

# 使用ANTs分析皮层厚度

Alex / 2018-01-14 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

更新于2023-06-28，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

ANTs提供了一个基于volume的皮层厚度分析流程（相比于FreeSurfer基于surface的分析流程），这里记录一下如何使用ANTs分析和比较两组被试的大脑皮层厚度。原理细节请参考：

Tustison, N. J., Cook, P. A., Klein, A., Song, G., Das, S. R., Duda, J. T., ... & Avants, B. B. (2014). Large-scale evaluation of ANTs and FreeSurfer cortical thickness measurements. *Neuroimage*, 99, 166-179.

## 一、使用antsCorticalThickness.sh计算皮层厚度

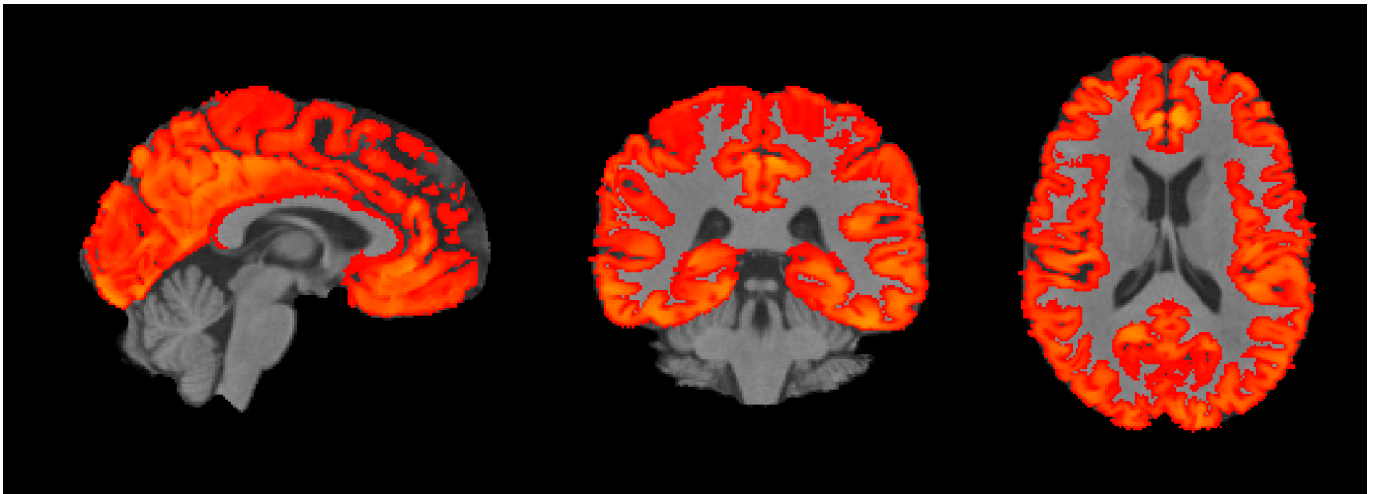
类似于FreeSurfer的recon-all命令，ANTs提供了一个[antsCorticalThickness.sh](#)的脚本，用于估计单个被试的皮层厚度，具体用法如下：

```
bash ${ANTSPATH}/antsCorticalThickness.sh -d 3 -x 25 -u 0 \  
-a ${DATA_DIR}/mprage.nii.gz \  
-e ${TEMPLATE_DIR}/T_template0.nii.gz \  
-m ${TEMPLATE_DIR}/T_template0_BrainCerebellumProbabilityMask.nii.gz \  
-p ${TEMPLATE_DIR}/Priors2/priors%d.nii.gz \  
-t ${TEMPLATE_DIR}/T_template0_BrainCerebellum.nii.gz \  
-f ${TEMPLATE_DIR}/T_template0_BrainCerebellumRegistrationMask.nii.gz \  
-o ${OUT_DIR}/test
```

其中mprage.nii.gz为原始的T1加权像作为输入，`${TEMPLATE_DIR}` 文件夹下的内容为ANTs提供的模板文件，包括带颅骨的模板、去掉颅骨的模板、去掉颅骨的概率mask、配准的mask和不同组织的先验模板。这里使用OASIS模板（[下载地址](#)）。

脚本运行结束后，会在输出文件夹下生成名为 `*CorticalThickness.nii.gz` 和 `*CorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz` 的文件，前者表示个体空间的皮层厚度、后者表示转换到模板空间的皮层厚度，`*` 表示指定的前缀（比如这里为test）。

个体皮层厚度的估计结果如下：



## 二、Voxel-wise组间比较

因为 `*CorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz` 为转换到模板空间的皮层厚度，所以可以使用该文件进行voxel-wise的组间比较。这里使用FSL的置换检验和TFCE多重比较校正进行组间比较。

### 1. 连接所有被试的皮层厚度文件

假设共有两组被试，每组各10名，经过`antsCorticalThickness.sh`后，每个被试都有一个名为 `*CorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz` 的文件。将所有被试的该文件连接起来，生成一个4D文件，第4个维度即为被试。该4D文件即为进行统计分析的输入文件。

