

# ANÁLISIS ESTADÍSTICO: DISEÑO, ESTIMACIÓN Y RESULTADOS.

## A. Analisis estadístico aplicado a un estudio por fMRI

Entrar como *Docència*

Trabajar en disco D:/

### 1) Análisis intrasujeto (1er nivel):

- Análisis de primer nivel (análisis intrasujeto o de caso único). Este análisis nos permite comparar las diferentes condiciones experimentales (activación, reposo...) en un único sujeto. (Nota, si estuviésemos interesados exclusivamente en el estudio de un caso único, podríamos ahorrarnos la normalización durante el preprocesado y realizaríamos un suavizado con un FWHM menor).
- Cambia el **directorio de trabajo** a D:/Curso\_SPM/imágenes/Funcional/1st\_level.

#### 1.1) Especificación del modelo:

- ¿Qué es? ¿Para qué?
  - Se trata básicamente de introducir nuestros datos (imágenes preprocesadas) y especificar nuestro diseño experimental (número de condiciones, inicio, duración, repeticiones...). El objetivo es crear una matriz de datos a partir de la cual contrastaremos nuestras hipótesis siguiendo el modelo lineal general.
- ¿Cómo?
  - “Specify 1st-level”:
  - “fMRI model specification”
  - “Timing parameters”
  - “Units for design”: Podemos escoger segundos o scans, escogeremos *scans*
  - “Interscan interval” (o TR) En nuestro estudio TR= 3
  - “Data and design”; “New subject/Session”; Abrir “Subject/session”.
  - *Scans*: Selecciona las imágenes preprocesadas. De *swrfuncional\_003.img* a *swrfuncional\_102.img*. (utiliza el filtro `^s ...` y con el botón contextual escoge la opción *select all*)
  - “Condition”; “New condition”
    - “Name”: A la primera condición la llamaremos ToM (Theory of Mind).
    - “Onsets”: Los scans en los que empieza la primera condición son: [0 25 50 75] (o también [0:25:75] esto es: empieza en el scan 0, se vuelve a repetir en el 25, así cíclicamente hasta el 75). También puedes crear una matriz en matlab o en excel que especifique los “onsets” y cargarla mediante la opción “spm\_load”. Muy útil para diseños Event-related randomizados.
    - “Duration”: Cada bloque dura [12.5] scans. Si se trata de un diseño ER la duración del estímulo es [0].
  - “Condition”: “New condition”
    - “Name”: Género
    - “Onsets”: [12.5 37.5 62.5 87.5]
    - “Duration”: 12.5

- “Multiple regressors”. En este caso entraremos como regresores los parámetros de movimiento. A diferencia de los “regresores” que entramos como condiciones experimentales, los regresores que entramos en el modelo mediante esta opción no serán convolucionados por la forma de la respuesta hemodinámica.
  - “Specify files”: *rp\_funcional.txt*
- “High pass filter (HPF)”: Mediante esta opción aplicamos un filtro para frecuencias altas que sólo dejará pasar los cambios de señal que sucedan a una frecuencia superior a la especificada. Al aplicar este filtro descartamos en el análisis los cambios de baja frecuencia producidos, por ejemplo, por el movimiento o el calentamiento del scanner (se trata de eliminar variables confusionales). El valor por defecto del HPF es 128seg (los cambios que se produzcan en un periodo de tiempo mayor a 128s serán eliminados). **Lo ideal es ajustarlo al paradigma** utilizando un filtro que sea el doble de la duración de un ciclo completo en nuestro paradigma. Por ejemplo [2x(cond A (37.5seg)+ cond B (37,5seg))=150seg]
- “Directory”: Selecciona el directorio donde se guardará el diseño experimental. (**D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/1st\_level**). Muy importante que en ese directorio no exista un diseño previo a menos que queramos reescribirlo.
- “Basic functions”: “Canonical HDR” (Model derivatives: Specify menu). Deja canonical
- “Explicit mask”: Nos permite incorporar una máscara al análisis es decir restringir la adecuación del modelo a las regiones que constituyen la máscara. Una alternativa es introducir como máscara una imagen binaria de la SG. Esto nos mostrará sólo vóxels que formen parte de la sustancia gris a la vez que aumentará la rapidez de la estimación y disminuirá en número de correcciones múltiples. Sin embargo escogeremos “none”.
- “Save” como “diseno\_experimental” y “Run”.
  - Resultado:
    - SPM mostrará la matriz del diseño y creará un archivo *SPM.mat* en el cual está especificado el diseño experimental. Podemos revisar nuestra matriz mediante el botón “review/design”.
    - Si seleccionas “Design matrix” verás la misma matriz que SPM te muestra por defecto tras especificar tu modelo. En esta matriz las columnas son los regresores, es decir las condiciones que entras en el MLG (ToM y Género), y las filas son los scans preprocesados (de *swrfuncional\_003.img* a *swrfuncional\_102.img*)
    - Seleccionando “Explore/ session 1/ToM” veremos tres gráficas. La gráfica de arriba a la izquierda nos muestra la serie temporal esperable para el regresor (condición) ToM una vez lo hemos convolucionado para que obtenga la forma de la respuesta hemodinámica (gráfica de abajo a la izquierda). Esta respuesta hemodinámica alcanza el pico a los 6 segundos y finaliza a los 15 seg aprox. La gráfica de la derecha nos muestra la frecuencia en la que se produce el regresor ToM. como vemos se produce a una frecuencia superior a la que eliminamos por el HPF.
    - “Design orthogonality”: esta matriz nos muestra el grado de colinearidad/ortogonalidad de los datos. En la parte de abajo SPM nos presenta una escala de colores que indican el grado de ortogonalidad de cada par de columnas.. El blanco indica que los regresores son completamente

