

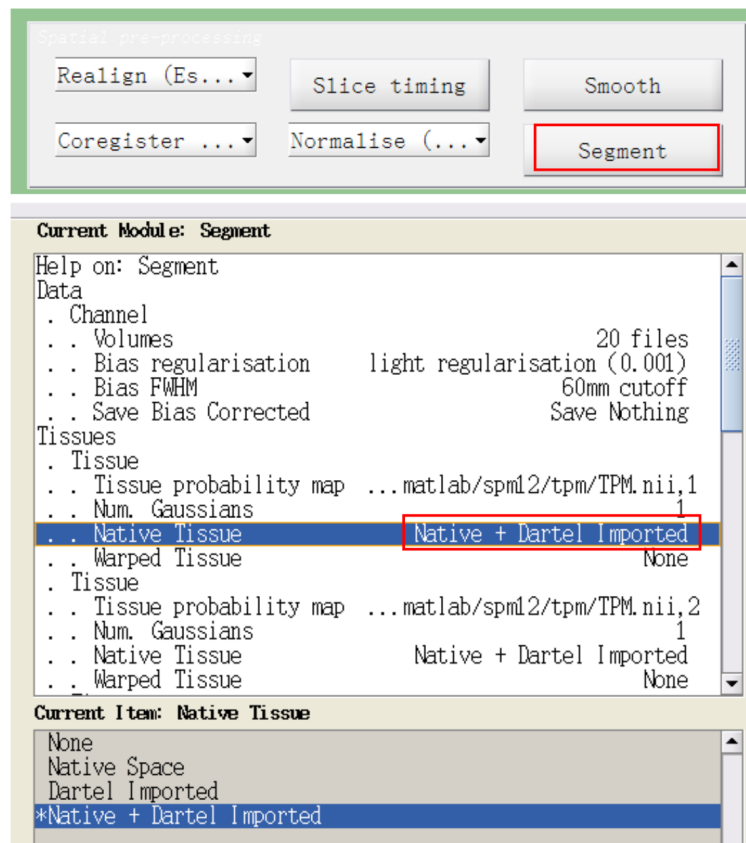
使用 SPM12 进行 VBM 分析

Alex / 2019-05-06 / free_learner@163.com

介绍使用 SPM12 进行基于体素的形态学分析（VBM）的步骤。我这里使用的版本是 7219。这些内容来源于 SPM12 的使用手册（第 471-474 页）。

一、组织分割

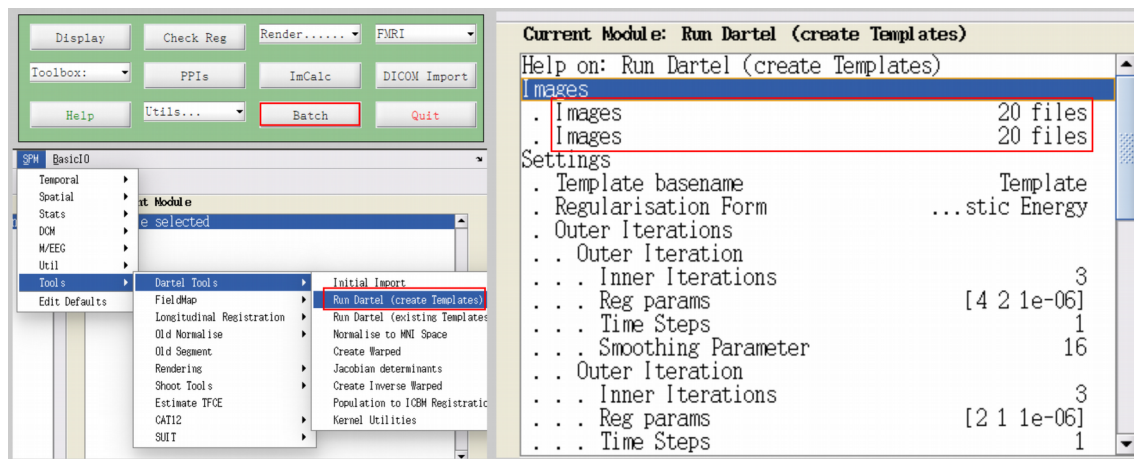
在 SPM 主界面选择 **Segment** 模块，在 **Data** 选项下 **Volumes** 处选择所有被试的 T1 原始图像，在 **Tissues** 选项下前两个 **Native Tissue** 处（分别表示灰质和白质）选择 **Native + Dartel Imported**，其他保持不变即可。



运行结束后，在数据目录下生成（1）`c[1-5]*.nii`，表示五类组织的概率图像（即灰质、白质、脑脊液、头骨和软组织）；（2）`rc[1-2]*.nii`，表示对齐后的灰质和白质概率图像，用于后面的 Dartel 配准过程；（3）`*_seg8.mat`，存放着组织分割过程中的参数和结果，可用于后面估计颅内体积。*表示不同被试的文件名。

