

תוכן עניינים

נושא	עמוד
1. העברת הנתונים מקובץ האיפריים לפורמט פרוטוקול – PRF	2
2. ארגון נתונים מהמגנט	3
3. עיבוד מקדים של הנתונים – איחוד חתכים / ווליומים שכרגע נמצאים כקבצים בודדים....	5
4. "יישור" התמונה האנטומית עם הנתונים התפקודיים – coregistration	9
5. העברת נתונים אנטומיים לקואורדינטות Talairach	11
6. העברת נתונים פונקציונליים ל Talairach	14
7. חיבור הפרוטוקול לקובץ ה VTC	16
8. אנליזה לכל הרצה בנפרד	17
9. קונטרסטים	18
10. איחוד הרצות (או נבדקים) לניתוח אחד	19
11. יצירה של קבצי MLG	21
12. יצירת קונטרסטים	21
13. שמירת קונטרסטים	23
14. תיקונים סטטיסטיים – Cluster correction	24
15. חילוף ערכי ביתא ואפשרויות סטטיסטיות מתקדמות	25

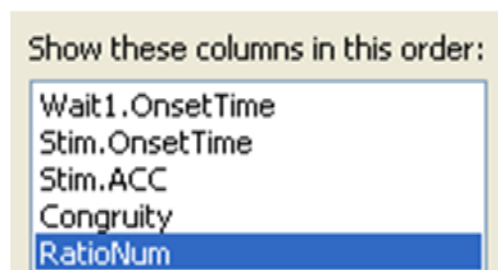
1. העברת הנתונים מקובץ האיפריים לפורמט פרוטוקול – PRF.

****זמנים שחשוב להעביר לפרוטוקול:**

- (1) הזמן שבו המגנט התחיל לעבוד
- (2) הזמן מהרגע שהמגנט התחיל לעבוד ועד להצגת הגירוי הראשון (קבוע)
- (3) מתי הופיע כל גירוי
- (4) מתי נעלם כל גירוי (אם זמן ההצגה של הגירוי זהה, אז גם זה קבוע)

****חשוב גם להעביר את המשתנים התוך נבדקיים שרוצים לנתח.**

לדוגמה:



תמונה 1

- Wait1.onset time או השקופית הראשונה שהופיעה ברגע שהמגנט הפעיל את האיפריים. לשקופית הזו יש משך זמן קבוע של 3 שניות.
- Stim.OnsetTime - זמן הופעת כל גירוי
- Stim.ACC - דיוק (חשוב כדי לנפות תגובות לא נכונות)
- Congruity, rationum - אלו המשתנים הבלתי תלויים התוך נבדקיים שלי.

****חשוב לשמור על סדר קבוע עבור כל קבצי האיפריים של כל הנבדקים.**

- בקובץ האיפריים מציגים רק העמודות הרלוונטיות – תמיד באותו הסדר, ומייצאים לאקסל. אין צורך לבצע פילטורים. זה נעשה ברמת אחר כך בקובץ המטלב.
- נותנים לקבצי האקסל שם: מספר הנבדק_שם הבלוק (למשל 01_discrete) ושומרים בפורמט 2003

**** קובץ מטלב שנוצר במיוחד מחלץ את זמני ההופעה וההעלמות של כל גירוי לפי הסדר, ומפריד לפי משתנים תוך נבדקיים. הקובץ גם מפריד את הטעויות מיתר הצעדים (כי בדרך כלל יש מעט ואי אפשר לנתח).**

כדי להשתמש בקובץ צריך (1) לשמור את קבצי האקסל באותה תיקייה של קוד המטלב (2) להריץ, לפתוח את קובץ האקסל המתאים ולחכות. הקובץ שנוצר הוא בפורמט PRT. צריך לעשות את זה בנפרד למטלה הבדידה ולמטלה הרציפה.

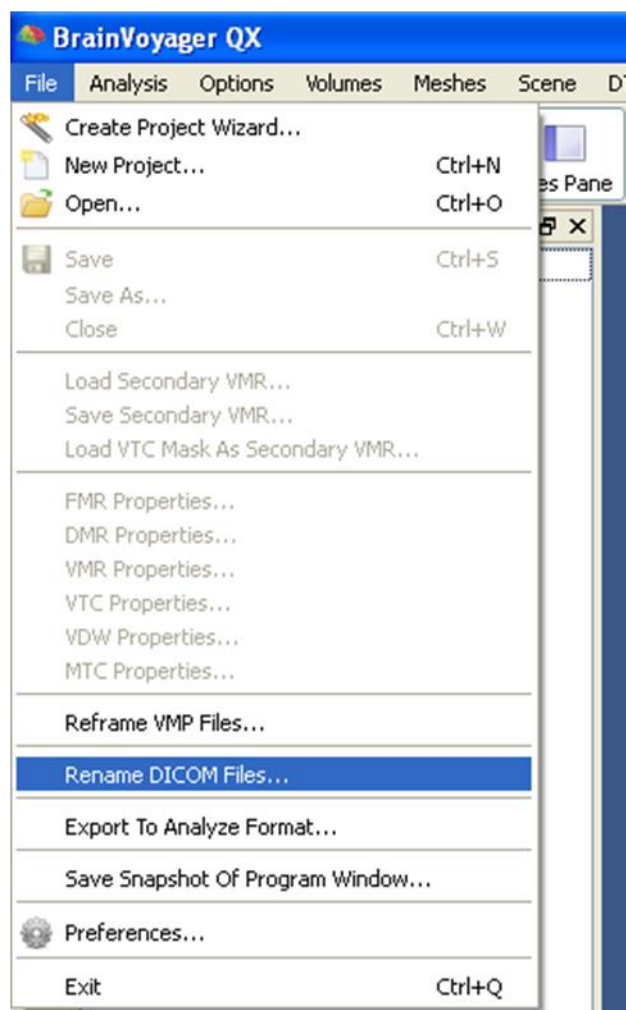
שם קובץ המטלב שצריך לפתוח הוא structfile_RUN.

2. ארגון הנתונים מהמגנט:

השלב הראשון הוא לשנות את הפורמט ל Dicom.

ב brain voyager:

File → rename Dycom files



תמונה 2

מחפשים את התיקיה הספציפית ולוחצים על go

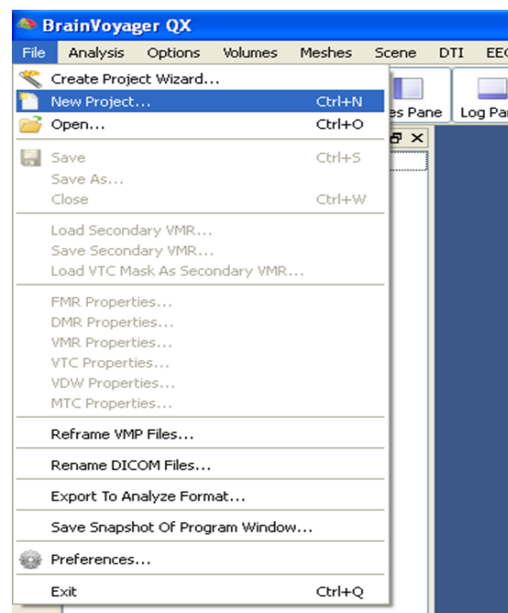
מארגנים את הנתונים לתיקיות: תיקיית אנטומיה ותיקייה לכל בלוק (אצלי לבלוק רציף ולבלוק בדיד)

- שם הקובץ בנוי כך שקודם מופיע תאריך, ואז מספר הנבדק ואז מספר ה"תהליך" הספציפי לפי פרוטוקול הניסוי הספציפי.
- פרוטוקול הניסוי שלי:
 - 001 - לוקלייזר – סריקה קצרה שממקמת את המוח בתוך הסורק.
 - 002 - טריגר – פולסים ששולח הסורק למחשב כדי לוודא שהם אכן מחוברים והניסוי יתחיל.
 - 003 - טריגר עם תיקון לתנועות (זה קורה אוטומטית אבל לא מתשמים בזה. התוכנה אחר כך עושה את זה יותר טוב
 - 004 - הבלוק הראשון שלי (בדיד או רציף) – שמכיל 316 ווליומים (בעתיד נשנה ל 318)
 - 005 - הבלוק הראשון שלי עם תיקון לתנועות (להתעלם)
 - 006 - הבלוק השני שלי (בדיד או רציף) מכיל 318 ווליומים
 - 007 - הבלוק השני שלי עם תיקון לתנועות (להתעלם)
 - 008 - הסריקה האנטומית (192 חתכים)
- אם כך: - במקרה שמתחילים עם בדיד ואז רציף:
 - קבצים עם מספר תהליך 004 יישמרו בתיקיית discrete
 - קבצים עם מספר תהליך 006 יישמרו בתיקיית continuous
 - קבצים עם מספר תהליך 008 יישמרו בתיקיית anatomy
- כגיבוי, כדאי להעתיק את הקבצים לתיקיות ולא להעביר אותם.

