

目录

写在前面	1
SPM, cat12, mricron.exe 安装	3
ADNI 数据集	4
ADNI 数据集申请	4
ADNI 数据集下载（以及一些解释）	5
简单筛选	6
移动并整理数据	9
AC-PC(校正)	11
AC-PC 校正（注意事项）:	11
使用方法及错误解决:	12
Coregister(配准).....	14
Coregister(批量配准).....	15
流程	15
批量配准	15
ROI 说明	17
PET 数据获取.....	18
MRI 头骨剥离	20
PET——UC Berkeley 数据.....	22
说明	22
介绍	22
获取数据	23

写在前面

本文方法的正确性和有效性尚未得到充分验证。在实际操作过程中遇到任何疑问，可以通过电子邮件反馈至 xiguo@my.swjtu.edu.cn。

文档中涉及到的代码被上传在 [xiyu1007/ADNI_DATA_PROCESS](https://github.com/xiyu1007/ADNI_DATA_PROCESS)。含有 Readme.txt 是一些报错信息和解决方案。

说明：本文处理的数据均来自 ADNI，仅包含 sMRI，FDG-PET，其他类型数据可供参考。sMRI、FDG-PET 后文简称 MRI、PET。本文只介绍 ADNI2 的处理方法，其他阶段有同样的流程。

注：sMRI 为结构 MRI，FDG-PET、CT、fMRI 等为功能像，功能像会在间隔时间内持续采集，因此为序列图像(4D)，而结构像为 3D。序列图像由于时间间隔等因素需要头动校正等操作，而本文档下载的数据已经预处理，并提供的下载预处理数据的教程。

处理流程简言：将 MRI 配准到 MNI，将 MRI 分割，将 PET 配准到分割的灰质 MRI 图像，应用 Deformation Fields 将 PET 转换到 MNI。分别计算 MRI 对应 ROI 的灰质体积，PET 对应 ROI 的强度(intensity)，SUVr 作为各自特征。

一些疑问回答：

为什么要配准？

MNI 空间提供一个标准的坐标空间，将受试者数据统一至 MNI 以存在可比性。实际上 MRI 分割时 cat12 会将 MRI 配准，所以 MRI 只需要 AC-PC。

为什么要将 PET 配准到 MRI？

功能像对齐到结构像。

PET 数据的计算方式？

参考 UC Berkeley and Lawrence Berkeley National Laboratory，获取文档方法在 [PET——UC Berkeley 数据](#)。

为什么 ADNI1 没有 LMCI、EMCI？

数据和样本 > ADNI 数据 > 研究群组信息

参考 Mild Cognitive Impairment (MCI)卡片的说明（但是仅在 ADNIGO 中找到

EMCI 和 MCI)

下载的预处理数据类型是那些?

在 ADNI 官网可找到介绍。

PET

[Data and Samples](#) > [ADNI Data](#) > [Neuroimaging](#) > **PET**

Image Pre-Processing

Images are uploaded to LONI and undergo pre-processing at the University of Michigan to produce the following output of different image types:

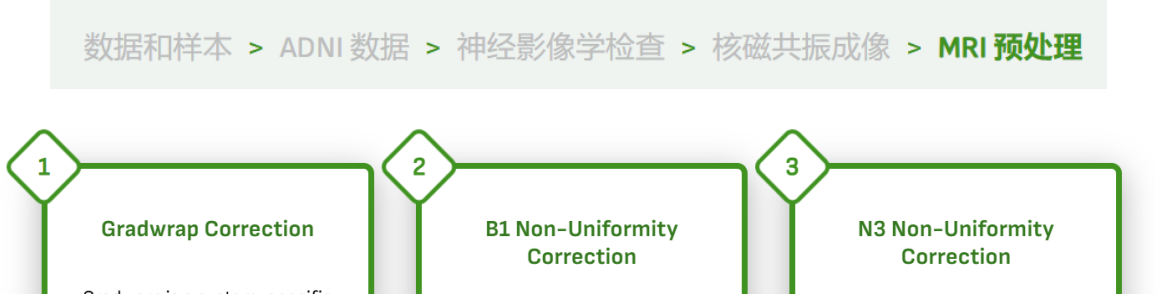
1. Co-registered Dynamic

2. Co-registered, Averaged

3. Co-reg, Avg, Standardized Image and Voxel Size

4. Co-reg, Avg, Std Img and Vox Siz, Uniform Resolution

MRI



记： UC Berkeley 提供的 PET 数据在 ADNI1/GO 中并不包含 AD 患者的数据，并且只提供了 SUVr 和体积数据，而在涉及多种示踪剂的分析中，CL 值可以直接相互比较，但多种示踪剂之间的 SUV 不能直接比较。

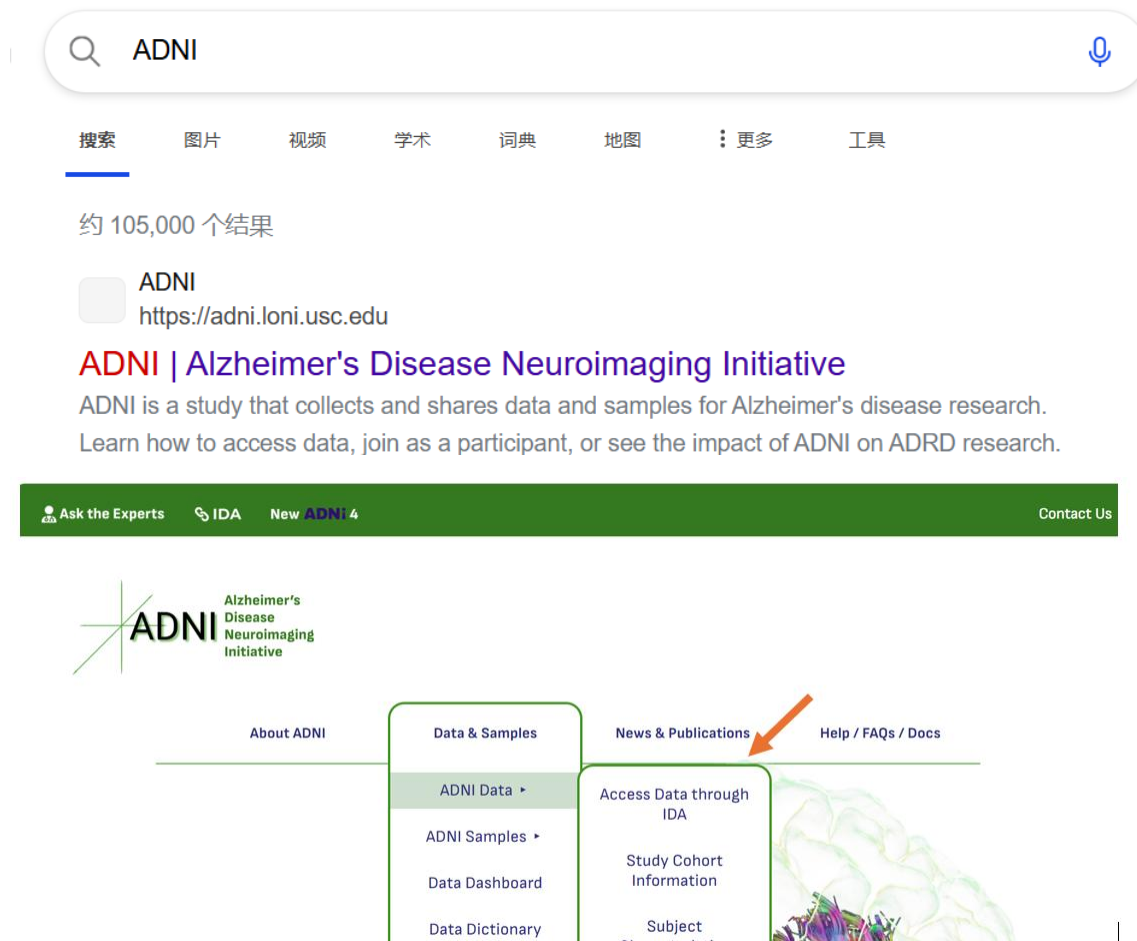
SPM, cat12, mricron.exe 安装

自行在 CSDN 搜索 SPM 安装教程，以及 cat12 安装教程。以及 [mricron.exe](#)（可以把 dicom 和 nii 文件拖到里面查看图像。）

