

使用gRAICAR进行独立成分分析

Alex / 2018-08-19 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-07-15，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

一、背景

独立成分分析（ICA）是一种常用的分析fMRI数据的方法，最开始是用于分析个体被试的数据。由于独立成分分析本身所具有的次序不确定性，如何将个体被试水平的ICA拓展到组水平上是一个问题。其中一个解决思路是，将个体水平ICA的结果进行聚类分析，将不同被试的独立成分匹配起来，再进行分析组分析。gRAICAR就是一种聚类分析算法，也是我目前能找到的唯一一个公开的针对独立成分进行聚类的工具包。gRAICAR基于Matlab，并且提供了图形界面。

二、下载和安装gRAICAR

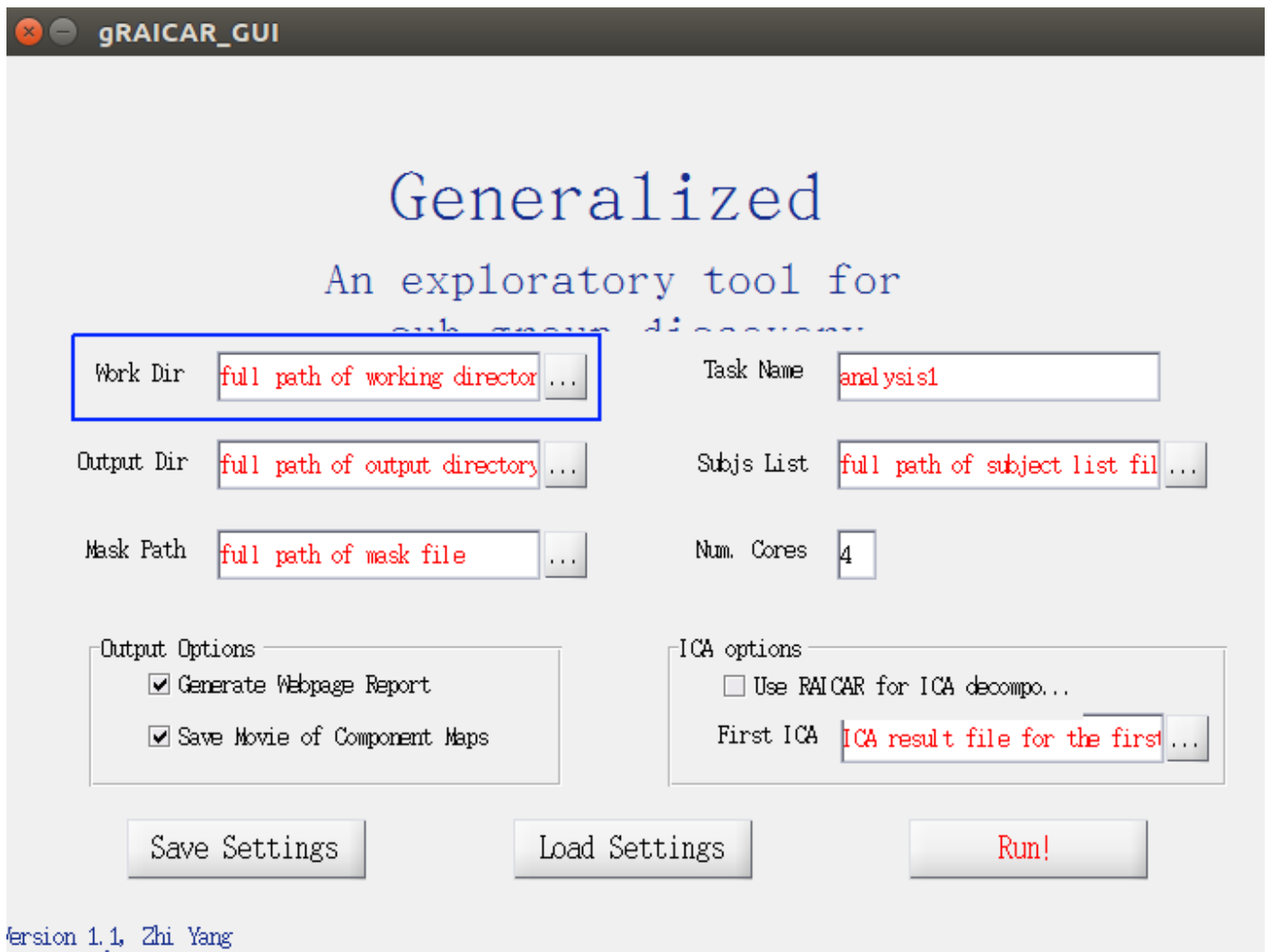
下载gRAICAR工具包（<https://github.com/yangzhi-psy/gRAICAR>），并将其加入Matlab的搜索路径。

