

使用GIFT进行独立成分分析

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

更新于2023-06-08，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

GIFT和Melodic是进行独立成分分析（ICA）最常用的两个工具。相比于Melodic，GIFT的ICA算法更丰富。另外，GIFT基于Matlab，方便在Windows系统上使用。这里介绍如何使用GIFT的图形界面和脚本进行独立成分分析，这些方法来自于GIFT的[官方手册](#)。

一、安装GIFT

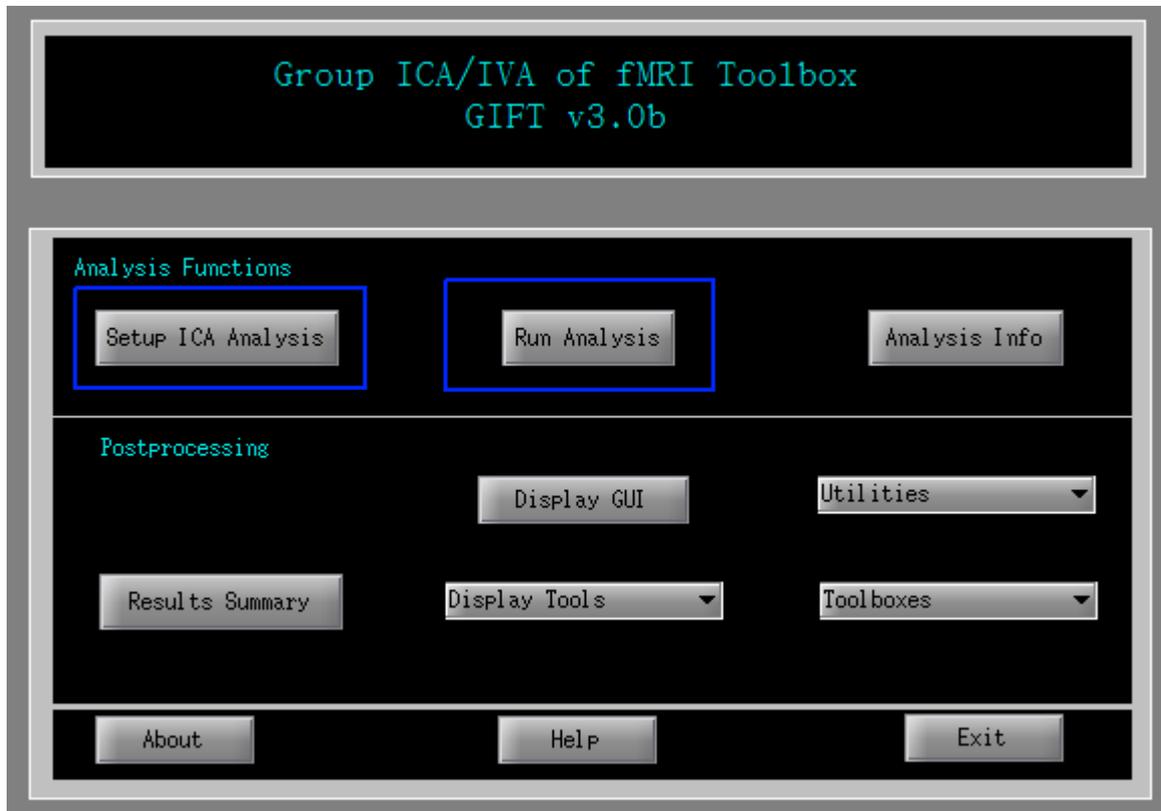
1. 在官网下载并解压工具包（目前版本为4.0b），添加到Matlab搜索路径；
2. 在官网下载并解压更新包，覆盖旧的文件；
3. 关于编译MEX文件，如果电脑系统是Win 32/Win 64/Mac OS 64/Linux 64（即常见电脑系统），已经自带了编译后的文件，就可以跳过这一步。

