

# 使用LQT分析脑损伤数据

Alex / 2024-04-03 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

本文介绍LQT（Lesion Quantification Toolkit）的基本用法。LQT是一个MATLAB工具包，主要用于度量局部脑损伤引起的白质失连接（disconnection）。

## 一、下载和安装LQT

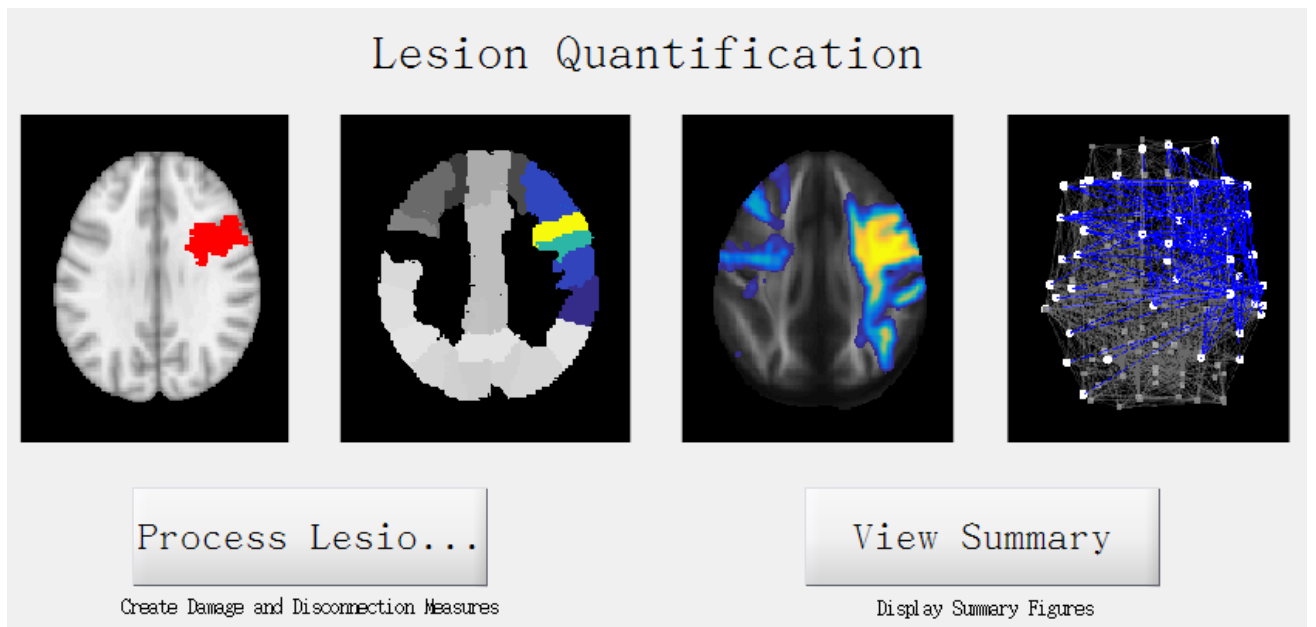
1. 下载地址：<https://wustl.app.box.com/v/LesionQuantificationToolkit>。根据下载地址里文件的更新日期，似乎有2021和2023两个版本，2023版本看起来多了一个纤维束追踪模板（tractography atlas）。我测试的是2021版本。在下载地址里，还包含了LQT的使用手册（User\_Manual.docx）。除了使用手册，下面的文献详细介绍了LQT生成的不同指标的计算方法：

Griffis, J. C., Metcalf, N. V., Corbetta, M., & Shulman, G. L. (2021). Lesion Quantification Toolkit: A MATLAB software tool for estimating grey matter damage and white matter disconnections in patients with focal brain lesions. *NeuroImage. Clinical*, 30, 102639. <https://doi.org/10.1016/j.nicl.2021.102639>