三、准备数据

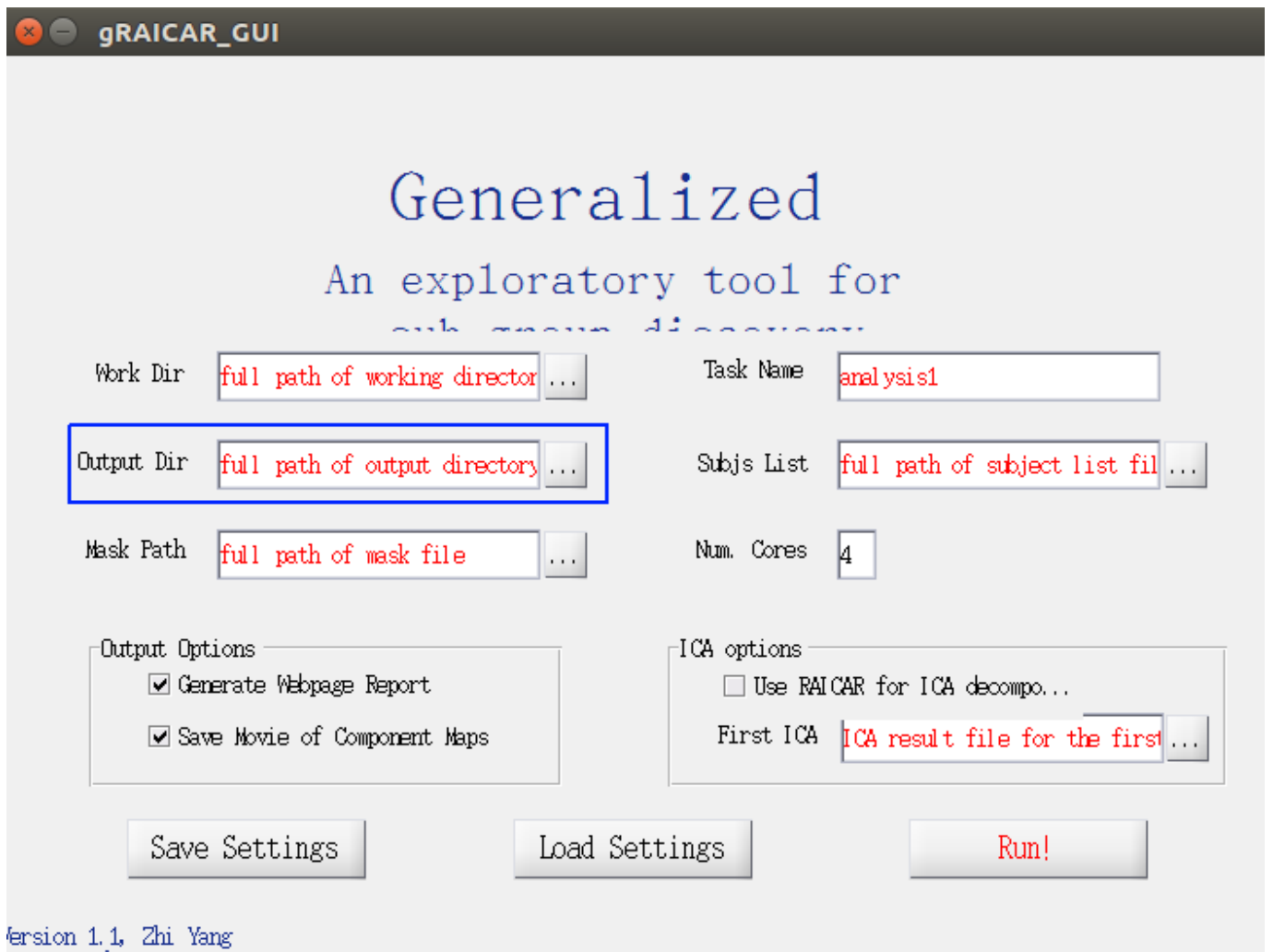
gRAICAR要求的数据结构是这样的，所有被试的数据放在一个文件夹下，假设该文件夹命名为myData；每个被试有一个文件夹，假设命名为S001, S002, S003等，该文件夹存放着该被试的位于标准空间（比如MNI152空间）的个体水平独立成分，假设文件名为 `std_ic.nii.gz`；在myData文件夹下还存放着被试列表文件和组水平mask文件，被试列表文件的内容为每个被试文件夹的名字，即上面的S001, S002, S003等，假设命名为 `sublist.txt`，组水平mask文件表示所有被试全脑mask的交集，假设命名为 `grpmask.nii.gz`。对于如何得到个体水平的独立成分，可以使用FSL的Melodic或者GIFT，也可以使用gRAICAR内置的RAICAR算法，但是该算法非常耗时。

