est présent, doit être entre crochets.

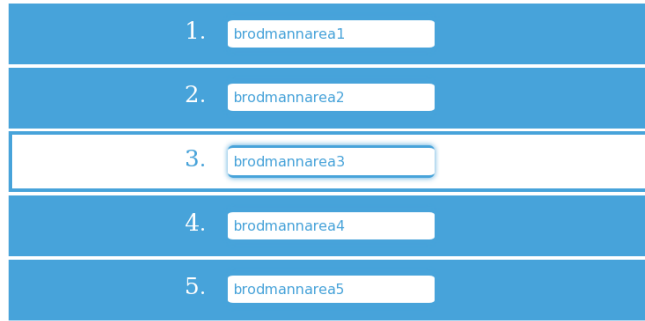
Il en va de même pour les fichiers de coordonnées des régions de l'atlas permettant d'afficher les régions dans le maillage 3D. Soit on sélectionne le fichier déjà dans la base de données, soit on peut ajouter un fichier de coordonnées via le module destiné à cet effet sur le côté droit de la page de l'onglet "Dataset".

Module d'ajout d'un fichier de coordonnées

```
-23.125070 56.795850 -8.857543
-37.201791 -82.629477 -13.177686
-7.994430 -33.115856 67.396955
-55.894234 -11.354487 14.547595
-14.270588 63.567320 -0.688889
-7.778330 38.984758 9.011928
-7.265543 16.066913 34.291359
-7.117565 -11.668216 40.582714
-3.720578 -38.229181 30.673778
-7.533719 -48.882466 6.368015
-5.244763 -81.996692 17.007718
-49.847458 11.533701 9.083563
-43.631380 30.950851 -10.275992
```

Format du fichier de coordonnées. Donne les triplets de coordonnées, x,y,z dans l'espace MNI pour les centres des régions d'intérêt

Dans le cas où le nombre de régions entre la matrice entrée et le nombre de régions de l'atlas sélectionné seraient différents, un pop-up s'affiche et permet de sélectionner, de retirer, de renommer ou d'ajouter des régions d'intérêt. Cet écran s'affichera tant que les nombres de régions ne seront pas identiques.



You have to select 30 regions (already selected by default)
 Hold the ctrl key to select the regions of interest
 You can rename and add regions
 A selected region appears in a blue box



brodmannarea1,brodmannarea2,brodmannarea4,brodmannarea5

Il faut maintenir la touche ctrl du clavier pour sélectionner le nombre de régions d'intérêt désirées. Une région sélectionnée apparaît dans une case bleue. Les régions peuvent être renommées et de nouvelles ajoutées

Plusieurs sujets

Préparation des données

Pour traiter le cas d'un jeu de données plus important, il est possible d'importer un fichier compressé au format .zip dans l'onglet "Dataset" et Several patients de PIGAL. Le fichier .zip doit respecter ces conditions :
 -Contenir les matrices de connectivité à importer dans un répertoire appelé matrix
 -Contenir, si besoin*, les atlas à importer dans un répertoire appelé atlas
 -Contenir, si besoin*, les fichiers de coordonnées à importer dans un répertoire appelé coords
 -Contenir un fichier au format .csv comportant les informations relatives aux sujets :

*Si besoin signifie que ces répertoires et les fichiers d'atlas et de coordonnées ne sont pas nécessaires si ces derniers sont déjà stockés dans la base de données de PIGAL (voir la liste des atlas présents dans le menu déroulant de PIGAL)



atlas



coords



matrix



restingstatedti.csv

Contenu du fichier zip



freesurferlabels.txt

Exemple de contenu du répertoire atlas, ce fichier peut contenir plusieurs atlas



coords.txt

Exemple de contenu du répertoire coords, ce fichier peut contenir plusieurs fichiers de coordonnées



subject1.txt



subject2.txt



subject3.txt



subject4.txt



subject5.txt



subject6.txt



subject7.txt



subject8.txt



subject9.txt



subject10.txt



subject11.txt



subject12.txt



subject13.txt



subject14.txt



subject15.txt



subject16.txt



subject17.txt



subject18.txt



subject19.txt



subject20.txt



subject21.txt

Exemple de contenu du répertoire matrix, ce fichier peut contenir plusieurs fichiers de matrices