二、示例数据

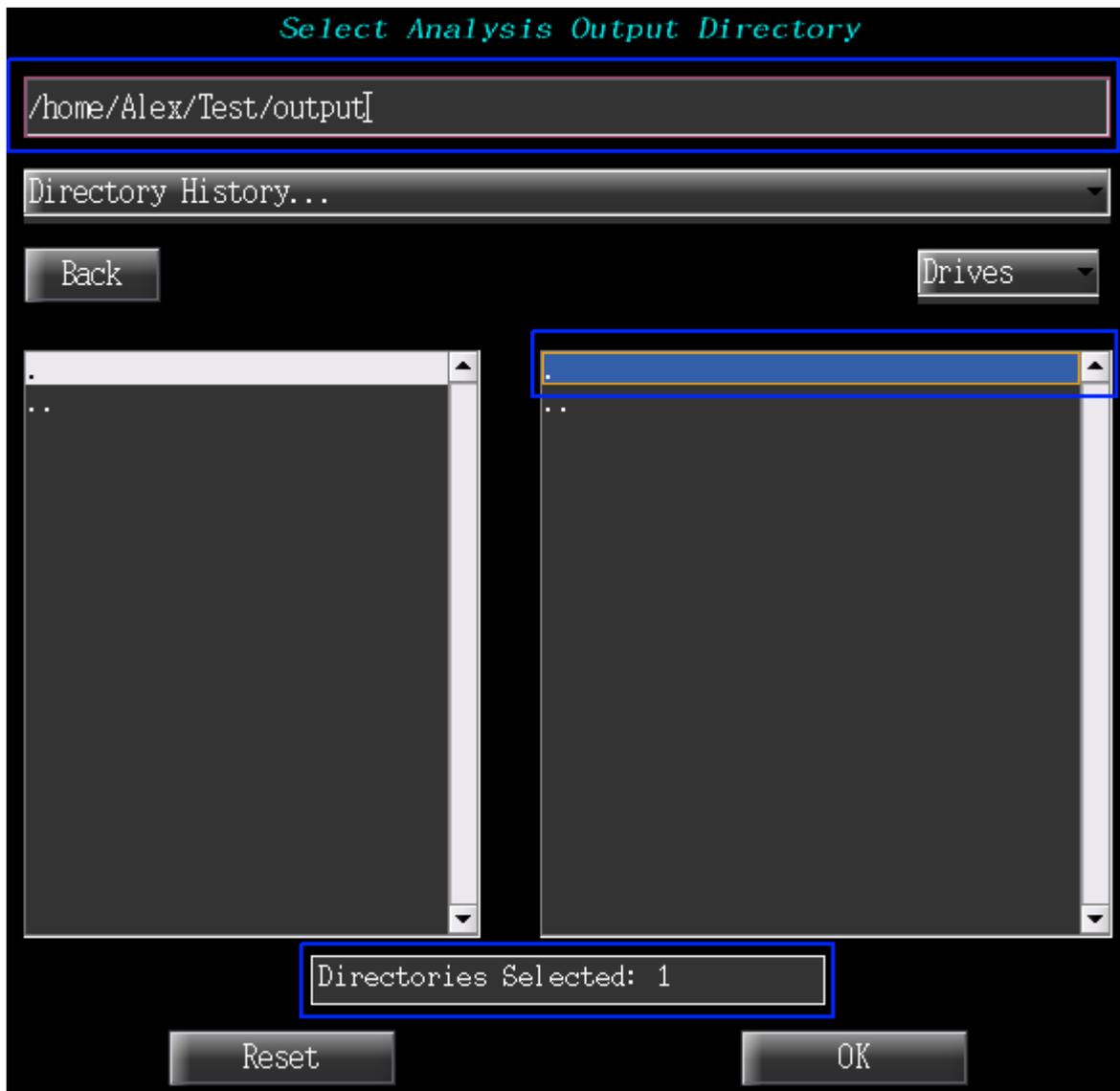
1. 在[官网](#)下载并解压示例数据，解压后该数据文件夹名为visuomotor；
2. visuomotor文件夹里有三个名为 `sub0*_vis`（*表示1, 2, 3）的子文件夹，每个子文件夹下包含名为 `nsrstim_*.hdr/img`（*表示1, 2, 3 ... 220）的文件，即为预处理后的功能像数据；
3. visuomotor文件夹下还有两个 `SPM*` 文件，这两个文件这里用不到；
4. `sub0*_vis` 子文件夹下面还有一个名为 `singleSlice` 的文件夹，该文件夹同样包含预处理后的功能像，但是每个时间点上截取了一层（而不是全脑）的数据，这里用不到。

三、使用图形界面进行ICA

1. Matlab命令行窗口输入`gift`或者`groupica_fmri`，打开GIFT的图形界面。整个流程可以分为两步，第一步是设置相关参数，即`Setup ICA analysis`；第二步是运行程序，即`Run Analysis`；



