

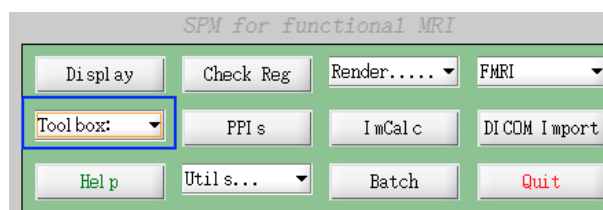
使用 CAT 进行 VBM 分析

Alex / 2017-11-25 / free_learner@163.com

CAT (Computational Anatomy Toolbox) 是一个基于 SPM 的 Matlab 工具包，这里记录一下使用 CAT 进行 VBM 分析的方法。更详细的介绍参见[官网](#)。

一、安装和启动

- (1) 下载和安装 SPM12，具体过程见 SPM12 [官网](#)；
- (2) [下载](#)并解压 CAT 工具包，解压后名为 cat12，放到 SPM 的 toolbox 文件夹下；
- (3) 打开 SPM（在 Matlab 命令行窗口输入 `spm fmri`），在 Menu 窗口界面中 toolbox 选项中选择 cat12.

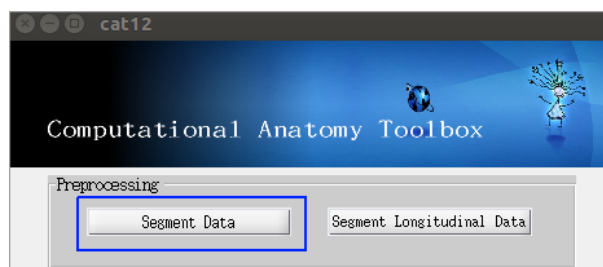


二、准备数据

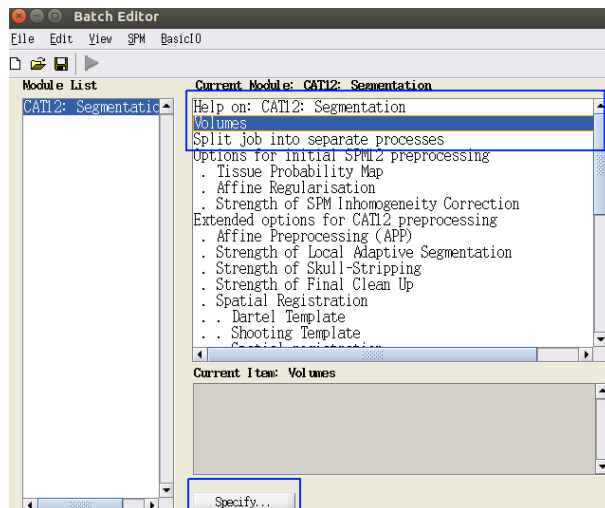
- (1) 将所有被试的原始 T1 图像放到一个文件夹下，该文件夹即为分析目录，分析的结果都保存在该目录下；
- (2) 这里假设有两组被试，第一组 10 人，命名为 N*.nii (*表示 001, 002, 003...010)；第二组 10 人，命名为 S*.nii (*表示 001, 002, 003...010)。

三、分割图像

- (1) 选择 Preprocessing 模块下的 Segment Data，弹出 Batch Editor 窗口，在这里设置图像分割的参数；

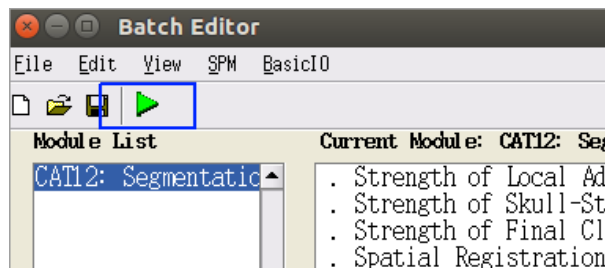


- (2) 选择 Volumes，选择 Specify，在弹出的窗口中选择所有被试的 T1 图像，选择 Done；



(3) 选择 Split job into separate processes, 选择 Specify, 在弹出的窗口中设置进程数（默认为 4），每个进程需要大概 2GB 内存；

