

使用SUIT分析小脑数据

Alex / 2019-04-06 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-08-08，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

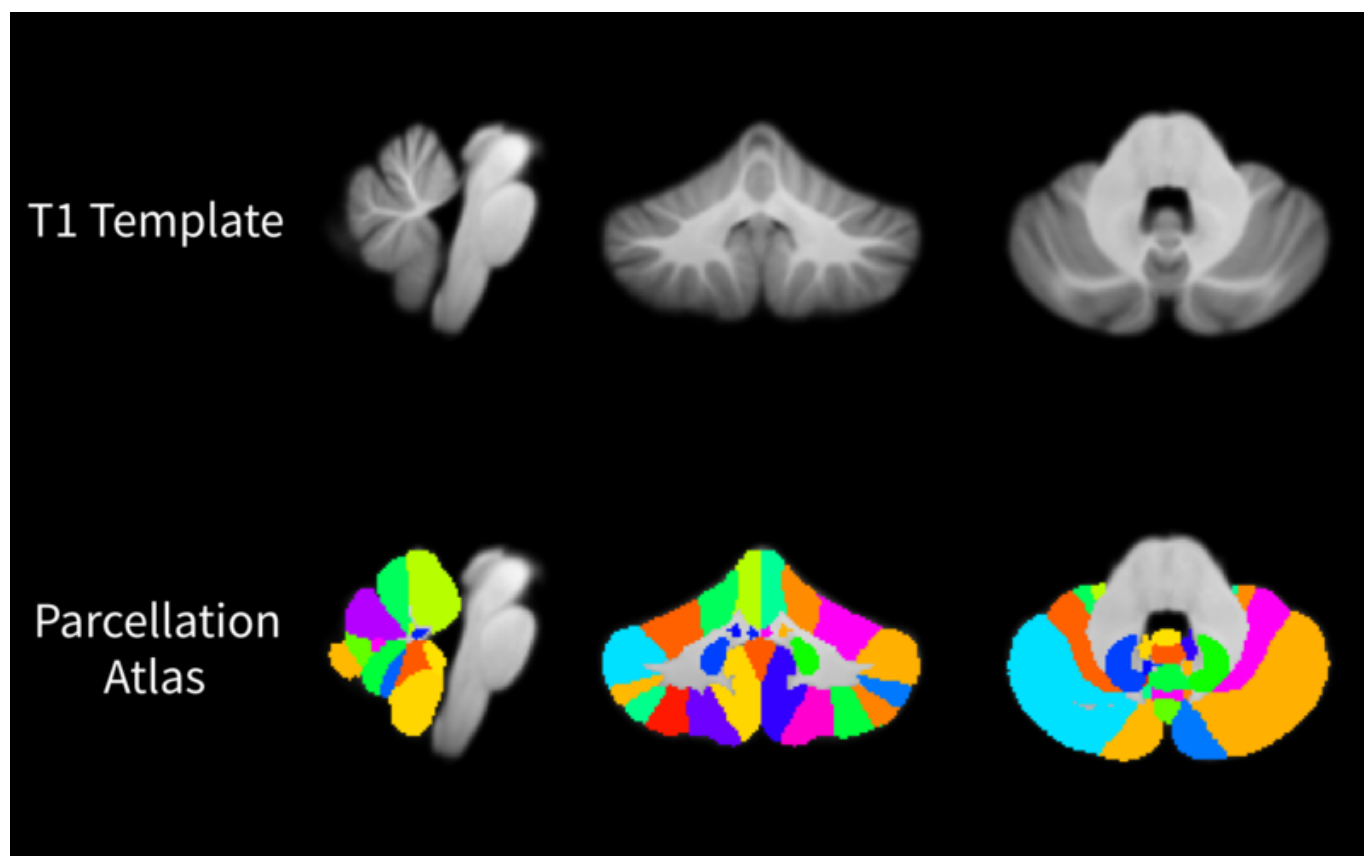
记录使用SUIT进行小脑的形态学分析（灰质体积）的基本方法。参考资料：

http://www.diedrichsenlab.org/imaging/suit_function.htm

2023-08-08更新 SUIT官网似乎并不能正常访问了，SUIT工具包也可以在Github上[下载](#)。

一、下载和安装SUIT工具包

1. [下载](#)SUIT工具包（我使用的版本为3.3）；
2. 解压后，将suit文件夹放在SPM12的toolbox目录下；
3. 在suit文件夹的子文件夹templates下存放着小脑的T1像模板（SUIT.nii）、在子文件夹atlas下存放着小脑分区模板（Cerebellum-SUIT.nii，28个分区）。