ortogonales, el gris que existe cierta colinearidad y el negro que los regresores son colineales.

### 1.2) Estimación del modelo:

- ¿Qué es? ¿Para qué?
  - Proceso mediante el cual SPM estima los parámetros del modelo. La estimación se lleva a cabo mediante un análisis vóxel a vóxel. Esto es, para cada vóxel individual se analiza si su serie temporal de activación se ajusta al patrón especificado por alguno de los regresores del MLG.
- ¿Cómo?
  - “Estimate”
  - “fMRI model estimation”
  - “Select SPM.mat”: Selecciona el *SPM.mat* que has creado durante la especificación del modelo. (D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/1st\_level).
  - “Save” como “estimate” y “Run”
- ¿Resultado?
  - Tras el proceso de estimación el archivo *SPM.mat* no sólo contiene la especificación del diseño, sino también la estimación de los parámetros del modelo.
  - Se han creado las siguientes imágenes:
    - *Betas*: Estimación de cada uno de los coeficientes de regresión (condiciones experimentales) del modelo.
    - *ResMS*: Variancia del error o variancia residual.
    - *Mask*: Máscara que indica que vóxeles han sido incluidos en el análisis.
    - *RFV*: Resels (resolution elements) estimados por vóxel. Nos indica la resolución espacial de la imagen y es importante para la inferencia estadística (autocorrelaciones espaciales).
    - \* Para más información escribe “help spm\_spm” en matlab

### 1.3) Resultados:

- ¿Qué es? ¿Para qué?
  - Nos permite especificar los contrastes y realizar la inferencia estadística para saber qué regiones están implicadas en nuestro paradigma experimental de acuerdo con un nivel de significación determinado.
- ¿Cómo?
  - “Results”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has estimado (D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/1st\_level) y pulsa “done”.
  - Definición de contrastes:
    - ¿Qué es? ¿Para qué?
      - Creación de contrastes. Estos contrastes permiten analizar estadísticamente el efecto de la manipulación experimental. Podemos crear contrastes T o F en función de la hipótesis que queramos comprobar.
        - Contrastes T:
          - Prueba t-test de una cola entre dos condiciones. Respondería a la pregunta: ¿qué regiones se activan en una condición que no se activan en otra?.