ADNI 数据集

ADNI 数据集申请

浏览器搜索 ADNI，点击图 2 所示箭头指向内容，

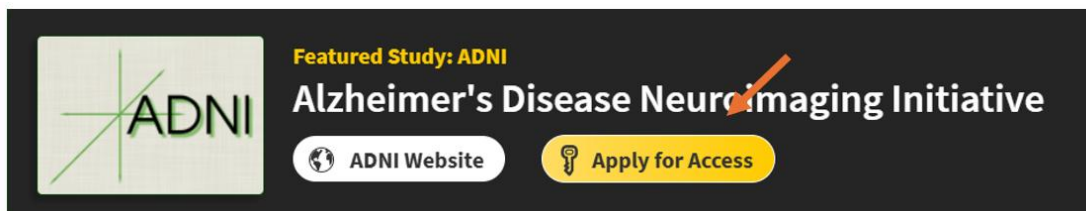


接着点：然后填入相应内容，注意后面的申请内容写详细一点，等几天通过后，重复这个操作会让你进入到 IDA,按下一页图示点击：

Apply For Data Access

The application process includes acceptance of the Data Use Agreement and submission of an online application form. The application must include the investigator's institutional affiliation and the proposed uses of the ADNI

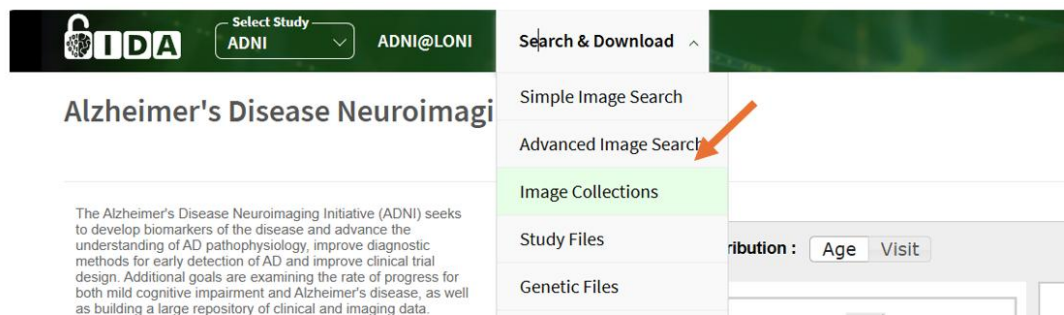




ADNI 数据集下载（以及一些解释）

关于数据集：ADNI 的数据集分 ADNI1-ADNI4 几个阶段。AD 的数据集中 fMRI（功能 MRI），sMRI（结构 MRI）的区别：fMRI 和 PET 扫描是动态的（即在特定时间间隔内多次成像），那么生成的图像数据是 4D 的：多个 3D 按照时间序列排列。而该文档使用的数据是 sMRI, FDG-PET。对于一个受试者需要分别得到其对应的 sMRI, FDG-PET 图像，而一个受试者一个阶段会随访多次，所有可能有多张相同模态的图像，也有可能只有一个模态的数据。

下载：



以下只介绍 ADNI2 阶段的数据。ADNI 数据集下载需要自己手动筛选，本文提供了一些参考：

简单筛选

The screenshot shows the ADNI search interface. On the left, there are 'Search Options' and 'Display Options'. The 'Search Options' section includes checkboxes for 'Exclude Previous Downloads', 'Project/Phase', 'Subject', 'Subject Specific Information', 'Assessments', 'Study/Visit', 'Image', 'Imaging Protocol', 'Image Status', and 'Image Processing'. The 'Display Options' section includes checkboxes for 'Original', 'Pre-processed', and 'Post-processed'. The 'Search Criteria' section on the right includes fields for 'Project/Phase', 'Subject ID', 'Age (years)', 'Sex', 'Weight (kgs)', 'Research Group', 'Subject Specific Information', 'Assessments', 'Study/Visit', and 'Imaging Protocol'. A green box highlights the 'Display in result' column on the right side of the search criteria table.

左侧一些信息解释，**搜索部分**：受试者，研究/随访时间（患者什么时候做的检查，每个阶段可能做了多次检查），图像的筛选面板，图像是否预处理（只有勾选预处理、后处理才可以选）。图像类型：原始，预处理，后处理。**绿色方框的一栏（Display in result）**注意最右侧未展示完的方框每个都需要选上。模式这里选 and（不选 or），表示两个模式都同时有的受试者。

The screenshot shows the 'IMAGING PROTOCOL' section of the ADNI search interface. It includes checkboxes for 'Autopsy', 'Image Description', 'Image ID', 'Modality', 'Field Strength (tesla)', 'Matrix Z', 'Slice Thickness (mm)', 'Acquisition Plane', 'Acquisition Type', and 'Manufacturer'. A green box highlights the 'Display in result' column on the right side of the imaging protocol table.

MRI：这里磁场强度是影像拍摄的磁场（可以选 1.5/3，或者不填一起讨论），SAGITTAL 是影像的方向（3D 图像），只是角度不同，根据参考文献^[3]选取了 SAGITTAL（我观察到这个选项和其他的略有区别但理论上只是方向不同）。然后是摄影机器的厂商和机器型号可不选。

The screenshot shows the 'IMAGING PROTOCOL' section of the ADNI search interface. It includes checkboxes for 'Autopsy', 'Image Description', 'Image ID', 'Modality', 'Field Strength (tesla)', 'Matrix Z', 'Slice Thickness (mm)', 'Acquisition Plane', 'Acquisition Type', and 'Manufacturer'. A green box highlights the 'Display in result' column on the right side of the imaging protocol table.

T1 加权，图像的计算（处理）方法，AD 默认 T1（可自己参考）。

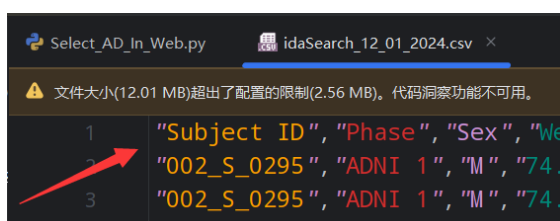
PET: FDG 为...葡萄糖...PET（代谢有关），AD 论文大多使用 FDG-PET（可选）。

The screenshot shows the IDA search interface with several filter sections. In the 'Radioisotope' section, '18F-FDG' is selected. In the 'Radiopharmaceutical' section, '18F-FDG' is also selected. In the 'Weighting' section, 'T1' is selected. In the 'Image Processing' section, the 'Display in result' column has checkboxes for 'Image File Type', 'Anatomic Structure', 'Tissue Type', 'Laterality', and 'Registration', all of which are checked. Red arrows point to the '18F-FDG' selection and the 'Display in result' column checkboxes.