3. עיבוד מקדים של הנתונים – איחוד חתכים / ווליומים שכרגע נמצאים כקבצים בודדים

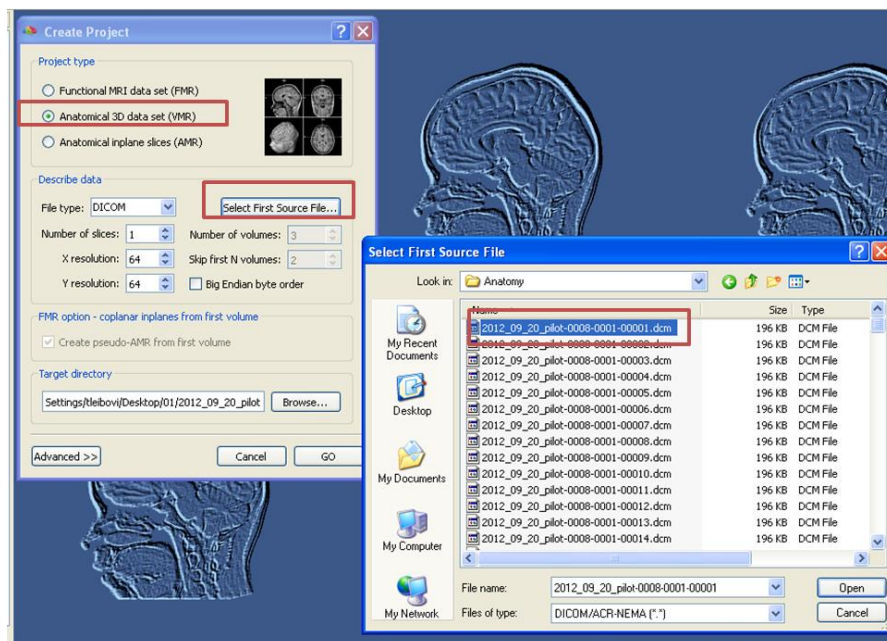
איחוד תמונה אנטומית:

File → new project → anatomical 3D data set (VMR)



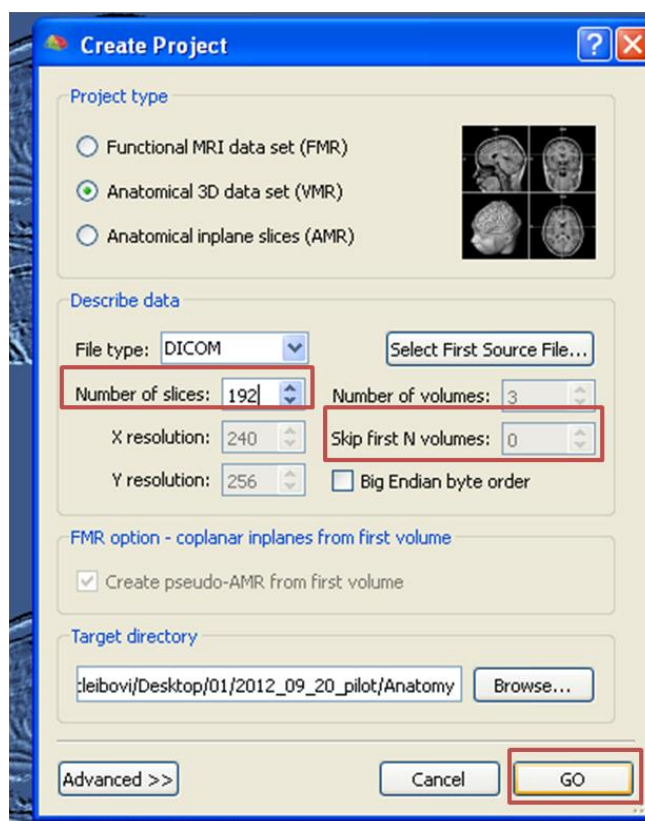
תמונה 3

לוחצים על select first source file ובוחרים את הקובץ הראשון בתיקיה האנטומית



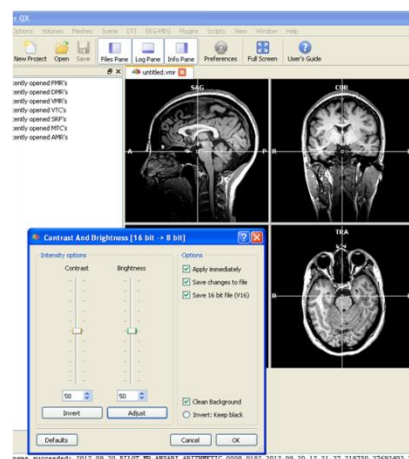
תמונה 4

משנים את skip first N trials ל 0 (הסריקה האנטומית לא מתבצעת ראשונה ולכן אין צורך בזה) ואת מספר החתכים ל 192 (או לכמה חתכים שהיו...) ולוחצים על GO



תמונה 5

מקבלים תמונות יפות של מוח. אפשר לשחק עם בהירות וניגודיות



תמונה 6

שומרים את הקובץ בתיקיית אנטומיה: מספר נבדק_anatomy. למשל 01_anatomy

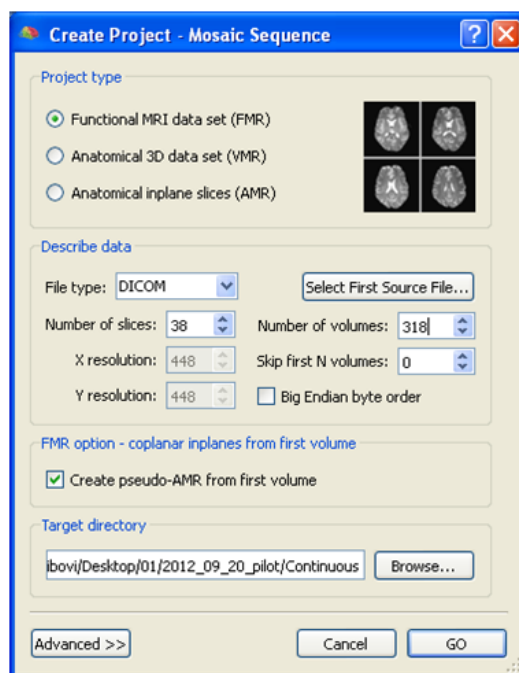
הקובץ שנוצר הוא קובץ VMR.

איחוד נתונים פונקציונליים:

מבצעים דבר דומה עבור הבולקים של ההרצה. אבל בגלל ששם אנחנו צריכים לאחד נתונים מהדמיה תפקודית נבחר

File → new project → Functional data set (FMR)

אחרי שבחרים את הקובץ הראשון, מספר הווליומים צריך להופיע אוטומטית.



תמונה 7

שומרים (file → save as...) עם מספר נבדק ושם הבולק. למשל 01_discrete.

הקובץ שנוצר הוא קובץ FMR.

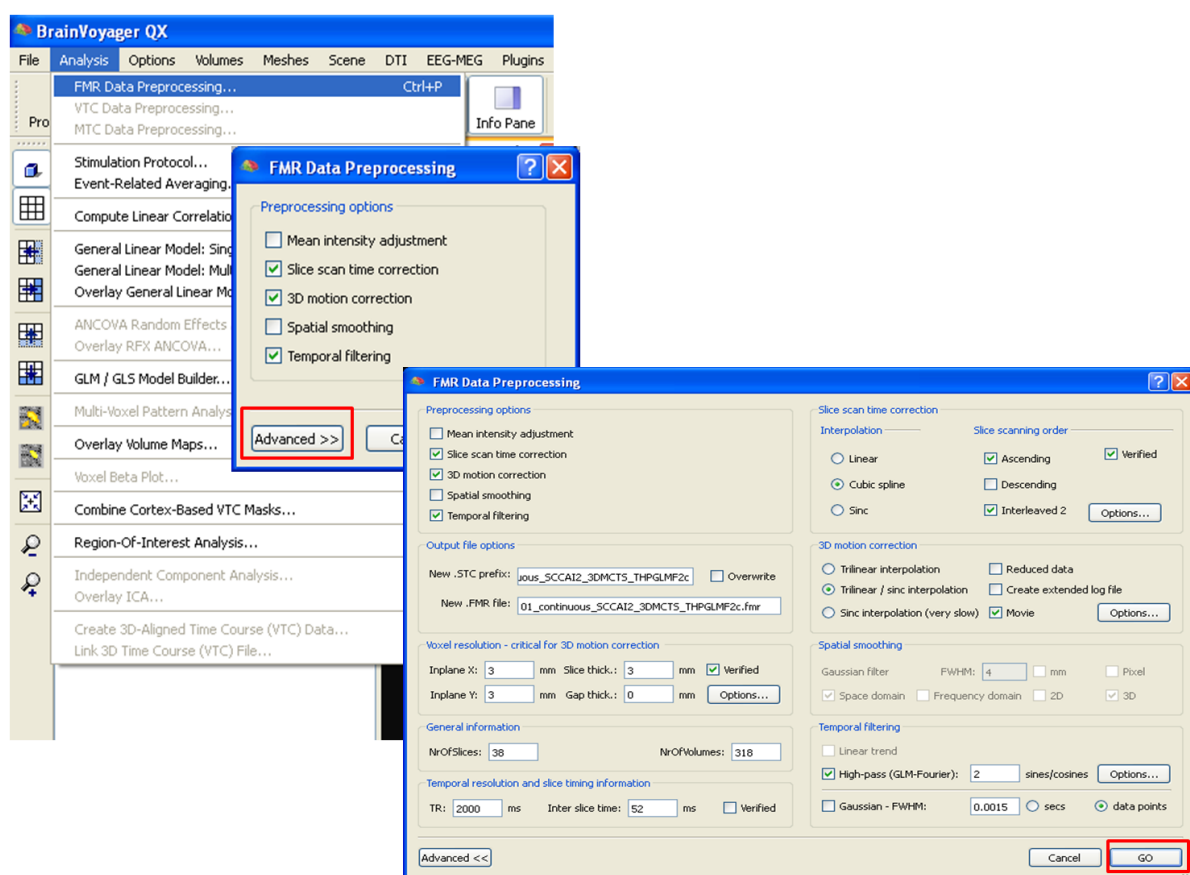
חוזרים על התהליך עבור כל הרצה בנפרד

עיבוד תמונה פונקציונלית:

כדי לתקן דברים כמו תנועות ראש ועוד:

פותחים את קובץ ה FMR המתאים

Analysis → FMR preprocessing → advance → GO



תמונה 8

זה שלב שלוקח הרבה זמן... אפשר לראות את תנועות הראש. כדאי שלא יחרגו מ 2 מ"מ ושלא יהיו קפיצות פתאומיות בגרף (שמעידות על תנועה חדה)

אחרי השלב זה אפשר למחוק מהתיקיות שיצרנו את קבצי ה DCM (קבצי הדייקום)

4. "יישור" התמונה האנטומית עם הנתונים התפקודיים – coregistration

לבצע עבור כל הרצה בנפרד

פותחים את הקובץ האנטומי: anatomy.vmr

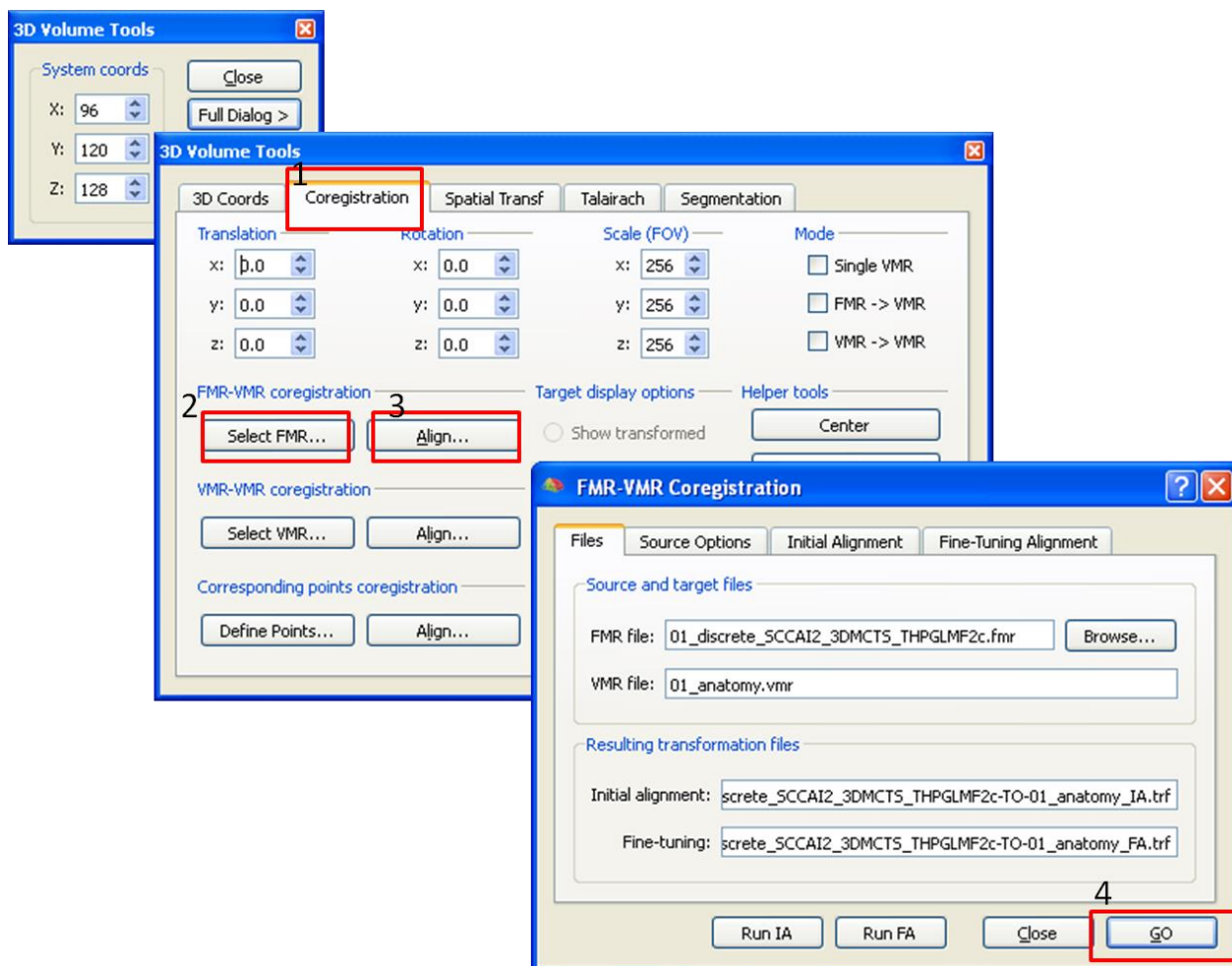
ב "3D Volume tools" לוחצים על Full Dialog

בוחרים בלשונית coregistration

לוחצים על Select FMR כדי לבחור את הנתונים התפקודיים

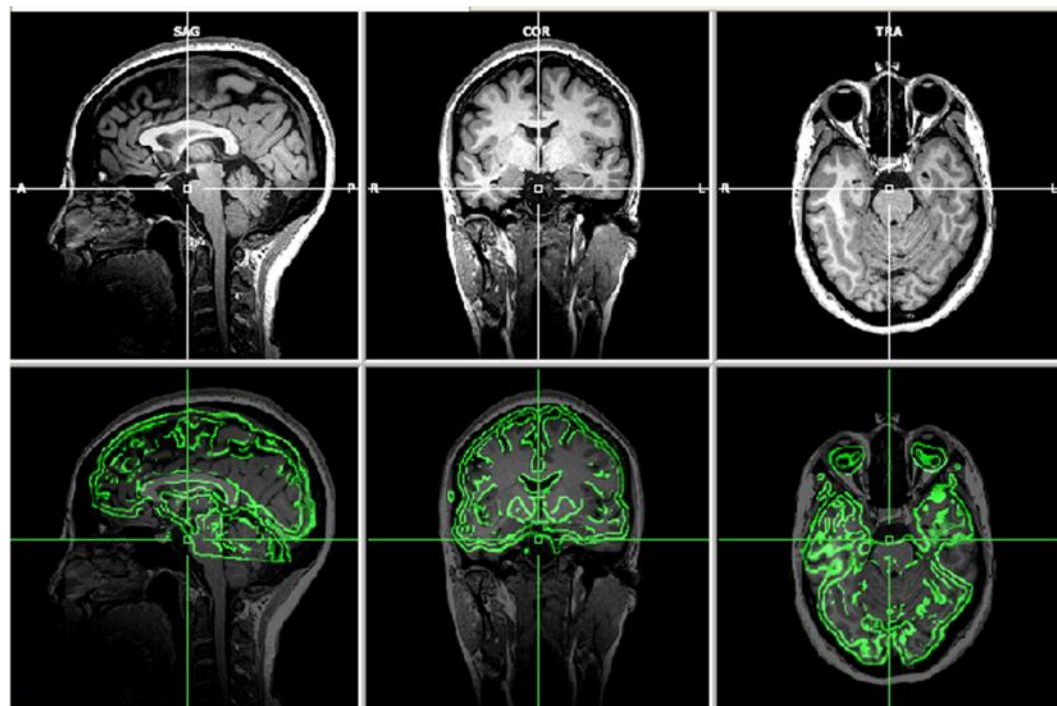
בוחרים בקובץ ה FMR שאחרי העיבוד המקדים (יש לו את השם הכי ארוך, שמראה את כל העיבודים שנעשו עליו)

לוחצים על Align (שמתחת ל FMR-VMR coregistration) ואז על GO



תמונה 9

מתקבלת תמונה של הנתונים האנטומיים והתפקודיים באותה אוריינטציה, אחד מתחת לשני:



תמונה 10

למעלה: התמונה האנטומית המקורית

למטה: בירוק הנתונים הפונקציונליים ובאפור- אנטומיים.

תזכורת - את השלב הזה צריך לעשות לכל הרצה בנפרד.