该怎么生成这个4D文件呢？我的做法是，首先将所有的被试的皮层厚度文件的绝对路径输入到一个文本文件中（假设文件名为`CTfiles.txt`），格式如下：

```
/home/alex/ANTsCT/Sub01/testCorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz  
/home/alex/ANTsCT/Sub02/testCorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz  
/home/alex/ANTsCT/Sub03/testCorticalThicknessNormalizedToTemplate.nii.gz  
...
```

其次使用`fslmerge`命令：

```
fslmerge -t CTfiles.nii.gz $(cat CTfiles.txt)
```

其中`CTfiles.nii.gz`即为包含所有被试皮层厚度的4D文件。

### 2. 设置设计矩阵和contrast文件

设置方法参见FSL的[使用手册](#)以及我的另一篇[学习记录](#)，这里不再赘述。

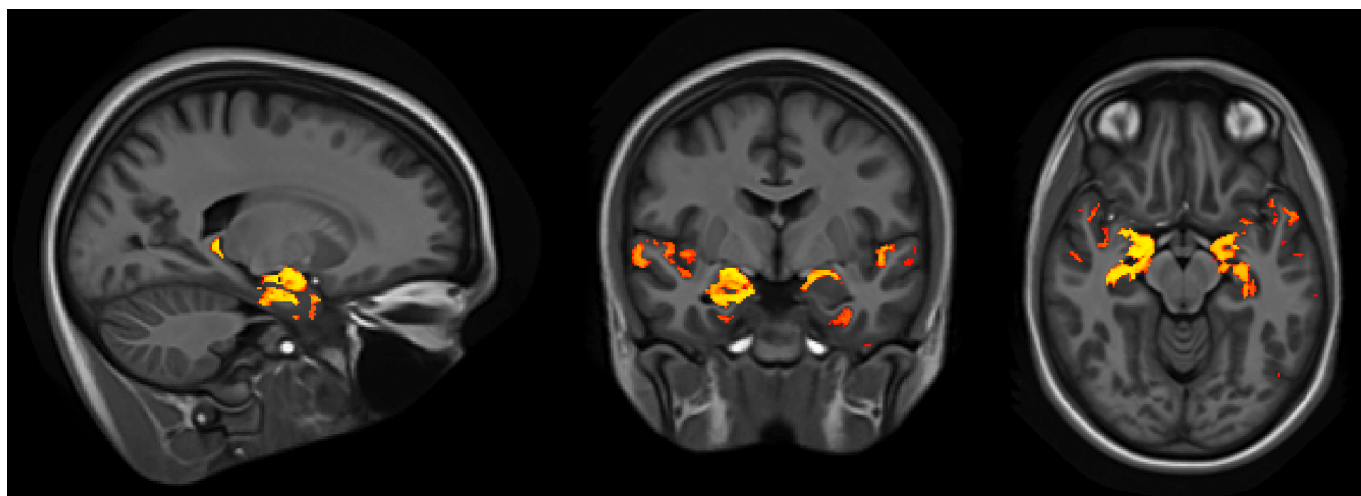
### 3. 使用randomise命令进行置换检验和多重比较校正

```
fslmaths ${TEMPLATE_DIR}/Priors2/priors2.nii.gz -thr 0.01 \  
-dilF -bin CTmask.nii.gz  
randomise -i CTfiles.nii.gz -o test -d CTdesign.mat \  
-t CTdesign.con -m CTmask.nii.gz -n 5000 -T
```

我首先根据模板文件夹下的灰质模板生成一个组mask（即CTmask.nii.gz），将统计分析的范围缩小；选项 -T 表示进行TFCE校正。

分析完成后，会生成名为 \*\_tfce\_corrptstat1.nii.gz 和 \*\_tfce\_corrptstat2.nii.gz 的文件，\* 表示指定的输出前缀（这里为test）。randomise只能进行单边假设检验，所以 1 表示第一组大于第二组，2 表示第一组小于第二组。

组间比较结果如下：



2023-06-28更新

上面是针对voxel-level进行的统计分析，但是一般使用ANTs分析皮层厚度的文献似乎都是ROI-level的，即根据分区模板提取不同脑区的平均皮层厚度。我个人觉得主要原因是，每个体素的皮层厚度的数值不太直观，解释起来比较困难（更好的方式还是像CAT一样在皮层上来做统计）。

上面的组间比较发现，存在显著差异的脑区主要集中在海马，由于我以前在测试CAT的时候也是用的同一批数据，显著差异的脑区也在海马，所以我当时觉得这个分析还挺准确的。今天重新整理的时候，我突然意识到从ANTs的原理上来讲，海马是没有办法估计皮层厚度的。

## 三、优化分析

1. 这里使用的是ANTs提供的OASIS模板，更好的做法是构建一个基于当前样本的模板。ANTs同样提供了构建模板的方法和脚本。

2. 这里统计分析是在OASIS模板空间进行的，如果想在MNI模板空间报告结果，可以将OASIS模板配准到MNI模板，然后将统计检验的结果转换到MNI空间。