

NeuroMark 脑功能网络分析软件

用户手册

杜宇慧(duyuhui@sxu.edu.cn)

孔燕舒

智能医学图像分析实验室

山西大学

<http://www.yuhuidu.com>

版本 1.0, 发布于 2021.8.4

目录

1.软件介绍	2
1.1. NeuroMark 脑功能网络分析软件概述	2
1.2. NeuroMark 脑功能网络分析软件功能	2
2.软件安装	2
2.1.使用 NeuroMark 前的准备工作	2
2.2.软件安装及环境目录的设置	2
3.软件使用方法	3
3.1.脑功能影像数据分析	3
3.1.1.选择工作路径	3
3.1.2.大脑掩膜的选择	5
3.1.3.选择脑功能网络模板	5
3.1.4.选择输出路径	7
3.1.5.帮助	7
3.1.6.运行	8
3.2.结果可视化	9
3.2.1.选择结果路径	9
3.2.2.选择大脑模板	11
3.2.3.选择脑区个数	11
3.2.4.运行结果可视化	12
感谢	13
参考文献	13

1.软件介绍

1.1. NeuroMark 脑功能网络分析软件概述

NeuroMark 脑功能网络分析软件集成了对大规模脑功能影像数据进行分析并从中提取脑功能网络和相关测度的完整分析流。NeuroMark 脑功能网络分析软件使用 MATLAB 2018b 开发，操作系统为 Windows10 64 位。

1.2. NeuroMark 脑功能网络分析软件功能

NeuroMark 脑功能网络分析软件包括以下模块：

- 脑功能影像数据分析：利用从 1828 名健康受试者中提取出的可靠的大脑网络模板作为指导，自动估计出每个个体受试者的脑功能网络和相关测度。
- 结果可视化：对估计出的个体受试者的脑功能网络和相关测度进行可视化。

2.软件安装

2.1.使用 NeuroMark 前的准备工作

- NeuroMark 软件包下载：通过 <http://www.yuhuidu.com> 下载本软件。
- 辅助软件下载：需要提前安装以下软件包：
Statistical Parametric Mapping (SPM12)
(下载网址：<https://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/software/download>)
- 在使用 NeuroMark 之前，请对数据进行预处理，输入数据格式必须为 NIFTI (.nii) 图像。

2.2.软件安装及环境目录的设置

- 运行 MATLAB（建议使用 MATLAB2018b 及以上版本）。
- 将 NeuroMark 添加到 MATLAB 的路径中：点击 MATLAB 目录的“File”->点击“Set Path”->在弹出的目录中点击“Add with Subfolders...”->选择“NeuroMark”文件夹->点击“OK”->点击“Save”。
- 使用同样的方式将 SPM12 软件包添加到 MATLAB 路径中。
- 检查是否安装成功：在 MATLAB 的控制台输入“NEUROMARK”运行软件；若安装成功，主界面如下（图 2.1）所示，该软件的具体功能将会在第三章中详细介绍。

