

连接组计算系统

Connectome Computation System

开发者：CCS 研发团队

摘要

随着神经科学的发展，磁共振结构成像技术，因其非侵入性、高空间分辨率和较好的时间分辨率备受脑科学研究者的青睐。随着这项技术在世界各个研究所、临床机构的广泛运用，各类大样本、多中心公开数据库开始逐步建立。近年来，各个国家和地区的人脑连接组计划，更是为基于大尺度神经影像学对人脑功能连接组的探索提供了大样本数据的支持。然而，庞大的数据量亦向我们的数据处理能力提出挑战。随着人脑连接组“大数据”时代的到来，庞大的数据量急需一个更简单高效的计算平台，可以流程化处理成像数据，并且提供并行计算，缩短大样本数据的处理时间。连接组计算系统(Connectome Computation System: CCS)，整合了三大磁共振分析软件 AFNI, FSL 与 FreeSurfer 的功能，结合当下磁共振影像方法学研究前沿进展，充分利用 FreeSurfer 基于人脑皮层组织方式的优点，形成一套完整、高效、独具特色的磁共振影像数据处理平台。

2010 年以前人脑影像研究多为小样本(≤ 100)，用于神经影像分析的软件非常丰富，例如：基于 MATLAB 的统计参数图谱 SPM、功能影像分析软件 AFNI、牛津大学功能磁共振图像中心开发的 FSL、麻省综合医院生物医学成像中心研发的 FreeSurfer 等等。但是，这些软件包并未提供自动化、流程化地并行计算脚本。近几年，已有一些流程化的软件包试图解决此问题，试图以尽可能简单的操作方式，供用户进行磁共振数据的流程化分析。但是由于这些软件都是串行实现，还不能满足大数据、多中心处理需求。CCS 基于并行计算，把原有在超级计算机上实现的计算转移到具备 GPU 的小型工作站能力的机器上实现，大大提高计算效率。CCS 可以实现结构图像(sMRI)预处理、静息态功能磁共振图像(RFMRI)预处理、扩散图像(dMRI)预处理、个体功能图谱计算；除此以外，与其他软件工具包相比，CCS 具备四大功能模块：质量控制模块、重测信度和重复性评估模块、连接组关联模块、可视化模块。上述计算均可在终端完成，同时为了方便用户使用，初步基于 Python 研发了 CCS 图形界面 pyCCS，按照命令行程序的参数设置来设定参数配置文件，并为每一步骤的运行生成命令行程序，保留运行过程日志，为检查、调试和备份数据处理过程做详细记录。

关键词： 脑科学，连接组学，CCS

目 录

摘要	1
第一章 结构图像预处理	1
1.1 图像降噪	1
1.2 颅骨剥离	2
1.3 皮层重建	2
1.4 图像配准	4
第二章 静息态功能图像预处理	5
2.1 基本处理	5
2.2 图像配准	6
2.3 图像分割	6
2.4 污染变量	6
2.5 图像平滑	7
第三章 扩散张量图像预处理	9
3.1 基本处理	9
3.2 图像配准	10
3.3 图像分割	11
第四章 个体结构图谱	12
4.1 形态学	12
4.2 纤维束连接	13
第五章 个体功能图谱（三维）	14
5.1 低频波动振幅	14
5.2 局部一致性	15
5.3 种子点功能连接	15
5.4 半球功能连接	15
5.5 独立成分分析	16
5.6 网络中心度	16
第六章 个体功能图谱（二维）	18
6.1 低频波动振幅	19
6.2 局部一致性	19
6.3 种子点功能连接	20
6.4 半球功能连接	20
6.5 独立成分分析	20
6.6 网络中心度	21
第七章 质量控制模块	22
7.1 图像噪声	22
7.2 皮层重建	23
7.3 图像配准	23
7.4 图像分割	23
7.5 图像运动	23
第八章 重测信度模块	26
8.1 重测信度	26
8.2 可重复性	26

第九章 连接组关联模块	28
9.1 线性模型与统计检验	28
9.2 连接组关联挖掘和非监督机器学习	28
9.3 有监督机器学习模型	29
9.4 多模态图像整合分析	30
第十章 可视化与作图模块	32
10.1 基本要素	32
10.2 工具箱	33
附录 CCS 样例脚本及使用指南	34
A. CCS 的安装及使用	35
1) 运行平台	35
2) 预装软件	35
3) 安装和配置 CCS 系统	36
4) 数据预处理	36
B. 个体图谱计算	38

第一章 结构图像预处理

CCS 通过脚本系统来应用各种结构图像处理软件实现了优化图像处理。T1 结构图像先后经过基于非局部平均扩散的图像去噪、优化的颅骨剥离算法、皮层表面的有限元构建、基于沟回形态的结构分区、线性和非线性的图像配准等一系列处理, 为后续的结构和功能数据整合以及各种个体和群组水平统计分析奠定数据基础。下图显示了这些处理步骤之间的逻辑关系和执行顺序。



图 1.1 结构图像预处理流程

1.1 图像降噪

任何图像都包含或多或少的噪声(图 1.2 中左侧第一列 RAW), 如何去除这些噪声, 一直是医学图像处理中热点研究问题。图像降噪主要有三种算法: 1) 局部邻域加权平均滤波器, 暨各向同性扩散或高斯平滑(ISD); 2) 保持边缘的各向异性扩散滤波器(ASD); 3) 非局部平均滤波器(NLD)。如图所示, 高斯平滑应用最广泛, 但缺点非常明显, 去噪的同时也伤害了图像细节(如边缘和纹理等, 效果参见图 2 中第二行第二列)。各向异性去噪虽然保留了边缘, 但却人为引入了纹理等复杂的高频信息(参见图 1.2 中第二行第三列), 相比之下, 非局部平均很好的移出了噪声成分(参见图 1.2 中第二行第四列)。使用 SPM

(<http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm>) 的 VBM 扩展工具箱 (<http://dbm.neuro.uni-jena.de/vbm>) 可以完成空间自适应非局部平滑(SANLM)的图像降噪，下一个 CCS 版本将实现不依赖于上述工具箱的图像降噪处理。

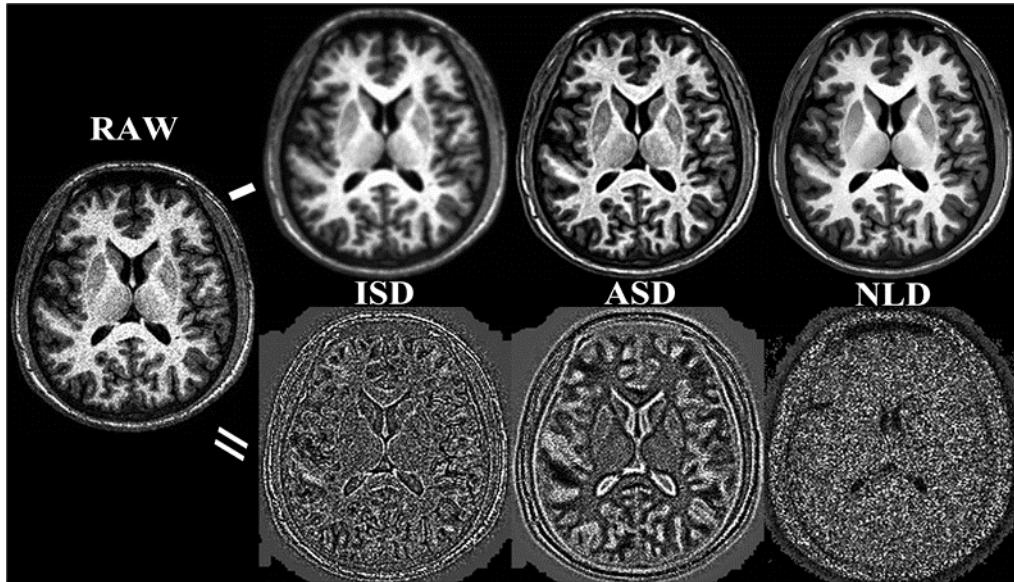


图 1.2 结构图像常见去噪算法性能比较

1.2 颅骨剥离

颅骨包裹在脑组织外层，起到保护作用。作为后续图像处理的基础，从图像中剥离颅骨部分是最重要的第一步。CCS 结合现存自动颅骨剥离算法，生成备选剥离图像，为是否进行手动干预提供决策依据。CCS 中实现颅骨剥离的核心脚本是 `ccs_anat_01_pre_freesurfer.sh`，其中自动化算法中核心的颅骨剥离方法参考采用迁移学习的方法训练颅骨剥离模型 (`deepbet`)，并采用该模型进行颅骨剥离，能够取得很好的效果。CCS 训练完成的模型保存在文件夹 `Models` 下，该模型已经在实际操作中证明对于儿童及成人的颅骨剥离具有较好的效果（图 1.3）。

1.3 皮层重建

皮层重建流程包含若干阶段。首先，利用颅骨剥离的脑图像完成白质分割，在此基础上构建白质表面（图 1.4A 中黄色曲线）和脑膜表面（图 1.4A 中红色曲线），白质表面位于皮层下面，相比脑膜表面个体之间差异大，重建质量也更准确，因此会被用来在后面皮层重建过程中进行沟回对齐等操作；其次，根据沟回分布形态和图像灰度特点将皮层下（图 1.4B 中彩色区块）和皮层（图 1.4C 中彩色区块）等分别进行图像分割；最后，使用三角形有限元算法分别完成脑膜表面（图 1.4D）和白质表面（图 1.4E）的三维重建，图中红色代表脑沟，绿色代表脑回；图 1.4F 显示了将脑膜表面吹平后图像分割的图谱；在重建的皮层表面上，

三角形网格(图 1.4G)的每一个节点都可以赋予相应的结构或者功能属性测量, 图 4H 和图 4I 显示了皮层厚度和表面积的形态学图谱。CCS 中实现皮层重建的核心脚本是 `ccs_anat_02_freesurfer.sh`。

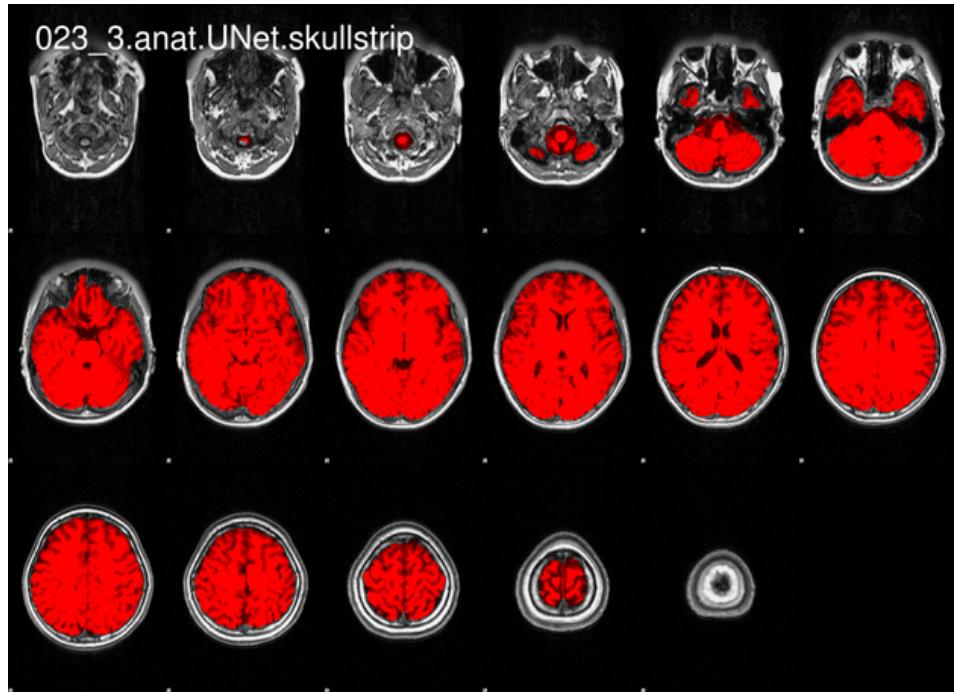


图 1.3 Deepbet 模型颅骨效果图

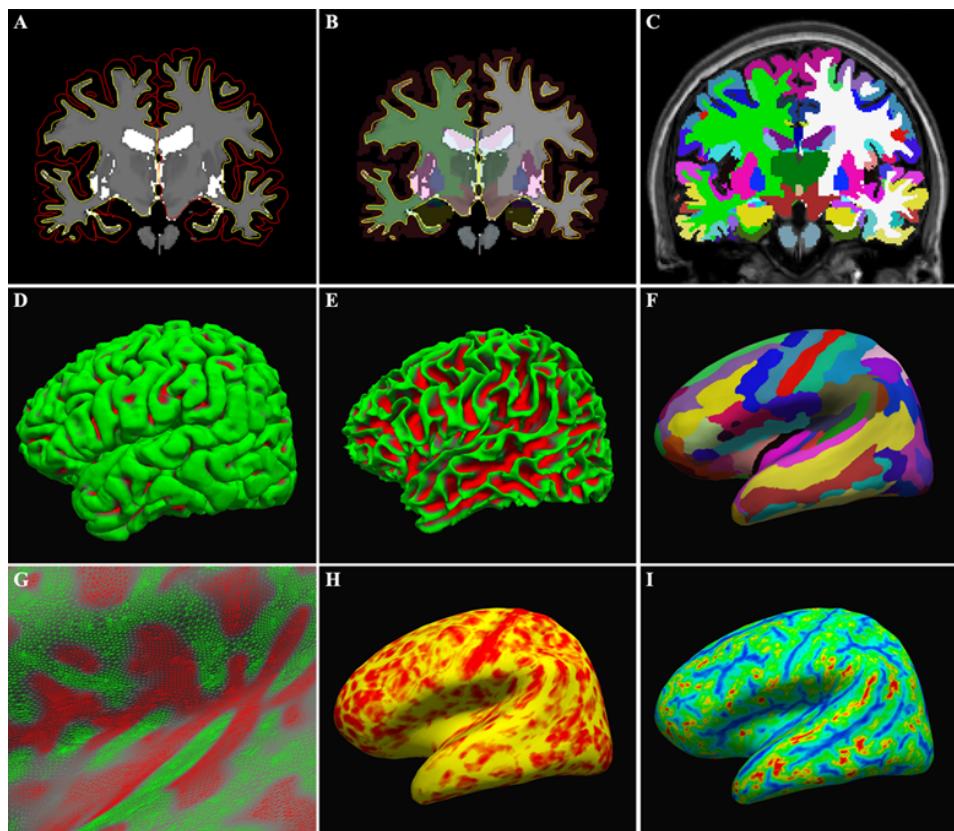


图 1.4 皮层重建的各阶段图示

1.4 图像配准

结构像图像配准目标是进行不同个体之间解剖位置的对应，因此又称为空间标准化。CCS 中实现图像配准的核心脚本是 `ccs_anat_03_postfs.sh`。实现了基于二维皮层表面的配准以及基于三维脑图像的配准，配准到同一个标准脑坐标空间（如图 1.5 所示）。

