使用FSL和TrackVis分析DTI数据

Alex / 2018-05-21 / free-learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-07-10,主要是文字排版上的更新,内容基本保持不变。

一、背景

弥散加权成像(Diffusion Weighted Imaging, DWI)通过测量水分子的弥散程度来反映水分子所 处的组织结构特点,弥散张量成像(Diffusion Tensor Imaing, DTI)通过张量模型来定量地刻画 水分子的弥散程度,也是最简单的一种模型。作为初学者,总结一下使用FSL和TrackVis进行DTI 数据分析的基本方法,包括涡流/头动校正(eddy current/head motion correction)、张量拟合 (tensor fitting)和确定性纤维束追踪(deterministic tractography)。

2023-07-10 当初学习TrackVis的原因是因为PANDA调用了TrackVis来做确定性追踪。但是 TrackVis文档很不清楚而且似乎停止更新了,所以不建议再使用这个软件。PANDA也停止更新多 年,同样不建议使用。

二、原始数据准备

- 1. 将从磁共振扫描仪上采集的原始数据转换成NIFTI格式,可以使用dcm2nii或者MRIConvert。 2023-07-10 dcm2nii和MRIConvert都停止更新了,建议使用dcm2niix。
- 2. 假设转换成NIFTI格式后的数据名为 dti_data.nii.gz ,此外还会生成两个文本文件,分别 表示磁场梯度施加的强度和方向,这里假设这两个文件分别命名为 bvals 和 bvecs 。这两个 文本文件的内容如下:

bvals

0 0.99993 0.00128041 -0.0180648 0.592639 -0.229531 -0.890141 0.803091 0.238656 0.939647 0.502617 0.341063 0.449088 -0.480318 -0.613952 -0.584169 -0.825272 0.888598 0.281515 0.11256 -0.803263 0.517219 -0.79346 0.95111 0.239717 -0.0311588 0.217354 0.775098 -0.151789 -0.152129 0.890918 -0.568821 -0.372234 -0.314638 -0.32396 -0.96307 -0.957732 0.452332 -0.771881 0.716213 -0.686556 0.677034 -0.136249 -0.735386 -0.0966536 0.589117 -0.0792593 -0.551097 0.834046 0.370073 -0.191808 -0.721579 0.427873 0.508602 -0.179827 0.471997 0.388607 -0.707609 0.257352 -0.00867767 0.0397674 0.56155 -0.290742 0.725738 0.267167 0 0.000274585 0.990801 0.539455 -0.793696 -0.632457 -0.307696 0.0472297 0.88265 0.0945439 -0.812442 -0.783426 -0.537854 -0.493708 0.611082 0.00736896 -0.545701 0.0216816 -0.426635 -0.918984 0.45979 0.888671 0.232538 -0.260314 0.696876 -0.0509974 -0.974151 -0.624492 0.226526 0.814883 0.386646 0.338039 0.0159661 -0.0694053 -0.256998 -0.268826 0.177109 -0.889767 0.609922 0.325735 -0.0756433 0.592332 -0.811519 0.309161 0.7383 -0.666506 -0.461555 -0.820578 -0.412471 -0.658539 0.511453 -0.687571 0.755874 0.612573 -0.387591 0.312369 -0.862947 -0.335241 0.928931 0.213089 -0.953181 -0.194807 0.2738 0.55694 0.96267 0 0.0118658 -0.135221 -0.841821 -0.137207 -0.739806 -0.336113 -0.593982 -0.404366 -0.328824 0.295489 0.519538 0.713465 -0.724946 -0.499642 0.811599 -0.145383 0.458175 0.859495 0.377688 0.37631 -0.280242 0.522674 8 -0.166213 -0.675944 0.998213 -0.0615392 -0.0969066 -0.962105 0.559305 -0.238265 0.749782 -0.928001 0.946671 -0.910495 -0.0151403 -0.226674 0.0609166 -0.179427 -0.6172 -0.723131 0.436769 -0.326219 -0.603014 -0.667511 -0.456849 -0.880564 -0.151473 0.36638 -0.655255 0.87631 0.0810537 0.495559 -0.665044 0.904121 -0.824406 -0.52266 -0.622015 0.266191 0.976994 -0.2929776 0.804184 0.916789 -0.0434478

bvecs

- 3. bvals和bvecs这两个文件表示什么意思?DWI的大致原理是在不同方向上施加一个梯度磁场,这个梯度磁场的强度用b-value来表示,b-value越大、水分子弥散的距离越大、图像信号变化越明显;DTI模型总共需要估计六个参数,所以至少需要在6个不同方向上施加梯度,梯度方向用b-vector来表示;还需要至少一个没有施加梯度的图像作为参考,常称为B0像。上面的bvals文件总共1行65列,表示总共采集了65个图像,第1个图像的b-value是0,后64个图像的b-value是1000; bvecs文件总共有3行65列,表示在每个图像上所施加的梯度方向。
- 4. B0图像和DWI图像:



上图是数据中的前四个图像,第一个图像是B0像,后三个图像是DWI像,虽然b-value都是 1000,但是梯度方向不同,因此图像信号也会有变化。

三、涡流/头动校正

在拟合张量模型之前,需要对图像进行一些涡流和头动校正,这里使用的是FSL 5.0.11。

1. 脑提取

脑提取的目的就是为了获得一个(去除颅骨后)脑的mask,可以使用如下命令:

fslroi dti_data.nii.gz b0.nii.gz 0 1
bet b0.nii.gz b0_brain.nii.gz -m -f 0.3



2. acqparams.txt和index.txt

新建一个名为 acqparams.txt 的文本文件,内容为 0 1 0 0.05 ,该文件描述的是图像采集的信息。根据FSL官网的文档,该文件的正确性与否并不重要,在大多数情况下使用前面的设置即

可。另外,正确地填写这些信息需要对扫描参数有更深入的了解;新建一个名为 index.txt 的文本文件,方法为:

上述代码的作用就是新建一个一列全为1的数,并保存到 index.txt 文件中;这个文件中的1表示 该图像采集的参数对应于 acqparams.txt 文件的第一行。由于 acqparams.txt 里只有一行,所 以所有图像都是1。

3. 涡流/头动校正

eddy_corrected_data.nii.gz 即为涡流/头动校正后的数据, eddy_corrected_data.eddy_rotated_bvecs 为头动校正后的b-vector文件。

四、张量拟合

张量拟合结束后就可以得到一些定量指标,比如FA(Fractional Anisotropy)和MD(Mean Diffusivity):



FA反映的是组织结构的方向性,如果水分子的弥散运动在某些方向上受到阻碍,在另一些方向上 不受阻碍,则FA较大;FA较大的地方主要是在白质部分。MD表征水分子在所有方向上的平均弥 散距离,如果没有受到阻碍,则MD较大;MD较大的地方主要在脑脊液。Color FA的计算方法是 第一个特征向量(first eigenvector,文件名为 dti_V1.nii.gz)乘上FA;第一个特征向量被认为 反映(一个体素内)纤维束的平均方向,所以Color FA表示FA较大的区域的纤维束的方向。一般 地,红色表示左右(X轴),绿色表示前后(Y轴),蓝色表示上下(Z轴)。

五、确定性纤维束追踪

纤维束追踪就是重建出神经纤维束,分为确定性纤维束追踪和概率纤维束追踪两种类型,纤维束 追踪需要对人脑的纤维束有相当的先验知识(而我没有这样的先验知识)。这里使用TrackVis进 行确定性纤维束追踪。由于纤维束追踪是根据张量拟合的结果进行的,我现在还不清楚是否可以 用FSL的拟合结果来作为TrackVis的输入,因此需要用TrackVis重新进行张量拟合并在此基础上进 行确定性纤维束追踪。TrackVis实际上包含两个相对独立的软件,一个是TrackVis用于可视化, 一个是Diffusion Toolkit用于张量拟合和纤维束追踪,这里不做区分。

1. 准备文件

由于TrackVis不能进行涡流/头动校正,使用FSL的校正后的结果作为输入。另外,TrackVis的b-vector的格式不同于FSL,首先FSL的b-vector的格式是每列表示一个梯度方向,TrackVis是每行表示一个梯度方向,其次TrackVis需要去掉b-value为0所对应的梯度方向。下面是一个简单的R脚本,将FSL的bvecs转换为TrackVis的格式:

```
tmp <- as.matrix(read.table('eddy_corrected_data.eddy_rotated_bvecs'));
tmp <- t(tmp); ## transpose the matrix
tmp <- tmp[-1,]; ## remove the b0 rows
write.table(tmp, 'trackvis_bvecs', row.names=FALSE, col.names=FALSE);</pre>
```

0.9998748468 0.004242372498 0.01524116265 -0.001985023882 0.9910491508 -0.1334827345-0.01714178242 0.5413708134 -0.84060918490.5961638117 -0.791111436 -0.136862725 -0.2242421927 -0.6313897744 -0.7423357676-0.8876333838 - 0.3109156389 - 0.33976233080.8043029464 0.05242739946 -0.5919021357 0.2315036004 0.8851403207 -0.4036492234 0.9390192453 0.1024770035 -0.3282397306 0.5073860481 -0.8099956096 0.2940518843 0.3455705748 -0.7824944927 0.5179607579 0.4519189437 -0.5368017987 0.7124697167 -0.4761718816 -0.4953545886 -0.7265563782-0.6173832129 0.607957979 -0.4992244628-0.5849877179 0.001667913561 0.8110404355 -0.821492133 -0.5509134299 -0.1471226298 0.8882048035 0.02649528646 0.4586831442 0.2835720181 -0.4271348528 0.8585701649

