

使用GRETNA进行图论分析

Alex / 2022-05-22 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

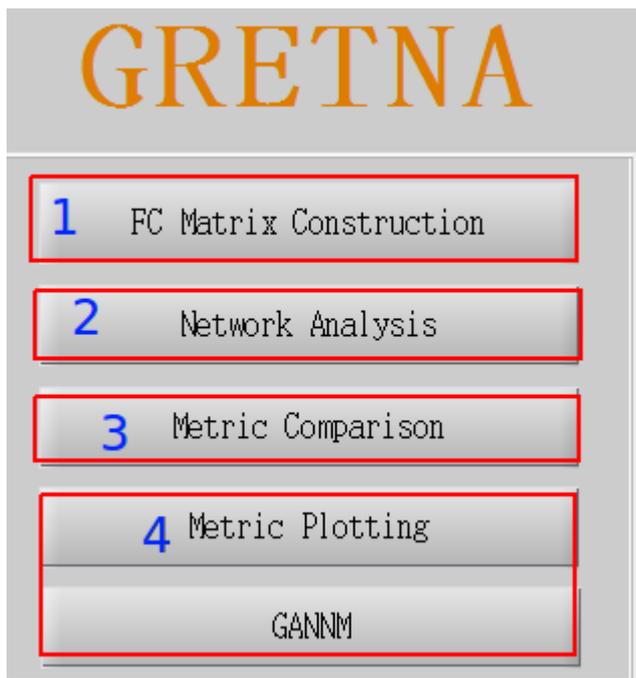
更新于2023-09-20，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

记录使用GRETNA图形界面进行图论分析的基本流程。我这里使用的版本是v2.0.0（也是最新版本，五年没更新了）。以下所有内容来自于GRETNA安装包中的使用手册。由于官方的使用手册非常清楚，我只记录一下要点。

一、下载和安装

1. 下载地址：<https://www.nitrc.org/projects/gretna/>或<https://github.com/helab207/GRETNA>；
2. 将下载的压缩包解压后添加到Matlab路径中（Add with subfolders）；
3. GRETNA依赖SPM12，因此需要同时安装好SPM12；
4. 在Matlab命令行窗口输入 `gretna` 打开图形界面。