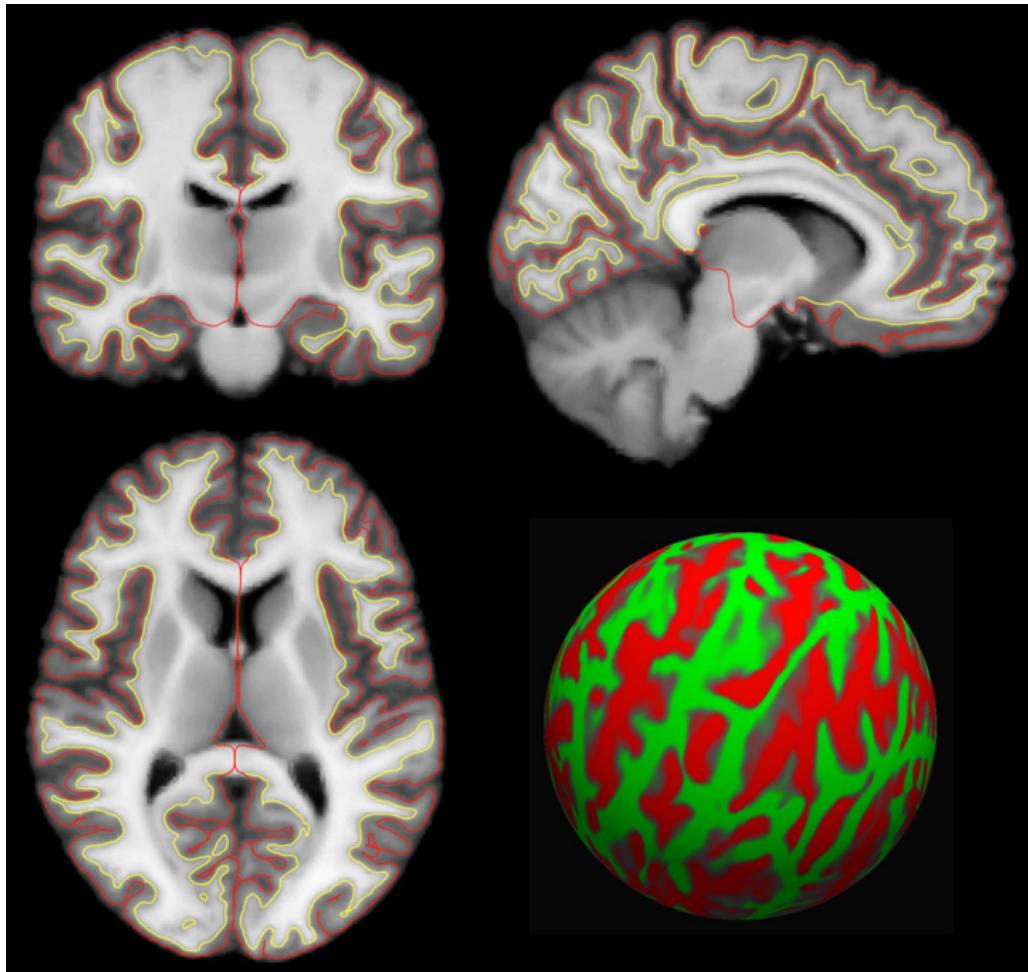


图 1.5 MNI152 标准脑空间及其皮层属性

第二章 静息态功能图像预处理

由于静息态功能像分析基于血氧依赖水平(BOLD)信号，信号受到诸多因素影响。因此，当前阶段需要对这类图像进行预处理，其中包括一些基本处理，用于校正图像获取过程中磁场不稳定性、去除非脑信息、运动影响、个体间图像灰度偏差等，涉及图像配准、图像分割、污染变量提取和图象平滑。类似于结构图像预处理，这些是做静息态脑功能分析的必要准备。



图 2.1 静息态功能图像预处理流程

2.1 基本处理

CCS 中进行功能像基本处理的核心脚本是 `ccs_01_funcpreproc.sh`。对功能像的基本处理包括剔除不稳定点、野点校正、层间时间校正、头动校正、产生功能像全脑掩板、时空标准化。具体来讲，

- 考虑到施加外加磁场之初，图像质量不稳定，因此会去掉功能像最前面的几个时间点，以保证磁场稳定性，一般共 10 秒。 (AFNI: 3dcalc)
- 在四维个体时间序列信息中，可能存在各种意外因素导致的野点，会影响图像分析，需要进行校正。 (AFNI: 3dDespike)
- 为将各层时间对齐到同一个时间起点，需要对图像进行层间时间校正。
(AFNI: 3dTshift)

- 头动是图像采集中很难避免的，因此要对图像进行基于傅立叶变换的头动校正。 (AFNI: 3dvolreg)
- 借助结构像预处理去除非脑组织的结果，删除非脑体素的功能数据后产生功能像全脑掩板，后续处理只在此掩板中进行。 (AFNI: 3dAutomask)
- 为了保证不同个体之间的信号可比性，还需要对个体信号进行时空标准化。(FSL: fslmaths)

2.2 图像配准

CCS 中涉及基于二维皮层表面和基于三维脑空间的计算分析，都需要将不同个体的脑图像配准到标准空间进行分析，如前面结构图像配准一样，需要将功能像配准到标准模板。这主要包括三个步骤：1) 首先是将个体的功能图像配准到个体的结构图像，这一步通常只需要进行 6 参数的刚体变换，因此也称之为图像对齐。为充分利用个体高精度结构像信息，这一步采取 FreeSurfer 团队研发边界配准方法 (BBR)，基于个体结构图像白质-灰质表面信息（下图中红色曲线标示），估计从个体功能图像空间到个体结构图像空间的六参数刚体配准矩阵 (FSL: bbregister); 2) 其次是使用仿射线性配准 (FSL: flirt) 和基于样条函数基的非线性配准 (FSL: fnirt)，估计将个体空间结构像配准到标准脑模板的变换矩阵，值得提及的一点是，个体皮层表面配准到标准脑皮层表面的变换矩阵已经在结构图像预处理部分完成；3) 最后，结合上述变化矩阵计算出功能像配准到标准脑空间的变化矩阵。该过程核心脚本是 ccs_02_funcbbregister.sh 和 ccs_02_funcregister.sh.

2.3 图像分割

功能图像的分辨率和组织对比度都非常低，因此其图像分割主要利用结构图像的分割结果，利用上一步生成的六参数刚体配准矩阵，分别将个体的脑脊液和白质掩板（图 2.3 中的左图）、灰质分区图谱（图 2.3 中的右图）变换到个体功能图像空间。该步骤的核心脚本是 ccs_03_funcsegment.sh。

2.4 污染变量

静息态功能磁共振数据中，许许多多的噪声都会对信号造成影响，如扫描机器磁场信号不均匀、被试的呼吸和心跳等节律性生理活动、以及被试扫描过程中的头动问题。为了尽量减少由他们带来的影响，CCS 分别建立相应的污染变量，然后在个体层次上将它们从数据中移除。具体来讲，使用 ICA-AROMA 去除系列污染变量。此外，CCS 还基于图像分割的白质和脑脊液掩版将白质、脑脊液的

平均信号（或主成分信号）也作为自变量纳入回归方程，以去除这些非脑组织信号的影响。到目前为止，是否去除全脑平均信号还没有定论，因此，CCS 将保留去除全脑信号与不去除全脑信号的两套预处理数据，供用户自己选择。该步骤的核心脚本是 `ccs_04_funcnuisance.sh` 以及 `ccs_04_funcAROMA.sh`。

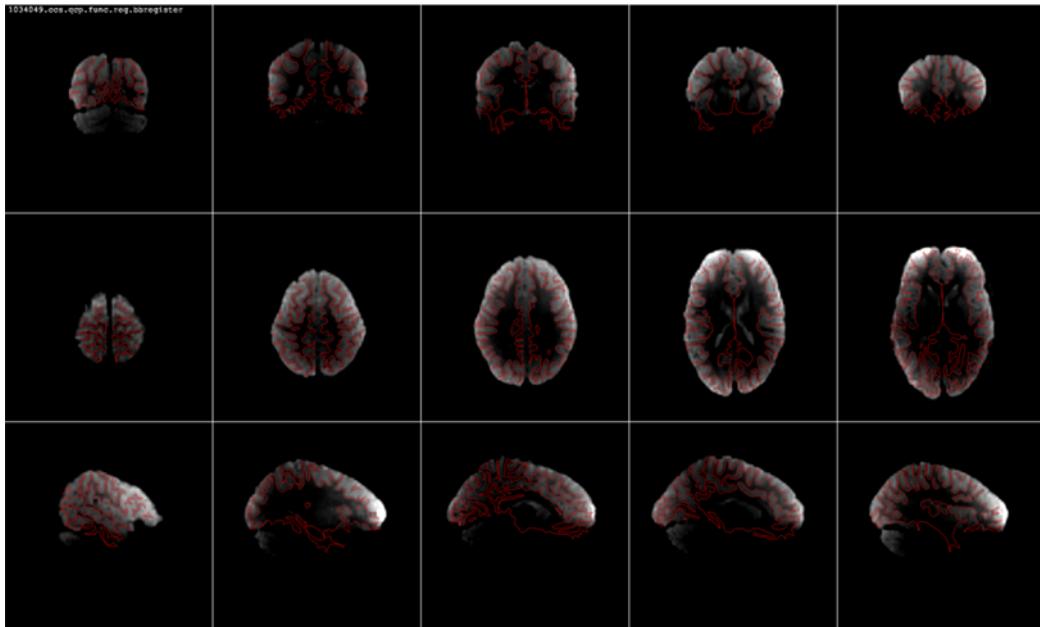


图 2.2 基于灰白质边界的结构功能图像对齐

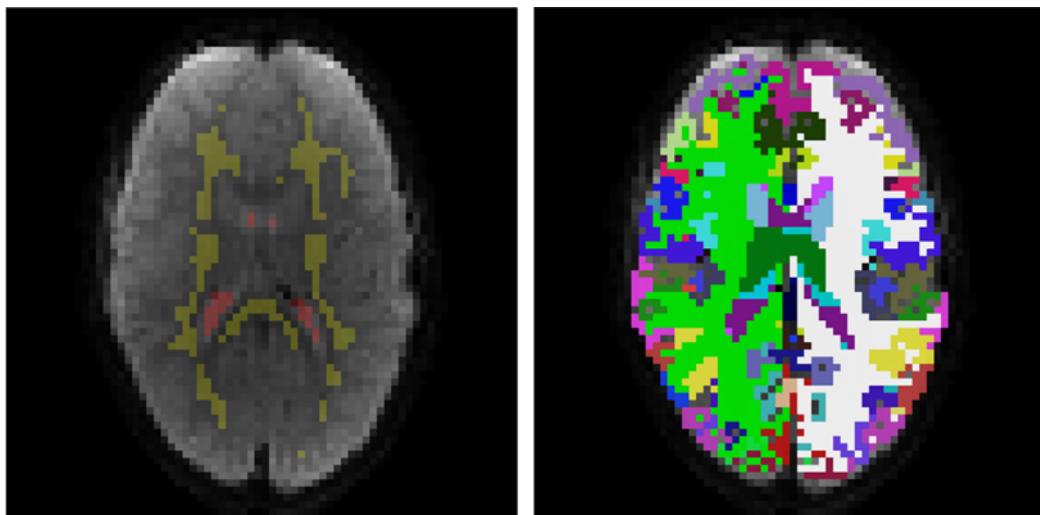


图 2.3 图像分割示例

2.5 图像平滑

作为预处理的最后一部份，为了在时间和空间上对功能信号进行降噪以增强信噪比，需要进行图像平滑操作。时域上的平滑包括进行低频带通（0.01-0.1 赫兹）滤波、去线性和二次趋势项。空间域上则进行常规的高斯平滑。鉴于后续个体图谱计算，某些（如低频波动振幅）并不需要带通滤波处理，因此 CCS 也保

留图像数据进未进行滤波处理的结果；同时目前随着时空采样技术的进步，高频信号也显示出其可能的神经科学意义。图像空间平滑部分则分别对基于 3D volume 和基于 2D surface 的功能像数据进行高斯平滑。该步骤的核心脚本是 `ccs_05_funcpreproc_final_nofilt.sh`（不滤波）和 `ccs_05_funcpreproc_final.sh`。

第三章 扩散张量图像预处理

扩散(弥散)张量成像(DTI)是一种非侵入式的磁共振成像技术,可以用来测量白质纤维特性。该项技术通过变换不同的梯度磁场方向来测量人脑的加权T2图像,然后基于这些图像构建脑内每个位置处的扩散张量,基于此张量来进一步构建脑部白质纤维束。算法主要包括如下步骤:基本处理、图像配准和图像分割。

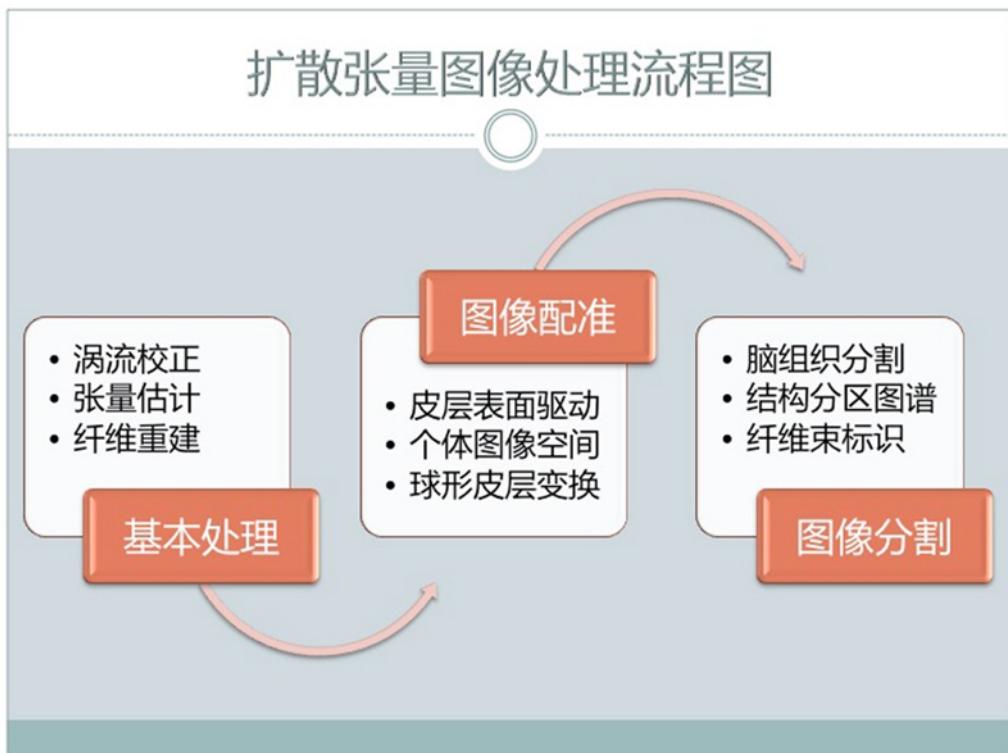


图 3.1 扩散张量图像预处理流程

3.1 基本处理

CCS 脚本主要调用了 FSL 的(FDT: <http://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/fdt>) 工具包和 (DTK: <http://www.trackvis.org>) 软件, 包括以下步骤: 1) 梯度线圈存在的涡流会引起扩散张量图像的伸张和切变, 涡流校正通过仿射配准到一个参照B0图像模版上, 从而校正这些变形以及轻微的头动; 2) 分别选取B0图像和扩散加权图像; 3) 生成B0脑图像, 用于后续的分析。将其与高分辨率的T1像进行配准, 生成mask; 4) 进行扩散张量拟合, 即: 在每个体素上拟合一个扩散张量模型。CCS 提供两种张量拟合算法: 一是使用 FDT 的 dtifit, 二是使用 DTK 的 dti_recon。张量拟合计算会生成各个白质纤维参数图像, 如 FA 和 MD 图谱等。基于上述结果, 全脑纤维按照一定规则被重建出来(如下图)。扩散张量图像预处理的核心脚本是 ccs_01_dtipreproc.sh。