四、使用gRAICAR图形界面

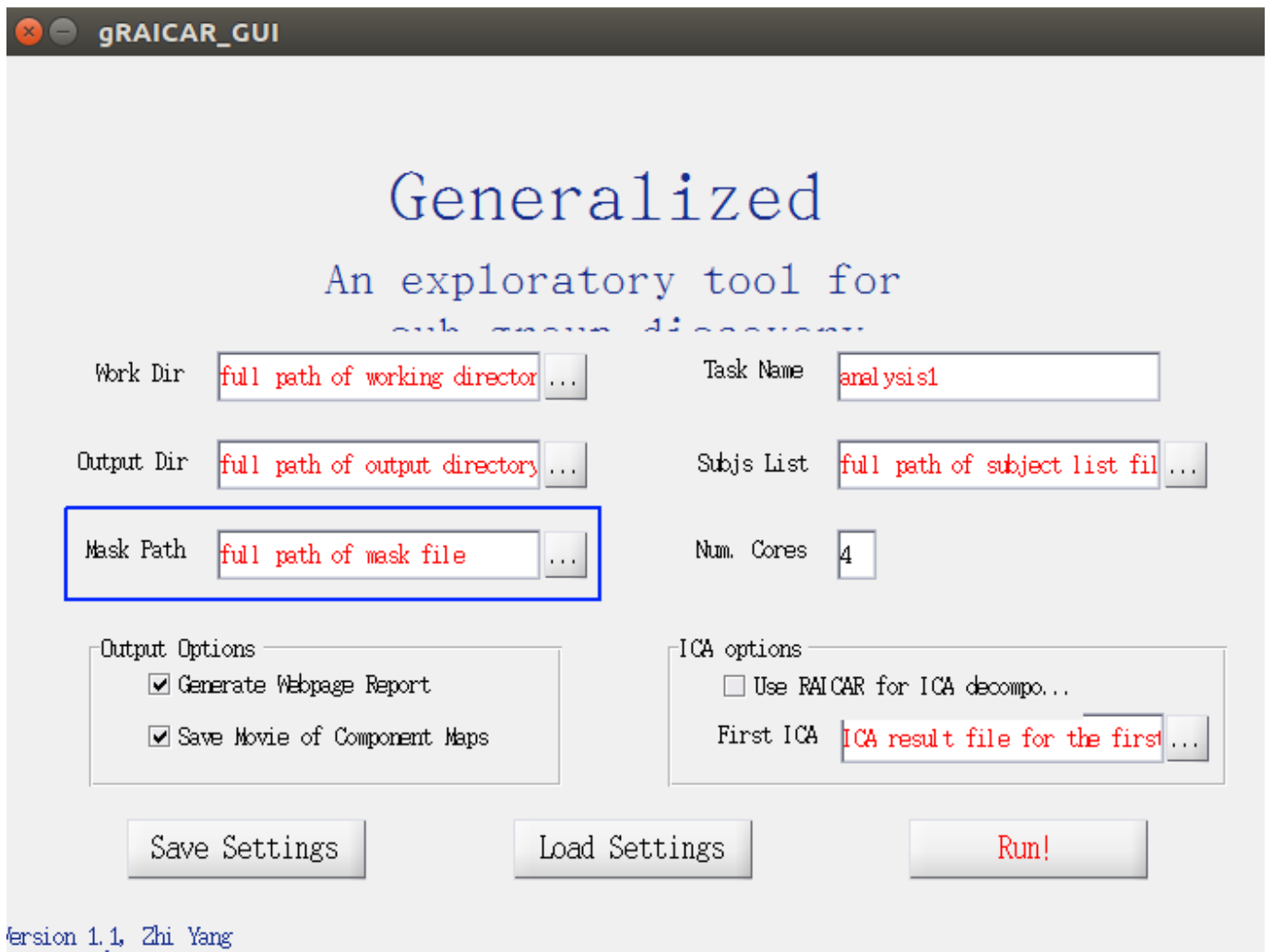
1. 在Matlab的命令行窗口中输入 `gRAICAR_GUI`，在弹出的图形界面中设置数据参数。
2. 设置数据文件夹路径，假设为 `/home/alex/myData`。