Le fichier csv doit se présenter comme suit : Ce fichier doit contenir une première ligne d'entête avec des champs obligatoires :
 • IDENTIFIER : Le nom que vous souhaitez donner à votre sujet, un identifiant de préférence unique.
 • MATRIX : Le nom du fichier de la matrice de connectivité du sujet. Ce champs doit contenir l'extension du fichier (.mat ou .txt)
 • ATLAS : Le nom du fichier .txt de l'atlas utilisé (ne pas écrire l'extension).
 • COORDINATES : Le

nom du fichier .txt du fichier de coordonnées utilisé (ne pas écrire l'extension). • GROUP : Le nom du(des) groupe(s) auquel(s) appartient le sujet. Le nom de fichier des matrices doit contenir l'extension du fichier (.mat ou .txt), les autres extensions ne sont pas nécessaires car étant des fichiers (.txt) Le séparateur pour les champs est la virgule. La première ligne du fichier aura donc la forme : IDENTIFIER,MATRIX,ATLAS,COORDINATES,GROUP

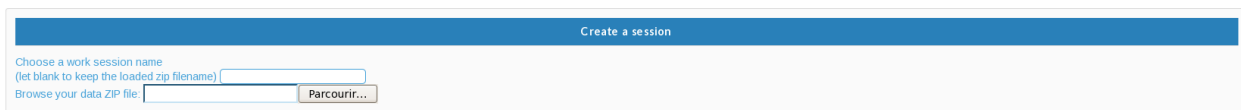
```
identifieur,MATRIX,ATLAS,COORDINATES,GROUP
subj1,subject1.txt,freesurferLabels,coords,1
subj2,subject2.txt,freesurferLabels,coords,1
subj3,subject3.txt,freesurferLabels,coords,1
subj4,subject4.txt,freesurferLabels,coords,1
subj5,subject5.txt,freesurferLabels,coords,1
subj6,subject6.txt,freesurferLabels,coords,1
subj7,subject7.txt,freesurferLabels,coords,1
subj8,subject8.txt,freesurferLabels,coords,1
subj9,subject9.txt,freesurferLabels,coords,1
subj10,subject10.txt,freesurferLabels,coords,1
subj11,subject11.txt,freesurferLabels,coords,1
subj12,subject12.txt,freesurferLabels,coords,1
```

Exemple de fichier CSV présentant les données

Il est possible d'ajouter des champs au tableau qui sera affiché en ajoutant les lignes comme suit : identifieur,MATRIX,ATLAS,COORDINATES,GROUP,age,city AS1,regionsASsuj1.mat,labels_AS,mni_AS,1,25,Paris Les matrices ajoutées et les sessions sont privées si vous utilisez PIGAL en mode connecté, cependant les atlas et les fichiers de coordonnées chargés sont publics, les autres utilisateurs pourront les utiliser à leur convenance.

Importation et utilisation dans PIGAL

Une fois les données préparées dans votre fichier ZIP, tout est prêt à être importé dans PIGAL. Pour ce faire, dans l'interface de PIGAL, sélectionner l'onglet "Dataset". Puis l'onglet "Several Patients". Sur cette page, une zone "Create a session" est affichée. C'est cette dernière qui sert à importer le fichier ZIP précédemment préparé. Il vous est alors demandé de choisir un nom de session et d'importer le fichier ZIP de votre choix. En laissant la zone de nom du fichier zip vide, votre session de travail prendra le même nom que votre fichier ZIP. Le chargement de la nouvelle session débute dès qu'un fichier est sélectionné sur votre ordinateur. Patientez, la session va se créer, avec son nom et la date de sa création et un tableau va apparaître. Si ce dernier tarde à se montrer, vous pouvez recharger la page.



Zone de création de session

Il est possible de passer d'une session à une autre en sélectionnant la session de travail désirée dans le menu déroulant prévu à cet effet. La session est alors automatiquement chargée.

Nous attirons votre attention sur le fait que les sessions en mode déconnecté sont accessibles à tous les autres utilisateurs et modifiables par ces derniers. Aussi nous recommandons d'utiliser PIGAL en mode connecté de manière à protéger vos sessions et vos matrices.

Select Patient : compute visualization

ID	IDENTIFIER	MATRIX	ATLAS	COORDINATES	GROUP
1	subj1	subject1.txt	freesurferLabels	coords	1
2	subj2	subject2.txt	freesurferLabels	coords	1
3	subj3	subject3.txt	freesurferLabels	coords	1
4	subj4	subject4.txt	freesurferLabels	coords	1
5	subj5	subject5.txt	freesurferLabels	coords	1
6	subj6	subject6.txt	freesurferLabels	coords	1
7	subj7	subject7.txt	freesurferLabels	coords	1
8	subj8	subject8.txt	freesurferLabels	coords	1
9	subj9	subject9.txt	freesurferLabels	coords	1
10	subj10	subject10.txt	freesurferLabels	coords	1

Grille éditable du jeu de données importé

Il est dès à présent possible de modifier directement le tableau, ce qui modifiera directement les informations de la session. Chacune des cases autres que celle de la colonne ID du tableau peut être éditée à volonté. Les cases atlas

proposent un menu déroulant avec la liste des atlas disponibles, les cases coordonnées proposent la liste des fichiers de coordonnées disponibles et les colonnes dont le titre contiennent le mot date proposent un calendrier.