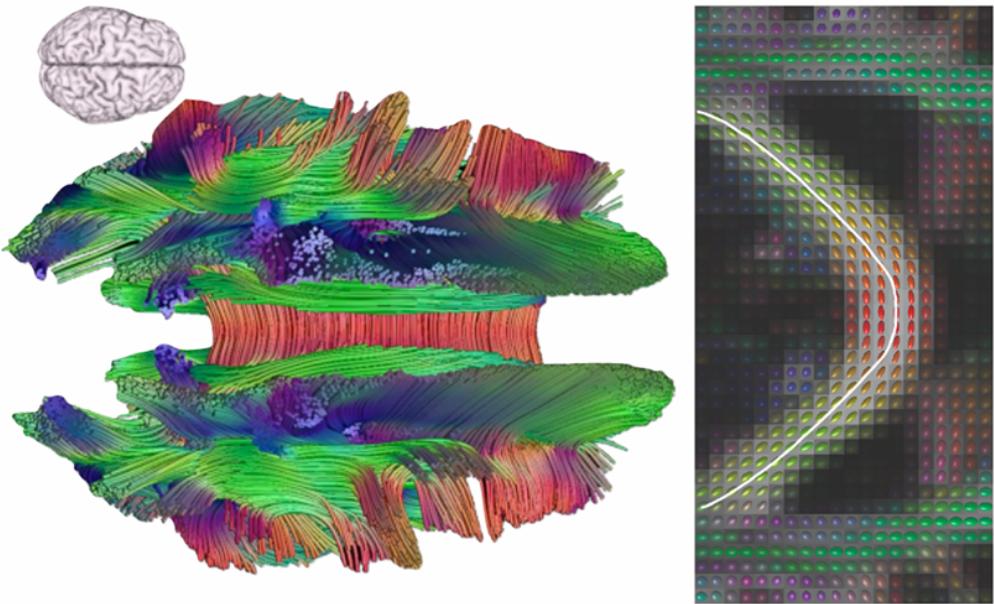


图 3.2 扩散张量图像重构全脑纤维分布

3.2 图像配准

纤维追踪与重建需要在不同个体的扩散张量图像空间进行分析，需要将标准模板的信息变换到个体空间（下图）。这主要包括三个步骤：1）首先是将个体的 B0 图像配准到个体的结构图像，与功能图像类似，为充分利用个体高精度结构像信息，采取 FreeSurfer 的边界配准方法 (BBR)，估计从个体扩散图像空间到个体结构图像空间的六参数刚体配准矩阵 (FS: bbregister)；2）其次估计将个体空间结构像配准到标准脑模板的变换矩阵，这部分可以直接使用与功能图像配准部分的变换信息；3）最后，结合上述两个变化矩阵计算出将标准脑空间变换到个体扩散空间的变化矩阵。该过程的核心脚本分别是 ccs_02_dtibregister.sh。

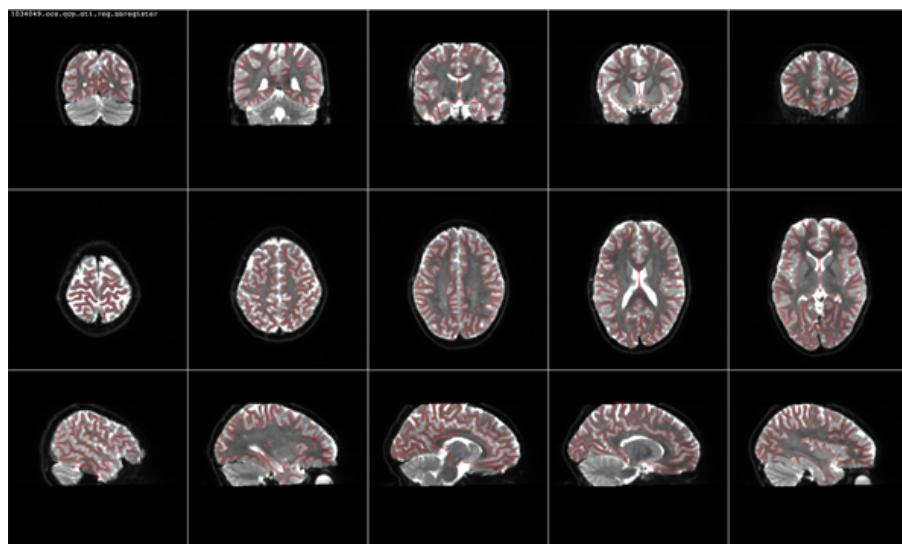


图 3.3 基于灰白质边界的结构扩散图像对齐

3.3 图像分割

扩散张量图像的空间分辨率比较低，因此其图像分割要利用结构图像的分割结果，利用上一步生成的六参数刚体配准矩阵，分别将个体灰质分区图谱变换到个体扩散张量图像空间，基于这样的分区图谱，可以进行白质纤维结构连接组的构建。该步骤的核心脚本是 ccs_03_dtisegment.sh。

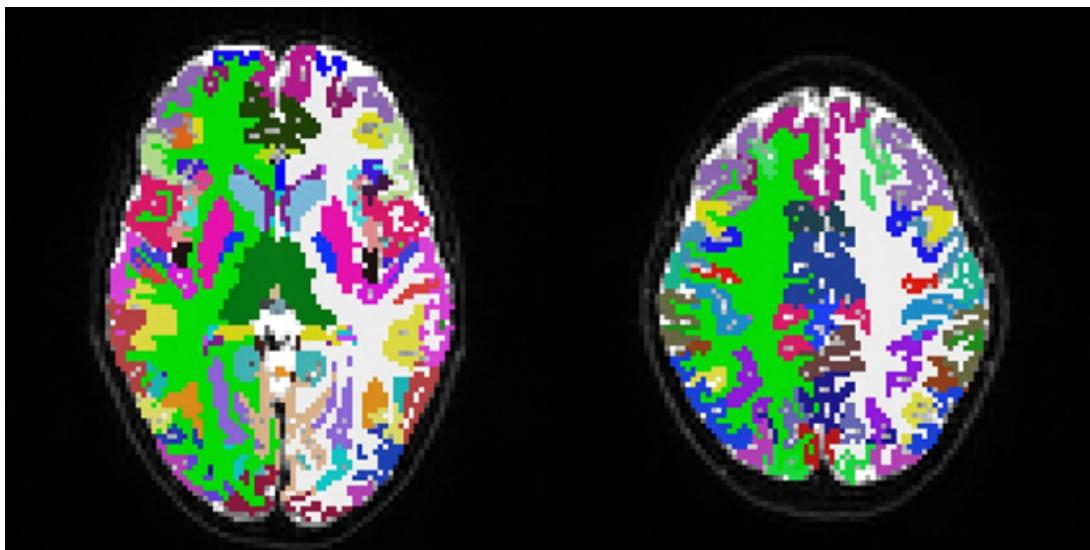


图 3.4 扩散张量图像分割示例

第四章 个体结构图谱

CCS 提供个体的各种结构图谱用于后续个体或者组水平上的统计分析，结构图谱一般包括形态学及白质纤维连接两部分特性，分别对应于结构磁共振成像 T1 及扩散张量成像 DTI 所处理后的结果。

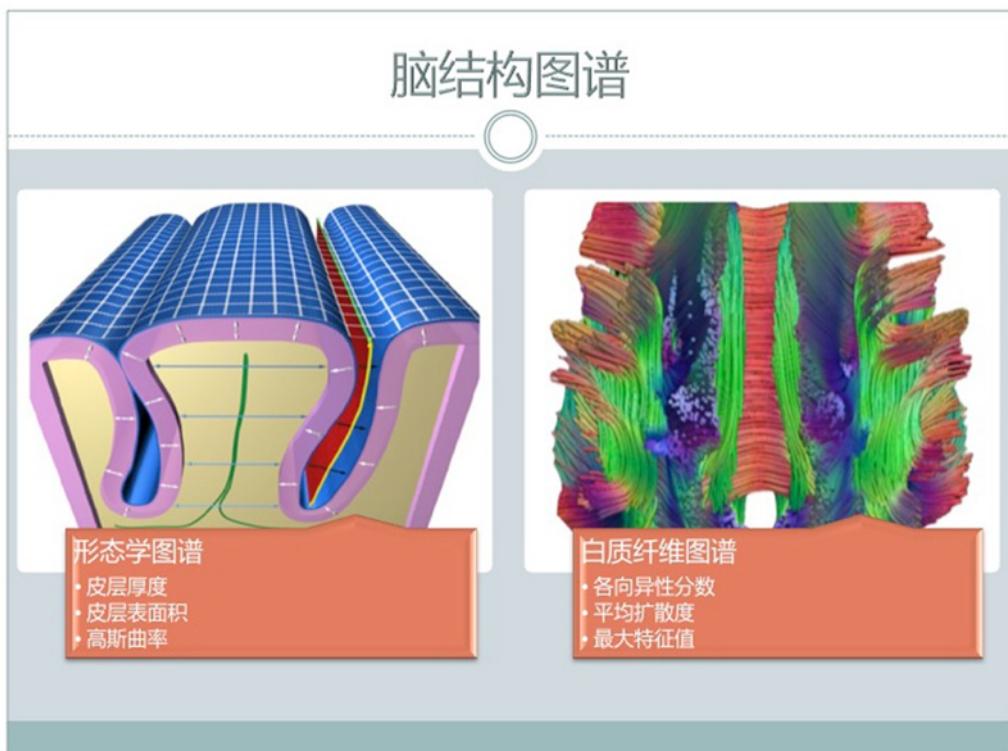


图 4.1 个体脑结构图谱

4.1 形态学

每个个体的皮层重建之后，CCS 相应生成每个被试的结构形态学图谱，最常用的包括皮层厚度，表面积，平均曲率，沟深，体积这 5 个形态学指标。图谱数据均存放在个体目录的 surf 文件夹中。如图 4.2 所示，介绍每个形态学变量含义。

- **皮层厚度：**大脑皮层有两个表面，灰-白质界面 white 和灰质-脑膜界面 pial，皮层厚度为这两个表面之间的距离。
- **平均/高斯曲率：**反映曲面弯曲程度。两个正则方向内切球半径的倒数为其主曲率，平均曲率为这两个曲率的平均值，高斯曲率则是两个主曲率的乘积。
- **沟深：**定义为在皮层膨胀过程中位移与正则单位矢量的点乘，反映了皮层大尺度几何信息。
- **体积：**定义为皮层厚度与表面积的乘积。

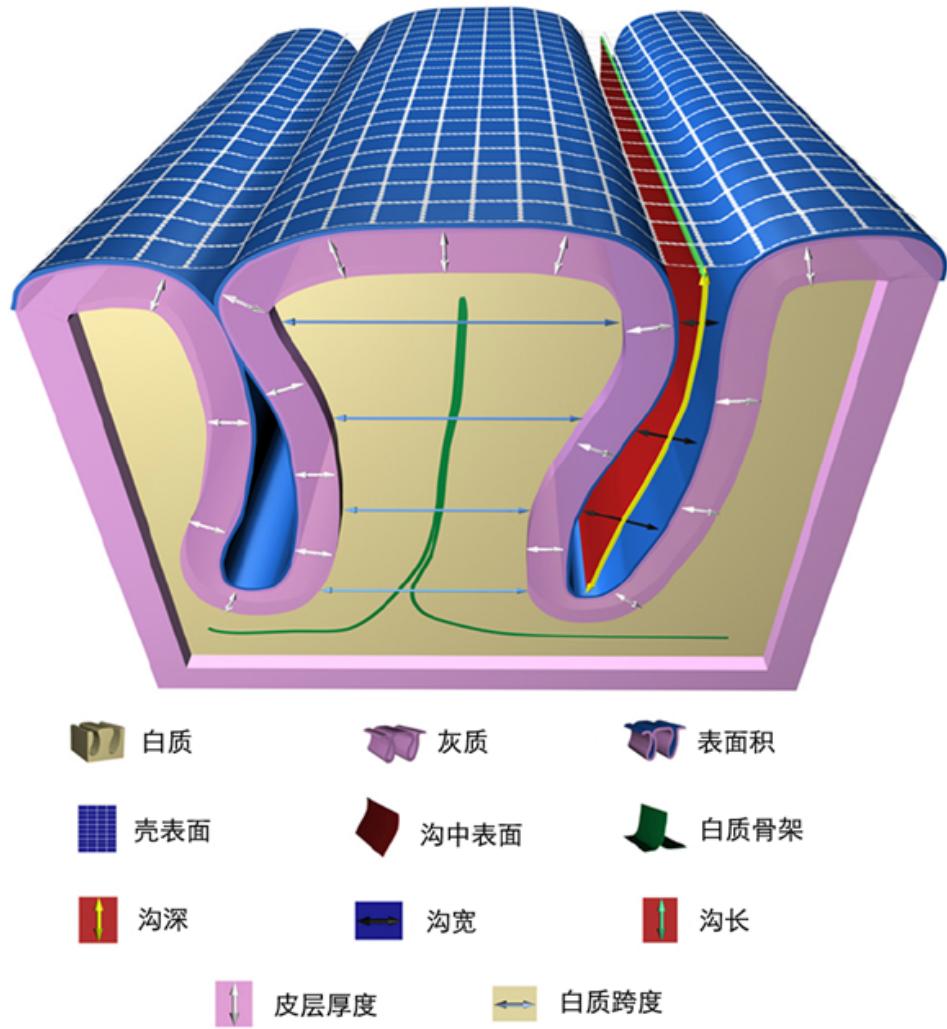


图 4.2 大脑皮层形态学图示

4.2 纤维束连接

经过扩散张量图像预处理后，CCS 生成各个 DTI 参数图谱，如各向异性分数(FA)、平均弥散率(MD)、本征向量(L1)、本征值等等。

第五章 个体功能图谱（三维）

目前，各类静息态功能磁共振计算方法分别从功能分化和功能整合两个角度来研究静息态功能磁共振信号（下图）。功能分化是探索目前所能考量的大尺度人脑处理单元的时间动力学性质，如考察静息态低频信号的波动强度和复杂性等，是单个时间序列的性质。功能整合则是指这些人脑处理单元之间的相互关系，例如，考察局部脑区功能同步强度、考察两个脑区之间，或者多个脑区之间的功能连接、左右半球的功能连接、以及全脑大尺度功能连接组的连接强度等等。本章介绍在三维空间中基于体素的各种功能图谱。

