

# 在GIFT中标记成分

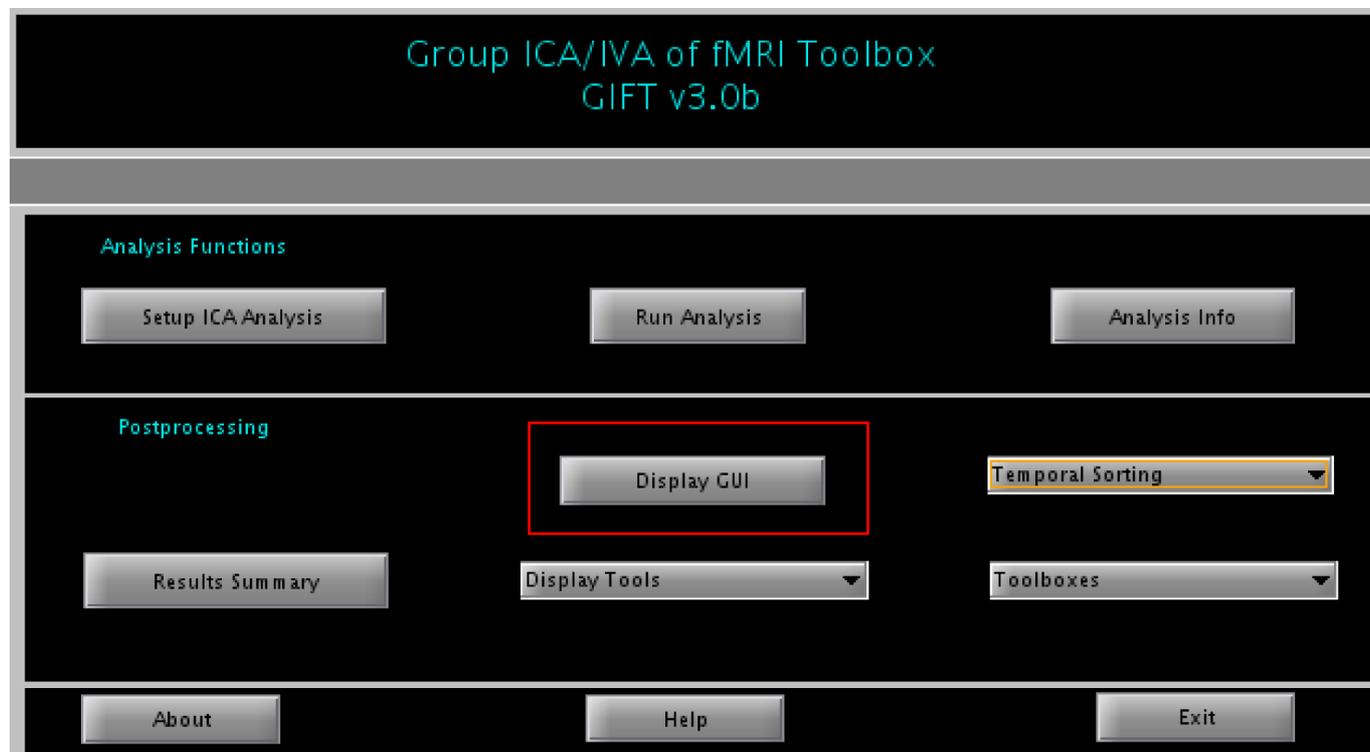
Alex / 2018-12-15 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

更新于2023-07-27，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

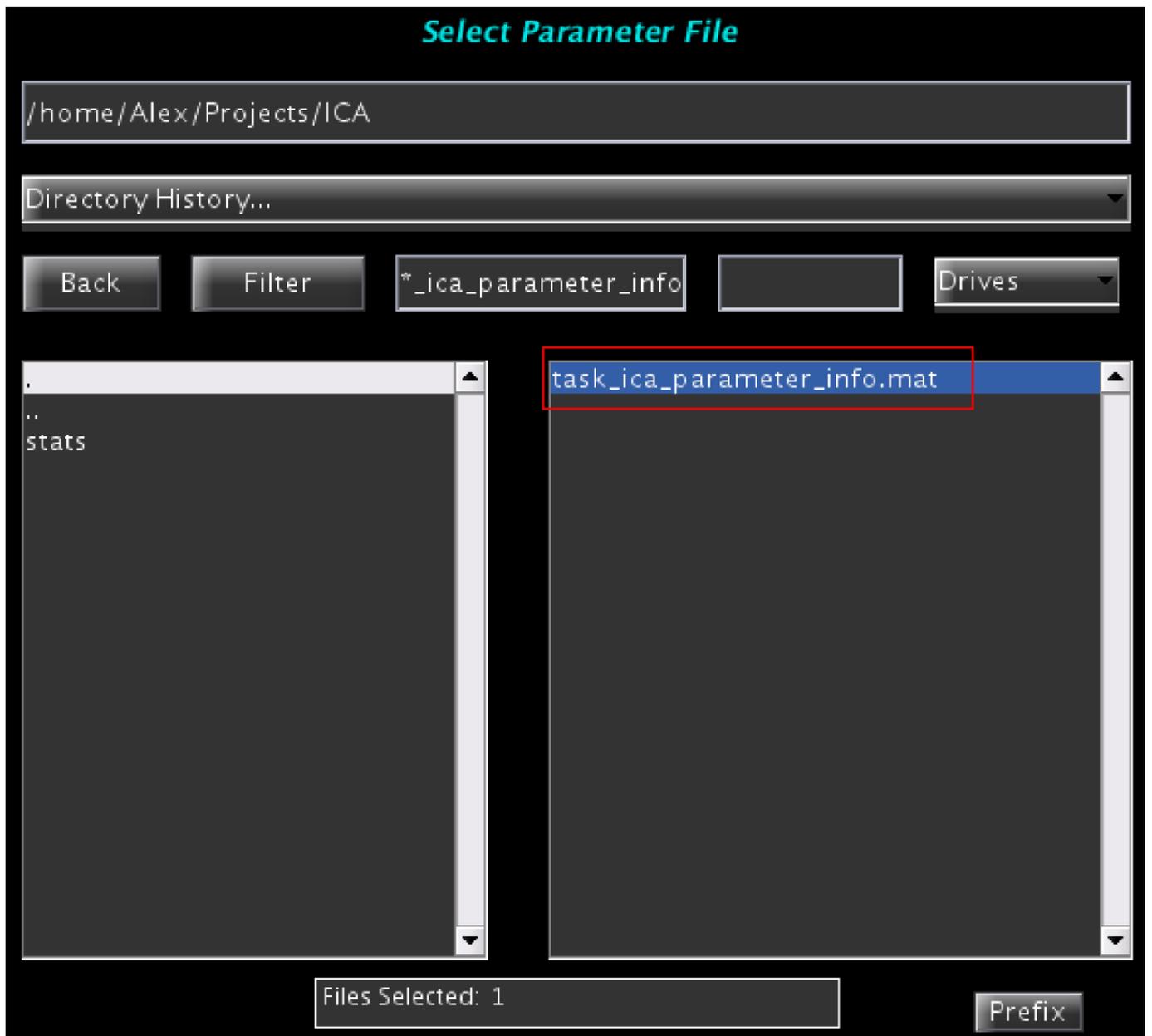
总结GIFT工具包中提供的与标记独立成分有关的小工具。标记成分是为了找到我们感兴趣的成分，为后续分析做准备。如何使用GIFT进行独立成分分析，请参考以前的[博客](#)。