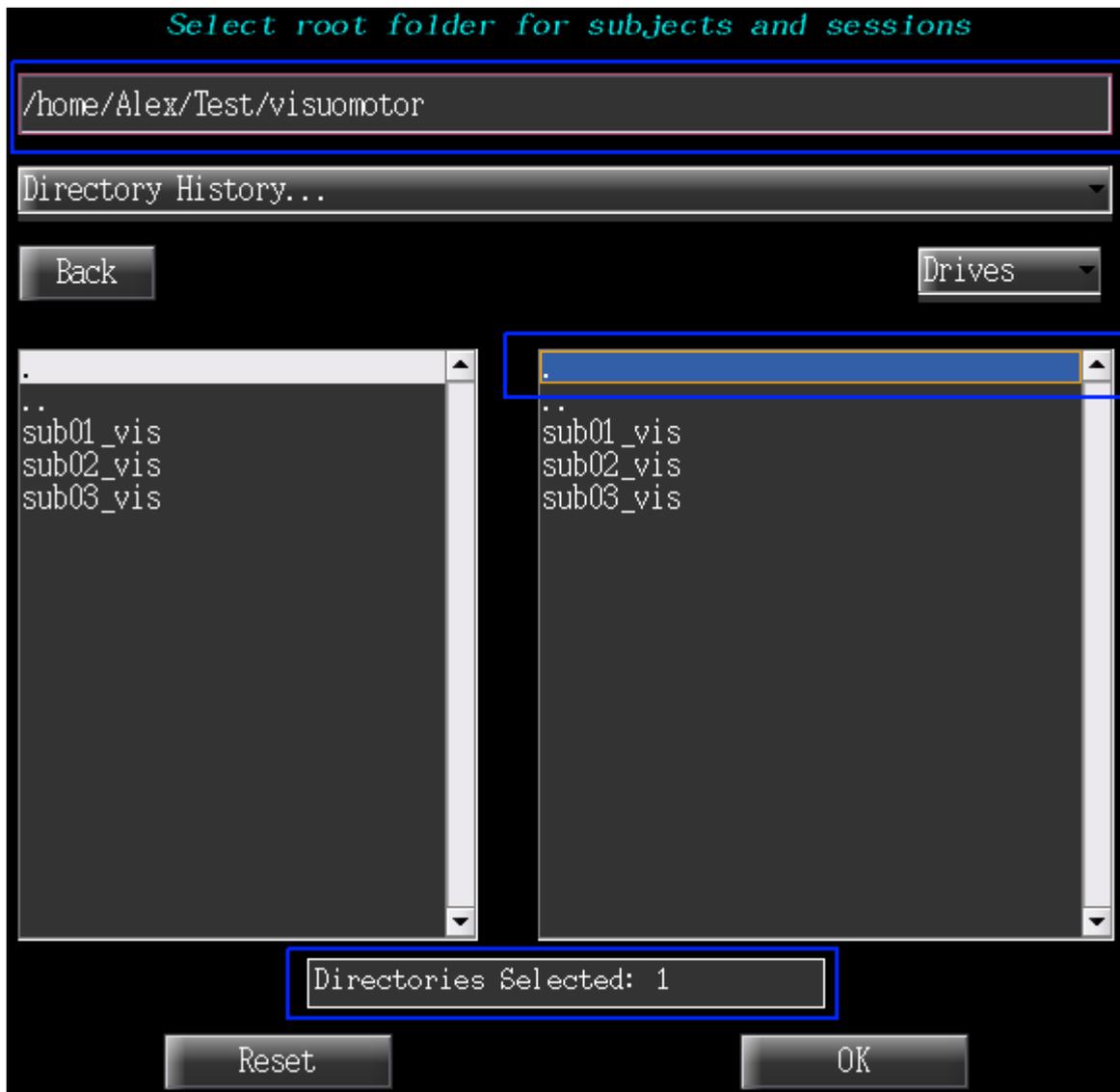
2. 点击Setup ICA Analysis，选择输出目录。后面所有分析的结果都是保存在该目录下；



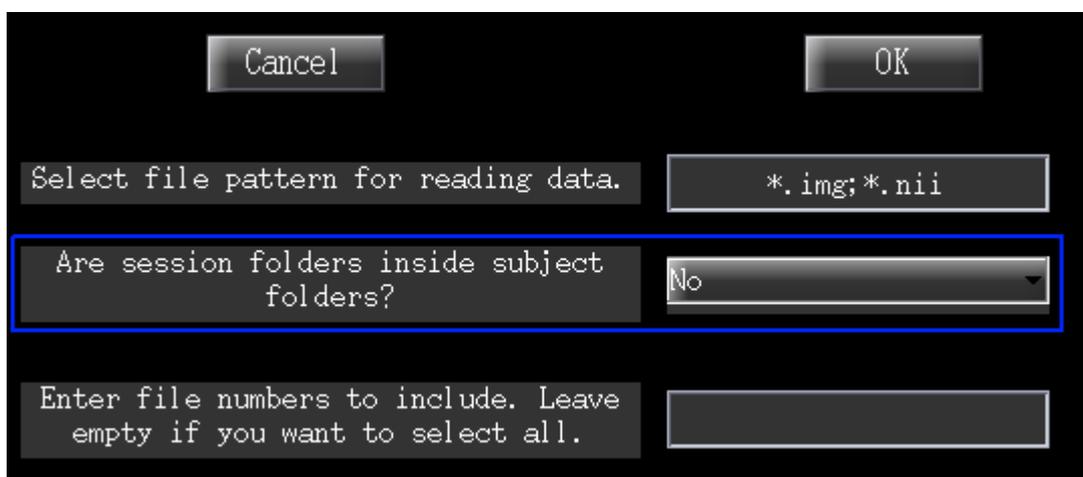
3. Enter Name (Prefix) Of Output Files为输出文件选择一个前缀，比如test；

| Cancel | | Done | |
|---|----------------------|------|--|
| Enter Name(Prefix) Of Output Files | <input type="text"/> | ? | |
| Have You Selected The fMRI Data Files? | Select | ? | |
| Do You Want To Estimate The Number Of Independent Components? | No | ? | |
| Number Of IC | <input type="text"/> | ? | |
| Do you want to autofill data reduction values? | No | ? | |
| Which Algorithm Do You Want To Use? | Infomax ... | ? | |
| Select stability analysis type | Regular | ? | |
| How do you want to run Group ICA? | Serial | ? | |

4. Have You Selected The fMRI Data Files?选择输入文件，即预处理后的功能像，点击 Select;
5. 弹出的新界面会询问Is your data stored in one group folder?因为示例数据都放在visuomotor文件夹下，因此点击Yes;
6. 在弹出的新界面中选择存放数据的目录，即选择visuomotor目录;