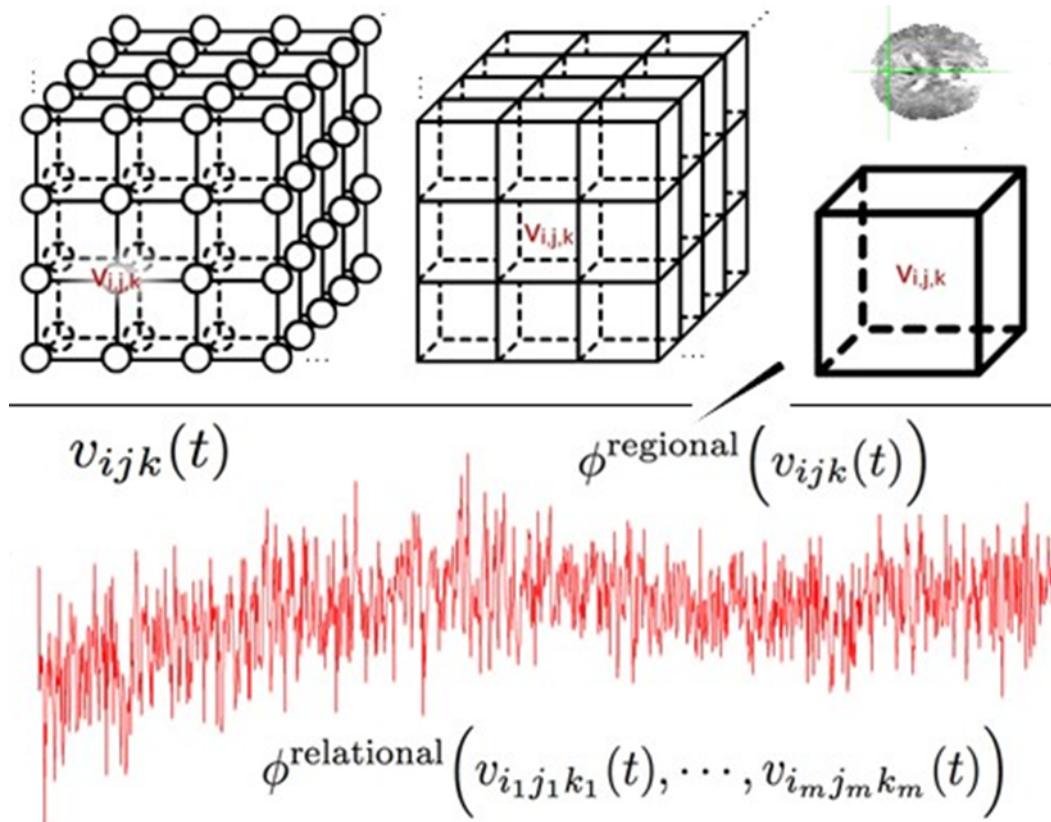


图 5.1 个体脑功能图谱三维计算

5.1 低频波动振幅

低频波动振幅(ALFF)假设静息态脑 BOLD 信号在低频范围内是有其生理意义的，使用一个低频频段(0.01-0.1Hz)内所有频率点上幅值的平均值来刻画一个体素自发活动的强弱，从能量角度反映了各个体素在静息状态下自发活动水平的高低。分数低频波动振幅(fALFF)指的是低频 BOLD 信号的功率谱的 均方根与整个样本频段振幅均值的比值。fALFF 是在 ALFF 基础上改良算法得到的，前期研究已经证实，相比 ALFF，fALFF 可有效抑制脑池部位的非特异性信号，减

少生理噪音干扰，高检测脑自发活动的敏感度和特异度。这两类图谱表现出了较好的重测信度，并且不同频段的低频波动振幅也越来越受到重视，广泛应用到各种疾病的研究中去。低频波动振幅核心脚本是 `ccs_06_singlesubjectALFF.sh`，其可以计算体素水平的通常低频频段(0.01-0.1Hz)和 slow4 低频段 ALFF 和 fALFF。

5.2 局部一致性

局部一致性(ReHo)由臧玉峰等人提出，他们假设在一定条件下某个功能区内部相邻体素的 BOLD 信号随时间的变化具有相似性。该指标使用肯德尔和谐系数作为指标来度量一个体素与其三维空间临近若干体素（6 个、18 个或 26 个体素）之间时间序列变化的一致性。其值范围在 0 到 1 之间，越大代表这些时间序列同步性越好。该图谱已经被证实具有很高的重测信度。局部一致性核心脚本是 `ccs_06_singlesubjectReHo.sh`，可用来计算体素水平的三维空间的功能一致性指标。

5.3 种子点功能连接

功能连接可定义为两个空间上远离的脑区之间的时域相关性。具体而言，通过计算脑区之间 BOLD 信号的相关系数。种子点功能连接，作为一种最简单且使用最广泛的静息态功能连接计算方式，其基本步骤如下：(1) 根据实验目的确定特定脑区作为静息态研究的种子区域，~~从~~取该区域内各体素的时间序列并计算得到该种子区域的平均时间序列；(2) 计算该平均序列与全脑所有体素的时间序列之间的相关系数，以其对应 Fisher-z 值作为功能连接强度，从而得到与该种子区域正负相关的所有体素信息。关于种子点的确定通常有若干种方式：(1) 执行相关任务时的激活图获得，(2) 可利用先验解剖知识，(3) 标准脑图谱。由于种子点位置选择的任意性和个体差异的偏差，这类图谱表现出的重测信度也对于种子点的选择有高度的依赖性。

种子点功能连接核心计算脚本 `ccs_06_singlesubjectSFC.sh` 可根据用户提供的种子点掩版列表，计算种子点功能连接图谱。

5.4 半球功能连接

功能同伦(VMHC)，指的是对称大脑模板上，半球间相对称应体素之间的功能连接。换句话说，它是对一侧大脑半球的每个体素与其对侧半球镜像体素之间的静息态功能连接进行数量化测量。在计算功能同伦之前首先要创建一个左右半球对称的标准脑模板，然后将经过预处理的个体的功能像配准到这个对称的标准模板上，以便获取每个体素对侧半球镜像对称点的位置，最后计算每对镜像对称

点上时间序列的皮尔逊相关系数并进行 Fisher-z 变换。由于具备结构基础，功能同伦表现出很高重测信度。功能同伦计算脚本 `ccs_06_singlesubjectVMHC.sh` 用来计算两个半球间的功能同伦指标图谱，而脚本 `ccs_06_singlesubjectVMHCSFC.sh` 用来计算功能同伦显著区域与全脑功能连接图谱。

5.5 独立成分分析

静息态功能数据分析另一种比较常用的方法是独立成分分析 ICA。CCS 提供良种颇具备特色成分分析方法：首先是很好地解决了成分对应的双回归方法，这种方法是用预先指定的空间成分图谱，和多元线性回归模型来构建个体的对应功能连接网络图谱，表现出了很高的重测信度和可重复性；其次是基于个体成分图谱挖掘算法，团队杨志博士开发的这种算法 gRAICAR 在不对脑活动方式作出假设的情况下，将数据分解为多个成分，每个成分代表不同的脑活动网络。执行多次这样的分解，在此过程中计算各个独立成分可复制性水平。然后，根据这种可复制性，将这些成分进行排序和平均以获得更加稳定的结果。与目前常用的方法相比，这种算法具有显著的优点：1) 无需假设脑的工作模式，有利于新的脑功能网络的发现；2) 由于独立成分分析是多元统计方法，因此它能同时检测多个成分，每个成分可能代表不同的脑活动特征，而不必事先提出脑活动的模型；3) 确定可靠的成分数，在对数据分析过程中去除噪声的影响；4) 对成分排序，这种排序在一定程度上反映了不同成分之间的相对强弱关系，从而提供新的信息；5) 获得更加可靠的结果。将这种算法推广到多个个体之间时，便成为一种强有力的数据驱动个体分类方法。双回归方法核心计算脚本 `ccs_06_singlesubjectICA.sh` 用来生成个体成分图谱，组成分图谱并进行双回归计算。gRAICAR 目前的实现尚为 MATLAB，在将来版本中将提供相应脚本。

5.6 网络中心度

中心度是应用于网络分析的一个重要度量指标，用于测量网络中“元素”的重要性，这里的“元素”是一种泛指，包括网络中的节点、边、社团及整个网络。CCS 提供多种网络中心度的计算，分别从不同角度来度量全脑功能连接组内部的连接强弱。例如，度中心度(DC)，反映了与所考察节点的直接连接的多少和强弱；特征向量中心度(EC)，反映了在全局特征上与所考察节点连接的强弱；与特征向量中心度相似，采用 Google 的网页排序算法来计算的中心度(PC)，也反映了全局网络中与某节点连接的多少和强弱。子图中心度(SC)则介于度中心度和特征向

量中心度之间，用节点对所在网络子图的连接强度来衡量节点的重要性。介数中心度(BC)反映所考察节点在整个脑网络连通中的重要性。所有对于中心度的计算均可分为二值中心度与带权中心度。其中二值中心度的邻接矩阵以 1/0 来表示脑内是否存在连接，需要设定一个阈限，作为确立有无连接的标准；而带权中心度的邻接矩阵用功能连接强度来表示。网络中心度图谱核心计算脚本 `ccs_06_singlesubjectVNCM.m` 用来生成体素水平的网络中心度。

第六章 个体功能图谱（二维）

CCS 将前面一章提及的功能图谱的计算推广到皮层表面计算（下图），由于这样可以充分的发挥人脑皮层功能组织的二维特性，并且也可以最大限度的降低部分容积效应，避免不同组织的功能信号混杂（如灰白质信号以及灰质和脑脊液信号）。同时，皮层表面坐标系统也为多模态影像整合分析提供了基础。

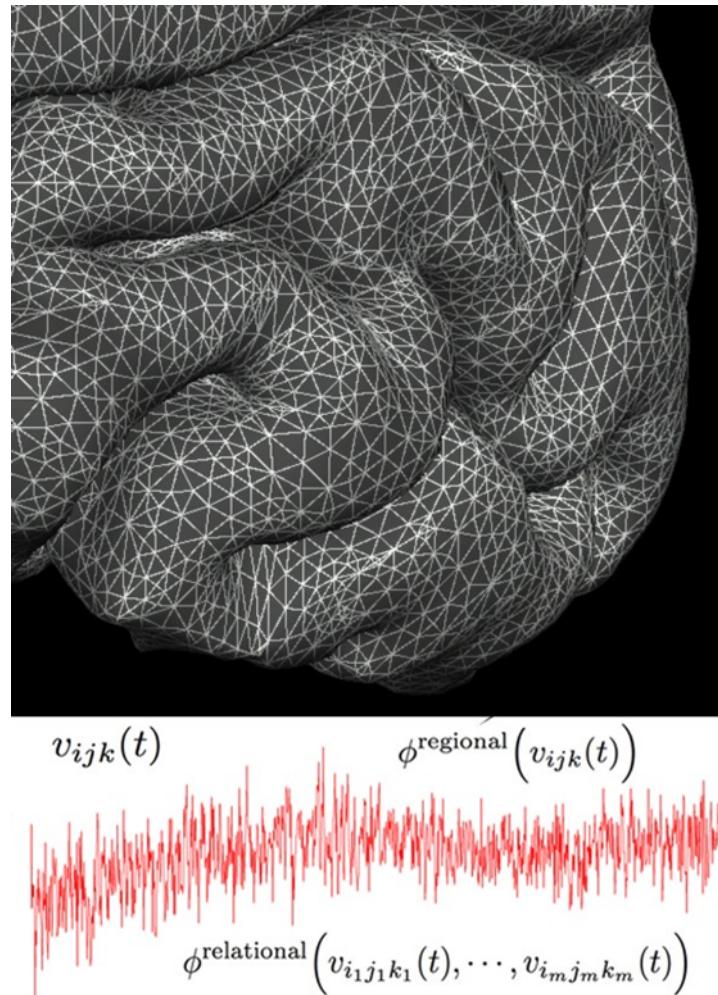


图 6.1 个体脑功能图谱二维计算

皮层表面功能计算的关键步骤之一是如何将三维的时间序列投射到二维的皮层表面上去，在 CCS 中个体空间的预处理后的时间序列（未经过平滑处理），首先被投射到 1 毫米精度的标准皮层网格 `fsaverage` 上去，然后再下采样到 4 毫米精度的标准网格 `fsaverage5`，下面所有功能图谱的计算均是基于此标准网格上进行，计算原理和三维的功能图谱一致，这里不再赘述。所有的程序是先目前还是基于 MATLAB，将来会开发相应的 OCTAVE 版本，以下展示每一种图谱的皮

层空间分布模式。

6.1 低频波动振幅

低频波动振幅核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dALFF.m` 计算皮层表面网格上每一个顶点处的 ALFF 和 fALFF。

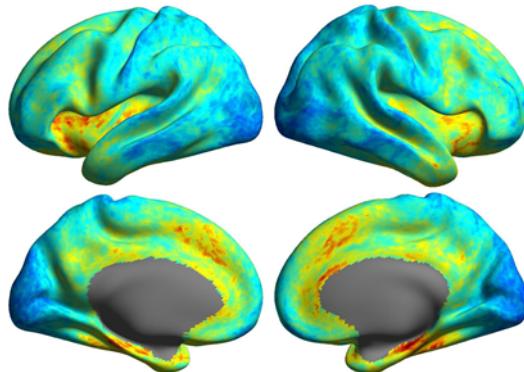


图 6.2 二维低频波动振幅功能图谱

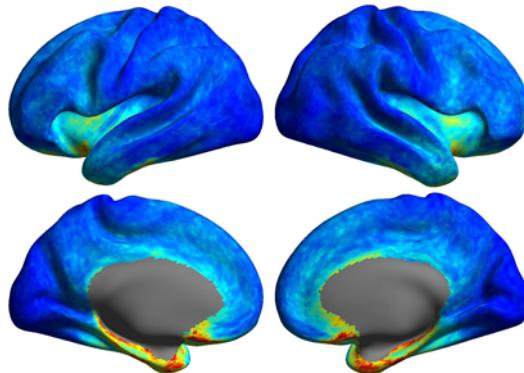


图 6.3 二维分数低频波动振幅功能图谱

6.2 局部一致性

局部功能一致性核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dReHo.m` 计算皮层表面网格上每一个顶点处的时间序列与其相邻的 6 或 19 个顶点时间序列的 KCC。

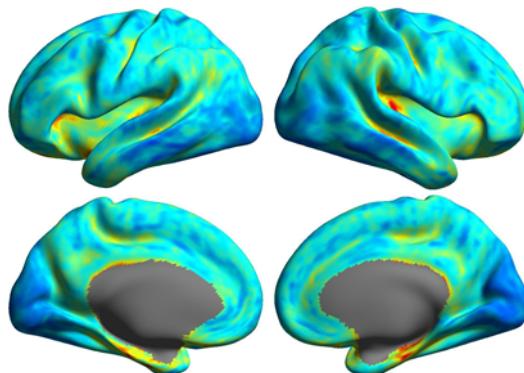


图 6.4 二维局部功能一致性功能图谱

6.3 种子点功能连接

种子点功能连接核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dSFC.m` 计算皮层表面网格上每一个顶点处的时间序列与所有其他顶点时间序列的相关系数。

