

使用PANDA分析DWI数据

Alex / 2019-08-18 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-08-17，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

PANDA是一个基于Matlab的分析DWI数据的工具包，可以对DTI指标进行基于ROI或者TBSS分析，和基于确定性或概率性纤维追踪的结构连接分析。PANDA的使用手册已经非常详尽了，这里主要是我自己学习的一个总结。

一、下载和安装PANDA

下载地址：<http://www.nitrc.org/projects/panda>或者<https://github.com/ZaixuCui/PANDA>，我测试的版本是1.3.1。

解压后将文件夹及其子文件夹添加到Matlab搜索路径即可。在Matlab命令行窗口输入PANDA打开图形界面。注意使用PANDA需要从Linux/Mac的终端（terminal）打开Matlab。另外，需要事先安装好FSL（这里使用FSL 5.0.11）。

二、数据类型和格式

虽然PANDA手册里没有说明，从使用的软件来看，应该是只能处理single-shell的DWI数据（只有一个非0的b值）。PANDA要求数据整理成 被试文件夹 - 数据文件夹 的格式，比如被试文件夹名为S01，在该文件夹下有名为DATA的数据文件夹，在DATA文件夹下存放着DWI的原始数据。原始数据可以有两种形式，一种是DICOM格式，一种是NIFTI格式。NIFTI格式下，要求有名为bval和bvec的两个文件，分别表示梯度强度和梯度方向。

三、PANDA图形界面

Pipeline for Analysing brain Diffusion



PANDA



Version 1.3.1 (released 2016)

Developed by: National Laboratory of Cognitive Neuroscience and Learning, Beijing Normal University

