

使用CAT进行VBM分析

Alex / 2017-11-25 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-06-21，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

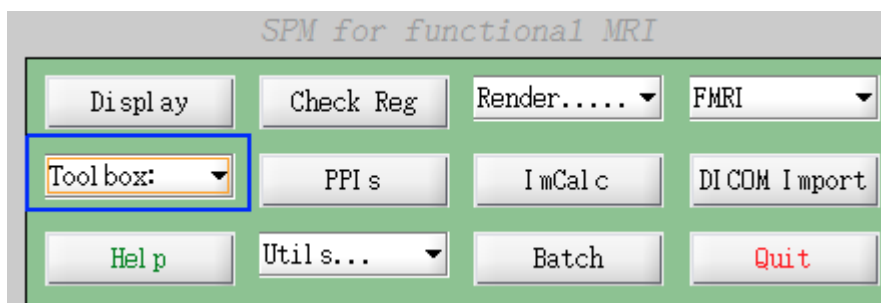
CAT (Computational Anatomy Toolbox) 是一个基于SPM的Matlab工具包，这里记录一下使用CAT进行VBM分析的方法。更详细的介绍参见CAT[官网](#)。

2023-06-21更新

我忘了记录当时使用的CAT版本，大概是12.5-12.6的版本。CAT版本更新特别快，所以新版本的操作可能会稍有变化，但大致步骤应该没有变化。

一、安装和启动

1. 下载和安装SPM12，具体过程见SPM12[官网](#)；
2. [下载](#)并解压CAT工具包，解压后名为cat12，放到SPM的toolbox文件夹下；
3. 打开SPM（在Matlab命令行窗口输入 `spm_fmri`），在Menu窗口界面中toolbox选项中选择cat12.