记得绿色方框的一栏（**Display in result**）每个都需要选上。可以发现 MRI，PET 数据个数不一致，你现在需要筛选出（PET 和 MRI 都有，且分别只要一条，最好访问时间相同）的数据,并且由于有些受试者的模态图像是其他阶段采集的，还需要去掉只有单一模态的受试者。提供了一个 python 脚本帮你进行初步筛选，可以筛选出同时拥有两个模态的受试者 ID 和图像 ID，首先勾选 select_all 选择所有数据，然后点击 CSV_Download 下载信息 csv

The screenshot shows the IDA search results page. The table displays results for 27134 images selected. The table has columns for SUBJECT, STUDY, Visit, Study Date, Archive Date, Age, Global CDR, NPI-Q Total Score, and MMSE T. A red arrow points to the 'CSV Download' button in the top right corner.

下面是 python 代码的用法（不会详细解释如何实现），找到 Select_AD_In_Web.py，



```
# 读取数据
data = pd.read_csv('idaSearch_12_01_2024.csv')
Id = 'Subject ID'

target_root = 'output' # 保存的目录，输出的文件保存目录，可用为空
re_path = 'Web_BOTH_MRI_PET.csv' # 输出的结果文件名
mi_path = 'Web_MISS_MRI_oR_PET.csv'

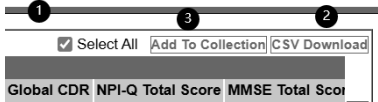
result_csv= Filter(data,re_path,mi_path,target_root)
Get_Img_ID(result_csv,target_root)
```

将 `data = pd.read_csv('idaSearch_11_02_2024.csv')` 中路径设置为你刚才下载的 csv 文件路径，运行，你会在 `output/Img_ID.txt` 同时拥有两个模态的受试者 IMG ID，其他所有操作不变，复制 txt 文件 PET AND MRI Image ID 下面一行的 ID，回到筛选仅粘贴内容到 Img Id，其他部分无需修改。

再搜索，由于同时下载 PET 和 MRI 文件很大，可以分开下载 MRI，PET 的 IMG，



重新下载 csv，(这里的 csv 文件包含具有两个模态的受试者的完整信息，后文称其



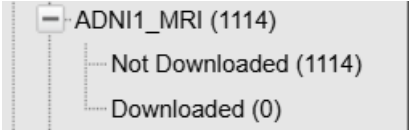
为 **Subject_Info.csv**)其实 Select_AD_In_Web.py 已经输出 Web_BOTH_MRI_PET.csv 理论二者内容一致。点击旁边的 Add to.. 取个明了的名字，1004 为受试者数目，在

Enter a name for the collection:

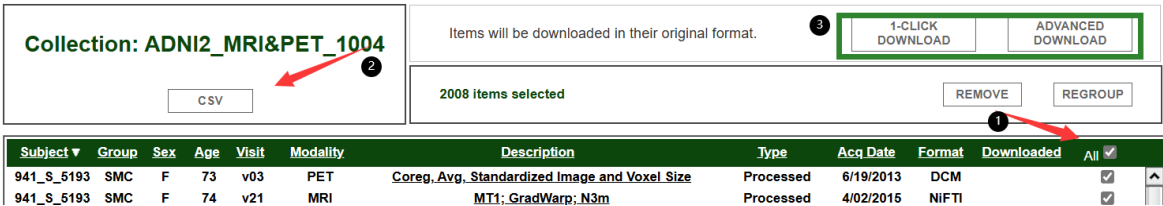
输出文件里可以找到。Select_AD_In_Web.py 筛选预处理类型回答在[写在前面：下载的预处理数据类型是那些？](#)

由于 PET 数据是 4D 的，预处理后的是 3D，你也可以下载非预处理的，该文档提供了方法切割 4D 为 3D。

不得不提的是 ADNI 某些下载过的数据会到 Download (网站 bug Download 个数一直是 0)，导致 Not Download 不是完整的整个数据集，如果你的 Not Download 有数据最好先下载里面的，再下载 Download,得到所有数据。在下载界面勾选所有数据并

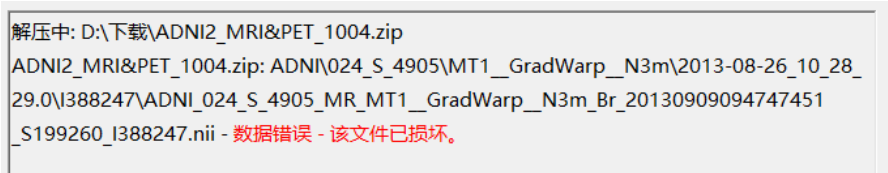


且下载 csv 文件，(这里只包含了受试者的类别等部分不完整的信息)，后文称其为 **temp.csv** 和筛选 ID 那里的不同这里的 csv 信息很少，之所以下载是



Subject	Group	Sex	Age	Visit	Modality	Description	Type	Acq.Date	Format	Downloaded	All
941_S_5193	SMC	F	73	v03	PET	Coreg. Avg. Standardized Image and Voxel Size	Processed	6/19/2013	DCM		<input checked="" type="checkbox"/>
941_S_5193	SMC	F	74	v21	MRI	MT1: GradWarp: N3m	Processed	4/02/2015	NIFTI		<input checked="" type="checkbox"/>

为了方便后续移动数据，关键信息 csv 在筛选 ID 那里的 csv)。Metadata 可下可不下



```
解压中: D:\下载\ADNI2_MRI&PET_1004.zip
ADNI2_MRI&PET_1004.zip: ADNI\024_S_4905\MT1_GradWarp_N3m\2013-08-26_10_28_
29.0\I388247\ADNI_024_S_4905_MR_MT1_GradWarp_N3m_Br_20130909094747451
_S199260_I388247.nii - 数据错误 - 该文件已损坏。
```

(本文档未使用)。建议使用 Free Download Manager 下载。

移动并整理数据

将下载后的数据放在同一目录解压(解压到当前文件), 会自动解压到 ADNI 目录下,

名称

- 📁 ADNI
- 📁 ADNI1_MRI_Month6.zip
- 📄 ADNI1_MRI_Month6_11_02_2024.csv
- 📁 ADNI1_PET_ACPC_Month6.zip
- 📄 ADNI1_PET_ACPC_Month6_11_02_2024.csv
- 📁 ADNI1_PET_ACPC_Month6_metadata.zip