1
DICOM/NIFTI Path

2
Result_Path

3
Subject_IDs

4
File_Prefi

Location Table

	Path of Dicom/NIFTI	Path of Result
1		
2		
3		
4		

5
Pipeline Opt

6
Diffusion Opt

7
Tracking Opt

8
Load

9
RUN

Monitor Table

Real time

Refresh

	Subject ID	Status	Job Name	Un
1				
2				
3				
4				

10
Help

Failed jobs

Utilities

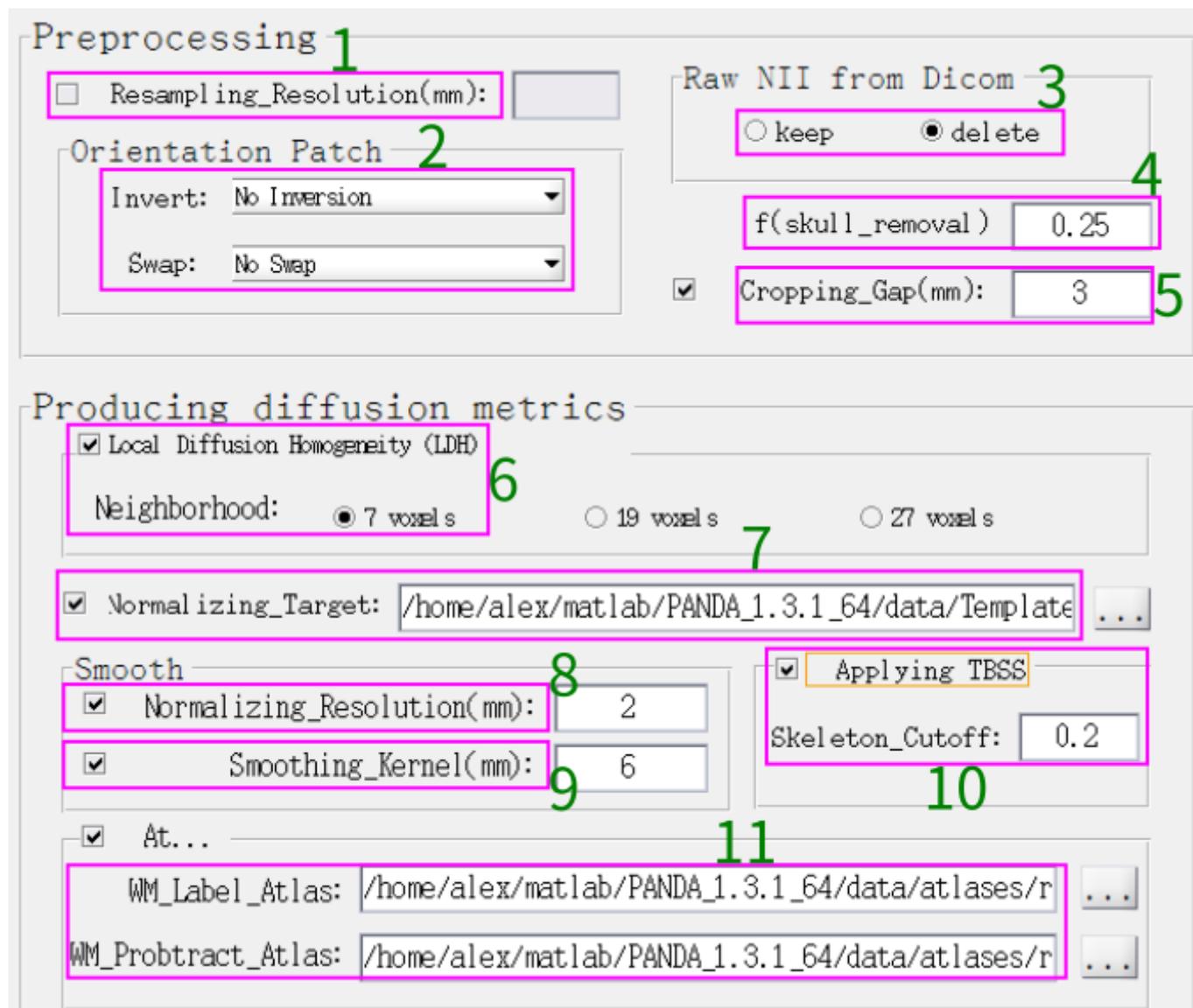
11
Clear

12
Terminate jobs

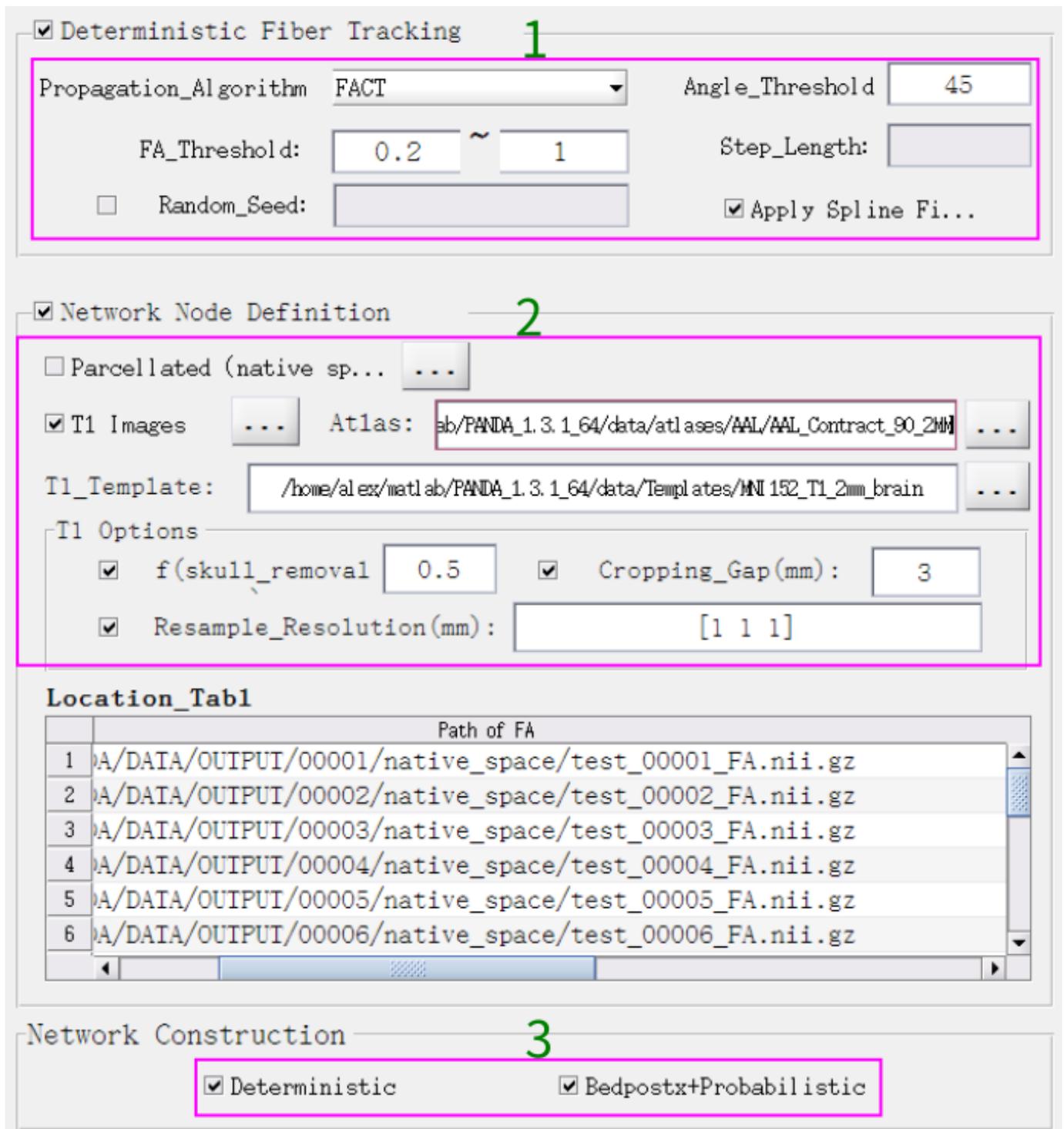
QUIT

PANDA主界面主要包括三部分：1/2/3/4分别表示被试文件夹（原始数据）的路径、输出目录、被试ID（重新给每个被试分配一个简单的标签，比如1,2,3...）和输出文件的前缀；5/6/7分别表示并行运算的选项、预处理（涡流校正、配准等）和计算DTI模型的指标（FA/MD、TBSS等等）的选

项、确定性和概率性纤维束追踪的选项；8/9/10/11/12分别表示加载参数文件（*.PANDA文件）、开始运行、查看处理失败的被试、清除所有设置内容、结束处理任务（开始运行后，由于在后台运行，即使关掉Matlab也无法结束任务）。



