

使用CBIG_fmMRI_Preproc处理静息态fMRI数据

Alex / 2021-06-14 / free_learner@163.com / learning-archive.org

更新于2023-09-17，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

一、背景

CBIG_fmMRI_Preproc 是Thomas Yeo实验室提供的一个处理静息态fMRI数据的pipeline，这里记录一下如何使用这个pipeline来处理静息态fMRI数据。在我学习过程中发现这个pipeline目前（版本0.9.6）还有一些小bug（见后文）。

二、下载软件和环境设置

1. 安装和配置（软件的版本是我所使用的，并非 CBIG_fmMRI_Preproc 推荐的版本）：
FreeSufer（6.0.0），AFNI（17.3.05），FSL（5.0.11），ANTs（2.1.0），Matlab（2015b）和Python（2.7），CBIG_fmMRI_Preproc 依赖这些软件进行数据处理。
2. ThomasYeo实验室公开了许多代码，如果要将整个代码库下载下来比较困难，因此官方提供了一个独立的包（pipeline本身和一些依赖包），下载地址：
https://github.com/ThomasYeoLab/Standalone_CBIG_fmMRI_Preproc2016
3. 在.bashrc中设置 CBIG_CODE_DIR，CBIG_MATLAB_DIR 和 CBIG_ANTs_DIR 环境变量，并将 utilities/scripts 和 CBIG_fmMRI_Preproc2016 加入搜索路径中：

```
export CBIG_CODE_DIR=/home/alex/Standalone_CBIG_fmMRI_Preproc2016
export CBIG_MATLAB_DIR=/usr/local/MATLAB/R2015b
export CBIG_ANTs_DIR=$ANTSPATH
export
PATH=${CBIG_CODE_DIR}/utilities/scripts:${CBIG_CODE_DIR}/stable_projects/preprocessing/CBIG_fmMRI_Preproc2016:${PATH}
```

在startup.m中将 utilities/matlab 加入Matlab的搜索路径：

```
addpath(genpath('/home/alex/Standalone_CBIG_fmMRI_Preproc2016/utilities/matlab'))
```

三、运行CBIG_preproc_fmMRI_preprocess.csh

1. 假设现在要处理的被试名为S01，包含一个T1像和一个静息态fMRI像，CBIG_fMRI_Preproc 要求被试的T1像已经使用FreeSurfer的recon-all进行处理。
2. 准备一个包含被试静息态数据信息的文本文件，假设名为 my_fmrinii.txt ，内容为： 001 /home/alex/rest.nii.gz ，其中001表示run的名字（可以处理一个被试有多个run的情况）， /home/alex/rest.nii.gz 表示数据的绝对路径。CBIG_fMRI_Preproc 也提供了一个样例文件 example_fmrinii.txt 供参考。
3. 准备配置文件，CBIG_fMRI_Preproc 提供了一个样例文件 example_config.txt ，这个样例文件里包含了需要进行的数据处理的步骤和参数。如果使用这个样例文件里的设置，唯一需要修改的地方是将层扫描时间文件（slice timing file）替换为自己数据的文件：
CBIG_preproc_fslicetimer -slice_timing
\${CBIG_CODE_DIR}/stable_projects/preprocessing/CBIG_fMRI_Preproc2016/example_slice_timing.txt ，假设修改后的配置文件名为 my_config.txt 。
4. 运行CBIG_preproc_fMRI_preprocess.csh:

```
CBIG_preproc_fMRI_preprocess.csh -s S01 -output_d /home/alex/rest_output -  
anat_s S01 -anat_d /home/alex/T1_output -fmrinii /home/alex/my_fmrinii.txt  
-config /home/alex/config.txt
```

其中，-anat_s 表示FreeSurfer处理后的结果目录（即recon-all里 \$SUBJECT 所表示的目录），-anat_d 表示存放FreeSurfer处理结果的目录（即recon-all里 \$SUBJECTS_DIR 所表示的目录）。