你可以浏览查看结构, (如果你分开下载了 MRI 和 PET 的压缩包, 放在同一目录下解压, 也会自动对应解压到 ADNI 目录下)。如果你分开下载了 Not Download 和 Download(或 MRI,PET)的数据, 先将两者的 csv 文件连接在一起(即为 **temp.csv**), CSV_Concat.py, 有很简单的代码帮助你完

```
# 读取数据
csv_path = 'ADNI1/output/ADNI1_60_MRI_PET_575_12_01_2024.csv'
# TODO 根据csv修改为Subject ID或Subject ID
ID = 'Subject'

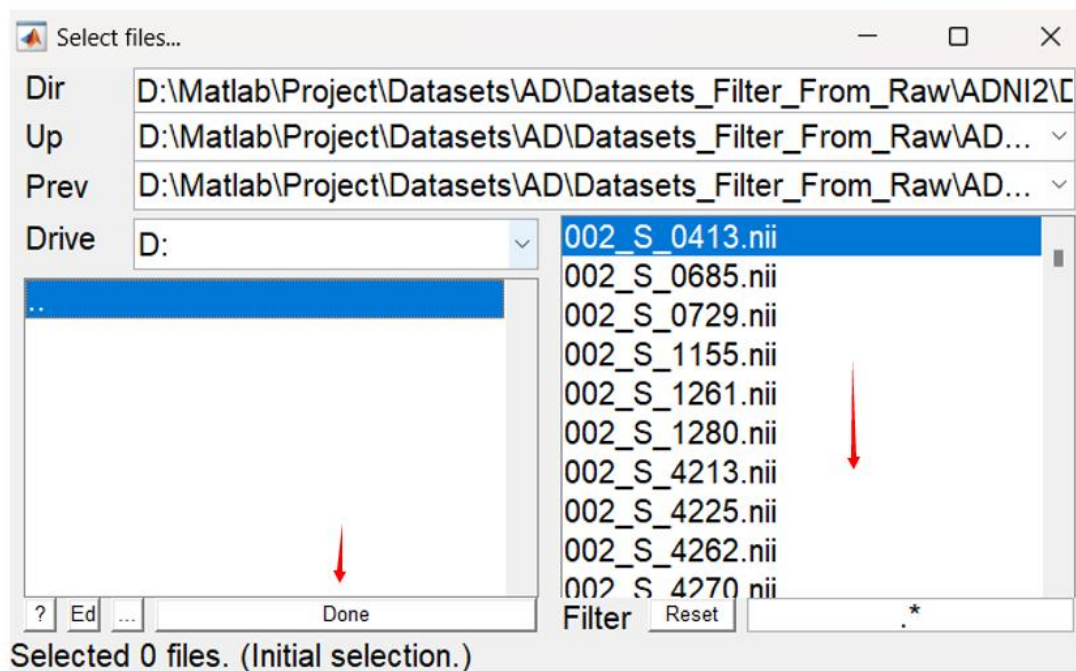
ADNI = 'ADNI1'
Pre_Path = rf'D:\Matlab\Project\Datasets\AD' # 可自定义
# 解压后的数据根目录为ADNI
root_directory = \
    rf'{Pre_Path}\Datasets_Raw\{ADNI}\ADNI'
target_root = \
    rf'{Pre_Path}\Datasets_Filter_From_Raw\{ADNI}\DICOM_PET_MRI'
# DICOM转换路径
DICOM_Root = \
    rf'{Pre_Path}\Datasets_Filter_From_Raw\{ADNI}\DICOM_PET_MRI'
Nii_Root = \
    rf'{Pre_Path}\Datasets_Filter_From_Raw\{ADNI}\DICOM2Nii'
```

成。如果有解压错误的数据可用重新去网站下载或者删除对应的 PET 和 MRI 数据。接下来来到 Filter_AD_To_PET&MEI.py, 首先介绍: 你下载的文件大多是 dcm 类型的, 需要转换为 nii 类型方便后续处理, 在这之前, 你需要下载 [mricron.exe](#), 安装请看 [SPM, cat12, mricron.exe 安装](#), 其中 DICOM2NII.py 是批量转换 dcm 文件的 py 脚本, 你也可以在 Filter_AD_To_PET&MEI.py 的 main 函数中对应的行会调用, 方便在清洗数据后直接调用 DICOM2NII.py 进行 ni 文件的转换。在这之前请到 DICOM2NII.py 中将 Mricron 软件 Resources 下的 dcm2niix.exe' 路径替换到 dcm2niix_path, 如果你单独使用 Dcm2Nii 函数, 请确保到 DICOM2NII.py 中修改上图中的路径。csv 文件为 **temp.csv**(下载部分的)。你可以直接修改 Pre_path 为任意你提供的目录, 以保留设定的目录结构, 但请确保 root_dir 设置为你下载的 ADNI 数据集解压后的目录, 在文档中(如果分开下载了 MRI 和 PET, 未分开下载都为 ADNI)解压后的文件都在 ADNI 目录下(上页的目录展示)。并且确保你所有目录没有中文,

因为 matlab 不能识别中文路径，这会很麻烦。Filter_AD_To_PET&MEI.py 会调用 Move_Trim.py，请确保这些文件在同一目录下。运行 Filter_AD_To_PET&MEI.py 可能需要些时间，完成后浏览你很快就会明白筛选的目录结构以及结果了。Readme.txt 是一些参数说明，你可以参考也可以忽略。

AC-PC(校正)

简单来说就是要把图像坐标原点设置到指定位置，方便后续配准。先看下方注意事项 AC-PC 校正（注意事项）：和[使用方法及错误解决](#)。找到 Reorient.m，MRI 图像修改 i_type = 't1'，PET 图像修改 i_type = 'pet';运行程序，会出现文件选择框，分



别进入如下路径的 MRI/PET，在箭头处右击，select all 然后点击 done,然后就开始 ac-pc 了，分别完成 MRI 和 PET 图像校正。如果你下载的 PET 图像是 4D 的，那么需要

```
Nii_Root = \
rf"{Pre_Path}\Datasets_Filter_From_Raw\{ADNI}\DICOM2Nii"
```

先从中筛选(任选一张)出 3D 的，Main_Fun_Split_4DTo3D.m 将输入路径（存放需要分割的图像），输出路径，以及需要保留第几个 3d 图像的索引（不确定可以为 1，或 0 保存全部分割后的图像）传入就会自动分割了，（不会改变本来就是 3D 的数据）。

AC-PC 校正（注意事项）：

添加文件：此步骤不做似乎无影响，最好先不做，不行再添加文件至相关目录

将 spm_cfg.m，spm_cfg_autoreorient.m 复制到 SPM\config\目录下

已知 spm_cfg.m（与原 SPM 目录中的文件相比）修改部分如下：

```
%-----
% Spatial
```

```
%-----
spatial.help    = {'Various spatial and other pre-processing functions.'};
spatial.values  = { spm_cfg_autoreorient spm_cfg_realign spm_cfg_realignunwarp
spm_cfg_coreg spm_cfg_preproc8 spm_cfg_norm spm_cfg_smooth };

```

使用方法及错误解决：

运行 Reorient.m

选择所有需要批量处理的 nii 文件，可以右击选择全部，点击 done.就完成了。注意校正后的文件直接覆盖原文件，根据需求是否备份原文件。

模态单独处理，不要把 MRI 和 PET 一起校正，而是分开，并设置 i_type = 'T1'; 为对应模态 MRI，PET 则是 i_type = 'pet'。

如果 AC 位置偏离太远，模板匹配不上报错：

There is not enough overlap in the images
to obtain a solution.

还是需要手动校正到大概位置才可以不然模板匹配不上，但是又很麻烦，所以参数 center_origin=true,先将图像 ac 设置在图像中心，这样设置后本文的数据都能匹配上

有些 PET 扫描是动态的（即在特定时间间隔内多次成像），那么生成的图像数据可以是 4D 的。每个指定时间扫描一次然后就会有多个时间序列的 3D 图像：4D,所有切片为 3D 处理

!!! 如果你未下载预处理后的 PET，有些 PET/fmri 图像是 4D 的,函数 File_Split_4DTo3D.m 提供方法转换为 3D,根据需要选择指定切片

Main_Fun_Split_4DTo3D.m 可以保留指定切片或者全部切片，volume_to_keep 为保留切片的索引，确保其没有超过时间序列索引，为 0 则保留所有切片。

如果输出目录不改且指定了切片会覆盖原文件!!!

出现错误：因为 nii 是 4D，请用 Main_Fun_Split_4DTo3D.分割为 3D，不会改变本来就是 3D 的图像，所以随意传入整个目录吧。

Can not use more than one source image.