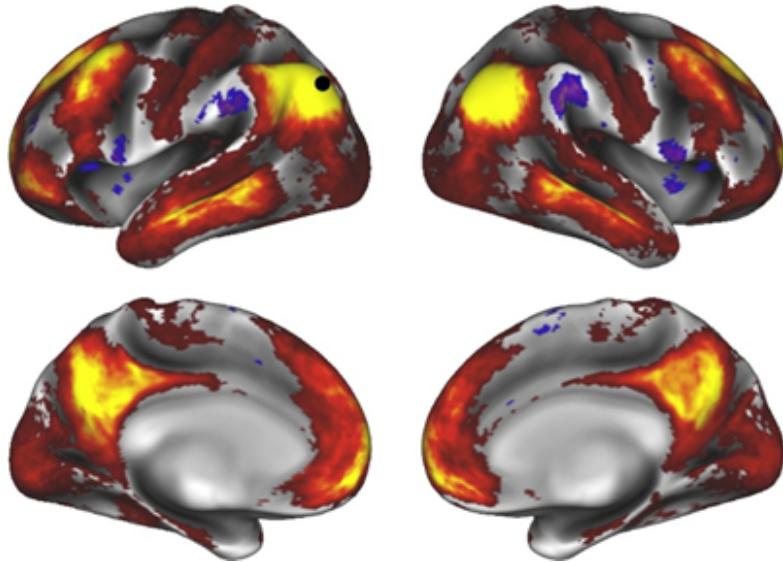


图 6.5 二维种子点功能连接功能图谱

6.4 半球功能连接

二维半球功能连接核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dVMHC.m` 计算皮层表面网格上每一个顶点处的时间序列与其对侧半球对应顶点时间序列的相关系数。这项功能目前尚未在 CCS 中实现，将在下一个版本中实现。

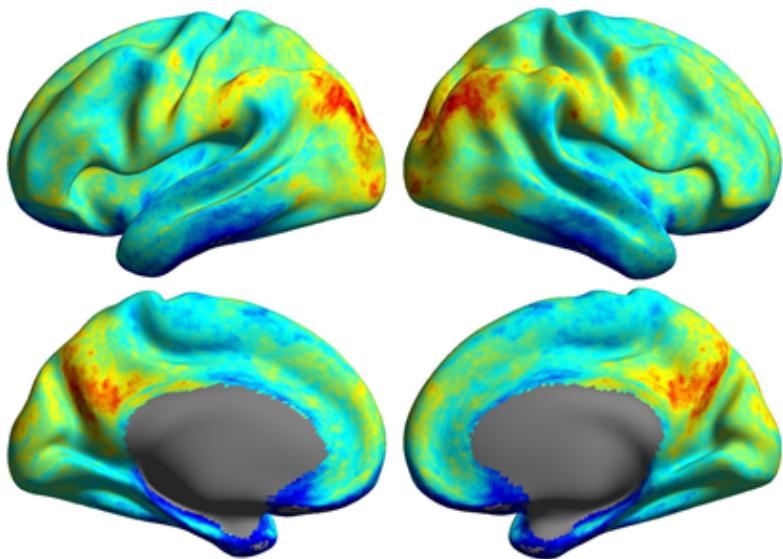


图 6.6 二维半球功能连接功能图谱

6.5 独立成分分析

二维独立成分分析核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dRAICAR.m` 计算皮层表面网格上的独立成分分解。这项功能目前尚未在 CCS 中实现，将在下一版实现。

6.6 网络中心度

二维半球功能连接核心脚本 `ccs_06_singlesubject2dVNCM.m` 计算皮层表面上每一个顶点处的网络中心度。

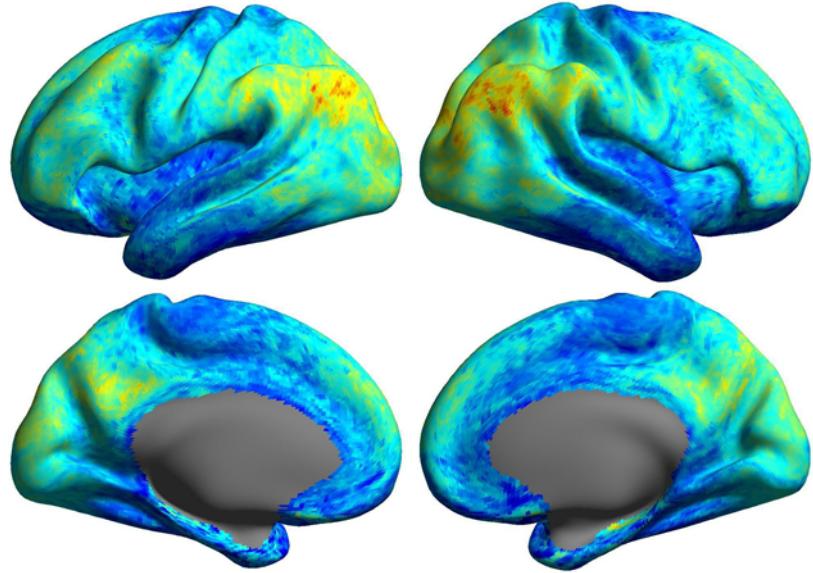


图 6.7 二维度网络中心度功能图谱

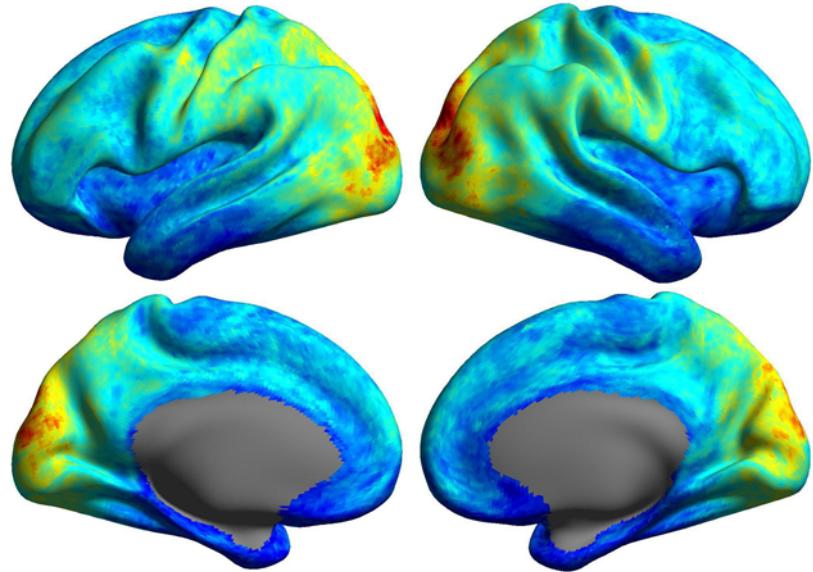


图 6.8 二维特征向量网络中心度功能图谱

第七章 质量控制模块

在磁共振神经影像研究中,图像的质量及个体差异决定了批量预处理的效果。而质量控制是其中最重要的步骤之一,直接关系到最后纳入组分析的被试数量及最终统计结果。以往研究中质量控制往往采取了不同的策略及标准,而 CCS 提供了详细的质量控制模块,主要包括颅骨剥离,皮层重建,配准,分割及头动。

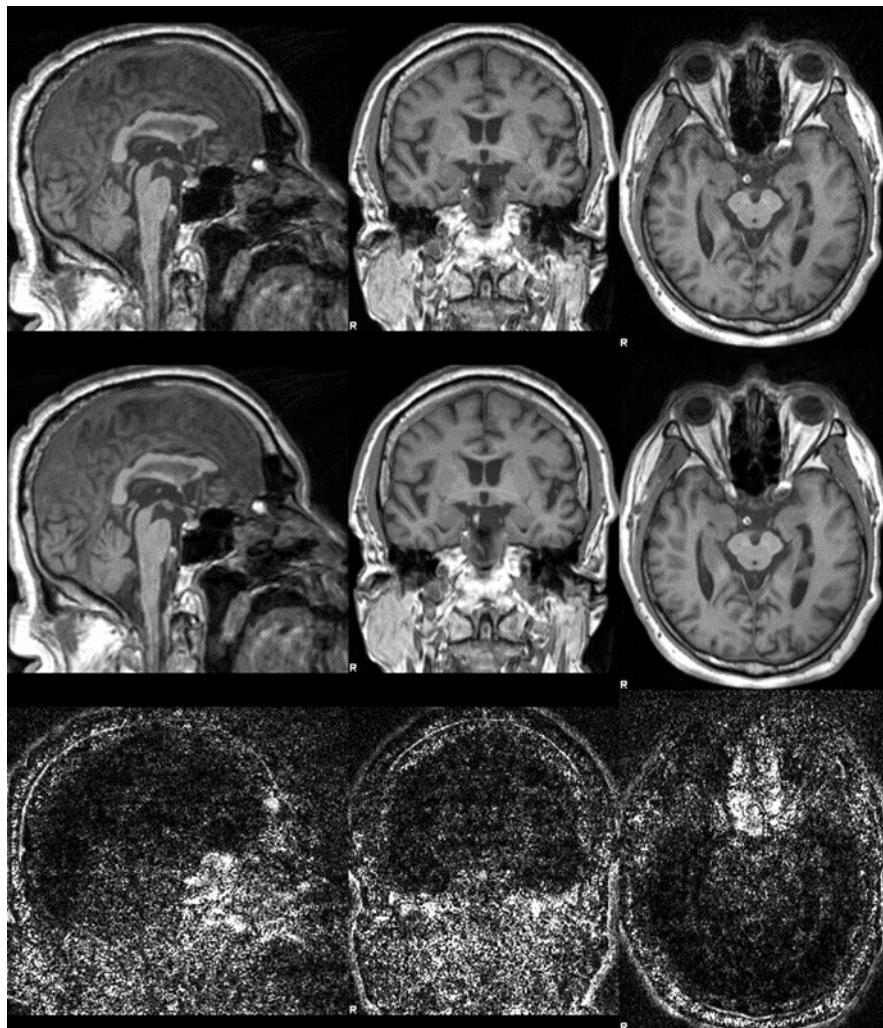


图 7.1 结构图像去噪质控截图

7.1 图像噪声

所有图像都有或多或少的噪声污染或者扫描的缺陷存在,如果噪声看起来非常明显或者有扫描问题,那么这个被试的数据将直接被剔除。主要考虑的缺陷问题包括:扫描过程头动是否造成明显的伪影、图像是否存在器质性变化等。这一步主要通过肉眼直接观察原始图像就可以确定。CCS 会对图像首先进行基于非局部平均的图像去噪,并对此去噪音效果生成图片,供用户进行视觉检查(上图)。其中,第一行是原始图像,第二行是去噪后的图像,最后一行是噪声图像。这幅

图像也有助于用户检查运动伪影和一些图像问题。

7.2 皮层重建

脚本程序 `ccs_01_anatcheck_surf.sh` 生成灰白质表面分界线和脑膜曲线；脚本程序 `ccs_01_anatcheck_render.sh` 生成三维大脑皮层界面。

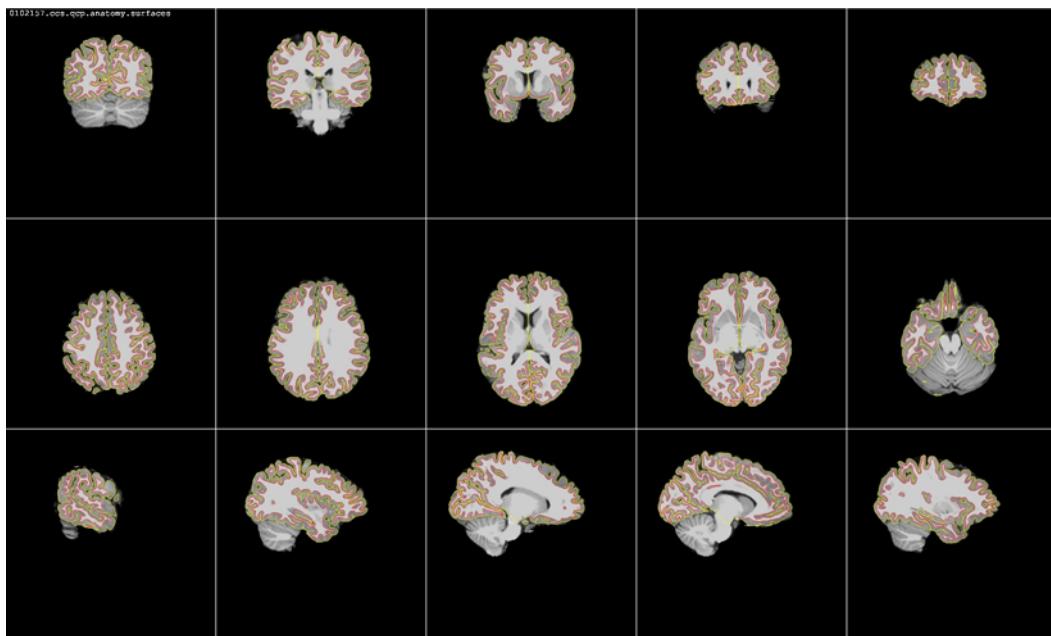


图 7.2 灰白质表面分界线和脑膜曲线重构质控截图

7.3 图像配准

脚本程序 `ccs_02_funccheck_bbregister.sh` 用于生成结构功能对齐的 BBR 效果（参见第二章的相应部分的图片）。脚本程序 `ccs_02_dticheck_bbregister.sh` 用于生成结构 T1 和扩散图像对齐的 BBR 效果（参见第三章相应部分的图片）。对于三维非线性配准，脚本程序 `ccs_01_anatcheck_fnirt.sh` 用于生成结构图像空间标准化的 FNIRT 效果，而脚本程序 `ccs_02_funccheck_fnirt.sh` 用于生成功能图像空间标准化的 FNIRT 效果。

7.4 图像分割

脚本程序 `ccs_01_anatcheck_vol.sh` 生成结构图像分割质控截图。

7.5 图像运动

头动是磁共振影像研究中非常普遍的一个干扰因素，且其影响较大，尤其是对于脑发展的研究。造成明显运动伪影的结构图像在质量控制第一步中就可以被排除。此小节主要讨论的是对功能图像头动的质量控制。CCS 不仅对结构功能图像进行了预处理及后处理，也同时生成了对于配准误差，雅各比矩阵及头动的

质量控制文件。利用 Power 等人文章¹提出的 FD 理论，脚本程序 ccs_06 singlesubjectQCP.m 生成个体功能图像运动情况的各种变量数值，以及运动实时监控的效果图（下图），以用于随后的质量控制。