Pour calculer et visualiser les mesures de graphe pour un sujet de cette liste. Il faut le sélectionner avec son "IDENTIFIÉ" dans le menu déroulant et cliquer sur le bouton "compute visualization". Dès lors, il est possible d'extraire les informations du graphe du patient sélectionné.

2.1.4 Analyse

L'onglet "Analysis" de PIGAL est accessible lorsqu'un sujet valide a été sélectionné dans la partie "Dataset".

Un sujet est considéré comme valide si le nombre de régions de l'atlas et de la matrice du sujet sélectionné correspondent.

En cliquant sur le bouton "Extract Graph Features", un pop-up s'ouvre permettant de sélectionner dans le menu accordéon les opérations disponibles que PIGAL permet d'effectuer sur la matrice et le graphe qui y est lié. Par défaut, toutes les opérations autres que les seuillages sont sélectionnées. Il est possible, en cliquant sur les icônes plus et moins sur le côté droit, d'inverser la sélection d'une opération ou d'une catégorie d'opérations.

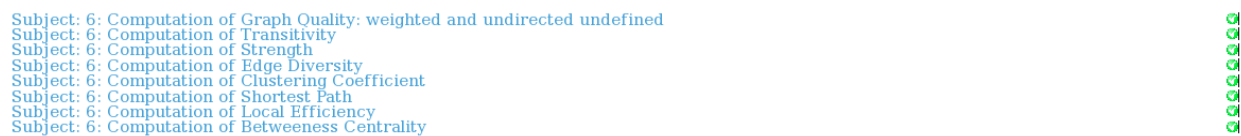
Certaines opérations appartiennent à plusieurs groupes. Le fait de retirer une opération de la sélection dans un groupe la retirera dans tous les groupes auxquels elle appartient.

Cliquer sur le bouton "compute graph measures" exécutera la fonction d'extraction des caractéristiques du graphe et affichera l'avancement des opérations à l'écran. Le détail s'actualise toutes les deux secondes. Le pop-up se fermera à la fin du calcul.



Page de sélection des opérations à effectuer sur le graphe

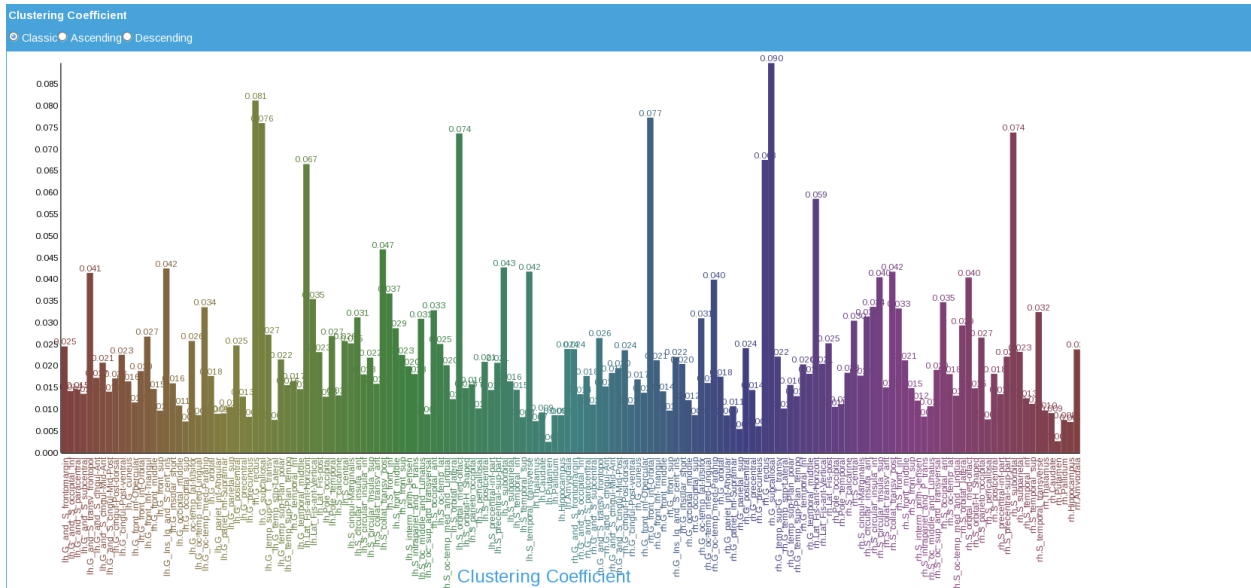
A la fin du calcul, les résultats sont affichés directement dans l'onglet "Analysis". Les valeurs globales sont rangées dans un tableau. Les valeurs locales sont affichées à la suite sous forme d'histogrammes interactifs permettant d'observer le détail des valeurs locales de manière plus représentative. Pour l'affichage des histogrammes, les valeurs sont affichées par défaut dans l'ordre des régions du fichier d'atlas. Cependant, il est possible d'afficher les valeurs par ordre croissant ou décroissant.