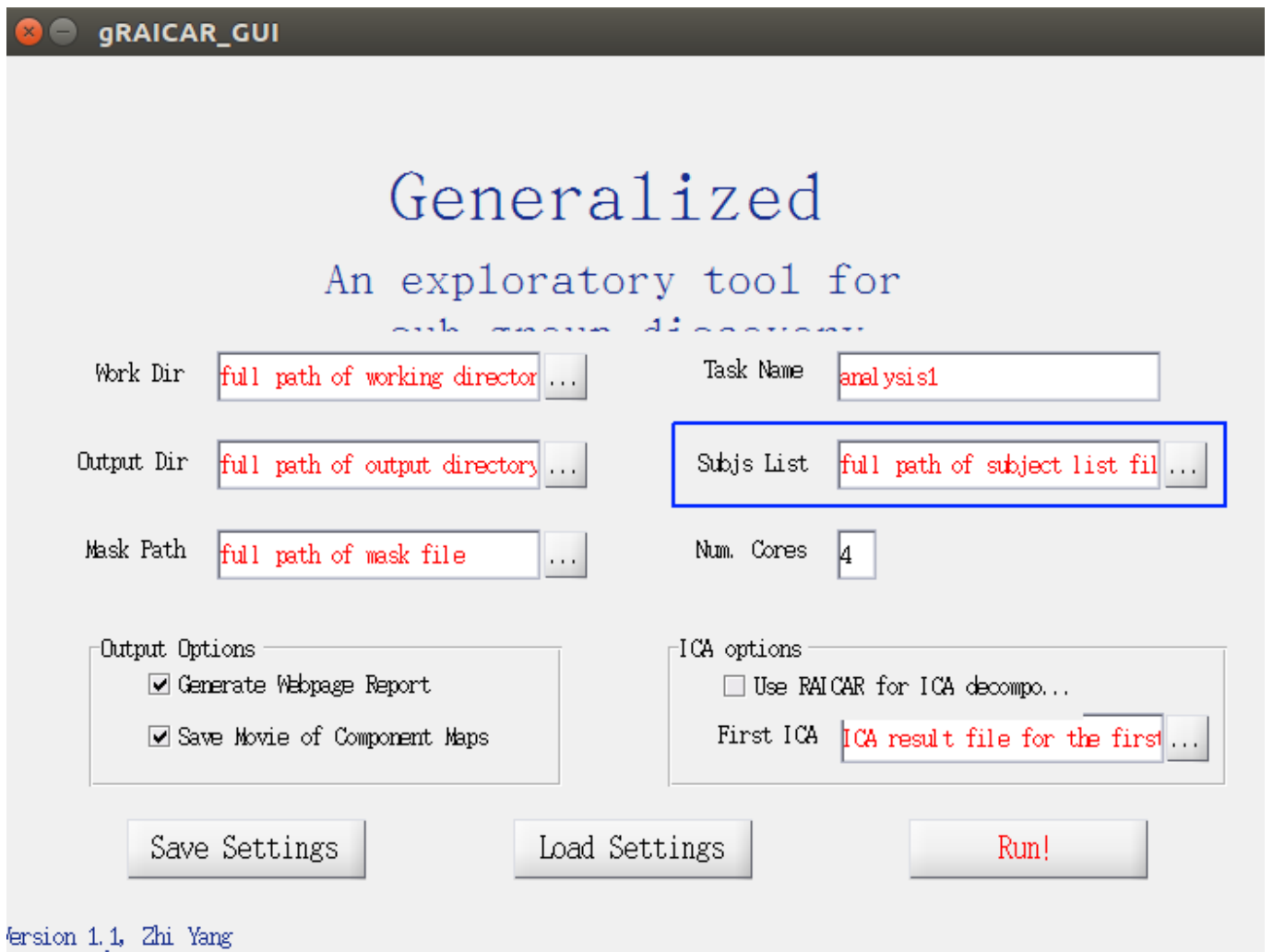
3. 设置输出目录路径，假设为 `/home/alex/myData/output`。