- Siempre hay que determinar el sentido (p.e. condición  $A > B$ )
    - Contrastes F:
      - Prueba F de análisis de la variancia.  
Respondería a la pregunta ¿es este parámetro determinado relevante para el modelo? Si la variabilidad explicada por el modelo decrece mucho al “quitar” el parámetro concluiremos que es importante.
      - No nos indica es sentido, sólo si el parámetro es importante o no.
  - ¿Cómo?
    - “Define new contrast”
      - “Name” *ToM > Genero*
      - [1 -1]. SPM asigna por defecto un [0] a todo lo que queda a la derecha del último parámetro especificado. En este caso asigna un valor [0] a los parámetros de movimiento. Asignando un [0] a los parámetros de movimiento le pedimos a SPM que no nos muestre todo aquello que pueda explicarse por los parámetros de moviendo. Si quisiéramos crear un contraste F asignaríamos un [1] al parámetro en el cual estamos interesados y un [0] al resto.
      - Selecciona el contraste *ToM > Gen* y pulsa “Done”.
      - “Mask with other contrast”. Selecciona no.
        - Si quisiéramos combinar los resultados de nuestro contraste con los obtenidos en otro contraste seleccionaríamos “Yes”. La mascara puede ser inclusiva (elimina los vóxeles que no eran significativos en el contraste con el que masqueamos) o exclusiva (elimina los vóxeles que eran significativos en el contraste con el que masqueamos)
      - “Threshold”: Para determinar el umbral de significación:
        - “Title for comparison”: *ToM > Gen*
        - “Corrected height threshold”: “yes”
        - “p-value adjustment to control”:  
FWE/FDR/none. Selecciona “FWE” al 0.05.
          - FWE: Elevado control de falsos positivos. De entre todas las comparaciones sólo permite que 1 de cada 20 sea un falso positivo
          - FDR: menos conservador que FWE. En lugar de controlar por la probabilidad de falsos positivos en general (como lo hace Bon Ferroni o FWE) la corrección FDR controla en función de la proporción esperada de falsos positivos

que superen un umbral de significación determinado.

- None: Ningún tipo de corrección . Es ese caso se utiliza por defecto un valor  $p < 0.001$ , es decir si tienes 50.000 vóxeles permitimos 50 falsos positivos (50.000x0.001)
- “Extent threshold vóxeles”: 10. Sólo tendrá encuentra activaciones de 10 o más vóxeles juntos.
- Resultados:
  - Creación de nuevas imágenes en el directorio:
    - *Con\_0001.img* y *con\_0002.img*. estas imágenes son los contrastes experimentales *ToM > Genero* y *Genero > ToM* respectivamente. El número de la imagen *con\_.img* esta determinado por el orden de creación del contraste.
    - *spmT\_0001.img* y *spmT\_0002.img*. Imágenes del estadístico T.
    - Si hubiésemos utilizado contrastes F, en lugar de *con\_.img* tendríamos *ess\_.img* y en lugar de *spmT\_.img*, *spmF\_.img*.
  - Visualización de resultados:
    - Cerebro de vidrio y matriz: Inmediatamente después de seleccionar un contraste SPM proyecta el cerebro de vidrio mostrando todos aquellos clusters de vóxeles que superan las restricciones estadísticas. A la derecha proyecta la matriz de diseño y el contraste especificado.
      - Pulsa el botón contextual:
        - “Go to global maxima”: Punto de máxima activación.
        - “Go to nearest suprathreshold voxel”: Vóxel más cercano que supere el umbral estadístico
        - “Go to nearest local maxima”: Vóxel con mayor activación del cluster más cercano.
    - Superposición de imágenes:
      - “Overlay”: Superposición de las imágenes en una imagen anatómica. Diferentes opciones
        - “Slices”: Superponen la activación en tres cortes axiales
        - “Sections”: proyecta la activación en los tres ejes: sagital coronal y axial y permite navegar por la imagen.
        - “Renders”: Proyecta la activación en la superficie de un cerebro en 3D.
      - Selecciona “sections”: imagen *wmestructural.img* (en **(D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/Preprocesado/Sujeto/NIfTI/estructural.)**)

- Tablas estadísticas: Obtener los valores estadísticos (FWE, FDR, no corregido) a diferentes niveles: (Vóxel level/cluster level/Set level)
  - “Results/Figure”: Aparecerá una ventana satélite
  - “Volume”. Tabla estadística navegable:
    - x,y,z (mm) Localización del vóxel en el sistema de coordenadas MNI
    - Vóxel-level: La probabilidad, bajo la hipótesis nula, de encontrar un vóxel con un valor T o Z igual o mayor.
    - Cluster-level: La probabilidad, bajo la hipótesis nula, de encontrar un cluster con un número igual o mayor de vóxeles por encima de el umbral establecido.
    - Set-level: La probabilidad, bajo la hipótesis nula, de encontrar un volumen con un número igual o mayor de clusters..
  - Sitúate en el punto de máxima activación y pulsa el *0.000* bajo FWE y mira en la ventana de Matlab. El valor que aparece es el valor exacto de p.
- Gráficos:
  - Sitúate en el punto de máxima activación: Unión temporo-parietal derecha
    - PLOT<sup>1</sup>
      - “Contrast estimates and 90%”: Te mostrará el tamaño del efecto de un contraste determinado.
        - “Which contrast”: Selecciona *ToM>Gender*
      - “Fitted responses”: Proyecta los valores de un contraste específico a lo largo de diferentes ejes
        - “Which contrast”: *ToM>Gender*
        - “Predicted or adjusted response”: “Adjusted”
        - “Plot against”: “scan or time”
      - “**Event-related** responses”: Proyecta los valores promedio de un estímulo determinado. (Matlab)
        - “Which effect”: *ToM*
        - “Plot in terms of”: “Fitted response and PSTH”
        - “Attributes”. Ajustar eje de las X, de 0 a 15 (TR3)