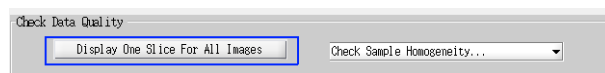
(4) 其余选项可保持不变, 选择 Batch Editor 上方的绿色三角形, 图像分割开始运行；



(5) 分析结束后, 分析目录下（即存放原始 T1 结构像的目录）会新增三个文件夹, 其中文件夹 mri 包括每个被试的灰质（命名为 `mwp1*.nii`, *即每个被试的文件名, 这里为 N001, N002, ... N010, S001, S002, ... S010, 1 表示灰质）、每个被试的白质（命名为 `mwp2*.nii`, *同样表示每个被试的文件名, 2 表示白质）以及每个被试降噪和去除颅骨后的图像（命名为 `mw*.nii`, m 表示校正过配准, w 表示标准空间）；文件夹 report 中保存了每个被试形态学和图形质量等指标, 包括 pdf/mat/xml 三种格式；文件夹 label 包含了每个被试不同分区模板下的各分区的体积信息, 包括 mat/xml 两种格式。

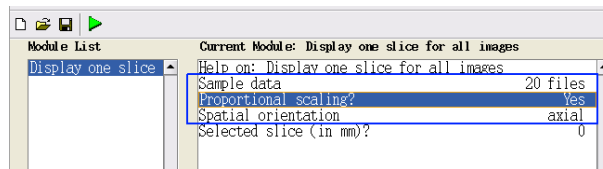
四、检查图像质量

(1) 选择 Check Data Quality 模块下的 Display One Slice For All Images;

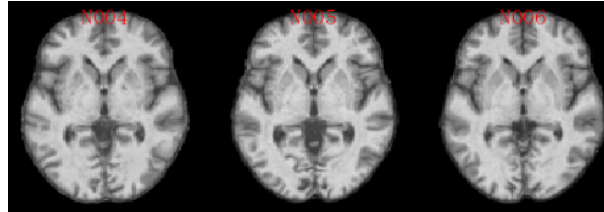


(2) 在弹出的 Batch Editor 中选择 Sample data, 选择 Specify, 选择分析目录下 mri 文件夹中 `mw*.nii` 文件; `wm*.nii`

(3) 选择 Proportional scaling, 选择 Yes;



(4) 其他选择保持不变，选择 Batch Editor 上方的绿色三角形，开始运行；

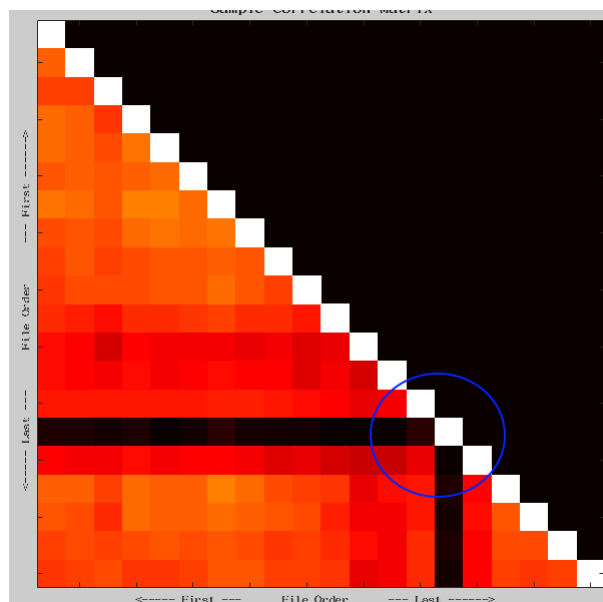


(5) 选择 Check Data Quality 模块下 Check Sample Homogeneity，选择 VBM Data；

(6) 在弹出的 Batch Editor 中选择 Data，选择 Sample data，选择 Specify，选择分析目录下 mri 文件夹下 mwp1*.nii 文件，即每个被试的灰质图像；

