目录

[写在前面 1](#_Toc184420405)

[SPM，cat12，mricron.exe安装 4](#_Toc184420406)

[ADNI数据集 5](#_Toc184420407)

[ADNI数据集申请 5](#_Toc184420408)

[ADNI数据集下载（以及一些解释） 6](#_Toc184420409)

[简单筛选 7](#_Toc184420410)

[移动并整理数据 10](#_Toc184420411)

[AC-PC(校正) 12](#_Toc184420412)

[AC-PC校正（注意事项）： 12](#_Toc184420413)

[使用方法及错误解决： 12](#_Toc184420414)

[Coregister(配准) 12](#_Toc184420415)

[Coregister(批量配准) 13](#_Toc184420416)

[流程 13](#_Toc184420417)

[批量配准 13](#_Toc184420418)

[ROI说明 15](#_Toc184420419)

[PET数据获取 16](#_Toc184420420)

[MRI头骨剥离 18](#_Toc184420421)

[PET——UC Berkeley数据 18](#_Toc184420422)

[说明 18](#_Toc184420423)

[介绍 18](#_Toc184420424)

[获取数据 18](#_Toc184420425)

# 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](#_PET——UC_Berkeley数据)。

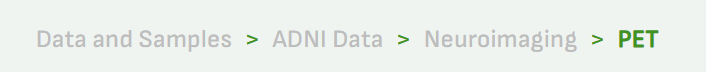
**为什么ADNI1没有LMCI、EMCI?**

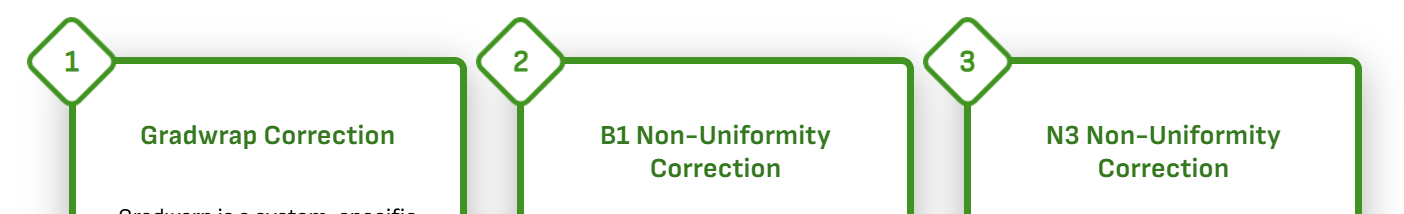
参考Mild Cognitive Impairment (MCI)卡片的说明（但是仅在ADNIGO中找到EMCI和MCI）

**下载的预处理数据类型是那些?**

在ADNI官网可找到介绍。

图形用户界面, 应用程序, 电子邮件

描述已自动生成PET

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。

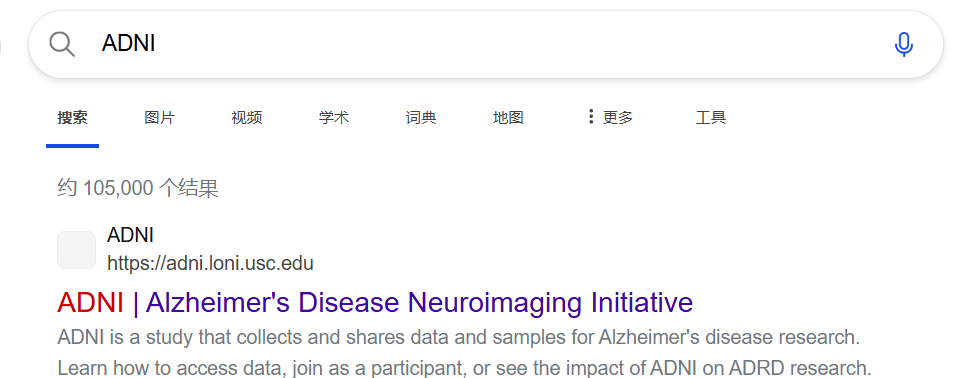
# SPM，cat12，mricron.exe安装

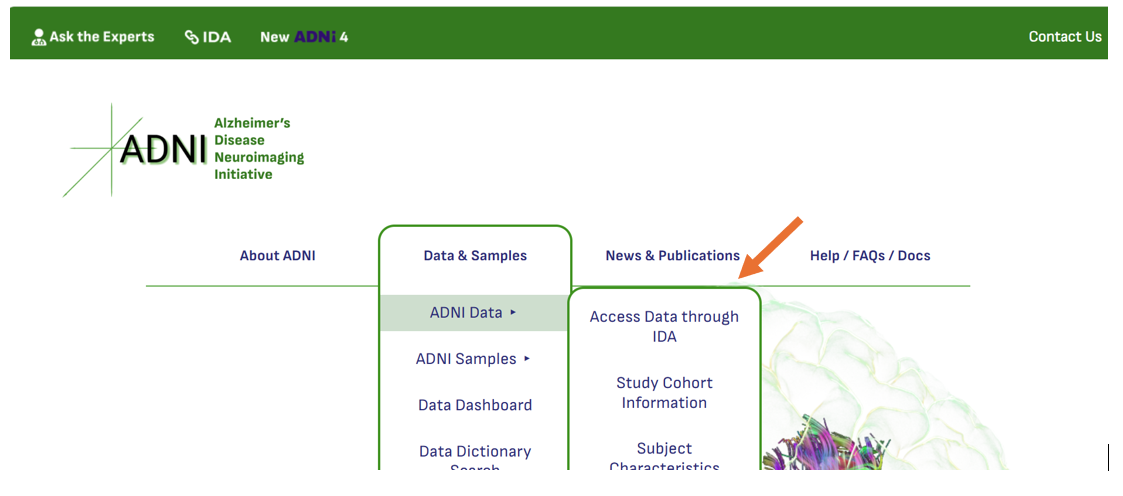
自行在CSDN搜索SPM安装教程，以及cat12安装教程。以及[mricron.exe](https://www.nitrc.org/projects/mricron/)（可以把dicom和nii文件拖到里面查看图像。）