## 一、基于空间信息对成分排序 (Spatial Sorting)

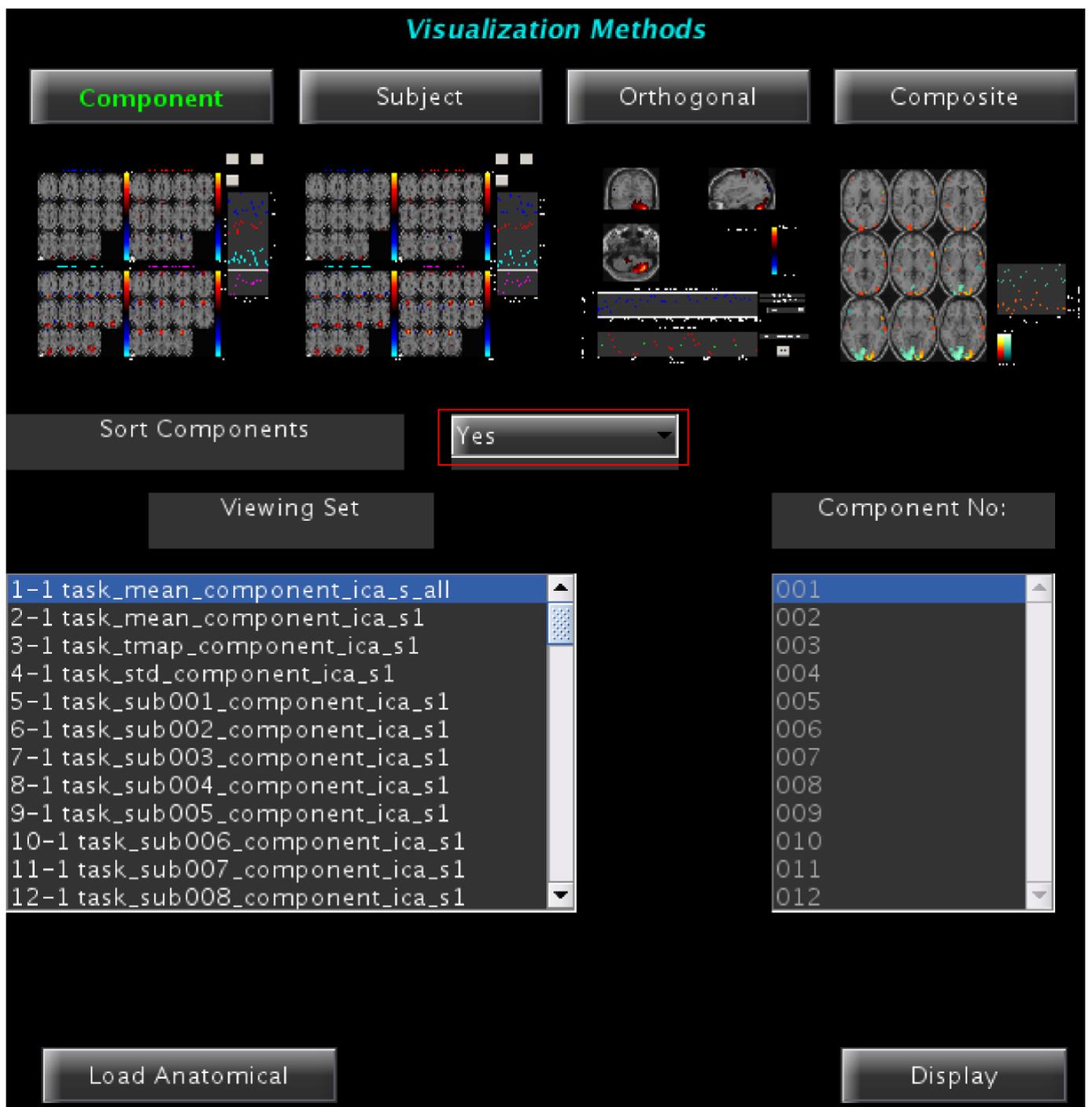
1. 在GIFT主界面打开Display GUI；



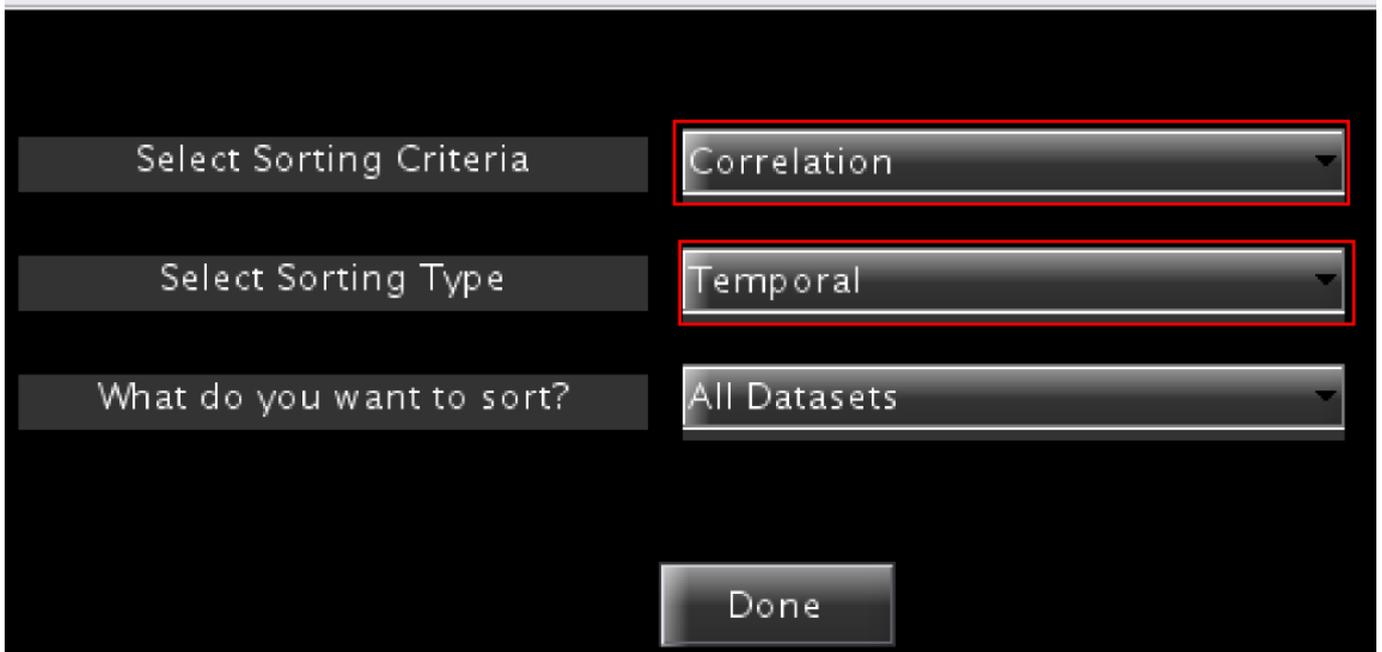
2. 在弹出的界面中，选择进行独立成分分析时生成的 \*\_ica\_parameter\_info.mat文件；