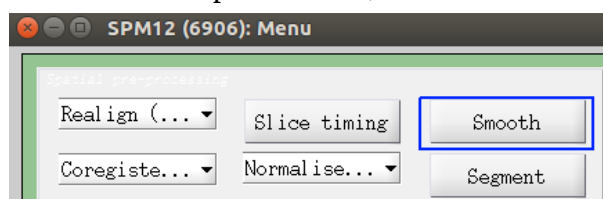
(7) 其他选项保持不变，选择 Batch Editor 上方的绿色三角形，开始运行；

(8) 运行结束，会生成一个相关矩阵图和一个相关系数的 boxplot，表达的信息都是不同被试间的相似性。比如下图中有一个被试明显不同于其他被试的图像，经过仔细检查后发现，确实该被试在图像质量上有问题，所以这一检查步骤是很重要的。



五、平滑

(1) 在 SPM Menu 窗口中选择 Smooth，在弹出的 Batch Editor 中选择 Images to Smooth，选择 Specify，选择分析目录下 mri 文件夹下 mwp1*.nii 文件；

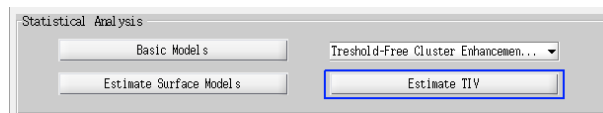


(2) 其他选项保持不变，选择选择 Batch Editor 上方的绿色三角形，开始运行；

(3) 运行结束后，分析目录下 mri 文件内新增了名为 smwp1*.nii 的文件，表示平滑后的每个被试的灰质图像；

六、估计颅内总体积

(1) 选择 Statistical Analysis 模块下的 Estimate TIV，在弹出的 Batch Editor 中选择 XMLfiles，选择 Specify，选择分析目录下 report 文件夹下每个被试的 xml 格式文件；



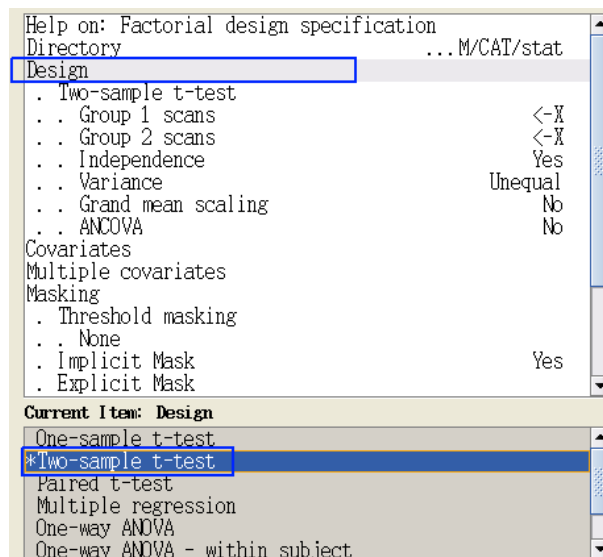
(2) 选择 Output file，选择 Specify，设置输出的路径和文件名（默认路径为当前目录和默认文件名为 TIV.txt）；

(3) 其他选项保持不变，选择选择 Batch Editor 上方的绿色三角形，开始运行；

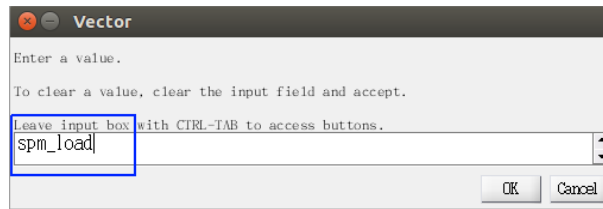
七、构建统计模型

(1) 选择 Statistical Analysis 模块下的 Basic Models，在弹出的 Batch Editor 里选择 Directory，即输出目录（这里我在分析目录下新建了一个 stat 的文件夹，并选择 stat 文件夹为输出目录）；

(2) 选择 Design，选择 Two-sample t-test；选择 Group 1 scans，选择 mri 目录下 swmp1N*.nii 文件，即第一组被试；选择 Group 2 scans，选择 mri 目录下 swmp1S*.nii 文件，即第二组被试；注意要去除在前面质量检查步骤中有问题的被试；