上图即为修改后的bvecs

2. 张量拟合

dti_recon "eddy_corrected_data.nii.gz" "trackvis" -gm "trackvis_bvecs" \
 -b 1000 -b0 1 -ot nii.gz

-gm 选项指定b-vector文件, -b 选项表示b-value, -b0 选项表示有多少个b0图像。FSL和 TrackVis的张量拟合结果有微小的差异(大约小数点后第三位)。

3. 全脑纤维束追踪

-m 选项表示将追踪限制在脑mask内, -m2 选项表示将追踪限制在FA大于0.2的区域; spline_filter 命令对追踪结果做一些平滑。在命令行输入 trackvis trackvis.trk ,即可查 看追踪结果:



4. 基于ROI纤维束追踪

上图是全脑的纤维束追踪结果,对于纤维束追踪的原理我现在还是模糊的,我当前的理解是,以 每一个体素为起点(seed),都可以得到一条重建的纤维,那么以所有体素为起点的结果叠加在 一起即为全脑的追踪结果。如果只想看到通过特定ROI的纤维束,可以使用该ROI作为过滤器,去 除不感兴趣的纤维束。这里假设我感兴趣的区域是大脑白质,我通过对T1加权像进行分割和配准 得到白质的mask,即白质ROI,实现代码如下:

```
## 去除T1像的颅骨
bet t1.nii.gz t1_brain.nii.gz
## 将T1像分割成灰质、白质和脑脊液三类
fast -t 1 -n 3 -H 0.1 -I 4 -l 20.0 -o t1 t1_brain.nii.gz
fslmaths t1_pve_2.nii.gz -thr 0.5 -bin wm_mask.nii.gz
## 使用BBR配准,将B0像配准到T1像
flirt -ref t1_brain.nii.gz -in b0_brain.nii.gz -dof 6 -omat b02t1_init.mat
flirt -ref t1_brain.nii.gz -in b0_brain.nii.gz -dof 6 -cost bbr \
        -wmseg wm_mask.nii.gz -init b02t1_init.mat -omat b02t1.mat -out b02t1Warp
## 将T1的白质mask转换到B0像空间
convert_xfm -omat t12b0.mat -inverse b02t1.mat
flirt -in wm_mask.nii.gz -ref b0_brain.nii.gz -out wm_maskWarp -init t12b0.mat \
        -applyxfm -interp nearestneighbour
## 将白质mask缩小,减少配准误差的影响
fslmaths wm_maskWarp -ero wm_mask_ero
```

在TrackVis的菜单栏选项 ROI -> New ROI From Nifti/Analyze Image ,选择上一步得到的白质 ROI mask,即 wm_mask_ero.nii.gz;在TrackVis的右侧的Property界面,选择 ROI Filters -> Toggle Existing ROI ,即得到通过白质ROI的纤维束:



Property					
Track 📒 RO		Segmentation		ODF	
Property		Value			
Name		Track 1			
Visibility		On			
Annotation		On			
⊕ Length Th… [0 mm, 150.773 mm]					
ROI Filters					
🕂 🗖 wm… 🗍		ny Part			
TrackGrou····					
🖻 - Slice Filters					
⊕-X []5					
τ+···γ	T 57	,			





white matter ROI Tracts through ROI

上述做法是先做出全脑的纤维束,然后使用ROI过滤掉不感兴趣的部分;也可以在做纤维束追踪 的时候,将起点限制在ROI里,也就是只从ROI里的区域出发来重建纤维束,代码如下:

dti_tracker "trackvis" "tmp.trk" -at 35 -m "b0_brain_mask.nii.gz" \ -m2 trackvis_fa.nii.gz 0.2 -sl -it nii.gz -sm wm_mask_ero.nii.gz spline_filter "tmp.trk" 1 "wm_seed.trk"



六、小结

总结了使用FSL进行涡流/头动校正、张量拟合,以及使用TrackVis进行确定性纤维束追踪的基本 方法。这些方法都是来自于FSL和TrackVis的官方文档(TrackVis的文档不够详细)。对于原理的 理解上,还非常粗浅,有些理解完全是个人的猜测,需要进一步确认。因此,多有谬误,敬请指 正。