---

<sup>1</sup> Si el modelo fue estimado en otro directorio tendremos problemas a la hora de visualizar los resultados en gráficas. Para cambiar el viejo directorio del archivo SPM.mat por uno nuevo: 1) escribe [load SPM]; 2) SPM.xY.P; 3) SPM.swd= ‘C:\nuevo directorio’

## 2) Análisis intersujeto: (2º nivel):

- Análisis de segundo nivel: el análisis intersujeto o grupal. Existen dos tipos de análisis grupales:
  - Efectos fijos/ FFX análisis:
    - Sólo tiene en cuenta la variabilidad intrasujeto.
    - Nos permiten hacer inferencias sobre nuestra muestra de estudios. No podemos extrapolar los resultados a la población.
    - Los datos a entrar en el MLG son las imágenes preprocesadas de toda la muestra de sujeto. Los sujetos son incluidos como regresores en el modelo.
    - Contrastes del estilo [1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 1 -1 0 0 0 0 0 0 0 0]
  - **Efectos mixtos (aleatorios)/RFX análisis:**
    - Tiene en cuenta la variabilidad intra e inter sujeto.
    - Nos permite extrapolar los resultados a la población de estudio.
    - Los datos a entrar en el diseño estadístico son las imágenes derivadas de los contrastes (*con.img*)
- Abre la carpeta **(D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/Imágenes\_Contraste\_1\_y\_2)**. Esta carpeta contiene las imágenes contraste (*con0001.img (ToM>Genero)* y *con0002.img (Genero>ToM)*) de cada sujeto. Por razones de comodidad a la hora de seleccionar las imágenes, a cada sujeto se le ha asignado una letra del abecedario que se ha puesto como prefijo a la imagen contraste (de la *a* a la *x* )

### **RFX análisis**

- ¿Qué es? ¿Para qué?
  - Nos permite realizar diferentes test estadísticos y extrapolar los resultados a la población de estudio.
    - “One-sample”: Analizar si en promedio el nivel de activación es significativamente diferente de 0.
    - “Two-sample”: Analizar si el patrón de activación difiere significativamente entre dos poblaciones independientes (pacientes-sujetos sanos; hombres-mujeres)
    - “Paired simple”: Analizar si el patrón de activación difiere significativamente entre dos poblaciones relacionadas. Por ejemplo, en un mismo sujeto pero en dos momentos temporales diferentes (inferir a nivel poblacional el efecto de una intervención).
    - “Multiple regression”: Nos permite analizar la existencia, dirección e intensidad de relación entre el patrón de actividad cerebral y una/s variable/s cuantitativas determinada/s. (pe. Puntuación en una escala de gravedad sintomática)
    - “Full factorial”: Nos permite comparar todos los efectos principales así como las interacciones derivadas del ANOVA de una, dos o tres vías. (p.e. el efecto de tres tipos de fármacos, en dosis diferentes y tres poblaciones diferentes)
    - “Flexible factorial”: Suele utilizarse también para el ANOVA de una, dos o tres vías. A diferencia del “Full factorial” el “Flexible factorial” nos permite especificar qué efectos principales e interacciones queremos analizar.

○ ¿Cómo?

■ Ejemplo “One-sample t-test” para el contraste 1: *ToM>Genero* (*con0001.img*).

(*D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/One\_sample*).