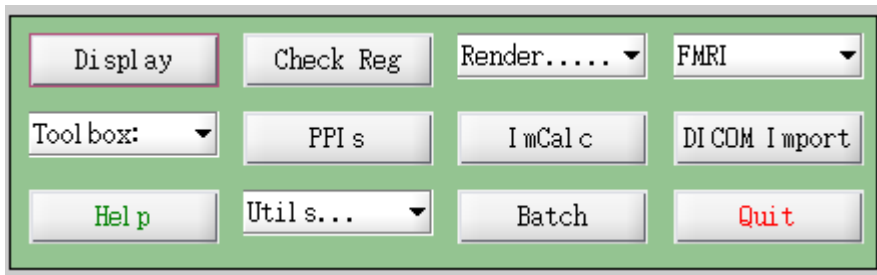


二、准备数据

SUIT要求T1像的分辨率是各项同性的（isotropic voxel size）、原点位于前联合（anterior commissure）附近以及图像朝向（orientation）为LPI。

1. 查看图像的分辨率、原点和朝向

使用SPM主界面上的Display选项打开图像，可以查看图像的分辨率和原点位置，如果各个方向的分辨率不是相同的或者原点位置不在前联合附近，需要修改图像的分辨率和原点位置。使用 `spm_orientations` 函数查看图像的朝向，如果朝向不是LPI，需要修改图像朝向。





Crosshair Origin

mm:

vx:

Intensity 266.11

right {mm}	<input type="text" value="0"/>
forward {mm}	<input type="text" value="0"/>
up {mm}	<input type="text" value="0"/>
pitch {rad}	<input type="text" value="0"/>
roll {rad}	<input type="text" value="0"/>
yaw {rad}	<input type="text" value="0"/>
resize {x}	<input type="text" value="1"/>
resize {y}	<input type="text" value="1"/>
resize {z}	<input type="text" value="1"/>

File: ./N002.nii

Dimensions: 448 x 512 x 176

Datatype: int16

Intensity: Y = 1 X

TE=2.200000048; sec=60599.4300; ph

Vox size: -0.5 x 0.5 x 1

Origin: 193 256 90.9

Dir Cos: -0.011 0.020 1.000
 0.991 -0.133 0.013
 0.133 0.991 -0.018

Full Volume	▼	<input type="button" value="Hide Crosshair"/>
World Space	▼	<input type="button" value="Trilinear in..."/>
Auto Window ...	▼	<input type="button" value="Add Overlay..."/>

2. 修改图像的分辨率、原点和朝向

批量设置原点（不太准确，但是似乎对结果影响不大）：

```
function auto_reorient(p)
if ~nargin
    [p,sts] = spm_select(Inf,'image');
    if ~sts, return; end
end
p = cellstr(p);
vg = spm_vol(fullfile(spm('Dir'),'canonical','avg152T1.nii'));
tmp = [tempname '.nii'];
for i=1:numel(p)
    spm_smooth(p{i},tmp,[12 12 12]);
    vf = spm_vol(tmp);
    M = spm_affreg(vg,vf,struct('regtype','rigid'));
    [u,s,v] = svd(M(1:3,1:3));
    M(1:3,1:3) = u*v';
    N = nifti(p{i});
    N.mat = M*N.mat;
    create(N);
end
spm_unlink(tmp);
```

