

# 使用DPABI进行统计分析

---

Alex / 2019-03-17 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

更新于2023-08-07，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

总结使用DPABI的统计模块对MRI图像进行统计分析的基本方法，并与SPM的统计结果进行简单的对比。

## 一、下载和安装DPABI

---

下载DPABI包，解压后将文件夹和子文件夹加入MATLAB的搜索路径即可。

## 二、下载样例数据

---

下载样例数据，解压后在名为StatisticalDemo的文件夹下，包含名为 AD\_MCI\_NC 和 EC\_EO 的两个子文件夹。其中 AD\_MCI\_NC 文件夹下存放着AD/MCI/NC三组被试的ALFF/fALFF/ReHo三个指标。后面的测试只使用AD和NC两组被试的ReHo指标，即对AD和NC两组在ReHo上的差异进行统计分析。

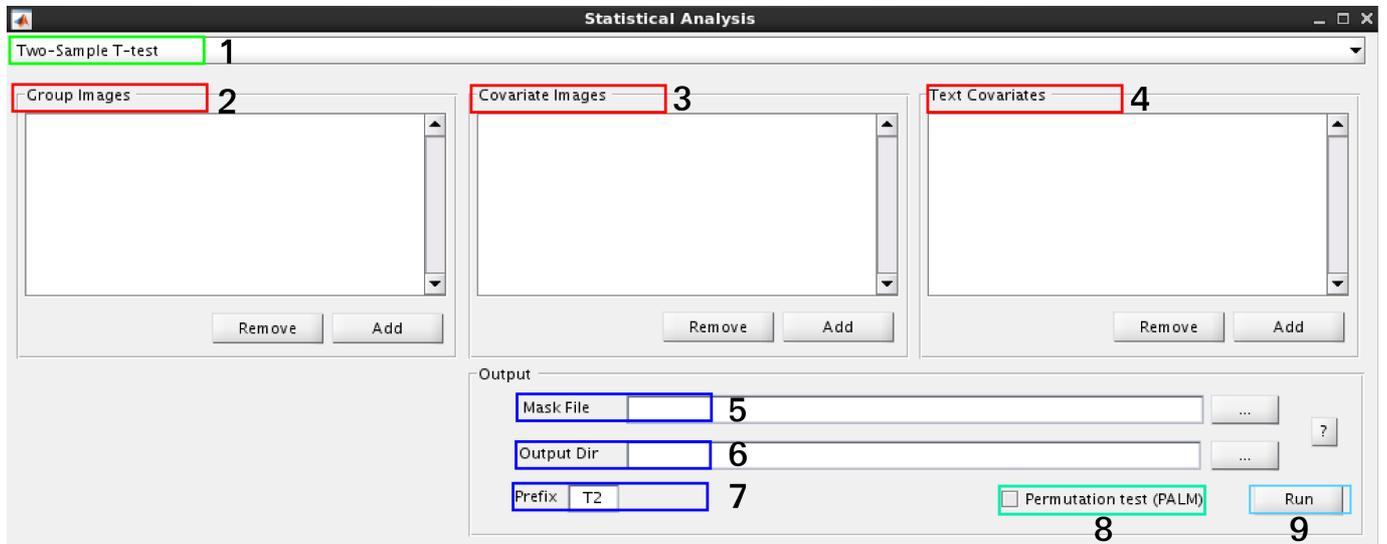
## 三、统计模型和多重比较校正

---

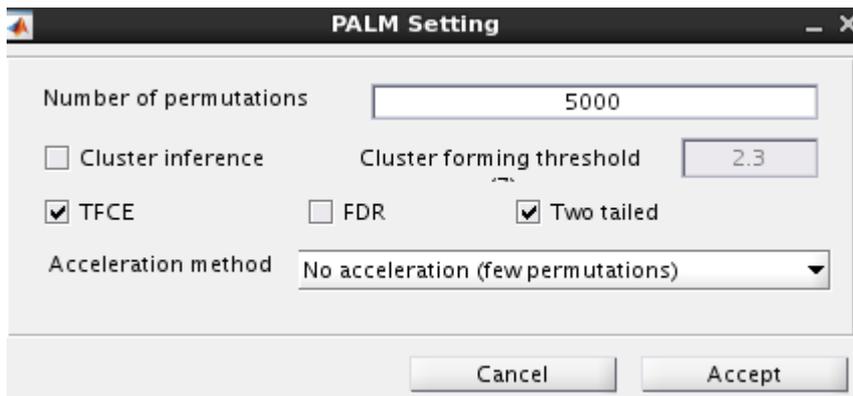
（个人认为）MRI图像的统计分析主要包括两部分：统计模型和多重比较校正。统计模型的选取取决于实验设计（想要考察的问题），多重比较校正就是为了控制由于多次比较增加的假阳性率（False Positive Rate）。在DPABI中，统计模型包括单样本T检验、双样本T检验、配对T检验、方差分析、重复测量方差分析、相关分析以及混合效应模型；多重比较校正分为FWE校正和FDR校正，FWE校正又包括GRF（Gaussian Random Field），AlphaSim和Permutation Test三种方法。