Diffusion Opt子界面主要包括预处理的一些参数和DTI指标。具体地，1表示对原始数据进行重采样，降低原始数据的分辨率可以减少处理时间；2表示对bvec（梯度方向）进行一些转换，原因是不同软件要求采用不同的坐标系统；3表示是否删除NIFTI格式的原始数据；4表示对b0图像进行颅骨剥离的参数（参见FSL的BET命令）；5表示截取FOV（field of view）的参数；6表示LDH指标的参数；7表示图像配准的标准空间，PANDA默认使用的是 FMRIB58_FA_1mm.nii.gz；8表示标准化图像的分辨率；9表示平滑核的大小；10设置TBSS的参数（参见FSL的TBSS脚本）；11表示白质分区模板，用于提取不同白质区域的DTI指标（包括FA/MD/RD/AD）。



Tracking Opt子界面主要包括确定性和概率性纤维束追踪的参数。1表示确定性追踪的参数，PANDA调用Diffusion Toolkit（参见<http://trackvis.org/dtk/>）；3表示构建连接矩阵（Network）的方法，如果选择Bedpostx+Probabilistic，会弹出概率性纤维束追踪的参数设置，PANDA调用的FSL的xfibres/probtrackx命令（参见<https://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/FDT/UserGuide>）；2表示设置网络节点的方法。思路是将T1图像配准到 MNI152_T1_2mm_brain 模板，然后根据转换场（warp field）将位于MNI空间的分区模板（默认是AAL90个分区的模板）变换到DWI空间（native space），然后在DWI空间进行纤维束追踪。对T1图像也可以进行颅骨剥离、截取FOV、重采样等预处理。