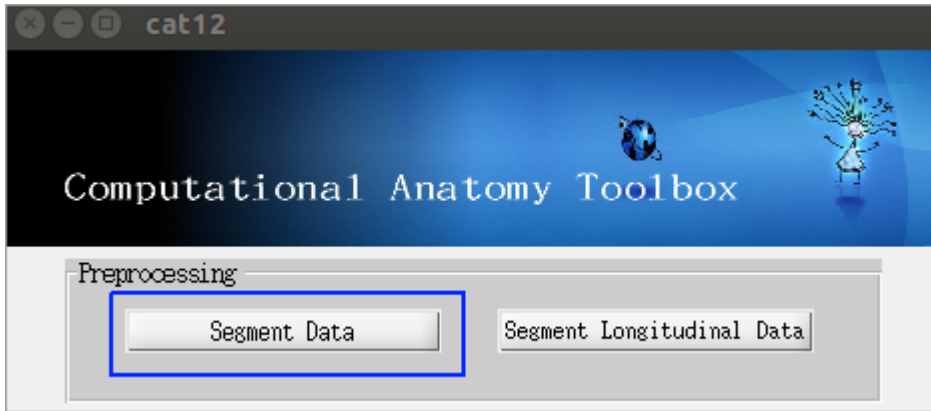


二、准备数据

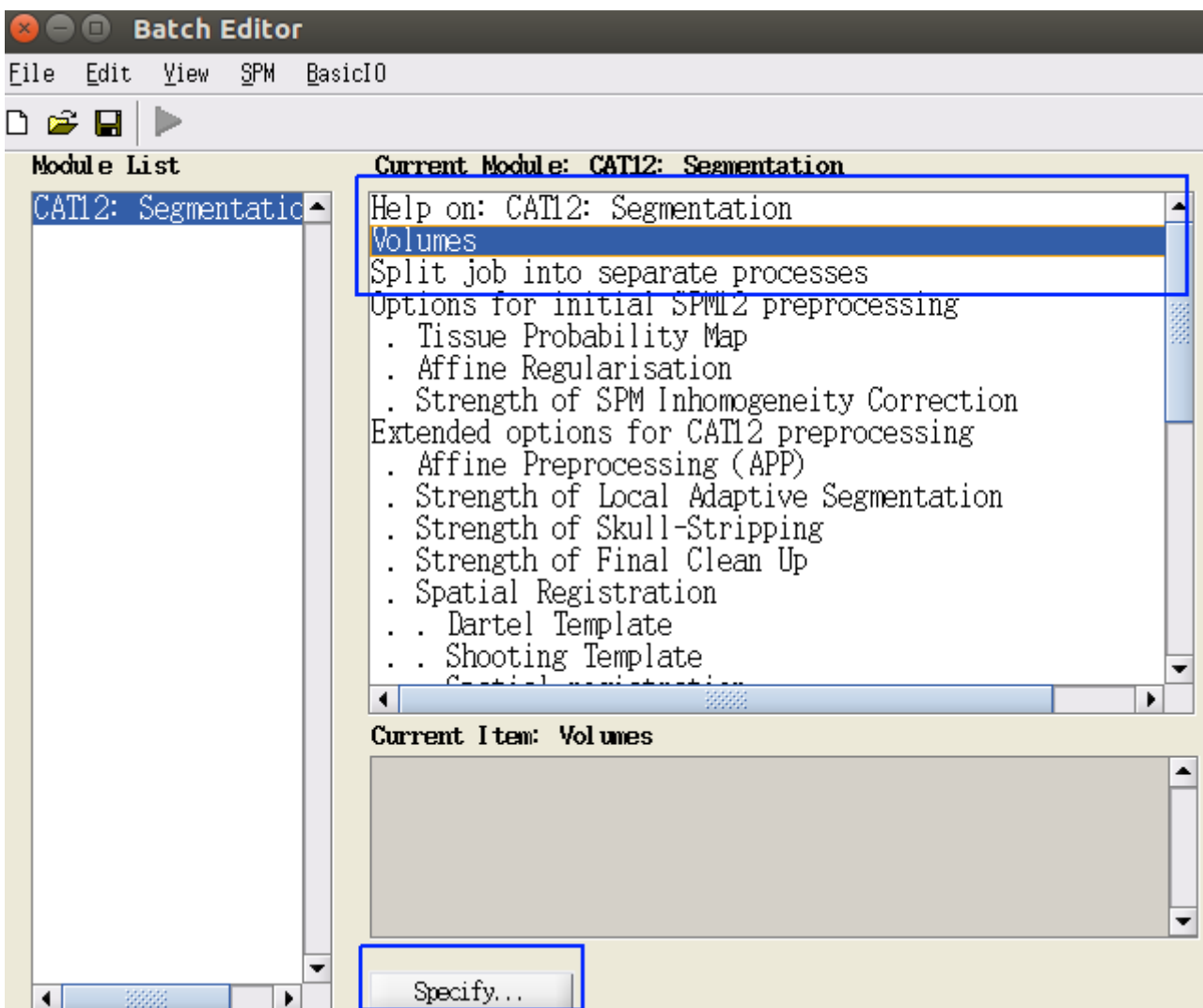
1. 将所有被试的原始T1图像放到一个文件夹下，该文件夹即为分析目录，分析的结果都保存在该目录下；
2. 这里假设有两组被试，第一组10人，命名为 `N*.nii`（* 表示001, 002, 003...010）；第二组10人，命名为 `s*.nii`（* 表示001, 002, 003...010）。

三、分割图像

1. 选择Preprocessing模块下的Segment Data，弹出Batch Editor窗口，在这里设置图像分割的参数；

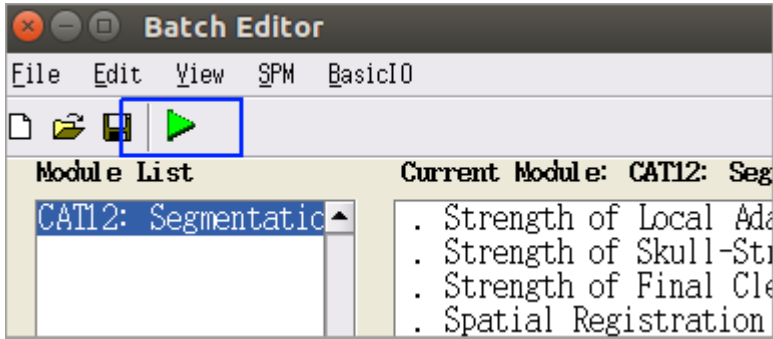


2. 选择Volumes，选择Specify，在弹出的窗口中选择所有被试的T1图像，选择Done；



3. 选择Split job into separate processes，选择Specify，在弹出的窗口中设置进程数（默认应该为电脑的CPU核心数，我这里是4），每个进程需要大概2GB内存；