3. 在弹出的界面中，在Sort Components处选择Yes，然后点击Display；



4. 在弹出的界面中，选择排序指标（假设为Correlation），选择排序类型Spatial，选择Done；

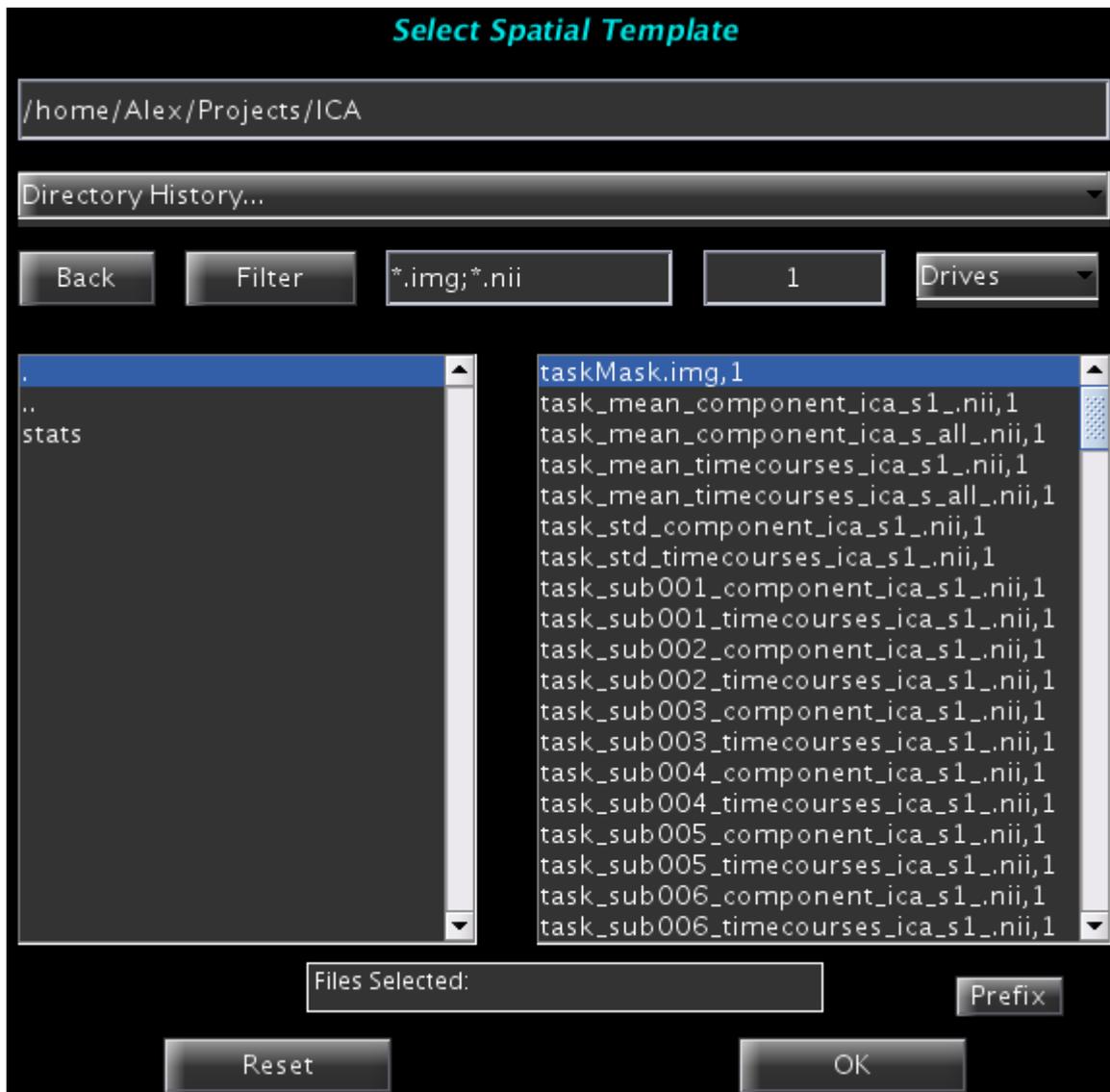


The screenshot shows a dialog box titled "GIFT-Help" with a black background and white text. It contains three rows of controls, each with a label on the left and a dropdown menu on the right. The first row is labeled "Select Sorting Criteria" and has a dropdown menu showing "Correlation". The second row is labeled "Select Sorting Type" and has a dropdown menu showing "Temporal". The third row is labeled "What do you want to sort?" and has a dropdown menu showing "All Datasets". A "Done" button is located at the bottom center of the dialog box. Red rectangular boxes highlight the three dropdown menus.

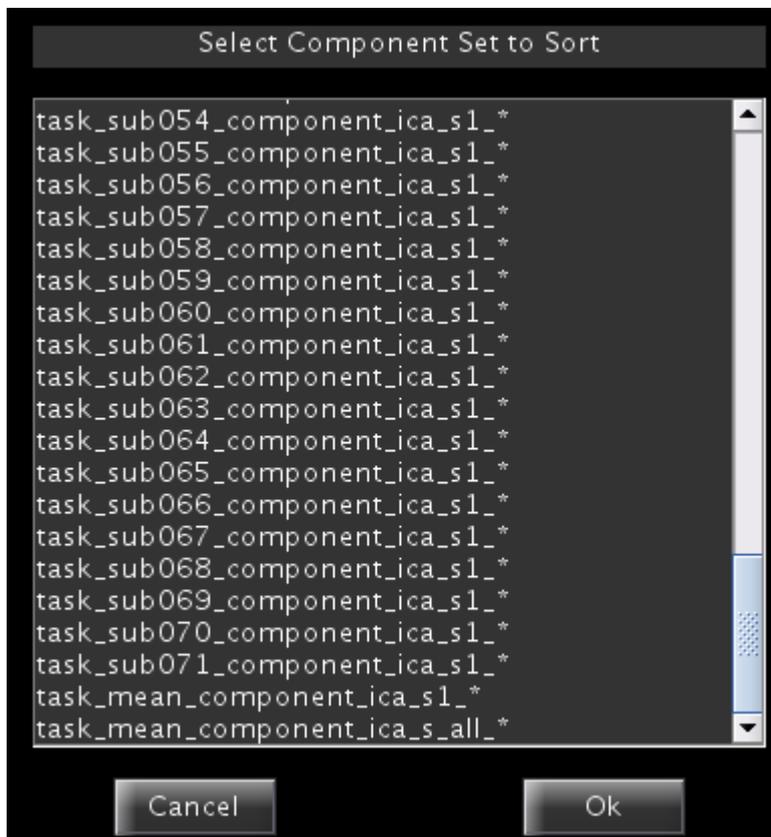
Select Sorting Criteria	Correlation
Select Sorting Type	Temporal
What do you want to sort?	All Datasets