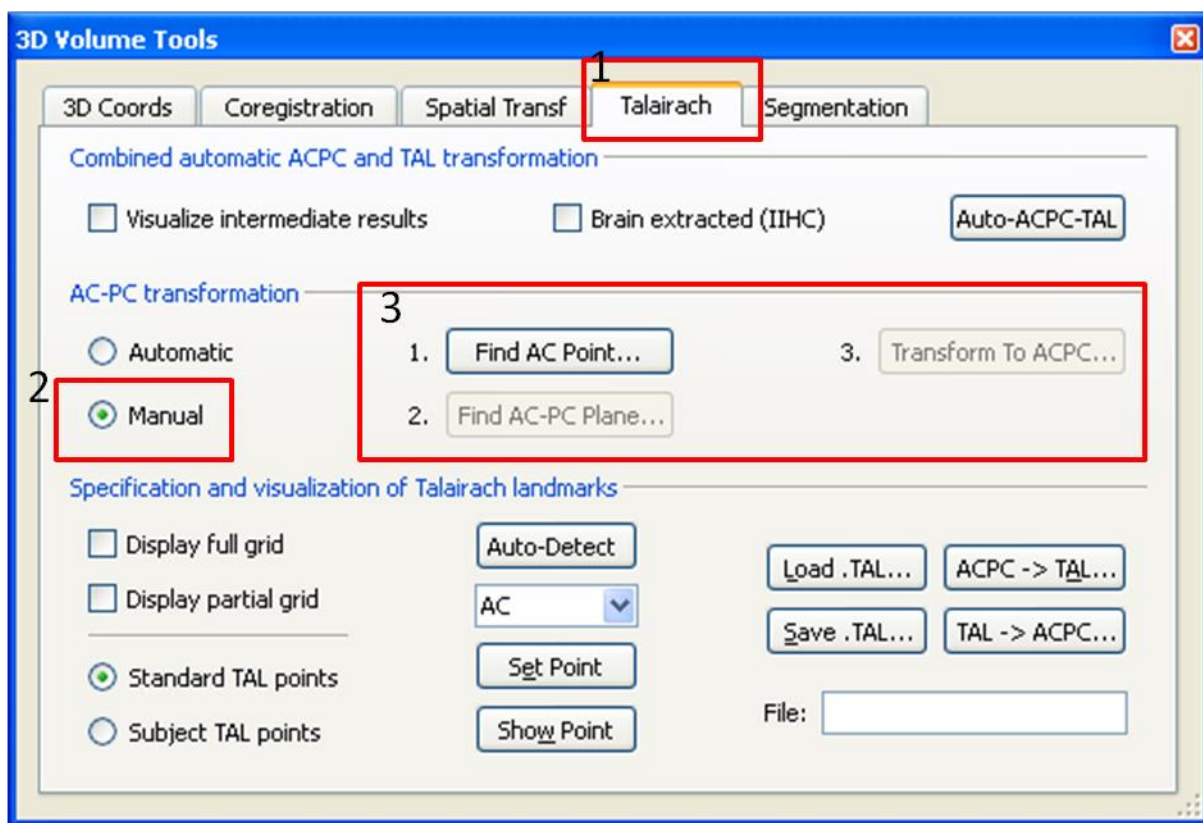
5. העברה לקואורדינטות Talairach

(סוגרים קבצים פתוחים)

פותחים את הקובץ האנטומי: 01_anatomy.vmr
מרחיבים את האפציות של 3D Volume tools (כמו בתמונה 9)

הפעם בוחרים בלשונית Talairach. בשלב הזה צריך לציין לתוכנה מספר נקודות בתמונה כדי להכניס את המוח לקואורדינטות של Talairach. אפשר לעשות את זה אוטומטית או ידנית. בצורה ידנית זה יכול לצאת מדויק יותר.

אז בוחרים באופציה הידנית – manual

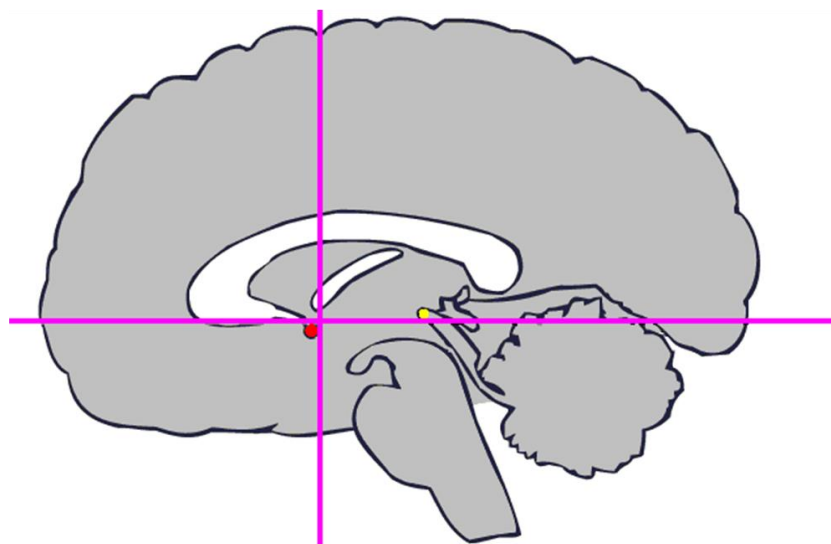
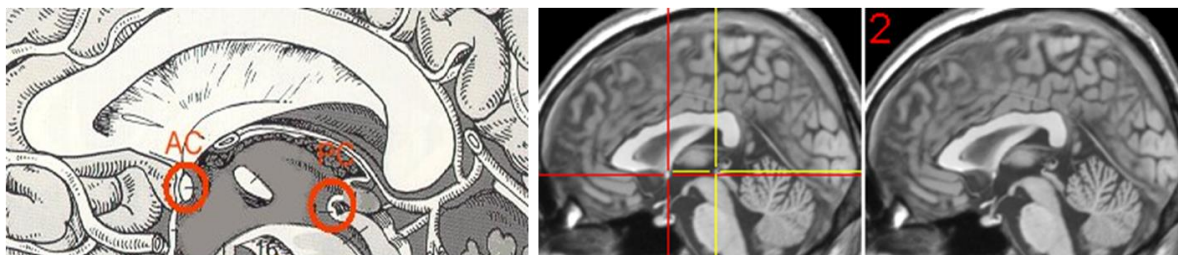


תמונה 11

הולכים לפי הסדר: קודם AC (anterior commissure)

אחר כך המישור של AC – PC, טרנספורמציה וכו'.

איך לזהות את הנקודות:



תמונה 12

AC

אפשר להיעזר בחתך הסגיטלי בהתחלה. אחר כך אפשר גם להיעזר בחתך הטרנסברסלי- התמונה הראשונה שבה רואים את הסיבים (נראה כמו חיוך בין ההמיספרות)

מציבים את העכבר על הנקודה המתאימה ולוחצים OK בתיבה המתאימה (Find AC)

AC-PC

הרעיון הוא ליישר את ה AC ואת ה PC כך שיופיעו באותו מישור.

אפשר לסובב על 3 צירים:

ציר X- תנועה של "כן"

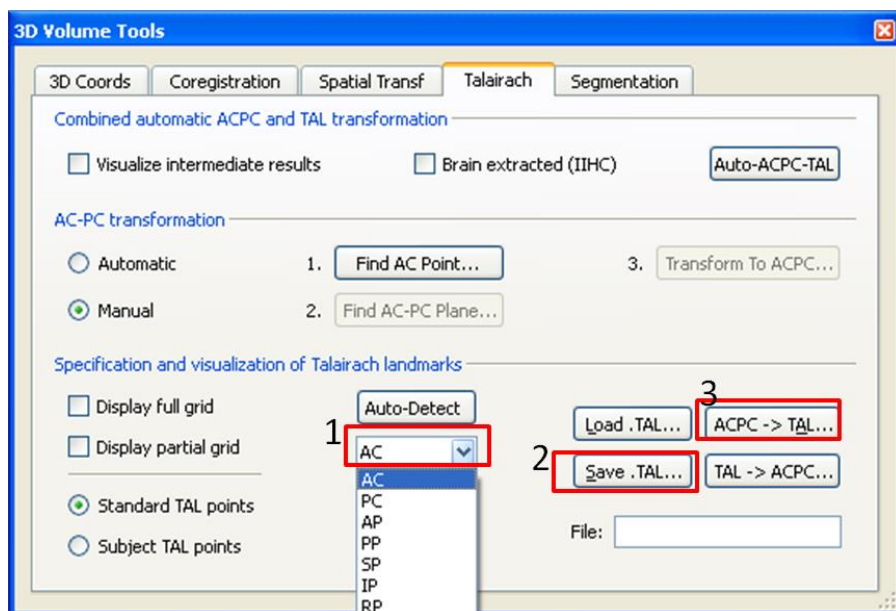
ציר Y- תנועה של האוזן לכיוון הכתף

ציר Z- תנועה של סיבוב – כאילו מסתכלים מעבר לכתף (תנועה של "לא")

****בשלב האחרון – טרנספורמציה, נוצר קובץ חדש עם סיומת ACPA**

התאמה של יתר הנקודות:

סוגרים את הקובץ הקודם ונשארים עם הקובץ החדש עם הסימנת ACPC
עוברים נקודה נקודה, לוחצים על המקום הנכון עם העכבר ואז לוחצים על set point



תמונה 13

על אילו חתכים כדאי להסתכל בנקודות השונות

AP, PP – חתך קורונלי

IP SP – חתך טרנסברסלי

RP LP – חתך סגיתי

כשמסיימים לוחצים על Save.Tal ואז על ACPC→ TAL...

