



团 体 标 准

T/XXX XXXX—XXXX

人脑扩散张量磁共振成像（DTI）图像采集及 后处理流程

Acquisition and Post-processing Protocol of Diffusion Tensor Magnetic Resonance
Imaging of Human Brain

（征求意见稿）

在提交反馈意见时，请将您知道的相关专利连同支持性文件一并附上。

XXXX - XX - XX 发布

XXXX - XX - XX 实施

中国生物医学工程学会 发 布

目 次

前 言 II

引 言 III

1 范围 4

2 规范性引用文件 4

3 术语和定义 4

4 DTI 图像采集及后处理流程 6

 4.1 DTI 图像采集及后处理流程图 6

 4.2 DTI 图像采集前准备流程 6

 4.2.1 DTI 序列及参数 6

 4.2.2 扫描前准备 6

 4.3 DTI 图像采集流程 7

 4.3.1 扫描前参数核查 7

 4.3.2 扫描过程监控 7

 4.3.3 图像质量控制 7

 4.4 DTI 图像预处理流程 8

 4.4.1 图像格式转换 8

 4.4.2 头动校正 8

 4.4.3 畸变校正 8

 4.4.4 涡流校正 8

 4.5 DTI 图像后处理流程 9

 4.5.1 扩散指标计算 9

 4.5.2 纤维束三维重建 9

 4.5.3 白质结构连接组构建 9

 4.5.4 后处理结果质量控制与记录 10

参 考 文 献 11

前 言

本文件按照GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别这些专利的责任。

本文件由中国生物医学工程学会提出。

本文件由中国生物医学工程学会知识产权与标准化工作委员会归口。

本文件起草单位：北京师范大学，中日友好医院，厦门大学附属第一医院，南京鼓楼医院，天津市第一中心医院，北京邮电大学和电子科技大学。

本文件主要起草人：舒妮、马国林、汪建华、夏爽、刘冰、张冰、刘勇、罗程。

引 言

扩散张量成像（Diffusion Tensor Imaging, DTI）是一种利用磁共振成像技术来测量生物组织中水分子扩散特性的技术。DTI目前已经成为神经科学领域特别是在研究脑白质结构和完整性方面的一个重要工具。通过测量水分子在脑组织中的扩散能力，DTI能够揭示白质微结构的变化。

DTI的应用范围广泛，包括但不限于脑部疾病的诊断和治疗前后的评估，以及脑发育和老化的研究。例如，在多发性硬化症、脑卒中、阿尔茨海默病等疾病的研究中，DTI提供了关键的脑白质结构定量和定性信息。此外，它在理解大脑功能和神经系统的连接性方面也显示出巨大的潜力。

为了充分利用DTI的优势，高质量的图像采集和规范的数据处理过程是至关重要的。不当的采集技术或分析方法可能会导致数据信息的误解，因此，制定标准化的操作流程显得尤为重要。本标准旨在提供一套从DTI 图像采集、预处理到后处理的全过程规范化流程，确保DTI数据的质量和结果的一致性，从而为科研和临床决策提供可靠的支持。