## 四、DPABI的统计主界面

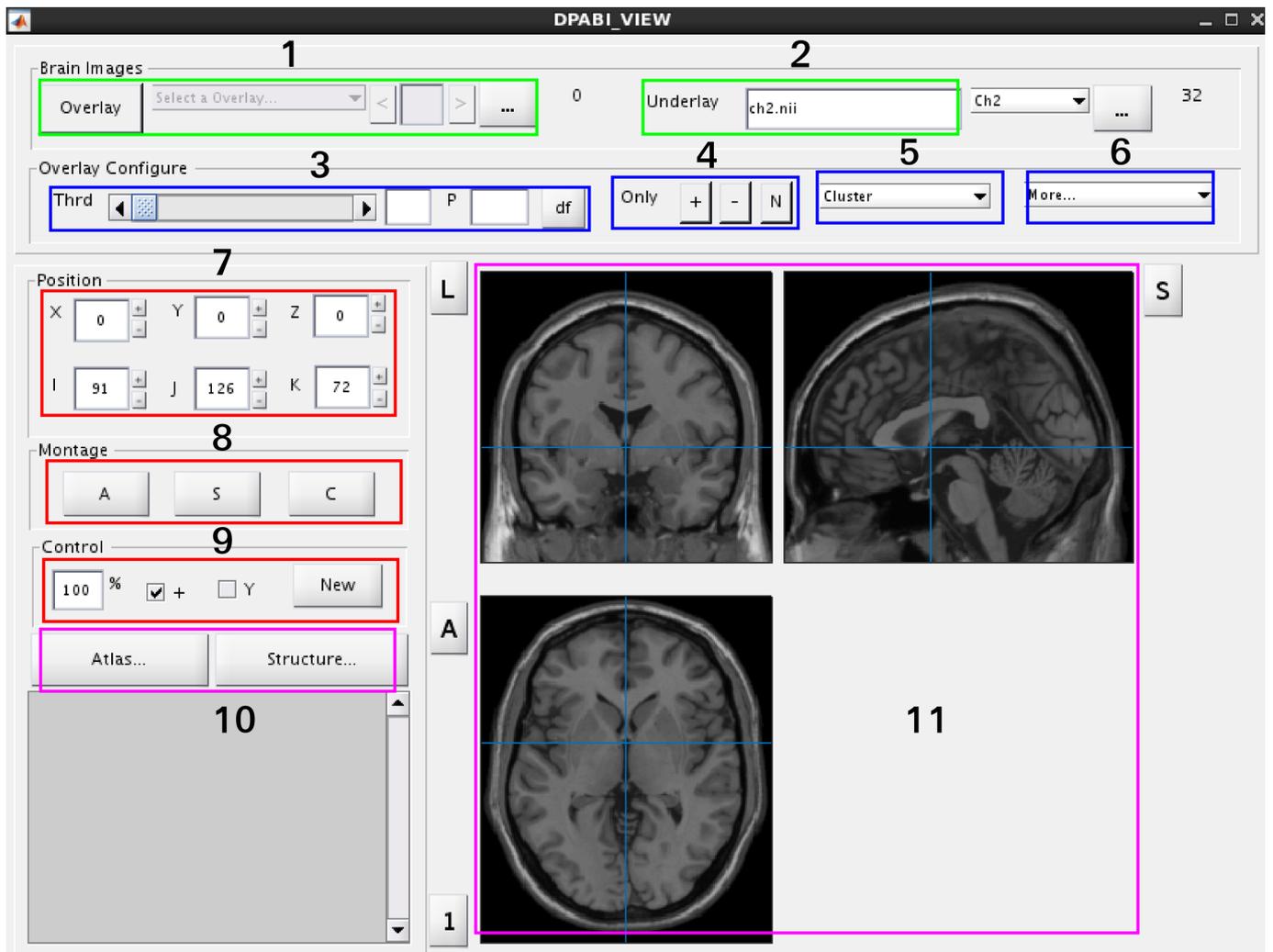
---



在1处选择统计模型（假设为Two-Sample T-test）；在2处选择进行统计的图像文件（这里分别选择AD组的ReHo文件和NC组的ReHo文件），在3处选择作为协变量的图像文件（比如灰质体积），在4处选择作为协变量的非图像文件（比如年龄）；在5处选择组水平mask文件（比如DPABI自带的 BrainMask\_05\_61x73x61 文件），在6处选择输出目录（比如/home/Alex/Data/Output），在7处设置输出文件的前缀，默认为T2；在8处选择是否进行 permutation test（调用的PALM包），在9处选择Run开始分析。在勾选permutation test的情况下，会弹出如下窗口设置参数（假设只勾选了TFCE）：