0102157.ccs.qcp.anatomy.renders

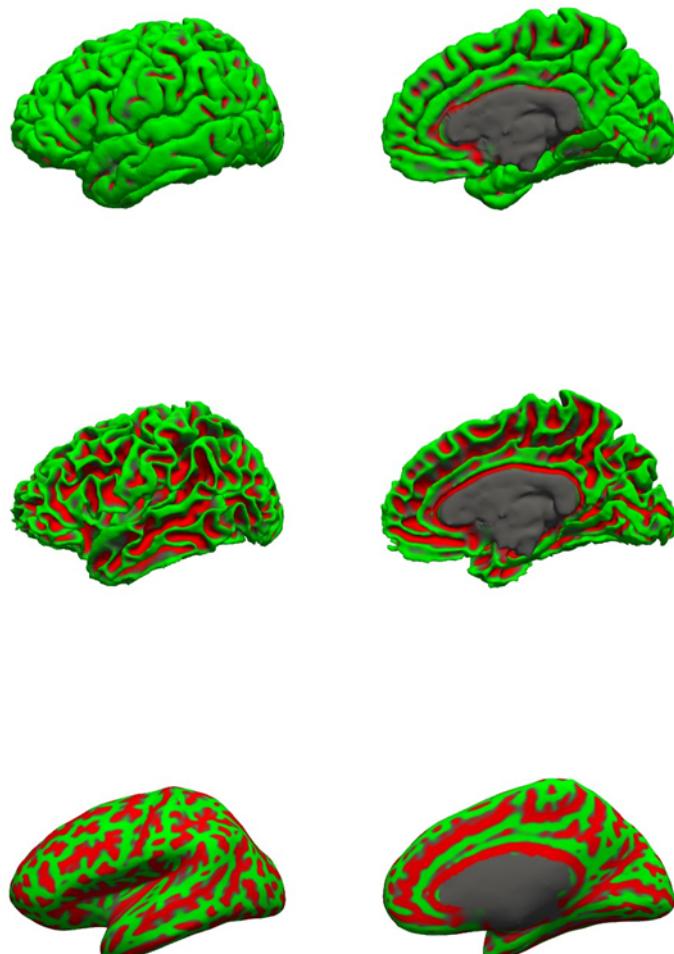


图 7.3 三维大脑皮层界面重构质控截图

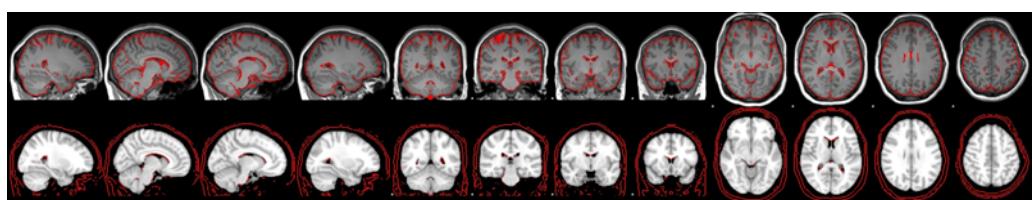


图 7.4 结构图像三维非线性空间标准化质控截图

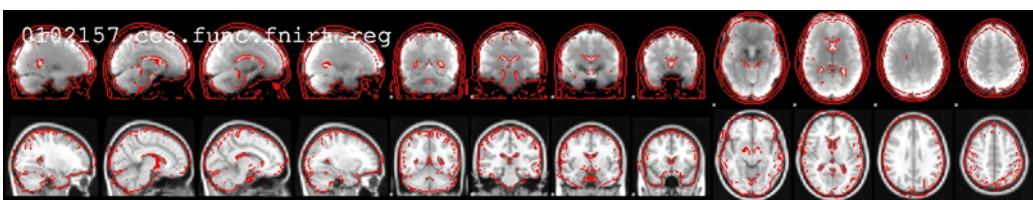


图 7.5 功能图像三维非线性空间标准化质控截图

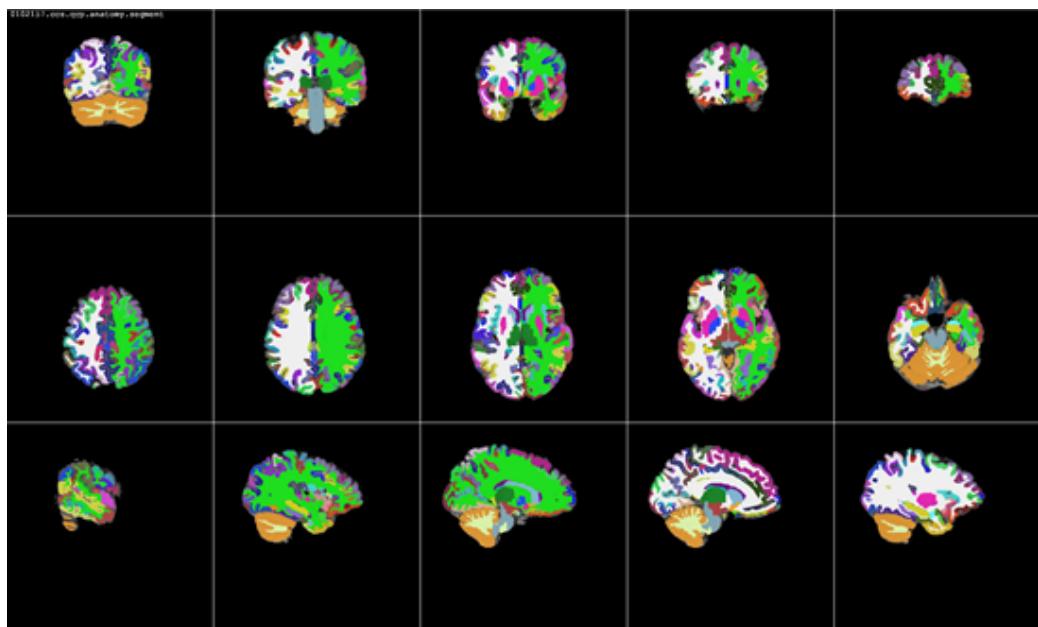


图 7.6 脑组织分割质控截图

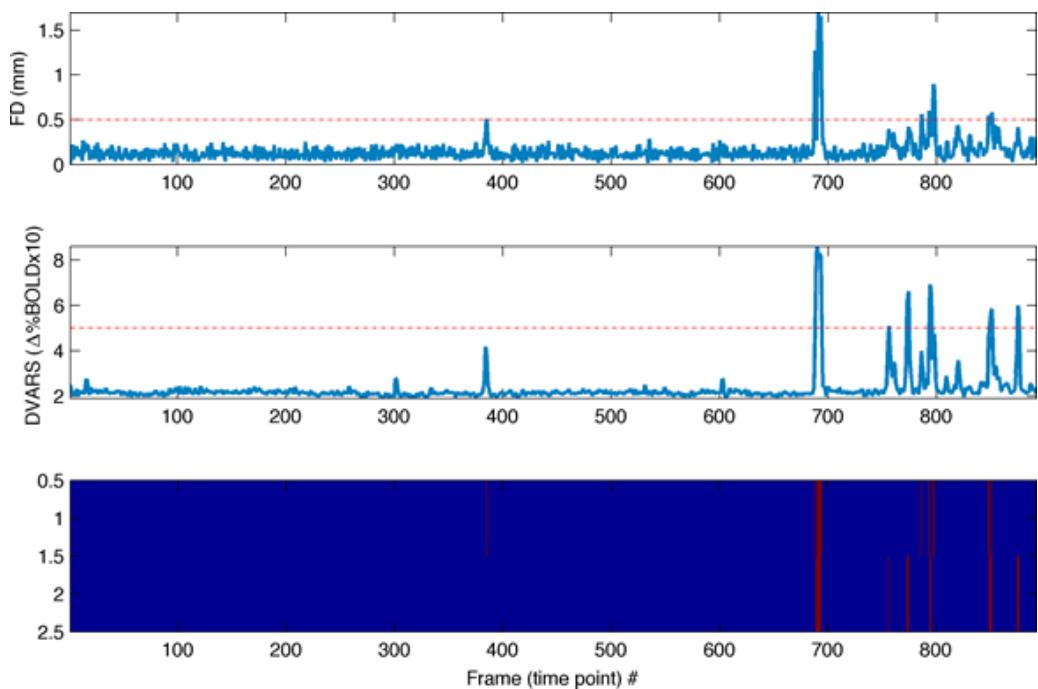


图 7.7 功能图像运动情况质控截图

第八章 重测信度模块

在社会、行为、物理、生物和医学领域，存在各种干扰因素影响到实际测量，如何建立和选择可信、准确的测量是实际应用中一个非常重要的问题。重测信度是一个统计学概念，指一个指标被测试 2 次或多次(重测)时多次测量之间的一致性。具体到临床测量上(如血压)，是指个体差异(即同一个人 2 次血压测量之间的差异)相对于个体间差异(即不同人之间的血压测量差异)的变化。不难理解，脑功能发展和各种临床脑疾病需要具备高重测信度的指标和计算方法：较小个体差异表明指标的时间稳定性和较大个体间差异表明易于区分不同个体，提供足够的个体发展差异，有利于临床辅助诊断。已有研究显示，静息态功能磁共振测量技术和计算方法受到各种因素的影响(包括机器噪声、人体热噪声、人体内环境非脑神经活动波动、外部环境变化、缺乏认知对照、前期数据处理规范等)。因此，各种磁共振计算方法和指标的重测信度需要系统研究以为实际应用提供参考。

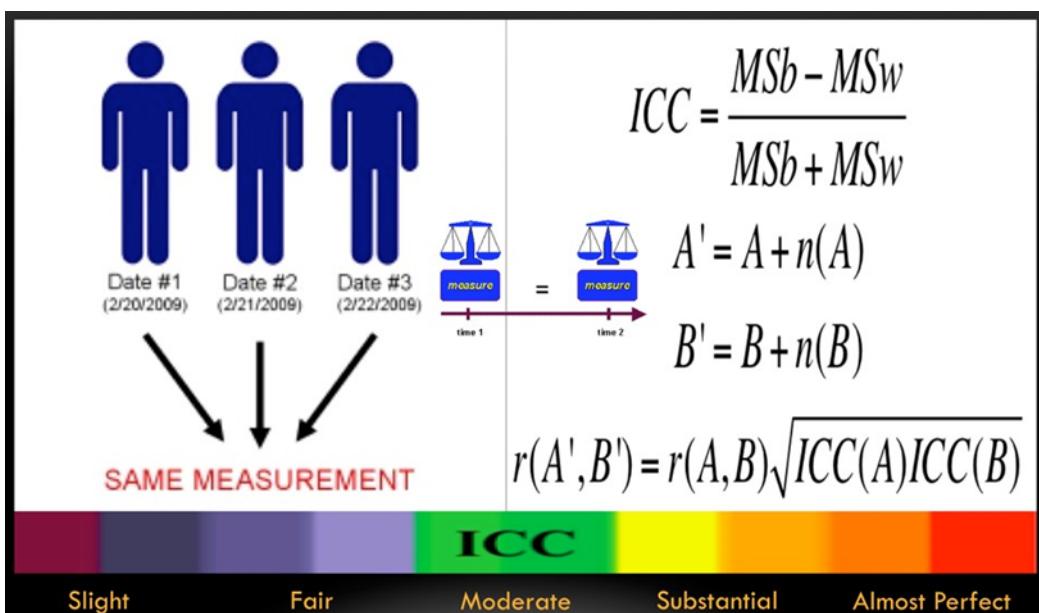


图 8.1 重测信度概念与计算示意图

8.1 重测信度

使用类内相关系数 ICC，可以计算并量化各种重测脑成像数据的信度，除了最初提供的一个简单工具箱 (IPN tools for Test-Retest Reliability Analysis: <http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/authors/21204>)，CCS 中也已经包含了基于混合线性模型的实现，避免了负值的出现。

8.2 可重复性

目前，功能神经影像研究使用的样本数量大都在 10-100 之间，而这样的样本量对于研究脑功能连接组的发展及其与行为学表现的关系都显局限。但是，单一中心的样本量又明显地受到扫描耗费与支持经费约束，因此多中心联合来提供一个数据共享平台显得至关重要。在多中心研究中，研究结果的可重复性是一个巨大的挑战。CCS 提供各种重复性测量指标，可用于定量化不同样本之间的研究结果一致性和变异。

第九章 连接组关联模块

CCS 连接组关联模块的目的是建立脑的结构和功能连接组之间的关联、以及连接组与行为表现、及临床症状特征之间的关联。CCS 连接组关联模块实现的关联模型包括：经典线性统计模型、数据挖掘模型、机器学习模型、以及多模态图像整合模型。

9.1 线性模型与统计检验

利用线性回归模型建立连接组与行为表现、及临床症状特征之间的关联。经典线性模型为：

$$Y = b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + \dots + e$$

其中 Y 为列向量，表示各被试的某一连接组特征（如某像素的局部一致性或某一皮层片面的中心度）， X_1, X_2, X_3 为行为表现或临床症状特征向量。该模型估计 X_1, X_2, X_3 的权重 b_1, b_2, b_3 ，试图用 X_1, X_2, X_3 在被试间的变异最大化地解释连接组特征 Y ，并对 X_1, X_2, X_3 的贡献及它们贡献的差异进行统计检验。

CCS 利用 FSL 软件包中的 FEAT 及 AFNI 软件包中的 3dRegAna 或者 FreeSurfer 中的 glmstats 实现这一功能。

9.2 连接组关联挖掘和非监督机器学习

与上述的经典线性统计模型不同，连接组关联挖掘模型通过挖掘神经影像数据，取存在明显个体间变异的脑功能网络，进而建立该网络与心智、行为之间的新关联。该模型的优势在于不依赖于先验假设发现新的关联，为进一步检验提供研究假设。

该模型采用 gRAICAR 算法(<https://github.com/yangzhi-psych/gRAICAR>)。如下图所示，gRAICAR 依据相似性将源于多个个体的脑活动成分（反映脑功能网络）划分为几类（非监督学习），每一类内的成分尽可能相似，并且 要求每一类中的成分分别来自不同个体。在每一类中，我们用相似矩阵描述各个体的代表成分间的相似程度，称为个体间相似度矩阵。这些个体间相似度矩阵分别反映了不同脑功能网络在个体间的变异（或一致性）。因此 gRAICAR 可以定量化地反映各脑功能网络的个体间变异情况。

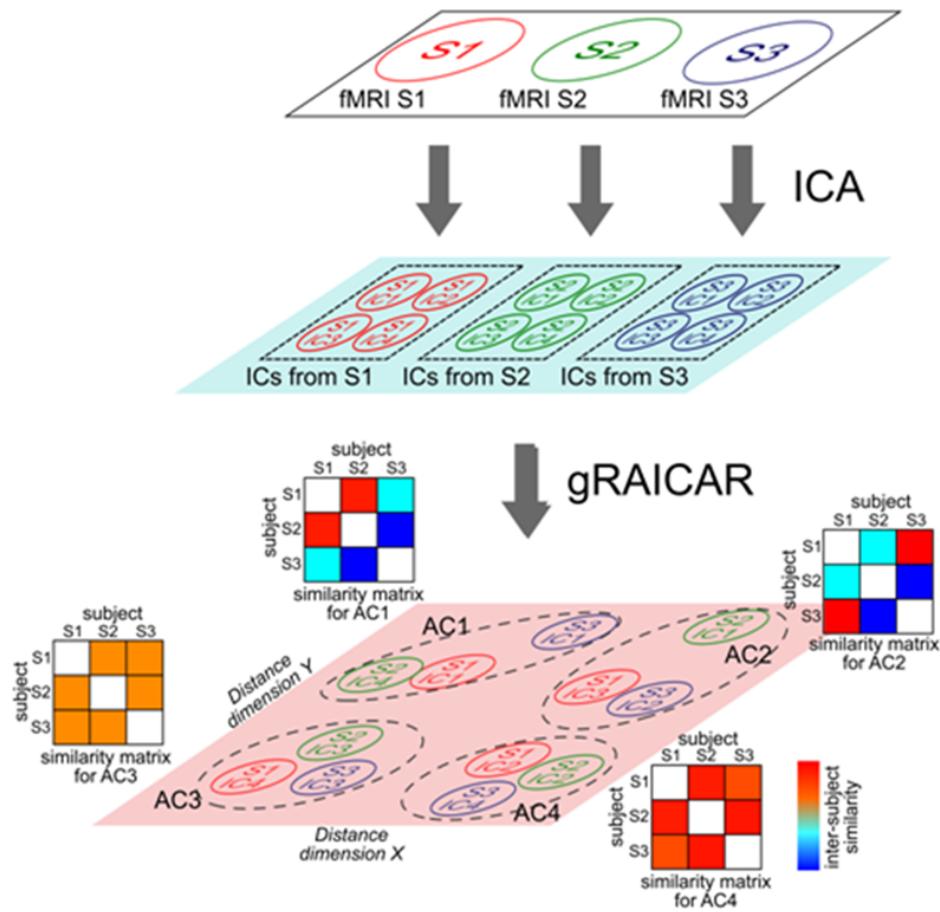


图 9.1 gRAICAR 算法示意图

9.3 有监督机器学习模型

有监督机器学习模型适于建立连接组与行为之间大规模的或非线性的关联，并实现对行为特征的准确预测。CCS 系统中的有监督机器学习模型如图 2 所示。该模型建立连接组的多元特征（如多个脑区之间的功能连接）与某个行为测量之间的关联。该模型在被试间进行“留一交叉验证”，即每次用 n 个被试中的 $n - 1$ 个作为训练集(training set)估算数学模型，用剩下的 1 个被试作为测试集(test set)评估数学模型的可推广性(generalization)。在每次交叉验证的训练集内部，继续将被试分为内部训练集和内部测试集，以便从众多连接组特征中选取有效特征。