出错 CN_of_spm_auto_reorient>spm_auto_reorient (第 81 行)

[M, scal] = spm_affreg(vg,vf,flags);

^^

出错 CN_of_spm_auto_reorient (第 130 行)

spm_auto_reorient(p,i_type,p_other)

^^

D:\Matlab\R2024b\toolbox\spm12\toolbox\OldNorm cfg_getfile 位于

下面错误是因为 spm12 的路径没有被完全加入到预设路径，在终端输入 spm 会自动加入，然后再重新运行。（或者重新把 SPM 加入到预设路径）

函数或变量 'cfg_getfile' 无法识别。

出错 spm_select (第 154 行)

[t, sts] = cfg_getfile(varargin{:});

^^

出错 Reorient (第 1 行)

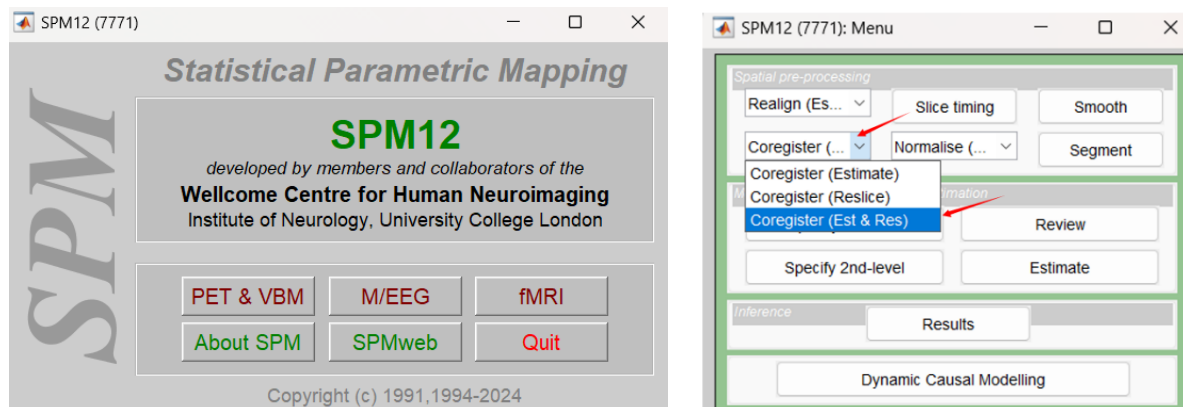
p=spm_select(Inf,'.nii');

^^

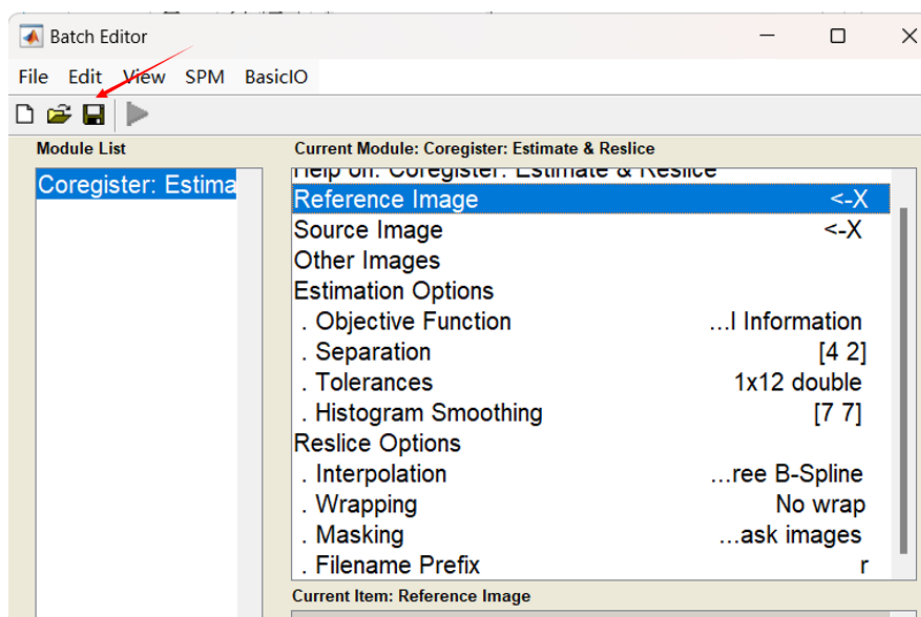
Coregister(配准)

配准之前务必完成 AC-PC，否则配准会失败。在 matlab 命令行输入 `spm`, 确保已经完成 SPM, cat12 安装，然后选择 PET/fmri。

配准就是将图像和标准图像对齐，ac-pc 是确定坐标原点，比如自己图像的小脑区域和标准模板的小脑区域对齐。



进入下面界面，进入如下界面，reference 表示标准空间模板的图像，source 表示需要配准到标准空间的图像，其他是一些参数。双击任意选择一个 reference，source 点击左上角保存，记得选择保存为 .m 结尾的文件。然后点开保存的文件就可以修改文件的名称来实现批量配准。当然选择模板和待配准图像你也可以点击保存旁边的绿色小三角运行后查看配准结果（每次只能配准一张图）。



Coregister(批量配准)

流程

总结一下，流程是这样的：(r 开头表示配准后的数据)

可以选择（是/否）将 MRI 配准到 MNI，之所以可以不做是因为 cat12 分割时会进行空间配准。是否配准的数据好坏无从考量。

- MRI 图像分割出头骨剥离(并且处于 Native, 即原始空间)的 MRI(p0MRI)
- PET => p0MRI 图像 配准：这一步将 PET 图像对齐到 MRI 图像的空间，功能像与结构像的对齐。
- rPET 图像 使用 MRI 到 MNI 空间的 Deformation Fields, 将 rPET normalize 到 MNI。
- ROI 图像 Reslice 为与 PET 同样大小的维度。

批量配准

配准之前务必完成 AC-PC，否则配准会失败。

PET 的配准（如果考虑 MRI 配准可以使用 batch_coregister_mri）

在这之前请务必跳转至 [MRI 头骨剥离](#),先完成此步骤。

PET 为待配准的 PET 数据目录。

Interp 根据 cat12 说明改为 1 也可以时间更短对 PET 来说足够。实际上配准 PET 时自

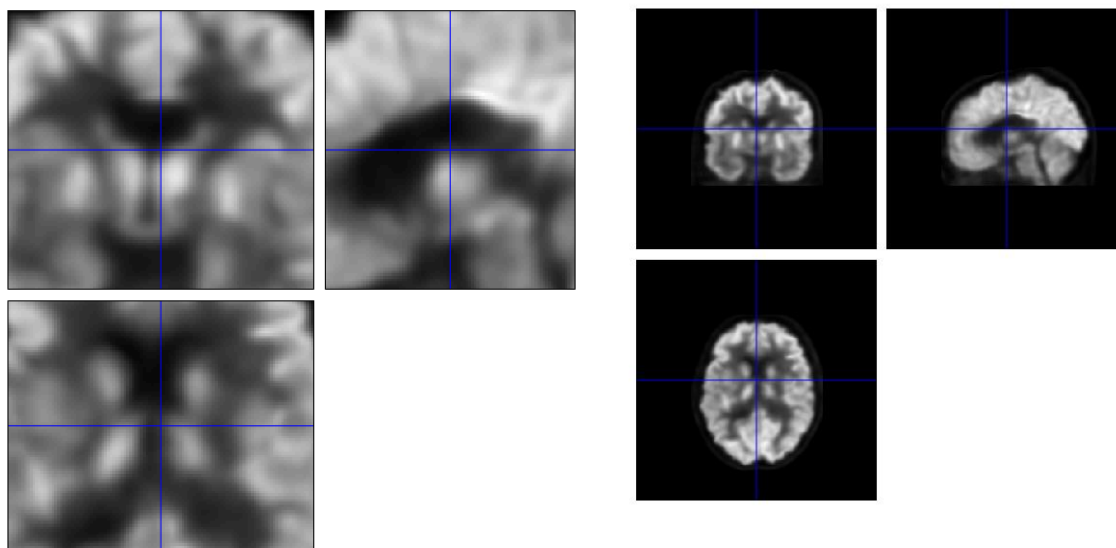
```
% 报错取消下面注释重试（自动将spm路径加入预设路径），出现有关list的错误请重新添加spm路径，或取消注释下面的行
% 或者在命令行输入spm，再重试
% spm('Defaults', 'fMRI');           % 设置SPM默认参数
% spm_jobman('initcfg');             % 初始化作业管理器

% MRI => seg MRI (MRI/mri)
% PET => MRI, PET => MNI(def spital register)
PET = 'D:\_DATASETS\FILTER\ADNI2\DICOM2Nii\PET';
MRI = 'D:\_DATASETS\FILTER\ADNI2\DICOM2Nii\MRI\mri'; %分割后的MRI数据在mri目录下

outputPrefix = 'wr'; % 是已经完成的文件前缀 W:normalise, R:配准
verbose = 0; % 打印SPM输出，检查出错
interp = 1;      1, 4~7都可以，结果好坏未对比，可默认1
```