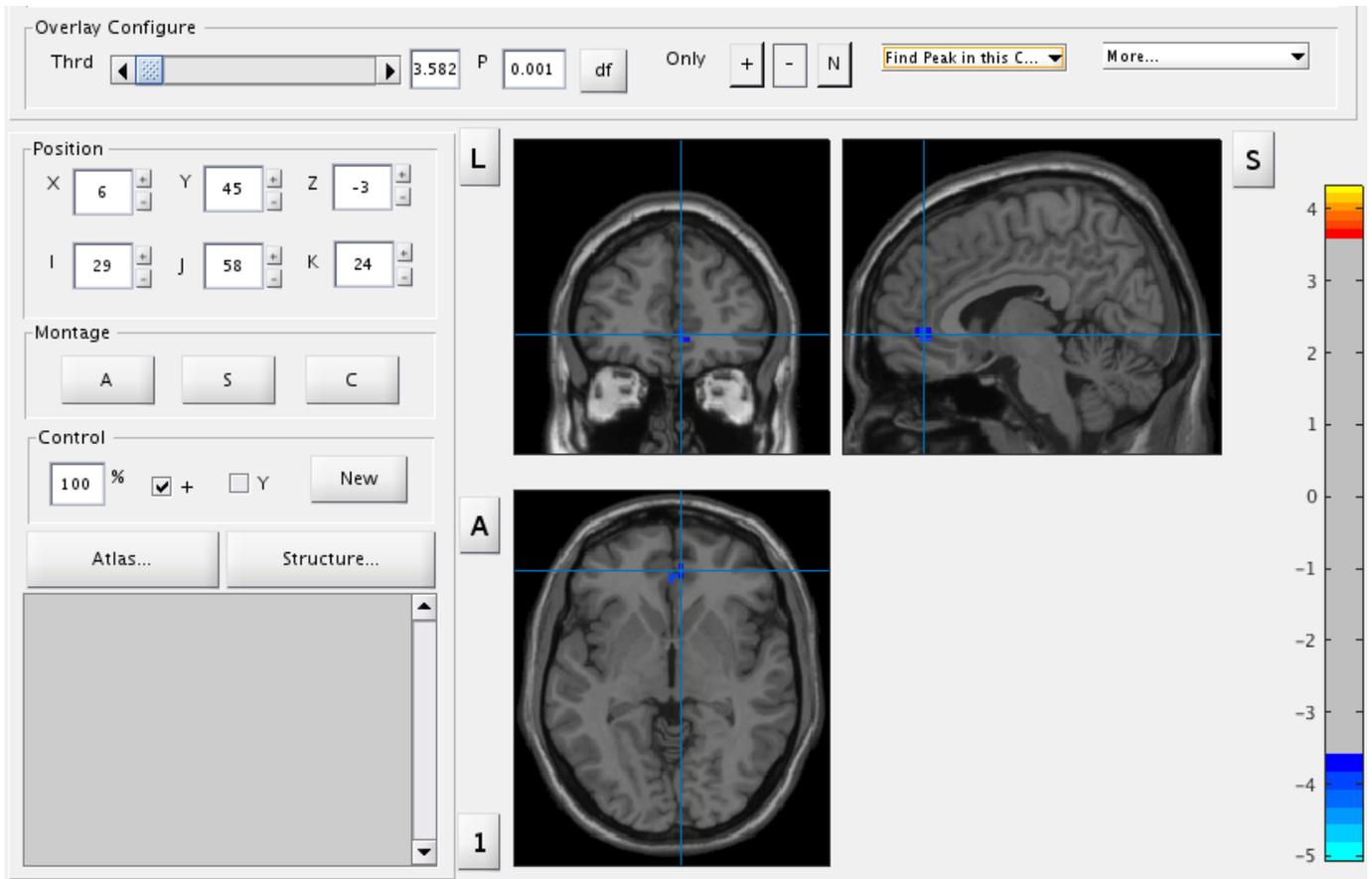
## 五、DPABI的可视化主界面



DPABI的可视化模块可以查看任何图像，在1处选择要查看的图像文件，可以同时选择多个文件叠加在一起，在2处选择不同的结构像模板；在3处设置图像文件的阈值或者p值，在4处选择显示正值/负值或都不显示，在5处设置关于Cluster的一些参数，包括设置Cluster size大小、报告Cluster的坐标以及不同的多重比较校正的方法（GRF/AlphaSim/FDR），在6处可以保存图片、设置range以及colorbar；在7处显示当前的毫米坐标（MNI坐标）和体素坐标、在8处可以显示某