

使用SDM-PSI进行基于坐标的元分析

Alex / 2022-05-06 / free_learner@163.com / learning-archive.org

更新于2023-09-19，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

介绍使用SDM-PSI (Seed-based d Mapping with Permutation of Subject Images) 进行基于坐标的元分析 (coordinate-based meta analysis) 的基本步骤。

以下内容参考SDM-PSI[官方手册](#)、[官方教程](#)和Albajes-Eizaguirre et al. (2019)论文。我使用的版本是Linux v6.22。

一、下载和安装

1. 可以在Windows/Linux/MacOSX下运行，下载地址：
<https://www.sdmproject.com/software/>。
2. 在Linux环境下，将安装包解压，运行SdmPsiGui即可。
3. 第一次运行SdmPsiGui，会提示设置可视化软件[mricron](#)的路径以及SDM-PSI模板文件的路径。

二、基本原理

由于我刚接触元分析，理解上是粗浅的：SDM-PSI的工作原理就是根据顶点坐标和T值，估计每个纳入的研究的效应量的上下边界，进而可以插补 (impute) 出每个被试的数据，再根据每个被试插补的数据重新估计对应研究的效应量，最后对所有研究进行元分析。可以看到，实际上可以直接跳过插补的过程，直接进行元分析，SDM-PSI之所以这样做的原因是为了能够对被试进行置换 (permute)，从而对元分析结果进行更准确的统计推断和多重比较校正。更早一些的版本，比如AES-SDM算法上就更简单一些。更详细的原理参见：

Albajes-Eizaguirre, A., Solanes, A., Vieta, E., & Radua, J. (2019). Voxel-based meta-analysis via permutation of subject images (PSI): Theory and implementation for SDM. *NeuroImage*, 186, 174–184.

三、需要从文献中提取的信息和文件格式

1. 在SDM-PSI的home/tutorial目录下有一个样例数据集，是关于强迫症 (OCD) 和健康对照灰质体积差异 (VBM) 的元分析数据，其中包含一个名为 `sdm_table.txt` 的文件（内容如下图所示），文件中每行表示一个独立的研究（第一行是变量名），不同变量（列）用制表符

(tab) 分隔。该文件包含所有纳入的研究的样本量 (n1表示OCD组, n2表示对照组) 和 (组间比较的) 阈值 (t_thr), 该阈值要求是T值, 如果文献中报告的是p值 (一般情况下是p值), 可以使用SDM网站上的转换工具将p值转换为T值。注意到 sdm_table.txt 文件中还包含文献中灰质总体积的均值和方差 (mean1/sd1等), 这些数据也可以用于元分析 (这个时候就是传统的元分析方法了, 和基于坐标的元分析算法无关)。此外还包含两个变量, adults表示被试是否是成人, YBOCS表示强迫量表得分, 这两个变量可以用于亚组分析 (subgroup analysis) 和元回归分析 (meta-regression)。因此, sdm_table.txt 文件里至少应该包含样本量和阈值信息。

study	n1	n2	t_thr	mean1	sd1	mean2	sd2	adults	YBOCS
Carmona	18	18	3.35	773.34	55.8	822.09	55.8	0	21.39
Christian		21	21	3.31	NA	NA	NA	NA	1
Gilbert_adults		25	20	3.53	NA	NA	NA	NA	1
Gilbert_children			10	10	3.61	NA	NA	NA	NA
Heuvel	55	50	3.17	685	74	708	72	1	22.83
Kim	25	25	3.27	849.8	83.3	834.4	71.1	1	24.2
Pujol	72	72	4.45	739	82	763	78	1	26.7

对于样本量信息的提取是简单的, 对于阈值信息的提取包含几种情况: 如果文献中同时包含校正 (比如, corrected $p < 0.05$) 和未校正的结果 (uncorrected $p < 0.001$), 那么选择未校正的阈值 (即 uncorrected $p < 0.001$) 作为阈值 (t_thr); 如果文献中同时包含校正和未校正的结果, 但是这两个结果对应于不同的分析 (比如, OCD组 > 对照组是校正的、OCD组 < 对照组是未校正的), 那么使用未校正的阈值, 注意这时顶点坐标 (peak coordinate) 只提取校正后的结果 (提取顶点坐标见后文); 如果使用了基于团块 (cluster-based) 的多重比较校正方法, 使用形成团块的阈值 (cluster-forming threshold) 作为阈值 (t_thr); 如果文献中没有指明阈值, 可以使用稍小于顶点坐标最小T值的T值作为阈值, 比如, 如果所有顶点中最小T值是3.5, 可以使用3.4作为阈值。