סוגרים את הקבצים ונשארים רק עם הקובץ שמסתיים ב _TAL.vmr

6. העברת נתונים פונקציונליים ל Talairach

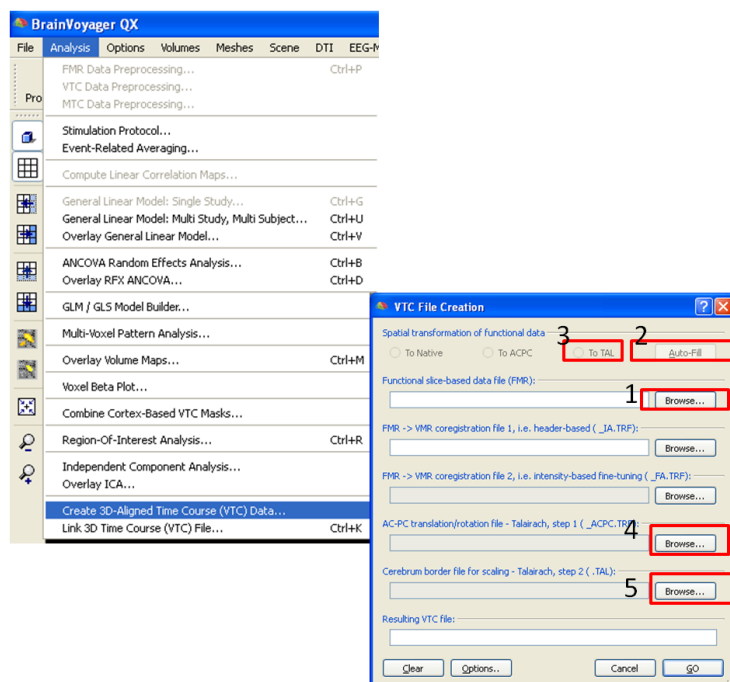
את השלב הזה צריך לבצע על כל בלוק בנפרד (במקרה שלי לבלוק הבדיד והרציף בנפרד)

פותרים (אם סגור) את הקובץ האנטומי שהומר לטלרייך 01_anatomy_TAL.vmr

Analysis → create 3D aligned time course (VTC) data

בוחרים את קובץ ה FMR עם השם הארוך ביותר מההרצה שעליה אנחנו עובדים. לאחר מכן לוחצים על Auto-Fill.
לאחר מכן צריך לסמן את המשבצת To TAL

מלבד ל 2 המשבצות האחרונות, הקבצים מאותרים אוטומטית. לכן את הקבצים האחרים צריך למצוא ידנית. הם נמצאים בספריה האנטומית



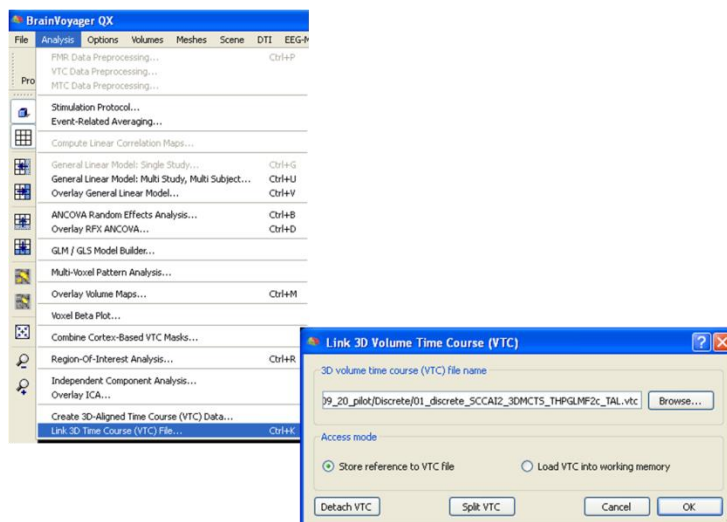
תמונה 14

לוחצים על GO ואז נוצר קובץ חדש - VTC.

כדי לחבר בין הקבצים- כדי שנוכל לראות אקטיבציה בחתכים שונים:

Analysis→ link 3D time course (VTC) file...

מוציאים את קובץ ה VTC שנוצר בסעיף הקודם (בתוך תיקיית ההרצה המתאימה) ולוחצים OK.

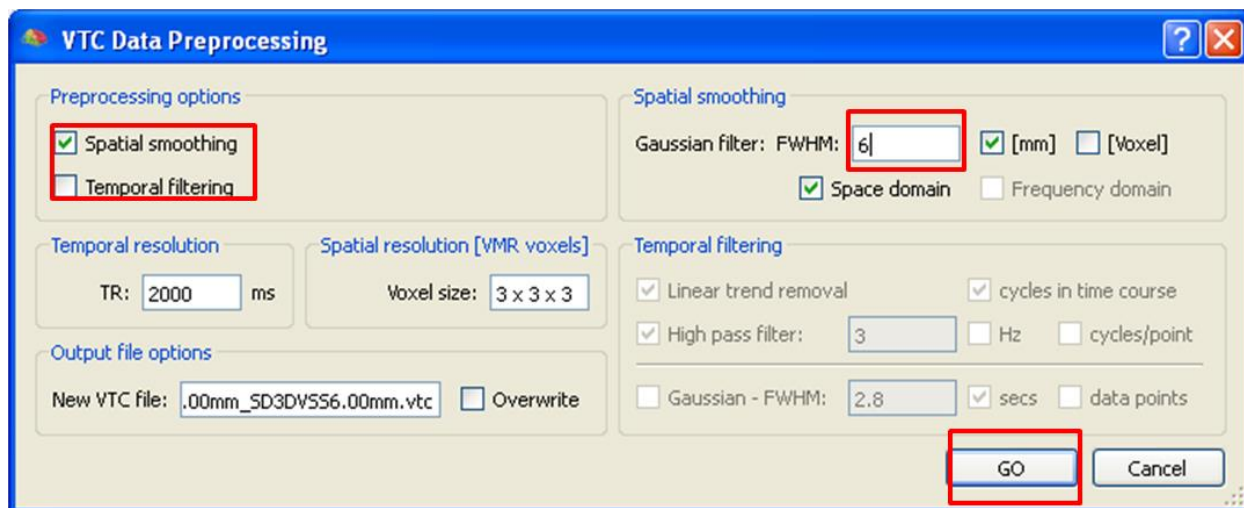


תמונה 12

Smoothing: (שלב זה משפר את הרזולוציה המרחבית התפקודית – למשל מקבץ ווקסלים בודדים למקבץ אחד)

Analysis→VTC data processing

מבצעים "החלקה" מרחבית בלבד (טמפורלית נעשתה קודם). בגלל שגודל ווקסל שלנו הוא $3 \times 3 \times 3$ ב Gaussian filter מסמנים 6 (פי 2 מגודל ווקסל) ואז לוחצים על GO.



תמונה 13

7. חיבור הפרוטוקול לקובץ ה VTC.

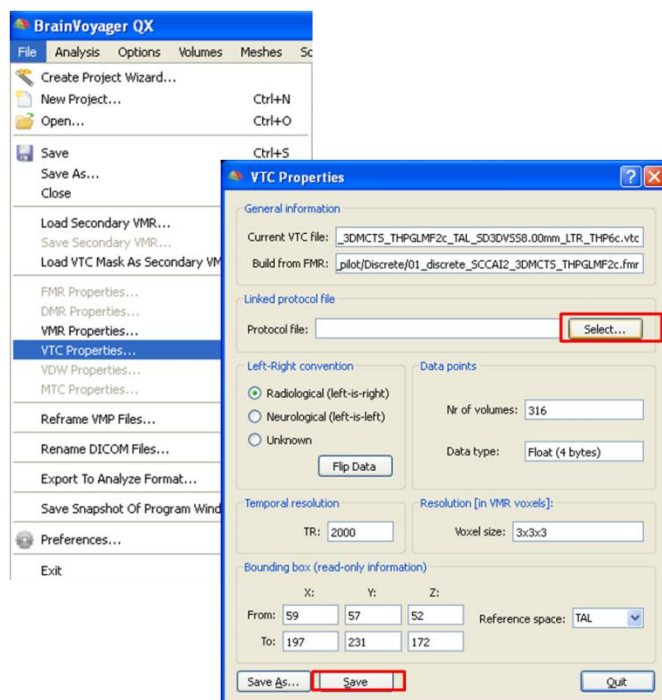
קובץ ה VTC מאפשר לנו לראות מפת אקטיבציה על גבי המפה האנטומית בכל חתך וחתך.

בשלב הזה כדי שאפשר יהיה לנתח, צריך לחבר את הקובץ לפרוטוקול. הפרוטוקול אומר מה קרה בכל ווליום: מתי הופיע ונעלם כל גירוי, ומה היה הגירוי (איזה תנאי). לכן אחרי השלב הזה אפשר לעשות קונטרסטים ולהשוות בין התנאים השונים.