批量修改分辨率和朝向：

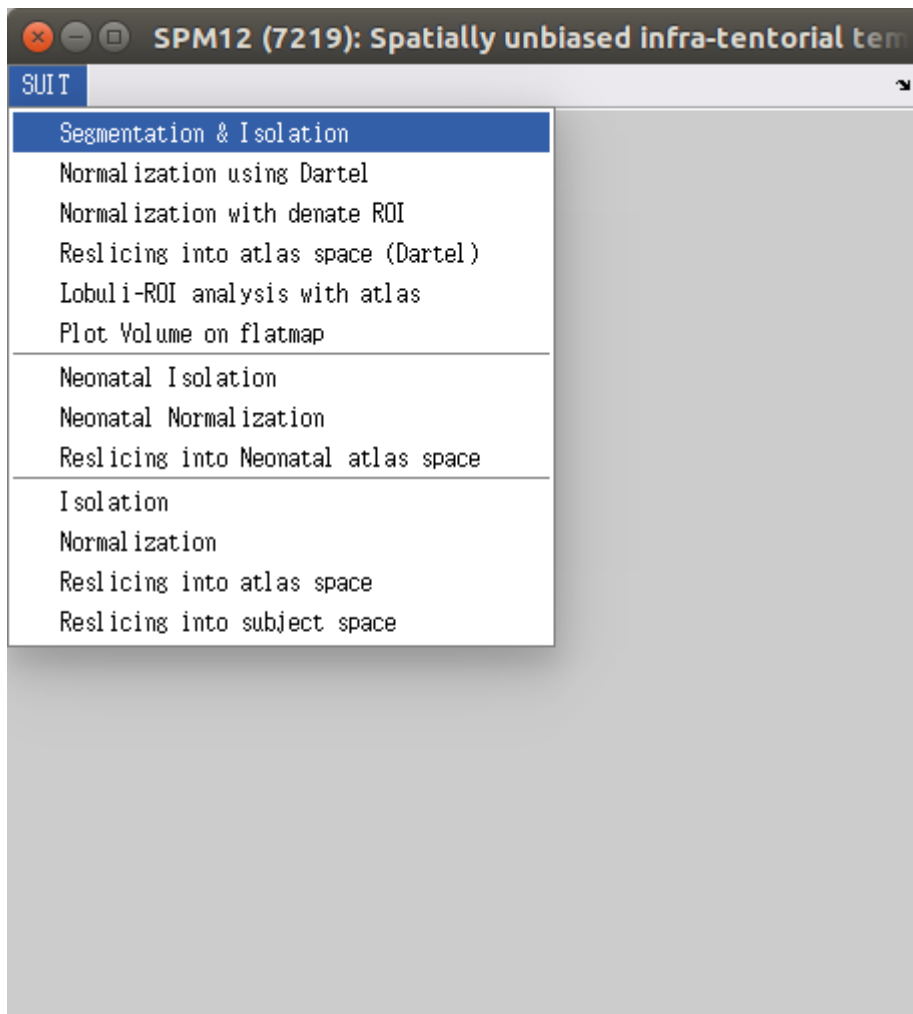
```
voxsiz = [1 1 1]; % new voxel size {mm}
V = spm_select([1 Inf],'image');
V = spm_vol(V);
for i=1:numel(V)
    bb = spm_get_bbox(V(i));
    VV(1:2) = V(i);
    VV(1).mat = spm_matrix([bb(1,:) 0 0 0 voxsiz])*spm_matrix([-1 -1 -1]);
    VV(1).dim = ceil(VV(1).mat \ [bb(2,:) 1]' - 0.1)';
    VV(1).dim = VV(1).dim(1:3);
    spm_reslice(VV,struct('mean',false,'which',1,'interp',0)); % 1 for linear
end
```

上述两个脚本来自网上（https://en.wikibooks.org/wiki/SPM/How-to#How_to_automatically_reorient_images?），其中原理我还没有完全理解。

三、形态学分析

1. 分离小脑

在SPM的toolbox下选择suit，在弹出的SUIT窗口中选择Segmentation & Isolation，然后选择每个被试的T1像（原点位于前联合、各方向分辨率一致、LPI）。