Page de détail des opérations en cours et effectuées

Global measure	Value
Density	0.08584905660377358
Nodal Diversity	0.12293390119761337
Average Shortest Path	0.008062568090828136
Hierarchy	1.5828946717813561
Transitivity	0.012882589070692063
Global Efficiency	0.03078005324292624
Small World Index	0.9461298801507522
Assortativity	-0.048392178592674084

Affichage des résultats des mesures globales



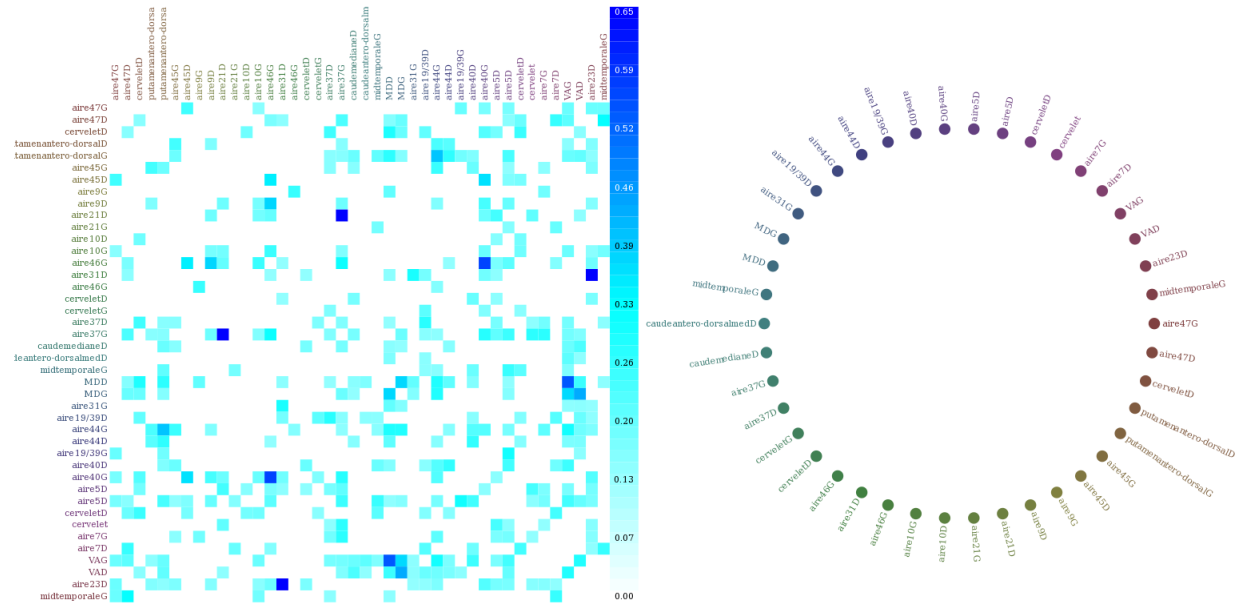
Affichage d'histogramme pour les valeurs locales : exemple avec le coefficient de regroupement local