● Diseño:

- “Specify 2nd-level”:
- “Factorial design specification/design”. Escoge “One simple t-test”
- “Scans”/ “Specify files”: Selecciona las imágenes del primer contraste de todos los sujetos: De *a\_con0001.img* a *x\_con0001.img* (utiliza el *0001* como filtro)
- Dejamos todas las demás opciones con los valores por defecto. Cuando aparece una “X” al lado de alguna de las opciones significa que es obligatorio especificar el campo antes de ejecutar el comando.
- “Directory”. Selecciona el directorio donde quieras que se guarde el archivo *SPM.mat*.  
(*D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/One\_s*  
*ample*).
- “Save” como “one\_sample” y “Run”

● Estimación: (Ver apartado anterior 1.2))

- “Estimate”
- “fMRI model estimation”
- “Select SPM.mat”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has creado durante la especificación del modelo.  
(*D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/One\_s*  
*ample*).
- “Save” como “estimate\_One\_sample” y “Run”

● Resultados: (Ver apartado anterior 1.3))

- “Results”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has estimado y pulsa “done”.
- “Define new contrast”
  - “Name” *ToM>Genero*
  - [1].
  - Selecciona el contraste *ToM>Gen* y pulsa “Done”.
  - “Mask with other contrast”. Selecciona no.
  - “Threshold”: Para determinar el umbral de significación:
    - “Title for comparison”: *ToM> Gen*
    - “Corrected height threshold”: “yes”
    - “p-value adjustment to control”:  
FWE/FDR/none. Selecciona “FWE” al *0.05*.
  - “Extent threshold vóxels”: *10*.
- Visualización de resultados
  - “Overlay”



- “Directory”. Selecciona el directorio donde quieras que se guarde el archivo *SPM.mat*.  
(D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/Multiple\_regression)
- “Save” como “corr\_empatia” y “Run”
- Estimación: (Ver apartado anterior 1.2))
  - “Estimate”
  - “fMRI model estimation”
  - “Select SPM.mat”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has creado durante la especificación del modelo.  
(D:/Curso\_SPM/imagenes/Funcional/2nd\_level/Multiple\_regression)
  - “Save” como “estimate\_corr\_empatia” y “Run”
- Resultados: (Ver apartado anterior 1.3))
  - “Results”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has estimado y pulsa “done”.
  - “Define new contrast”
    - “Name” *Corr\_positiva*
    - [1]. Si quisieras ver la correlación negativa el contraste sería [-1]
    - Selecciona el contraste *Corr\_positiva* y pulsa “Done”.
    - “Mask with other contrast”. Selecciona no.
    - “Threshold”: Para determinar el umbral de significación:
      - “Title for comparison”: *Corr\_positiva*
      - “Corrected height threshold”: “yes”
      - “p-value adjustment to control”: FWE/FDR/none. Selecciona “FWE” al 0.05.
    - “Extent threshold vóxels”: 10.
    - Nota: Puedes calcular el coeficiente de correlación mediante la siguiente fórmula:  $\sqrt{t^2/(t^2+df)}$
  - Visualización de resultados
    - “Overlay”
    - Sections: Selecciona “Prev directory” y localiza la carpeta “canonical” en SPM. Selecciona la imagen *Single subjects*
    - Resol Fig: Volumen para ver la tabla de resultados en una nueva ventana.

## **A. Analisis estadístico aplicado a un estudio de VBM**

- En el caso de la VBM el análisis estadístico se realiza directamente mediante un análisis de segundo nivel (ver apartado 2).
- En este caso las imágenes que entramos en el modelo no son las *con.img* sino las imágenes preprocesadas, es decir, las que llevan el prefijo *smwc* indicando que están segmentadas (*c1*, *c2* o *c3*) normalizadas (*w*), moduladas (*m*)- aunque si estamos interesados en diferencias en concentración/densidad en lugar de volumen podemos utilizar las imágenes no moduladas- y suavizadas (*s*). En función del tejido cerebral en el que estemos interesados (sustancia gris o sustancia blanca) escogeremos los segmentos *smwc1* o *smwc2*.
- Las imágenes preprocesadas se encuentran en la carpeta **(D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/imagenes\_preprocesadas)**
- En nuestro caso estamos interesados en las diferencias de volumen de sustancia gris producidas por la presencia de esquizofrenia, por la presencia de ansiedad y por la interacción entre ambas patologías.
- Crea un nuevo directorio de trabajo **(D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/Full\_factorial)**
- - Ejemplo:
    - Diseño:
      - “Specify 2nd-level”:
      - “Factorial design specification/design”. Escoge “Full factorial”
      - “New factor”
        - “Name” *Esquizofrenia*
        - “Levels” 2 (presencia/ausencia)
        - “Independence”: “Yes”
        - “Variance”: “Unequal”
        - “Grand mean scaling” “No”
        - “ANCOVA” “No”
      - “New factor”
        - “Name” *Ansiedad*
        - “Levels” 2 (presencia/ausencia)
        - “Independence”: “Yes”
        - “Variance”: “Unequal”
        - “Grand mean scaling” “No”
        - “ANCOVA” “No”
      - “Specify Cells”
        - “New Cell”
          - “Levels” [1 1]
          - “Scans”. Selecciona los scans correspondientes a la “casilla” [1 1] es decir pacientes con presencia de esquizofrenia y presencia de ansiedad (SQZ\_ANS)
        - “New Cell”
          - “Levels” [1 2]
          - “Scans”. Selecciona los scans correspondientes a la “casilla” [1 2] es