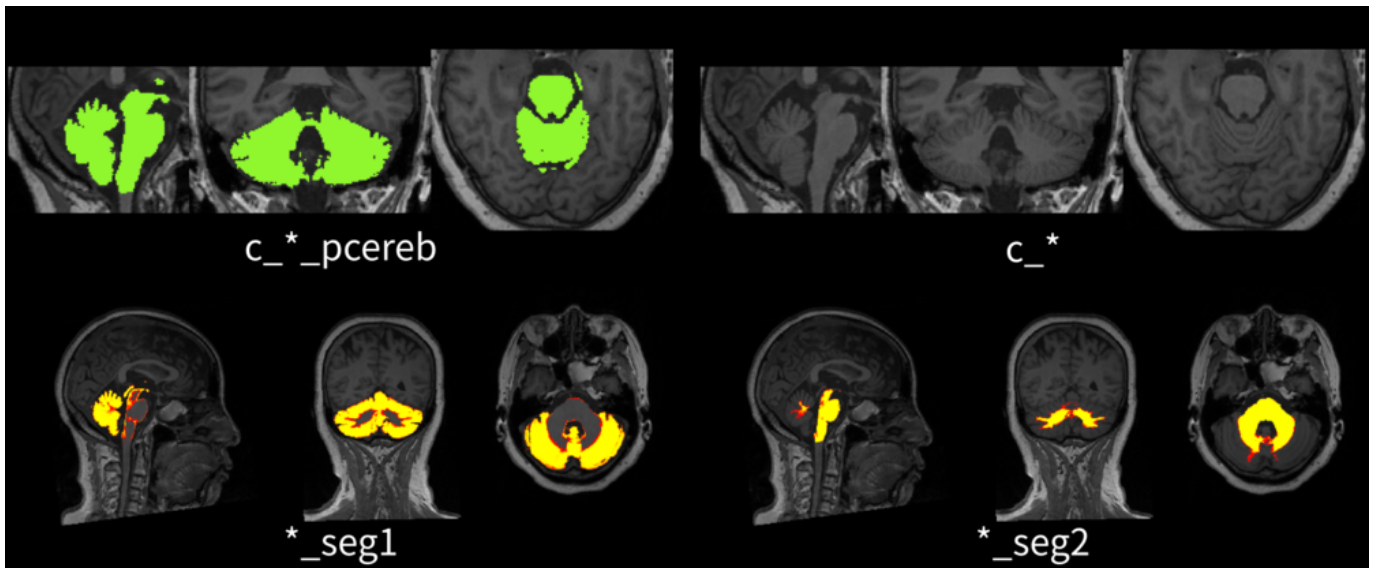
```

Current Module: Segmentation & Isolation

Help on: Segmentation & Isolation
Inputs
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN002.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN004.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN005.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN006.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN007.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN008.nii,1
. Subject Image(s)          ... UI T/TestMultipleSubjects/rN009.nii,1

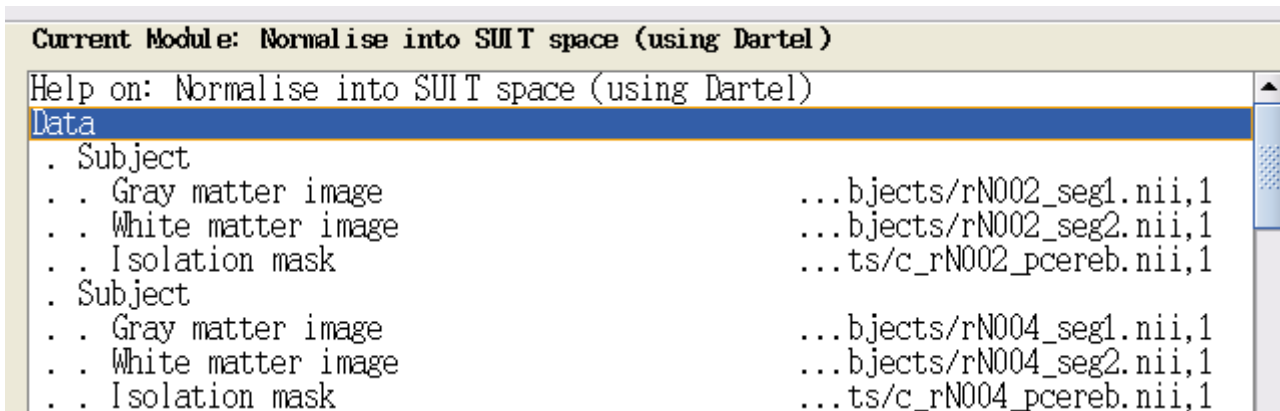
```