一个方向的切片图、在9处可以放大/缩小、去掉cross-hair以及新建/同步多个图像窗口；在10处可以选择不同的分区模板，用于定位脑区，在11处显示图像。

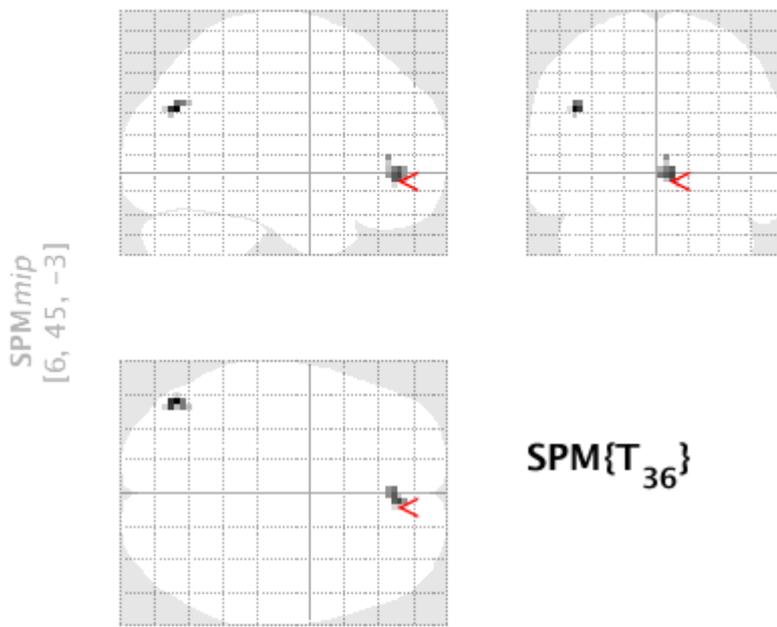
## 六、查看统计结果

1. 如果没有选择permutation test，在输出目录下会生成名为T2.nii的文件。在可视化界面中，在Overlay中选择T2.nii，在Cluster选项中选择GRF，可进行GRF校正。由于没有通过GRF校正，这里使用 $p=0.001$ 和cluster size =10作为阈值，并只显示负值（即  $AD < NC$ ）：