# ADNI数据集

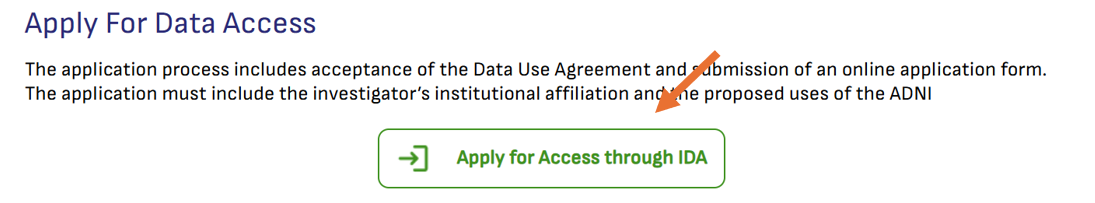
## ADNI数据集申请

浏览器搜索ADNI，点击图2所示箭头指向内容，

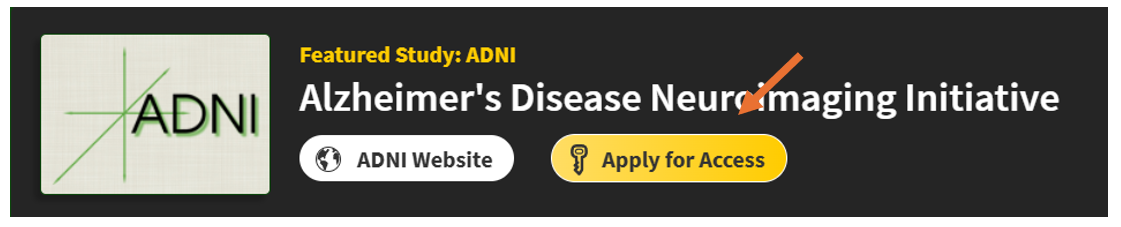




接着点：然后填入相应内容，注意后面的申请内容写详细一点，等几天通过后，重复这个操作会让你进入到IDA,按下一页图示点击：



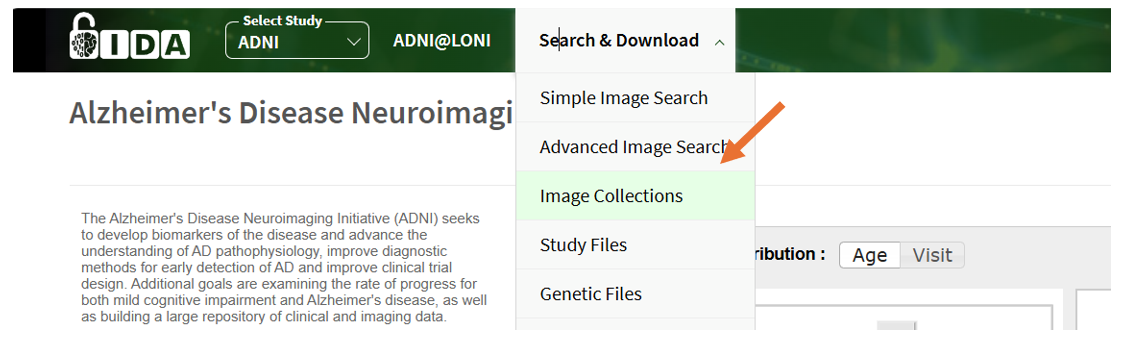




## ADNI数据集下载（以及一些解释）

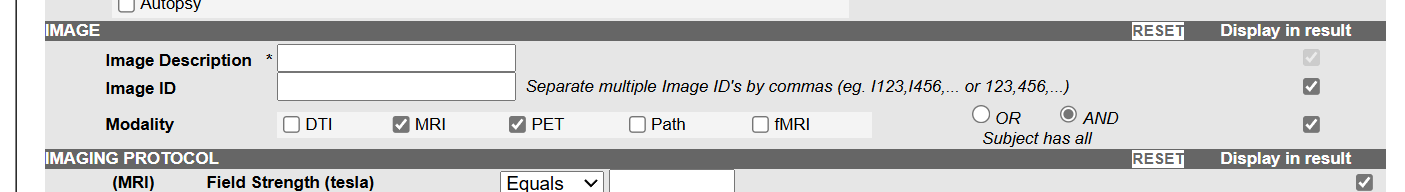
关于数据集：ADNI的数据集分ADNI1-ADNI4几个阶段。AD的数据集中fMRI（功能MRI）,sMRI（结构MRI）的区别：fMRI和PET扫描是动态的（即在特定时间间隔内多次成像），那么生成的图像数据是4D的：多个3D按照时间序列排列。而该文档使用的数据是sMRI，FDG-PET。对于一个受试者需要分别得到其对应的sMRI，FDG-PET图像，而一个受试者一个阶段会随访多次，所有可能有多张相同模态的图像，也有可能只有一个模态的数据。