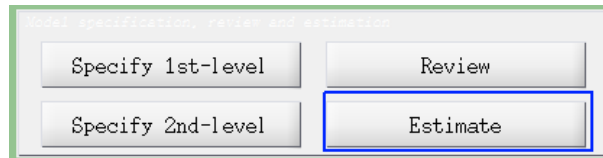
(3) 选择 Covariates，选择 New Covariate，选择 Vector，选择 Specify，输入 spm_load，选择前面生成的包含颅内总体积的文本文件（默认为 TIV.txt）；如果去除了某个被试，也要相应地将其颅内体积去掉；



- (4) 选择 Threshold masking, 选择 Absolute, 设置为 0.1;
- (5) 其他选项保持不变, 选择选择 Batch Editor 上方的绿色三角形, 开始运行;
- (6) 分析结束后会在输出目录下 (这里为 stat) 产生一个 SPM.mat 文件。

八、模型估计和统计推断

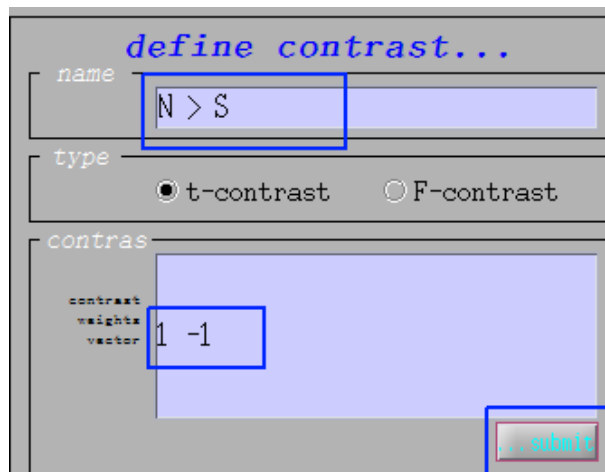
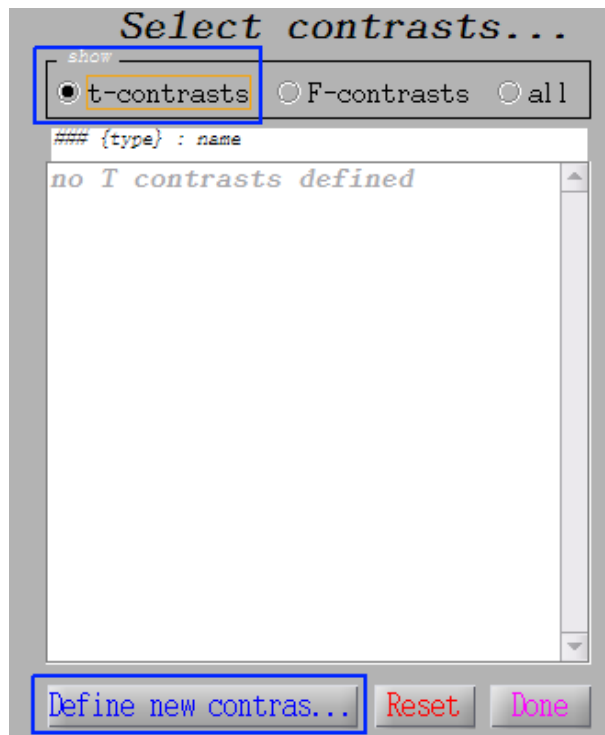
- (1) 在 SPM Menu 窗口选择 Estimate, 在 Batch Editor 中选择 Select SPM.mat, Specify 上一步生成的 SPM.mat 文件, 其他选项保持不变, 并运行 Batch。



- (2) 在 SPM Menu 窗口选择 Review, 选择 SPM.mat; 在交互窗口中选择 Design, 选择 Design orthogonality;



- (3) 在 SPM Menu 窗口选择 Results, 选择 SPM.mat; 在弹出的 contrast manager 中选择 t-contrasts, 选择 Define new contrast, 设置 contrast name 和 contrast (双样本 t 检验就是 1 -1);



(4) 在弹出的交互窗口中 apply masking, 选择 none; p value adjustment 选择 FWE; p value (FWE) 选择 0.05 (默认为 0.05), extent threshold 选择 0 (默认为 0);

(5) 组间比较结果:

