

# 基于稳定组 ICA 的功能磁共振数据分析工具包

使用手册

版本：1.2

北京师范大学  
认知神经科学与学习国家重点实验室  
神经影像计算研究组

修订日期：2010-06-14

# 目录

目录	2
一、使用手册内容介绍	3
二、开发背景	4
三、软件用途和技术特点	6
四、设计和实现	7
五、使用演示	9
六、软件详细使用手册	13
七、附录	30
八、参考文献	30

# 一、使用手册内容介绍

如果您想五分钟内快速掌握 MICA 软件包的使用方法，请直接参阅第三节“软件用途和技术特点”，了解软件的功能及其兼容性。然后直接参阅第五节“使用演示”。如果您想了解软件的具体说明文档及详细功能，请参阅第六节“软件详细使用手册”。如果您对 MICA 软件包所使用的算法感兴趣，请查阅文章 Zhang, H., Zuo, X.-N., Ma, S.-Y., Zang, Y.-F., Milham, M.P., Zhu, C.-Z., 2010. Subject order-independent group ICA (SOI-GICA) for functional MRI data analysis. *Neuroimage*. 51(4), 1414-1424.

本手册的内容组织顺序为：在第二节“开发背景”中，将介绍 MICA 软件包及其算法 SOI-GICA 的发展背景及意义。在接下来的第三节“软件用途和技术特点”中，简要介绍了 MICA 软件包都能做什么以及需要什么样的运行环境。在第四节“设计和实现”中，介绍了 MICA 软件包的几个核心程序，重要模块及其功能。第五节的“使用演示”提供了 MICA 软件包快速入门的计算步骤。第六节“软件详细使用手册”提供了每个步骤的详细说明文档和使用建议。“附录”中收集了 MICA 软件包的下载网站以及讨论论坛地址，以及编写者所在小组的网址。

如果您的研究使用 MICA 软件包处理 fMRI 数据，请引用 MICA 软件包的相应算法 SOI-GICA 的原始文献：Zhang, H., Zuo, X.-N., Ma, S.-Y., Zang, Y.-F., Milham, M.P., Zhu, C.-Z., 2010. Subject order-independent group ICA (SOI-GICA) for functional MRI data analysis. *Neuroimage*. 51(4), 1414-1424. 也请引用软件主页 <http://www.nitrc.org/projects/cogicat/>。

## 二、开发背景

独立成分分析 (Independent Component Analysis, ICA) 是一种数据驱动 (data-driven) 的多元分析 (multivariate analysis) 方法, 无需任何假设和先验知识, 在我们无法完全正确建立神经科学模型或假设从而利用基于广义线性模型 (Generalized Linear Model) 进行分析的情况下, ICA 提供了一种可能的数据挖掘手段, 利用比 GLM 模型更多的信息, 找出数据内在结构信息。在神经影像科学尤其是功能磁共振影像 (functional Magnetic Resonance Imaging, fMRI) 的研究得以广泛应用。

早期 ICA 研究集中在个体水平 fMRI 数据分析上。个体水平 ICA 分析存在成分在个体间对应困难, 没有很好的组分析手段这些困难。针对这些问题, 近年新发展出来各种组水平 ICA 方法, 其中又以按时间点连接的 (temporally concatenated) 组 ICA 方法应用最广 (Calhoun et al., 2001; Beckmann et al., 2005)。

按时间点连接的组 ICA 假设所有的被试具有相同的空间成分, 将所有被试的 fMRI 数据按照时间维连接并对该数据集进行 ICA。对于一般的 fMRI 实验, 该数据集非常庞大 (例如 30 个被试, 每个被试 200 个时间点, 连接后共 6000 个时间点), 而我们所拥有的计算资源是有限的 (内存有限, CPU 资源有限), 因此, 通常需要使用主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA) 进行数据降维, 并且一般采用两到三步主成分分析多次嵌套实现。降维之后的数据通过 ICA 分解得到组成分后, 可以采用重建算法得到个体成分, 用作最终的随机效应组水平统计。目前得到普遍应用的 GIFT 软件 (<http://icatb.sourceforge.net>, Calhoun et al., 2001) 一般使用三步嵌套降维: 第一步为个体数据降维, 第二步则通过将个体数据分组连接成多个小组分别进行降维, 第三步则将第二步降维结果连接起来进行最后一次降维。

张等人 (Zhang et al., 2010) 发现, 在第二步降维过程中, 由于被试样本不同的输入顺序, 可能导致分组方案发生变化, 从而使降维之后数据存在变异。这种不稳定性引起后续 ICA 结果的变异。如果后续分析使用 ICA 结果进行组分析, 或者和行为学数据或者量表得分做相关分析, 或者“功能网络连接分析” (Jafri et al., 2007), 这些分析结果都会存在变异, 而且可能会直接造成假阳性或者假阴性的结果 (图 1)。解决这种被试顺序造成的不稳定性, 是 MICA 软件包的目的之一。

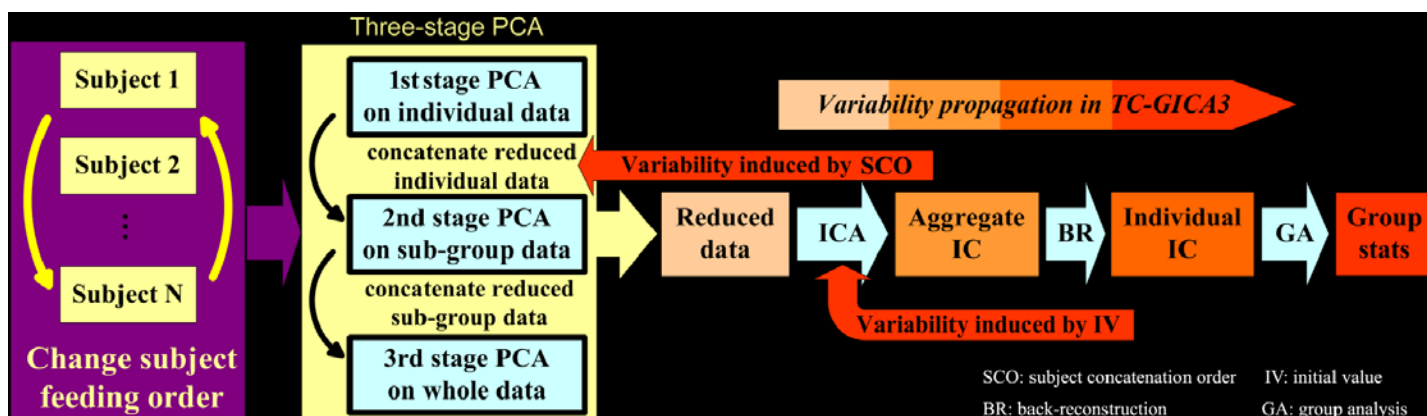


图 1. 按时间点连接的组 ICA 分析受到被试顺序和随机初始值两种随机因素影响产生不稳定的结果，并且在分析的各个步骤之间进行传递

张等人 (Zhang et al., 2010) 同时发现，利用其提出的 SOI-GICA 算法，采用多次组 ICA 分析，每次采用随机被试样本顺序和随机初始值 (random initialization value)，对多次组 ICA 结果求平均得到最终结果，该结果比传统按时间点连接的组 ICA 更为精确，稳定，并且对各种参数鲁棒。总之，SOI-GICA 能够有效减小 ICA 分析受被试顺序和随机初始值这两种随机因素影响的程度 (Zhang et al., 2010)。

MICA 软件包 (MICA version beta1.2) 是对 SOI-GICA 算法的实现，使组 ICA 方法能更方便地应用在功能磁共振影像的分析和处理中。本软件通过对被试样本随机顺序输入和随机化初始值，运行多次组 ICA，并基于聚类方法建立多次组 ICA 生成成分之间的对应关系，对各个成分进行平均后输出最终结果。同时，MICA 软件包通过稳定性对不同成分进行排序，并可通过一系列成分挑选算法将有生理意义的成分和噪声成分进一步区分开来。通过 MICA 软件包可以方便地对结果可视化，输出指定成分进行后续分析。

## 三、软件用途和技术特点

### 软件用途：

用于神经影像计算领域，基于功能磁共振数据的组水平独立成分分析，提高组水平独立成分分析方法的准确性，可靠性和稳定性。

### 技术特点：

1. 采用图形用户界面配置计算参数；
2. 支持命令行和图形界面操作，支持批量计算；
3. 多角度方便地浏览成分；
4. 分析日志记录，详细记录每次运行的日志信息；
5. 改进传统的组 ICA 分析方法，有效提高了计算结果的准确性，可靠性和稳定性；
6. 显示各个成分的稳定性并进行排序；
7. 挑选感兴趣成分；
8. 将有生理意义成分和噪声成分进一步区分开。

### 开发语言：

MATLAB (版本：7.1)

### 代码行数：

9376 行。

### 兼容性：

与 MATLAB7.1 以上版本兼容（暂不支持 7.1 以下版本）。

## 四、设计和实现

### 1. 设计：

主要包括图形用户界面参数配置、核心计算程序、成分浏览和结果查看等部分。

### 2. 实现：

- 1) **图形用户界面参数配置：**使用 MATLAB 的 Guide 方式建立 figure，并放置控件，编写代码，导出为 m 文件；
- 2) **核心计算程序：**核心计算程序包含数据的预处理、分组降维、独立成分分析、个体水平成分重建、成分聚类和平局、成分校准、成分统计；

流程图如下：

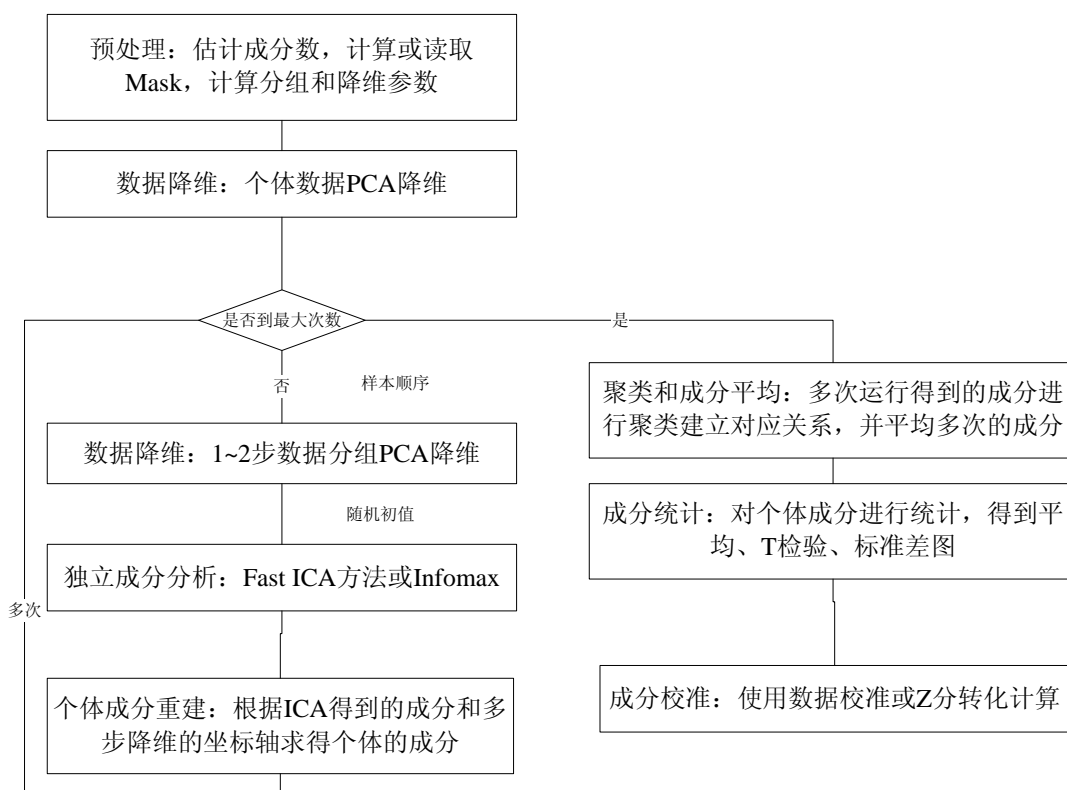


图 2. 软件流程框图

### 3) 成分浏览和结果查看：

- a) **图形化显示多轮 ICA 分析的稳定性：**多轮 ICA 得到多个成分，利用成分之间的相关系数并进行多维尺度分析 (Multidimensional scaling analysis) 在二维平面上显示多次运行得到的同一功能成分之间的相似性；