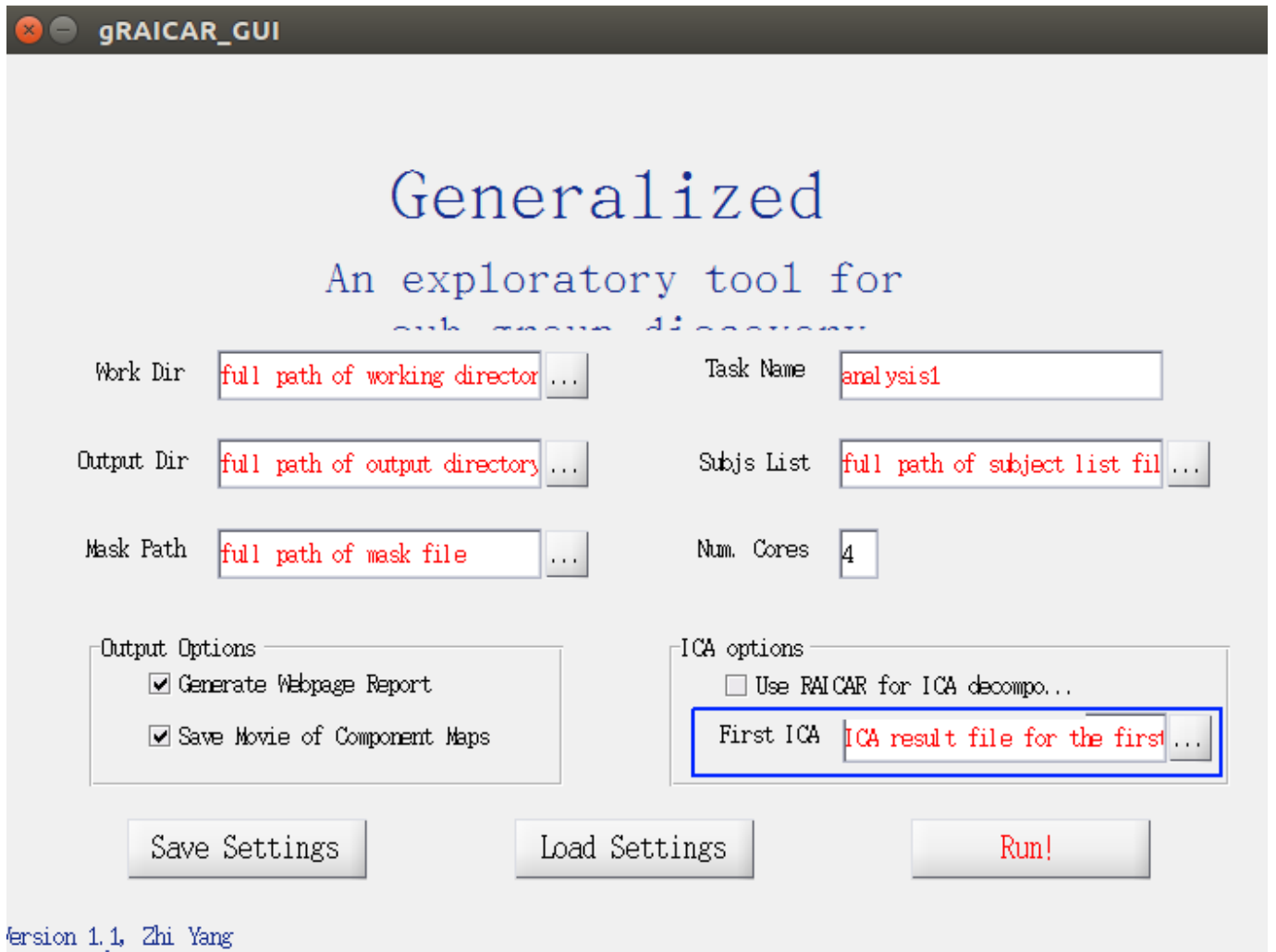
4. 设置组水平mask的路径，假设 `/home/alex/myData/grpmask.nii.gz`。