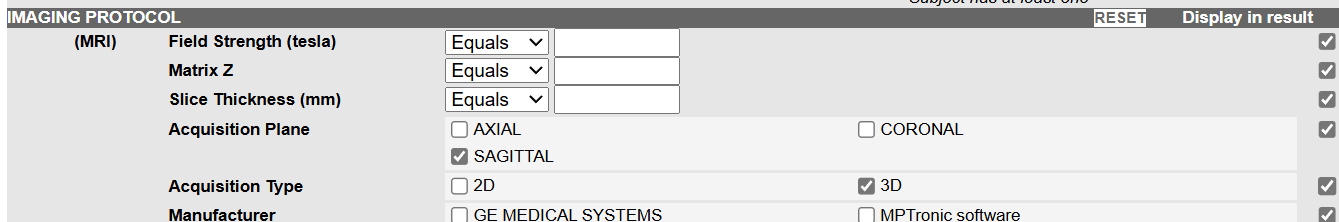
**下载：**



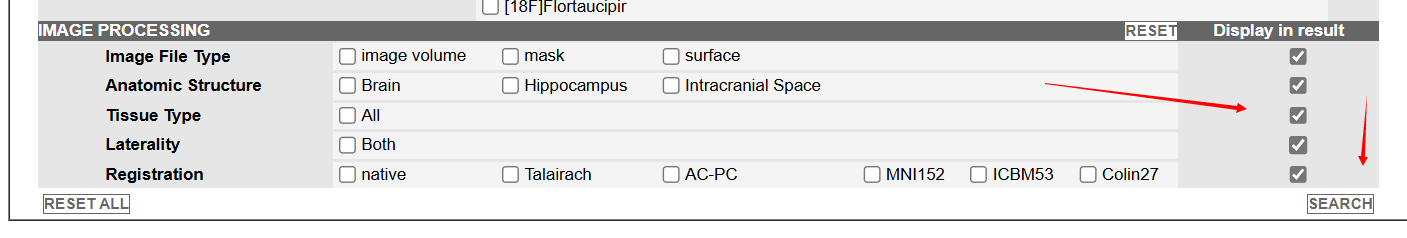
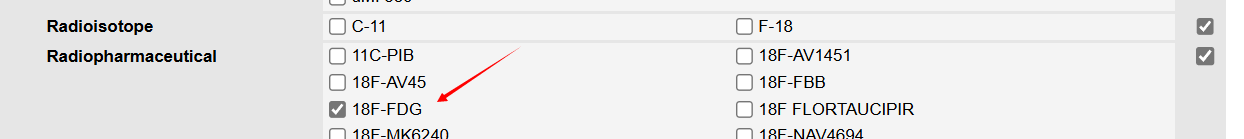
以下只介绍ADNI2阶段的数据。ADNI数据集下载需要自己手动筛选，本文提供了一些参考：

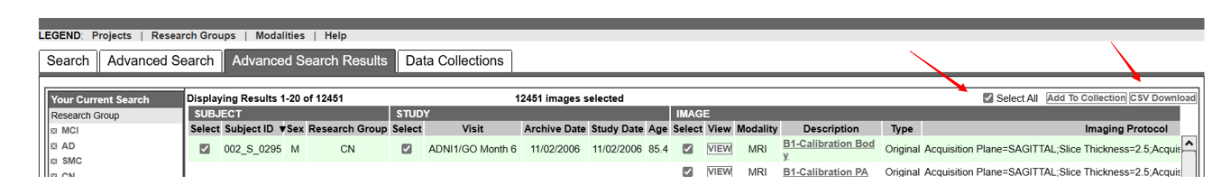
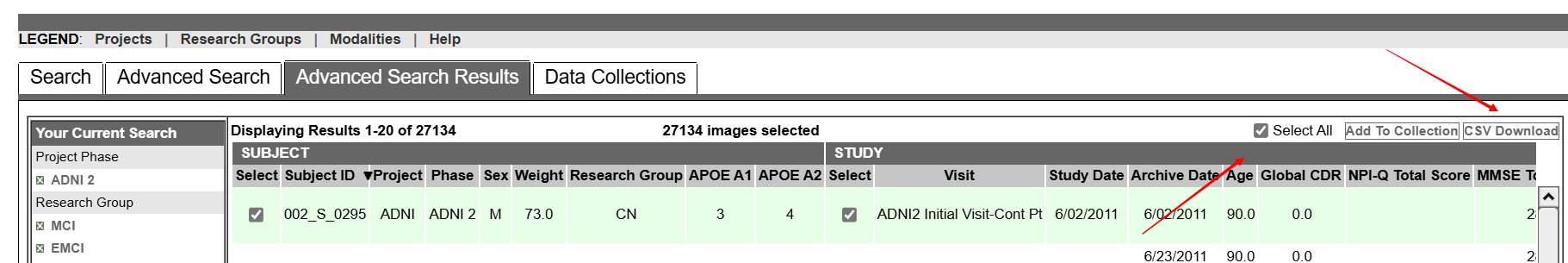
## 简单筛选