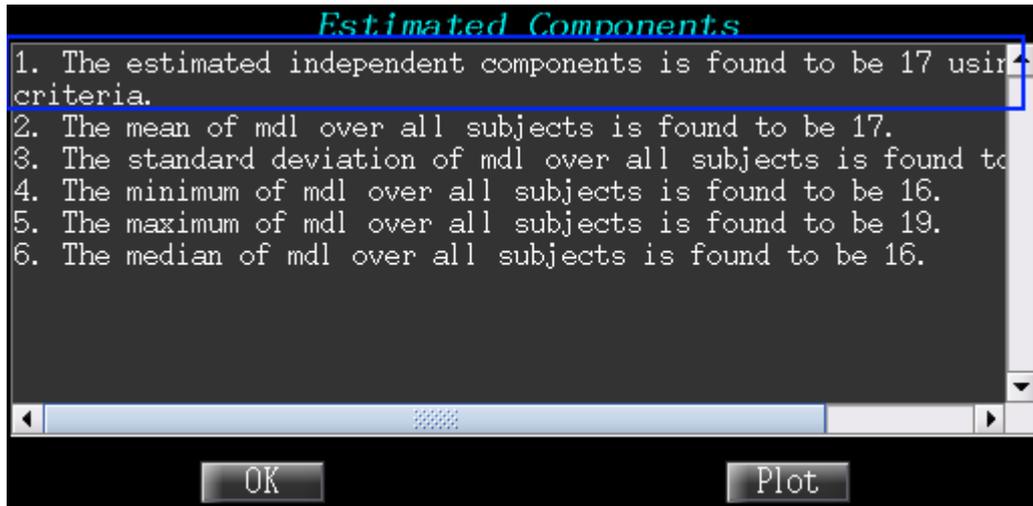


7. 新弹出的界面会询问Are session folders inside subject folders?因为数据存放在每个被试文件夹下而不是被试文件夹的子文件夹，因为选择No;

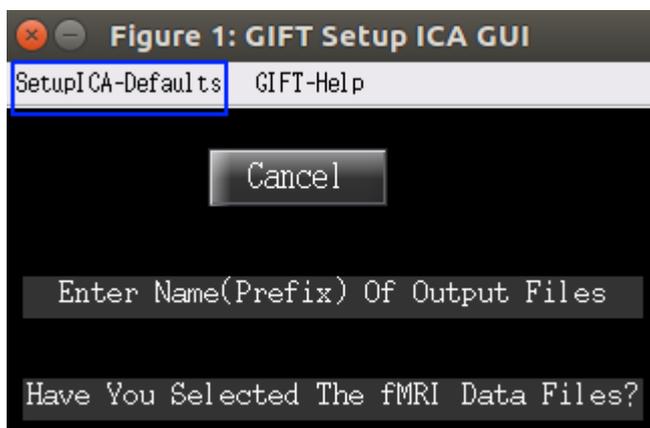


8. Do You Want To Estimate The Number Of Independent Components?是否估计成分数? 选择Yes;

9. Do you want to use all subjects to estimate the number of independent components?选择 Yes, 稍作等待 (如果被试很多, 可能需要花很长时间), 会弹出新界面显示估计出的成分为17;

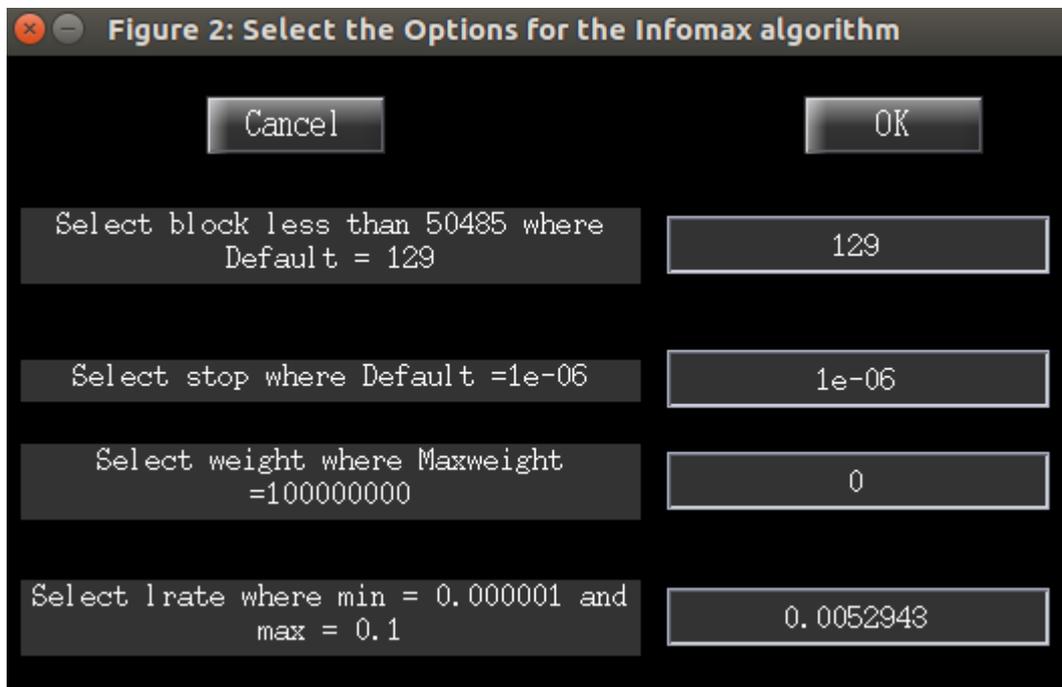


10. Number Of IC设置成分数为17, 即上一步估计的结果;
11. Do you want to autofill data reduction values?默认为Yes, 保持不变;
12. Which Algorithm Do You Want To Use?默认为Infomax, 保持不变 (也可以选择其他算法);
13. Select stability analysis type默认为Regular, 保持不变 (也可以选择ICASSO或MST);
14. How do you want to run Group ICA?默认为Serial, 保持不变 (也可以选择Parallel);
15. 点击左上方的SetupICA-Defaults, 会弹出一个新界面, 该界面的内容保持默认设置即可, 也可以根据自己需要更改, 选择Done, 该界面消失;

