

使用ANTs进行MRI图像配准

Alex / 2016-12-10 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-05-12，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

一、为什么要进行配准？

由于不同个体的大脑形态不同，为了比较不同个体在大脑结构和功能上的差异，需要先将不同个体配准到一个标准大脑模板上。配准的过程就对个体大脑图像进行变形，使得个体大脑与模板图像尽可能一致。在配准过程中不同个体大脑如何变得一致，同时又保留个体原有的差异？这是我一直没有理解的问题，不过这是基于fMRI研究的普遍做法。

二、如何安装ANTs？

ANTs (Advanced Normalization Tools) 就我所知是目前配准质量最好的软件，它的安装方法见官网上的[链接](#)，以防该链接失效，我在下面重复一下安装过程（适用于Linux/MacOS）。

1. 安装git, cmake和c++编译器
2. 在命令行中分别执行以下命令（假设当前目录在主目录下）：

```
git clone git://github.com/stnava/ANTs.git
mkdir antsbin
cd antsbin
ccmake ../ANTs
make -j 4
cp ANTs/Scripts/* ./bin/
```

3. 设置环境变量并添加到.profile或.bashrc文件中，即：

```
export ANTSPATH=/home/username/antsbin/bin/
export PATH="$ANTSPATH:$PATH"
```

三、使用ANTs进行配准

简单介绍一下我使用ANTs进行MRI图像配准的方法，更详细的说明参见ANTs的[官方文档](#)。

1. 使用ANTs进行结构像配准

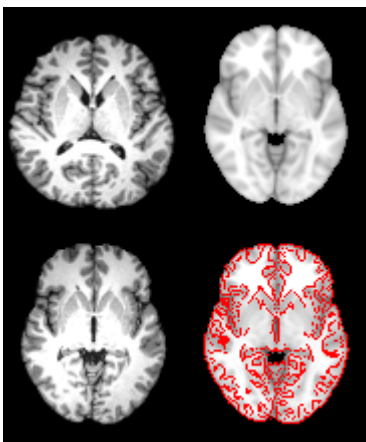
```
antsRegistrationSyN.sh -d 3 -f MNI_T1_2mm_brain.nii.gz -m brain.nii.gz -o  
rega2t
```

其中 `MNI_T1_2mm_brain.nii.gz` 是分辨率为2mm的标准大脑（在FSL的`$FSLDIR/data/standard`文件夹下可以找到），`brain.nii.gz` 是个体T1图像并进行了颅骨剥离，`rega2t` 是输出文件名的前缀。

这个配准过程在我电脑上大约需要20分钟，共生成5个文件，其中`rega2t0GenericAffine.mat`，`rega2t1Warp.nii.gz`分别表示线性变换和非线性变换估计出的映射关系，`rega2tWarped.nii.gz`表示配准后的图像，通过比较这个图像与标准大脑的差异，可以检查配准的质量。

```
slicer brain.nii.gz -z -120 before_reg.png  
slicer rega2tWarped.nii.gz -z -34 after_reg.png  
slicer MNI152_T1_2mm_brain.nii.gz -z -34 standard.png  
slicer MNI152_T1_2mm_brain.nii.gz rega2tWarped.nii.gz -z -34  
after_reg_on_standard.png
```

使用上面几行命令（`slicer` 是FSL的命令），（如下图所示）可以得到配准前（左上）、标准大脑（右上）、配准后（左下）以及将配准后的个体大脑（轮廓）叠加到标准大脑上的图像（右下）。