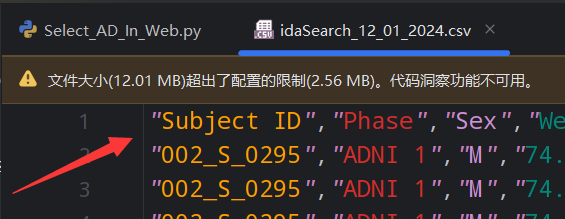
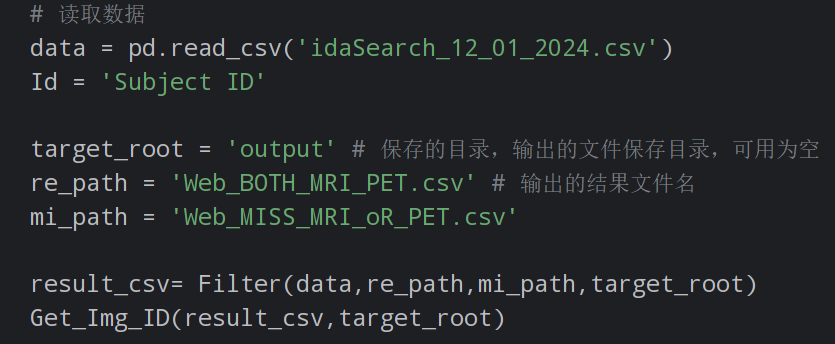
左侧一些信息解释，**搜索部分**：受试者，研究/随访时间（患者什么时候做的检查，每个阶段可能做了多次检查），图像的筛选面板，图像是否预处理（只有勾选预处理、后处理才可以选）。图像类型：原始，预处理，后处理。绿色方框的一栏（Display in result）注意最右侧未展示完的方框每个都需要选上。模态这里选and（不选or）,表示两个模态都同时有的受试者。

**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。

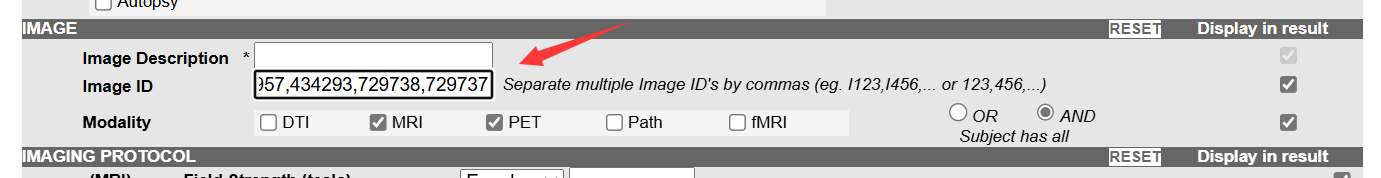
T1加权，图像的计算（处理）方法，AD默认T1（可自己参考）。

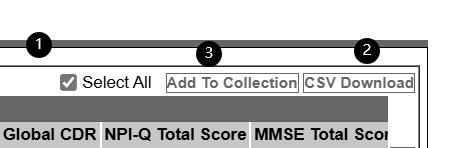
**PET**：FDG为…葡萄糖…PET（代谢有关），AD论文大多使用FDG-PET（可选）。

**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

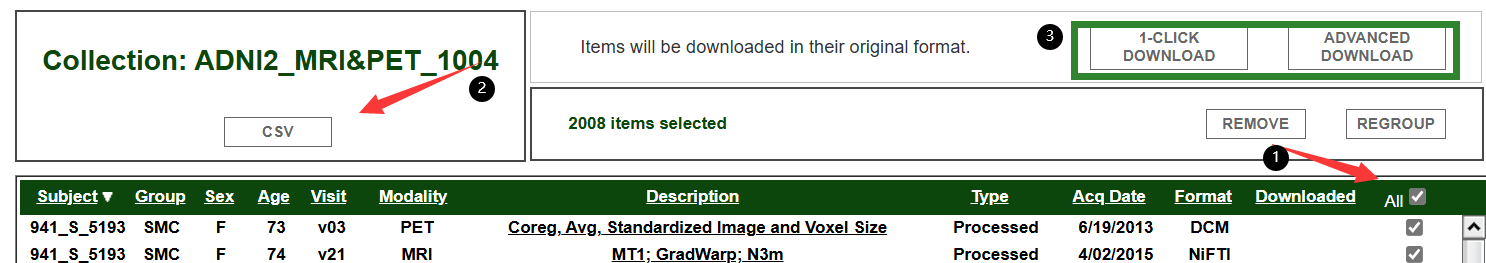
下面是python代码的用法（不会详细解释如何实现），找到Select\_AD\_In\_Web.py，

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](#_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，