Done

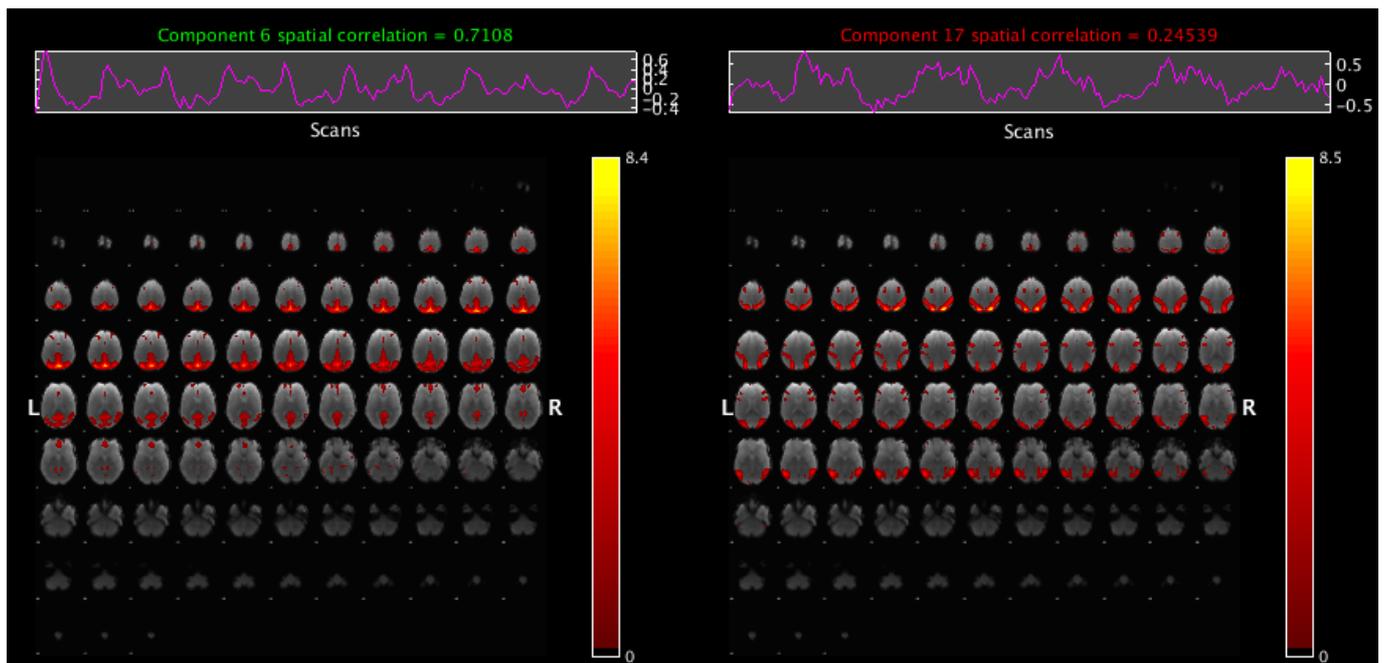
5. 在弹出的界面中，选择模板文件，除了GIFT自带的模板（存放在GIFT安装目录下的 `icatb_templates` 文件夹中），也可以选择其他自定义的模板；这里假设选择GIFT自带的默认网络模板 `ref_default_mode.nii`；



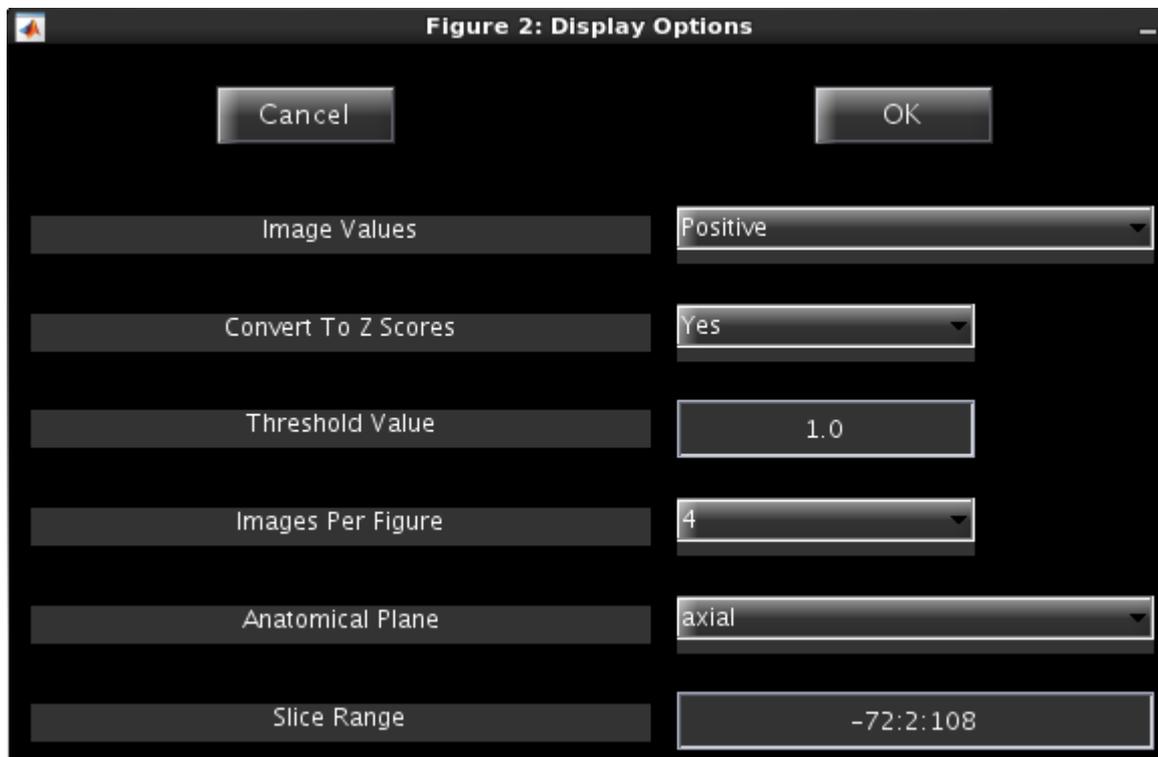
6. 在弹出的界面中，选择要排序的文件，即ICA得到的独立成分文件，一般选择 `*_mean_component_ica_s_all_*`，即所有被试平均后的成分；



7. 在弹出的界面中显示了排序后的结果，比如在我的例子里与默认网络模板相关系数最高的成分是成分6，相关系数是0.71；第二相关的成分是成分17，相关系数是0.24，这样我们就有较高的信心认为成分6就是从当前数据中分解得到的默认网络；