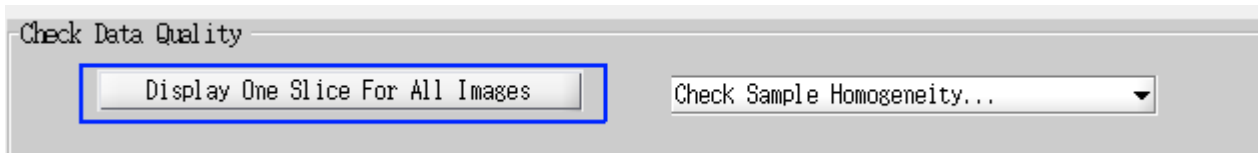
4. 其余选项可保持不变，选择Batch Editor上方的绿色三角形，图像分割开始运行；



5. 分析结束后，分析目录下（即存放原始T1结构像的目录）会新增三个文件夹，其中文件夹mri包括每个被试的灰质（命名为 `mwp1*.nii`，* 即每个被试的文件名，这里为N001, N002, ... N010, S001, S002, ... S010, 1表示灰质）、每个被试的白质（命名为 `mwp2*.nii`，* 同样表示每个被试的文件名，2表示白质）以及每个被试降噪和去除颅骨后的图像（命名为 `mw*.nii`，m表示校正过配准，w表示标准空间）；文件夹report中保存了每个被试形态学和图形质量等指标，包括pdf/mat/xml三种格式；文件夹label包含了每个被试不同分区模板下的各分区的体积信息，包括mat/xml两种格式。

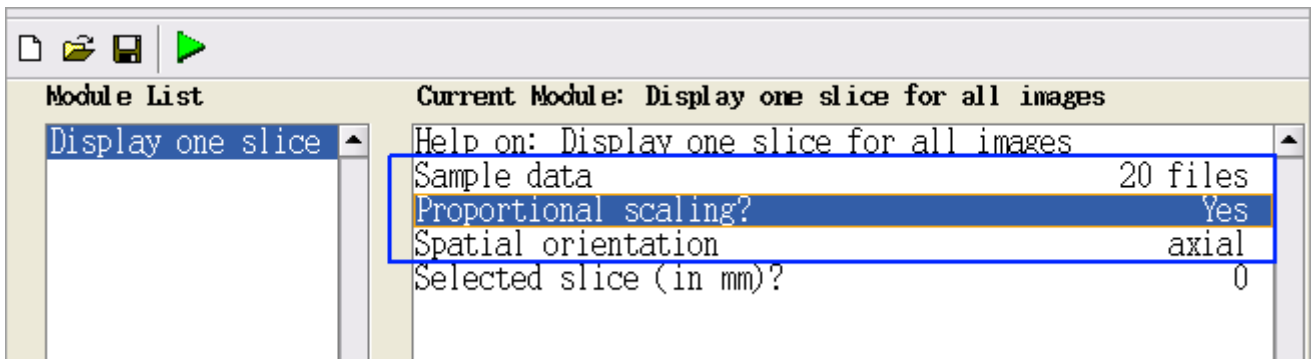
四、检查图像质量

1. 选择Check Data Quality模块下的Display One Slice For All Images;