File → VTC properties

קובץ ה VTC כבר מוגדר ב general information וכך גם קובץ ה FMR.

כל מה שנשאר לעשות זה לבחור את קובץ הפרוטוקול (סיומת PRT) ולשמור



תמונה 14

8. אנליזה לנבדק בודד

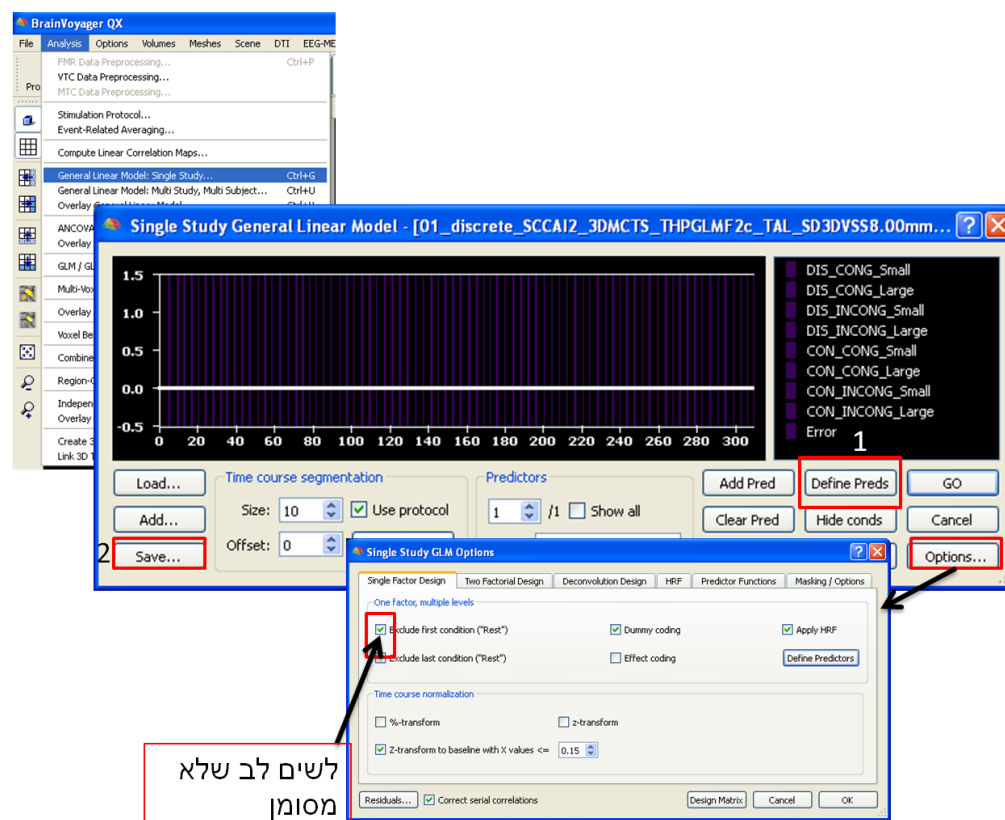
את השלב הזה מבצעים כדי לראות שהאקטיבציות שמקבלים הגיוניות...

הקובץ שפתוח בשלב הזה הוא קובץ VMR (שעדיין רואים) וקובץ VTC (שלא רואים) שמקושרים ביחד לפרוטוקול

Analysis → General Linear model- single study...

בחלון שנפתח רואים על ציר X את הווליומים (אצלי היו 316 או 318) ובציר Y יחידות שרירותיות לפעילות. בצד הימני של החלון אפשר לראות את כל התנאים השונים. כרגע הם באותו צבע אבל אפשר לצבוע כל תנאי בצבע אחר.

לוחצים על define preds ואז על save כדי לתת שם פשוט לקובץ (לדוגמה מספר נבדק והרצה). כך קל יותר לזהות את הקובץ כמאחדים עם ניתוחים אחרים). אח"כ לוחצים על cancel או סוגרים.



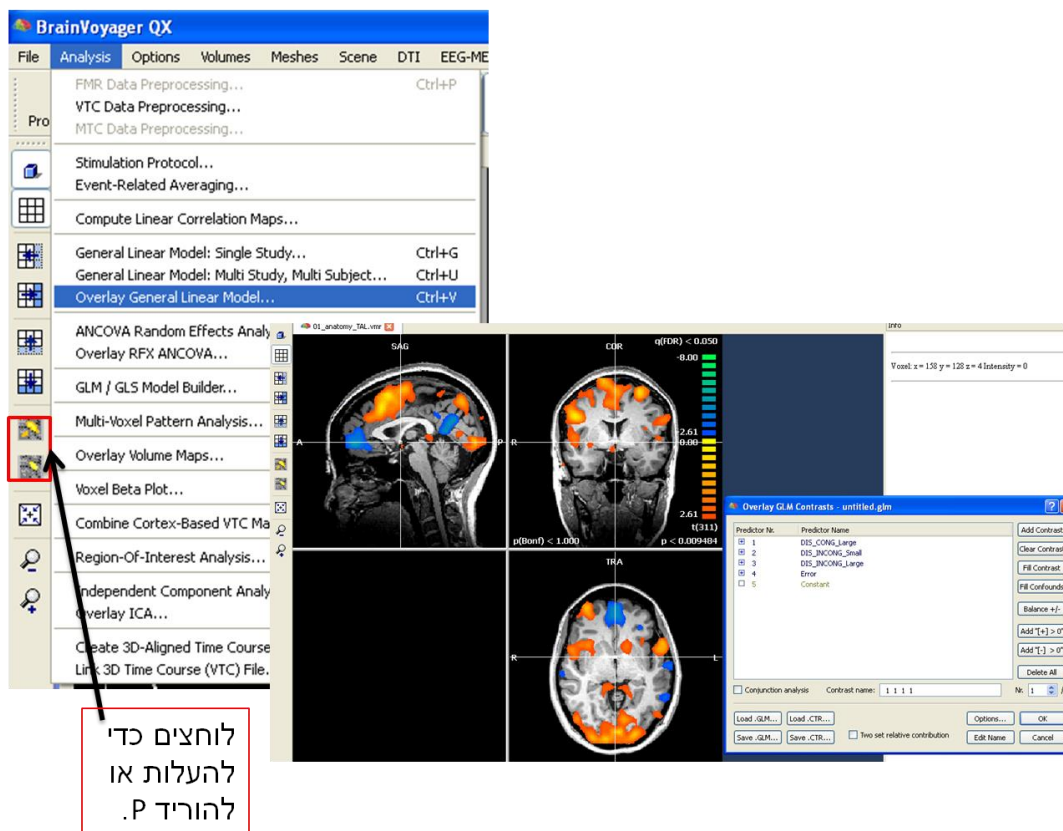
תמונה 18

הערה: בפרוטוקול מוגדרים גם תנאים שאולי לא קיימים בהרצה הזו. אם יש אזהרה מאשרים אותה וממשיכים. בסוף רואים רק את התנאים שכן התקיימו בהרצה.

9. קונטרסטים:

Analysis → overly General linear model

מקבלים את המסך הבא:



הקונטרסט הראשון הוא בהשוואה למצב המנוחה:

אזורים צהובים/כתומים: אזורים שפעלו יותר בתנאי המטלה.

אזורים כחולים: אזורים שפעלו יותר במצב המנוחה. אלו אזורים ה default network של המוח.

בתיבה בצד ימין אפשר לשחק עם + ו - וליצור קונטרסטים. אם לא רוצים להחשיב תנאי מסוים אפשר פשוט להוריד ממנו את כל הסימונים.

כאשר מסמנים תנאי מסוים ב +, ואזור מסוים היה פעיל בתנאי הזה יותר מבתנאי ה -, האזור יהיה כתום/צהוב.

10. איחוד הרצות (או נבדקים) לניתוח אחד

Analysis → general linear model single study

לוחצים על add pred ואז save (המסך מופיע בתמונה 18)

שומרים את הקובץ בתיקיה של ההרצה המתאימה – זה קובץ .SDM.

עושים את אותו הדבר לקובץ מההרצה האחרת:

פותחים מחדש את הקובץ 01_anatomy_TAL.vmr

Analysis → Link 3D time course (VTC) file

File → VTC properties →

מוודאים שהפרוטוקול נכון (ואז שומרים)

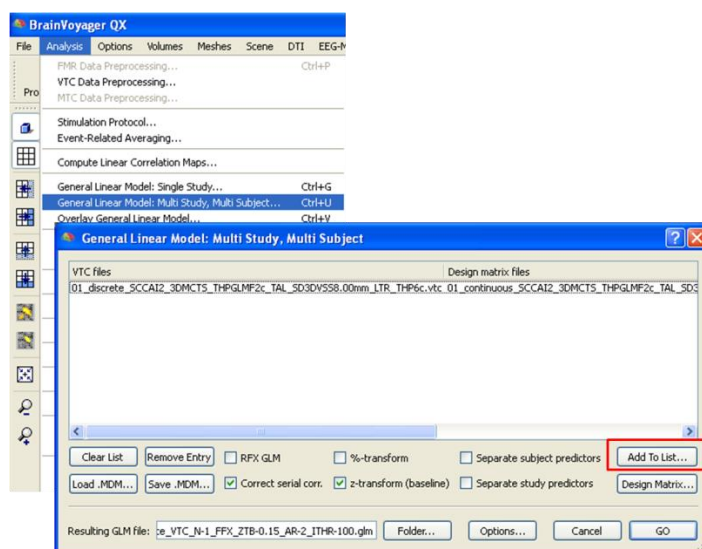
Analysis → general linear model single study

האיחוד...