四、输出结果

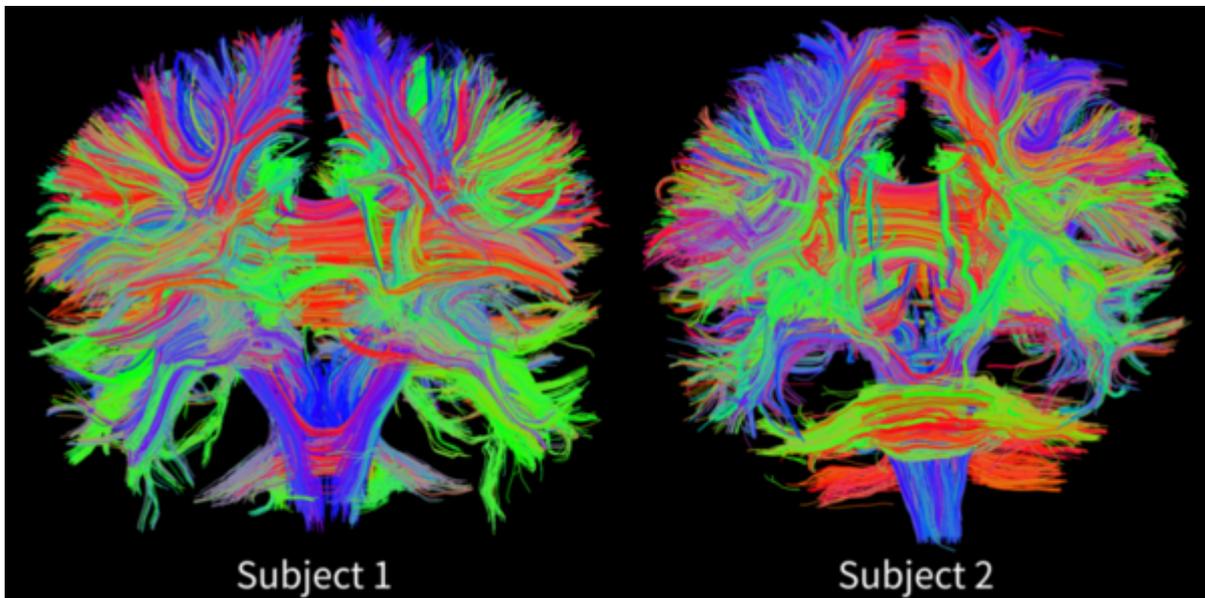
在输出目录下，每个被试对应一个文件夹，存放着该被试处理后的结果。主要包括8个文件夹：