2.1.5 Visualisation

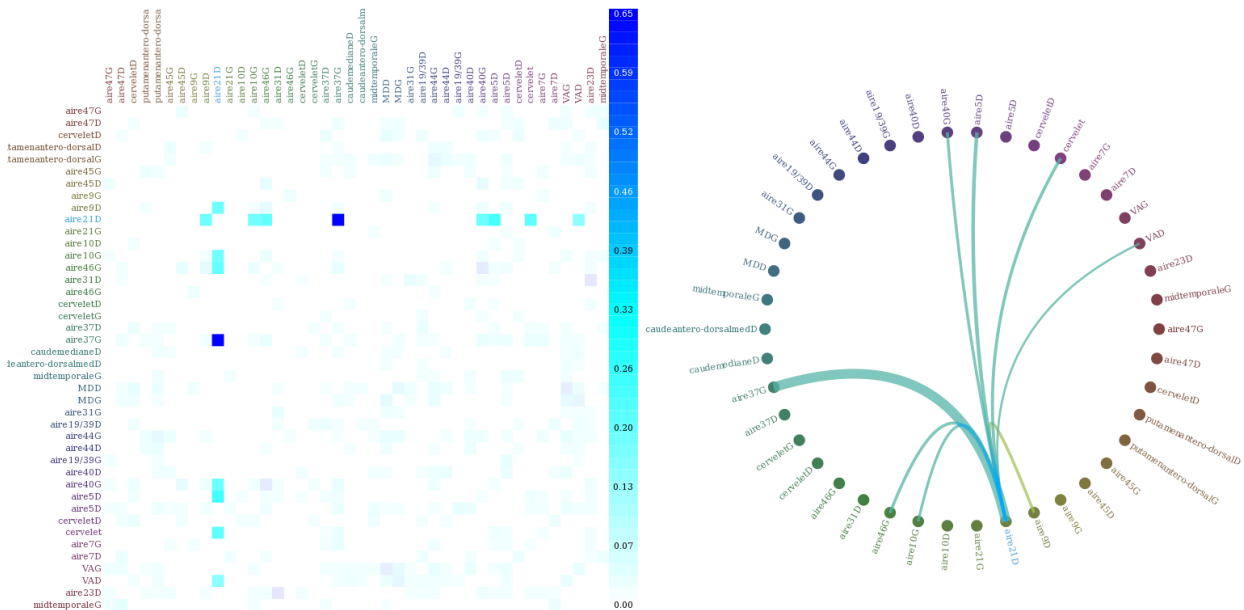
L'onglet "Visualization" de PIGAL est accessible lorsqu'un sujet valide a été sélectionné dans la partie "Dataset"

La visualisation matricielle et circulaire

La visualisation matricielle et circulaire obtenue en cliquant sur le bouton "Interactive Matrix and Irimia Representation" permet de donner une idée plus claire des connexions existantes entre les régions.



Visualisation de toute la matrice

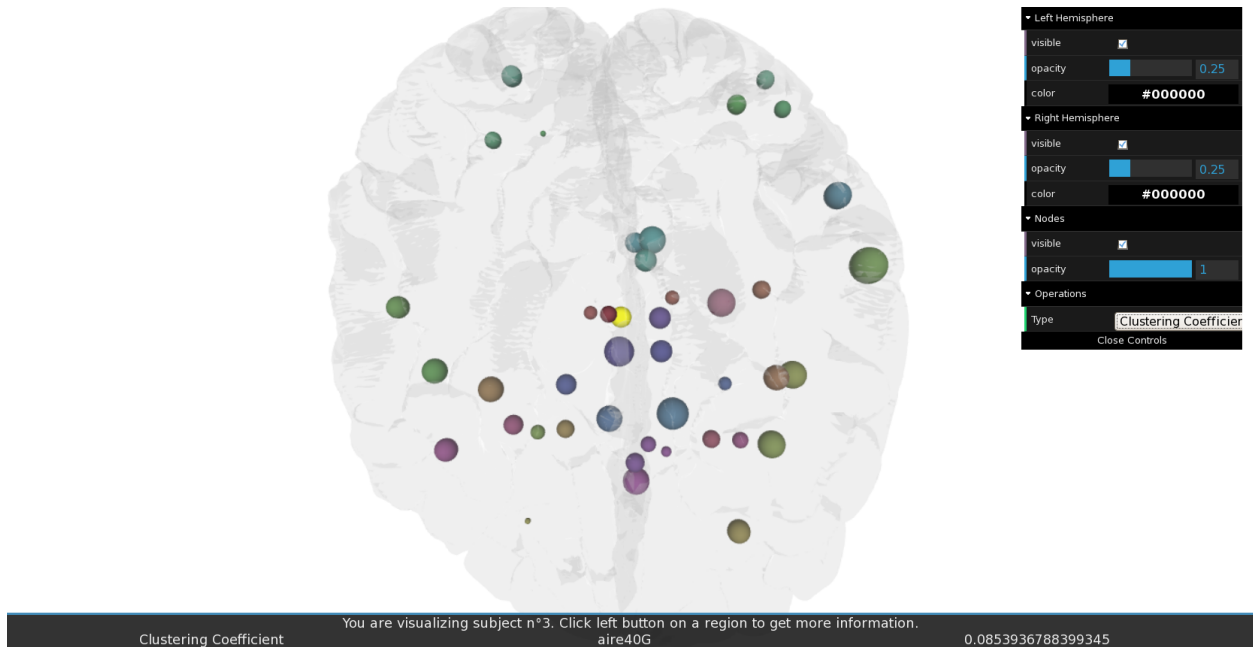


Visualisation des connexions d'une région sélectionnée

Il est possible de cliquer sur une région pour savoir à quelles autres régions de l'atlas sélectionnée cette dernière est connectée.