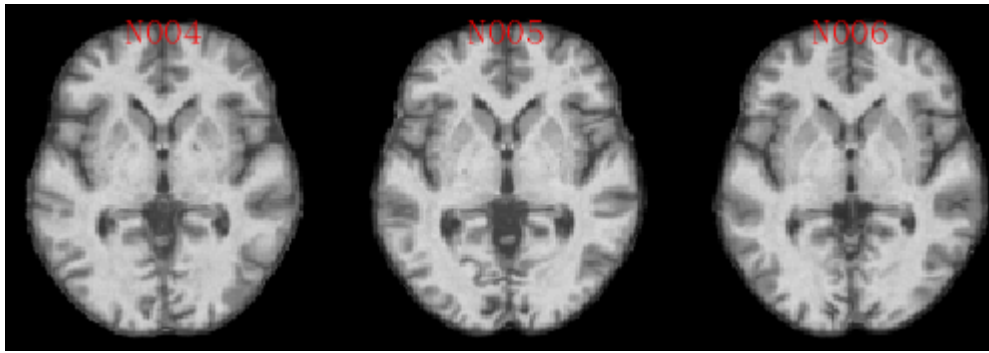


2. 在弹出的Batch Editor中选择Sample data，选择Specify，选择分析目录下mri文件夹中 `wm*.nii` 文件；

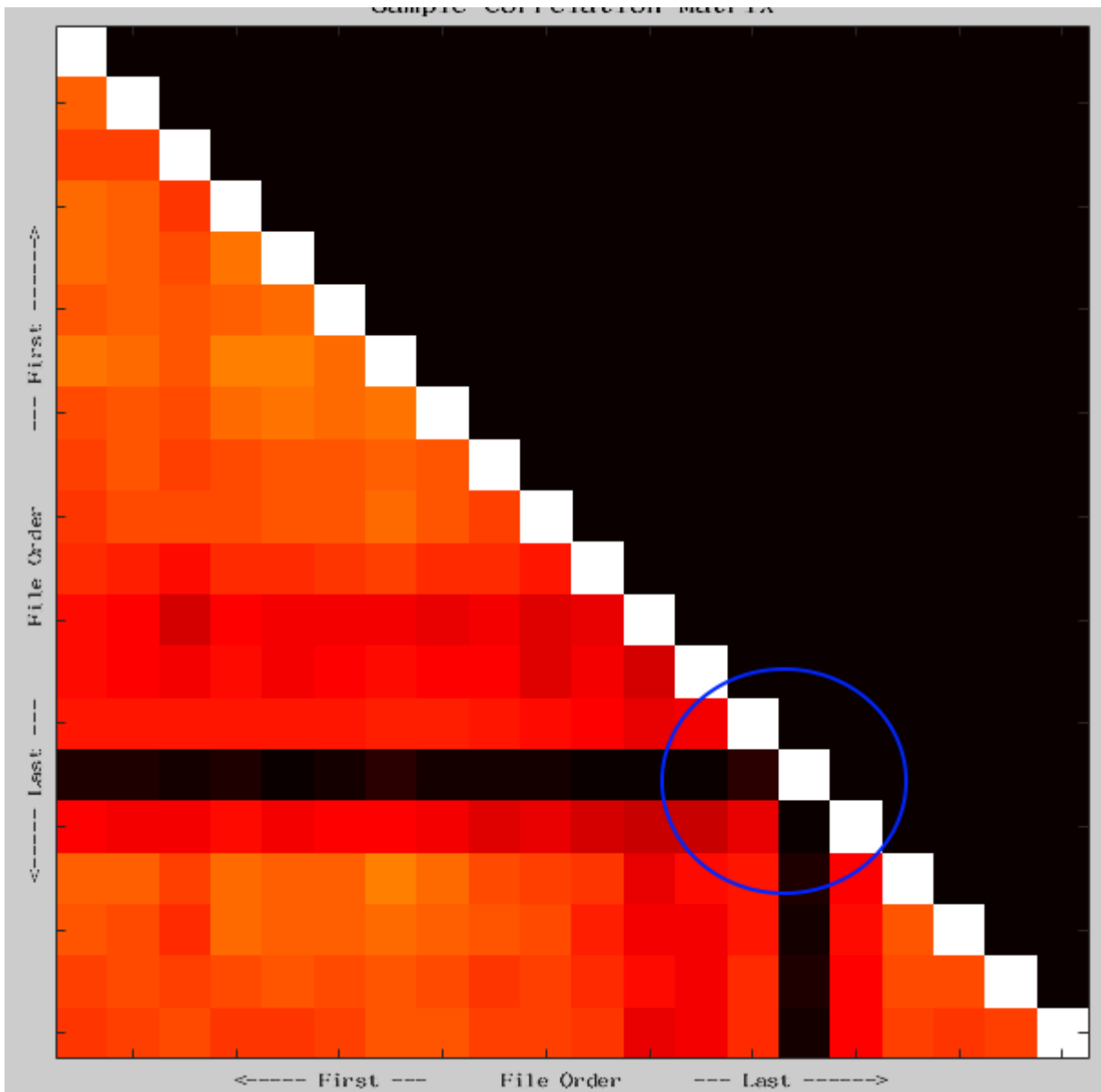
3. 选择Proportional scaling，选择Yes；



4. 其他选择保持不变，选择Batch Editor上方的绿色三角形，开始运行；

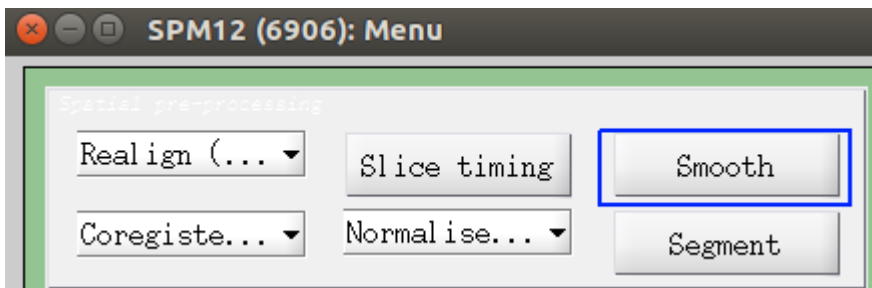


5. 选择Check Data Quality模块下Check Sample Homogeneity，选择VBM Data;
6. 在弹出的Batch Editor中选择Data，选择Sample data, 选择Specify，选择分析目录下mri文件夹下 `mwp1*.nii` 文件，即每个被试的灰质图像;
7. 其他选项保持不变，选择选择Batch Editor上方的绿色三角形，开始运行;
8. 运行结束，会生成一个相关矩阵图和一个相关系数的boxplot，表达的信息都是不同被试间的相似性。比如下图中有一个被试明显不同于其他被试的图像，经过仔细检查后发现，确实该被试在图像质量上有问题，所以这一检查步骤是很重要的。



五、平滑

1. 在SPM Menu窗口中选择Smooth，在弹出的Batch Editor中选择Images to Smooth，选择Specify，选择分析目录下mri文件夹下 `mwp1*.nii` 文件；