`native_space`：存放着个体空间（相对于标准空间）的处理结果，包括DTI的指标和个体空间分区的结果；

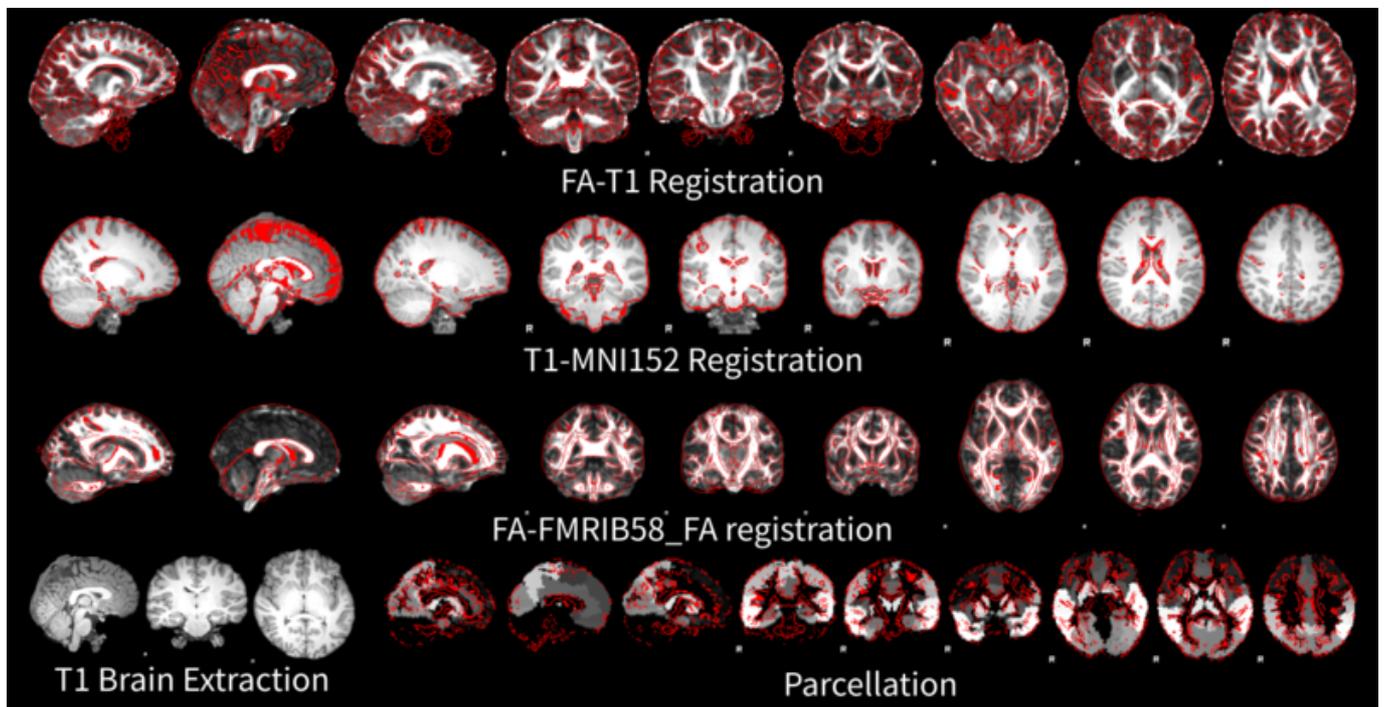
`native_space.bedpostx`：使用FSL的bedpostx估计纤维朝向分布的结果（用于进行概率性纤维追踪）；