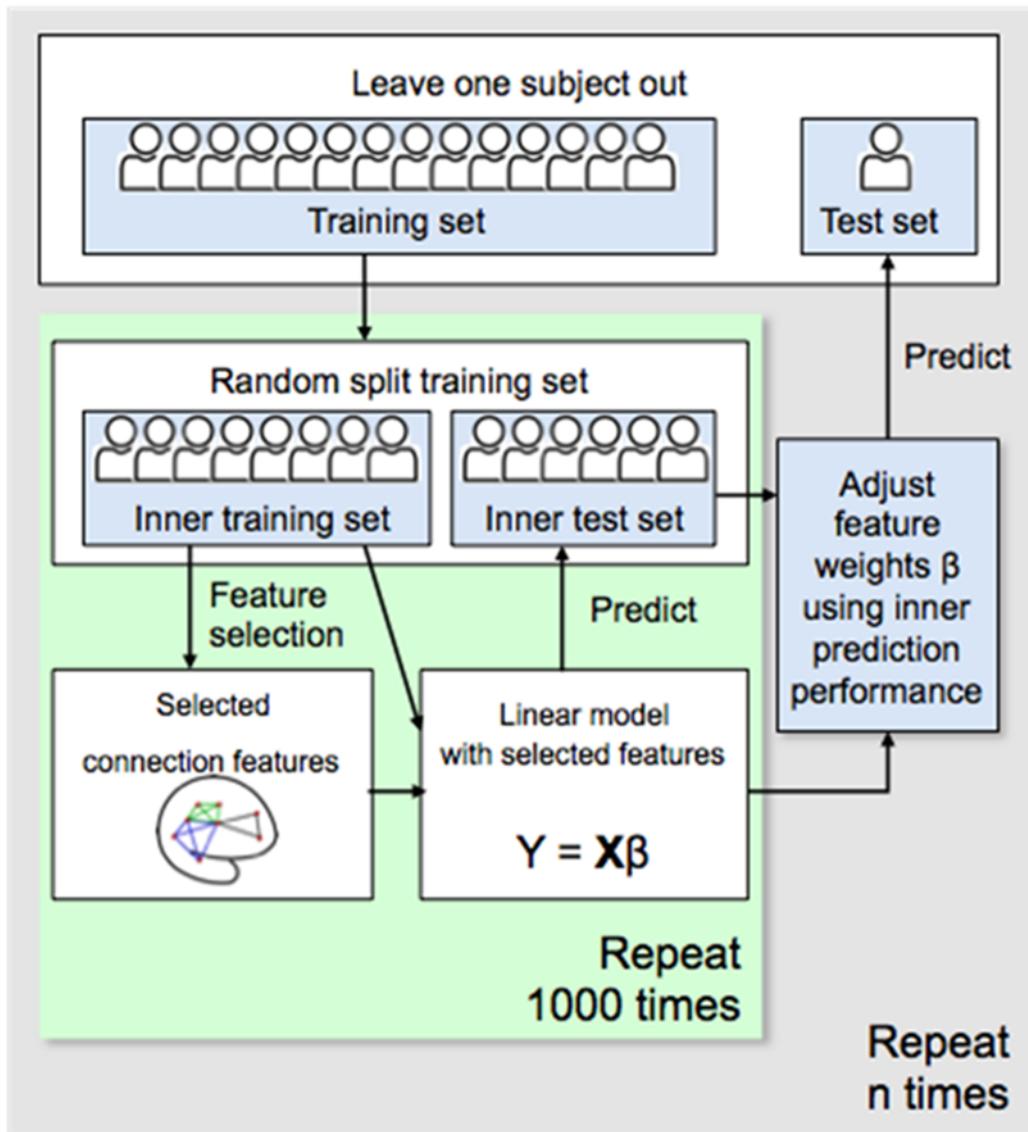


图 9.2 有监督学习模型流程图

9.4 多模态图像整合分析

CCS 为多模态图像数据的整合提供了天然的条件，基于皮层坐标系统，可以非常自然的把结构 T1 图像可以考察的形态学属性，结构 DTI 图像可以测查的大脑白质纤维结构连接属性和功能 fMRI 可以测量的血氧依赖水平等有机的整合到一起。比如：基于 1000 人的静息态功能磁共振图像，大脑皮层可以被划分为 17 个不同的功能连接网络，进而包括 131 个不重叠的脑区（如下图）。基于这样的功能图谱分区，我们可以直接具体的应用问题。比如，下图就是基于毕生发展的多模态数据构建的结构（白质纤维连接）和功能（静息态功能连接）连接矩阵，使得可以研究整个生命历程中结构和功能的内在关联，理解大脑的工作机制。

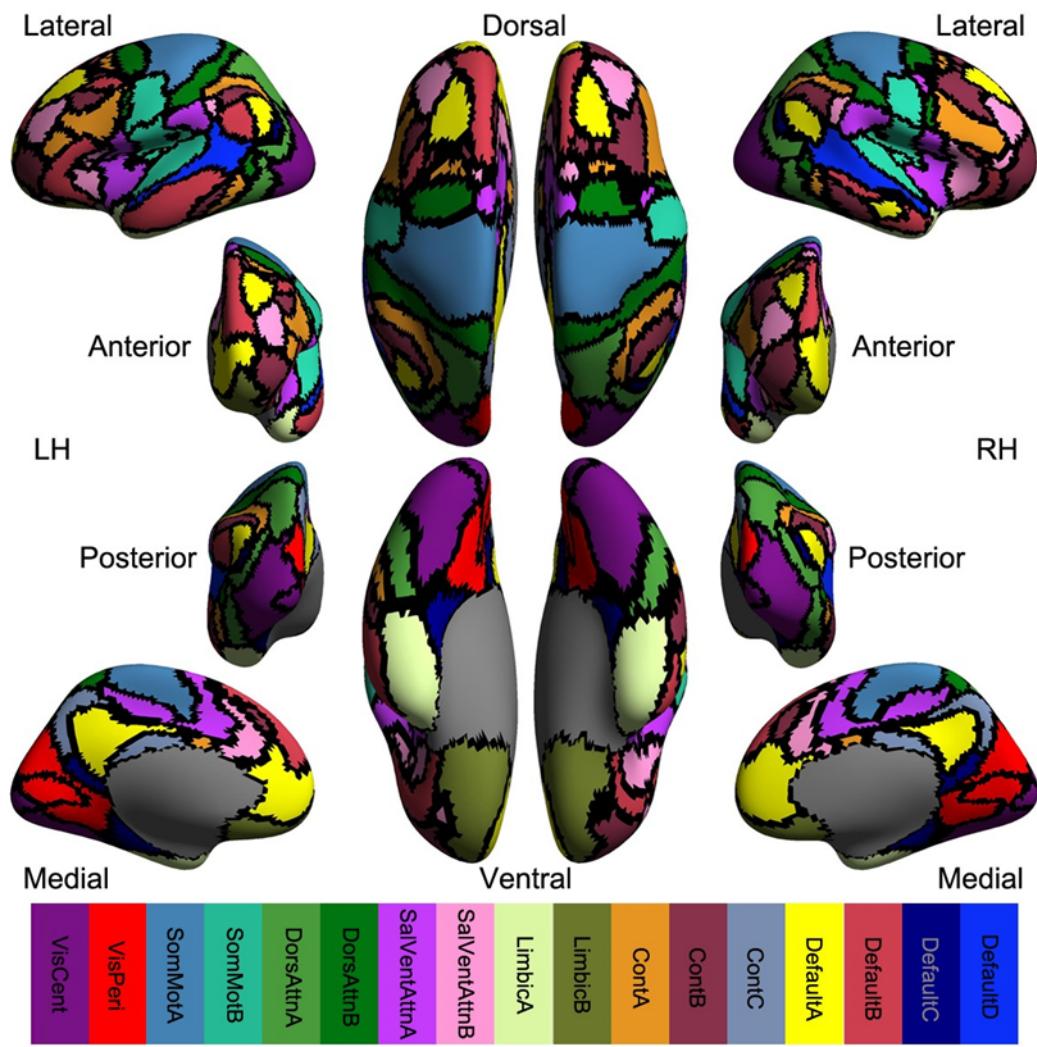


图 9.3 大脑皮层功能连接网络图谱

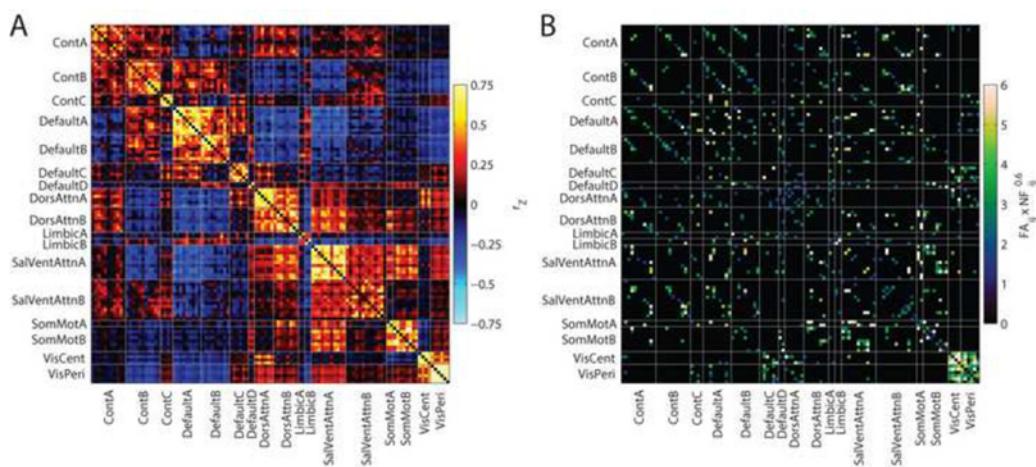


图 9.4 大脑皮层结构与功能连接矩阵

第十章 可视化与作图模块

人脑连接组学的研究中，数据涉及时空维度，在空间分布组织上，我们的大脑有其空间物理特征，并且具有时间动力学特性，随着图像采集技术的发展，如何高效和直观地对这些信息进行挖掘并完成可视化变得至关重要。在科学发现的可视化，如何利用这些特点来做出简单而美观的头插图也是能起到点睛之效。

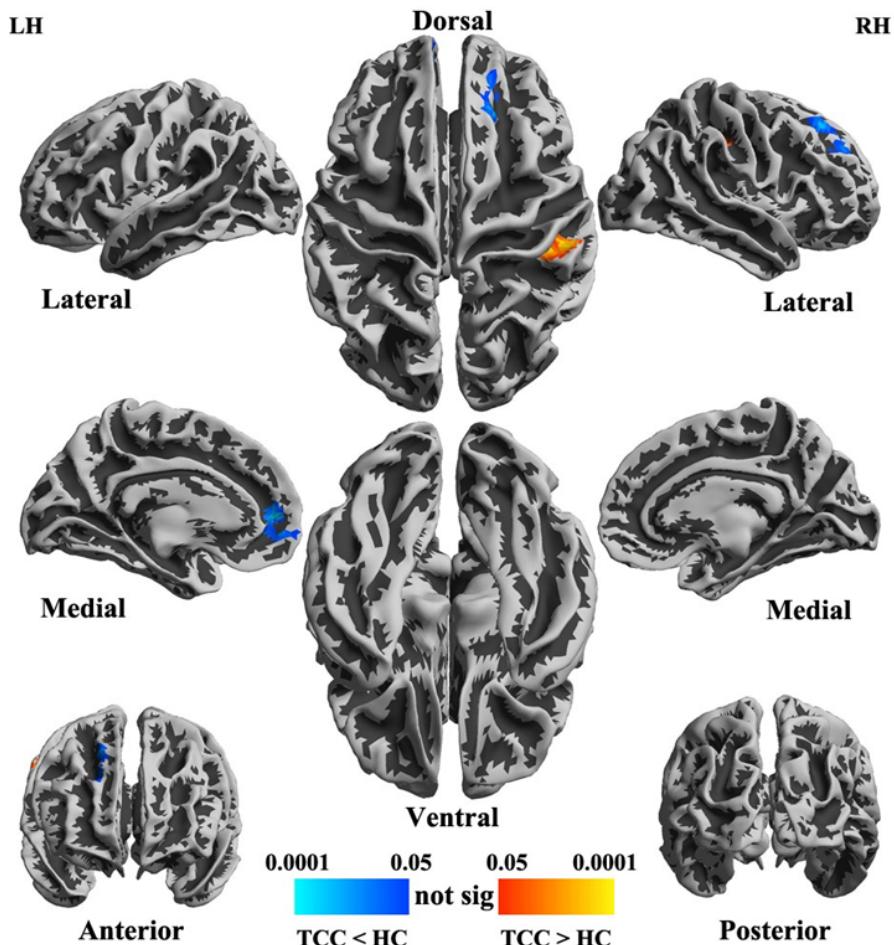


图 10.1 渲染皮层表面图谱-太极拳塑大脑

10.1 基本要素

在脑连接组学的可视化中，有若干基本要素要考虑：1) 脑模型模版，2) 调色板和颜色搭配，3) 文字说明。下面分别进行说明，根据脑图谱的几何表现形式决定使用何种可视化模版，如果是基于三维图像的结果，那么通常采用三维的标准脑模版，如果是基于二维的皮层网格的结果，那么通常采用二维的标准皮层网格模型。调色板的选择要综合考虑图谱的数值分布情况，如果全是正数值，则使用暖色系，相反则用冷色系，如果正负值都有，那么就是用双套色系。文字说明则要做到简短，准确，充分考虑与彩图在相对位置和布局的和谐搭配。