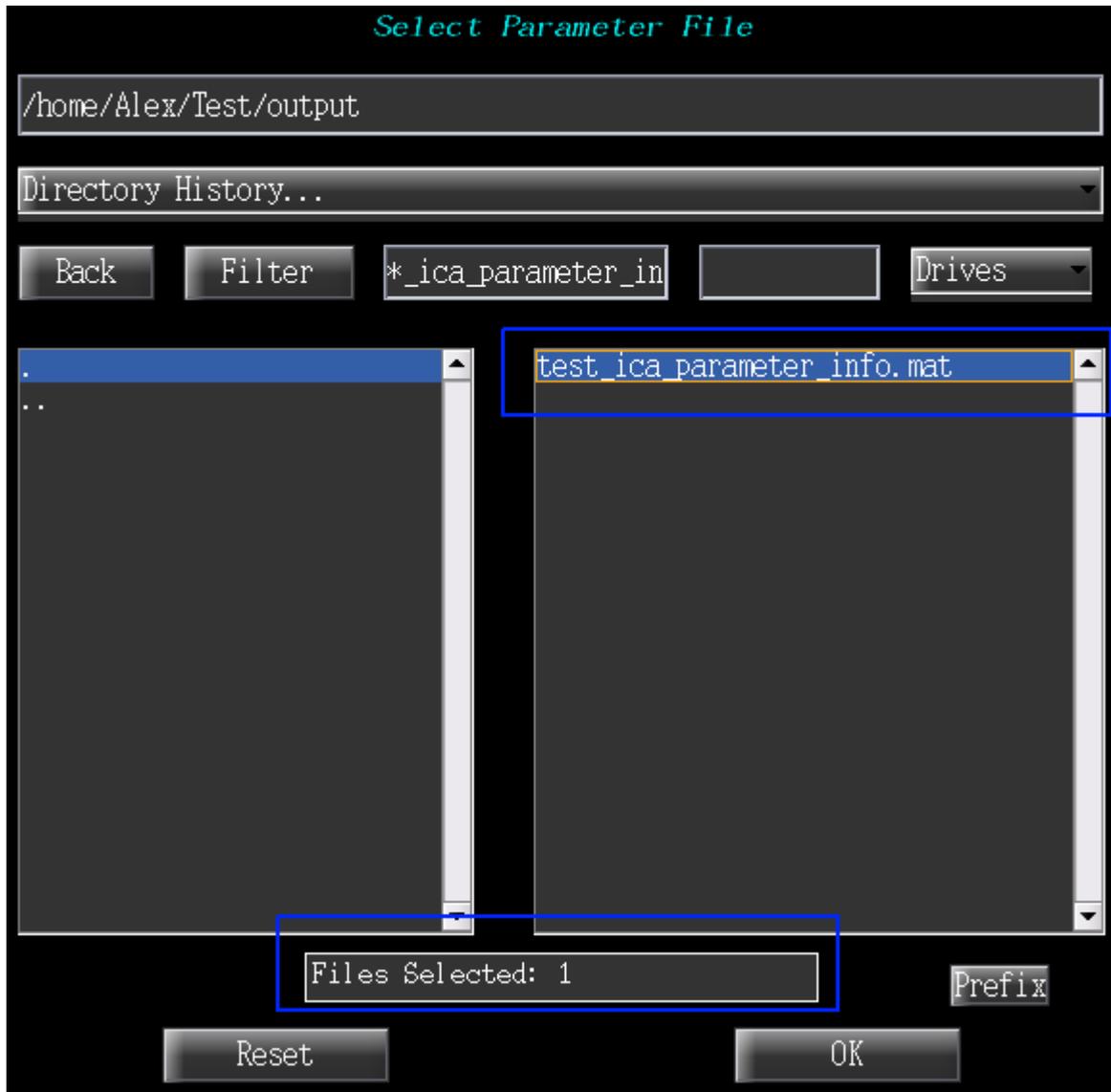


| Cancel | | Done | |
|--|-----------------------|------|--|
| Select Type Of Data Pre-processing | Remove Mean Per Ti... | ? | |
| What Mask Do You Want To Use? | Default Mask | ? | |
| Select Type Of PCA | Standard ... | ? | |
| Select Type Of Group PCA | Subject Specific | ? | |
| Select The Backreconstruction Type | GICA | ? | |
| Do You Want To Scale The Results? | Z-scores ... | ? | |
| Select Group ICA Type | Spatial | ? | |
| How Many Data Reduction(PCA) Steps Do You Want To Run? | 2 | ? | |
| Number Of PC (Step 1) | 26 | ? | |
| Number Of PC/IC (Step 2) | 17 | ? | |