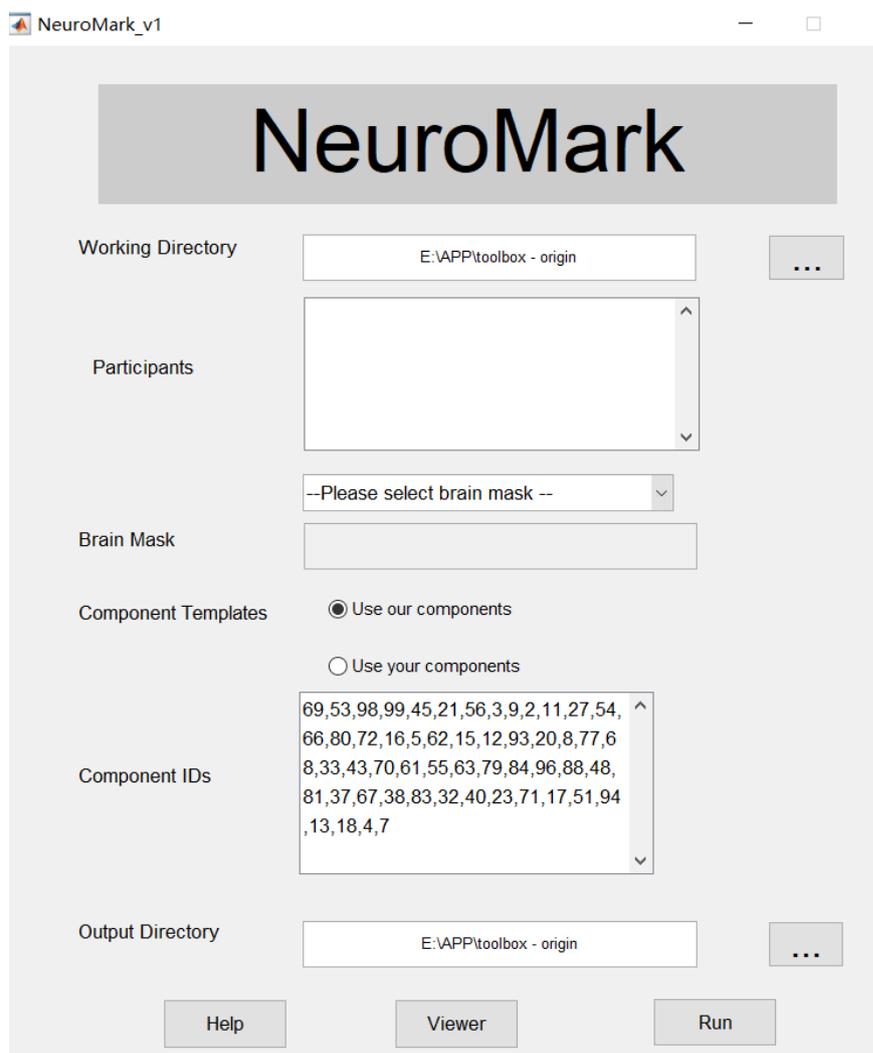


图 2.1 软件主界面

3. 软件使用方法

3.1. 脑功能影像数据分析

NeuroMark 脑功能网络分析软件集成了 NeuroMark 方法，通过输入被试的功能磁共振成像数据，选择特定的大脑网络模板为指导，估计出个体被试和大脑网络模板对应的脑功能网络以及相关的时间序列^[1,2]。

3.1.1. 选择工作路径

用户点击“Working Directory”对应的按钮，NeuroMark 将会弹出选择工作路径的对话框，该对话框的默认路径为当前 MATLAB 的工作路径（图 3.1）。用户应选择存放被试文件夹的总目录。值得注意的是，数据的标准组织方式应为总目录—被试文件夹—被试的 NIFTI 文件，NeuroMark 只支持“.nii”格式的数据。

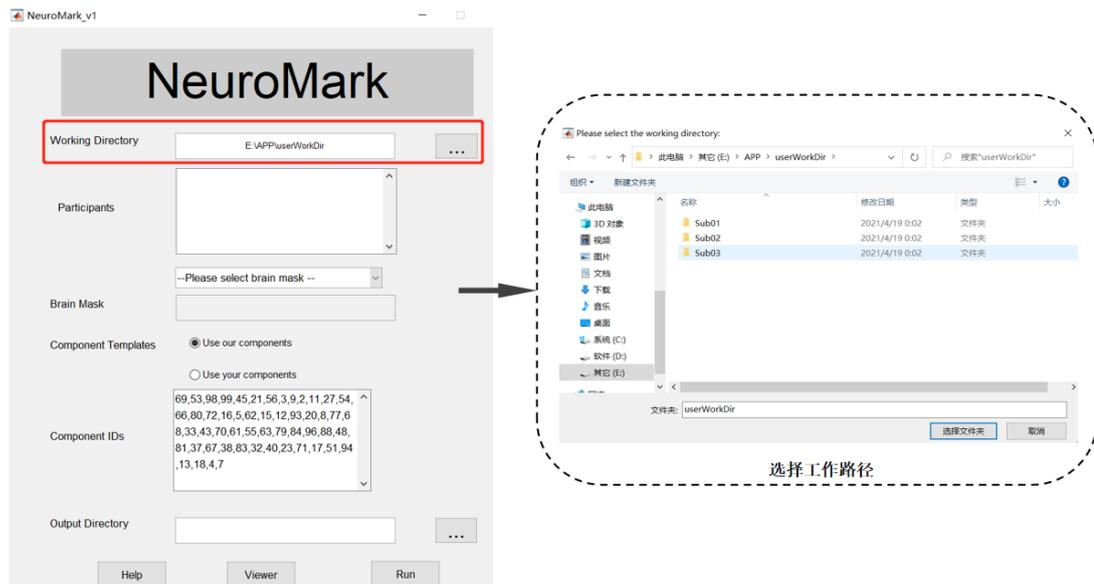


图 3.1 选择工作路径界面

NeuroMark 将在“Participants”中展示出所有的被试文件夹，用户可以在“Participants”中单击右键选择移除指定被试或移除所有被试的数据（图 3.2）。