`standard_space`：存放着标准空间的处理结果，包括DTI的指标（可以进一步进行统计分析）和TBSS的结果；

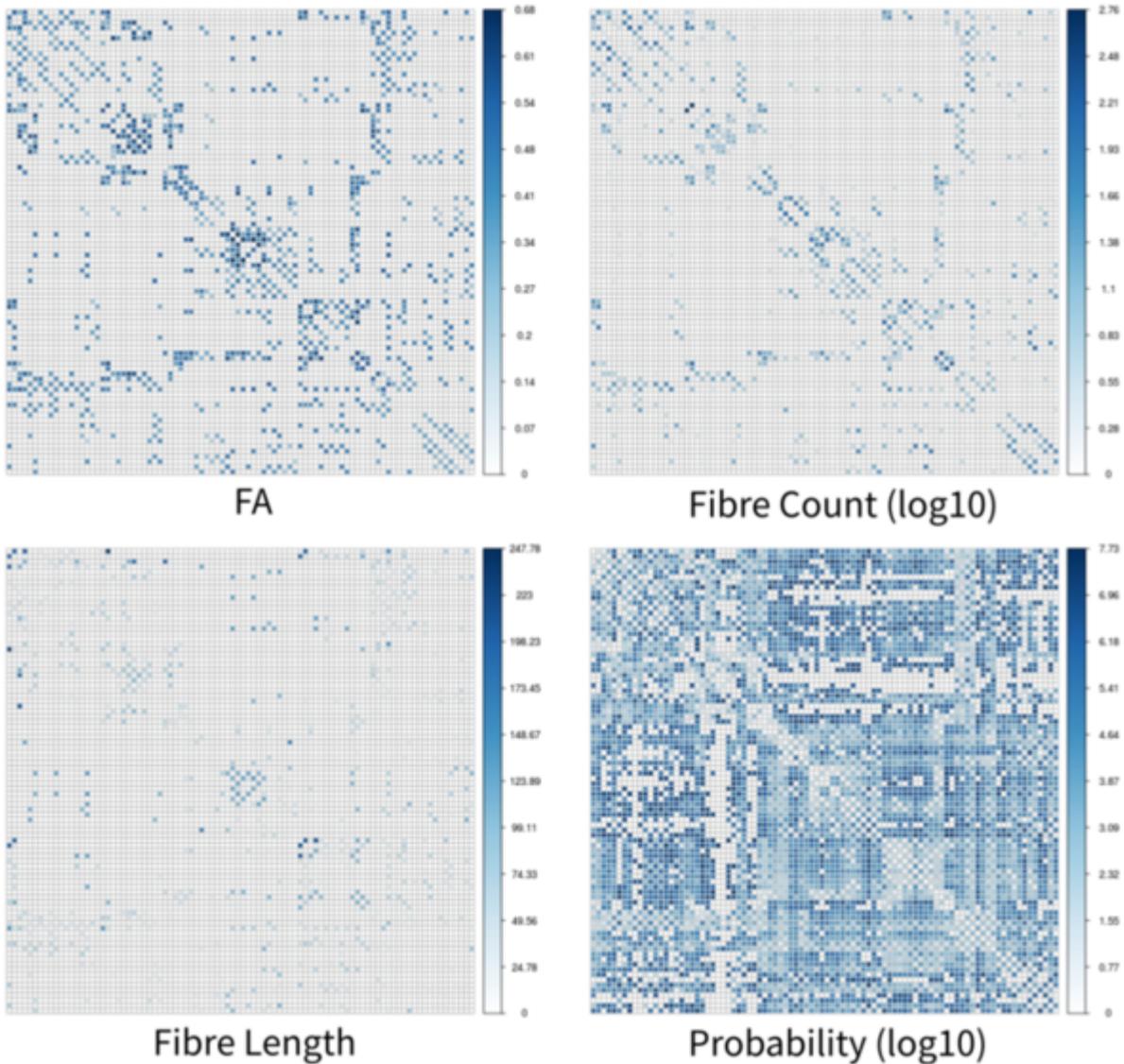
`trackvis`：存在着全脑确定性纤维束追踪的结果（可用于提取不同区域的结构连接），可以使用trackvis打开查看（下图是过滤掉纤维长度小于20mm后的结果）；



`quality_control`：包括一系列图片，用于检查图像配准、颅骨剥离和个体空间分区的效果，包括FA-T1的配准、T1-MNI152的配准、FA-FMRIB58_FA的配准、T1颅骨剥离和个体空间分区的结果；



Network：包括确定性和概率性追踪得到的结构连接矩阵。对于确定性追踪，连接强度分别用FA、纤维数量、纤维长度来刻画；对于概率性追踪，连接强度用连接概率（非对称矩阵）来表示；



`T1`：存放着T1像颅骨剥离的结果、FA-T1和T1-MNI152配准的结果；

`transformation`：存放着FA-FMRIB58_FA的配准的结果。

除了每个被试的结果，在输出目录还包括2个整合所有被试结果的文件夹：

`AllAtlasResults`：包含12个xls文件，存放这每个被试的不同指标的ROI均值；

`TBSS`：包括用于基于体素统计分析的结果和不同指标的ROI均值。

五、总结

从分析单位上来说，PANDA可以进行基于体素、ROI、TBSS的分析；从分析指标上说，PANDA可以分析DTI局部指标和不同区域间的结构连接；从计算上来说，PANDA提供了两种并行计算方式，可以充分利用计算资源。不足之处是FSL的颅骨剥离（BET）和非线性配准（FNIRT）的效

果都不太理想。另外，FSL更新了涡流校正和概率性纤维追踪的做法，看起来PANDA还是用的以前的方法。