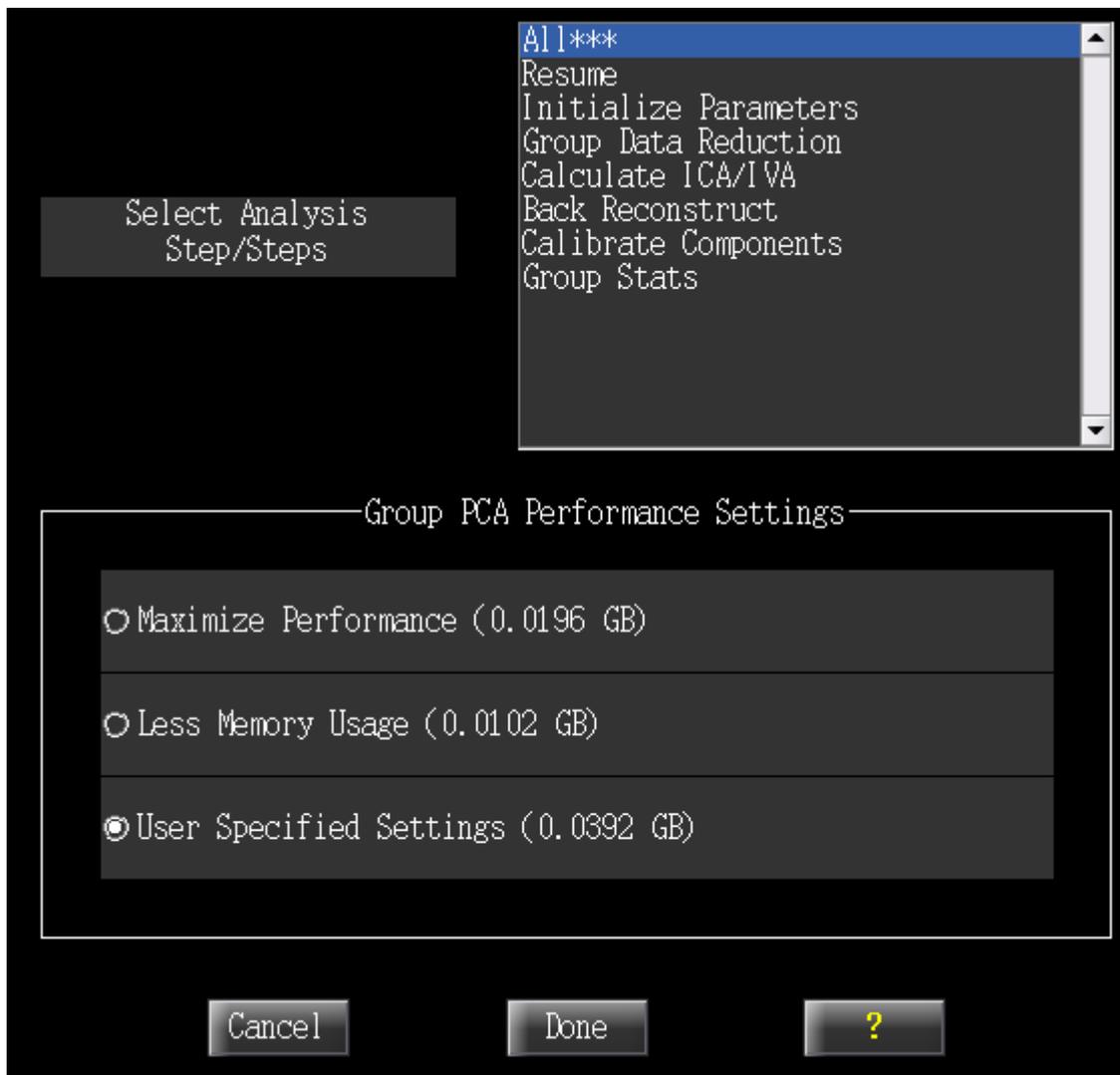
16. 点击Done，会弹出设置Informax算法的界面，保持不变；



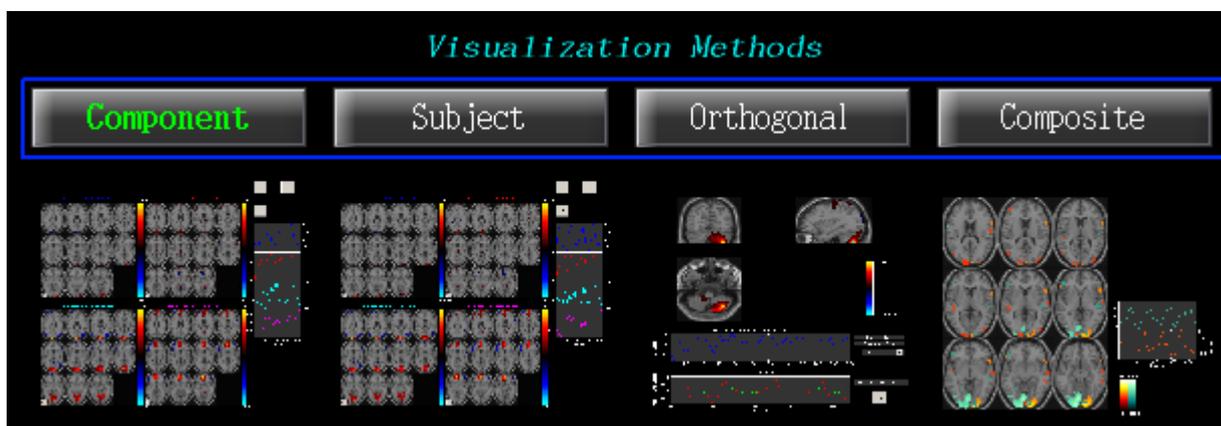
17. 选择Run Analysis，在弹出的界面选择 `test_ica_parameter_info.mat` 文件，其中test为前面设置的前缀；