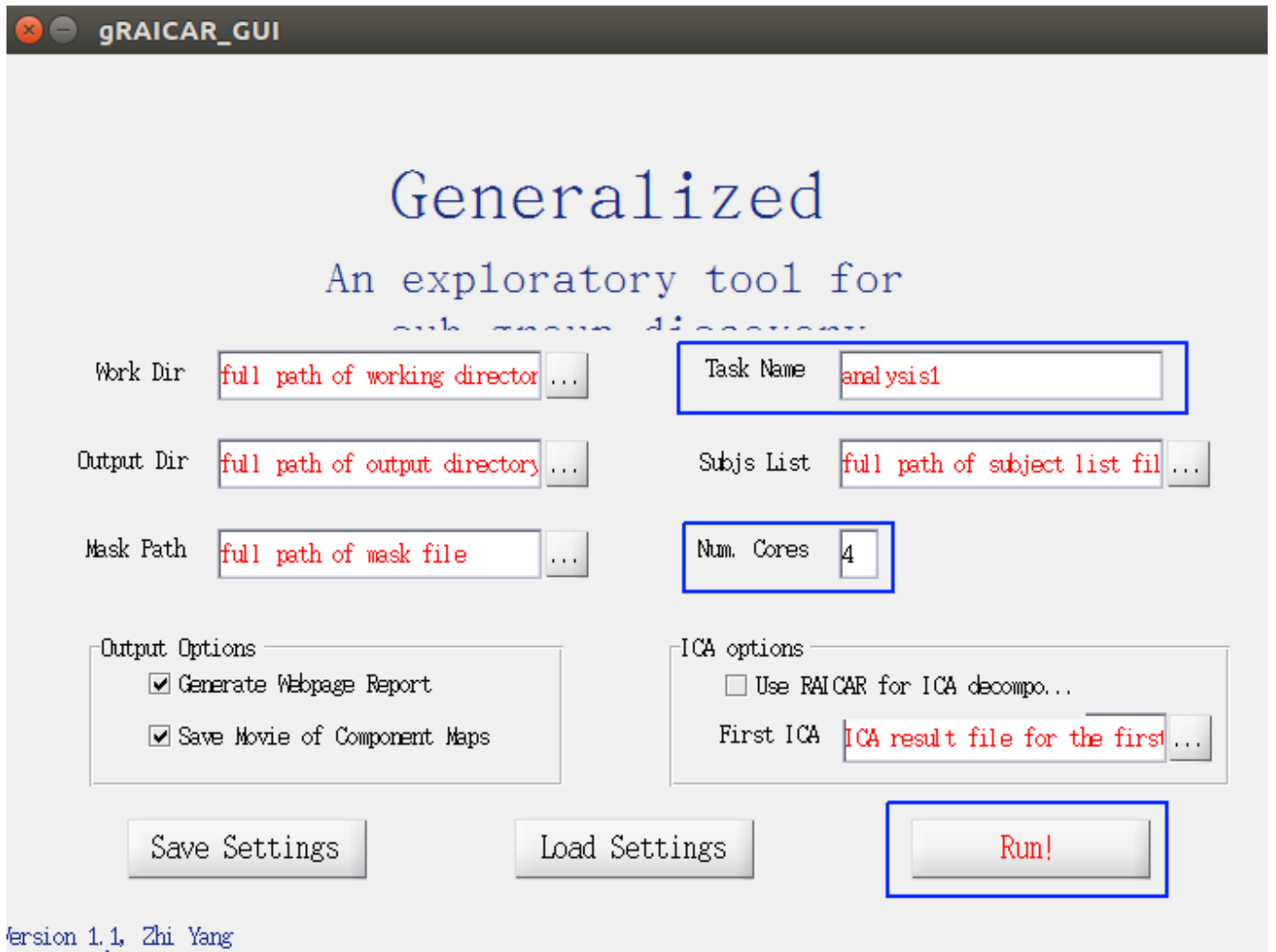
5. 设置被试列表路径，假设为 `/home/alex/myData/sublist.txt`。