- b) *功能成分的排序*: 利用多次运行 ICA 得到的同一功能成分之间的相关性, 求得每个功能成分的方差以度量不同功能成分的稳定性指标, 利用此指标以及在不同个体上的分布, 计算每个功能成分的总体稳定性指标 (Overall index of consistency), 绘制所有成分在不同个体上的排序曲线图和总体排序曲线图;
- c) *功能成分的浏览*: 分三种浏览方式: 第一种, 按统计图 (平均图、T 检验图、标准差图) 或个体成分分布图显示所有成分; 第二种, 按某个成分显示全部图 (平均图、T 检验图、标准差图) 和所有被试样本的同一个体成分; 第三种, 按某个图或某个被试的某个个体成分逐层显示。
- d) *成分挑选*: (待加入)
- e) *噪声成分识别*: (待加入)



## 五、使用演示

对功能磁共振成像数据，首先将 DICOM 格式数据转换为 NIFTI 格式（双文件 NIFTI），然后使用 SPM5 进行数据预处理（例如：时间对齐→头动校正→空间配准→平滑），就可以开始使用本软件进行计算了。

将软件所在的目录添加到 MATLAB 路径中，在 MATLAB 命令行窗口中输入 mica 即可看到图 3 所示的**程序主界面**：

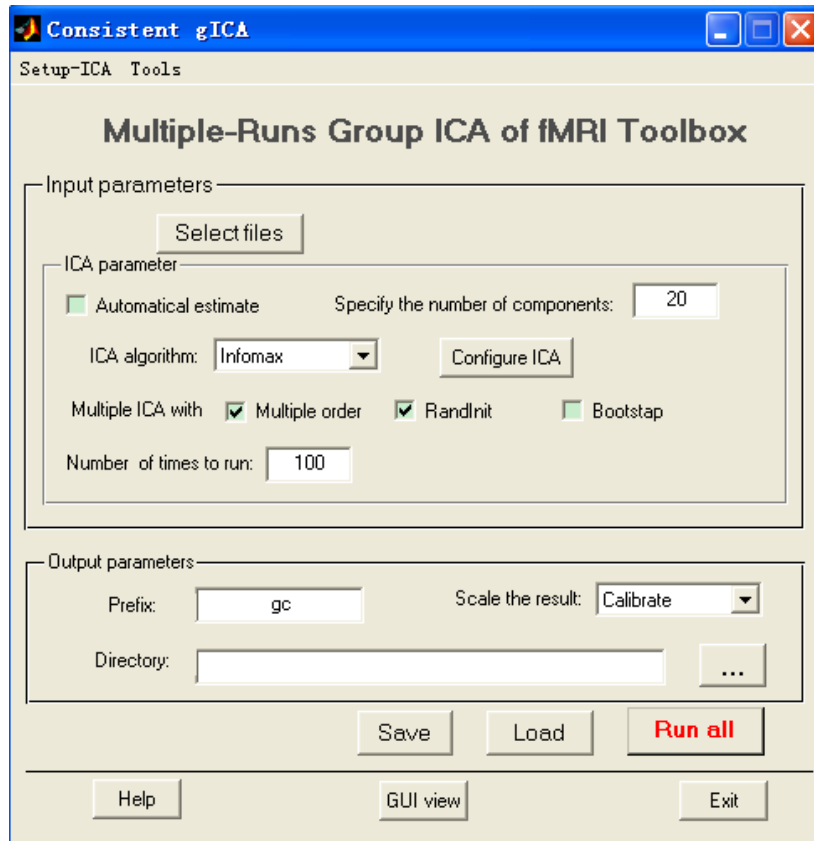


图 3 软件启动后的程序主界面

点击按钮“Select files”，选择被试样本分为一组还是两组，确定后显示图 4 **文件选择界面**，右击列表空白处选择文件所在目录，程序将自动查找每个被试子文件夹下的数据并列表。

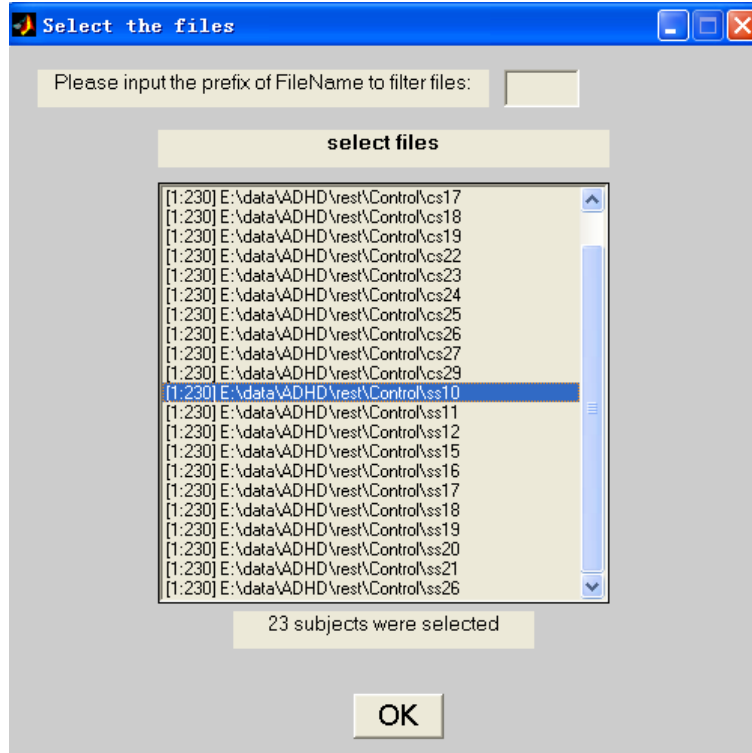


图 4 文件选择界面

配置程序主界面中的输入输出参数，如下图 5 所示：

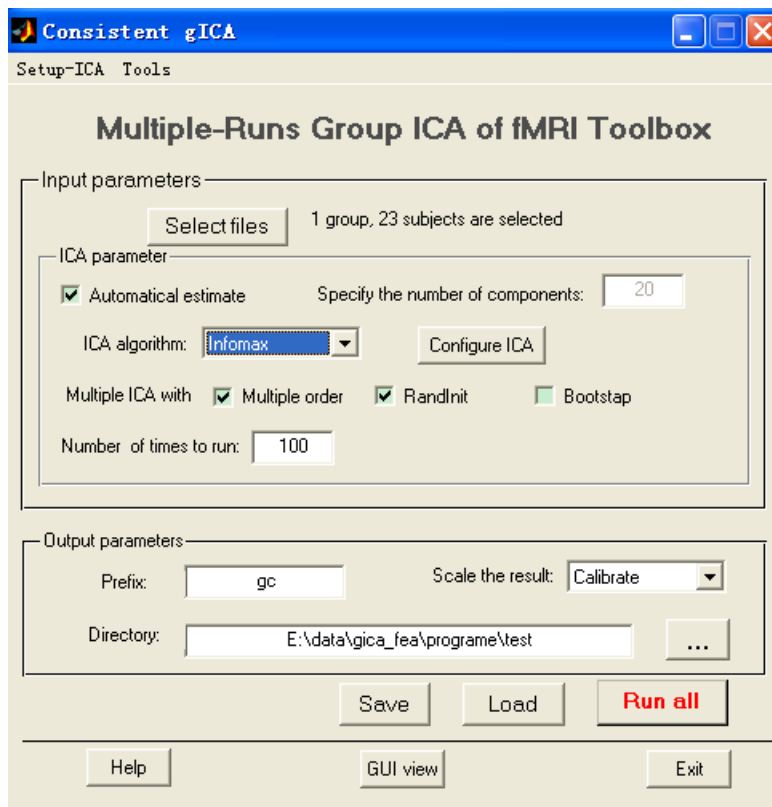


图 5 输入输出参数演示

点击左上角菜单栏上的“Setup-ICA”，显示图 6 组 ICA 详细参数配置界面：

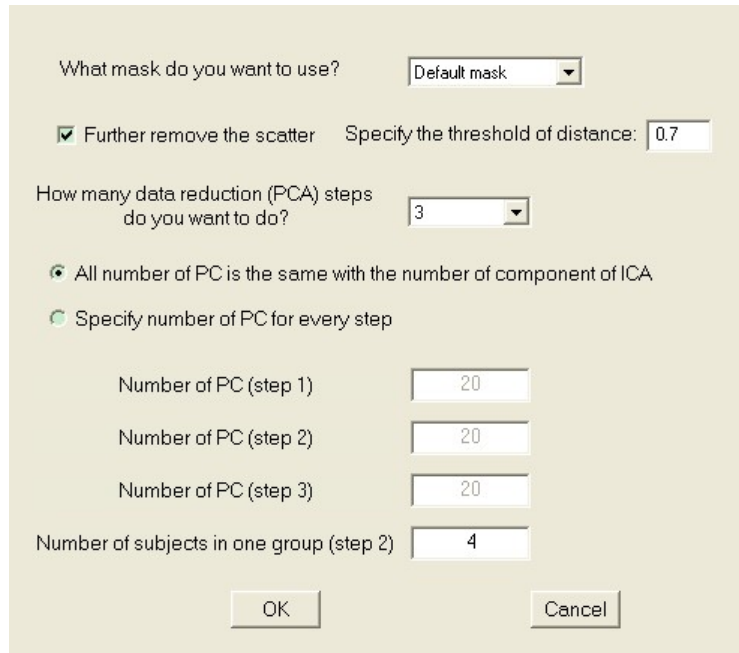


图 6 组 ICA 详细参数配置演示

在程序主界面中点击按钮“Save”保存配置参数到 mat 文件中，下次登录点击按钮“Load”可直接加载保存的参数。点击图 5 程序主界面的按钮“Run all”，系统开始运行计算核心程序。同时出现进度条指示。运行完毕后生成图 7 所示的输出文件列表：

mat	49 items folder
output	48 items folder
labelResult.mat	3.3 KB unknown
MICA_agg__component_ica_.zip	4.3 MB ZIP archive
MICA_mask.mat	80.2 KB unknown
MICA_mean_all_component_ica_.zip	4.3 MB ZIP archive
MICA_mean__component_ica_.zip	4.3 MB ZIP archive
MICA_mica_parameter_info.mat	95.9 KB unknown
MICA_results.log	1.3 MB application log
MICA_std__component_ica_.zip	4.1 MB ZIP archive
MICA_tmap__component_ica_.zip	4.3 MB ZIP archive

图 7 运行结果（输出文件列表）

其中文件夹“output”保存的是个体成分的 zip 压缩包格式的文件（解压后为 NIFTI 格式数据），其他压缩包保存的是统计所得成分存放的压缩包文件。

在图 5 程序主界面中点击按钮“GUI View”，显示图 8 结果浏览界面：

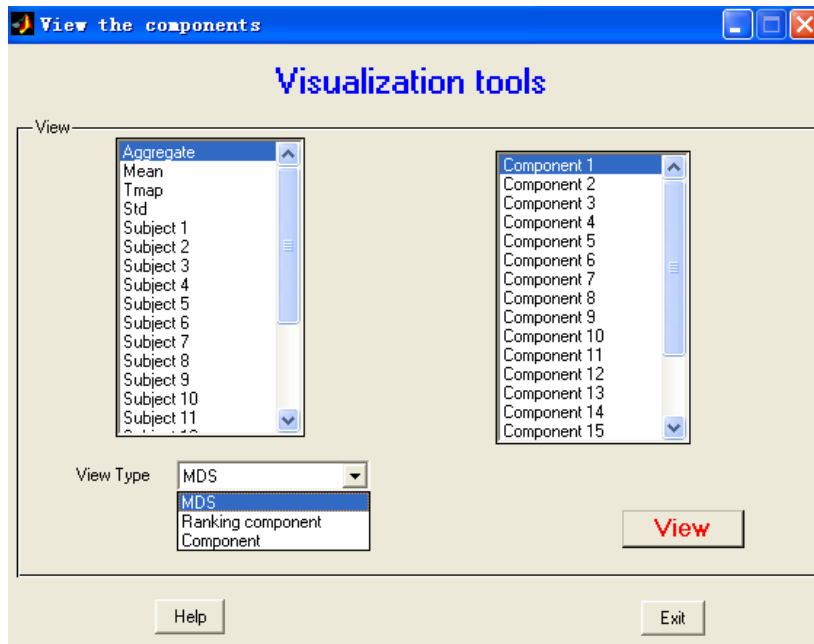


图 8 结果浏览界面

第一个选项“MDS”可查看某个被试的某个成分的二维分布示意图（显示其稳定性）；第二个选项“Ranking component”可查看各个成分的稳定性排序曲线图；第三个选项“Component”可查看各个成分。

# 六、软件详细使用手册

## 1. 软件安装

### 1) 软件运行环境要求:

- a) 软件需要 MATLAB 支持。推荐使用 Matlab 7.1 版本(Windows XP 与 Linux 均可)，不推荐使用 Matlab 6.5 以下的版本;
- b) 软件运行至少需要 1 GB 内存（推荐 2 GB 或者更高），硬盘空余空间至少需要 20 GB（如果被试较多则推荐 30 GB 以上）。CPU 最好为酷睿双核 2.0GHz 以上;
- c) 屏幕分辨率至少为 1024\*768。
- d) 不需要 SPM 软件包和其他软件包的支持;

2) 在 <http://www.nitrc.org/projects/cogicat/> 网站上下载 MICA beta1.2 版本。

3) 将 MICA\_beta1.2\_20100110.zip 解压到一个目录中，添加这个目录为 MATLAB 路径：MATLAB 的 File 下拉菜单→Set Path→Add with Subfolders，选择解压的目录（如图 9），save→close。若已经存在安装的早期版本，请先卸载以前的版本。

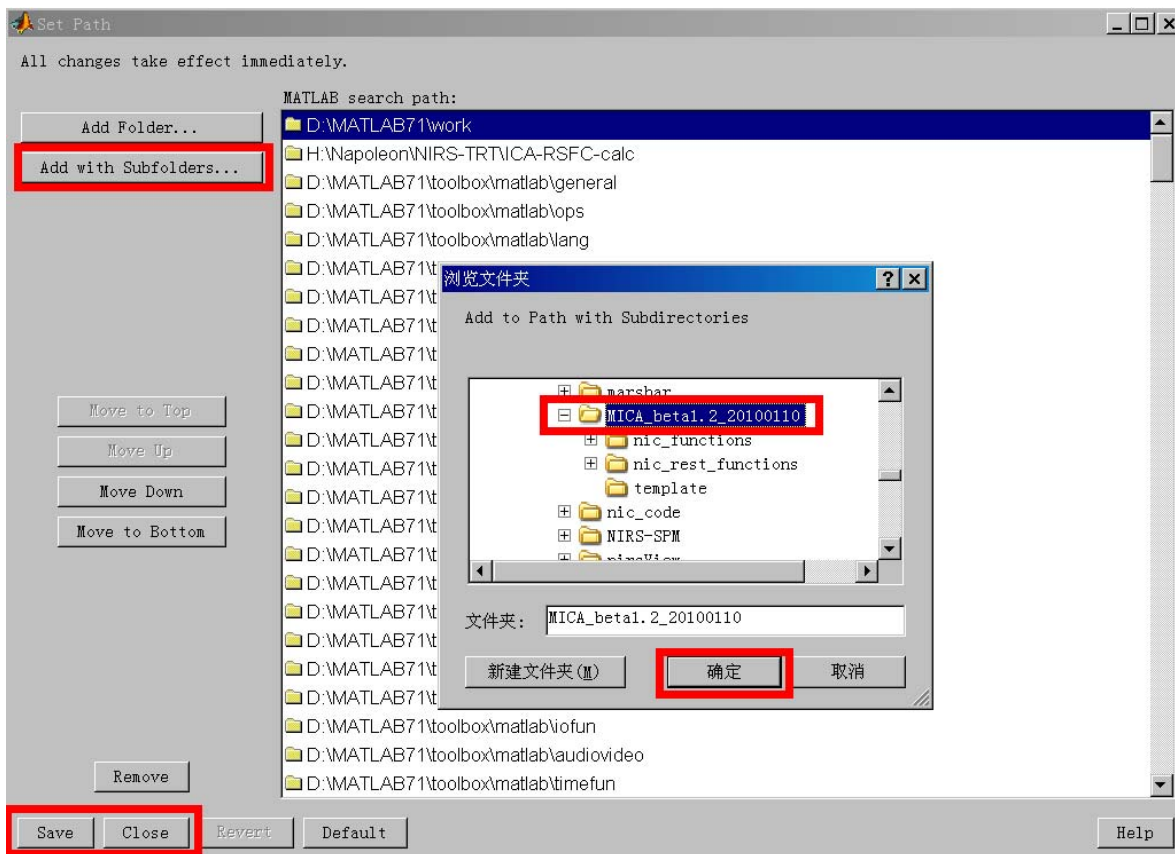


图 9 在 MATLAB 中通过设置路径完成对软件包的安装

## 2. 软件卸载

从 MATLAB 路径中删除软件所在目录： MATLAB 的 File 下拉菜单→Set Path，选择需要卸载的目录，点击 Remove→Save→Close。

## 3. 软件启动

- 1) 启动 MATLAB;
- 2) 在 MATLAB 命令窗口输入命令 “mica” (如图 10);

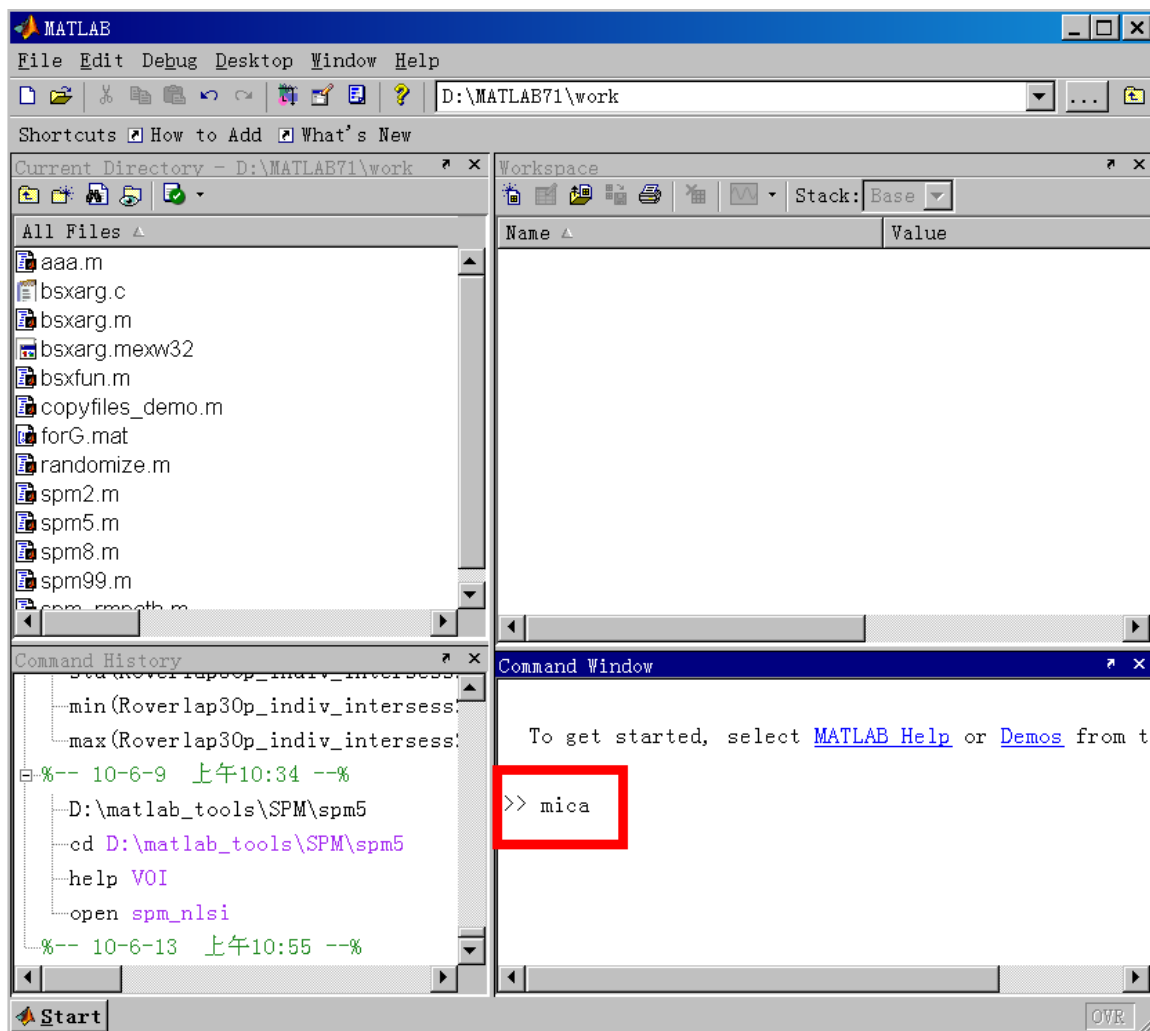


图 10 在 MATLAB 命令窗口输入 “mica” 启动软件

- 3) 软件启动还有另外一种方式:从 MATLAB 工具箱启动。点击 MATLAB 窗口左下角的 Start→点击 toolbox→More ...→Multiple-runs ICA Analysis for fMRI → Start Toolbox (如图 11)