动调用了 normalise_job.m，这是利用 MRI 分割的数据产生的 Deformation Fields 文件，再 mri 目录下 y_ 开头的数据来变换到 MNI 空间的，即 spm 的 normalise(write) 功能，normalise 涉及两个参数，Bounding box, Vox size, 这里 aal3 是 vox size = [1 1 1]，所以设置了保持一致，对于 Bounding box 影响图像的维度大小，但不影响图像的 MNI 坐标。此处设置了 bb = [-100 -130 -90; 100 90 105]; 够用，如果太小如 50 会出现如

下情况。边界设置太小图像被截，对比效果：



这里提出一个疑问，PET 通过 Deformation Fields 变换到 MNI 空间为什么图像尺寸(维度大小)却不影响坐标呢？并且你可以打开 `spm`，显示对比变换后的 PET 和 `aal3`，发现二者的坐标原点竟然不一样，既然尺寸不一样，坐标原点不一样，打开 `spm`，选择一张变换后的 PET(这里配准时自动做了)，二者是可以匹配上的，那么他们匹配到 MNI 空间是怎么做到重叠的？这里将在计算 PET 数据时做出解释 [PET 数据获取](#)。

ROI 说明

据我理解 ROI 亦是处于标准空间的，因此无需向 MNI 配准。这里必须声明即使 MNI 作为标准空间，实际上仍然有多种版本，并且对于体素级别的数据计算偏差时不容忽视的。

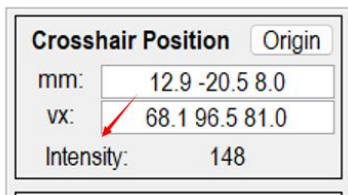
ROI（即定义的感兴趣区域）也是.nii 文件（值的范围是从 1-n），ROI 对应区域为对应数字，非 ROI 区域均为 0。可以在这里下载 ROI 模板 [AAL ROI 模板](#)，也可以自己制作比较麻烦。这里必须注意，使用 cat12 分割来 MRI, 务必使用

基于体素的处理：虽然 CAT 中的最终组织分割与组织先验无关，但分割过程是使用组织概率图（TPM）初始化的。标准 TPM（如 SPM 中提供）足以满足绝大多数应用程序，并且仅建议将自定义 TPM 用于在幼儿中获得的数据。请注意，这些 TPM 应包含 6 个类：GM/WM/CSF 和 3 个背景类。对于空间配准，CAT 使用带有预定义模板的测地线射击（Ashburner 和 Friston, 2011 年）或较旧的 DARTEL 方法（Ashburner, 2007 年）。这些模板是大多数研究的合适选择，同样，特定于样本的拍摄模板可能只对幼儿有利。对于基于体素的 ROI 分析，CAT 在预定义的模板空间中提供了一系列基于体积的图集。因此，任何基于图集的 ROI 分析都需要将单个扫描标准化为 CAT 的默认拍摄模板。在这一点上，上述创建和选择自定义（而不是预定义的）DARTEL 或测地线拍摄模板将禁用基于体素的 ROI 分析的第三个模块。

cat12\templates_MNI152NLin2009cAsym 目录下的 roi 模板，本文选择了该目录下的 aal3.nii。并复制其对应的 aal3.txt 和 aal3.csv 备用，后面需要使用。原因参考 cat12 手册或分割参数页面的 shooting template 选项，请不要使用自己下载的 AAL3 模板，这没有好处！

PET 数据获取

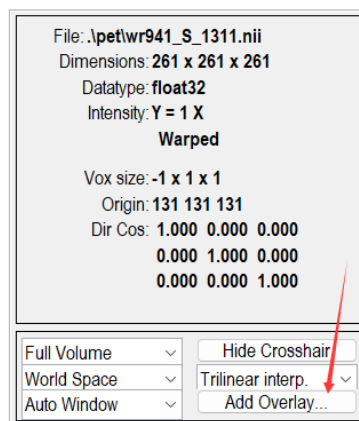
PET 数据是对应 ROI 的平均强度 (intensity) 作为特征, 实际就是像素值, 代码



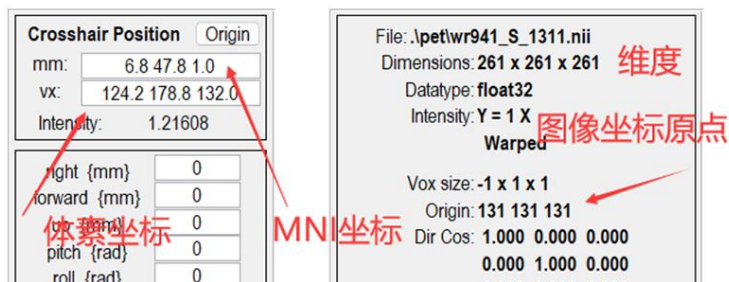
也提供了特征: SUVr 和 Vox_mm3(ROI 体素的总体积没啥用最好不要)。打开 SPM, display 随便选择一个 nii 文件展示, 由于在 PET 配准时确认了 Vox size 为 1,

所以配准并标准化

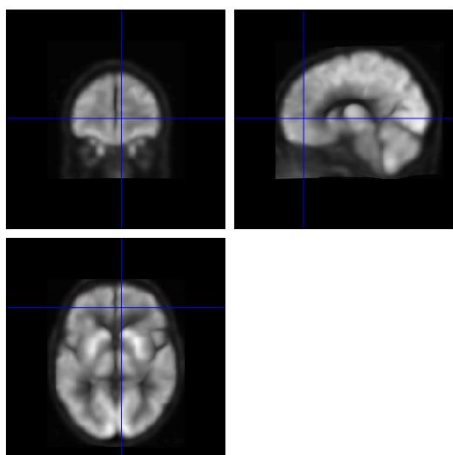
后的 PET 文件 Vox size 大小均为 1, 3D 图像实际是每个像素点根据 Vox size (体素大小) 堆叠得到 3D 图像的, 注意 nii 文件是 3 维的, 这跟 PET 计算特征的逻辑有关。具体: ROI 非 0 值区域为感兴趣区域, 否则为 0。比如假设 ROI 中左海马体区域的值都为 41, 那么只需要找到值为 41 的所有索引, 因此计算出 ROI 对应索引处 PET 的平均像素值(intensity,单位为 mm), 即左海马区域的特征值。直接计算? 如果对原理不感兴趣直接看下文红字。



