

# 使用Melodic进行独立成分分析

Alex / 2016-12-24 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

更新于2023-05-19，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

## 一、背景

在fMRI数据处理中，独立成分分析（Independent Component Analysis, ICA）是一种常见的数据分析方法。（我认为）ICA的特点有两个：一是数据驱动性；二是网络分析（多元分析）。GIFT和Melodic是两个常用的进行ICA分析的软件。下面介绍一下，如何使用Melodic进行单被试和多被试独立成分分析。

## 二、单被试ICA

```
melodic --in=/home/alex/data/input.nii.gz --outdir=/home/alex/data/ica_dir --mask=/home/alex/data/mask.nii.gz --nobet
```

其中 `--in` 选项表示输入文件，`--outdir` 选项表示存放输出结果的目录，`--mask` 选项表示mask文件，`--nobet` 表示不用bet进行颅骨剥离。在输出目录中，`melodic_IC.nii.gz` 表示分解得到的一组独立成分，`melodic_mix` 表示每个成分对应的时间序列。

## 三、多被试ICA

实际情况中，我们往往需要处理多个被试的数据。Melodic里提供了两种多被试ICA算法：tensor ICA和temporal concatenation ICA，后者更为常用，因此只介绍一下后者。

```
melodic --in=sublist.txt --outdir=${gica_dir} --mask=mask.nii.gz --nobet --approach=concat
```

其中，`--in` 选项表示输入文件，由于有多个被试的数据，可以把所有被试的数据放到一个文本文件中，格式如 `${data_dir}/sub01.nii.gz`，一个被试一行；`--approach` 选项表示使用的算法，`concat` 表示temporal concatenation ICA算法。

到目前为止，我们只得到了一组组水平上的独立成分，可以理解为多个被试的一组平均独立成分，为了得到每个被试的独立成分和相应的时间序列，需要使用双回归的方法：

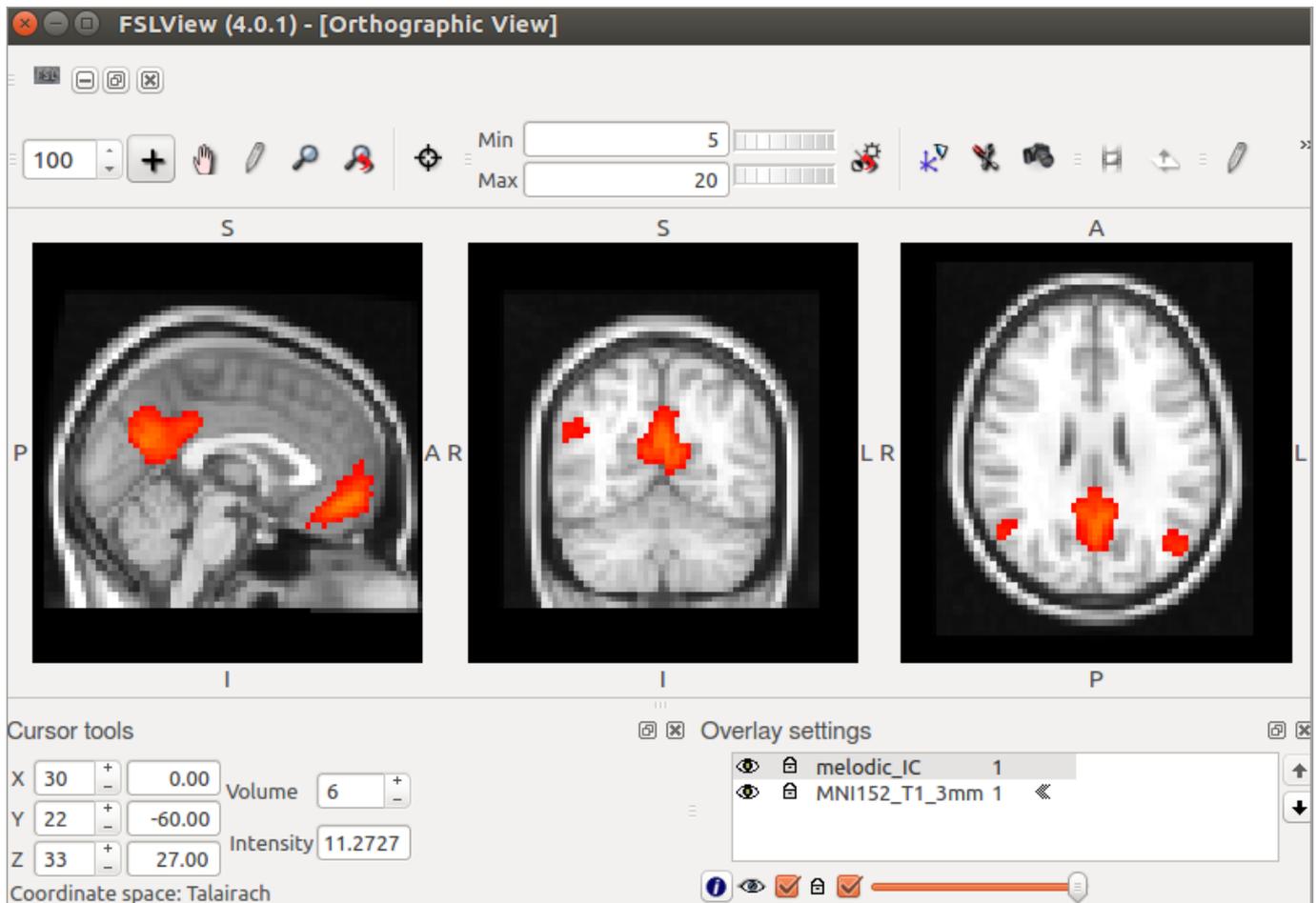
```
dual_regression ${gica_dir}/melodic_IC 1 -1 0 ${dual_dir} `cat sublist.txt`
```