5. 修改小bug

在 CBIG_preproc_QC_greyplot.csh 中，将（151行）

```
set curr_run = `echo $curr_ROI_file | xargs basename | sed -e  
"s/^\${subject}_bld/" | awk '{print substr($0, 0, 3)}'`
```

改为

```
set curr_run = `echo $curr_ROI_file | xargs basename | sed -e  
"s/^\${subject}_bld/" | awk '{print substr($0, 1, 3)}'`
```

在 CBIG_preproc_native2mni_ants.csh 中，将（104行）

```
set cmd = (CBIG_antsReg_vol2vol.sh -r $temp_1mm -i $mri_nii -d $volfolder -  
p $warp_prefix -j $iter_affine -k $iter_SyN)
```

改为

```
set cmd = (CBIG_antsReg_vol2vol.sh -r $temp_1mm -i $mri_nii -d $volfolder -  
p $warp_prefix)
```

四、具体处理流程

1. 去掉前 4 个时间点的数据。
2. 时间层校正。
3. 头动校正，并根据FD=0.2和DVARs=50为阈值筛选出头动过大的时间点（motion outlier）。motion outlier前一个时间点和后两个时间点的数据也当做motion outlier。如果不是motion outlier的连续数据不超过5个时间点，则这些数据也当做motion outlier。如果motion outlier的数量超过一半，则丢掉整个数据。
4. 使用Boundary-based registration（BBR）将fMRI图像配准到T1空间。
5. 回归噪声信号（nuisance regression），噪声信号包括全脑平均信号、白质平均信号、脑室平均信号、6个头动参数及其一阶导数、线性趋势。在进行线性回归中，不使用motion outlier的数据进行拟合。
6. 对motion outlier的数据进行插值。
7. 带通滤波（0.01-0.1 Hz）。
8. 将fMRI数据转换到fsaverage空间。
9. 计算功能连接矩阵，分区模板是Schaefer-2018（另外加上FreeSurfer得到的19个皮下结构），包含400个ROI。motion outlier的数据不用于功能连接的计算。
10. 将fMRI数据投射到MNI152空间。

五、输出文件含义

1. 共生成 6 个文件夹：`bold`、`FC_metrics`、`logs`、`qc`、`surf` 和 `vol`。
2. `bold` 文件夹下包含 4 个文件夹（`001`、`mask`、`mc` 和 `regression`）和一个文件（`mc_template.nii.gz`）。`mc_template.nii.gz` 是进行头动校正的模板文件（默认是第一个时间点的图像）；`mask` 文件夹包含全脑、白质和脑室（经过不同程度的erode）的masks，这些masks用于提取nuisance signals；`mc` 文件夹包含头动指标FDRMS和DVARs，以及outlier矩阵；`regression` 文件夹包含用于噪声回归的一些噪声信号；`001` 文

件夹包含经过时间层校正、头动校正、BBR配准、噪声回归、滤波等处理位于个体空间的文件，比如

`S01_bld001_rest_skip4_stc_mc_residc_interp_FDRMS0.2_DVAR50_bp_0.009_0.08.nii.gz` 表示去掉了前4个时间点 (`skip4`)、时间层校正 (`stc`)、头动校正 (`mc`)、噪声回归 (`residc`)、插值 (`interp_FDRMS0.2_DVAR50`)、滤波 (`bp_0.009_0.08`) 后得到的文件。

3. `FC_metrics` 文件夹包含三个文件夹 (`lists`、`Pearson_r`、`ROIs`)，其中 `lists` 包含用于计算功能连接的文件的路径；`ROIs` 包含19个皮下结构的mask；`Pearson_r` 包含一个419x419的相关矩阵 (Matlab格式)。
4. `logs` 文件夹包含每个步骤命令的一些信息、还包括一些环境变量的信息。
5. `qc` 文件夹包含一些用于质量控制的文件和图片，如何进行质控，参考 `CBIG_fMRI_Preproc` 提供的 `quality_control_readme.md` 文件。
6. `surf/vol` 文件夹包含转换到fsaverage和MNI152空间的文件，默认参数下，转换到MNI152空间的文件只包括皮下结构。在 `vol` 文件夹下还包含一些ANTs配准文件。