- 除了 sdm_table.txt 文件, 还包含所有纳入文献中的坐标信息文件, 每个文件对应一篇文献 (比如, Carmona.spm_mni.txt, 见下图)。

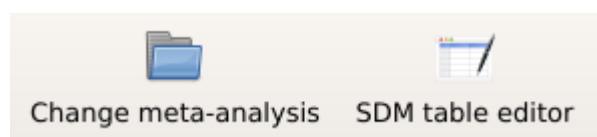
```
40,39,21,-5.14|
53,27,21,-3.77
56,23,20,-3.63
50,31,19,-3.61
41,5,42,-3.85
```

首先, 在文件名的命名规则上, 文件名需包含研究名称 (自定义, 如Carmona, 需与 sdm_table.txt 里对应)、分析软件 (spm) 和标准空间 (mni) 信息, 更多可选项请参考 Albajes-Eizaguirre et al. (2019) 里的表1; 其次, 文件内容包含文献中报告的顶点坐标和T值, 注意T值正负号的选取规则, 如果OCD组大于对照组, 则为正号, 反之则为负号, 更多情况请参考 Albajes-Eizaguirre et al. (2019) 里的表2。如果文献中报告的是Z值, 可以使用SDM网站上的转换工具将Z值转换为T值; 最后, 只纳入采用相同阈值的顶点, 正如在阈值选

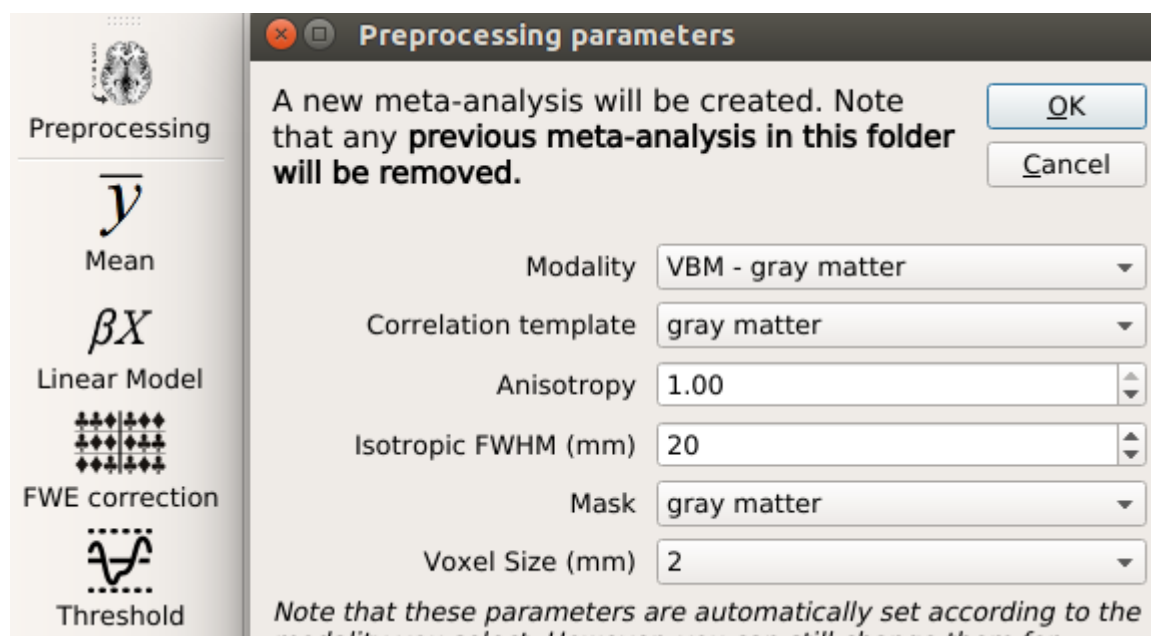
取部分中所涉及到情况，如果文献中同时报告了校正和未校正的结果，选择未校正的顶点坐标；如果文献中同时包含校正和未校正的结果，但是这两个结果对应于不同的分析，选择校正后的顶点坐标。