La visualisation 3D

Accessible après analyse d'un sujet.



Visualisation en 3 dimensions des régions d'intérêt

2.1.6 Statistiques

Dans l'onglet "Statistics" de PIGAL, l'utilisateur doit choisir les groupes d'utilisateurs qu'il veut comparer. Une fois les groupes choisis, il peut cliquer sur le bouton "Extract Groups Features Statistics".

Si les groupes choisis sont valides, un pop-up s'ouvre permettant de sélectionner dans le menu accordéon les opérations disponibles que PIGAL permet d'effectuer sur les matrices et les graphes qui y sont liés dans les groupes considérés. Par défaut, toutes les opérations autres que les seuillages sont sélectionnées. Il est possible, en cliquant sur les icônes plus et moins sur le côté droit, d'inverser la sélection d'une opération ou d'une catégorie d'opérations.

Certaines opérations appartiennent à plusieurs groupes. Le fait de retirer une opération de la sélection dans un groupe la retirera dans tous les groupes auxquels elle appartient.

Cliquer sur le bouton "compute graph measures" exécutera la fonction d'extraction des caractéristiques du graphe pour chaque sujet de chaque groupe et affichera l'avancement des opérations à l'écran. Le détail s'actualise toutes les deux secondes. Des tests statistiques de Student sont enfin calculées et les résultats sont affichés sur la page de l'onglet "statistics" lorsque le pop-up se ferme à la fin du calcul.

Threshold Matrix	+
Global Measures	+
Local Measures	-
Centrality Measures	-
Segregation Measures	-
Strength	-
Clustering Coefficient	-
Average Shortest Path	-
Shortest Path	-
Transitivity	-
Local Efficiency	-
Integration Measures	-
Resilience Measures	-
compute graph measures	