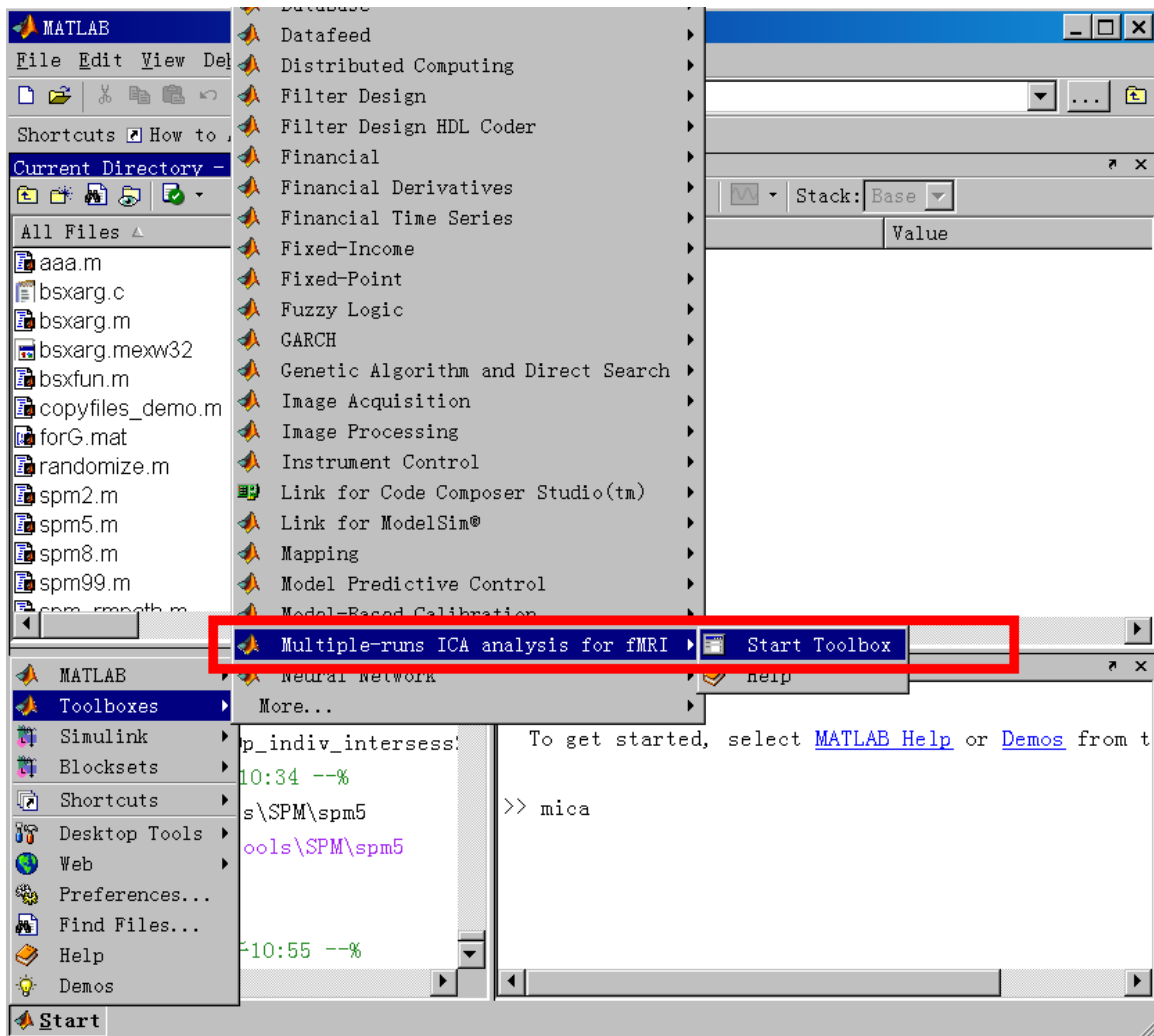


图 11 从 MATLAB 工具箱中启动软件

4) 软件启动后，会弹出如图 3 所示 MICA 分析工具包的程序主界面。

## 4. 软件配置

### 1) 选择输入数据

点击主界面上的“Select Files”按钮，选择要参与计算的数据（图 12）。

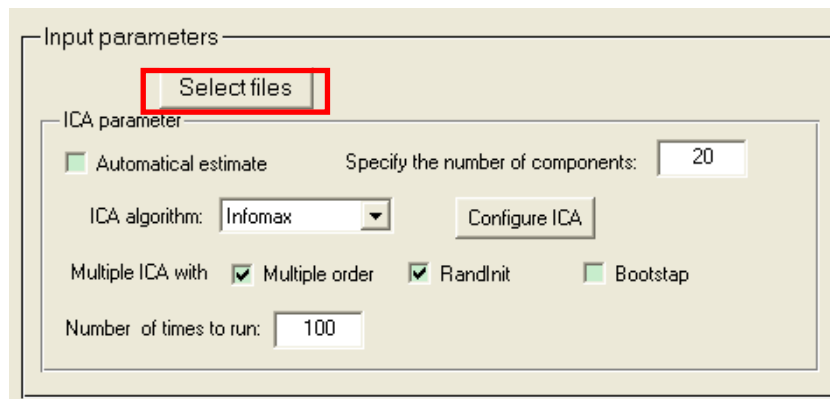


图 12 点击选择文件按钮

弹出提示框（如图 13），该对话框提示选择当前的数据是一组数据还是两组数据。

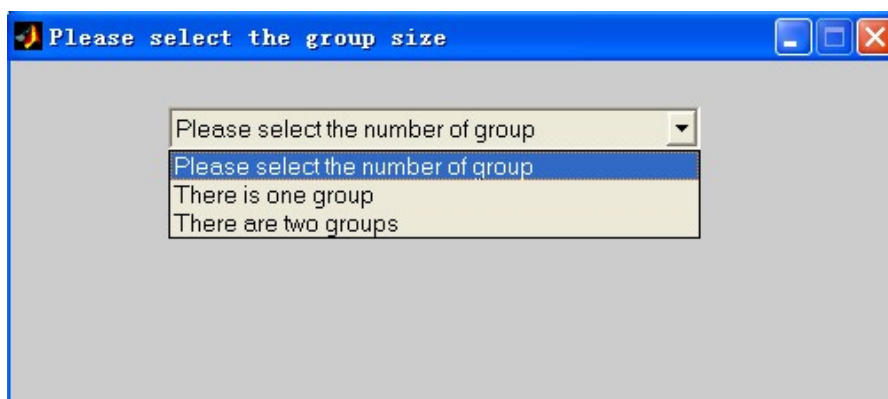


图 13 选择被试样本被分成一组还是两组

若当前参加分析的样本包括两组，如患者和正常对照，请选择 Two groups，否则请选择 One group。如果选择两组数据，软件将分别输出对应的个体成分到两个文件夹中（每个文件夹存放一组被试对应的个体成分），方便进行组间统计分析。下面以选择两组数据为例说明数据选择的流程。

如选择两组数据（“There are two groups”），则弹出下面的界面（如图 14）

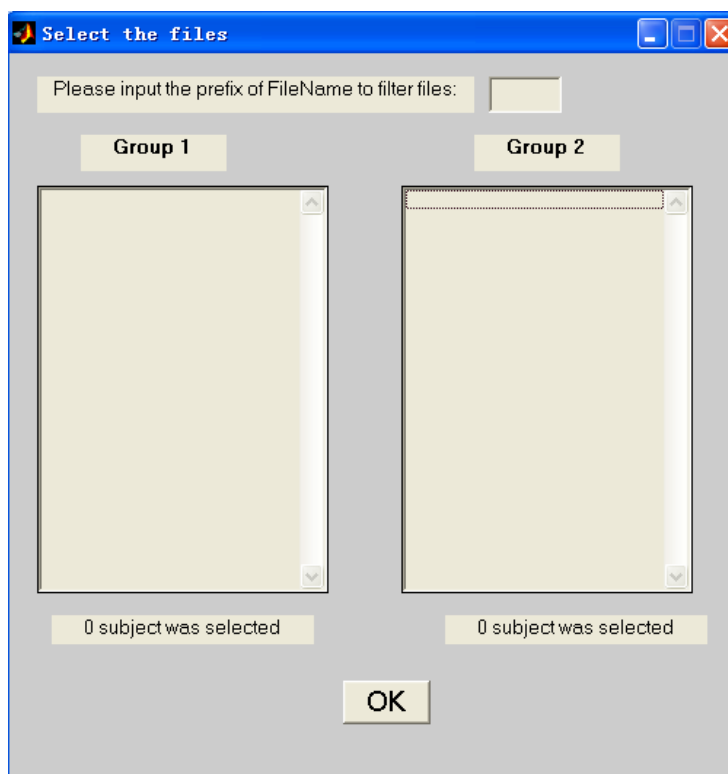


图 14 选择输入文件界面



在“Please input the prefix of FileName to filter files”后面的一栏中输入过滤前缀，用于过滤感兴趣的数据文件。软件将会自动匹配目标文件夹中包含此前缀文件名，且以“nii”或“img”为扩展名的 fMRI 文件。**注意：若前缀留空，则匹配所有文件。**

右键单击如图 14 所示列表空白处，弹出文件选择菜单(图 15)，点击“Add a directory”可以添加一个目录；或者点击“Add recursively all sub-folders of a directory”，可以递归地添加一个目录下的所有子目录。若要去除某个错误添加进来的目录，可从文件列表中选中这个目录，在右键菜单中点击“Remove selected directory”删除，也可以在键盘上按“Delete”键或“Backspace”删除。若要去除所有的目录，选择右键菜单中“Clear all data directories”。**注意：推荐将每个被试的预处理好的数据放在一个文件夹下，不同的文件夹存放不同被试的数据。这样，只需要选择这些文件夹的上级目录，即可将所有数据都选择好。**