为规范DTI图像采集及处理流程，特制订本文件。

人脑扩散张量磁共振成像（DTI）图像采集及后处理流程

1 范围

本文件规定了超导磁共振设备人脑扩散张量成像（DTI）图像采集及后处理流程。

本文件适用于医疗机构使用3.0 T超导磁共振设备开展脑部DTI数据采集、后处理及质量控制。1.5 T及7.0 T等其他场强设备可参照执行。

2 规范性引用文件

本文件没有规范性引用文件。

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

扩散张量成像（Diffusion Tensor Imaging, DTI）

一种磁共振成像技术，通过测量水分子在组织中的扩散行为，获得组织内部的微观结构信息。

3.2

磁共振成像（Magnetic Resonance Imaging, MRI）

一种非侵入性成像技术，通过在强磁场和射频脉冲的作用下，利用体内氢原子核的磁共振信号成像，广泛应用于医学诊断和研究。

3.3

白质（White Matter）

中枢神经系统中被髓鞘包裹的神经轴突所组成的区域。

3.4

分数各向异性（Fractional Anisotropy, FA）

衡量水分子扩散方向性的重要参数，FA 值介于 0（各向同性扩散）到 1（完全各向异性扩散）之间，用于评估白质纤维的完整性和方向性。

3.5

平均扩散率（Mean Diffusivity, MD）

描述水分子在各个方向上平均扩散速率的参数，通常用于评估组织的扩散特性。

3.6

轴向扩散率（Axial Diffusivity, AD）

水分子沿着主要纤维方向的扩散系数，反映轴突的完整性。

3.7

径向扩散率（Radial Diffusivity, RD）

水分子垂直于主要纤维方向的扩散系数，反映髓鞘的完整性。

3.8

重复时间（Repetition Time, TR）

磁共振成像脉冲序列的核心时间参数，定义为两个相邻射频激发脉冲之间的时间间隔。

3.9

回波时间 (Echo Time, TE)

射频脉冲的传送和接收到的信号峰值之间的时间。

3.10

平面回波成像 (Echo Planar Imaging, EPI)

一种基于梯度回波的快速磁共振成像方法，通过在单个弛豫时间内生成梯度回波链并填充k空间实现断面成像。

3.11

反转相位编码 (Reversed Phase-Encoding)

在 EPI 序列中获取相位编码方向相反的图像，用于估计并校正场不均匀性导致的几何畸变的技术。

3.12

视场 (Field of View, FOV)

磁共振成像中指成像区域的大小，直接影响图像的分辨率和信噪比。

3.13

预处理 (Preprocessing)

在正式数据分析之前，对原始DTI数据进行的一系列处理步骤，包括头动校正、畸变校正、去噪等，以提高数据质量和分析准确性。

3.14

纤维追踪 (Fiber Tractography)