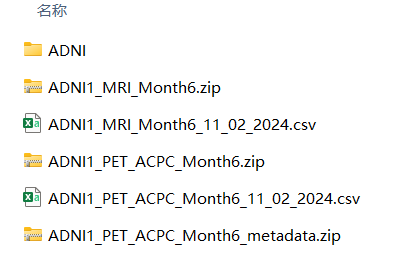
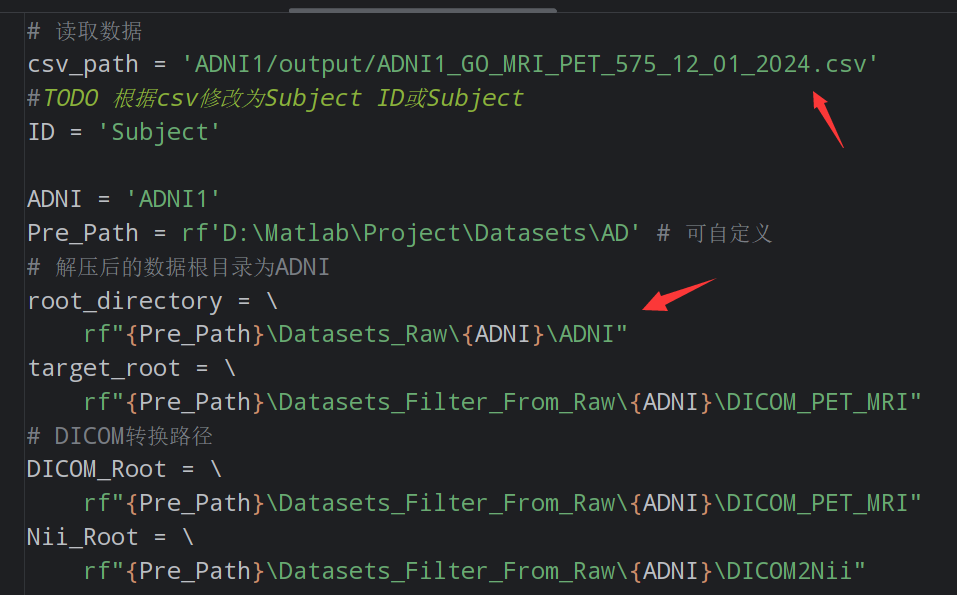
重新下载csv，(这里的csv文件包含具有两个模态的受试者的完整信息，后文称其为Subject\_Info.csv)其实Select\_AD\_In\_Web.py已经输出Web\_BOTH\_MRI\_PET.csv理论二者内容一致。点击旁边的Add to..取个明了的名字，1004为受试者数目，在输出文件里可以找到。Select\_AD\_In\_Web.py筛选预处理类型回答在[写在前面](#_写在前面)：下载的预处理数据类型是那些?

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）。

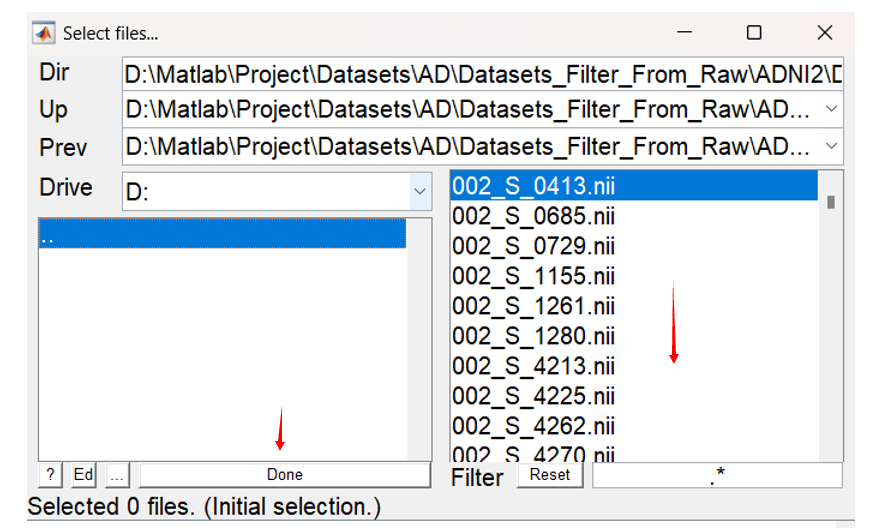
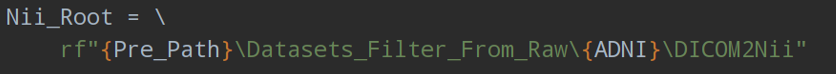
文本

中度可信度描述已自动生成不得不提的是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（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，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](https://www.nitrc.org/projects/mricron/)，安装请看[SPM，cat12，mricron.exe安装](#_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：](#_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)

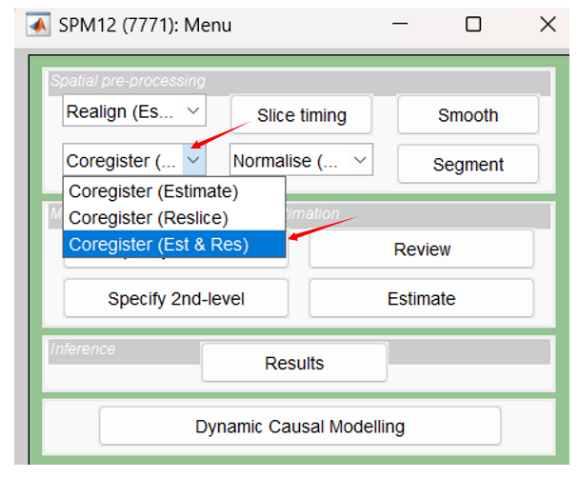
p=spm\_select(Inf,'.nii');

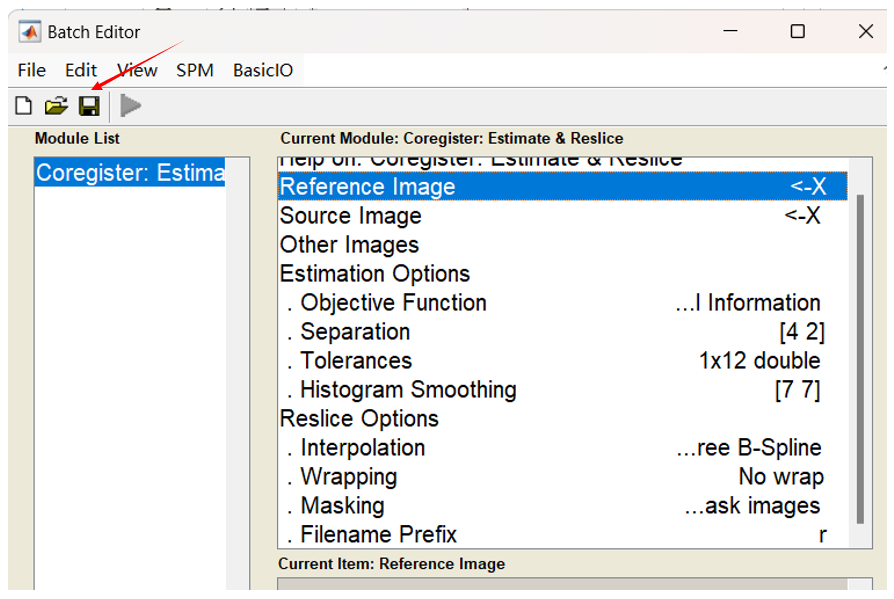
^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^^