decir pacientes con presencia de esquizofrenia y ausencia de ansiedad (SQZ)

- “New Cell”
    - “Levels” [2 1]
    - “Scans”. Selecciona los scans correspondientes a la “casilla” [2 1] es decir pacientes con ausencia de esquizofrenia y presencia de ansiedad (ANS)
  - “New Cell”
    - “Levels” [2 2]
    - “Scans”. Selecciona los scans correspondientes a la “casilla” [2 2] es decir pacientes con ausencia de esquizofrenia y ausencia de ansiedad (CTR)
  - “Covariates”.
    - Edad:
      - “Vector”: escribe “spm\_load” y busca el archivo *edad.txt*  
(D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/Full\_factorial/edad.txt)
      - “Name”: *edad*
      - “Centering”: “No centering”
      - “Intercept”: “Omit intercept”
    - Género:
      - “Vector”: escribe “spm\_load” y busca el archivo *genero.txt*  
(D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/Full\_factorial/genero.txt)
      - “Name”: *genero*
      - “Centering”: “No centering”
      - “Intercept”: “Omit intercept”
  - “Masking”
    - “Threshold masking”: “Absolute”; “Absolute threshold” *0.1*
    - “Implicit Mask”: Yes
    - “Explicit Mask”: “No”
  - “Global calculation”: “Omit”
  - “Global normalization” “Overall grand mean scaling” “No”
  - “Normalisation”: “none”
  - “Directory”. Selecciona el directorio donde quieras que se guarde el archivo *SPM.mat*.  
(D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/Full\_factorial/edad.txt)
  - “Save” como “full\_factorial” y “Run”
- Estimación: (Ver apartado anterior 1.2))

- “Estimate”
- “fMRI model estimation”
- “Select SPM.mat”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has creado durante la especificación del modelo. (D:/Curso\_SPM/imagenesVBM/2nd\_level/Full\_factorial/edad.txt)
- “Save” como “estimate\_full\_fact” y “Run”
- Resultados: (Ver apartado anterior 1.3))
  - “Results”: Selecciona el archivo *SPM.mat* que has estimado y pulsa “done”.
  - Contrastes
    - El diseño “Full factorial” ya ha creado automáticamente los siguientes contrastes:
      - F: Average effect of condition
      - F: Main effect of Esquizofrenia
      - F: Main effect of Ansiedad
      - F: Interaction: Esquizofrenia x Ansiedad
      - T: Positive effect of condition
      - T: Positive effect of Esquizofrenia
      - T: Positive effect of Ansiedad
      - T: Positive effect of Esquizofrenia x Ansiedad
    - “Define new contrast”
      - “Name” *Negative\_effect\_Esq*: [-1 -1 1 1]
    - Selecciona el contraste *Negative\_effect\_Esq* y pulsa “Done”.
    - “Mask with other contrast”. Selecciona no.
    - “Threshold”: Para determinar el umbral de significación:
      - “Title for comparison”: *Negative\_effect\_Esq*
      - “Corrected height threshold”: “yes”
      - “p-value adjustment to control”: FWE/FDR/none. Selecciona “FWE” al 0.05.
    - “Extent threshold vóxels”: 10.
  - Visualización de resultados
    - “Overlay”
    - Sections: Selecciona “Prev directory” y localiza la carpeta “canonical” en SPM. Selecciona la imagen *Single subjects*
    - Resol Fig: Volumen para ver la tabla de resultados en una nueva ventana.