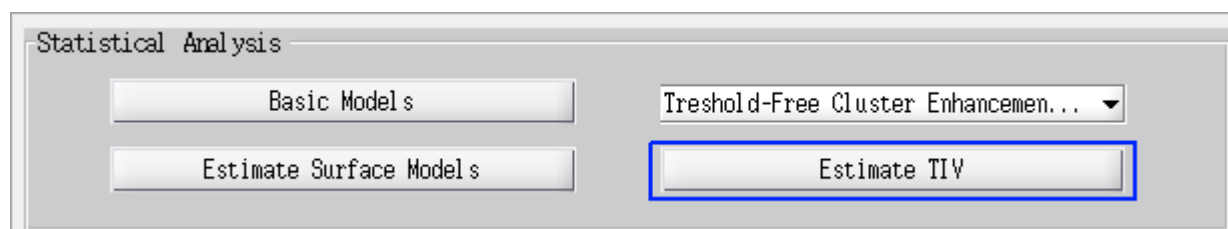


2. 其他选项保持不变，选择选择Batch Editor上方的绿色三角形，开始运行；

3. 运行结束后，分析目录下mri文件内新增了名为 `smwp1*.nii` 的文件，表示平滑后的每个被试的灰质图像；

六、估计颅内总体积

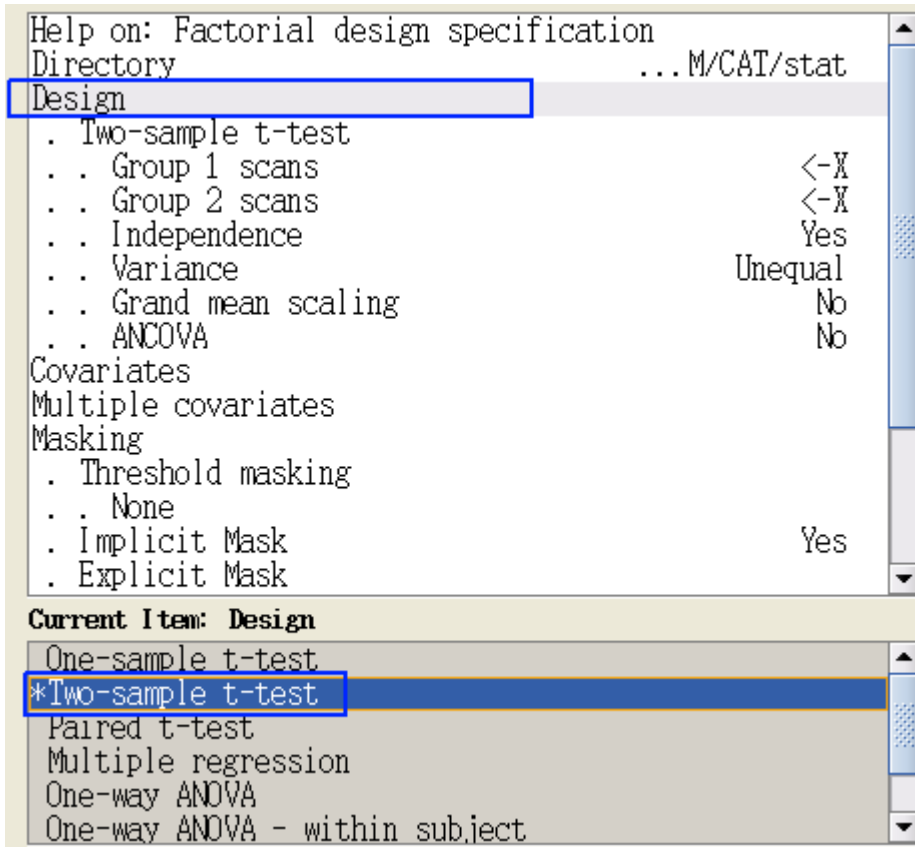
1. 选择Statistical Analysis模块下的Estimate TIV，在弹出的Batch Editor中选择XMLfiles，选择Specify，选择分析目录下report文件夹下每个被试的xml格式文件；



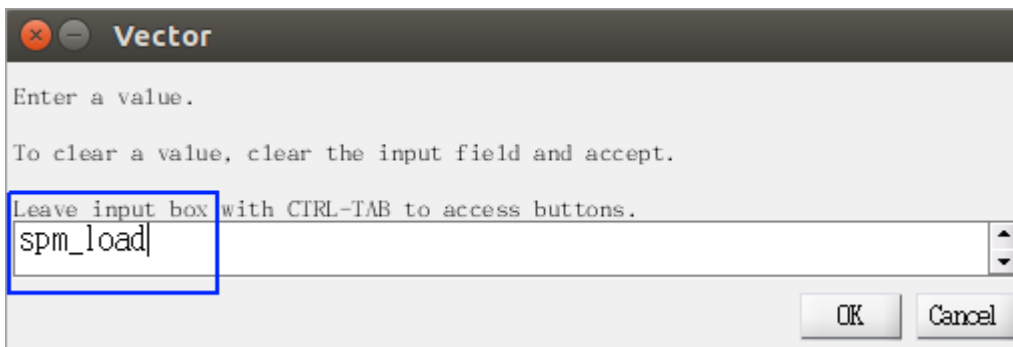
2. 选择Output file，选择Specify，设置输出的路径和文件名（默认路径为当前目录和默认文件名为TIV.txt）；
3. 其他选项保持不变，选择选择Batch Editor上方的绿色三角形，开始运行；

七、构建统计模型

1. 选择Statistical Analysis模块下的Basic Models，在弹出的Batch Editor里选择Directory，即输出目录（这里我在分析目录下新建了一个stat的文件夹，并选择stat文件夹为输出目录）；
2. 选择Design，选择Two-sample t-test；选择Group 1 scans，选择mri目录下 `smwp1N*.nii` 文件，即第一组被试；选择Group 2 scans，选择mri目录下 `smwp1S*.nii` 文件，即第二组被试；注意要去除在前面质量检查步骤中有问题的被试；



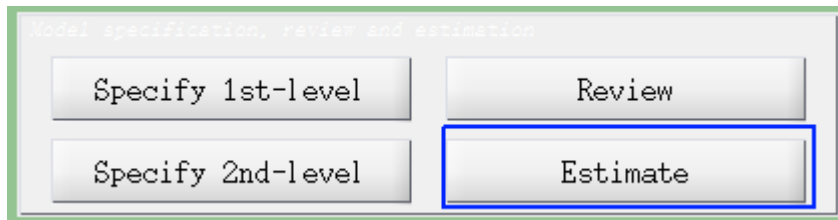
3. 选择Covariates，选择New Covariate，选择Vector，选择Specify，输入 `spm_load` ，选择前面生成的包含颅内总体积的文本文件（默认为TIV.txt）；如果去除了某个被试，也要相应地将其颅内体积去掉；