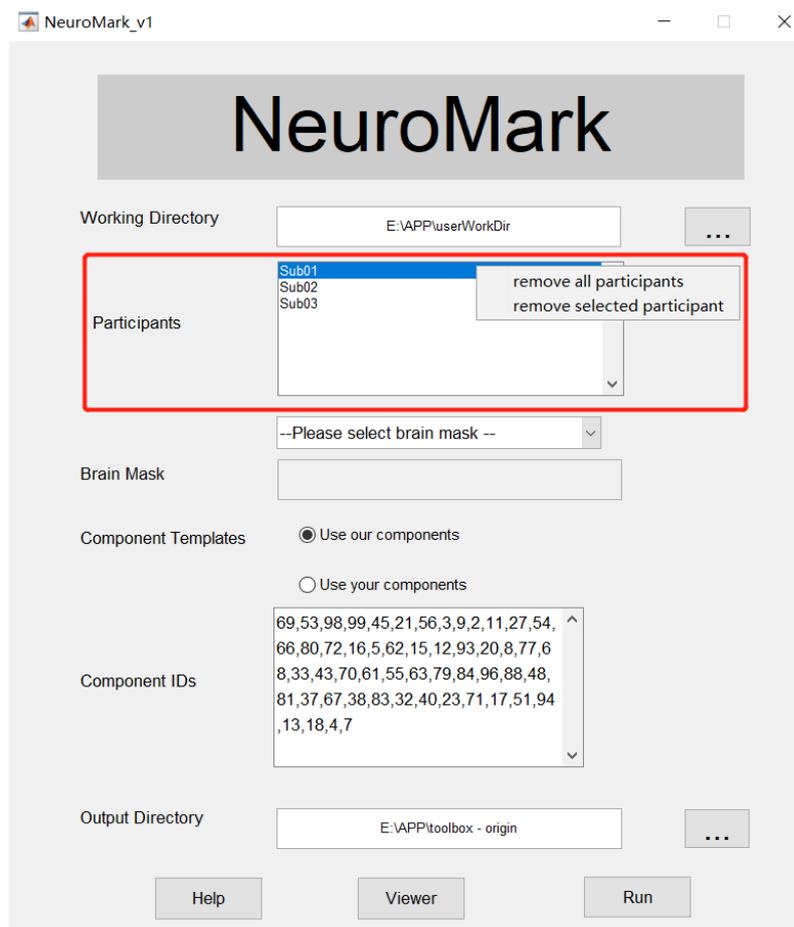


图 3.2 对被试文件的显示及操作界面

3.1.2. 大脑掩膜的选择

因为 ICA 分析只在大脑区域内（即排除脑外区域）执行，所以我们需要大脑掩膜来限定大脑区域。在本软件中，用户可以选择自己的大脑掩膜，也可以使用 NeuroMark 根据用户输入的数据自动计算得到的大脑掩膜。

用户通过“Please select brain mask”下拉框选择掩膜。如果用户点击“Use your brain mask”，NeuroMark 将为用户提供按钮以选择用户指定的大脑掩膜；如果用户点击“Use brain mask generated by us”，NeuroMark 会根据输入被试的数据自动计算对应的大脑掩膜（图 3.3）。

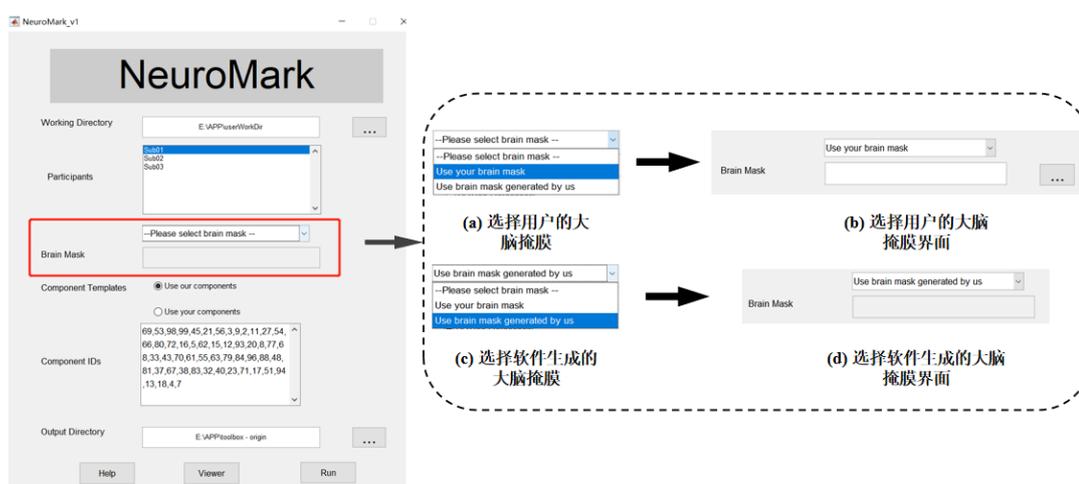


图 3.3 选择大脑掩膜界面

3.1.3. 选择脑功能网络模板

在 NeuroMark 中，脑功能网络模板作为估计被试成分的指导成分来估计被试的个体成分。该模板可以来自于我们提供的在 1828 个健康受试者中提取的 100 个独立成分，也可以是用户提供的脑功能网络模板。如果用户分析的数据和模板的维数不一致，NeuroMark 将对脑功能网络模板进行重采样以符合数据的维度。

点击“Component Templates”对应的按钮选择脑功能网络模板。若点击“Use our components”，在“Component IDs”中将展示出软件根据“NeuroMark”方法得到的 53 个成分编号，用户可以添加或删除成分编号。如果编辑后的成分编号中存在噪声成分（我们给定的 53 个成分之外的成分），NeuroMark 会提示用户可能存在噪声成分并终止程序的执行（图 3.4）。