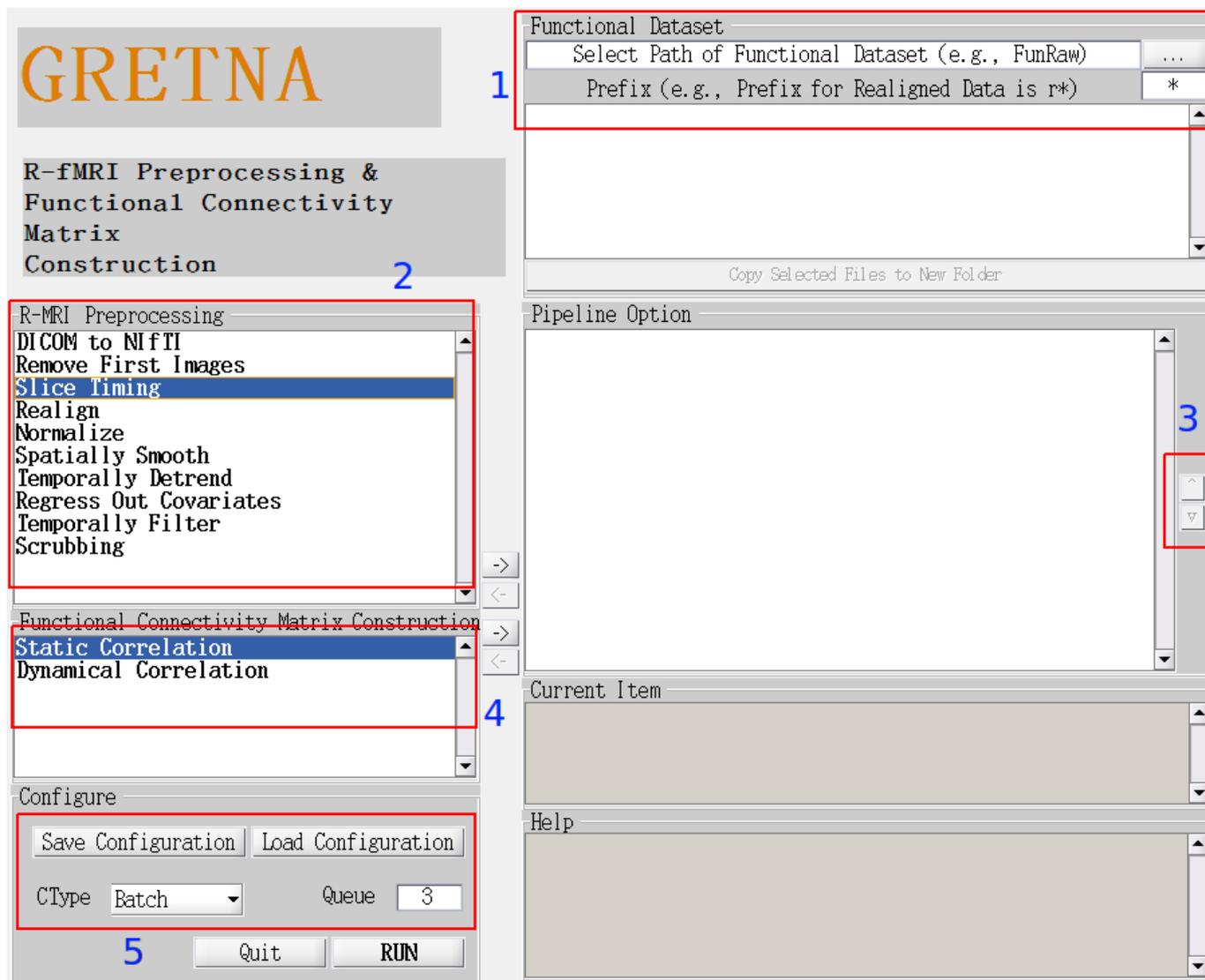
二、功能概述



1. 模块1用于对静息态fMRI数据进行预处理和计算（静态或动态）功能连接矩阵；
2. 模块2根据（功能或结构）连接矩阵计算图论指标；

3. 模块3对图论指标或功能连接矩阵进行统计分析；
4. 模块4包括对图论指标进行可视化和生成结构连接矩阵的零分布（GANNM）。由于使用手册里对于GANNM的描述过于简单，不太清楚具体实现原理。后面的内容将不涉及这个模块。