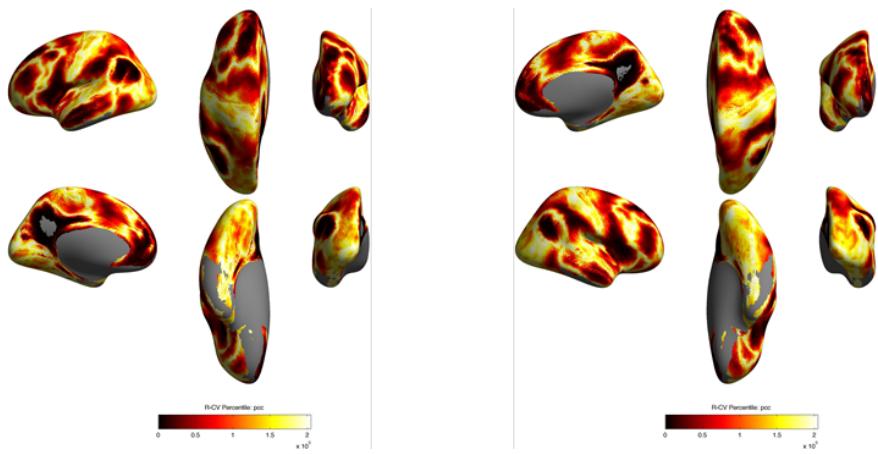


图 10.2 渲染半脑皮层表面图谱-默认网络功能连接空间分布

10.2 工具箱

CCS 提供了若干工具箱函数 vistool，可以分别解决上述不同因素所对应的问题。

- ccs_SurfStatView.m 用于渲染皮层表面图谱。
- ccs_hemiSurfStatView.m 用于渲染半球皮层表面图谱。
- ccs_mkcolormap.m 用于根据颜色条图片生成调色板。
- ccs_surf split.sh 用于根据切割皮层渲染后的图谱。
- ccs_surf montage.sh 用于根据合并皮层渲染并切割后的图谱。
- ccs_hemiFS lh split.sh 用于根据切割左半球皮层渲染后的图谱。
- ccs_hemiFS rh split.sh 用于根据切割右半球皮层渲染后的图谱。

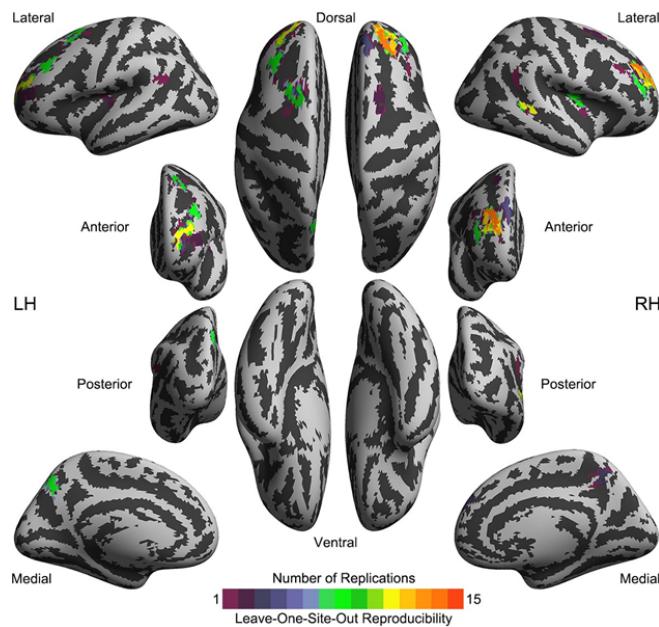


图 10.3 渲染皮层表面图谱-切割合并效果

附录 CCS 样例脚本及使用指南

CCS 主目录下包含数据处理过程各步骤的脚本，各步骤处理内容请参照正文各章节，脚本名称及对应步骤如下表所示：

脚本名称	对应步骤
ccs_01_	多模态影像数据预处理及质量检查
ccs_01_anatpreproc.sh	结构像数据预处理 (新版CCS进行了修改, 详见A)
ccs_01_anatsurfrecon.sh	结构像数据皮层重建 (新版CCS进行了修改, 详见A)
ccs_01_anatcheck_surf.sh	结构像数据分割质量检查
ccs_01_funcpreproc.sh	功能像数据预处理
ccs_01_dtipreproc.sh	弥散张量成像数据预处理
ccs_02_	多模态影像数据配准及质量检查
ccs_02_anatregister.sh	结构像配准
ccs_02_anatregister_refine.sh	结构像配准 (精简)
ccs_02_anatcheck_fnirt.sh	结构像非线性配准质量检查
ccs_02_funcbbregister.sh	功能像配准 (基于边界的个体空间配准)
ccs_02_funcregister.sh	功能像配准 (标准空间配准)
ccs_02_funccheck_bbregister.sh	功能像边界配准质量检查
ccs_02_funccheck_fnirt.sh	功能像非线性配准质量检查
ccs_02_dtibbregister.sh	弥散张量成像基于边界配准
ccs_02_dticheck_bbregister.sh	弥散张量成像基于边界配准质量检查
ccs_03_	多模态影像数据分割 (结构像分割已包含在结构像预处理中)
ccs_03_funcsegment.sh	功能像分割
ccs_03_dtisegment.sh	弥散张量成像分割
ccs_04_funcnuisance.sh	功能像数据噪音回归 (头动、全局信号、白质脑脊液信号等)
ccs_05_	功能像数据最终处理
ccs_05_funcpreproc_final.sh	功能像滤波、平滑
ccs_05_funcpreproc_final_nofilt.sh	功能像平滑
ccs_06_	个体功能像后处理
ccs_06_singlesubjectALFF.sh	个体低频波动振幅计算
ccs_06_singlesubjectICA.sh	个体 ICA 分析
ccs_06_singlesubjectReHo.sh	个体局部一致性 (ReHo) 计算
ccs_06_singlesubjectSFC.sh	个体基于种子点的功能连接计算
ccs_06_singlesubjectVMHC-SFC.sh	个体基于种子点的功能同伦计算
ccs_06_singlesubjectVMHC.sh	个体全脑镜像点的功能同伦计算
ccs_07_	组水平功能像文件生成
ccs_07_grp_4dmaps.sh	连接各被试文件生成组水平分析文件
ccs_07_grp_boldmask.sh	生成组水平分析所需的掩模文件

ccs_07_grp_meanbold.sh	计算 Bold 平均信号并生成组水平文件
ccs_07_grp_meanstruc.sh	生成组水平的平均结构像

表 1 CCS 脚本名称及对应步骤

通过编辑 CCS 批处理脚本调用上述各步骤脚本，可实现多模态影像数据的流程化处理。CCS 中已包含结构像、功能像及后处理的批处理脚本，存放路径为：ccs/samplesScripts/。用户可根据自己需求编辑脚本参数，进行数据处理。

批处理脚本主要分为两部分：参数设置(PARAMETERS)和脚本调用(START OF SCRIPT)。参数部分需要用户编辑的有 CCS 脚本路径、数据存放路径、被试列表、数据存放名称及是否进行特定数据分析等。在脚本部分，用户则可通过在命令前输入#注释掉该行语句，从而在 数据处理中跳过该步骤。下面将对脚本编辑过程进行详细介绍。

A. CCS 的安装及使用

1) 运行平台

目前 CCS 的数据预处理支持在 Linux 和 Mac OX 两个平台上运行，同时 CCS 的计算及运行需要下列运行平台

- Matlab R2007a 以上版本
- Python 3.0 以上版本建议安装 Anaconda

<https://www.anaconda.com/products/individual#Downloads>

2) 预装软件

安装 CCS 前需将其运行所需的配套软件进行安装

- AFNI

https://afni.nimh.nih.gov/pub/dist/doc/html/doc/background_install/main_toc.html

- FreeSurfer <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>
- FSL <https://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/FslInstallation>
- SPM12 <https://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/>
- CAT12 <http://www.neuro.uni-jena.de/cat/index.html#DOWNLOAD>
- 安装 docker 及 Deepbet

<https://github.com/HumanBrainED/NHP-BrainExtraction>

3) 安装和配置 CCS 系统

在将 CCS_APP 文件夹下载至指定位置后，需要对系统环境变量进行配置，将 CCS_APP 的路径写入环境变量中，通常在 Linux 或 Mac OX 系统中存储环境变量的文件为 bashrc 或 bash_profile，请安装者首先确定在自己的系统中所使用的环境变量文件名称，下面以 bashrc 为例，在命令行中运行下列命令即可完成环境变量的配置：

```
'''bash  
echo "export CCS_APP=/dir-to-your-CCS_APP/CCS_APP/" >> ~/.bashrc  
'''
```

在添加 CCS_APP 路径过后，可以检查 CCS_APP 是否成功写入环境变量：

```
'''bash  
echo $CCS_APP  
'''
```

如屏幕中显示了您 CCS_APP 所在的目录即表示 CCS 环境变量配置成功。

4) 数据预处理

在按照上述步骤成功安装 CCS 及相应的影响处理软件后，即可开始将数据进行预处理。

- 原始数据的整理

在获得原始的 dicom 数据后，需要将其压缩并转换成 BIDS 格式。具体的转换方法可参照 BIDS 格式的官网：<https://bids.neuroimaging.io>。目前已有很多种自动化的工具可将原始的 dicom 数据转换成 BIDS 格式，如

[dcm2bids](<https://unfmontreal.github.io/dcm2bids/>) 。

- 数据转换

在将原始数据整理成 BIDS 格式后，CCS 会根据 BIDS 的格式生成用于数据处理的文件夹，通常我们以 CCS 来命名该文件夹，并将其同原始的 BIDS 数据存放于同一文件夹下。运行 ccs_pre_bidsccs.py 命令可完成上述操作。

```
'''bash  
BIDS_DIR=/your_project_dir/BIDS  
CCS_DIR=/your_project_dir/CCS
```

```
python $CCS_APP/ccs_pre_bids2ccs.py --BIDS_DIR $BIDS_DIR --CCS_DIR  
$CCS_DIR
```

```

- 结构像预处理

在开始结构像预处理前，首先需要对 CCS 的工作路径，FreeSurfer 的存储路径及需要处理的被试编号进行定义，如需要处理 001 号被试的数据：

```bash

```
CCS_DIR=/your_project_dir/CCS  
SUBJECTS_DIR=/your_project_dir/FreeSurfer  
subject=/your_project_dir/CCS/001  
```
```

首先，进行结构像前处理，包括图像降噪、颅骨剥离等步骤。

```bash

```
$CCS_APP/ccs_anat_01_pre_freesurfer.sh $CCS_DIR $SUBJECTS_DIR  
$subject  
```
```

完成上述步骤后，需对颅骨剥离效果进行检查，以确定是否继续进行下一步数据处理。

CCS 结构像预处理的后两步分别为皮层重建流水线和结构像配准流水线，在进行这两部预处理时需要先后输入下列命令：

```bash

```
$CCS_APP/ccs_anat_02_freesurfer.sh $CCS_DIR $SUBJECTS_DIR $subject  
$CCS_APP/ccs_anat_03_postfs.sh $CCS_DIR $SUBJECTS_DIR $subject  
```
```

- 静息态功能像预处理

功能像预处理首先需要对 CCS\_APP 目录下的 template\_prepoc\_funcpart.sh 文件进行修改，填入功能像对应的参数：

- CCS\_DIR /your\_project\_dir/CCS
- SUBJECTS\_DIR /your\_project\_dir/FreeSurfer
- rest\_dir\_name (default:rest)
- rest\_name (default:rest)
- TR (default 2s)

- numDropping (Dropping first 10s of rest data. default:5 )
- sliceOrder (Tpattern: see helps from AFNI command 3dTshift, default: alt+z, if the sequence is multi-band:mbd)
- FWHM (default: 6)

在对上述 template 内容修改完成后，即可运行下列命令开始功能图像的预处理。

```
```bash
CCS_DIR=/your_project_dir/CCS
subject=001
mkdir -p $CCS_DIR/$subject/scripts/
sed "s/CCSsubjectname/$subject/" $CCS_APP/template_preproc_funcpart.sh >
$CCS_DIR/$subject/scripts/ccs_preproc_funcpart.sh
$CCS_DIR/$subject/scripts/ccs_preproc_funcpart.sh
...
```

```

注：上述分脚本均可通过在批处理脚本语句前添加“#”注释掉该步骤所有语句，从而在数据处理中不进行该步骤。同时请在每一步处理后对质量严格把控，以保证 后续处理质量，详细请参照“质量控制”章节。

## B. 个体图谱计算

个体图谱三维指标（基于 volume）计算的批处理脚本路径为：  
ccs/samplesScripts/

ccs\_postproc\_template.sh。该脚本需要编辑的参数说明如下：

- scripts\_dir: 定义 ccs 脚本路径, 即 ccs 脚本在用户电脑中的存放路径;
- analysisdirectory: 定义数据路径, 即待处理数据在用户电脑中的存放路径;
- subject\_listanat\_name: 定义被试列表路径, 被试列表中存放被试数据名称;
- anat\_name: 结构像数据文件名;
- rest\_name: 静息态功能像数据文件名;
- anat\_dir\_name: 结构像数据存放目录名称;
- func\_dir\_name: 功能像数据存放目录名称;
- TR: 功能像扫描参数 TR 时间;

- do\_anat\_reg: 是否做结构像配准, 是=true, 否=false;
- do\_anat\_seg: 是否做结构像分割, 是=true, 否=false;
- fs\_brain: 是否使用 freesurfer 提取的脑组织进行分析, 是=true, 否=false;
- svd: 是否使用奇异值分解, 是=true, 否=false;
- gs\_removal: 是否去除全局信号, 是=true, 否=false。

该批处理脚本所调用的分步脚本如下, 各步骤详情请参照正文章节.

- ccs\_06\_singlesubjectALFF.sh: 个体低频波动振幅计算;
- ccs\_06\_singlesubjectICA.sh: 个体 ICA 分析;
- ccs\_06\_singlesubjectReHo.sh: 个体局部一致性 (ReHo) 计算;
- ccs\_06\_singlesubjectSFC.sh : 个体基于种子点的功能连接计算;
- ccs\_06\_singlesubjectVMHC\_SFC.sh: 个体基于种子点的功能同伦计算;
- ccs\_06\_singlesubjectVMHC.sh: 个体全脑镜像点的功能同伦计算。

同时, CCS 也提供个体图谱指标计算的 matlab 代码, 其路径为: ccs/matlab/。

其中包含个体图谱二维指标的计算, 批处理文件为  
ccs/matlab/runSurfCCS\_template.m, 其中所计算的指标同个体图谱三维指标一致,  
只是在 surface 空间中进行相应计算。相关 matlab 代码名称及计算指标如下:

| 脚本名称                                | 对应步骤                      |
|-------------------------------------|---------------------------|
| ccs_06_                             | 个体功能像后处理                  |
| ccs_06_singlesubject2dALFF.m        | 个体 2d 低频波动振幅计算            |
| ccs_06_singlesubject2dConnDensity.m | 个体 2d 功能连接密度计算            |
| ccs_06_singlesubject2dReHo.m        | 个体 2d 局部一致性 (ReHo) 计算     |
| ccs_06_singlesubject2dSFC.m         | 个体 2d 功能连接计算              |
| ccs_06_singlesubject2dVNCM.m        | 个体 2d 全脑顶点 (vertex) 中心度计算 |
| ccs_06_singlesubjectDMRIparcels.m   | 个体结构像全脑 165 分区划分          |
| ccs_06_singlesubjectILC.m           |                           |
| ccs_06_singlesubjectParcelALFF.m    | 基于个体分区的低频波动振幅计算           |
| ccs_06_singlesubjectParcelCCC.m     | 基于个体分区的一致性相关系数计算          |
| ccs_06_singlesubjectRFMRIparcels.m  | 个体静息态功能像全脑 165 分区划分       |
| ccs_06_singlesubjectVNCM.m          | 个体全脑体素 (voxel) 中心度计算      |
| ccs_07_                             | 组水平文件生成                   |
| ccs_07_grp_SurfMask.m               | 生成组水平分析所需的皮层掩模文件          |

表 2 CCS matlab 代码名称及对应步骤