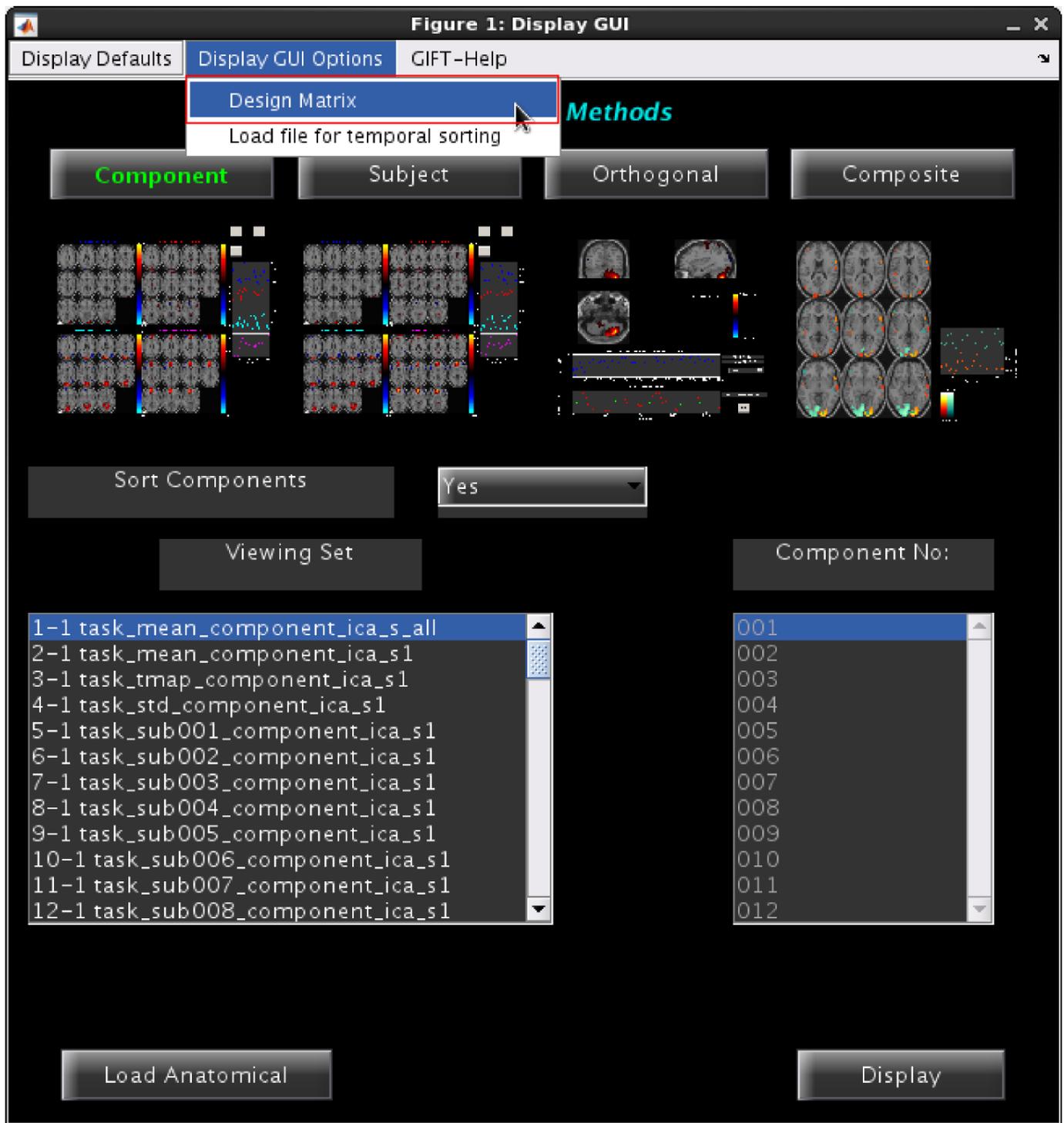


8. 在显示排序结果的时候，比如每张图片显示几个成分等，可以在Display GUI左上角的Display Defaults中设置。

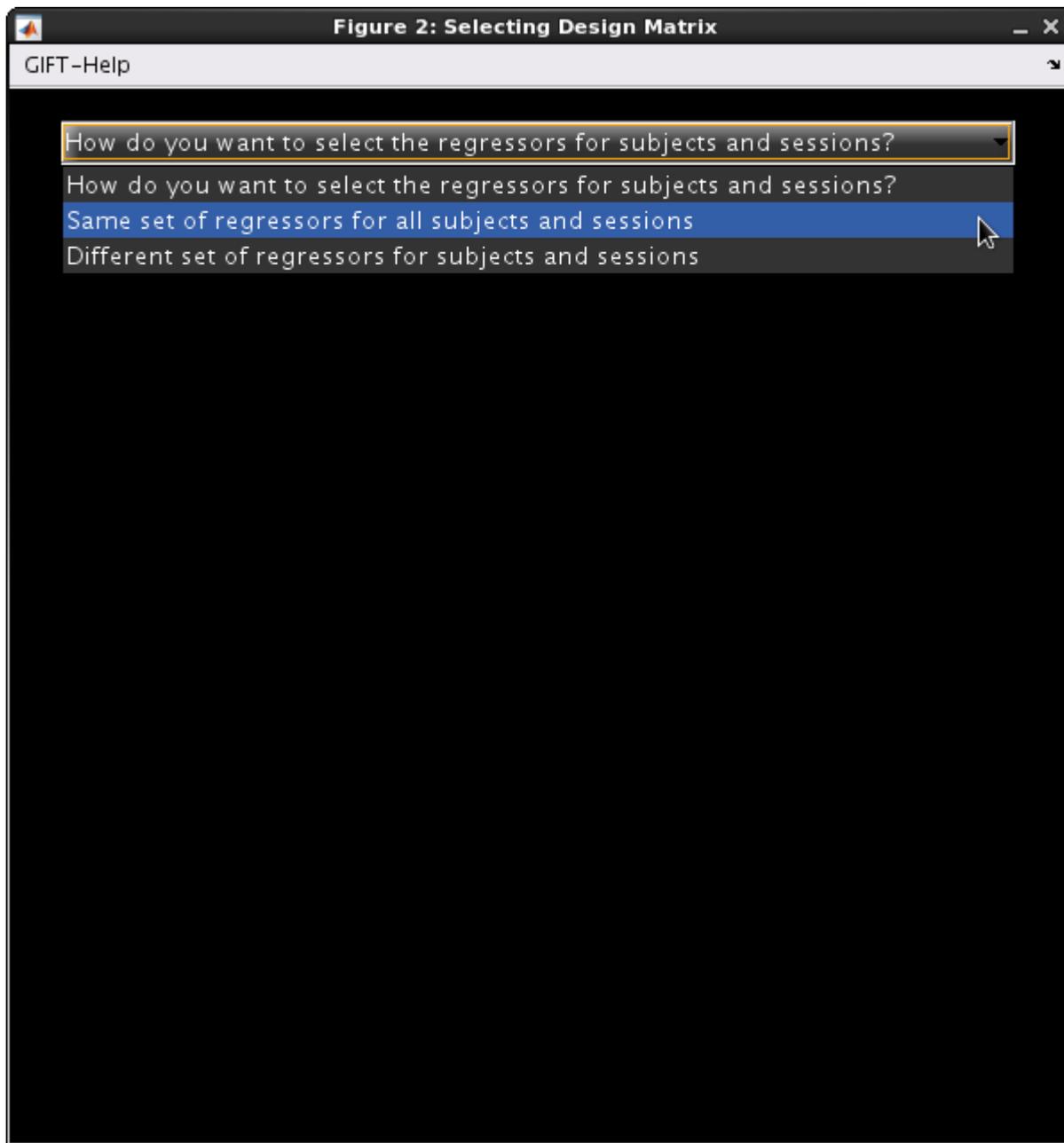


## 二、基于时间信息对成分排序 (Temporal Sorting)

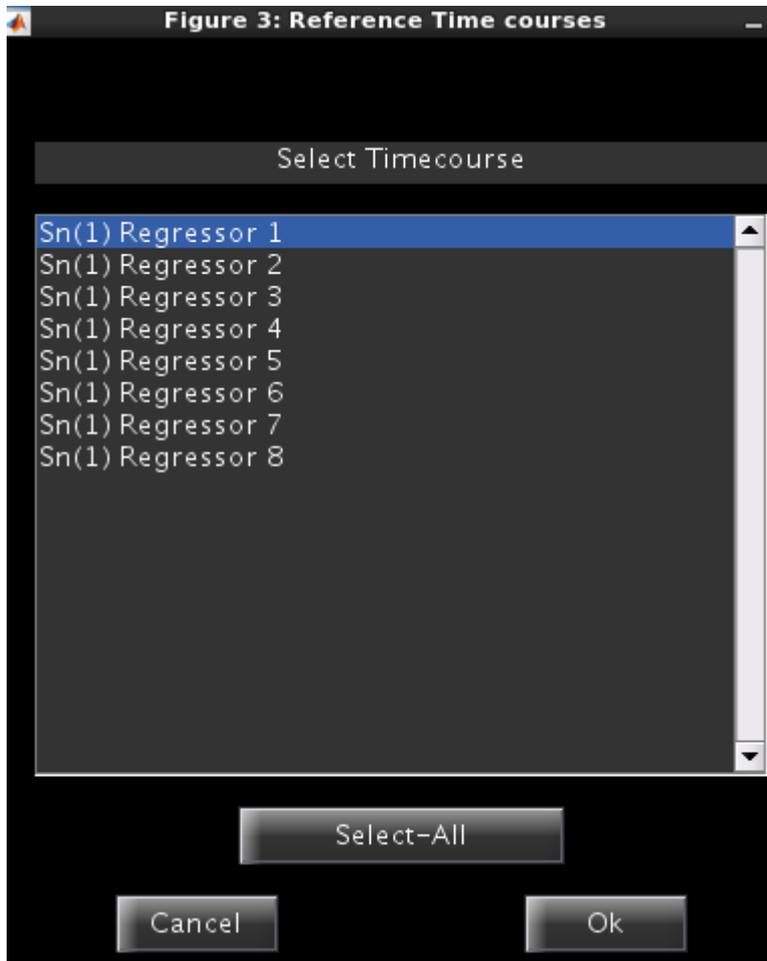
1. 在分析任务态fMRI时，需要根据时间信息进行排序，因为我们很难预期哪些脑区会在任务中激活；
2. 基本步骤和Spatial Sorting略有不同，在GIFT主界面打开Display GUI；
3. 在弹出的界面中，选择进行独立成分分析时生成的 `*_ica_parameter_info.mat` 文件；