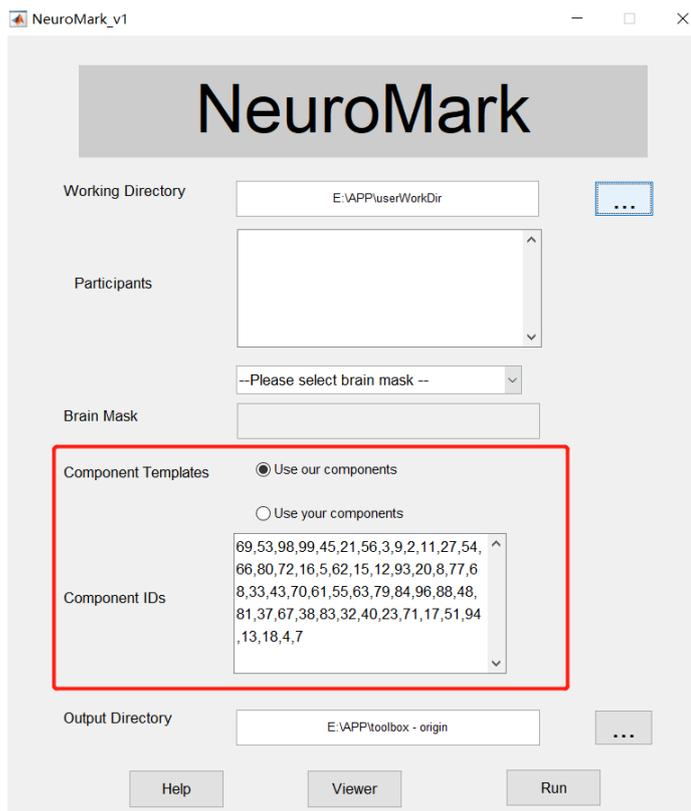


图 3.4 选择 NeuroMark 给出的脑功能网络模板和参考成分编号界面

若点击“Use your components”，NeuroMark 将展示出选择脑功能网络模板和输入成分编号的面板框，在该面板框中，用户双击“Component Images”选择脑功能网络模板，双击“Component IDs”输入作为参考成分的成分编号，成分编号之间应使用逗号或空格分隔（图 3.5）。

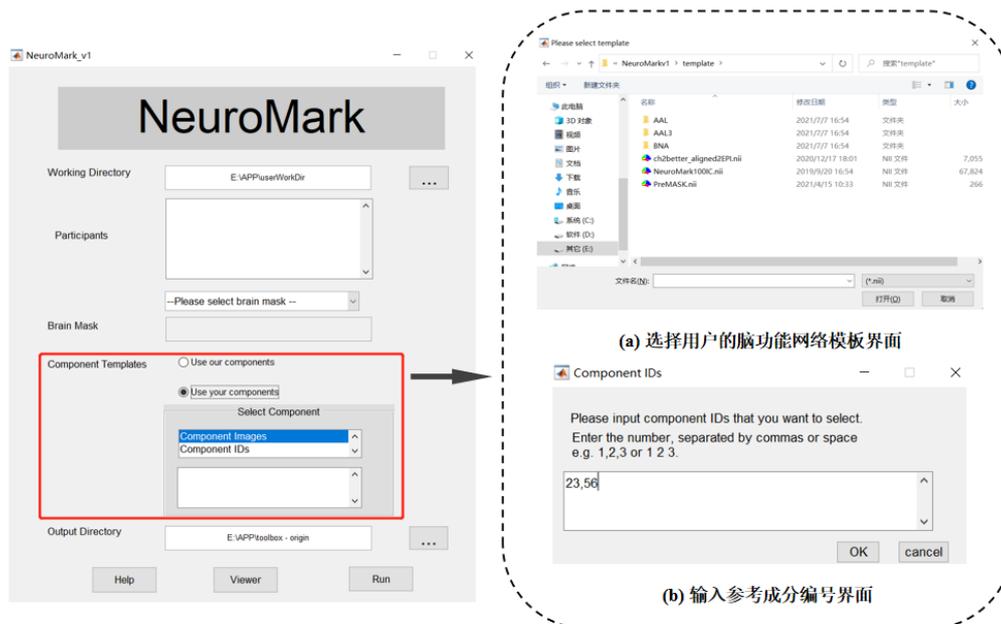


图 3.5 选择用户的脑功能网络模板和参考成分编号界面

3.1.4.选择输出路径

用户点击“Output Directory”对应的按钮，NeuroMark 将会弹出选择输出路径的对话框，该对话框的默认路径为当前 MATLAB 的工作路径。输出目录存放本软件对用户输入数据分析后的结果以及分析过程中产生的中间文件。其中，结果包括每个被试对应于选择的脑功能网络模板估计出的脑功能网络和时间序列，中间文件包括根据用户数据维数重采样后的脑功能网络模板（图 3.6）。