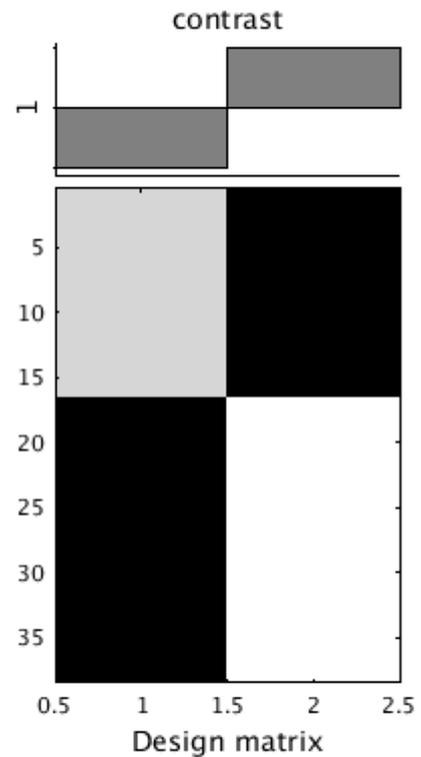


我也用SPM做了相同的分析，设置相同的阈值，结果如下：

## AD < HC



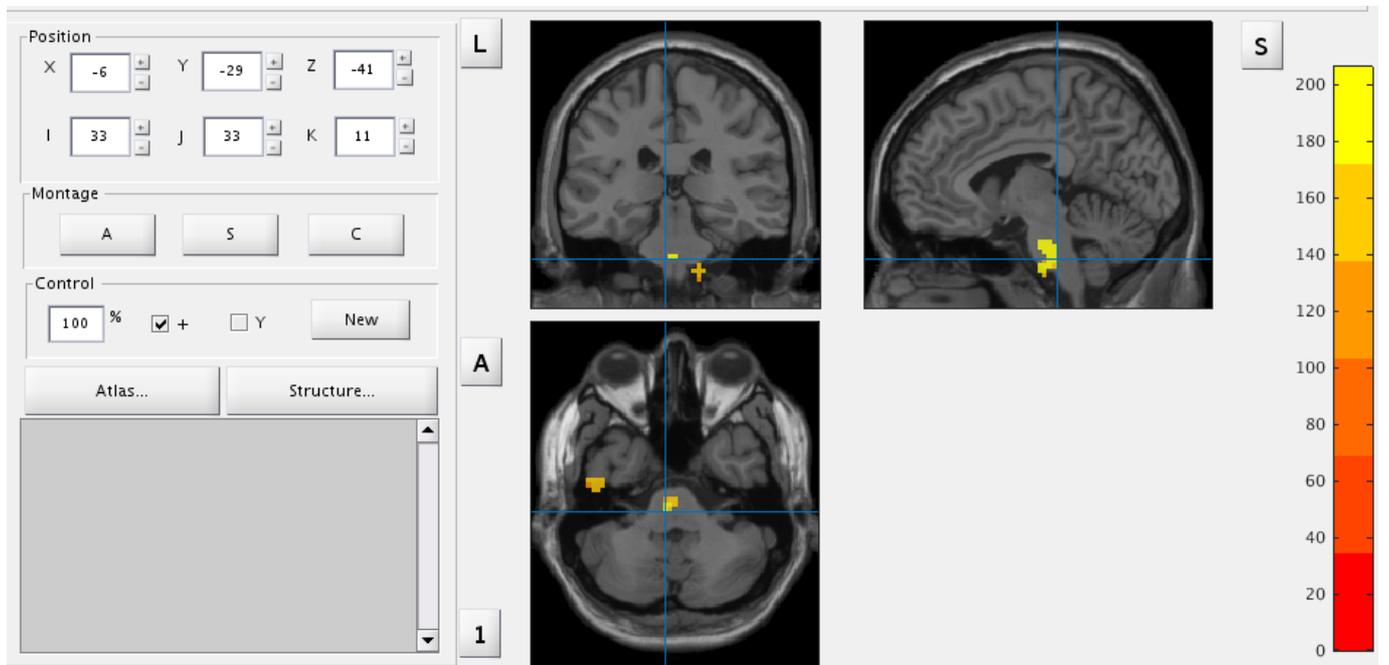
**SPMresults:** ./Data/DPABI/Results/GRF/SPM  
 Height threshold  $T = 3.332624$   $\{p < 0.001 \text{ (unc.)}\}$   
 Extent threshold  $k = 10$  voxels