6. 设置第一个被试的独立成分的路径，假设为 `/home/alex/myData/S001/std_ic.nii.gz`。



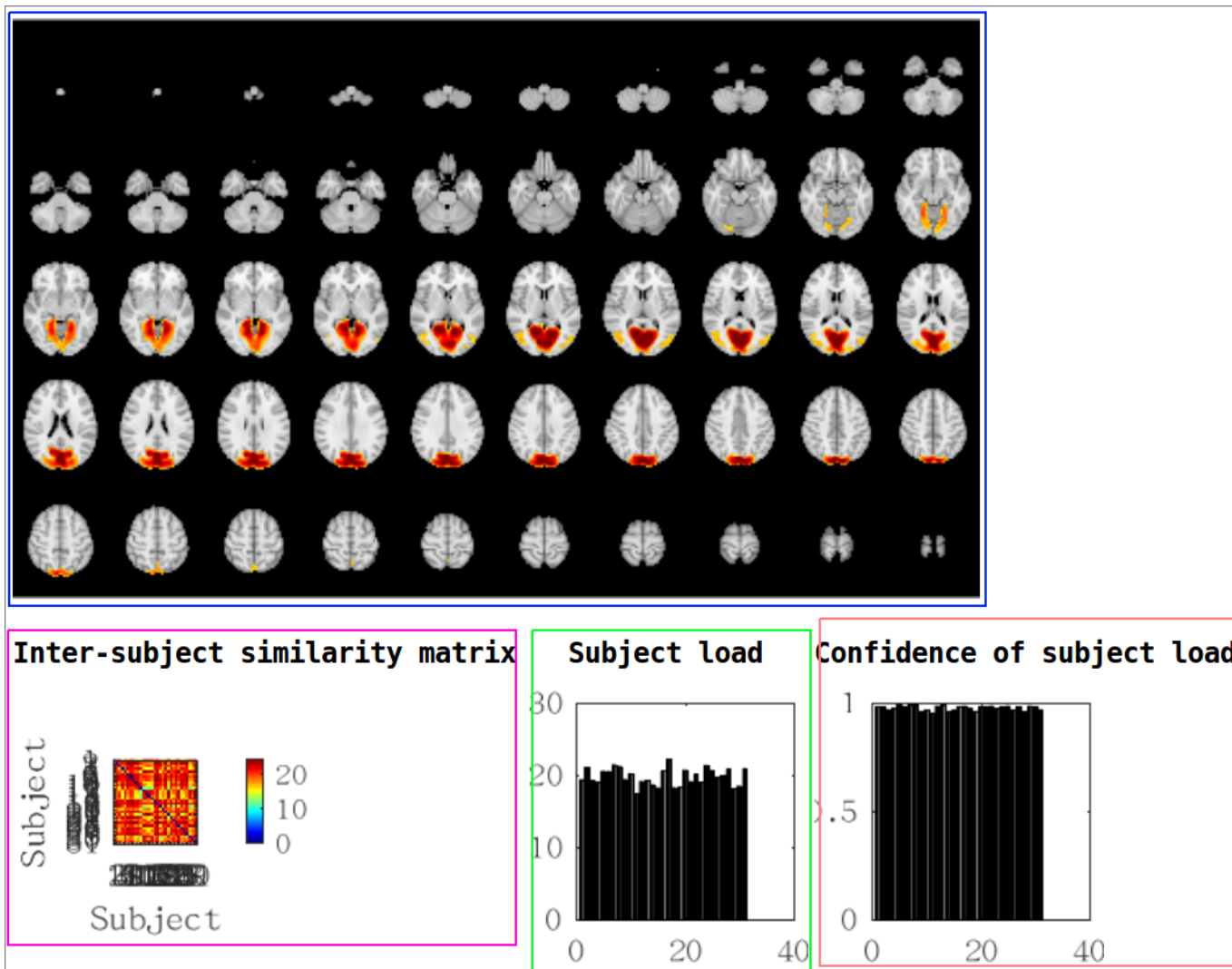
7. 设置任务名称，该名称会用作输出结果的前缀，假设为 `test`；设置可用的CPU核数，假设为 4；点击Run即可。