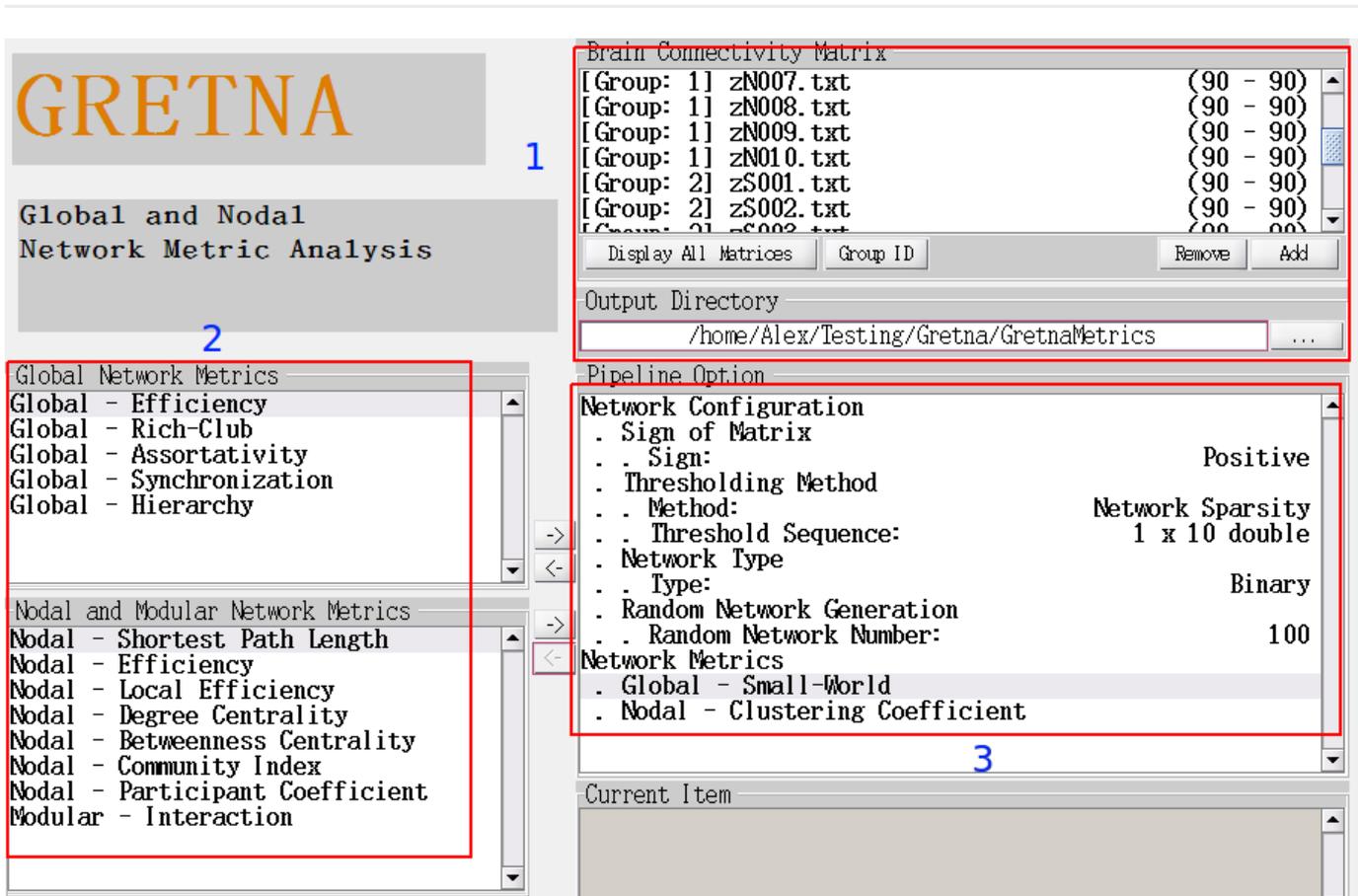
三、静息态fMRI预处理和构建功能连接矩阵



1. 在1处选择原始数据，输入数据格式是每个被试一个文件夹，通过文件夹名字来区分不同的被试。Prefix处可以用来筛选文件，所以每个被试的数据名字保持一致会比较方便（比如，rest.nii）。这里只输入fMRI的数据，在预处理的Normalize选项中可以输入T1像来进行配准，T1像数据格式和fMRI一样，也是通过文件夹名字来区分被试；
2. 在2处选择fMRI数据的预处理步骤，通过 -> 按钮选择需要的步骤，并在Pipeline Option里设置具体参数，通过3处的按钮可以再次调整预处理步骤的顺序；

3. 在4处选择计算静态功能连接还是动态功能连接。在5处可以保存设置的参数，需要重新处理的时候可以直接加载参数文件。还可以设置并行处理；
4. 预处理结束会在每个被试文件夹下生成一系列的文件，这些文件的命名规则参见使用手册第23页（比如，warnrest.nii表示的是去除前n个时间点数据、头动校正、时间层校正和空间标准化后的数据）；除了图像文件，还包括空间标准化结果的图片和头动指标文件（包括6个头动参数、PowerFD和Scrubbing的mask和百分比）；还生成了一个名为GretnaLogs的文件夹，汇总了所有被试的空间标准化结果的图片和头动指标，方便批量检查；
5. 静态功能连接计算会生成GretnaTimeCourse、GretnaSFCMatrixR和GretnaSFCMatrixZ（如果设置了Fisher's Z变换）三个文件夹，存放着每个被试的时间序列、相关矩阵和进行Fisher's Z变换后的相关矩阵（即功能连接矩阵）；如果设置了动态功能连接计算，会生成类似的文件夹。

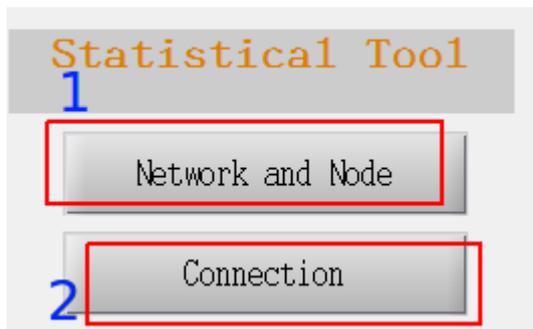
四、计算图论指标



1. 在1处选择输入数据，输入数据是每个被试的连接矩阵（不一定是功能连接矩阵），格式是文本文件；选择Display All Matrices会弹出每个被试的矩阵图，用于检查输入数据；在Group ID处可以给每个被试组别标签，这样处理后的结果会根据组别标签保存在不同的文件夹中（方便后续统计分析）；此外，还需要设置输出目录；

2. 在2处选择需要计算的图论指标，还需要设置稀疏度等参数（如3所示）；图论指标可以分为整个网络的指标（Global）和每个节点的指标（Nodal and Modular）；注意Nodal-Community Index和Nodal-Participant Coefficient/Interaction不能同时选择，否则会报错（不太清楚原因）；由于每个指标文件夹下的文件含义在使用手册中已经描述得比较清楚了，这里不再赘述。

五、统计分析



1. 在1处可以对图论指标进行统计分析，提供的统计推断方法包括：单样本T检验、双样本T检验、配对T检验、单因素（独立样本）方差分析、单因素重复测量方差分析、相关分析；提供了FDR和Bonferroni多重比较校正；
2. 在2处可以对连接矩阵每条边进行单样本或双样本T检验，提供了FDR、Bonferroni和NBS多重比较校正；此外，还可以计算平均连接矩阵。