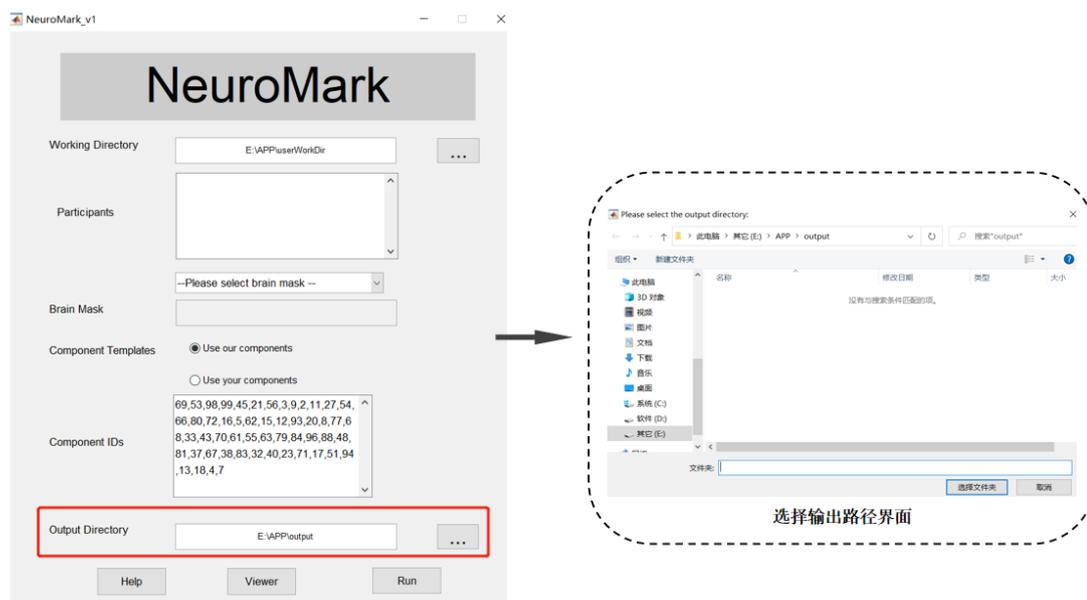


图 3.6 选择输出路径界面

3.1.5.帮助

如果用户在使用 NeuroMark 时有疑问，可以点击“Help”按钮，NeuroMark 会给予用户一些输入规范的帮助（图 3.7）。



图 3.7 帮助界面

3.1.6.运行

选择好所有参数和路径后，用户点击“Run”按钮，NeuroMark 会帮助用户估计出个体被试和大脑网络模板对应的脑功能网络以及相关的时间序列。运行完成后，输出目录下将会生成两个文件夹，分别是“Reslice_Output”和“NeuroMark_Output”。其中，“Reslice_Output”存放根据用户数据维数重采样后的脑功能网络模板，“NeuroMark_Output”存放每个被试对应于选择的脑功能网络模板估计出的脑功能网络和时间序列以及该被试与脑功能网络模板的相关系数文件（图 3.8）。