4. 在弹出的界面中，选择Display GUI上方的Display GUI Options中的design matrix；



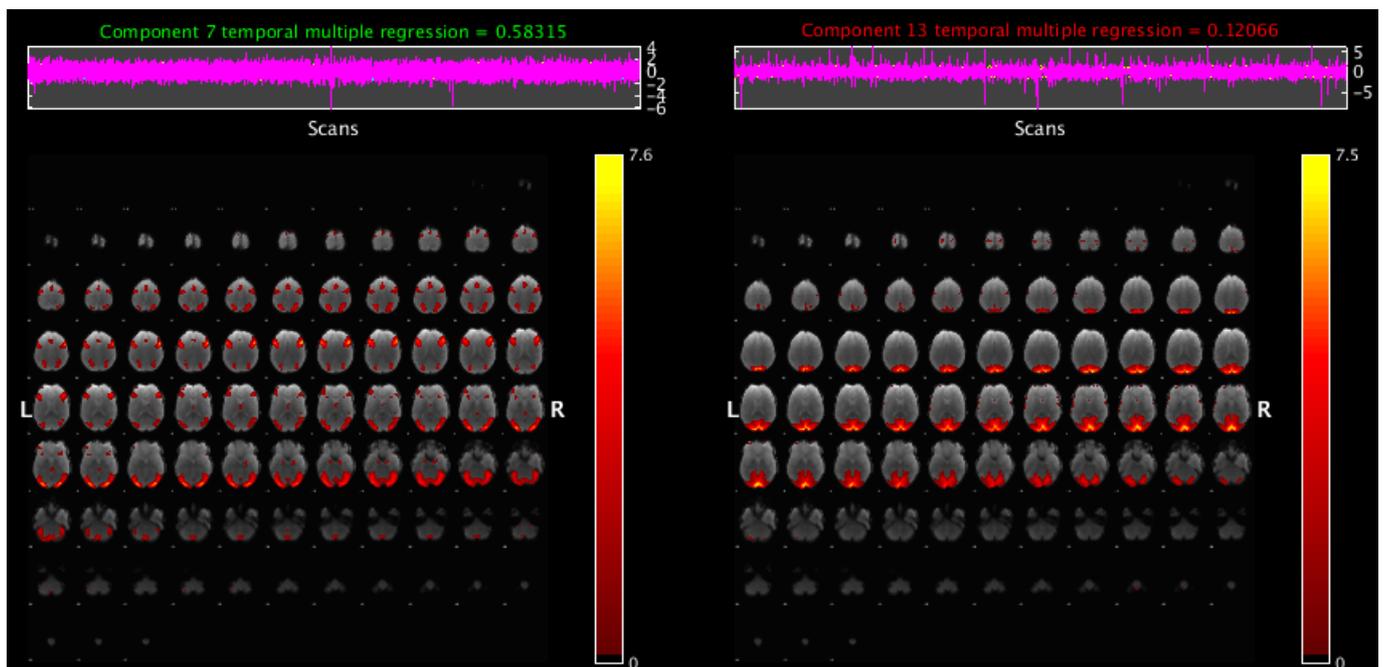
5. 在弹出的界面中，选择每个被试是否具有相同的design matrix，假设所有被试具有相同的设计矩阵；



6. 在弹出的界面中，选择每个被试的design matrix文件，可以直接使用SPM生成的SPM.mat文件；
7. 在Display GUI中Sort Components处选择Yes，然后点击Display；
8. 在弹出的界面中，选择排序指标（假设为Multiple Regression，因为一般设计矩阵不止一个解释变量），选择排序类型Temporal，选择Done；
9. 在弹出的界面中，选择感兴趣的回归项；