# Coregister(配准)

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

图形用户界面, 文本, 网站

描述已自动生成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，之所以可以不做是应为cat12分割时会进行空间配准。是否配准的数据好坏无从估量。

* 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。

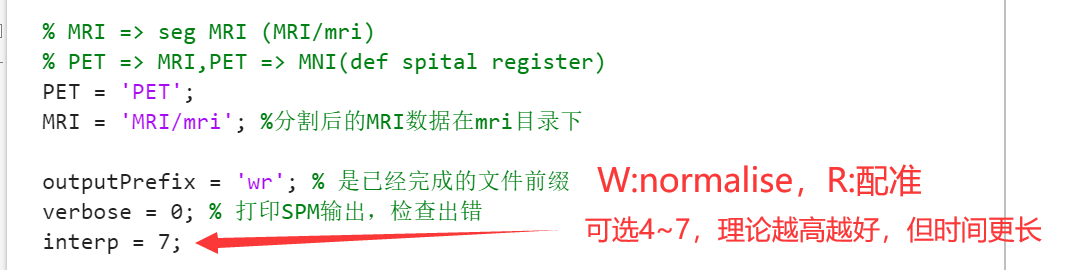
## 批量配准

配准之前务必完成AC-PC，否则配准会失败。

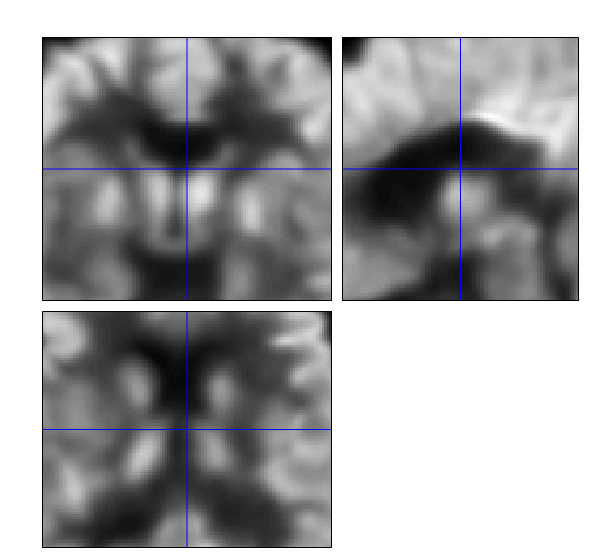
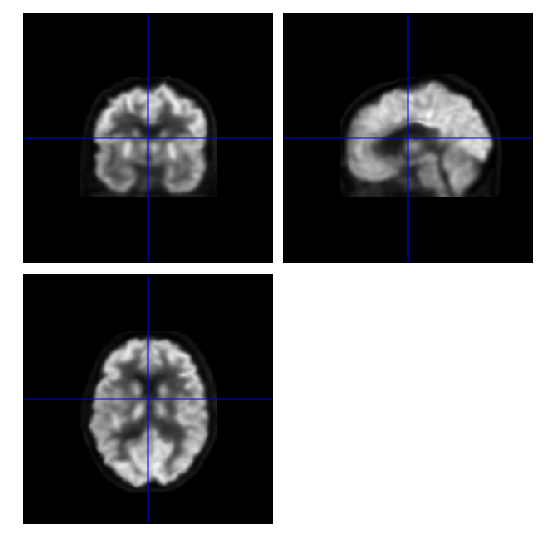
**PET的配准**（如果考虑MRI配准可以使用batch\_coregister\_mri）

**在这之前请务必跳转至[MRI头骨剥离](#_MRI头骨剥离),先完成此步骤。**

PET为待配准的PET数据目录。

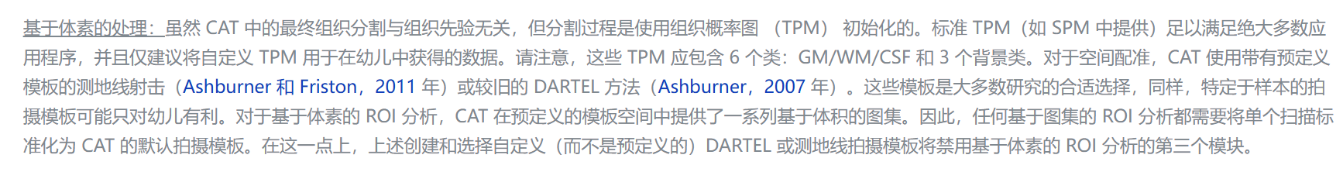
实际上配准PET时自动调用了normalise\_job.m，这是利用MRI分割的数据产生的Deformation Feileds文件，再mri目录下y\_开头的数据来变换到MNI空间的，即spm的normalise(write)功能，normalise涉及两个参数，Bounding box，Vox size，这里aal3是vox size = [1 1 1]，所以设置了保持一致，对于Bounding box影响图像的维度大小，但不影响图像的MNI坐标。此处设置了 bb = [-130 -130 -130;130 130 130]; 够用，如果太小如50会出现如下情况。边界设置太小图像被截，对比130时。