分析结束后，生成名为 `c_*.nii` 和 `c*_pcereb.nii` 两个文件，分别表示去掉小脑以上结构后的图像和小脑、脑干的mask文件；生成名为 `*_seg1.nii` 和 `*_seg2.nii` 两个文件，分别表示小脑的灰质和白质概率图像；这里 `*` 表示T1图像的文件名。



2. 配准到SUIT模板

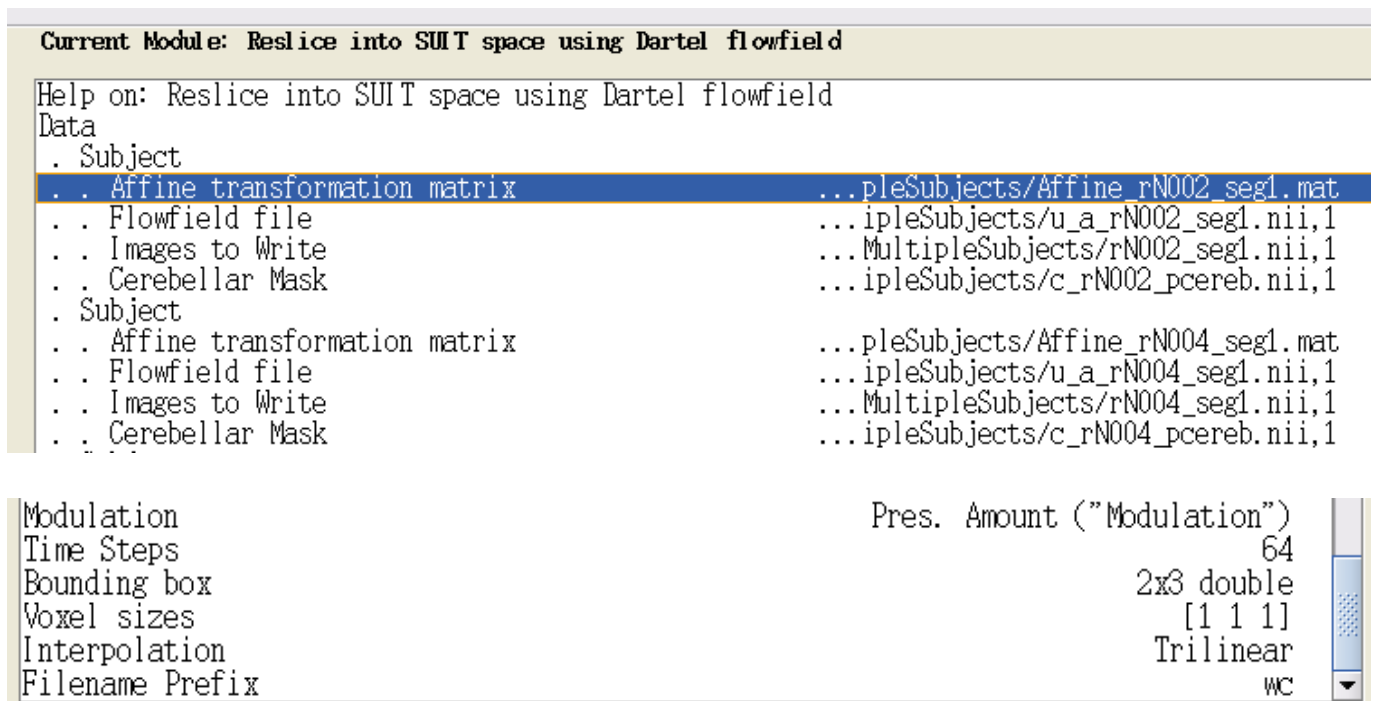
在SUIT的窗口中选择Normalization using Dartel，选择每个被试上一步生成的灰质、白质概率图像和小脑mask。