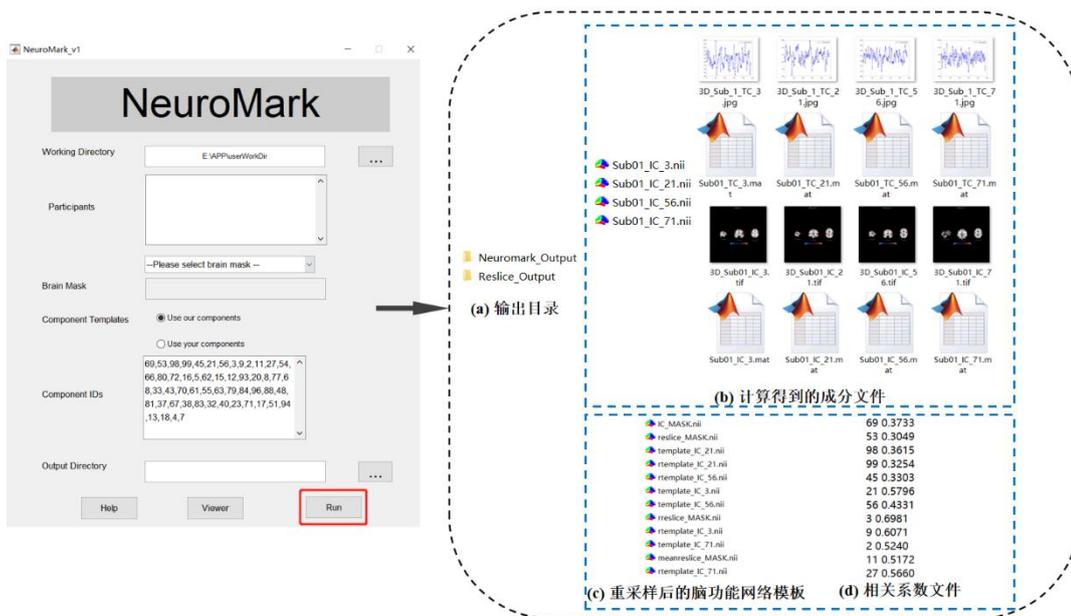


图 3.8 运行结果示意图

3.2.结果可视化

运行完成后，点击“Viewer”按钮查看估计出的脑功能网络、相关的时间序列图以及脑功能网络对应的相关脑区名称（图 3.9）。

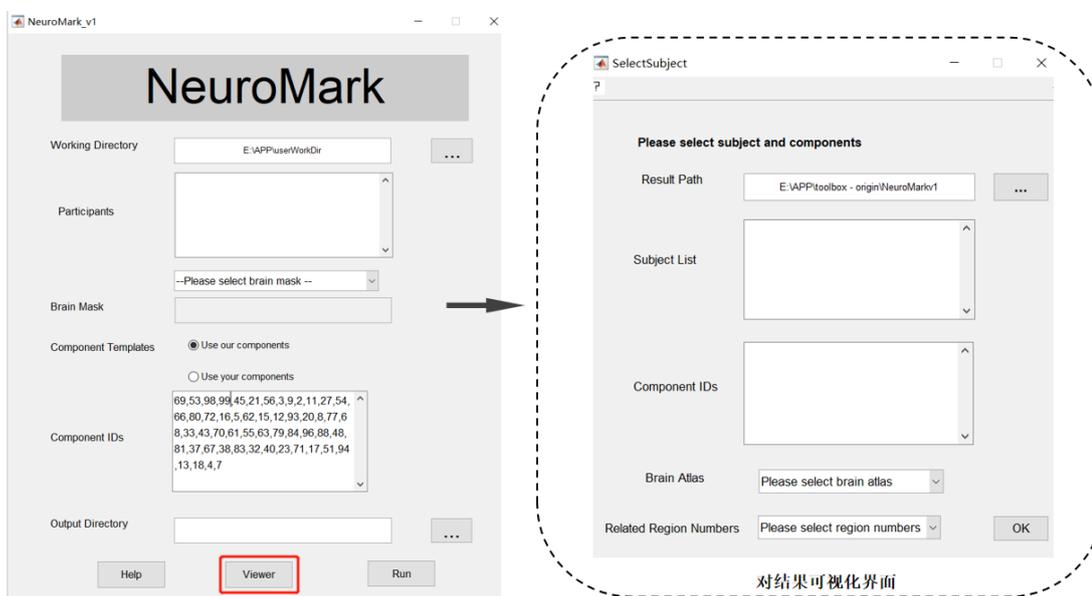


图 3.9 可视化界面

3.2.1.选择结果路径

用户点击“Viewer”按钮后会弹出新的界面，点击该界面中“Result Path”对应的按钮，NeuroMark 将会弹出选择所需展示结果路径的对话框，该对话框的默认路径为当前 MATLAB

的工作路径。用户应选择 NeuroMark 主界面选择的输出路径作为该路径（图 3.10）。

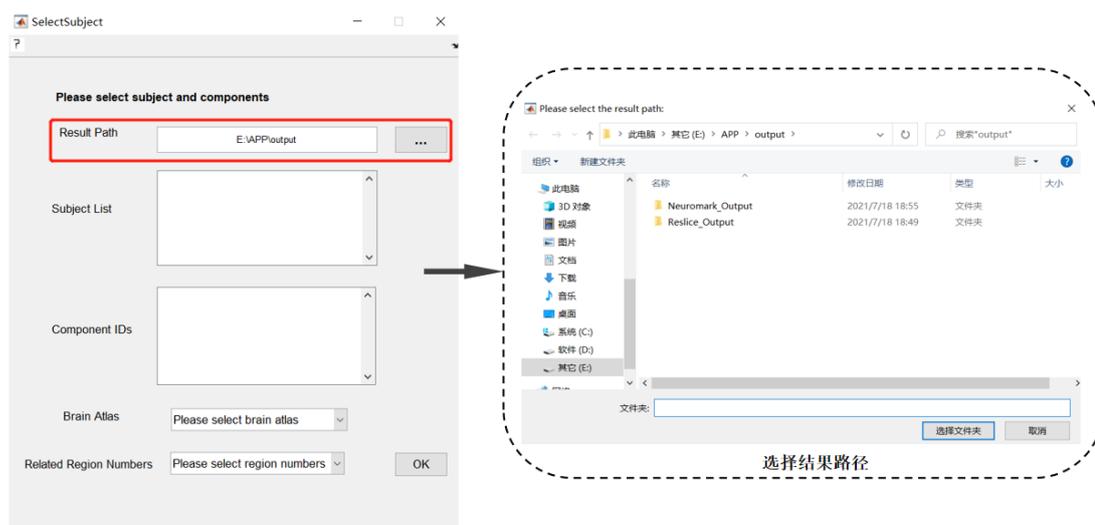


图 3.10 选择结果路径

NeuroMark 将在“Subject List”中展示出所有计算好的被试所在的文件夹，同时在“Components IDs”中展示出所有计算得到的被试成分编号。用户可点击选择需查看的被试，也可编辑需要查看的成分编号（图 3.11）。