通过分析DTI数据，重建白质纤维束的三维结构的方法，用于研究大脑不同区域之间的连接和通信。

4 DTI 图像采集及后处理流程

4.1 DTI 图像采集及后处理流程图

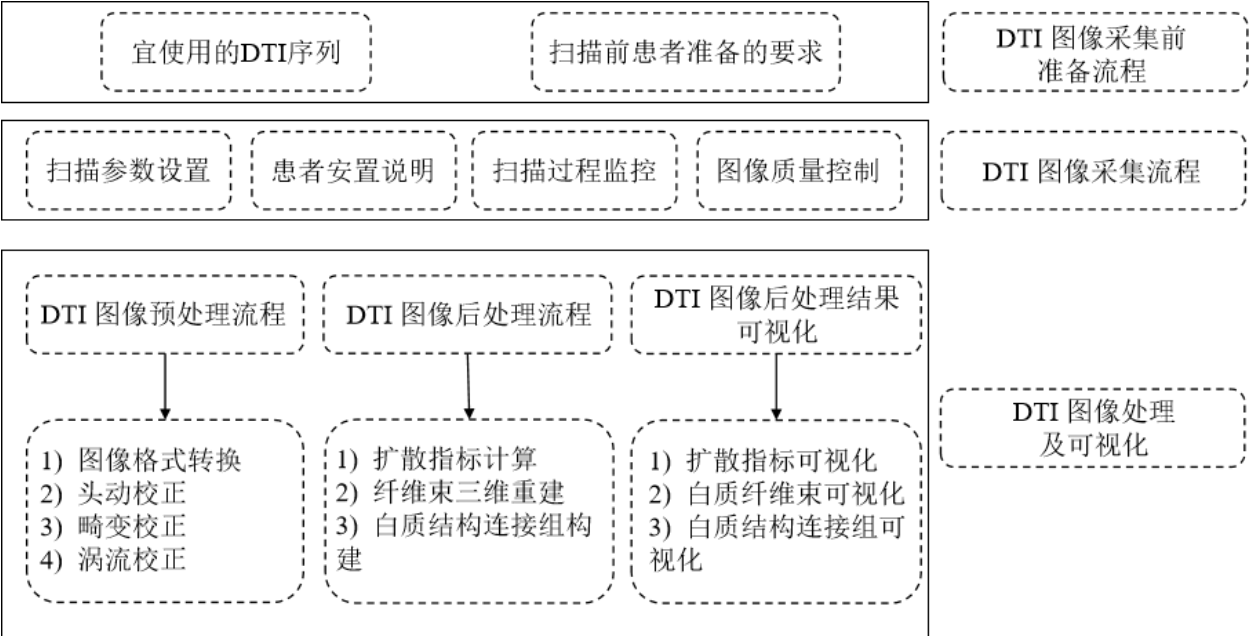


图1 DTI图像采集及后处理流程图

4.2 DTI 图像采集前准备流程

4.2.1 DTI 序列及参数

DTI 图像采集宜采用扩散加权 EPI 序列。在设备条件允许且需降低 EPI 几何畸变时，可采用多次激发 EPI 序列。采集范围应覆盖全脑结构，包括大脑皮层、皮层下结构及小脑。扫描参数以 3.0 T 超导磁共振设备为基准设置，并可根据设备性能、线圈配置及应用需求进行适当调整。推荐参数参考如下：

- 1) 重复时间 (TR) 3000 ms~10000 ms；
- 2) 回波时间 (TE) 50 ms~100 ms；
- 3) 空间分辨率 2.0 mm³~2.5 mm³ 的各向同性体素；
- 4) 视野 (FOV) 220 mm×220 mm~256 mm×256 mm；
- 5) 常规 DTI 采集宜包括 b=0 s/mm² 和 b=1000 s/mm² 左右的扩散加权图像；
注：如需开展多壳扩散建模、复杂纤维结构分析或高级纤维追踪，可根据研究或临床需求增加 2000 s/mm²、3000 s/mm² 等非零 b 值。
- 6) 扩散梯度方向数目宜不少于 30 个；用于纤维追踪、白质结构连接组构建或多壳扩散成像时，宜不少于 60 个，并应在扫描记录中保存每个 b 值对应的扩散方向数目；
- 7) 宜采集反转相位编码方向数据，用于 EPI 几何畸变校正；反转相位编码数据应至少包含 1 个 b=0 图像，宜包含 1~5 个 b=0 图像；
- 8) 相位编码方向宜采用前-后/后-前 (AP/PA) 或左-右/右-左 (LR/RL) 成对采集方式，并应在扫描记录中注明。

4.2.2 扫描前准备

- 扫描前应做好如下准备：
- 1) 询问并筛查受检者是否存在金属植入物、心脏起搏器、人工耳蜗、动脉瘤夹、体内电子装置或其他可能影响磁共振扫描安全性和图像质量的装置或病史；

- 2) 确认受检者已移除随身携带及佩戴的金属物品，包括但不限于首饰、眼镜、假牙、助听器、发夹、钥匙、手机、磁卡等；
- 3) 向受检者说明扫描目的、扫描过程、扫描时长、扫描噪声及扫描期间的配合要求，并告知其紧急呼叫装置的使用方法；
- 4) 指导受检者采取仰卧位，头部置于头线圈中心位置，头部位置保持正中；
- 5) 采用海绵垫、固定带或其他适宜固定装置减少头部运动；
- 6) 指导受检者在扫描过程中保持头部静止，避免吞咽、咬牙、摆动肢体活动等可能引起运动伪影的动作；
- 7) 对不能充分理解或配合扫描要求的受检者，在扫描前评估其配合程度；
- 8) 扫描过程中如出现头部位置改变、焦虑或其他影响数据质量的情况，记录并纳入后续质量控制。