4. 选择Threshold masking，选择Absolute，设置为0.1；
5. 其他选项保持不变，选择选择Batch Editor上方的绿色三角形，开始运行；
6. 分析结束后会在输出目录下（这里为stat）产生一个SPM.mat文件。

八、模型估计和统计推断

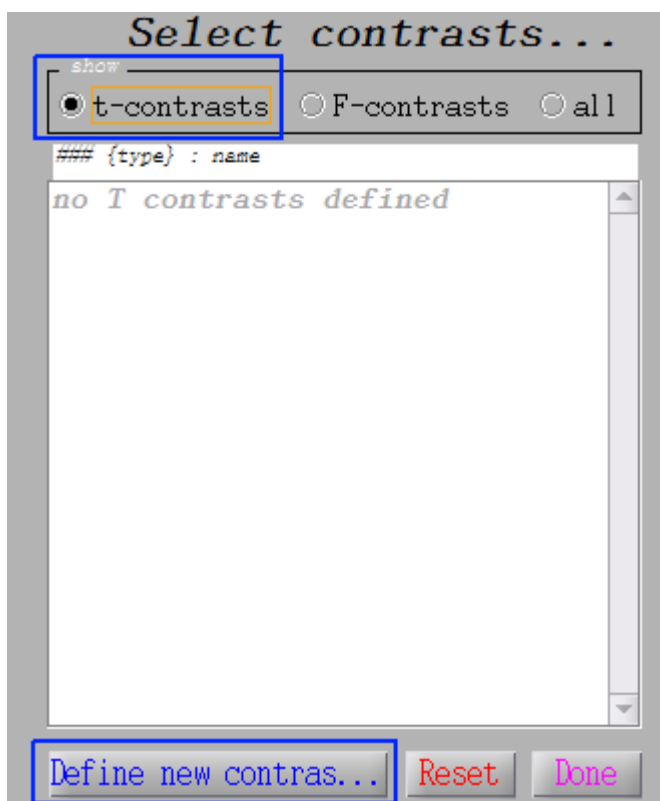
1. 在SPM Menu窗口选择Estimate，在Batch Editor中选择Select SPM.mat，Specify上一步生成的SPM.mat文件，其他选项保持不变，并运行Batch。

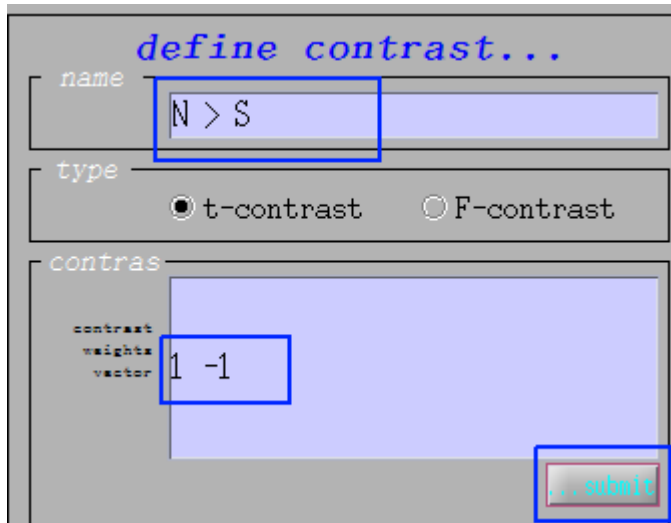


2. 在SPM Menu窗口选择Review，选择SPM.mat；在交互窗口中选择Design，选择Design orthogonality；



3. 在SPM Menu窗口选择Results，选择SPM.mat；在弹出的contrast manager中选择t-contrasts，选择Define new contrast，设置contrast name和contrast（双样本t检验就是1 -1）；





4. 在弹出的交互窗口中apply masking，选择none；p value adjustment选择FWE；p value (FWE) 选择0.05（默认为0.05），extent threshold选择0（默认为0）。

2023-06-21更新

注意这里的FWE校正是voxel-level的校正，根据我所了解的文献证据，这种方法会过于严格。采用cluster-level的校正或者基于TFCE的方法会更合理。

5. 组间比较结果：