Analysis → general linear model: multi study...

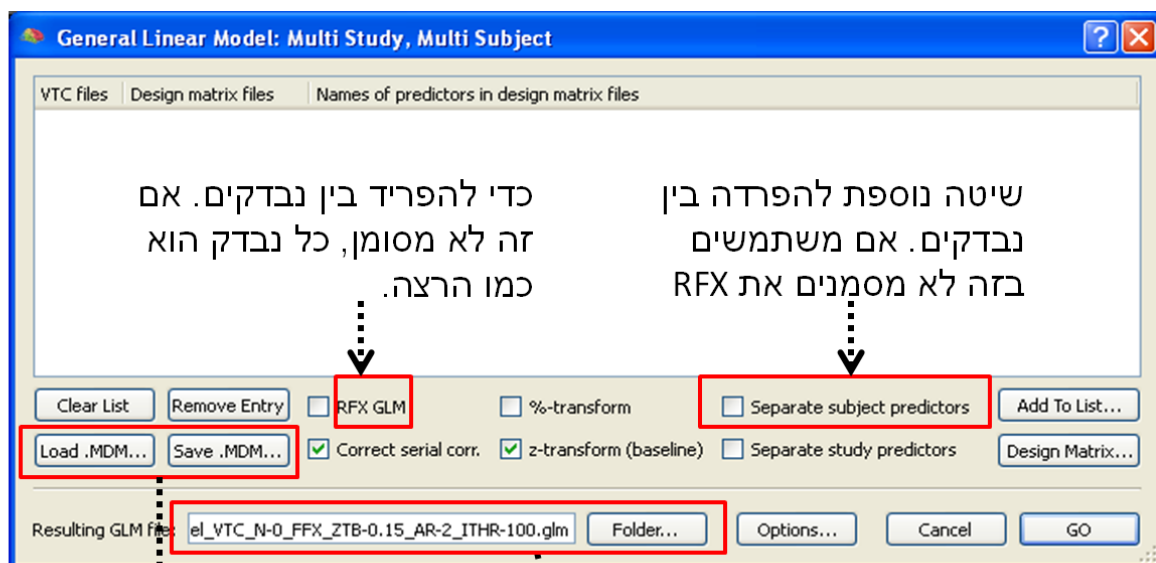
ואז add to list

בוחרים את קובץ ה VTC ואז את קובץ ה SDM עם השמות שנתנו לקבצים. המחשב מאחד אותם לפי "מספר נבדק" כלומר 2 הספרות הראשונות של הקובץ. אם היה נבדק מספר 2, 2 ההרצות שלו היו מופיעות בשורה השניה.



תמונה 20

הרחבה על האופציות השונות של GLM :



כדי לשמור / לטעון רשימות

אם לא נותנים מקום ספציפי קובץ ה GLM נשמר בתיקיה האחרונה שהשתמשו בה. כדי לשנות שם ולהחליף תיקיה לוחצים על folder. כדאי לשמור את הכל בתיקית GLM.

תמונה 21

11. יצירה של קבצי GLM

קובץ ה MDM שנוצר בשמירה הוא רק הרשימה שמאחדת את כל התנאים והנבדקים שאנחנו רוצים להסתכל עליהם ביחד. כשלוחצים GO לוקח זמן ליצור את הקובץ. הקובץ שנוצר אז הוא GLM.

כדי לא לחזור על תהליך יצירת הקובץ צריך לשמור את קובץ ה GLM. כדי לעשות את זה, מגדירים ספציפית את התיקה בה אנחנו רוצים לשמור את הקובץ, ואת השם שלו. עושים את זה בתחתית החלון שמופיע בתמונה 21

כדי לפתוח קובץ GLM :

Analysis → overlay general linear model...

12. יצירת קבצי קונטרסטים – VMR

יש 2 דרכים ליצור קונטרסטים.

דרך אחת היא ע"י סימונים של (+) או (-) אחרי שמעלים את קובץ ה MLG: (מוסבר בעמוד 18).

דרך אחרת (בעיקר אם רוצים לבדוק אינטראקציות) היא להקליק על RFX ANCOVA... שנמצא בתוך חלון ה overlay RFX GLM contrasts. בתוך הלשונית design המערך: כמה משתנים בין ותוך נבדקיים יש לי, וכמה רמות יש לכל אחד. אחר כך צריך לשנות להם את השמות בהתאם.

עוברים ללשונית assigned conditions ושם רואים טבלה עם המשתנים בטורים, והרמות בשורות. בתוך כל תא כזה יש רשימה נפתחת. צריך לבחור בה את צירוף התנאים המתאים (שהוגדר בפרוטוקול הניסוי).

1. Overlay RFX GLM Contrasts - All groups high acc.glm

2. ANCOVA

3. ANCOVA

התור והבין נבדקיים

נונים שם למשתנה (משמאל) ולרמה (מימין)

השורות והטורים בשוליים הם השמות שהוגדרו. בתוך התאים בטבלה צריך להתאים את השמות של התנאים מהפרוטוקול לכל תנאי

תמונה 22

כשמסיימים לוחצים על GO וזה מחזיר אותנו לתמונה של המוח. בשלב הזה עדיין לא הוגדר קונטרסט, רק מערך הניסוי. כדי להגדיר מבחן סטטיסטי:

Analysis → Overlay RFX ANCOVA (קיצור דרך Ctrl+D)

Overlay RFX ANCOVA Tests - All groups high acc.ava

Three-Factors Repeated Measures ANOVA

	DIS_CONG_Small x Level 1	DIS_CONG_Large x Level 1	DIS_CONG_Small x Level 2	DIS_CONG_Large :
Level 1	0	0	0	0
Level 2	0	0	0	0

Test specification

☒ Specify contrast
 ☐ F test, interaction A x B: "Within Factor 1 x Within Factor 2"

☐ F test, factor A: "Within Factor 1"
 ☐ F test, interaction A x C: "Within Factor 1 x Within Factor 3"

☐ F test, factor B: "Within Factor 2"
 ☐ F test, interaction B x C: "Within Factor 2 x Within Factor 3"

☐ F test, factor C: "Within Factor 3"
 ☐ F test, interaction A x B x C: "Within Factor 1 x Within Factor 2 x Within Factor 3"

Test / contrast name

תמונה 23

ואז אפשר להגדיר קונטרסטים לבד (לשחק עם המשקולות בתאים) או לבחור את אחת האפשרויות המוכנות.

13. שמירת קונטרסטים:

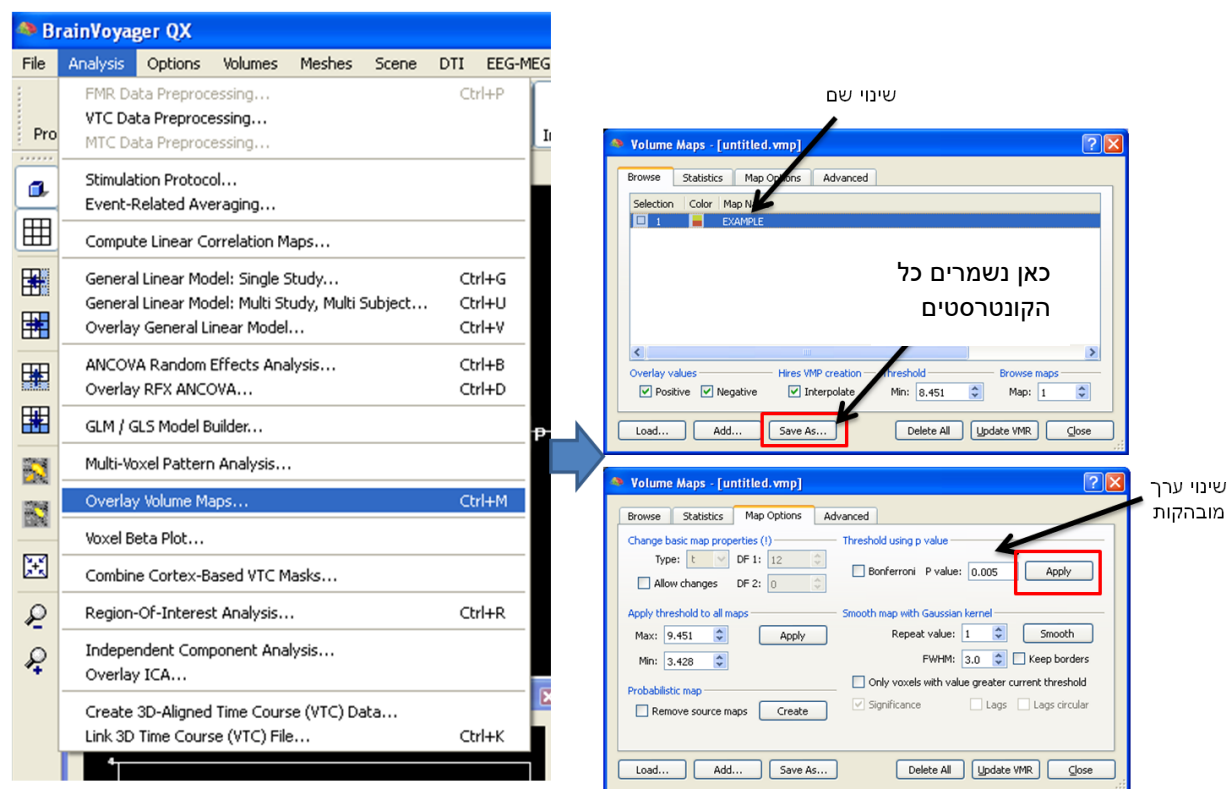
לא משנה באיזו דרך נוצר הקונטרסט. כדי לשמור אותו, הולכים אל:

Analysis → overlay volume maps (או קיצור דרך Ctrl+M)

בלשונית brows מופיע שם של מפה. אפשר לשנות אותו למשהו ברור יותר.