4.3 DTI 图像采集流程

4.3.1 扫描前参数核查

正式采集前，应核查 DTI 扫描参数和采集设置是否符合 4.2.1 的要求，核查内容应包括：

- 1) 扫描序列、TR、TE、FOV、空间分辨率、层厚、采集层数、b 值、扩散梯度方向数目等参数；
- 2) b=0 图像数量、非零 b 值数量及各 b 值对应的扩散方向数目；
- 3) 相位编码方向及反转相位编码方向设置；
- 4) 图像采集范围是否覆盖全脑结构，包括大脑皮层、皮层下结构及小脑；
- 5) DICOM 头文件或扫描记录中是否完整保存 b 值、扩散梯度方向、相位编码方向、总读出时间等后续预处理所需信息。

如发现参数设置、相位编码方向或扫描覆盖范围不符合要求，应调整后重新确认。

4.3.2 扫描过程监控

扫描过程应分为预扫描和正式扫描两个阶段进行监控。

- 1) 预扫描阶段：应进行定位像或快速预扫描，检查受检者体位、头部位置、扫描覆盖范围及基本图像质量。若发现定位偏差、覆盖不足、信号异常或伪影影响脑组织识别，应调整受检者体位或扫描参数后重新确认。
- 2) 正式扫描阶段：应实时监控 DTI 图像质量，重点观察图像覆盖范围、信号稳定性、运动伪影、磁敏感伪影、信号丢失及硬件相关伪影。若出现头部位置改变、严重信号丢失、图像缺层或其他可能影响数据质量的问题，应记录异常情况，并根据影响程度采取继续采集、暂停采集、重新定位或重新采集等处理措施。

4.3.3 图像质量控制

采集完成后，应对原始 DTI 数据进行质量检查。图像质量控制可采用目视检查和自动质量控制工具相结合的方式，质量控制结果应记录为合格、不合格或需复核，并注明异常类型和处理方式。质量控制内容应包括：

- 1) 图像完整性：检查 DTI 数据是否存在缺层、断层、文件缺失或图像顺序异常；
- 2) 空间覆盖范围：图像覆盖全脑结构，包括大脑皮层、皮层下结构及小脑；
- 3) 图像清晰度：检查 b=0 图像中脑组织边界、脑室及主要解剖结构是否可辨；若脑组织边界无法辨认、脑室结构变形影响定位，或图像重影影响脑区识别，判定为需复核或不符合要求；
- 4) 信号质量：检查图像是否存在整体信号下降、局部信号缺失、条带伪影、Nyquist ghost 伪影或射频干扰；上述异常影响脑组织识别、张量估计或纤维追踪时，判定为需复核或不符合要求。宜记录 b=0 图像信噪比或同类质量指标，信噪比计算方法和判定依据在质量控制记录中注明；
- 5) 运动伪影：检查各扩散方向图像是否存在层间错位、体积间错位或头动相关信号脱落；如体积间错位影响脑组织边界一致性，或自动质量控制结果超过预设阈值，判定为需复核或不宜纳入后续分析；

6) 扩散方向覆盖: b 值文件和扩散梯度方向文件完整, 扩散方向数目与扫描方案一致; 必要时通过扩散方向分布图检查是否存在方向缺失、方向重复或方向信息错误;

7) 反转相位编码数据: 用于畸变校正的反转相位编码图像与主采集 DTI 图像在空间覆盖范围、分辨率和层面设置上保持一致。

出现以下情况之一时, 该数据不宜纳入后续分析:

- 1) 图像覆盖范围不足或存在缺层;
- 2) 头动或伪影影响脑组织边界识别或扩散方向图像一致性;
- 3) 局部或整体信号缺失影响张量估计、或纤维追踪、连接组构建;
- 4) b 值、扩散方向或相位编码方向信息缺失或错误;
- 5) 反转相位编码数据缺失, 且研究或临床方案要求进行 EPI 畸变校正。