其中 `${gica_dir}/melodic_IC` 表示上一步ICA的结果，参数 `-1` 和 `0` 表示不进行统计检验，`${dual_dir}` 表示存放双回归结果的目录，`sublist.txt` 表示包含每个被试数据的文本文件，即为上一步ICA的输入。在输出目录中，`dr_stage1_subject*.txt` 表示每个被试的独立成分所对应的时间序列；`dr_stage2_subject*.nii.gz` 表示每个被试的一组独立成分。

## 四、如何查看ICA的结果

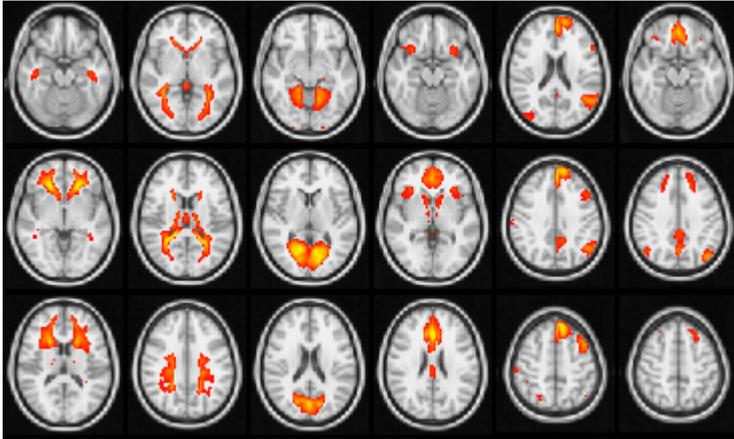
我常用的有两种方法：

```
fslview ${FSLDIR}/data/standard/MNI152_T1_3mm ${gica_dir}/melodic_IC -l Red-  
Yellow -b 5,20 &
```



使用FSLview查看（在FSL 5.0.10的版本里，新的图像查看软件FSLEyes功能更多，不过fslview仍然是可以用的）。以 `MNI152_T1_3mm` 为背景（注意这个3mm结构像文件不是FSL自带的，是我根据2mm的文件重采样生成的），`melodic_IC` 为ICA的输出，`-l` 选项设置颜色，`-b` 选项设置上下阈值，`&` 表示在后台运行程序。

```
slices_summary ${gica_dir}/melodic_IC 5 ${FSLDIR}/data/standard/MNI152_T1_3mm  
${gica_dir}/melodic_IC.sum
```



使用 `slices_summary` 这个FSL脚本，`5` 表示下限(5以下的显示颜色)，`melodic_IC.sum` 为输出目录。这种方法会对每个成分截图，这样可以快速对ICA的整体结果有一个了解。