这里提出一个疑问，PET通过Deformation文本

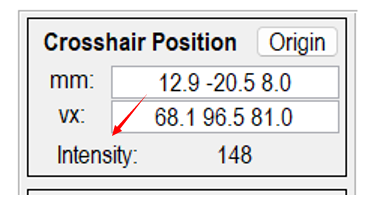
描述已自动生成 Feileds变换到MNI空间为什么图像尺寸(维度大小)却不影响坐标呢？并且你可以打开spm，显示对比变换后的PET和aal3，发现二者的坐标原点竟然不一样，既然尺寸不一样，坐标原点不一样，打开spm，选择一张变换后的PET(这里配准时自动做了)，二者时可以匹配上的，那么他们匹配到MNI空间是怎么做到重叠的？这里将在计算PET数据时做出解释[PET数据获取](#_PET数据获取)。

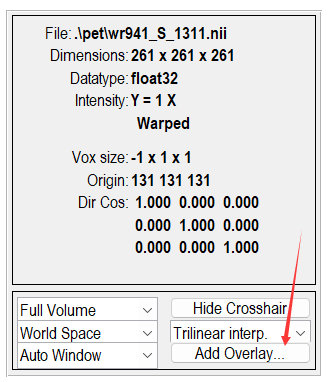
# ROI说明

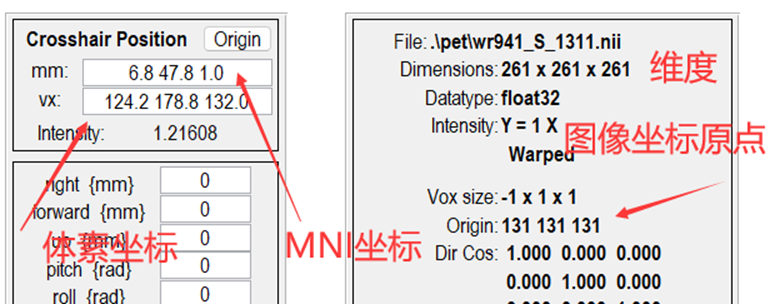
据我理解ROI亦是处于标准空间的，因此无需向MNI配准。这里必须声明即使MNI作为标准空间，实际上仍然有多种版本，并且对于体素级别的数据计算偏差时不容忽视的。

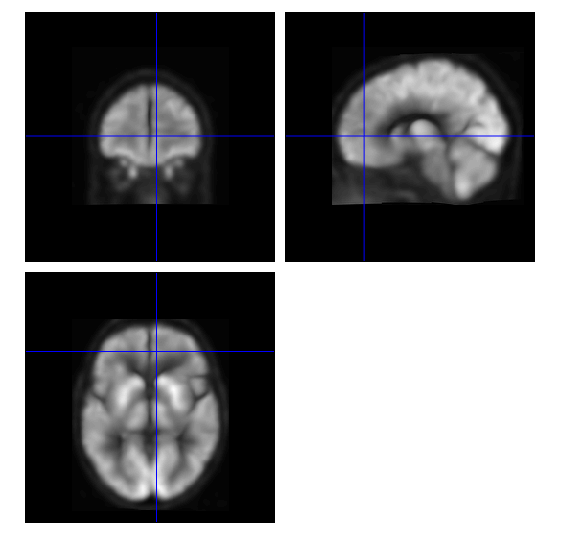
ROI（即定义的感兴趣区域）也是.nii文件（值的范围是从1-n），ROI对应区域为对应数字，非ROI区域均为0。可以在这里下载ROI模板[AAL ROI模板](https://www.gin.cnrs.fr/en/tools/aal/)，也可以自己制作比较麻烦。这里必须注意，使用cat12分割来MRI,务必使用cat12\templates\_MNI152NLin2009cAsym 目录下的roi模板，本文选择了该目录下的aal3.nii。并复制其对应的aal3.txt和aal3.csv备用，后面需要使用。原因参考cat12手册或分割参数页面的shooting template选项，请不要使用自己下载的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 \* ,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。

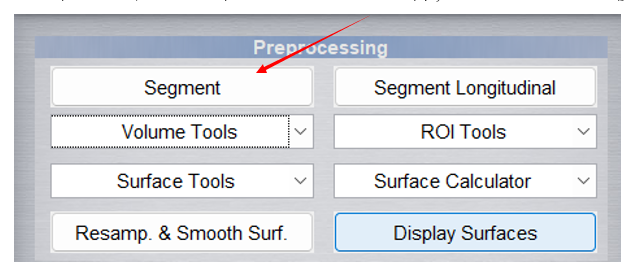
知道上面原理，就可以用spm的corgister下reslice功能来改变aal3的大小，并将二者对齐(真正的MNI对齐)。Reslice我更倾向于认为其是重排列切片，并不会影响aal3模板的原样（当reslice的体素大小和原始一致），当体素均为1时(不进行缩放)，可以假设PET就是MNI空间，想象体素坐标和MNI坐标可以通过平移图像来达成一致。因此此时打开Reslice\_ROI.m第一次任意选择一张配准并的normalise的PET图像，第二次选择aal3，接下来得到与PET同样大小的aal3，并且此时二者原点和变换矩阵均一致，接下来可以按矩阵坐标计算PET数据。想象以下原来的aal3，在黑边之外，由于二者Vox sixe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。