Page de sélection des opérations à effectuer sur le graphe

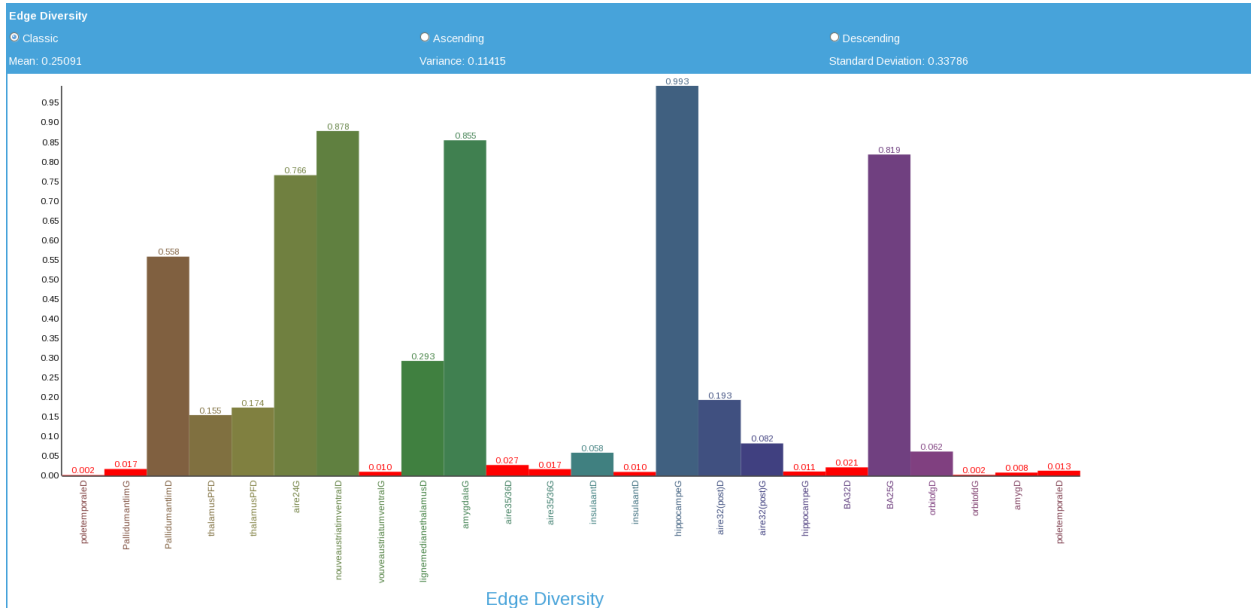
Subject: all: Computation of subject 3/22	
Subject: subj1: Computation of Graph Quality: weighted and undirected undefined	
Subject: subj1: Computation of Density	
Subject: subj1: Computation of Nodal Diversity	
Subject: subj1: Computation of Average Shortest Path	
Subject: subj1: Computation of Hierarchy	
Subject: subj1: Computation of Transitivity	
Subject: subj1: Computation of Global Efficiency	
Subject: subj1: Computation of Small World Index	
Subject: subj1: Computation of Assortativity	
Subject: subj1: Computation of Strength	
Subject: subj1: Computation of Edge Diversity	
Subject: subj1: Computation of Clustering Coefficient	
Subject: subj1: Computation of Shortest Path	
Subject: subj1: Computation of Local Efficiency	
Subject: subj1: Computation of Betweenness Centrality	
Subject: subj2: Computation of Graph Quality: weighted and undirected undefined	
Subject: subj2: Computation of Density	
Subject: subj2: Computation of Nodal Diversity	
Subject: subj2: Computation of Average Shortest Path	
Subject: subj2: Computation of Hierarchy	
Subject: subj2: Computation of Transitivity	
Subject: subj2: Computation of Global Efficiency	
Subject: subj2: Computation of Small World Index	
Subject: subj2: Computation of Assortativity	
Subject: subj2: Computation of Strength	
Subject: subj2: Computation of Edge Diversity	
Subject: subj2: Computation of Clustering Coefficient	
Subject: subj2: Computation of Shortest Path	
Subject: subj2: Computation of Local Efficiency	
Subject: subj2: Computation of Betweenness Centrality	
Subject: subj3: Computation of Graph Quality: weighted and undirected undefined	
Subject: subj3: Computation of Density	
Subject: subj3: Computation of Nodal Diversity	
Subject: subj3: Computation of Average Shortest Path	
Subject: subj3: Computation of Hierarchy	
Subject: subj3: Computation of Transitivity	
Subject: subj3: Computation of Global Efficiency	
Subject: subj3: Computation of Small World Index	
Subject: subj3: Computation of Assortativity	
Subject: subj3: Computation of Strength	

Page de détail des opérations en cours et effectuées

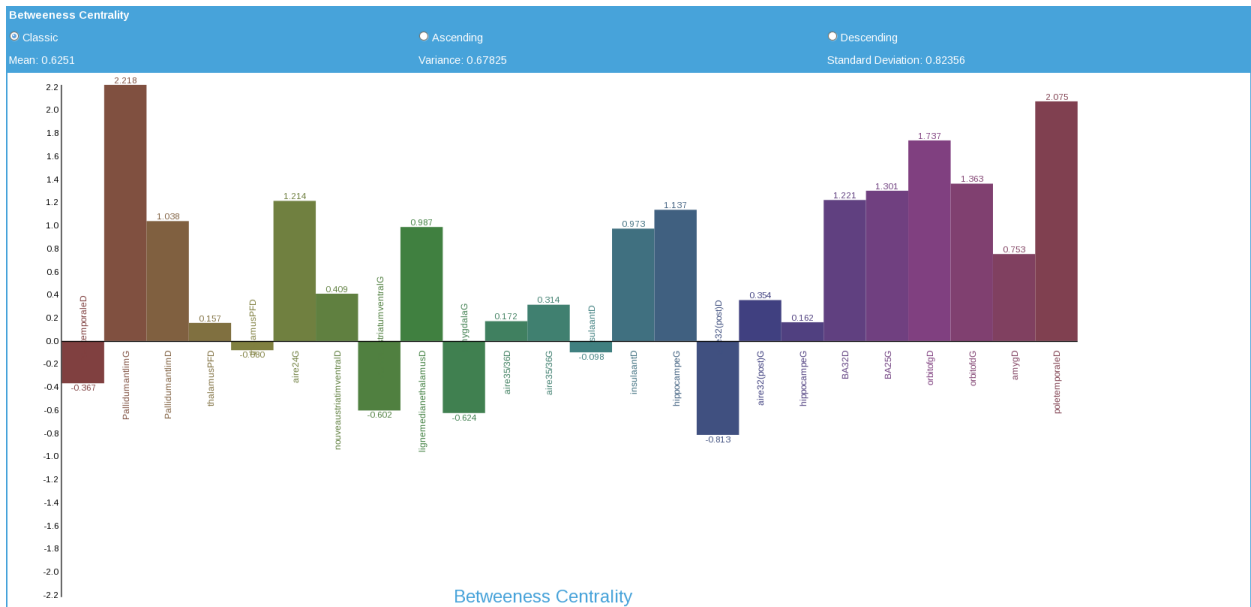
Il est alors possible de choisir dans le menu déroulant d'afficher la moyenne des sujets du groupe 1, celle du groupe 2, les valeurs du test statistique ou la valeur de p.