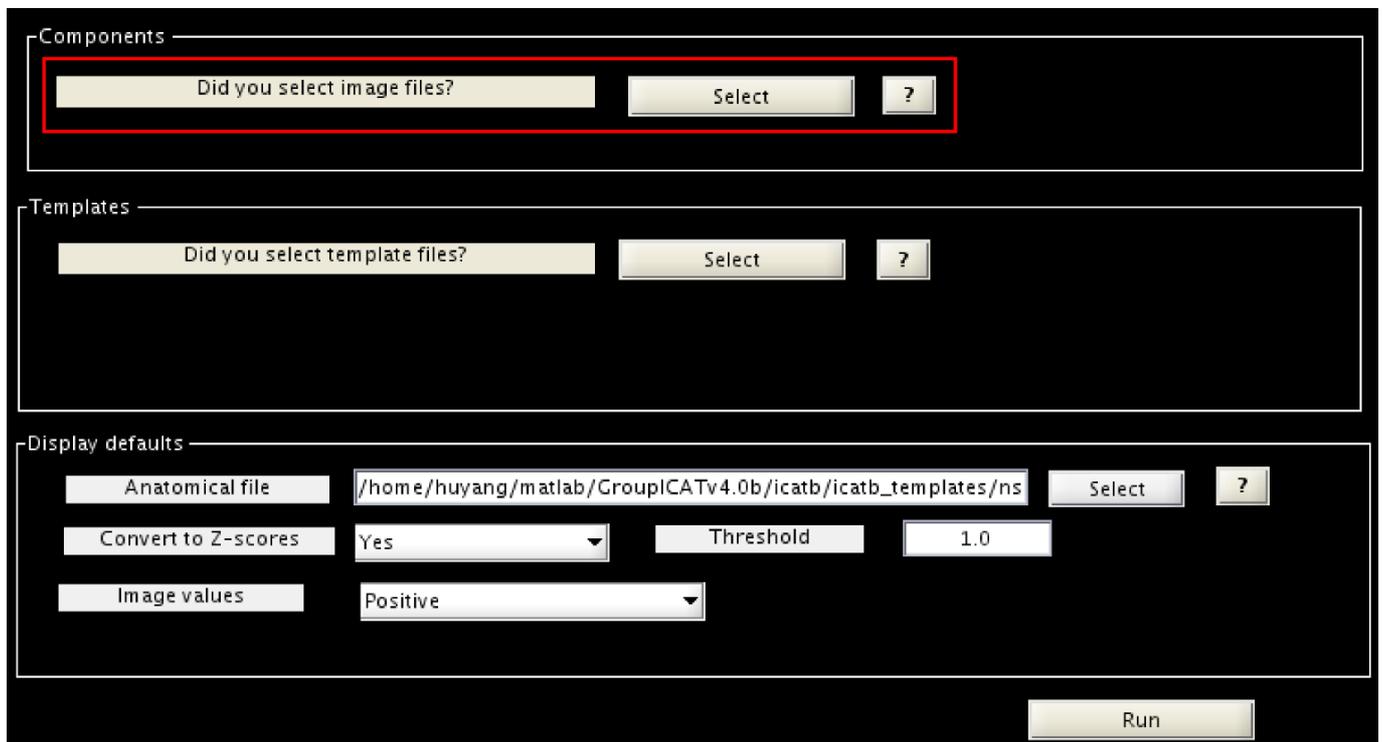
10. 在弹出的界面中显示了排序后的结果，比如在我的例子里回归系数最高的是成分7，回归系数为0.58；回归系数第二的是成分13，回归系数是0.12，这样我们就有较高的信心认为成分7就是从当前数据中分解得到的与任务相关的成分；



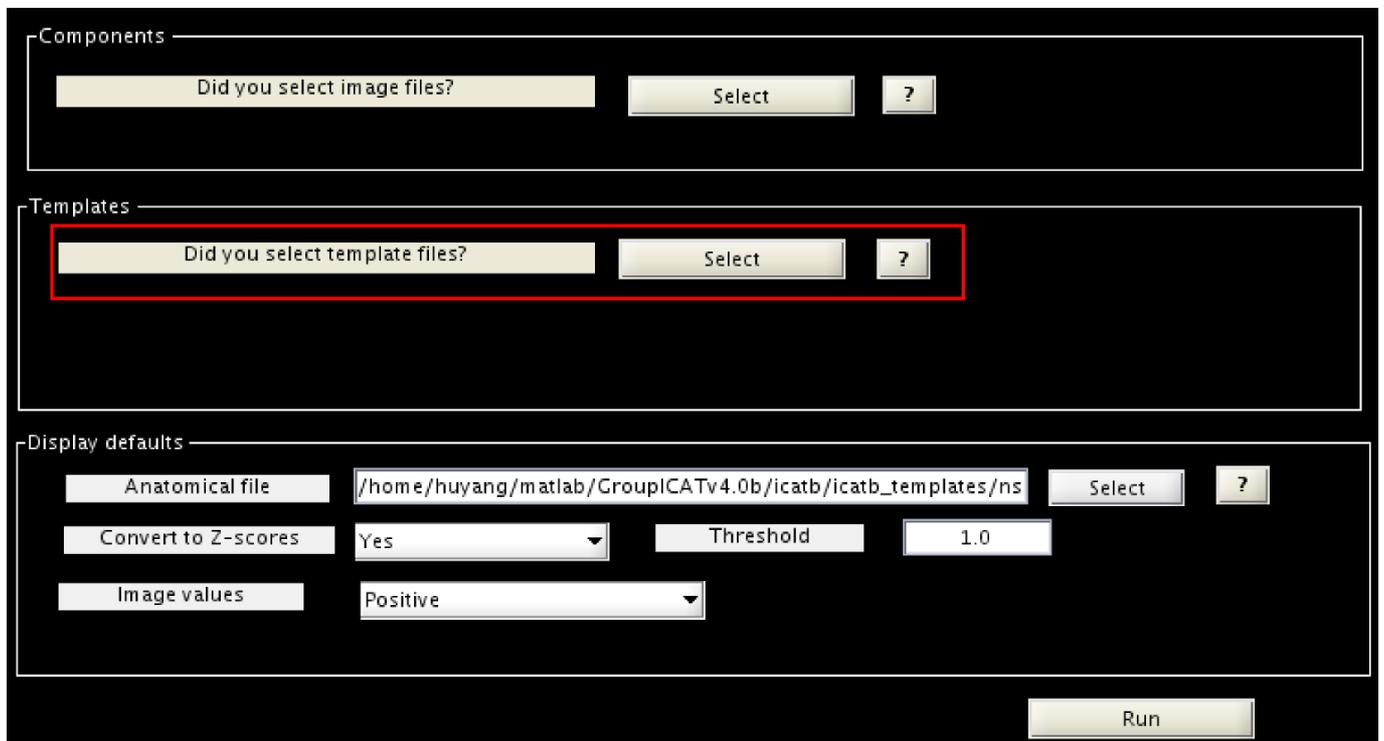
11. 在选择design matrix时，如果任务态数据不是使用SPM分析的，那么可以自己做一个设计矩阵，并保存在文本文件中。使用GIFT主界面中Utilities下的 `Ascii_to_spm.mat` 工具把文本文件转换成SPM格式。