文本

描述已自动生成打开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Crtl+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。

# 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](#_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。

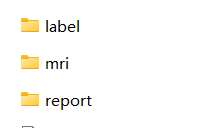
下面我提供了批量处理代码方便管理数据。

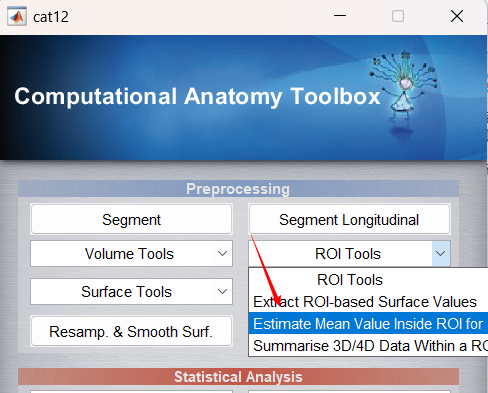
如果你的MRI配准了，对应r开头，否则，筛选完成的数据并不依赖此选项。

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。

表格

描述已自动生成在cat12\_batch\_seg.m中修改对应目录：先按crtl+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。

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。

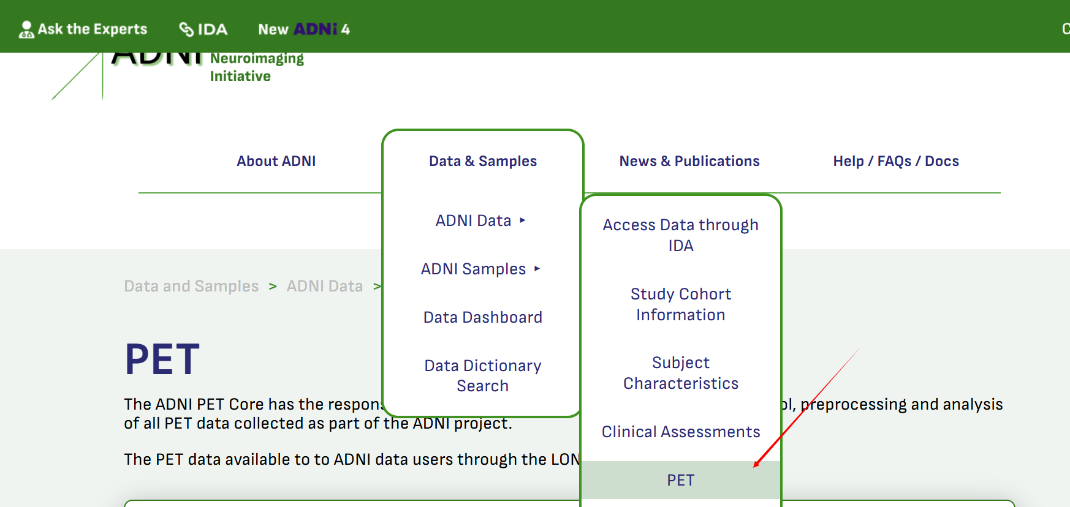
如果出现空白数据，类似\M转义字符无效的警告，则到Reademe.txt里查看解决方法，或参考：[CAT12 ROI tools 转换的csv没有数据](https://blog.csdn.net/qq_59893890/article/details/143480686?sharetype=blog&shareId=143480686&sharerefer=APP&sharesource=qq_59893890&sharefrom=link)。

# 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。

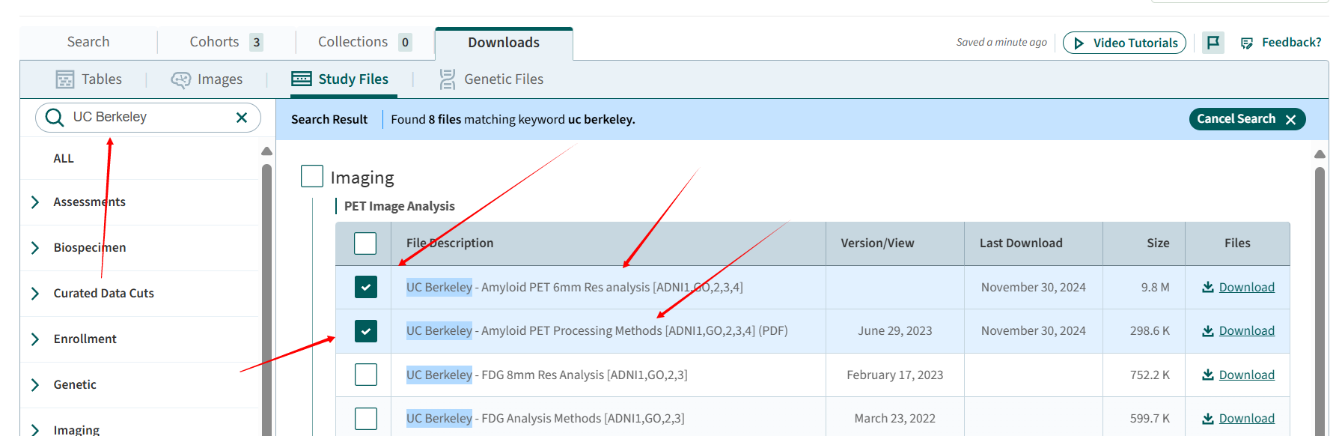
## 介绍

图形用户界面, 文本, 应用程序, 电子邮件

描述已自动生成图形用户界面, 文本

描述已自动生成如官网所示，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。

## 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 (18F) 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>.
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