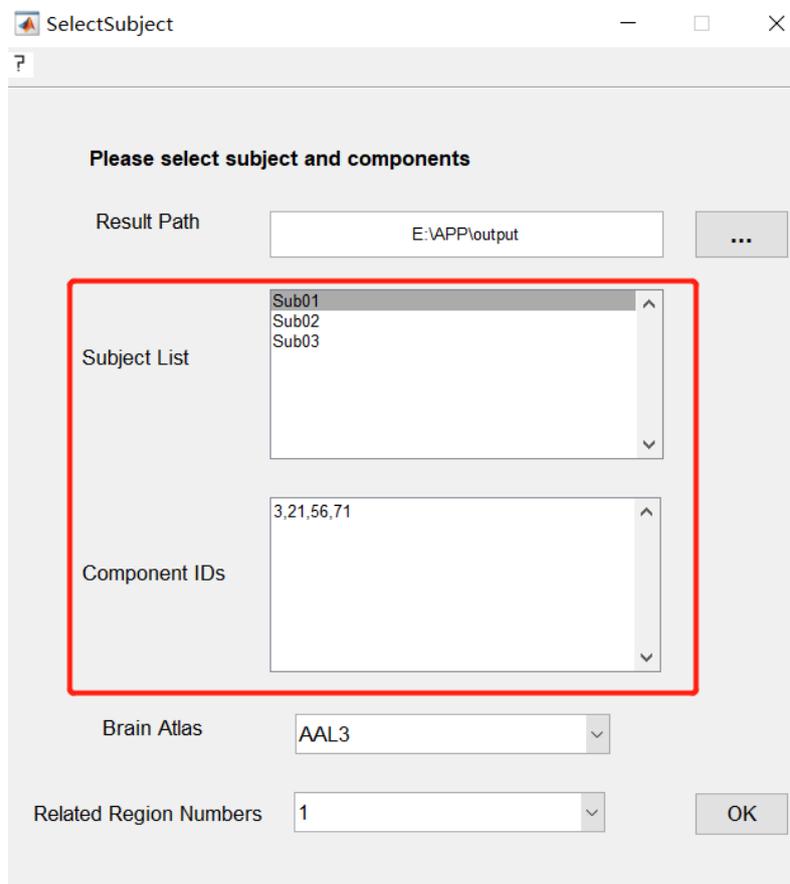


图 3.11 对被试结果文件的显示界面

3.2.2.选择大脑模板

用户可通过“Brain Atlas”选择计算得到的功能网络在某个大脑模板中所在的脑区。相关脑区名称的获得是通过计算得到的功能网络所在的脑区与用户选择的大脑模板（Brain Atlas）对应的脑区求交集并进行阈值化得到的。NeuroMark 提供的大脑模板包括自动解剖标记模板（Automated Anatomical Labeling, AAL），自动解剖标记模板 3（Automated Anatomical Labeling 3, AAL3）和脑网络组图谱（BrainNetome Atlas）（图 3.12）。

用户点击“Atlas”选择大脑模板以得到被试功能网络与该大脑模板对应的脑区名称。

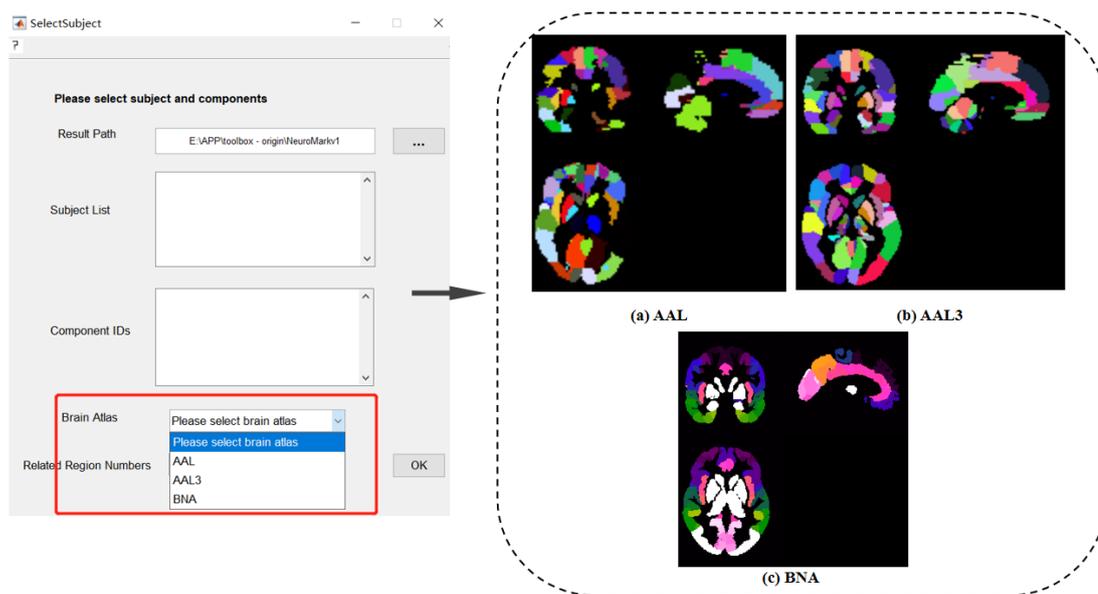
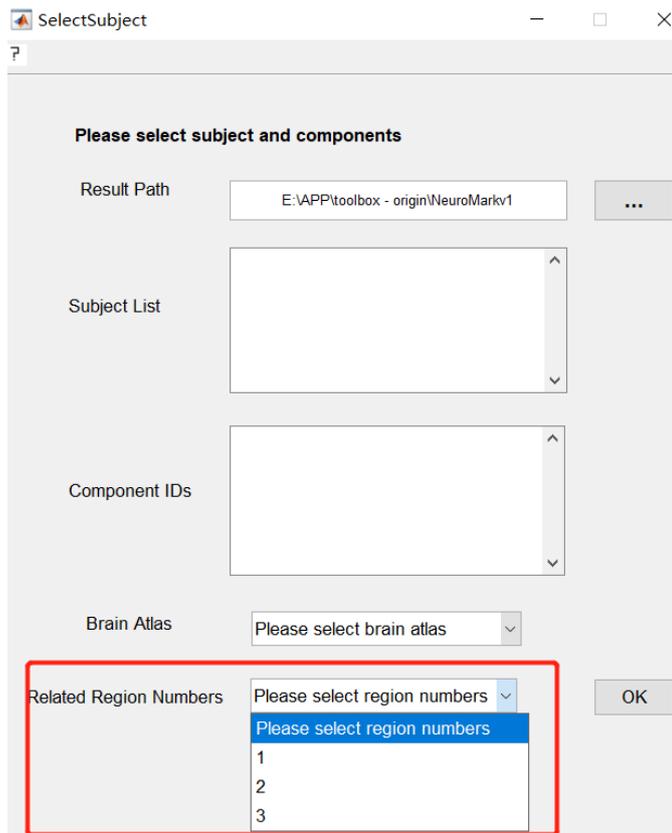