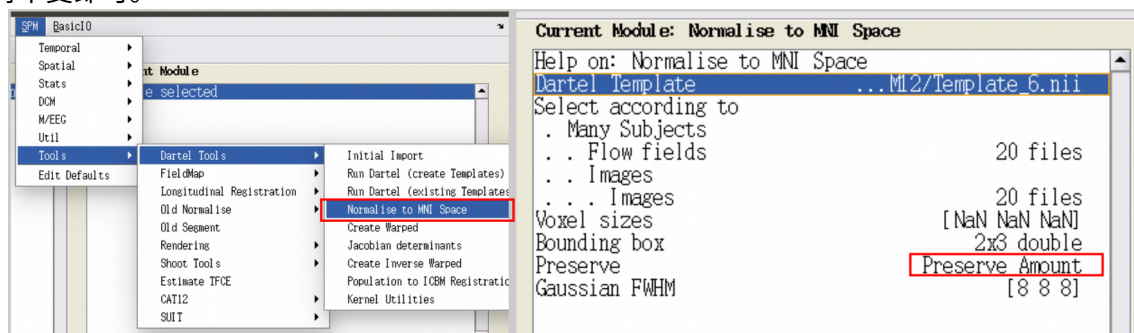
二、Dartel 配准

1. 在 SPM 主界面选择 **Batch** 模块，选择 **SPM->Tools->Dartel Tools->Run Dartel (create Templates)**，在 **Images** 处选择上一步生成的对齐后的灰质和白质概率图像（`rc[1-2]*.nii`），其他保持不变即可。



运行结束后，在数据所在目录生成 (1) Template_[0-6].nii，表示不同迭代过程中的 Dartel 模板，其中 Template_6.nii 为最终的 Dartel 模板； (2) u_rc1*_Template.nii，表示每个被试配准到 Dartel 模板的变换场。这一步的目标就是根据所有被试创建一个平均的灰/白质模板，以及将每个被试配准到平均模板。

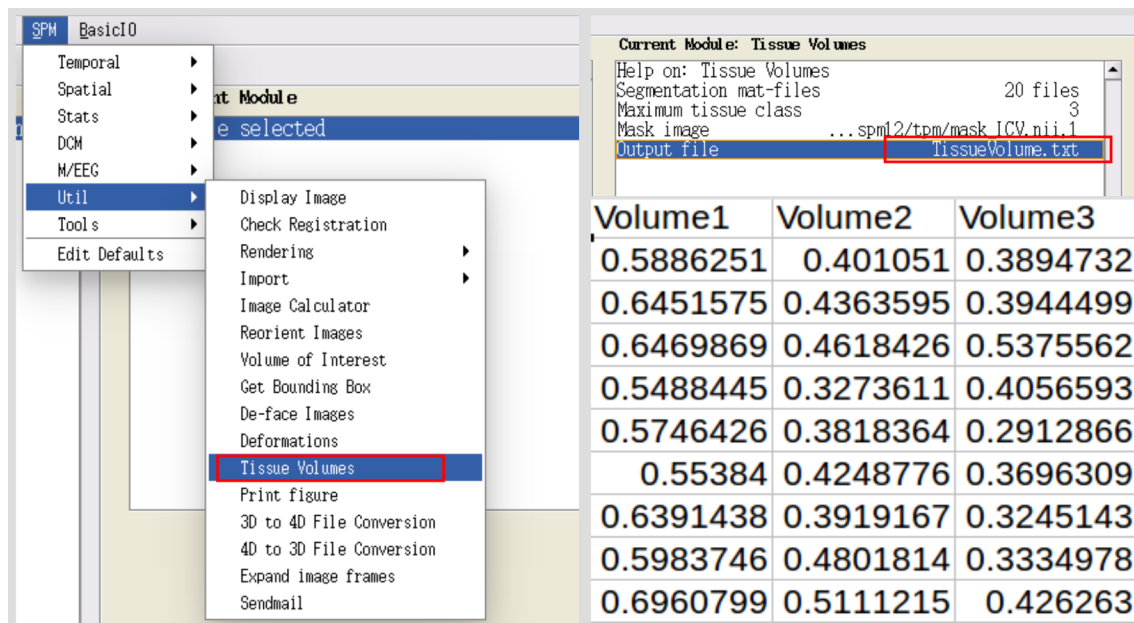
2. 在 SPM 主界面选择 **Batch** 模块，选择 **SPM->Tools->Dartel Tools->Normalise to MNI Space**，在 **Dartel Template** 处选择上一步生成的 Dartel 模板 (Template_6.nii)，在 **Select according to** 处选择 **Many Subjects**，在 **Flow fields** 处选择上一步生成的变换场 (u_rc1*_Template.nii)，在 **Images** 处选择第一步中生成的灰质概率率图像 (c1*.nii)，在 **Preserve** 处选择 **Preserve Amount**，其他保持不变即可。



运行结束后，在数据目录下生成 (1) Template_6_2mni.mat，表示从 Dartel 模板到 MNI 模板的仿射变换矩阵； (2) smwc1*.nii，表示每个被试平滑和标准化的灰质概率率图像，其中 m 表示补偿了由于配准引起的灰质体积变化 (modulation)。

三、估计颅内体积

在 SPM 主界面选择 **Batch** 模块，选择 **SPM->Util->Tissue Volumes**，在 **Segmentation mat-files** 选择第一步生成的 *_seg8.mat 文件，在 **Output file** 处设置输出文件名。运行结束后，在生成的文件中包含了每个被试的灰质、白质和脑脊液的体积 (同时在命令行窗口也会显示)。计算三类组织的体积之和即得到颅内体积。在进行 VBM 分析的时候，一般需要将颅内体积作为协变量。



四、统计分析

使用 SPM 的统计模块（Specify 2nd-level/Estimate/Results）进行统计分析即可，这里不再赘述。