בלשונית Map options אפשר לשחק עם ערך המובהקות שבו אנחנו רוצים לראות את התוצאות (בדר"כ 0.005 או 0.001 לפרסומים).

כשמסיימים: save as ואז שומרים בתור VMP. כדאי ליצור תיקיה ספציפית לסוג הקובץ הזה. הקובץ הזה לא שומר רק קונטרסט בודד אלא את כל מה שמופיע בטבלה בלשונית ה browse. כדי לעשות את זה, אחרי ששומרים את הקונטרסט הראשון חוזרים על התהליך. שוב מקבלים שורה אחת בלבד. בשלב הזה מקליקים על add... וזו בוחרים את קובץ ה VMP ששמרנו קודם. מה שרואים עכשיו זה את 2 הקונטרסטים. אם שומרים מחדש, הקובץ החדש יכיל את שני הקונטרסטים.



תמונה 24

14. תיקונים סטטיסטיים – Cluster correction

בשלב הזה מורידים את כל מקבצי הווקסלים הקטנים שאינם מובהקים סטטיסטית.

לפני השלב הזה צריך לפתוח את אחד מקבצי ה VMP ומסמנים את הקונטרסט הרצוי

בחלון של volume maps בלשונית map options מגדירים את רמת המובהקות: 0.001 או 0.005 ולוחצים על APPLY

שלבים:

Plugins → Cluster-level Statistical Threshold Estimator

בחלון שנפתח בוחרים את הקונטרסט הספציפי של ה VMP הפתוח (הראשון הוא מספר 1 וכך הלאה)

את החלון הבא מאשרים

את החלון אחריו לא מאשרים

החלון הבא שואל אם נרצה לראות תצוגה (חמוד אבל מאט את התהליך)

בחלון הבא צריך להגדיר את מספר הסימולציות – 1000

התהליך מתחיל. אפשר לראות בתחתית המסך באיזה מספר סימולציה נמצא התהליך. בסוף צריך לאשר את רמת המובהקות – 0.05 .

בסוף התהליך צריך לשמור שוב את ה VMP

15. חילוף ערכי ביתא ואפשרויות סטטיסטיות מתקדמות

את הצעד הזה עושים אחרי שראינו קונטרסט או אינטראקציה מעניינים, ואנחנו רוצים להראות את הכיוונית וההתנהגות של הפעילות באזור מסויים - VOI. למשל – אם יש הבדל הוא יכול לבוע מאקטיבציה יותר חזקה בתנאי א' ופחות חזקה בתנאי ב', או מאקטיבציה בתנאי א' לעומת דה-אקטיבציה בתנאי ב'.

הערכים שמחלצים כאן עוזרים לנו לבנות גרף ולהמחיש את זה ויזואלית.

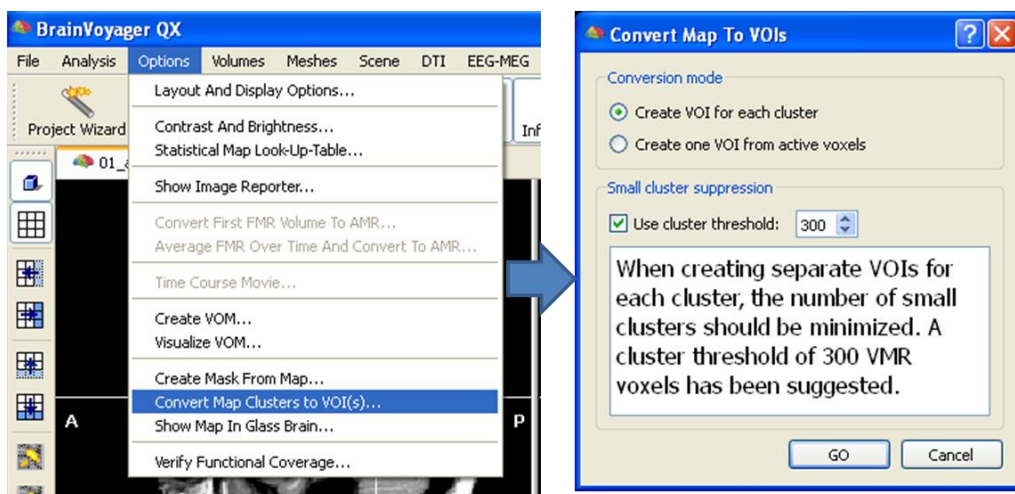
מכיוון שכדי לקבל את האזורים המובהקים כבר ביצענו ניתוח סטטיסטי, לא עושים אותו שוב אחר כך. זה נועד רק בשביל ההמחשה.

כדי להתחיל לעבוד, צריך קונטרסט מוכן – אפשר לקחת מקבצי ה VMP.

שלבים:

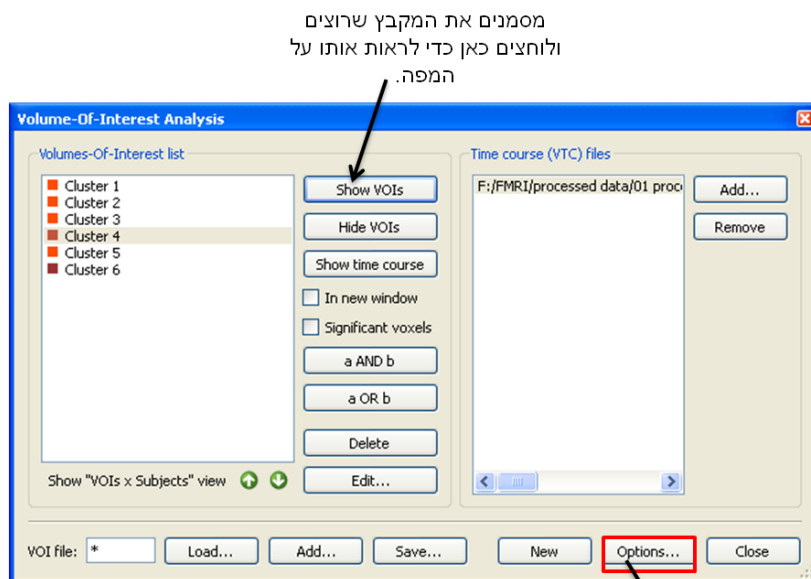
Options → Convert Map Clusters to VOI(s)...

בחלון שנפתח לאחר מכן אפשר לקבוע החל מכמה ווקסלים אנחנו מגדירים כמקבץ מובהק. הולכים עם הערך הקבוע. הרעיון הוא לא להתעכב על מקבצים קטנים.



תמונה 25

לאחר מכן מגיעים למסך שבו אפשר לראות כל מקבץ, לשנות את שמות המקבצים כך שיהיו יותר אינפורמטיביים, ולעבור למסך האופציות



תמונה 26

חלון options

לשונית access options (ערכי ביתא)

בלשונית הזו אפשר לטעון את קובץ ה MDM ואז לקבל ערכי ביתא עבור כל נבדק וכל תנאי. כדי לעשות את זה קודם כל בוחרים בקובץ ה MDM הרצוי, אחר כך עוברים ללשונית VOI GLM ולוחצים על Table. נפתח חלון ששואל אם רוצים להמשיך – מאשרים. לוקח קצת זמן אבל אז מקבלים קובץ שאפשר לשמור בתור קובץ טקסט.

לשונית VOI Functions (מידע על פעילות ממוצעת ומיקום לפי קואורדינטות טלרייך)

- VOI map peak voxels: נותן טבלה שמראה את שיאי האקטיבציה של הווקסלים עבור כל מקבץ.
- Voxels with map values: לחציה על VOI details נותנת פרטים טכניים על כל מקבץ. למשל מכמה ווקסלים הוא מורכב וערכים של פעילות במקבץ. צריך לעשות בנפרד לכל מקבץ.
- Overview tables with VOIs center of gravity: נותן את קואורדינטות הטלרייך של מרכז המקבץ, מעבר לנבדקים או עבור כל נבדק.