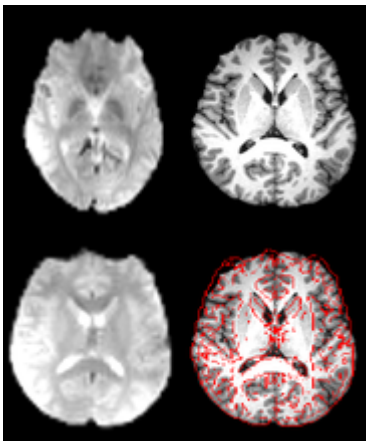
2. 使用ANTs进行功能像配准

为了将个体功能像转换到标准大脑，并不是直接将功能像与标准大脑进行配准，而是以个体结构像为中介，将个体功能像配准到个体结构像，再根据个体结构像与标准大脑的映射关系，将个体功能像转换到标准大脑。下面几行命令实现个体功能像到个体结构像的配准（其中参数`r`表示刚体变换）：

```
antsRegistrationSyN.sh -d 3 -f brain.nii.gz -m example_func_brain.nii.gz -t 'r'  
-o regf2a
```

其中 `brain.nii.gz` 表示个体结构像并经过颅骨剥离，`example_func_brain.nii.gz` 表示一个功能像，由于功能像一般有上百个图像，这里选取其中一个（可以使用FSL的命令`fslroi`选取其中一个功能像，比如：`fslroi func.nii.gz example_func.nii.gz 0 1`表示选取第一个时间点的图像）；另外，也需要对这个功能像进行颅骨剥离（AFNI的`3dAutomask`命令可以用于功能像颅骨剥离，也是我这里采用的方法，基本用法如下：`3dAutomask -prefix example_func_brain.nii.gz example_func.nii.gz`）

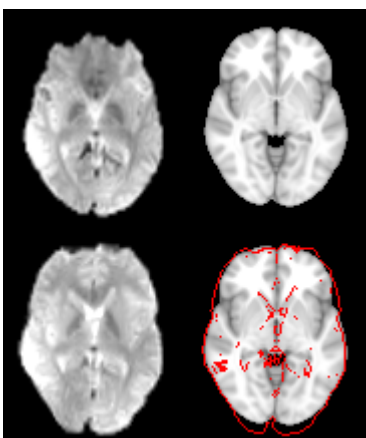
这个过程只需要2-3分钟，共生成3个文件，其中`regf2a0GenericAffine.mat`表示从个体功能像到结构像的映射关系，`regf2aWarped.nii.gz`表示配准后的功能像，按照结构像检查的相同的步骤进行功能像配准效果的检查（不再赘述），如下图：



为了将功能像转换到标准大脑，需要联合从个体功能像到个体结构像、个体结构像到标准大脑的变换关系，具体实现命令如下：

```
antsApplyTransforms -d 3 -i example_func_brain.nii.gz -o
example_func2standard.nii.gz \
-r MNI_T1_2mm_brain.nii.gz -t rega2t1Warp.nii.gz \
-t rega2t0GenericAffine.mat -t regf2a0GenericAffine.mat
```

这个过程生成一个文件，即`example_func2standard.nii.gz`，也就是个体功能像变换到标准大脑后的图像，同样地，可以据此生成配准前后的比较图：



注意上面只是转换了一个功能图像到标准空间，因为功能像包含上百个图像，为了将所有功能图像转换到标准空间，可以使用下面的命令：

```
antsApplyTransforms -e 3 -d 3 -i func.nii.gz -o func2standard.nii.gz \  
-r MNI_T1_3mm_brain.nii.gz -t rega2t1Warp.nii.gz \  
-t rega2t0GenericAffine.mat -t regf2a0GenericAffine.mat
```

其中 `-e` 选项表示输入是4D数据，在 `-r` 选项中我们可以设置不同分辨率的模板来决定转换后的功能像的分辨率。

因为fMRI数据处理有很多步骤，如何将ANTs纳入其他处理步骤中是一个问题。就我所知，目前有两个现成的流水线工具包C-PAC和fmriprep都包含了ANTs，不过我都没有用过，也不知道是否好用。

四、配准前的检查

配准前有必要检查一下两个图像间的空间朝向是否一致，方法是使用[ITK-SNAP](#)，分别打开待配准的两个图像，查看朝向是否一致，因为ANTs和ITK-SNAP使用的是相同的坐标系统（[参考资料](#)）。理论上，应该先检查再做配准，之所以放到把这个步骤放到最后，是因为实际操作中我还没有发现过朝向出错的情况，而且逐个检查数据非常花费时间。