图 3.12 选择大脑模板界面及相应的大脑模板

3.2.3.选择脑区个数

用户通过“Related Region Numbers”下拉框选择所需展示的与该功能网络相关的脑区个数（图 3.13）。



3.13 选择脑区个数界面

3.2.4.运行结果可视化

点击“OK”，NeuroMark 将把被试的脑功能网络区域、与大脑模板相关的脑区名称（和相关性测度）以及对应的时间序列进行可视化展示（图 3.14）。

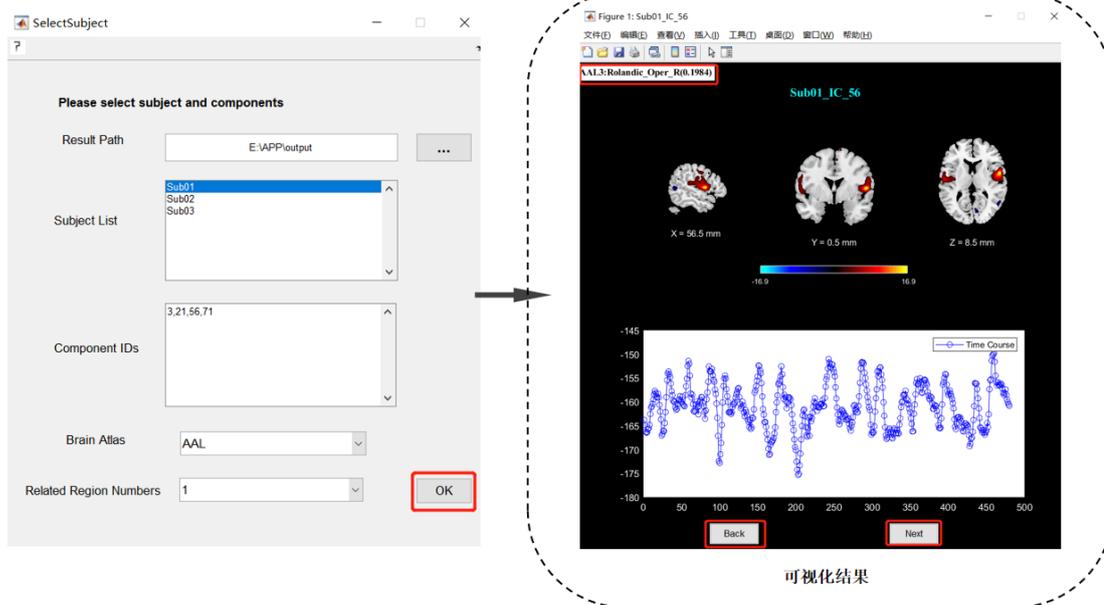


图 3.14 可视化结果界面

感谢

我们感谢以下软件和工具箱的开发人员, 在我们的软件包开发过程中他们的源代码为我们提供了帮助:

MATLAB: www.mathworks.com/products/matlab/

SPM: www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/

参考文献

- [1]Y. Du, Z. Fu, J. Sui, S. Gao, and V. D. Calhoun, "NeuroMark: an automated and adaptive ICA based pipeline to identify reproducible fMRI markers of brain disorders," *NeuroImage: Clinical*, p. 102375, 2020.
- [2]Y. Du and Y. Fan, "Group information guided ICA for fMRI data analysis," *NeuroImage*, pp. 157-197, 2013.