五、查看gRAICAR分析结果

1. 网页报告

在 `test_webreport` 文件夹里存放着网页报告，使用浏览器打开 `00index1.html` 文件。



上方是组水平上所有被试独立成分的加权平均图像的轴状位截面图；下方包括个体水平成分的相关矩阵（inter-subject similarity matrix），每个被试对于组水平平均成分的贡献（subject load）以及每个被试的贡献的概率（confidence of subject load）。

2. 图像文件和其他文件

在compMaps文件夹下存放着组水平平均成分，命名为comp001.nii.gz, comp002.nii.gz, comp003.nii.gz等，以及对应于组水平平均成分的每个被试个体水平的成分，命名为 `movie_comp001.nii.gz` , `movie_comp002.nii.gz` , `movie_comp003.nii.gz` 等。在输出目录中还包含名为 `test_result.mat` 的文件，该文件存放着similarity matrix/subject load/confidence of subject load等信息。

六、使用脚本运行gRAICAR

在gRAICAR包里有一个 `gRAICAR_GUI.m` 的文件，我从里面搜索出了下面的代码，也可以得到同样的结果。之所以要使用脚本运行程序，是因为有时候需要在服务器上跑数据，服务器上一般无法使用图形界面。


```
%% set parameters
handles.workdir = '/home/alex/myData';
handles.outdir = '/home/alex/myData/output';
handles.subjlist = '/home/alex/myData/sublist.txt';
handles.taskname = 'test';
handles.icapath = '/home/alex/myData/S001/std_ic.nii.gz';
handles.maskpath = '/home/alex/myData/grpmask.nii.gz';
handles.fmripath = [];
handles.ncores = feature('numcores');
handles.maxcores = feature('numcores');
handles.savemovie = 1;
handles.webreport = 1;
handles.useRAICAR = 0;
%% invoke gRAICAR
[pass, settings] = gRAICAR_check_settings(handles);
[status, expection] = gRAICAR_step1(settings);
[status, expection] = gRAICAR_step2(settings);
[status, expection] = gRAICAR_step3(settings);
```