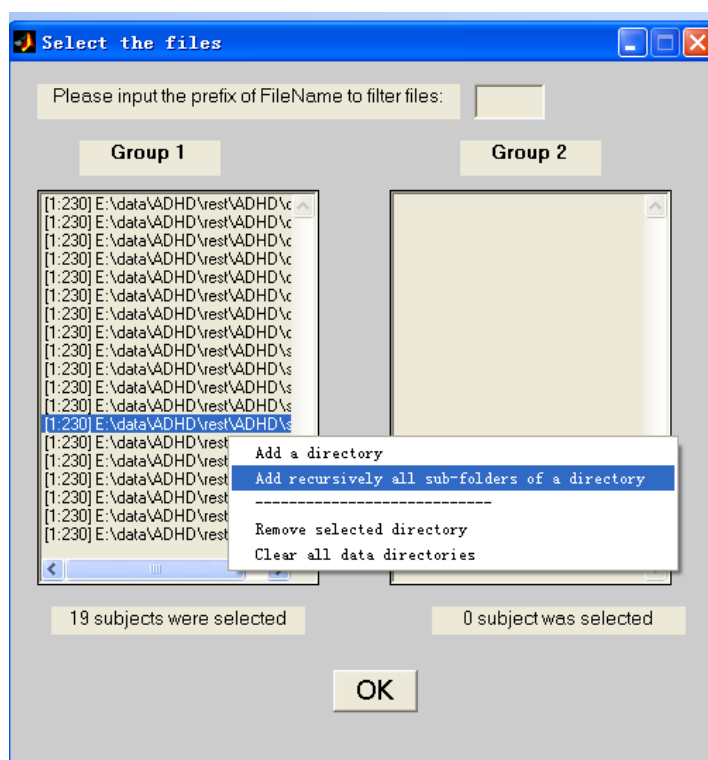


图 15 添加文件

选择文件夹后，系统会自动在对应的目录中或递归地在其子目录中查找符合条件（前缀过滤，扩展名为 nii 或 img）的文件。查找结果显示列表框中，每一项为一个文件夹，格式为“[1:文件数量]目录路径”，请查看系统搜索到的文件数量是否与要分析的 fMRI 序列文件数量相等。若不相等，请检查对应的目录，看看是否包括了不要分析的文件，请将之删除或转移到其他文件夹中，然后在图 15 所示的界面将这个删除。在列表框的下端，显示选中的文件夹总数量。**注意，选择好数据后，请检查是否与实际要分析的被试数量和每个被试的文件数量相同。**

选择完文件，检查无误后，点击“OK”，图 5 所示的程序主界面会显示组数和所有被

试数目（如图 16）：

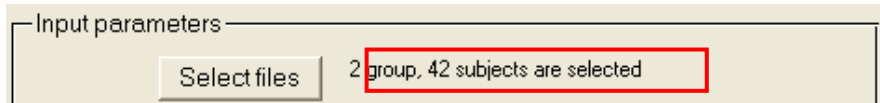


图 16 选择文件个数统计

若要修改输入数据，请点击按钮“Select files”，同上述方法进行添加或删除。

## 2) 设置自定义参数

首先，在如图 5 所示的程序主界面中点击菜单栏上的“Setup-ICA”（如图 17），弹出如图 18 所示的组 ICA 详细参数配置界面：

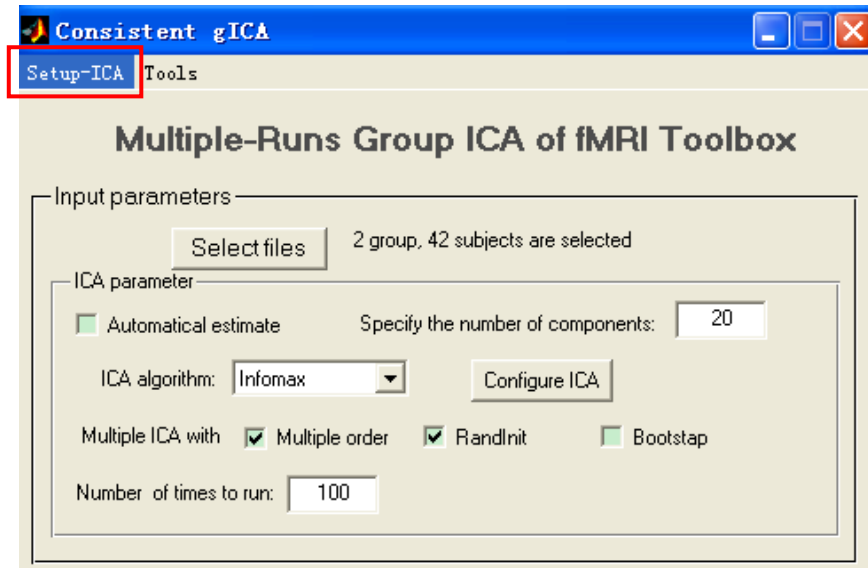


图 17 自定义参数设置入口

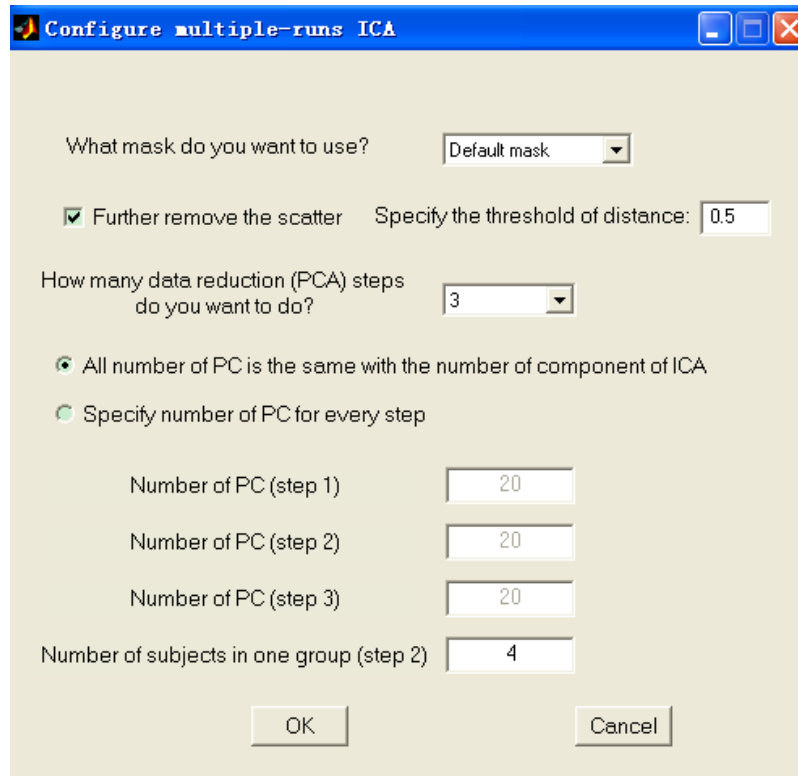


图 18 组 ICA 详细参数配置界面

**What mask do you want to use:** 选择 Mask 类型。若选择 Default mask，系统将使用每个样本的第一个时间点的数据自动生成对应的脑内区域，根据全部被试的脑内区域的交集生成最终的 mask；若选择 “Select mask”，则弹出文件选择框，请选择一个自定义的 mask 文件（要求 mask 数据的扩展名为 nii 或 img，数据由 0、1 构成。0 代表 mask 外，1 代表 mask 内）。自定义的 mask 适用于如下分析：比如只关注小脑区域的结果，可以采用小脑 mask（具体 mask 的产生可以采用另外的插件，如 Wfu Pickatlas）。若选择的 mask 分辨率不同于样本数据的分辨率，系统将自动对 mask 数据进行重采样，得到与样本数据分辨率相同的 mask。

**Further remove the scatter:** 在将多次 ICA 生成的成分进行聚类时选择是否去除野点成分（outlier component）。本算法采用多次独立成分分析，每次分析都会生成一组成分，由于独立成分分析算法具有的不稳定性，对于同一个功能系统的成分，某些次分解的成分可能与大多数次数中分解的成分差异较大，设置去除这些差异较大的独立成分分析结果，有利于提高最终结果的可信度。**一般建议选择。**

**Threshold:** 设置野点成分的剔除标准。该阈值范围为  $0 \sim 1$ ，数值越大剔除条件越宽松（越不易找到野点成分）。一般阈值建议设置为  $0.5 \sim 0.7$ （默认设置为 0.5）。若无需去除成分，请去掉勾选 “Further remove the scatter”。

**How many data reduction (PCA) steps do you want to do?** 设置数据降维的次数，若含 1 个样本，降维次数强制为 1；若含样本多于 1 个，则至少需要两步降维；若样本数量多于 8 个，则至少需要三步降维。**一般情况下请保留程序默认设置的次数。**

*All number of PCs is the same with the number of components of ICA:* 每一步主成分分析 (PCA) 降维保留的维数都与 ICA 分解的成分数相同。如果勾选这个选项, 程序会自动根据最终 ICA 分解的成分数确定每步 PCA 降维所保留的维数, 就无需手动设置每步 PCA 降维的维数了。**建议勾选此选项。**

若要手动指定每一步 PCA 降维所保留的成分数, 请勾选 “*Specify the number of PC for every step*” 选项 (这时自动去掉上一个选项的勾选)。对于每一步 PCA 降维, 可分别指定每步数据降维所保留的维数, 但是最后一步的数据降维所保留的维数必须大于或等于 ICA 的成分数。

*Number of subjects in one group:* 当数据降维为三步时, 中间步降维涉及到分组降维, 这里可修改分组方式, 即每组包含的被试个数。**默认值为 4, 不建议修改。**

所有参数设置好后, 点击 “OK” 关闭自定义参数窗口。

### 3) 设置主要输入输出参数

在如图 5 所示的程序主界面中, 配置程序的输入输出参数。

ICA parameter (独立成分分析参数) 设置包括成分数设置, 独立成分分析算法设置, 算法参数设置, 随机方式, 随机次数等参数设置。

- a) **成分数设置:** Specify the number of components: 设置 ICA 估计的成分个数, 若勾选 “Automatical estimate” (自动估计), 将会自动估计成分数, 无需指定成分数。若不勾选自动估计, 则需要在后面填入自己设定的成分数 (建议填 20 到 40 之间)。
- b) **配置独立成分分析算法与该算法详细参数:** ICA algorithm: 选择独立成分分析算法, 1.2 版本软件目前提供两种 fMRI 数据分析中最常用的算法: Informax 和 FastICA。请选择其中一种方法。一般情况下推荐选择 Informax, 点击右侧的 “Configure ICA” 按钮可配置所选择的算法选项 (如图 19)。**此选项一般无需修改。**

