

使用dcm2niix进行DICOM-NIFTI格式转换

Alex / 2022-10-08 / free_learner@163.com / learning-archive.org

更新于2023-09-26，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

一、背景

从磁共振采集的原始数据一般是DICOM格式，而常用的脑影像数据分析软件只能处理NIFTI格式，因此数据分析的第一步就是将原始数据从DICOM格式转换成NIFTI格式。更多信息请参考：

Li, X., Morgan, P. S., Ashburner, J., Smith, J., & Rorden, C. (2016). The first step for neuroimaging data analysis: DICOM to NIfTI conversion. *Journal of neuroscience methods*, 264, 47–56. <https://doi.org/10.1016/j.jneumeth.2016.03.001>

二、dcm2nii和dcm2niix

在以前的[博客](#)中，我介绍过dcm2nii的用法。但是dcm2nii（以及MRICron）已经[停止更新](#)了，dcm2niix是同一个作者（Christopher Rorden）开发的软件。就我个人使用经验而言，在大多数情况下，dcm2nii还是可以正常工作，但是我也遇到过只有dcm2niix能够正常转换数据的情况。所以建议使用最新版的dcm2niix进行格式转换。

三、下载dcm2niix

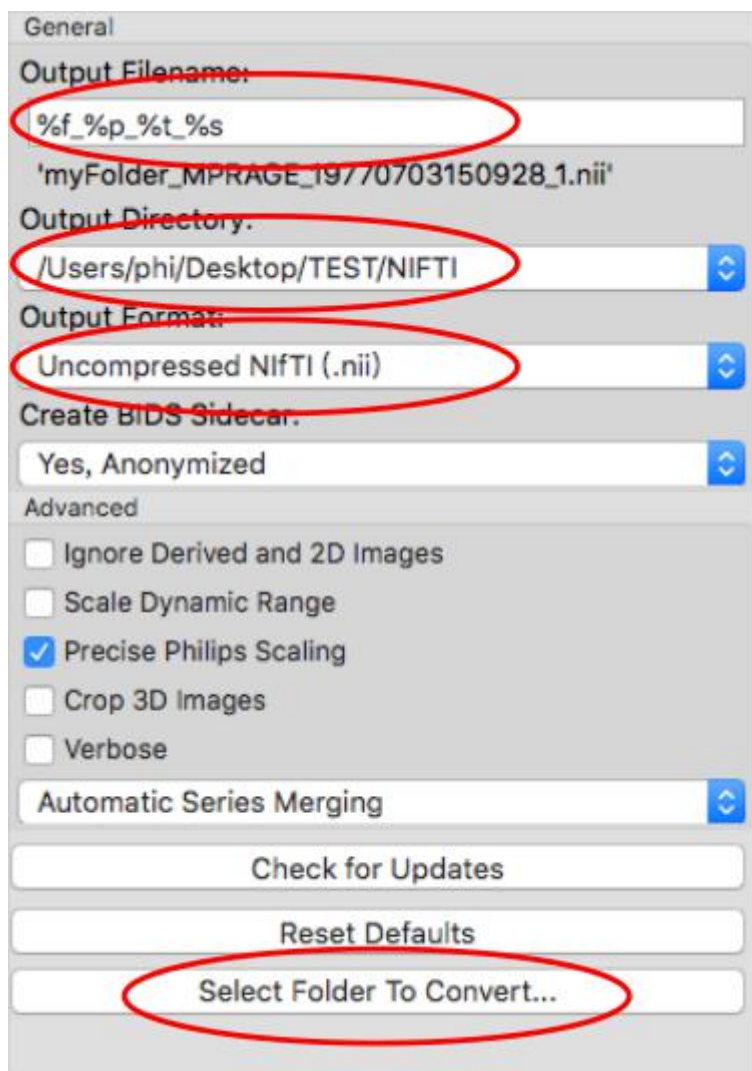
下载地址：<https://github.com/rordenlab/dcm2niix>

也可以下载[MRICroGL](#)，MRICroGL是一个看图软件，自带了dcm2niix。

四、使用dcm2niix

1. 使用MRICroGL图形界面进行转换

在MRICroGL的菜单栏选择 `Import -> Convert DICOM to NIfTI`，选择原始DICOM数据所在目录（`Select Folder To Convert...`），并设置输出目录（`Output Directory`）、输出文件命名方式（`Output Filename`）以及是否压缩（`Output Format`）。其中输出文件命名方式中，`%f_%p_%t_%s` 分别表示数据所在文件夹的名字（`%f`）、扫描协议（`%p`）、扫描时间（`%t`）、序列号（`%s`）。压缩格式的文件（`nii.gz`）更节约存储空间，但是SPM12等软件只能处理nii格式的文件（即非压缩格式）。



2. 使用命令行进行转换

在命令行运行 `dcm2nii` 会显示参数列表和使用样例。

比如以下命令会得到和上述图形界面同样的结果：

```
dcm2nii -f %f_%p_%t_%s -o $output_dir -z n $input_dir
```

这里 `$output_dir` 表示输出目录，即NIFTI文件保存的目录；`$input_dir` 表示输入目录，即DICOM文件所在目录。

五、输出文件和挑选模式

除了.nii或.nii.gz结尾的图像文件，默认还会生成.json结尾的文本文件，该文件中包含一些重要的扫描参数，比如对于fMRI图像，包含每一层扫描的时间（Slice Timing），该信息可以用于时间层校正。

在生成的NIFTI格式文件中往往包含多个模态的数据，如何从这些数据中挑选出自己需要的模态呢？我个人的经验是，首先可以根据文件名进行猜测，比如包含MPRAGE或者T1字符的可能是T1加权像，然后可以打开图像，观察图像特征是否符合预期，比如对于T1加权像，信号强度是否是 白质 > 灰质 > 脑脊液 等。