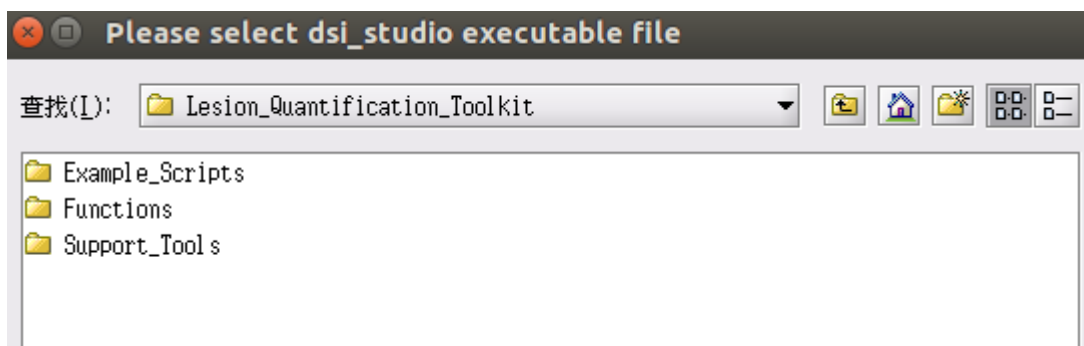
2. LQT依赖DSI-Studio进行分析，所以需要额外安装DSI-Studio。由于我测试的环境比较老旧（Ubuntu 16.04），在安装DSI-Studio中遇到了一些系统库版本太低的问题，解决思路就是根据报错提示，升级相应的系统库。另外，MATLAB似乎会使用自带的库而不是系统库，所以升级系统库以后，需要在MATLAB中修改 LD\_LIBRARY\_PATH 环境变量：

```
setenv('LD_LIBRARY_PATH', ['/usr/lib/x86_64-linux-gnu:', getenv('LD_LIBRARY_PATH')]);
```

3. 将LQT文件夹中的 Functions 文件夹添加到MATLAB的搜索路径里，在命令行窗口输入 lqt\_start\_ui 打开LQT的图形界面（如下图所示）。



选择左侧的 Process Lesion(s) 按钮，第一次打开会提示选择DSI-Studio的可执行文件（如下图所示），选择的DSI-Studio可执行文件的路径会自动保存在LQT目录下的 dsi\_path.mat 文件中，以后打开LQT就不用再次选择了。



## 二、使用方法

1. 输入文件有两个：一个是被试的脑损伤mask文件，要求位于MNI空间，维度为  $182 \times 218 \times 182$ ，分辨率为1mm；另一个是分区模板文件，空间、维度和分辨率要求和脑损伤mask文件相同。在LQT的 Support\_Tools/Example\_Lesions 目录下提供了5个被试的mask文件；在 Support\_Tools/Parcellations 目录下提供了一些常用的分区模板。
2. 在命令行窗口输入 lqt\_start\_ui 打开LQT的图形界面，选择左侧的 Process Lesion(s)，选择所有被试的脑损伤mask文件；在弹出的界面中选择是否使用默认的分区模板（默认的分区是Schaefer皮质分区+AAL皮下核团和小脑分区+Harvard-Oxford脑干分区），我测试使用的是默认分区模板；选择保存结果的目录；选择计算两个脑区连接的标准，推荐选择 End（即streamline终止在脑区）；最后设置计算最短路径时的阈值和对体素水平失连接图的平滑核大小（FWHM），使用默认的参数即可。图形界面的操作过程在LQT的使用手册上有详细的截图，这里就不再重复了。

3. 除了使用图形界面，也可以通过脚本的方式使用LQT。在LQT的 `Example_Scripts` 目录下提供了两个样例脚本。由于图形界面选项很少，我更倾向于使用图形界面。
4. 由于LQT的使用手册对于生成的每个结果文件的描述非常详细，我在此只是简单总结一下。LQT运行结束后，生成 `Atlas` 文件夹，该文件夹中存放着健康人群（HCP842）的结果；对于每个被试的脑损伤mask文件，生成一个单独的文件夹，在该文件夹下包含5个子文件夹，分别表示5个指标的结果。具体地，`Parcel Damage` 表示脑损伤和不同脑区的重合程度、`Tract_Disconnection` 表示对于每条纤维束，streamline穿过脑损伤区域的比例、`Parcel_Disconnection` 表示对于任意两个脑区之间的连接，streamline穿过脑损伤区域的比例；`Disconnection_Maps` 表示对于每个体素，通过该体素的streamline穿过脑损伤区域的比例；`Parcel_SSPL` 表示由于脑损伤导致的任意两个脑区之间的最短路径的增加。