

使用TBSS分析DWI数据

Alex / 2019-08-30 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-08-19，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

使用FSL进行基于纤维束骨架的方法（Tract-Based Spatial Statistics, TBSS）分析弥散加权MRI数据。以下所有内容来自于FSL的[官方教程](#)。

一、TBSS的思路

TBSS分析方法提出的思路是怎样的呢？由于图像非线性配准不够准确，所以首先根据所有被试的FA（fractional anisotropy）图像构造出一个纤维束的骨架（skeleton），用该骨架来表征纤维束。构造骨架的原则大致是，如果纤维束是一层（sheet），就用一个平面来表示，如果是管状（tube），则用一条线来表示；构造好骨架后，就把所有被试的FA图像投射到骨架上，实际上就是搜索骨架方向上的最大值；最后对投射到骨架上的FA值进行统计分析。所以（我认为）TBSS就是对数据做了一种简化，将相邻体素的值选择一个最大值来进行统计分析。详细原理请参见：

S.M. Smith, M. Jenkinson, H. Johansen-Berg, D. Rueckert, T.E. Nichols, C.E. Mackay, K.E. Watkins, O. Ciccarelli, M.Z. Cader, P.M. Matthews, and T.E.J. Behrens. Tract-based spatial statistics: Voxelwise analysis of multi-subject diffusion data. *NeuroImage*, 31:1487-1505, 2006.

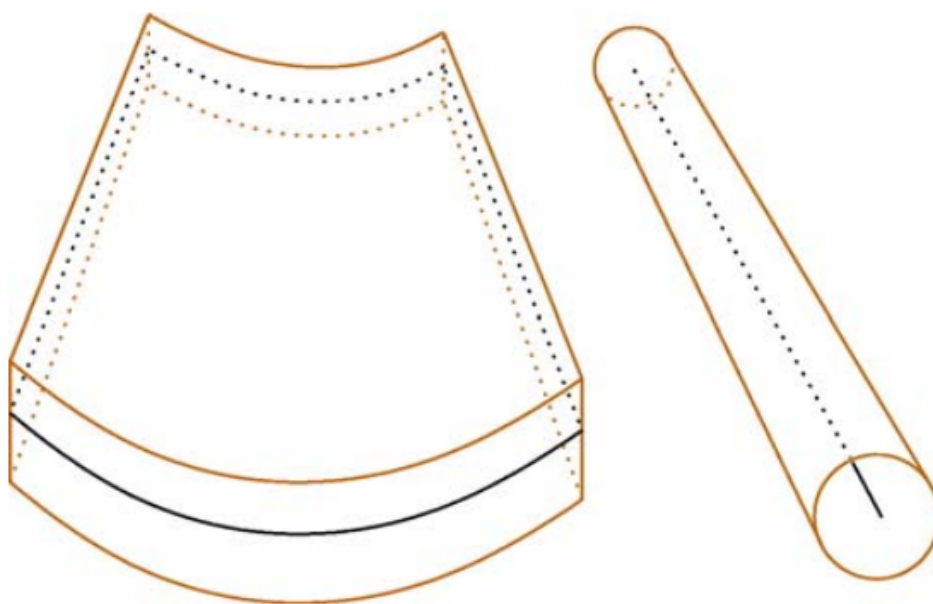


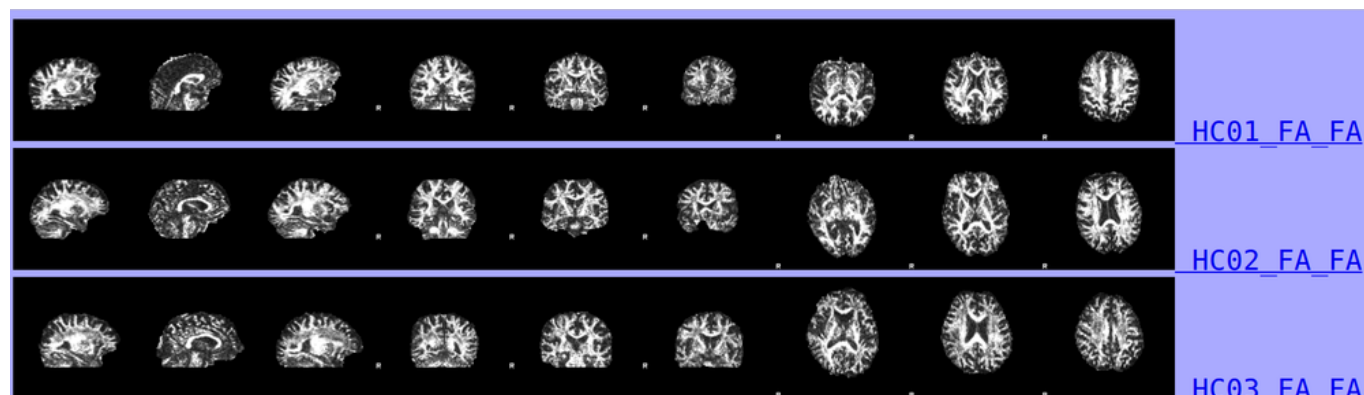
Fig. 2. Examples of fibre bundles; a “thick sheet” with a thin surface as its skeleton, and a “tube”, with a line as its skeleton.