四、使用SDM-PSI进行分析

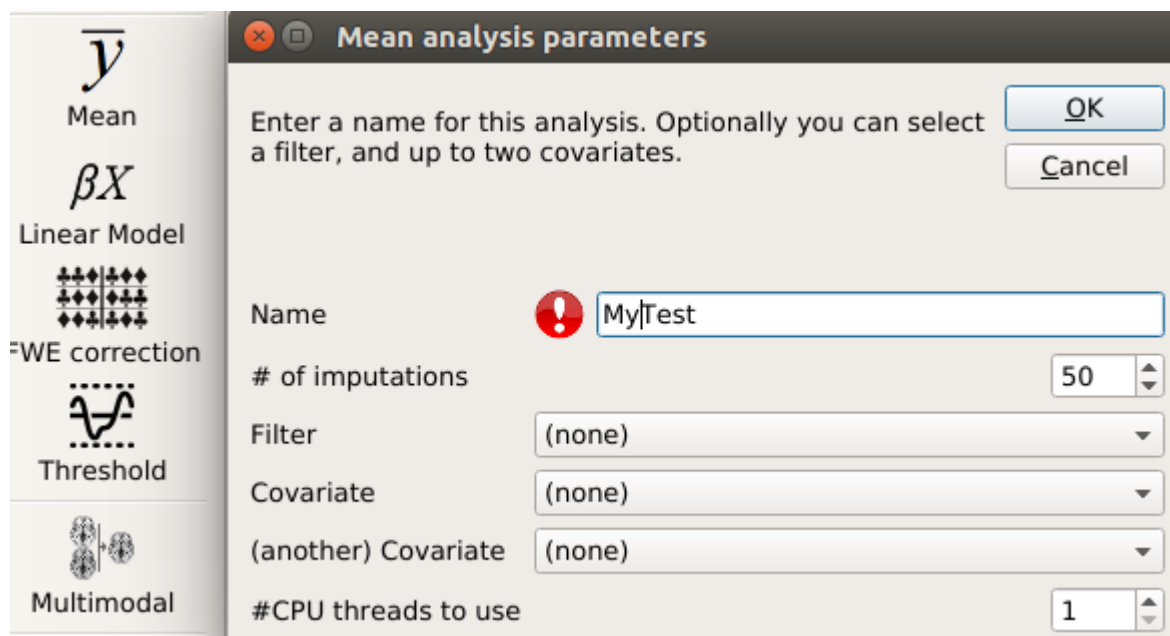
1. 新建一个文件夹，在该文件夹下创建如上所述的 `sdm_table.txt` 和坐标信息文件。运行 SdmPsiGui，选择“Change meta-analysis”（如下图所示），选择新创建的文件夹作为进行元分析的目录；选择“SDM table editor”可以查看自己创建的 `sdm_table.txt` 中的内容，也可以在这里进行修改。



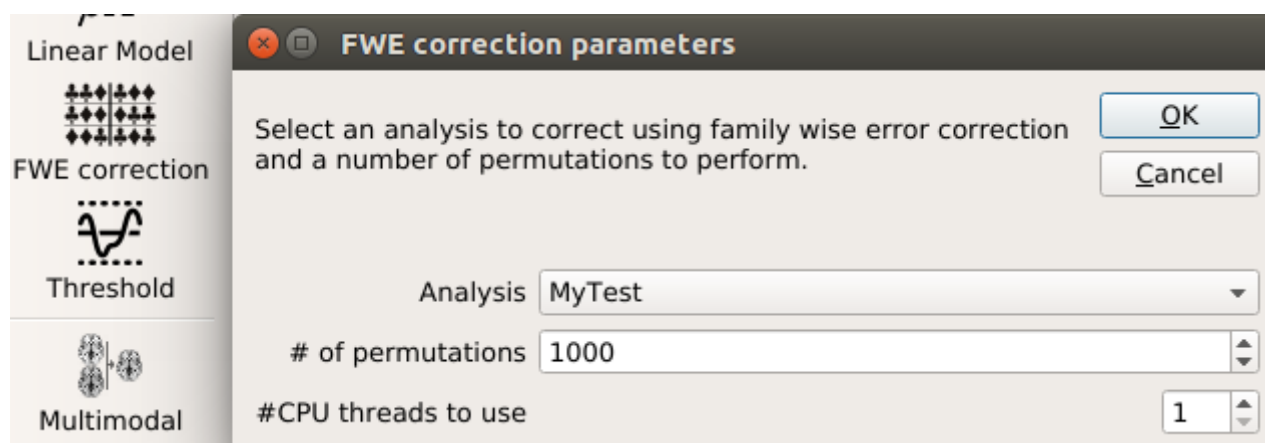
2. 选择“Preprocessing”，将“Modality”设置为“VBM-gray matter”，其他选项保持不变（如下图所示）。