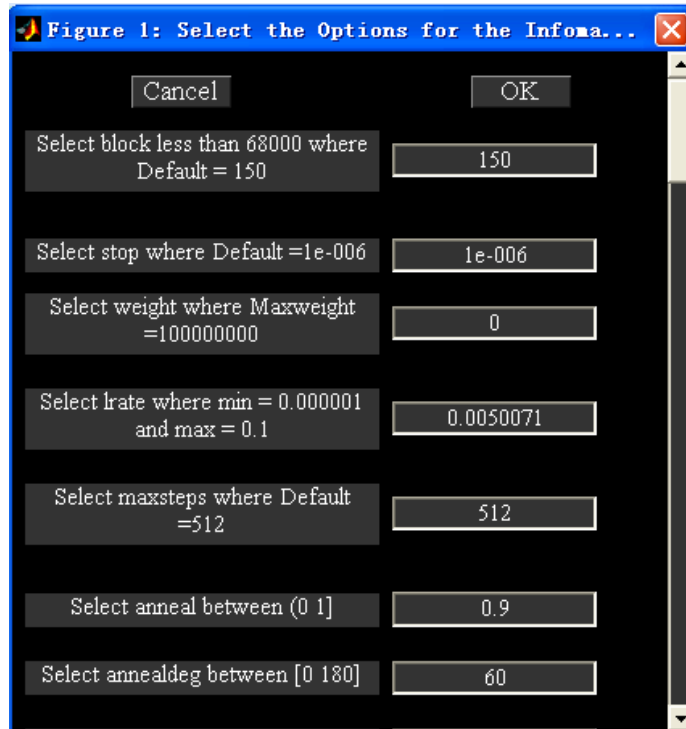


图 19 独立成分分析选项设置

### c) 配置多次 ICA 运行方式

Multiple ICA with: 选择随机模式:

- ✧ Multiple-order: 表示每次独立成分组分析中, 被试分组都按照随机的顺序, 并非按照输入文件的顺序 (注意: 该选项只有在三步 PCA 降维时有用, 而在只有两步或者更少步时没有作用)。在三步 PCA 降维情况下, 需要勾选该选项。
- ✧ RandInit: 每次 ICA 分析时初始值随机化 (推荐勾选);
- ✧ Bootstrap: 对输入数据进行 Bootstrap 采样 (版本 beta 1.2 不提供此功能); 默认值为选择 “Multiple-order” 和 “RandInit”。

### d) 配置运行次数

Number of times to run: 设置运行次数, 推荐运行次数为 50-100 次 (默认值 100)。

配置完后如图 20 所示:

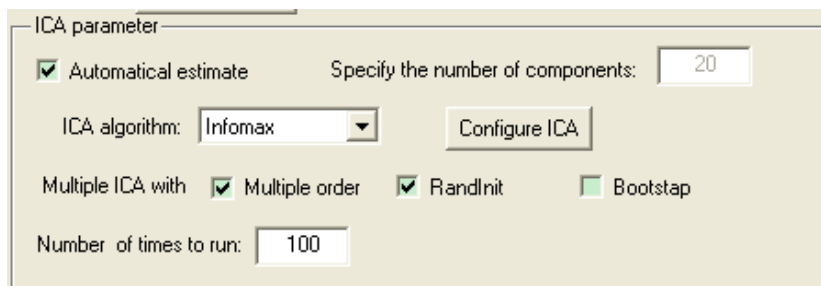


图 20 独立成分分析参数配置界面

#### e) 配置输出参数

在 Output parameter 设置中需要配置输出文件的文件名前缀，个体水平 ICA 结果的归一化方式，输出目录（图 21）。

- ✧ Prefix (前缀): 输出文件的前缀;
- ✧ Scale the result (归一化结果): 成分归一化的方法 (可以选择 Calibrate 和 Z-score 化)。Calibrate 是以被试原始数据做标准将个体成分的值做校正, Z-score 化是将个体成分做 z 分标准化 (**推荐采用 Z-score 化**);
- ✧ Directory (路径): 选择文件输出的路径, 点击右侧的 “...” 按钮选择目录。

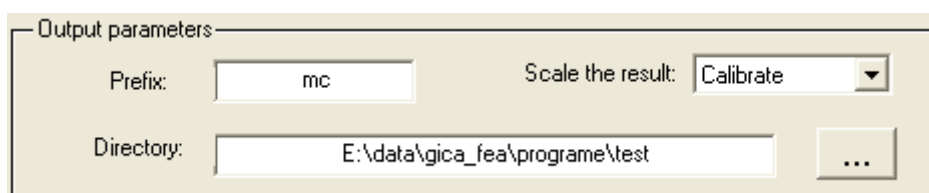


图 21 输出参数配置示例

点击 “Save” 按钮, 保存当前设置参数为 MATLAB 的 mat 文件。在将来的任何时候, 都可通过点击 “Load” 加载之前保存的配置参数。如图 22 所示:

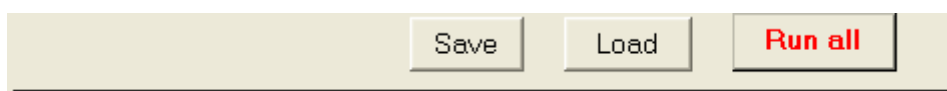


图 22 保存或加载配置文件

#### f) 运行程序

点击 “Run all”, 开始运行程序。

运行步骤过程包括: 产生 Mask, 成分估计, 多步 PCA 降维, 独立成分分析, 个体重建、多次组 ICA 结果聚类、平均、归一化、组水平统计等步骤。

运行时间与被试数目, ICA 估计成分个数, 多次 ICA 运行次数以及机器配置有关。

运行中会显示当前的运行进程, 如图 23 所示:

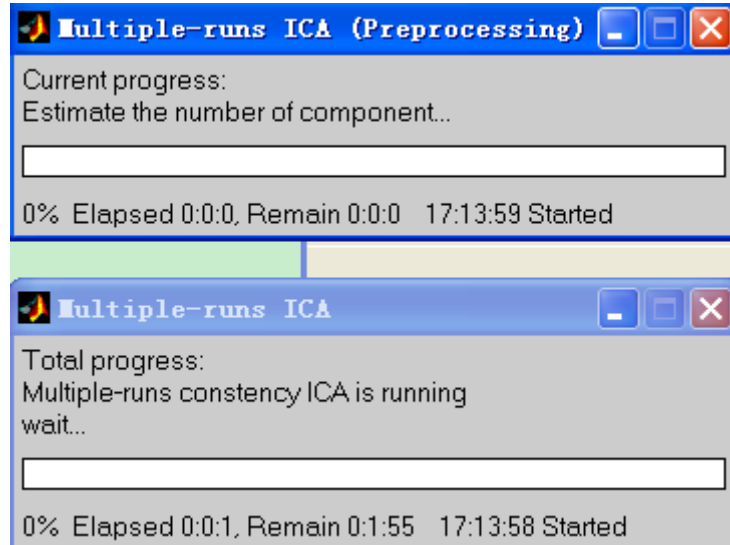


图 23 运行进度图示

#### 4) 显示结果

待程序运行结束，就可以在如图 5 所示的界面上点击最下面一行的按钮“GUI View”查看运行结果了。弹出结果显示界面，如图 24 所示：

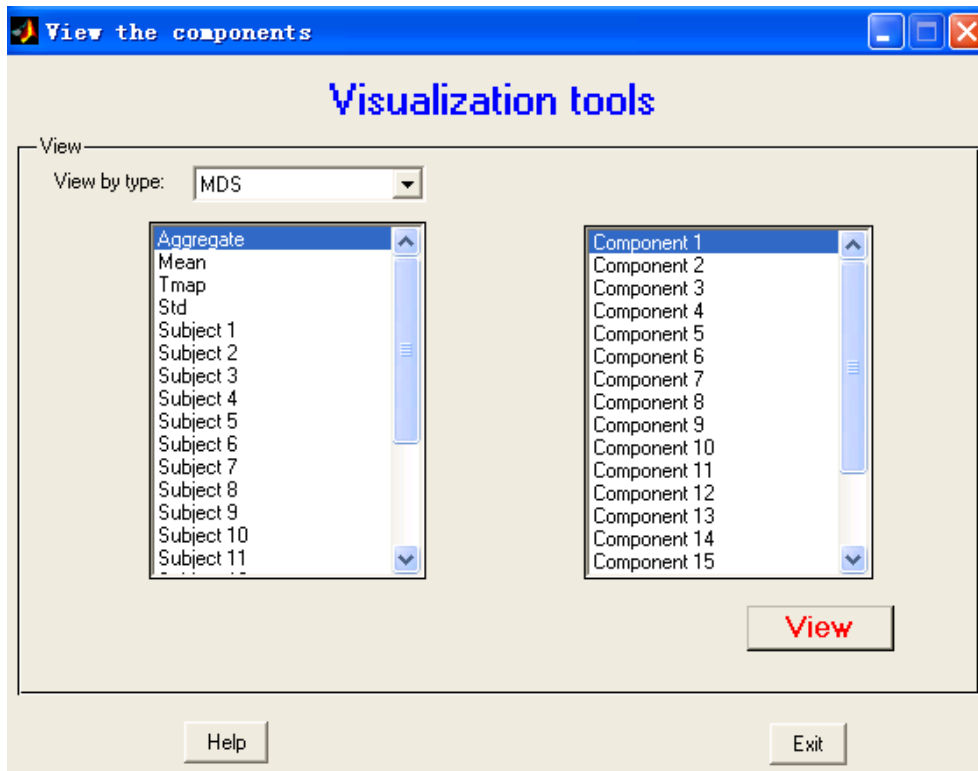


图 24 结果显示界面

*View by type* 有三个选项可以选择：（1）MDS，显示多次 ICA 运行结果在二维平面上的分布，该分布的散度用来衡量成分的稳定性；（2）Ranking component，显示不同成分根据

稳定性进行排序后的稳定性曲线；(3) Component，显示成分的模式(Pattern)，包括空间模式 and 对应时间活动模式。下方显示两个下拉框（如图 24 所示），其中左侧框列出所有被试或统计图【组 ICA 结果 (aggregate)，平均成分 (mean)，T 统计图 (Tmap) 和标准差图 (Std)】列表，其中被试序号按照图 4 文件选择窗口所示的被试输入顺序计算；右侧框则列出成分序号。

a) MDS（成分稳定性二维分布示意图）呈现：

在“View by type”下拉菜单中选择“MDS”，在左侧框中选择“Aggregate”或“Subject n (n=1, 2, ……)”，在右侧框选择要浏览的成分序号，然后点击右下角的“View”按钮，系统会弹出成分稳定性二维分布示意图，如图 25 所示。