打开配准并标准化的 PET 图像, 点击 Add Overlay, 加载 aal3, 在弹出的小窗口选择颜色, 你会发现二者几乎完美重叠, 是不是意味着直接计算对于位置就得到 PET 数据, 但是可以重新查看 aal3, 发现他的图像维度于 PET 的竟然是不想同的, PET 维度由配准过程调用的 normalise 的 bb 参数确定为 130(+1), 而 aal 的并不是, 下面解释为什么二者可以重叠, 如果你感兴趣可以打开 flip_nii.m 调试查看 V.mat, 这就是体素坐标到 MNI 坐标的变换矩阵, 对应体素坐标他是指每个像素点在该图像(3D)的矩阵下的坐标, 而通过变换矩阵, 可以将体素坐标转换为 MNI 坐标, 因此不同图像不同维度却可以匹配, 公式: $MNI_cor = affine * [x, y, z, 1]^T$, xyz 代表体素在本身数据矩阵的坐标, affine 代表变换矩阵, 并且可以用逆反求体素坐标。



知道上面原理，就可以用 spm 的 `corgister` 下 `reslice` 功能来改变 aal3 的大小，并将二者对齐(真正的 MNI 对齐)。Reslice 我更倾向于认为其是重排列切片，并不会影响 aal3 模板的原样（当 `reslice` 的体素大小和原始一致），当体素均为 1 时(不进行缩放)，可以假设 PET 就是 MNI 空间，想象体素坐标和 MNI 坐标可以通过平移图像来达成一致。因此此时打开 `Reslice_ROI.m` 第一次任意选择一张配准并的 `normalise` 的



PET 图像，第二次选择 aal3，接下来得到与 PET 同样大小的 aal3，并且此时二者原点和变换矩阵均一致，接下来可以按矩阵坐标计算 PET 数据。想象以下原来的 aal3，在黑边之外，由于二者 Vox size 一致均为 1，所以这个过程相当于平移了 aal3，并且在 aal3 的周围填充 0 来保证图像大小为 PET 的大小。并且只是改变图像大小，对应 PET 图像选择那张是无影响的。

计算数据：得到 Reslice 后的 ROI 和 PET。对于 SUVr 的计算，选定小脑区作为参考区域^[1]，因此小脑区域的 intensity(默认)和 SUVr 为 0，SUVr 的计算方式自行搜索。

打开 `PET_Intensity.py` 修改对应文件地址。根据 csv 的分隔符修改 `delimiter`，以及是否有表头的 `header` 参数。`roi_csv` 为 `cat12\templates_MNI152NLin2009cAsym` 目录下的 `aal3.csv`，如果你还想要获取 SUVr 值，那么你必须再传入 `Subject_Info`(上文的 `Subject_Info.csv`，不记得可以 Ctrl+F 查找)。ROI 为 Reslice 后 ROI 模板路径。参数是否计算小脑区域，计算体素个数(最好勿使用)，计算 SUVr 的值：`cerebellar`, `Vox_mm3`, SUVr。

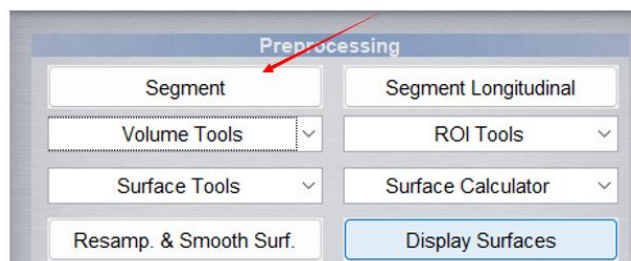
```
# 使用示例
ROI = 'Template/Reslice_al3.nii' #ROI的路径
PET = 'PET' # 配准并norm后的PET目录
prefix = 'wr' # 与配准后的pet文件格式对应：wr表示处理wr开头的数据
# Subject_Info是在筛选数据时的信息文件csv
subject_Info = 'ADNI1/output/Web_BOTH_MRI_PET.csv'
roi_csv = 'Template/aal3.csv' # ROI信息文件路径
ROI_INFO = load_roi_info(roi_csv, header=True, delimiter=';')

output_csv = 'PET_DATA.csv' # 输出CSV文件路径
# 除intensity之外，是否(0)计算小脑区域的值，计算ROI体积，SUVr(SUVr必须传入包含患者体重的Subject_info)
get_pet_data(ROI, PET, output_csv, startswith=prefix, cerebellar=False,
             Vox_mm3=False, roi_info=ROI_INFO, subject_info=subject_Info, SUVr=True)
```

MRI 头骨剥离

其实还需要 N3/N4 偏置校正 (python 代码有, 实际上头骨剥离也会偏置校正, 并且配准, 所以去除这一步), 并且下载的预处理数据已经做过了。本文使用灰质的体积作为 MRI 的特征。MRI 头骨剥离需要 cat12, 确保已经安装。

[SPM, cat12 安装](#)。在 matlab 命令行输入 cat12 回车。点击 Segment, 你可以像配准那样保存为.m 文件



查看原理。Cat12 自带的其他 ROI 可以根据需要设置为 yes。本文使用 aal3。



稍微解释, cat 的图谱是对齐到 shoot 的, 使用其他自己下载的 AAL3, 会导致对不上。PVE in Native 指保留在原始空间分割后的 MRI(用于 PET 的配准), Deformation Fields 是 Native 到 MNI 的变换, 用于将配准后的 PET 变换到 MNI。至于为什么将 MRI 配准到 MNI 后各脑区的大小被统一, 如何计算灰质体积呢(此时所有受试者 MRI 都被统一了)? 这涉及到 Jacobian determinant, 通过体素强度反映体积大小。

下面我提供了批量处理代码方便管理数据。

```
% 分割出现任何错误请尝试去除所有SPM路径再添加后重试
% 若还是不行则，重新安装最新SPM,注意记得备份cat12, 否则记得重新下载cat12
% 使用示例
% 输入目录
inputDir = 'D:\Matlab\Project\Datasets\AD\Datasets_Filter_From_Raw\ADNI1\DICOM2Nii\MRI';
mask = {'template/ROITemplate/aal3.nii'}; % ROI模板 存放MRI的目录

nproc = 6; % 电脑核心数，每次处理的文件数量
prefix = 'r'; %筛选需要分割的nii, r表示只会处理r开头的数据
```

如果你的 MRI 配准了，对应 r 开头，否则，筛选完成的数据并不依赖此选项。

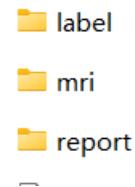
`prefix = ''`; %筛选需要分割的nii, 若MRI未配准

请确保 cat12 放置于 spm 的 toolbox 中，否则更改 cat12_seg_job 中的 tpm, shootingtpm, mask 为对应路径。

在 cat12_batch_seg.m 中修改对应目录：先按 ctrl+shift+esc 点击性能，查看电脑内核数，设置 nproc 为内核数减 1，不然可能内存不足。这是同时处理数据的数目。然后运行代码，会产生多个窗口，注意一个也不要关包括 matlab 里的 txt 文件。这会消耗很长时间，慢慢等待吧，不过批量代码有过滤已处理文件的功能，如果你没有修改输出文件的前缀（或移动文件），你可以随时运行会自动过滤已经处理的数据。

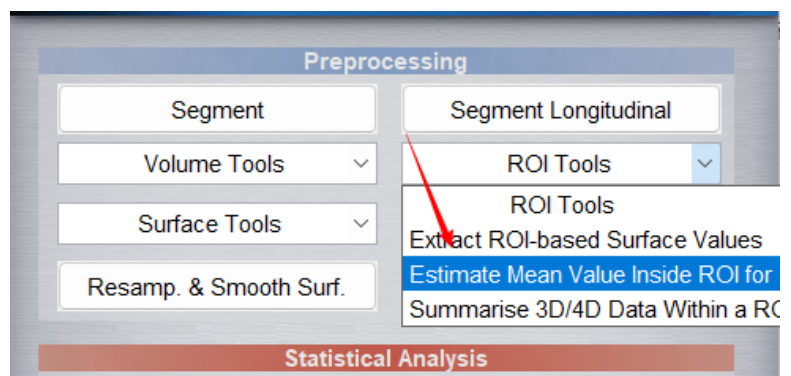
基准速度:	3.00 GHz
插槽:	1
内核:	6
逻辑处理器:	12
虚拟化:	已启用
L1 缓存:	384 KB
L2 缓存:	3.0 MB
L3 缓存:	8.0 MB