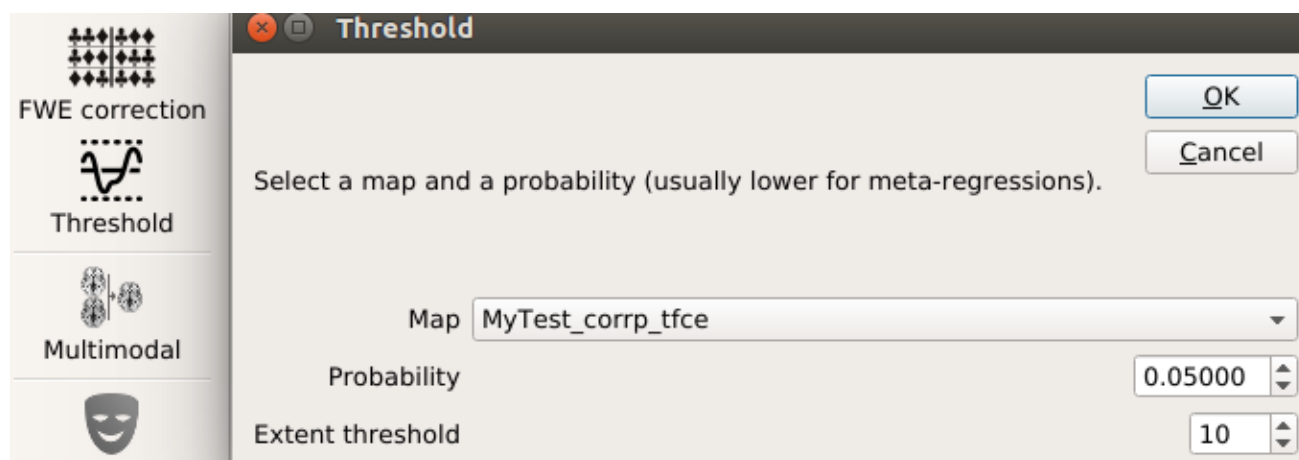
3. 选择“Mean”，设置一个名字（比如，MyTest），可以设置Filter（比如只纳入成人被试的研究，即subgroup analysis），也可以加入协变量（如下图所示）。



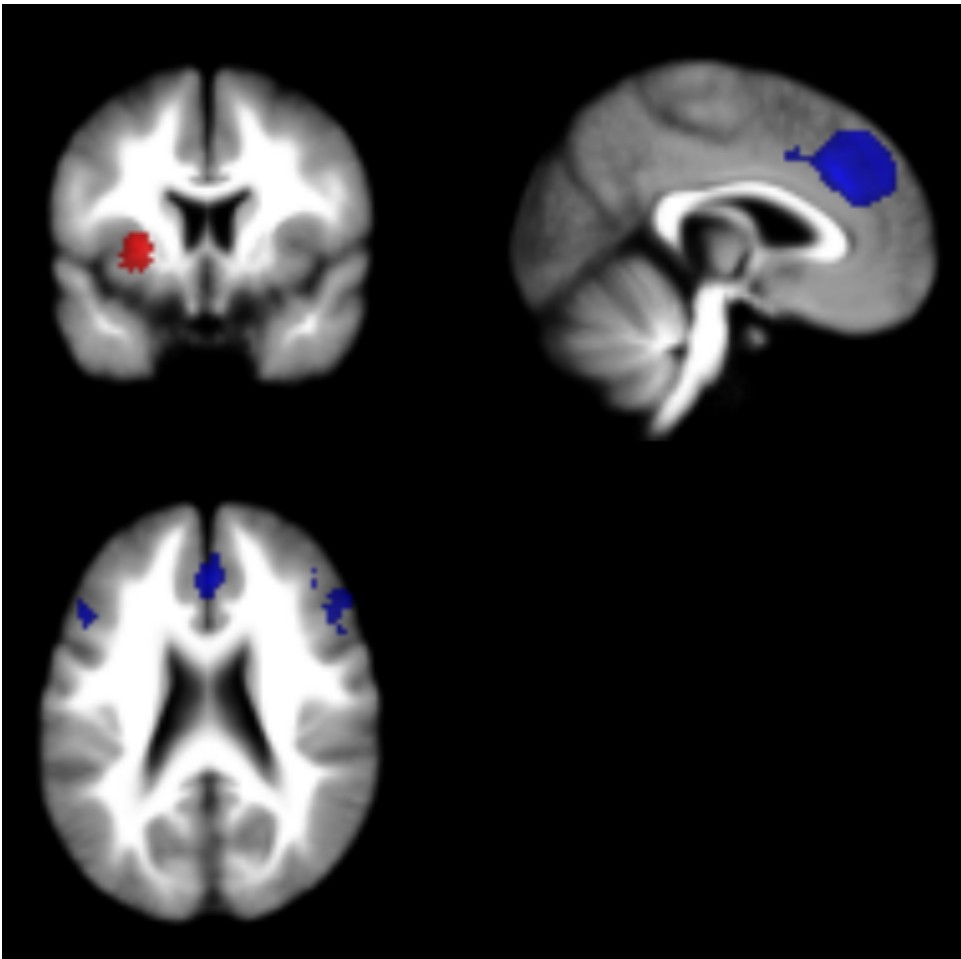
4. 选择“FWE correction”，使用默认选项即可（如下图所示）。由于使用置换检验，这一步需要花费很长时间。