二、涡流校正和拟合DTI模型

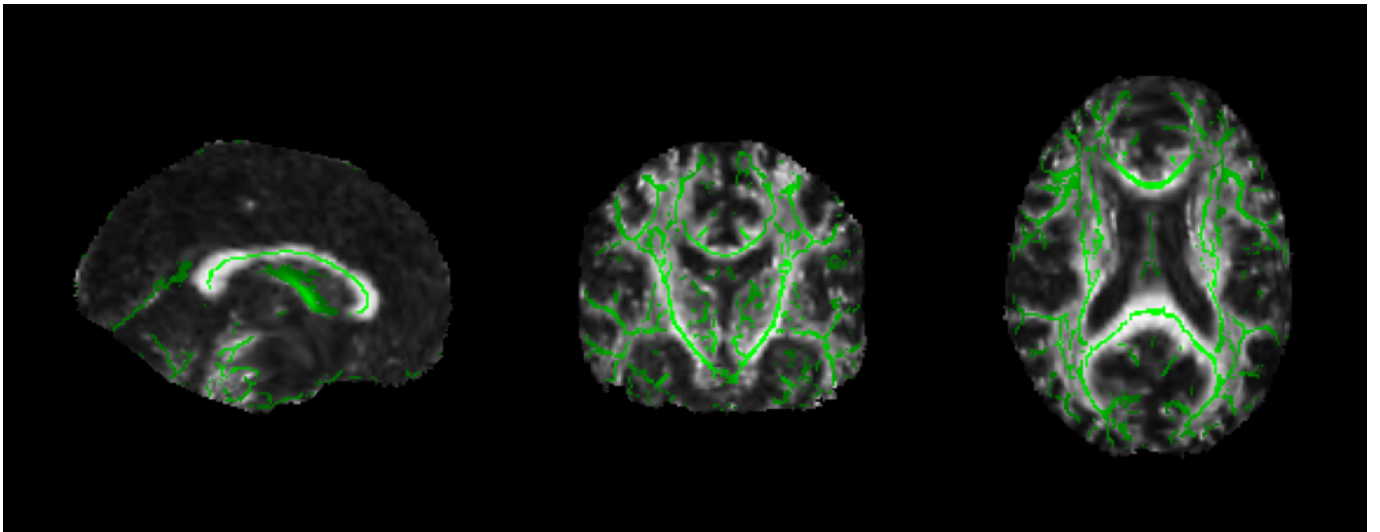
使用FSL的eddy命令对图像进行涡流校正和头动校正，使用FSL的dtifit命令对涡流校正后的DWI图像拟合DTI模型，得到FA和MD（mean diffusivity）等DTI指标。具体步骤请参见我以前的[博客](#)和FSL的[官方教程](#)。

三、TBSS步骤

1. 新建一个文件夹（假设命令为mytbss），将所有被试的FA图像复制到该文件夹中，对被试图像的命名最好遵循一定原则，后面做统计分析更方便。
2. 进入mytbss目录，在命令行输入：`tbss_1_preproc *.nii.gz`，这一步会新建一个名为FA的目录，并将所有被试的FA数据复制到该目录下，同时会新建一个名为origdata的目录，存放每个被试的原始FA图像。在FA目录下会生成一个slicesdir目录，存放着一个名为index.html的网页文件，包含每个被试的FA图像的截图，可以方便的查看每个被试的FA图像的情况。



3. 进入mytbss目录，在命令行输入：`tbss_2_reg -T`，这一步将每个被试的FA图像配准到FMRIB58_FA标准模板上，生成从个体空间到标准空间的转换文件。
4. 进入mytbss目录，在命令行输入：`tbss_3_postreg -s`，这一步会新建一个stats的目录，在该目录下存放着所有被试从个体空间转换到标准空间后的FA文件，所有被试的文件合并成了一个4D文件，命名为`all_FA.nii.gz`。同时生成所有被试的平均FA图像（命名为`mean_FA.nii.gz`）以及根据平均图像得到的骨架（命名为`mean_FA_skeleton.nii.gz`）。使用fsleyes打开`all_FA.nii.gz`和`mean_FA_skeleton.nii.gz`图像，改变FA骨架的阈值，检查每个被试的FA图像与FA骨架在不同阈值下对应情况，选择一个合适的阈值（比如0.2）。



5. 进入mytbss目录，在命令行输入：`tbss_4_prestats 0.2`，这一步对骨架去除阈值以下的区域（0.2表示上一步选择的阈值），生成 `mean_FA_skeleton_mask.nii.gz` 文件；并将每个被试的FA图像投射到骨架上，生成 `all_FA_skeletonised.nii.gz` 文件。

四、统计分析

官方推荐使用randomise对TBSS数据进行统计分析，请参见其[官方教程](#)。比如，进入stats目录，在命令行输入：

```
randomise -i all_FA_skeletonised -o mytbss -m mean_FA_skeleton_mask -d
design.mat -t design.con -n 5000 --T2
```

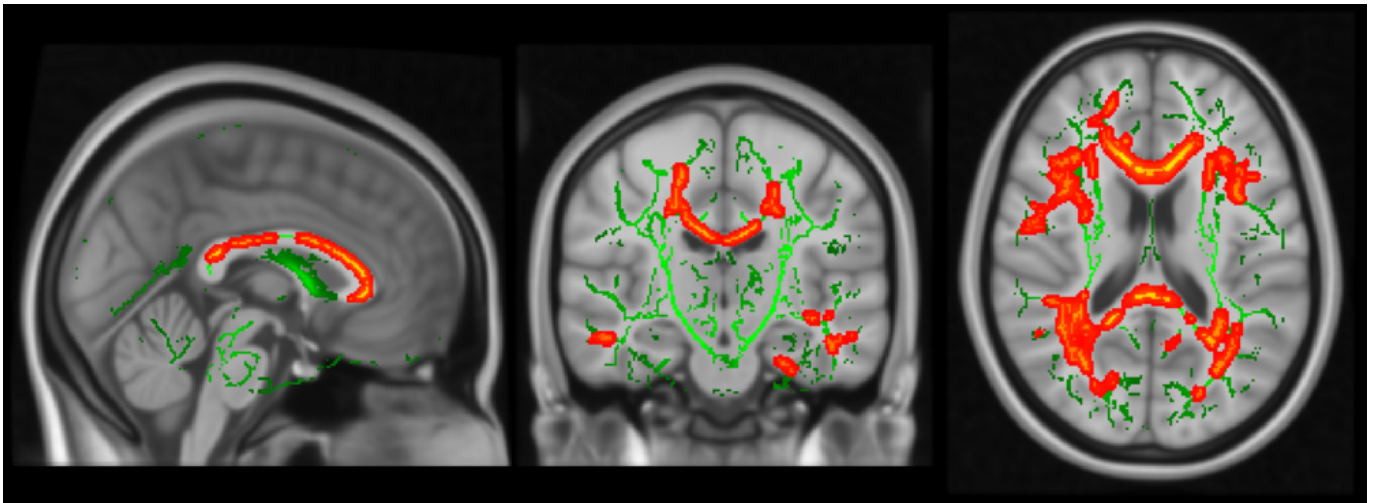
其中design.mat和design.con表示GLM模型的设计矩阵（design matrix）和对比向量（contrast），--T2表示使用基于TFCE的多重比较校正方法，mytbss表示输出文件前缀；最后 `mytbss_tfce_corrptstat1.nii.gz` 表示第一个contrast的校正后的p值（实际上是1-p值）。

五、可视化

为了可视化效果，可以对显著的区域进行一些平滑，在stats目录下，在命令行输入：

```
tbss_fill mytbss_tfce_corrptstat1 0.95 mean_FA mytbss_fill
```

其中0.95表示显著的阈值，`mytbss_fill` 表示平滑后的文件。大致步骤包括：去除阈值以下的区域，并使用3mm的平滑核进行平滑，再和 `mean_FA` 相乘并去掉一些太小的值。



六、使用TBSS分析其他指标

TBSS是基于FA图像的，如果使用TBSS的方法分析其他指标（比如MD），需要先完整运行前面分析FA图像的步骤，然后：

1. 在mytbss目录下新建一个名为MD的目录，将所有被试的MD文件复制到MD目录下，要求命名和FA文件一致；
2. 进入mytbss目录，在命令行中输入：`tbss_non_FA MD`，在stats目录下会生成 `all_MD_skeletonised.nii.gz` 文件，表示每个被试投射到骨架上的MD文件；
3. 对投射到骨架后的MD文件进行统计分析和可视化。