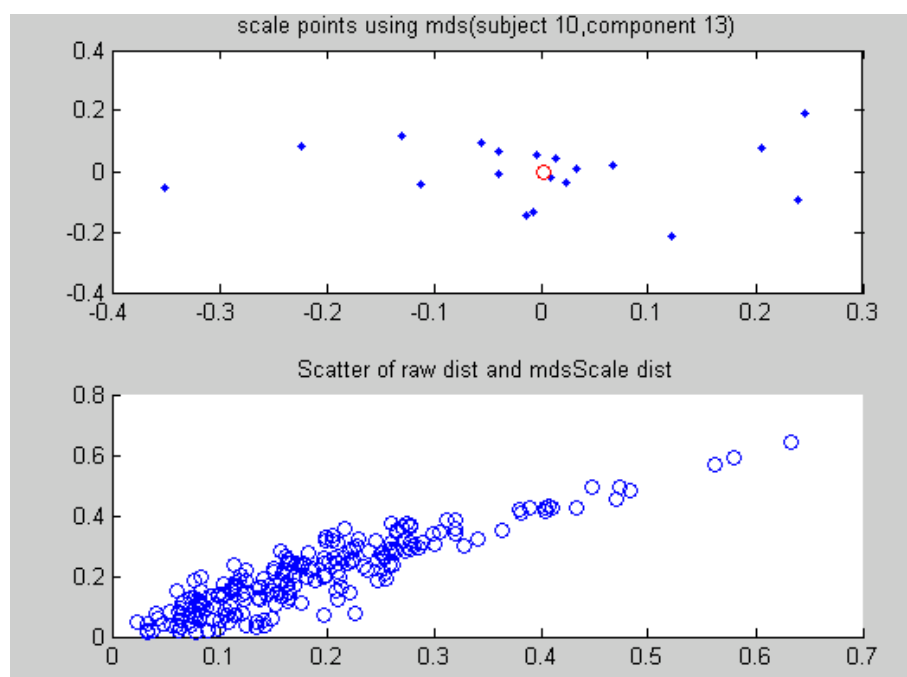


图 25 成分稳定性二维分布示意图示例

在图 25 中，上图表示多次 ICA 得到的成分通过保距变换 (Multidimensional scaling) 从高维空间映射到二维空间上的显示结果，其中蓝点表示每次独立成分分析得到的一个成分，红色圆圈表示经过平均运算后得到的平均成分在该二维空间上的映射结果。该图的横纵坐标范围（如图 25，横纵坐标范围均约为-0.4~0.3）可以反映该成分在多次 ICA 分析中的稳定性，范围越小，稳定性越好。另外，可以看出，进行平均运算后得到的平均成分分布于散点的中心处，说明平均成分是对真实成分的一个较为稳定和准确的估计。

图 25 的下图显示了这种保距变换的好坏程度，横坐标表示原始成分两两之间的距离，纵坐标表示保距变换到二维空间上成分两两之间的距离。当这些点的分布越靠近  $y = x$  的直线时，保距变换效果最佳。反之则可以认为保距变换效果不好。

b) 各成分稳定性曲线图呈现：



在“View by type”中选择“Ranking component”，点击“View”，得到各成分稳定性的曲线图呈现，如图 26 所示。

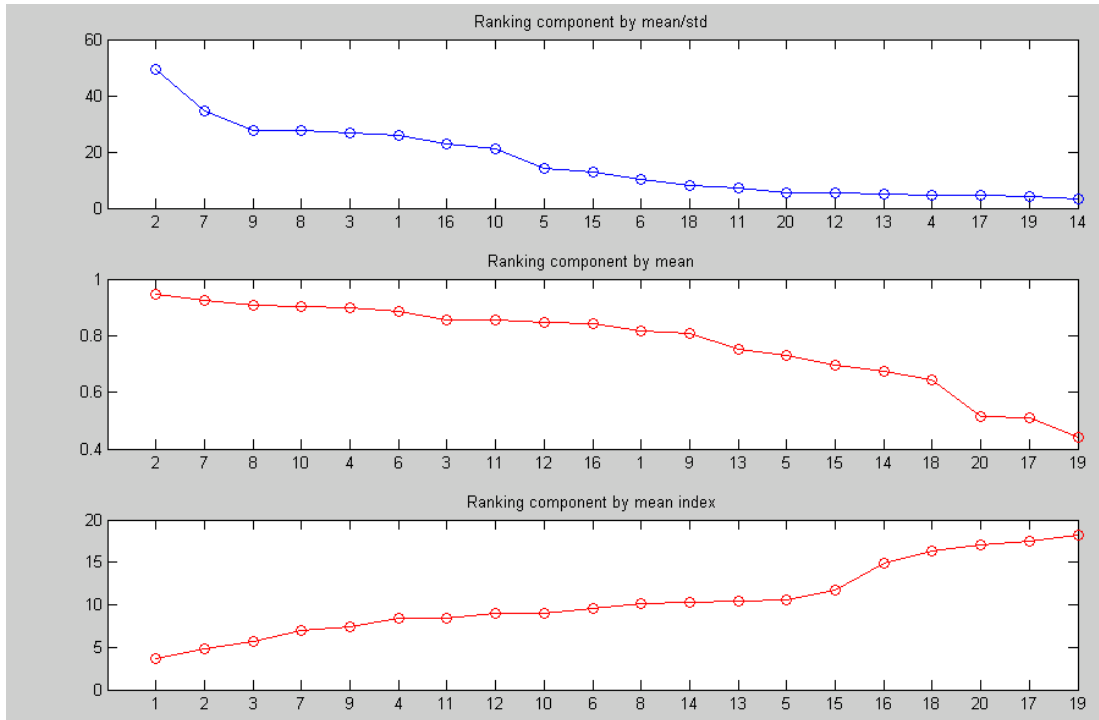


图 26 各成分稳定性曲线图呈现结果示例

在图 26 中，对各个成分排序的依据是多次独立成分分析结果的稳定性。这里采用三种指标对稳定性进行度量。

设独立成分分析次数为  $N$ ，被试数目为  $M$ ，成分数为  $T$ ，对于每个个体水平的成分

$$c_{ijk} (i = 1, \dots, N, j = 1, \dots, T, k = 1, \dots, M),$$

其相应的平均成分为

$$m_{jk} = \frac{\sum_{i=1}^N c_{ijk}}{N} (j = 1, \dots, T, k = 1, \dots, M),$$

每个成分和其平均成分之间的距离则可以定义为

$$d_{jk} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |c_{ijk} - m_{jk}| (j = 1, \dots, T, k = 1, \dots, M)。$$

因此，定义三种指标对稳定性进行度量：

- ✧  $t_j = \frac{\text{mean}(d_j)}{\text{std}(d_j)}$  ( $d_j = \{d_{j1}, \dots, d_{jM}\}$ )，按照  $t_j (j = 1, \dots, T)$  的大小排序，越大稳定性越好；

- ✧  $m_j = \text{mean}(d_j)(d_j = \{d_{j1}, \dots, d_{jM}\})$ , 按照  $m_j (j = 1, \dots, T)$  的大小排序, 越大稳定性越好;
- ✧ 对于每个被试  $k (k = 1, \dots, M)$ , 按照  $d_{jk} (j = 1, \dots, T)$  进行排序, 每个成分得到一个排序序号  $l_{jk} (j = 1, \dots, T, k = 1, \dots, M)$ , 然后求  $m'_j = \text{mean}(l_j)(l_j = \{l_{j1}, \dots, l_{jM}\})$ , 按照  $m'_j (j = 1, \dots, T)$  的大小排序, 越小稳定性越好。

c) 成分浏览功能:

从“View by type”中选择“Component”, 则出现图 27 所示成分浏览界面。

在该窗口右上角的“Component:”菜单栏中, 包括三个选项: (1) Subject (显示一个被试的所有成分); (2) Component (显示所有被试的同一个成分); (3) Slice (显示某一个被试的某个成分, 可逐层显示)。

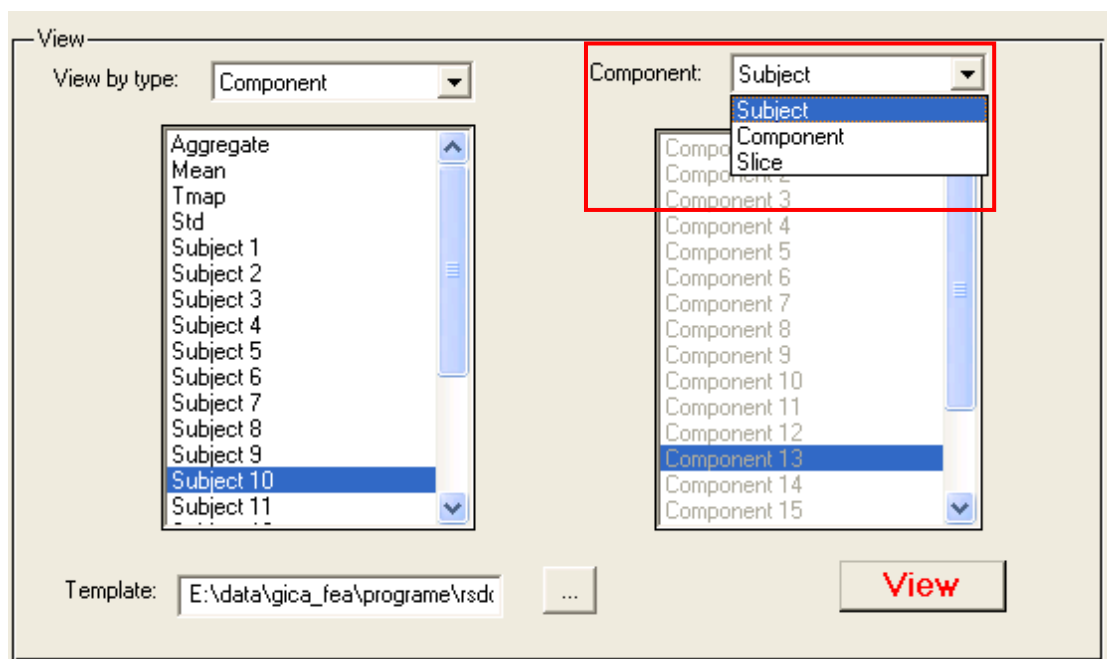


图 27 成分浏览界面

- ✧ **显示一个被试的所有成分:** 选择“Subject”(如图 27), 在左侧列表框中选择一个被试或一个统计图 (Aggregate, Mean, Tmap 或者 Std)。例如: 如果想查看 T 检验图, 在左侧栏目中选上“Tmap”; 在下侧的“Template”项输入叠加模板文件 (成分的显著区域会绘制在该叠加模板的背景上)。可点击其右侧的按钮“...”选择一个自定义模板文件, 这里默认是一个分辨率为  $2 \times 2 \times 5$  mm 的 MNI 空间的结构像模板。最后, 点击“View”, 弹出如图 28 所示的结果呈现参数配置界面。具体参数为:

- Image values: 确定显示的空间成分的数值范围, 选项“Positive”表示只显示值为正的体素, 选项“Positive and negative”表示正负值均显示, “Negative”表示只显示值为负的体素, “Absolute”表示正负值均显示但显示绝对值。
- Threshold value: 设置阈值大小 (建议选 1.0)。
- Images per plane: 每个窗体显示图像的数目。
- Anatomical plane: 显示的脑图像切片方向, “Axial”表示轴状位, “Sagittal”表示矢状位, “Coronal”表示冠状位。
- Slice range: 自定义显示那些层, 例如默认值为-50:5:85, 表示从-50层, 以间隔 5 层的顺序, 一直到第 85 层。建议保持默认。