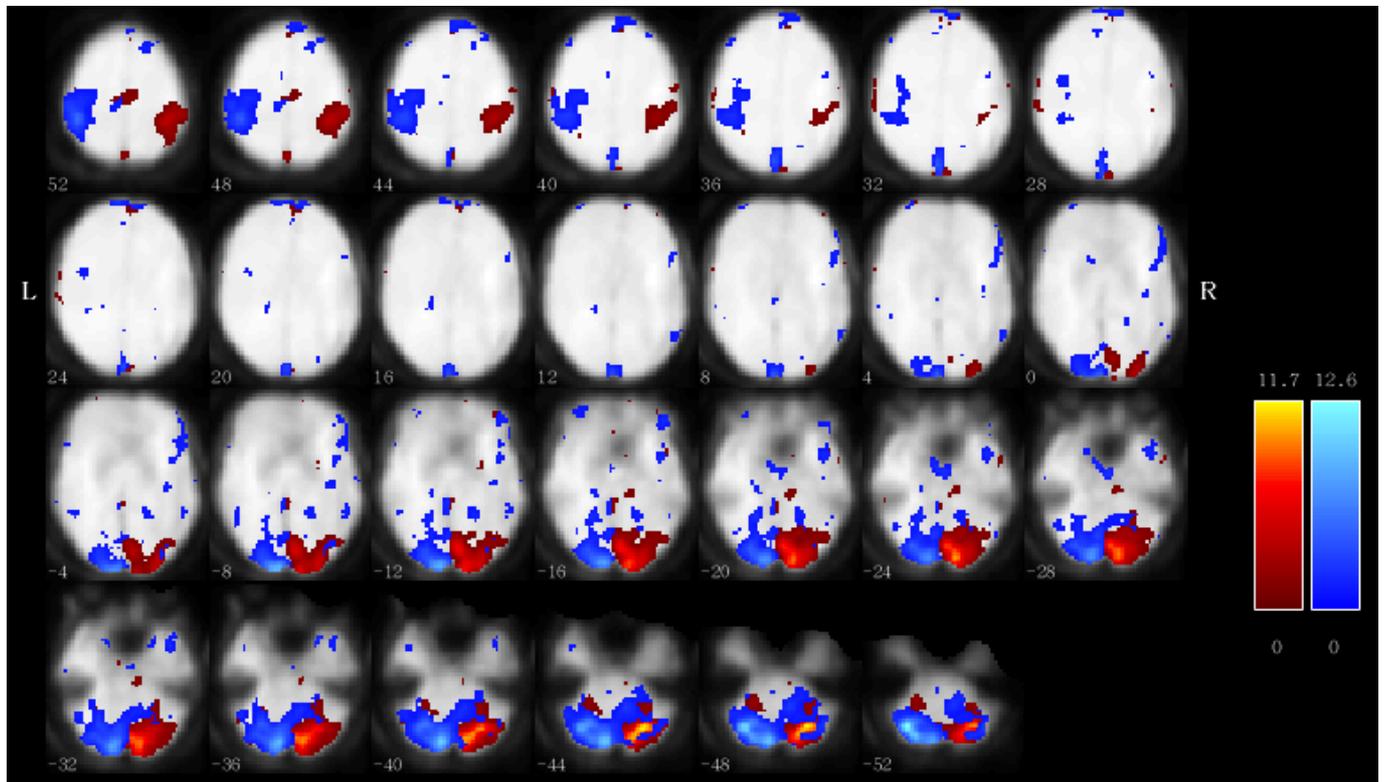
18. 在弹出的界面中保持默认设置；



19. 运行结束后，默认会打开一个图像查看器，提供了四种看图方式，Component模式可以查看所有成分，Subject模式可以查看所有被试的某一个成分，Orthogonal模式可以查看某个被试的某个成分，而Composite模式可以查看某个被试的多个成分并叠加在一起；



20. 下图即为使用Composite模式查看两个与视觉运动任务相关的成分：



四、使用脚本进行ICA

使用脚本进行ICA同样包括两步，第一步设置参数脚本，第二步运行脚本。GIFT在 `icatb_batch_files` 文件夹下提供了三个脚本模板：`Input_spatial_ica.m`，`Input_data_subjects_1.m`，`Input_data_subjects_2.m`。这里以 `Input_spatial_ica.m` 为例介绍如何设置参数脚本。