在 MRI 目录下有 report 剥离的结果报告，mri 剥离的效果图，label 为数据，打开 cat12，然后到 label 目录下全选生成的 xml 文件，就会产生对应 ROI 的数据



了，含 vg 的就是灰质数据。这里的 mri 包含了 MRI 的分割图像，将这个目录设置为 PET 配准的 MRI/mri 目录。

如果出现空白数据，类似 M 转义字符无效的警告，则到 Reademe.txt 里查看解决方法，或参考：[CAT12 ROI tools 转换的 csv 没有数据](#)。



PET——UC Berkeley 数据

说明

此数据 ADNI1/GO 中无 AD 患者数据，并且没有提供 intensity 数据，而不同类型的 PET 的 SUVr 是不能直接比较分析的。因此可认为数据对于 FDG-PET 做 AD 分类行不通。

介绍

如官网所示,PET 数据以及由 UC Berkeley 处理并发布,并且包含了所有受试者,尽管使用的 PET 类型为[18F] florbetaben (FBB), [18F] florbetapir (FBP), (referred to as AV45 in image filenames), and [18F] NAV4694 (NAV), 由介绍可知, CL 值对于不同类型的 PET, 可以直接比较分析, 因此可以亦可用来作 FDG-PET 的数据。但是必须去掉 SUVrs(not directly comparable), 遗憾的是里面没有提供 intensity 数据, 即常规 AD 任务 PET 的数据。

Please note that the 6mm dataset contains SUVrs from multiple amyloid PET tracers. CL values can be compared directly to one another in analyses involving multiple tracers, but SUVrs from multiple tracers are not directly comparable.

Ask the Experts

IDA

New ADNI 4

ADNI

Neuroimaging Initiative

About ADNI

Data & Samples

News & Publications

Help / FAQs / Docs

ADNI Data

ADNI Samples

Data Dashboard

Data Dictionary Search

Access Data through IDA

Study Cohort Information

Subject Characteristics

Clinical Assessments

Data and Samples > ADNI Data >

PET

The ADNI PET Core has the responsibility of all PET data collected as part of the ADNI project.

The PET data available to ADNI data users through the LONI

pl, preprocessing and analysis

Image Pre-Processing

Images are uploaded to LONI and undergo pre-processing at the University of Michigan to produce the following output of different image types:

1. Co-registered Dynamic

2. Co-registered, Averaged

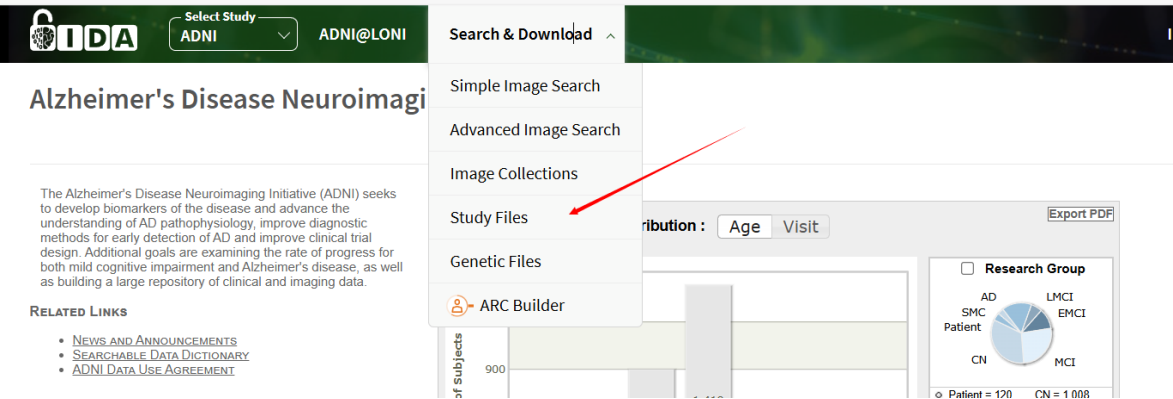
3. Co-reg, Avg, Standardized Image and Voxel Size

4. Co-reg, Avg, Std Img and Vox Siz, Uniform Resolution

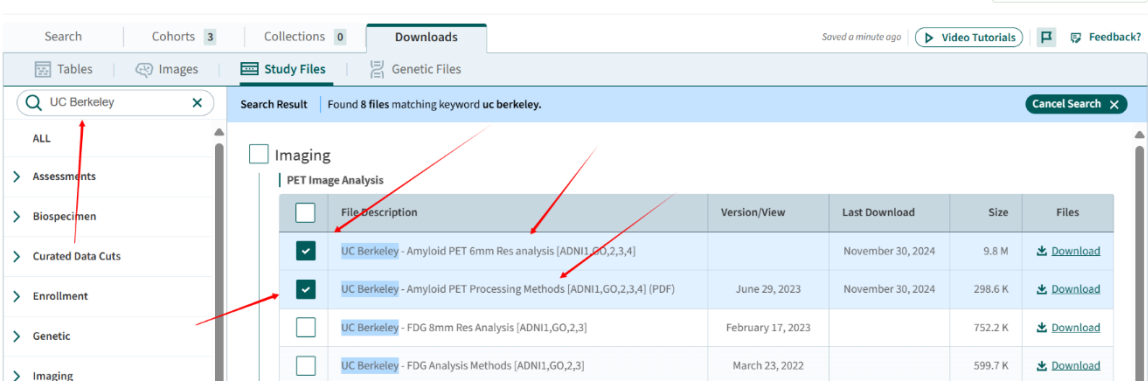
After undergoing pre-processing, images are analyzed at UC Berkeley using in-house software which uses native space, contemporaneous MRI scans that are segmented and parcellated using FreeSurfer. These MR images are coregistered to the PET data, and used to provide PET measures in the Desikan-Killiany atlas. These data are available as csv files through LONI and include extensive methods documentation.

22

获取数据



下面对应数据结果 csv，以及数据的处理方法 pdf，下载即可。



- [1] Barthel, H., Gertz, H.-J., Dresel, S., Peters, O., Bartenstein, P., Buerger, K., Hiemeyer, F., Wittemer-Rump, S.M., Seibyl, J., Reininger, C., Sabri, O., 2011. Cerebral amyloid- β PET with florbetaben (^{18}F) in patients with alzheimer's disease and healthy controls: A multicentre phase 2 diagnostic study. *The Lancet Neurology* 10, 424–435. [https://doi.org/10.1016/S1474-4422\(11\)70077-1](https://doi.org/10.1016/S1474-4422(11)70077-1).
- [2] 《中华核医学与分子影像杂志》2023 年第 7 期导读[J].中华核医学与分子影像杂志,2023,43(7):F01.DOI:10.3760/cma.j.issn.2095-2848.2023.07.101.
- [3] Leon, M.J., Mosconi, L., Li, J., Santi, S., Yao, Y., Tsui, W.H., Pirraglia, E., Rich, K., Javier, E., Brys, M., Glodzik, L., Switalski, R., Saint Louis, L.A., Pratico, D., 2007. Longitudinal CSF isoprostane and MRI atrophy in the progression to AD. *J. Neurol.* 254, 1666–1675. <https://doi.org/10.1007/s00415-007-0610-z>

仅展示部分