### Statistics: $p$ -values adjusted for search volume

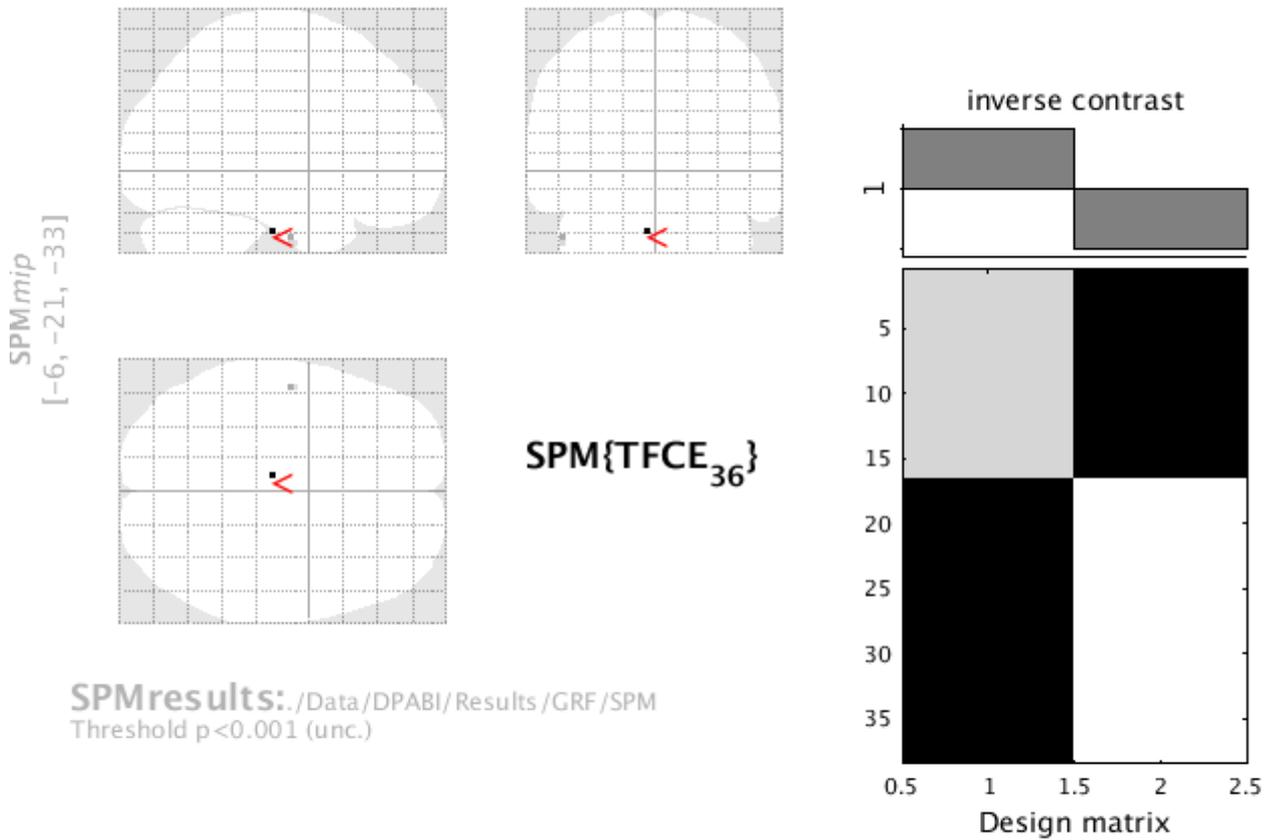
set-level		cluster-level				peak-level					mm mm mm		
$p$	$c$	$p_{\text{FWE-corr}}$	$q_{\text{FDR-corr}}$	$k_E$	$p_{\text{uncorr}}$	$p_{\text{FWE-corr}}$	$q_{\text{FDR-corr}}$	$T$	$(Z_{-})$	$p_{\text{uncorr}}$			
0.406	2	0.608	0.450	12	0.031	0.990	0.632	4.23	3.78	0.000	-45	-72	30
		0.178	0.235	21	0.007	1.000	0.632	3.94	3.57	0.000	6	45	-3
						1.000	0.710	3.66	3.35	0.000	3	39	6

- 如果选择了permutation test, 在输出目录下会生成名为 `T2_tfce_tstat.nii`, `T2_tfce_tstat_uncp` 和 `T2_tfce_tstat_fwep.nii` 的文件, 分别表示使用TFCE的情况下的T值、未校正的p值和FWE校正后的p值。在可视化界面中, 在Overlay中选择 `T2_tfce_tstat.nii`, 在Cluster选项中选择Apply a Mask for Additionally Thresholding, 选择 `T2_tfce_tstat_fwep.nii`, 将阈值设为  $< 0.05$ , 即进行基于TFCE的FWE校正。由于没有通过FWE校正, 这里使用未校正的  $p=0.001$  和 cluster size = 10 作为阈值, 只有 `AD > NC` 会有一些结果:



同样，我用SPM的TFCE（附属于CAT12包）插件做了相同的分析，使用未校正的 $p=0.001$ 作为阈值，结果如下：

## Nonparametric test: (inverse contrast) AD < HC



### Statistics (inverse contrast): nonparametric p-values adjusted for search volume

cluster-level	$k_E$	combined peak-cluster-level			$P_{uncorr}$	mm mm mm
		$P_{FWE-corr}$	$q_{FDR-corr}$	TFCE		
	1	0.261	0.268	257.95	0.001	-6 -21 -33
	3	0.337	0.268	225.55	0.000	-51 -12 -36

## 七、总结

DPABI的统计模块包含了常用的统计模型和多重比较校正方法、在控制协变量上也非常方便。与使用SPM的结果不完全相同，特别是permutation test。由于DPABI的permutation test使用的是PALM包，应该使用PALM来测试。