分析结束后，生成名为 `Affine*_seg1.mat` 和 `u_a_*.nii` 两个文件，分别表示配准过程中的线性和非线性配准的结果。

3. 将数据重采样到SUIT模板空间

在SUIT窗口中选择Reslicing into atlas space (Dartel)，选择上一步生成的（线性和非线性）配准文件、灰质概率图像和小脑mask；在Modulation选项处选择“Modulation”，Voxel sizes设置为 `[1 1 1]`。



分析结束后，生成名为 `wc*seg1.nii` 文件，表示转换到标准空间（SUIT空间）的小脑灰质图像。

4. ROI分析

在SUIT窗口中选择Lobuli-ROI analysis with atlas，选择上一步生成的每个被试的标准化的灰质图像，生成table.txt，表示每个被试在28个小脑ROI上的平均灰质体积（注意这里的数值是小数，表示的是灰质体积比例）。

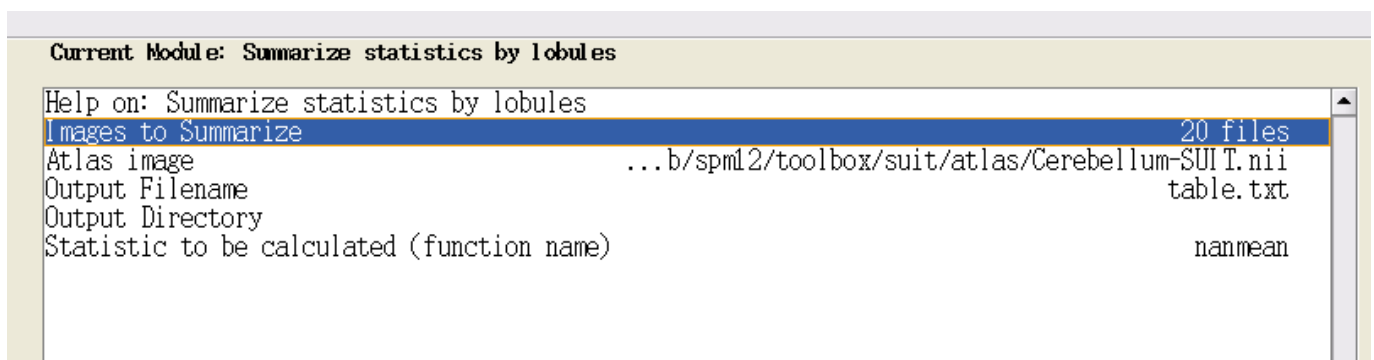


image	region	regionname	size	nanmean
1	1	Left I_IV	4895	0.47862
1	2	Right I_IV	5491	0.46934
1	3	Left V	6052	0.60174
1	4	Right V	5968	0.59001
1	5	Left VI	12562	0.63063
1	6	Vermis VI	2768	0.47314
1	7	Right VI	11426	0.63418
1	8	Left Crus I	17767	0.59704
1	9	Vermis Crus I	27	0.14612
1	10	Right Crus I	17817	0.60368
1	11	Left Crus II	13117	0.54321
1	12	Vermis Crus II	587	0.58283
1	13	Right Crus II	12630	0.53922
1	14	Left VIIb	6474	0.59636
1	15	Vermis VIIb	259	0.74472

在SUIT[官网](#)上也提供了另一种计算ROI体积的方法，思路是先将ROI分区模板转换到个体空间，然后在个体空间计算灰质体积：

```

%% transform Atlas back into subject space
job.Affine = 'Affine_rN002_seg1.mat';
job.flowfield = 'u_a_rN002_seg1.nii';
job.ref = 'rN002.nii';
suit_reslice_dartel_inv(job);

%% count the number of voxels in each ROI
V=spm_vol('iw_Cerebellum-SUIT_u_a_rN002_seg1.nii');
X=spm_read_vols(V);
for l=1:28
Numvox(l) = length(find(X==l));
end

```

5. Voxel-wise分析

类似于全脑的VBM分析，将每个被试标准化后的小脑灰质图像平滑后进行基于体素的统计分析，这里不再赘述。