### 三、基于空间信息标记所有成分

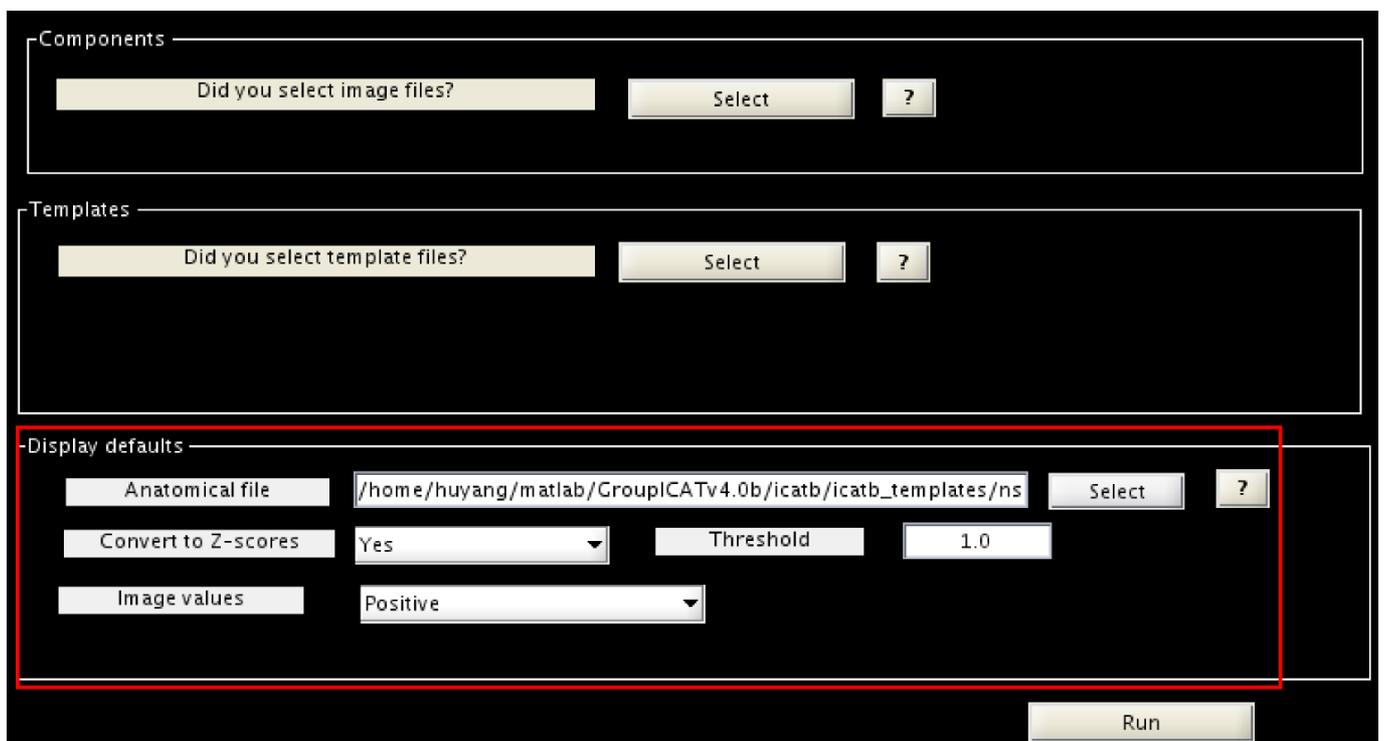
1. Spatial/Temporal Sorting只能选择特定的成分，有没有自动的方法将所有成分都标记了呢？
2. 在GIFT主界面中Utilities下打开component labeller；
3. 在弹出的界面中选择需要被标记的独立成分，比如 `*_mean_component_ica_s_all_*` 文件；



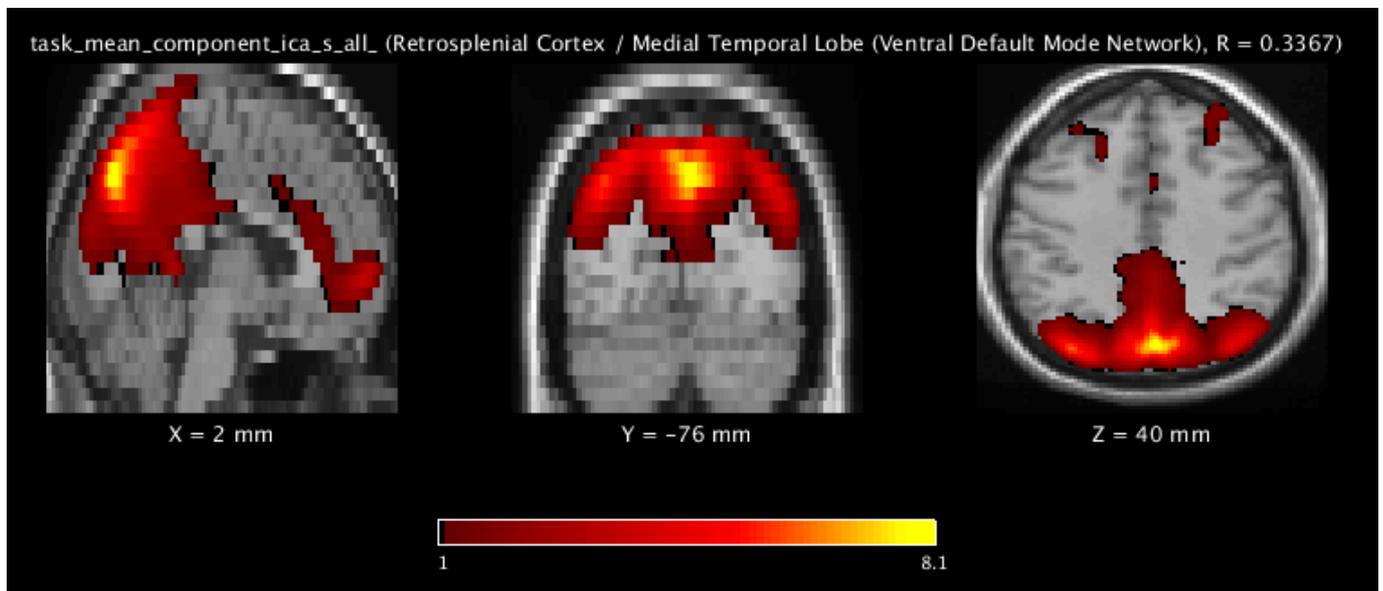
4. 选择包含脑网络信息的模板文件，假设使用GIFT自带的名为RSN.zip的模板文件；



5. 在Display defaults中可以设置结构像或阈值等，选择Run；



6. 在弹出的界面中显示了标记后的结果，同时结果保存在 \*\_labels.txt 文件中。比如下面的图是其中一个成分被标记为腹侧默认网络，相关系数是0.33；



7. 如何自定义脑网络模板呢？需要两个文件，一个是包含所有脑网络的4D图像文件，第4个维度是网络，假设文件名为MyRSN.nii；另一个是包含脑网络名称的文本文件，相应地文件名为MyRSN.txt，格式可以参考GIFT自带模板的RSN.txt文件。