5. 选择“Threshold”，可以选择不同校正方法（默认情况下，包含基于TFCE校正、基于voxel-level的校正和未校正后的结果）、显著水平（默认为 $p < 0.05$ ）和团块大小阈值（默认为10个体素）。



运行后，会自动打开micron进行可视化，并在浏览器中打开一个网页文件显示具体的统计结果（如下图所示）。由于经过多重比较校正后，并没有显著结果（注意这和Albajes-Eizagirre et al., 2019文献中报告的结果不同，目前我还不清楚是什么原因造成的），因此我这里展示的是未校正的结果。



Blobs of ≥ 19 voxels with all voxels $\text{SDM-Z} \geq 1.646$ and all peaks $\text{SDM-Z} \geq 1.951$

MNI coordinate	SDM-Z	P	Voxels	Description
-26,12,-2	2.904	0.001840770	364	Left lenticular nucleus, putamen, BA 48
12,-58,66	2.415	0.007860899	65	Right precuneus, BA 5
22,14,-2	1.951	0.025544465	19	Right striatum

6. 前面对于“Mean”的分析旨在回答组间差异是否为0的问题，而Meta-regression用于回答组间差异是否与其他变量相关。选择“Linear Model”，选择要分析的变量（比如YBOCS），其他参数保持不变（如下图所示）。然后重复上述“FWE correction”和“Threshold”的操作即可。

\bar{y}
Mean

βX
Linear Model

FWE correction

Threshold

Multimodal

Create mask

Extract

Please select the **variables** of the model in the left column and specify the **hypothesis** in the right column (for a *simple* meta-regression, select the variable of interest in the left and type 1 in the right). Optionally, change the **name** of this analysis, the number of **imputations** and whether you want to apply a *filter* to include only some studies.

Model & hypothesis:

	Intercept	<input type="text" value="0"/>
<input type="text" value="YBOCS"/>		<input type="text" value="1"/>
<input type="text" value="(none)"/>		<input type="text" value="0"/>
<input type="text" value="(none)"/>		<input type="text" value="0"/>
<input type="text" value="(none)"/>		<input type="text" value="0"/>

Name

Number of imputations

Filter

五、其他

SDM-PSI还建议对结果做异质性分析和偏差分析等，不过相关文档和文献对于这些分析的原理说明不够详细，因此我目前对于这些分析结果的理解还存在困难（还需要进一步地学习），可能原因是这些分析对于比较传统的（非MRI脑影像的）元分析是常见的而无需赘述。此外，SDM-PSI还可以纳入统计参数图（即包含所有体素的统计量的nifti文件），SDM-PSI声称只需要纳入少量统计参数图，结果也会明显更准确。由于没有合适的的数据，纳入统计参数图的分析没有测试。