1. 在Matlab中打开 `Input_spatial_ica.m`，每一行前面有%的为注释内容（绿色），我们需要自定义的是非注释内容（黑色）。有一些不需要的选项可以在前面加上%注释掉。可以新建一个脚本（假设命名为`giftBatch.m`），复制 `Input_spatial_ica.m` 的全部内容，在新建的脚本上进行修改。

```

% Enter the values for the variables required for the ICA analysis.
% Variables are on the left and the values are on the right.
% Characters must be entered in single quotes
%
% After entering the parameters, use icatb_batch_file_run(inputFile);

%% Modality. Options are fMRI and EEG
modalityType = 'fMRI';

%% Type of stability analysis
% Options are 1 and 2.
% 1 - Regular Group ICA
% 2 - Group ICA using icasso
% 3 - Group ICA using Minimum spanning tree (MST)
which_analysis = 1;

```

2. ModalityType默认为fMRI;
3. which_analysis 默认为1, 即Regular Group ICA;
4. 由于第3步设置为1, 则不需要设置ICASSO选项, 可以把这些选项注释掉;

```

%% ICASSO options.
% This variable will be used only when which_analysis variable is set to 2 or 3.
%%icasso_opts.sel_mode = 'randinit'; % Options are 'randinit' and 'mst'
%%icasso_opts.num_ica_runs = 5; % Number of times ICA will be run.
% Most stable run estimate is based on these settings.
%%icasso_opts.min_cluster_size = 2; % Minimum cluster size
%%icasso_opts.max_cluster_size = 15; % Max cluster size. Max cluster size must be greater than min cluster size.

```

5. TR默认为1, 可以根据实际情况修改。TR跟ICA本身没有关系, 但是跟计算FNC等有关;
6. group_ica_type 默认为spatial;
7. parallel_info.mode / parallel_info.num_workers 保持默认;
8. perfType保持默认;
9. keyword_designMatrix 默认为no, 设计矩阵主要为了给成分排序, 这里暂时不考虑, 因此可以把OnedesignMat注释掉;
10. dataSelectionMethod默认为4, GIFT提供了四种输入数据的方式, 方法4就是直接列出每一个被试数据的绝对路径;

11. 设置 `input_data_file_patterns` , 如下图:

```
%% Method 4
% Input data file pattern for data-sets must be in a cell array. The no. of rows
% and columns correspond to sessions. In the below example, there are 3
% subjects and 1 session. If you have multiple sessions, please see
% Input_data_subjects_2.m file.
input_data_file_patterns = {'/home/Alex/Test/visuomotor/sub01_vis/ns*.img';
                            '/home/Alex/Test/visuomotor/sub02_vis/ns*.img';
                            '/home/Alex/Test/visuomotor/sub03_vis/ns*.img'};
```

12. `input_design_matrices` 可以注释掉, 因为前面设置了 `keyword_designMatrix` 为no;
13. `dummy_scans` 默认为0, 即是否去掉前几个时间点的数据;
14. `outputDir`设置输出目录, 所有分析结果将保存在这个目录下;
15. 设置输出文件名前缀, 默认prefix为Visuomotor;
16. 设置mask文件, 默认为空, 即使用GIFT默认的mask;
17. `group_pca_type` 保持默认;
18. `backReconType`保持默认;
19. `preproc_type` 默认为3, 即Intensity normalization。如果选择这种预处理, 则后面的 `scaleType`只能选择0, 即Don't scale;
20. `numReductionSteps`保持默认;
21. `doEstimation`默认为0, 设置为 1 ;
22. `estimation_opts.PC1 / estimation_opts.PC2` 保持默认;
23. `numOfPC1/numOfPC2`注释掉, 因为选择了自动估计成分;
24. `scaleType`默认为0, 因为前面 `preproc_type` 选择了Intensity normalization, 因此只能选择 Don't scale;
25. `algoType`保持默认;
26. `icaOptions`保持默认;
27. `refFunNames`注释掉;
28. `refFiles`注释掉, 到此为止参数脚本的设置已经完成;

29. 在Matlab命令行窗口中运行

```
icatb_batch_file_run('/home/Alex/Test/MyScript/giftBatch.m')。
```

命令行窗口

```
fx >> icatb_batch_file_run('/home/Alex/Test/MyScript/giftBatch.m')
```

五、单被试ICA与多被试ICA

不同于Melodic单被试ICA和多被试ICA（也叫做组水平ICA）算法是分开的，GIFT中单被试和多被试ICA是混合在一起的，如果输入数据是一个被试，那就做单被试ICA；如果输入数据是多个被试，那就做多被试ICA。这就使得对多个被试分别进行单被试ICA变得困难，这里提供一个解决方法，思路是将数据输入路径、输出路径等设置为全局变量，然后通过循环的方式逐个进行单被试ICA。

1. 修改上面的脚本，在开头声明全局变量，将输入文件名和输出目录设置为全局变量：

```
global FILENAME;  
global OUTPUTDIR;  
...(省略中间代码)  
input_data_file_patterns = {FILENAME};  
outputDir = OUTPUTDIR;
```

2. 新建一个脚本，声明全局变量，并通过循环的方式修改全局变量的值，也就是不同被试的输入文件名和输出目录：

```
global FILENAME;  
global OUTPUTDIR;  
for idx = 1:3  
    FILENAME = ['/home/Alex/Test/visuomotor/sub0' idx '_vis/ns*.img' ];  
    OUTPUTDIR = ['/home/Alex/Test/output_sub0' idx];  
    icatb_batch_file_run('/home/Alex/Test/MyScript/giftBatch.m');  
end
```