Global measures	Values
Density	0.02353867420891189
Nodal Diversity	0.0946741563528519
Average Shortest Path	0.26601031058944643
Hierarchy	0.03952074759447092
Transitivity	0.03004670037673595
Global Efficiency	0.021785863691142906
Small World Index	0.43143428317794286
Assortativity	0.30272317042682173

Affichage de la valeur de p du test statistique de Student pour les mesures globales des groupes choisis



Affichage d'histogramme pour les valeurs locales : exemple avec la diversité des liens et les valeurs de p. En rouge les valeurs significativement différentes entre les deux groupes. Une valeur est considérée significative si sa valeur de p est inférieure à 1 sur le nombre de patients. Ce qui est généralement plus sélectif que le $p < 0.05$ usuellement utilisé



Affichage d'histogramme pour les valeurs locales : exemple avec la centralité d'interm édiarité et les valeurs du test

statistiques. L'échelle s'ajuste aux valeurs à afficher.

Introduction

Notre cerveau est un réseau présentant une organisation à deux niveaux. D'une part, il existe une représentation fonctionnelle selon laquelle des régions de la substance grise du cerveau, qui peuvent être distantes les unes des autres, échangent de l'information pour gérer nos fonctions cognitives et comportementales.

D'autre part, cette information circulant sous forme électrique le long des axones de la substance blanche, il existe une représentation anatomique des liens structurels entre les différentes régions du cerveau, liens que l'on peut cartographier. Ces deux représentations impliquent qu'il existe une connectivité fonctionnelle et une connectivité anatomique dans le cerveau humain.

Depuis la dernière décennie, les techniques d'imagerie cérébrale, qu'elles soient anatomiques ou fonctionnelles, connaissent une évolution sans précédent, en particulier l'imagerie par résonance magnétique (IRM) fonctionnelle (IRMf) et de diffusion (IRMd). Les méthodes d'analyses des données acquises suivent une évolution similaire. L'utilisation de la théorie des graphes a récemment été proposée pour étudier l'organisation générale du cerveau humain. Elle a pour but d'établir un plan complet de la connectivité anatomo-fonctionnelle cérébrale et de révéler des biomarqueurs efficaces permettant par exemple de caractériser des pathologies et leur évolution au cours du temps.

Ce travail s'inscrit dans l'optique de faciliter l'analyse par la théorie des graphes des interactions anatomo-fonctionnelles cérébrales. **Il a eu pour objectif le développement de la boîte à outils PIGAL (Python Interactive Graph Analysis Library), qui propose de mettre à disposition une interface simple d'utilisation regroupant de nombreuses fonctionnalités liées à la théorie des graphes, favorisant des comparaisons de cohortes par le biais de méthodes statistiques conventionnelles et proposant des outils de visualisation interactive. Ce logiciel ayant pour objectif d'être accessible, modulable et facile à améliorer.**

De nombreux outils sont disponibles sur le Web pour appliquer la théorie des graphes. Il existe des bibliothèques de fonctions et des scripts nécessitant de réaliser les calculs en ligne de commande (e.g. Brain Connectivity Toolbox ou NetworkX), il existe aussi des logiciels à installer en local proposant une interface graphique (e.g. Graph Analysis Toolbox, Brain Net Viewer, Multimodal Brain NETWORK, igraph) ou encore des applications Web (e.g. The Virtual Brain, UCLA Multimodal Connectivity Database) dont les codes sources ne sont pas toujours accessibles. Les caractéristiques techniques de ces outils sont comparées dans la section 1. Cependant, il n'existe pas, à ce jour, d'outil permettant à la fois la comparaison de groupes, la visualisation interactive et le calcul de mesures de la théorie des graphes. N'ayant pu rencontrer l'évolutivité et la clarté d'utilisation souhaitée, Arnaud Messé a donc proposé à Jean-Christophe KETZINGER de contribuer à combler ce manque et de développer le projet PIGAL.

Search

- *search*