点击按钮“OK”打开成分浏览界面, 如图 29。

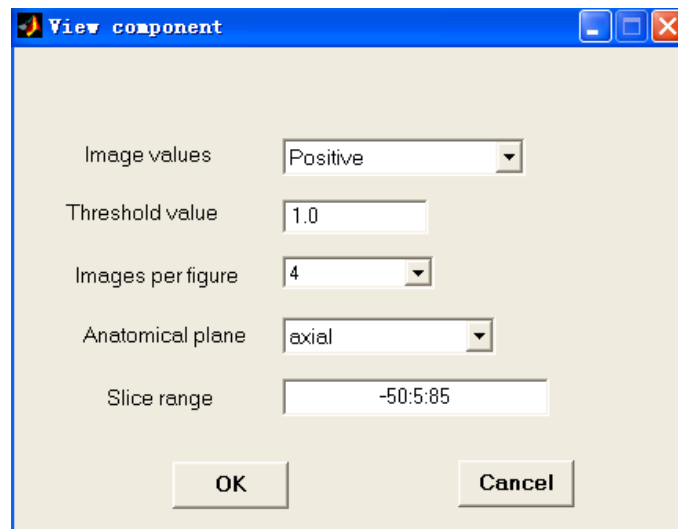


图 28 结果呈现参数配置界面

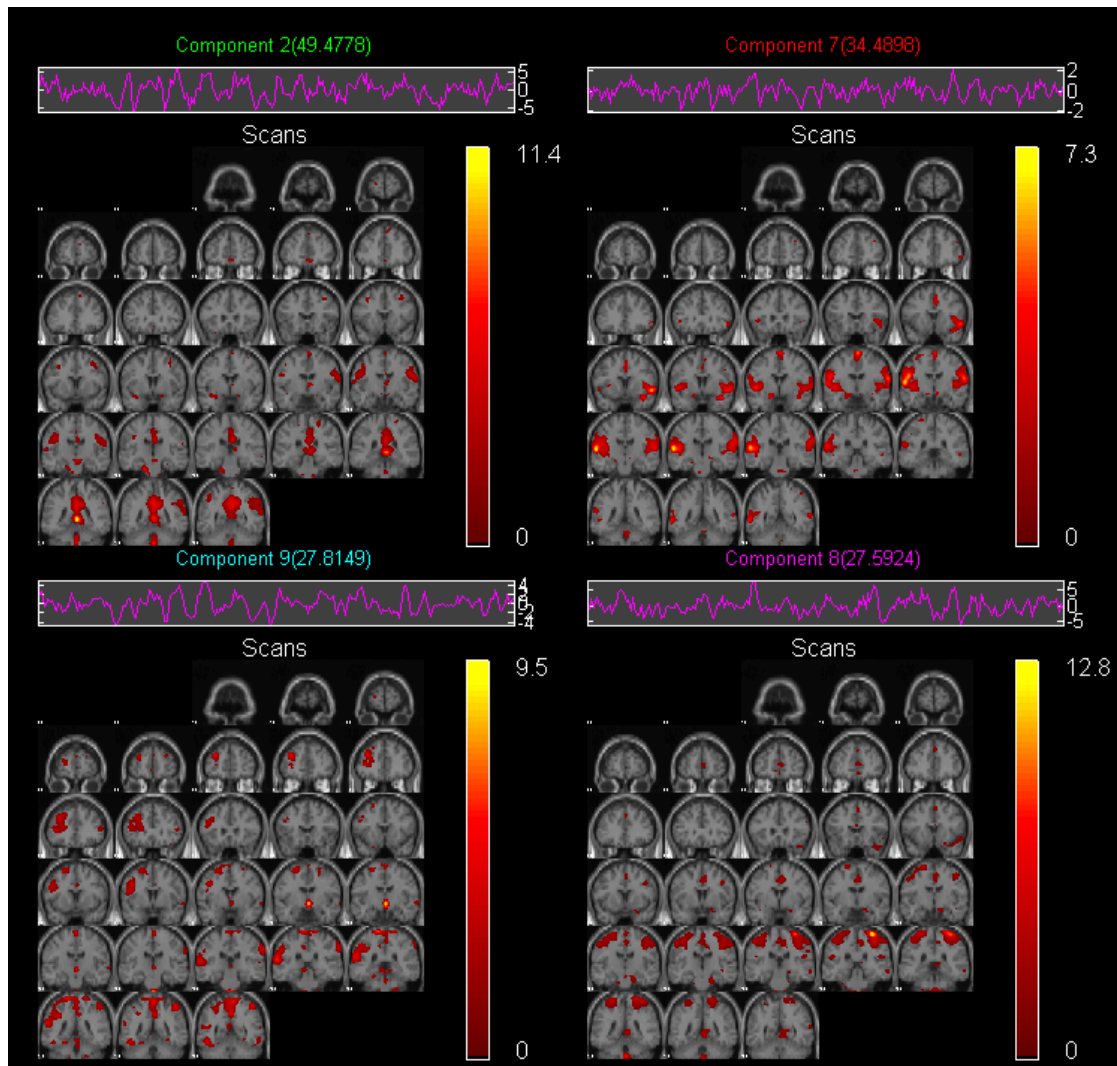


图 29 成分浏览界面

注意, 在成分浏览界面中, 成分显示的先后顺序是按照 b) 节稳定性度量指标(1), 即  $t_j$  的大小进行的排序, 而显示的标题“Component X”还是按照原成分的序号, 括号里显示的是稳定性度量指标的大小。

- ◇ **显示所有被试的同一个成分:** 在图 27 右上角的下拉菜单中选择“Component”, 在下方右侧列表框中选择一个要浏览或要提取的成分。然后点击“View”按钮, 接下来在图 29 所示界面显示所有被试的该指定成分和其对应的各个统计图 (Tmap, Mean, Std 等)。如需要提取该成分进入后续分析 (如组间比较, 和医学量表做相关分析等), 可以点击“Extract!”按钮, 提取所有被试的该成分的空间模式 (以 NIFTI 格式保存) 和时间模式 (所有的被试的时间模式均放在一个 MATLAB 的 mat 文件中保存, 可以用 MATLAB 打开和计算) 到一个指定的目录中。
- ◇ **显示某一个被试的某个成分:** 在图 27 右上角的下拉菜单中选择“Slice”, 在下面左侧列表框中选择一个被试或统计图, 右侧列表选择一个成分, 点击“View”

按钮，弹出显示设置对话框，如图 30 所示。

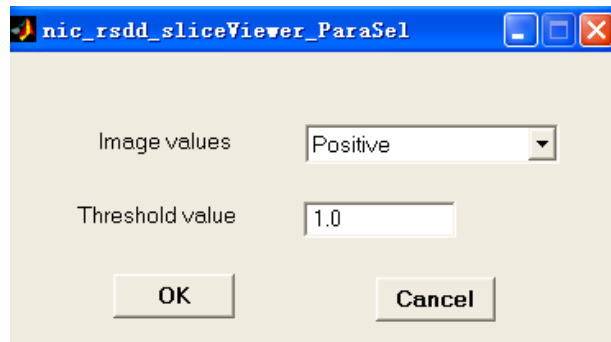


图 30 显示某一个被试的某个成分时需要设置的参数

选择结果显示的值范围，输入阈值，点击“OK”按钮，打开三视图方式查看页面，如图 31 所示。

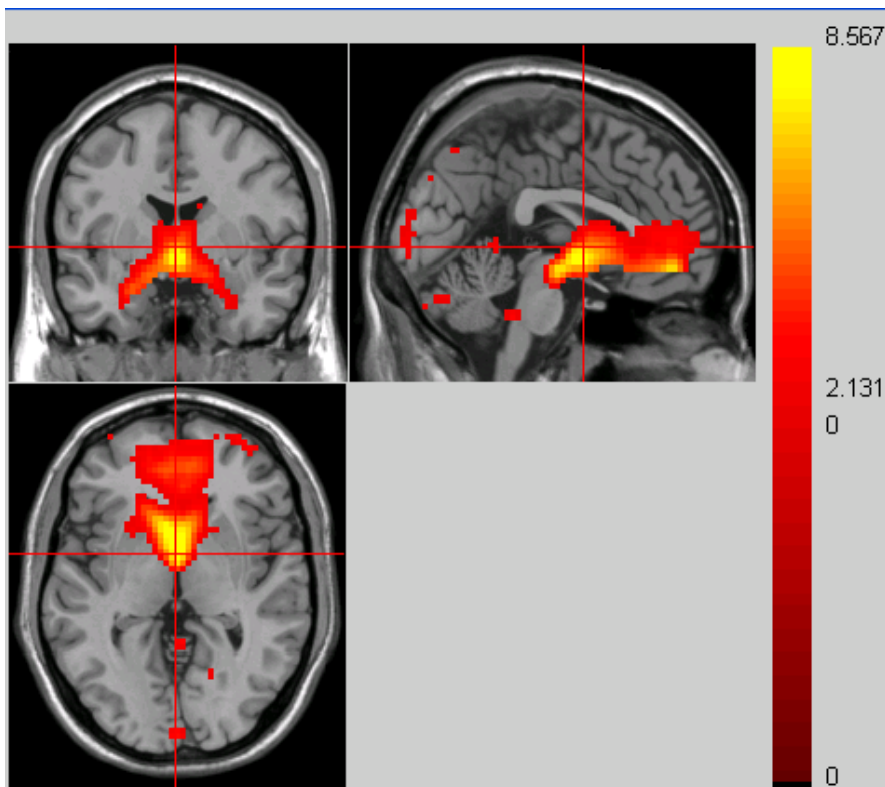


图 31 以三视图方式查看某个成分

## 七、附录

1. 下载 ([http://www.nitrc.org/frs/?group\\_id=290&release\\_id=1076](http://www.nitrc.org/frs/?group_id=290&release_id=1076))
2. 项目页面 (<http://www.nitrc.org/projects/cogicat/>)  
Funded by the National Institutes of Health Blueprint for Neuroscience Research, the Neuroimaging Informatics Tools and Resources Clearinghouse (NITRC) facilitates finding and comparing neuroimaging resources for functional and structural neuroimaging analyses—including popular tools as well as those that once might have been hidden in another researcher’s laboratory or some obscure corner of cyberspace. NITRC collects and points to standardized information about tools, making the task of finding and comparing them easier than before.
3. 软件论坛 ([http://www.nitrc.org/forum/forum.php?forum\\_id=1210](http://www.nitrc.org/forum/forum.php?forum_id=1210))
4. 软件开发小组主页 (<http://psychbrain.bnu.edu.cn/home/chaozhezhu/>)
5. Email 技术支持: [napoleon1982@gmail.com](mailto:napoleon1982@gmail.com) (Han ZHANG)

## 八、参考文献

- Beckmann, C. F., DeLuca, M., Devlin, J. T. and Smith, S. M., 2005. Investigations into resting-state connectivity using independent component analysis. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 360, 1001–1013.
- Calhoun, V. D., Adali, T., Pearlson, G. D. and Pekar, J. J., 2001. A method for making group inferences from functional MRI data using independent component analysis. *Hum Brain Mapp.* 14, 140–151.
- Zhang, H., Zuo, X.-N., Ma, S.-Y., Zang, Y.-F., Milham, M. P., Zhu, C.-Z., 2010. Subject order-independent group ICA (SOI-GICA) for functional MRI data analysis. *Neuroimage.* 51(4), 1414–1424.