质量控制结果应记录并纳入后续预处理和数据筛选过程。

4.4 DTI 图像预处理流程

4.4.1 图像格式转换

应将 DICOM 格式图像转换为 NIfTI 格式, 并同步生成或保存 b 值文件、扩散梯度方向文件及采集参数信息。图像格式转换可采用 dcm2niix 或具有同等功能的软件完成。图像格式转换应符合下列要求:

- 1) 检查转换后 NIfTI 图像的层数、体素大小、空间方向和图像顺序是否与原始 DICOM 数据一致;
- 2) 检查 b 值文件和扩散梯度方向文件是否完整, 扩散方向数目与扫描方案一致;
- 3) 保存相位编码方向、总读出时间、 $b=0$ 图像数量及反转相位编码图像信息;
- 4) 记录转换软件名称、版本、转换参数、输出文件及转换检查结果。

4.4.2 头动校正

应对 DTI 数据进行头动校正, 并同步校正扩散梯度方向。头动校正可采用 FSL eddy、MRtrix3 dwifslpreproc 或具有同等功能的软件完成。头动校正应符合下列要求:

- 1) 估计并记录各扩散方向图像相对于参考图像的平移和旋转参数;
- 2) 根据图像旋转参数对 b -vector 进行相应旋转;
- 3) 检查校正后图像是否存在体积间错位、层间错位、信号脱落或插值异常, 并记录异常体积、异常切片或异常方向数量;
- 4) 记录最大平移位移、最大旋转角度、平均帧间位移及异常体积数量;
- 5) 对头动、体积间错位、层间错位或信号脱落的数据, 并根据研究或临床方案决定是否剔除或重新采集。

4.4.3 畸变校正

具备反转相位编码数据、场图数据或其他可用于畸变估计的数据时, 应进行 EPI 几何畸变校正。具备反转相位编码数据时, 宜采用基于反转相位编码 $b=0$ 图像的畸变校正方法, 可采用 FSL topup、MRtrix3 dwifslpreproc 或具有同等功能的软件完成。EPI 畸变校正应符合下列要求:

- 1) 反转相位编码图像与主采集 DTI 图像在空间覆盖范围、分辨率、层数及层面位置上保持一致;
- 2) 记录主采集图像和反转相位编码图像的相位编码方向及总读出时间;
- 3) 基于相位编码方向相反的 $b=0$ 图像估计磁敏感场图或形变场;
- 4) 将形变场应用于 DTI 数据, 完成 EPI 几何畸变校正;
- 5) 校正后检查 $b=0$ 图像与结构像或标准解剖结构之间的空间一致性;
- 6) 如未采集反转相位编码数据, 在质量控制记录中注明, 并说明是否采用场图校正、基于结构像的校正方法或不进行畸变校正。

4.4.4 涡流校正

应对 DTI 数据进行涡流畸变校正。涡流校正可与头动校正同一流程中完成，可采用 FSL eddy、MRtrix3 dwifslpreproc、QSIprep 或具有同等功能的软件完成。涡流校正应符合下列要求：

- 1) 对不同扩散方向图像中的涡流诱发线性或非线性形变进行模型化校正；
- 2) 与头动校正、b-vector 旋转和异常切片或异常体积检测协调完成；
- 3) 宜采用异常值检测方法识别并处理扩散方向图像中的局部信号脱落；
- 4) 校正后检查各扩散方向图像与 $b=0$ 图像之间的空间一致性；
- 5) 检查并保存涡流校正后的 DTI 图像、旋转后的 b-vector 文件及质量控制输出文件；
- 6) 记录所采用的软件名称、版本、主要参数及校正质量指标。

4.5 DTI 图像后处理流程

4.5.1 扩散指标计算

应基于预处理后的 DTI 数据进行扩散张量估计，并生成扩散指标图。扩散指标计算可采用 FSL dtifit、MRtrix3 dwi2tensor 或具有同等功能的软件完成。扩散指标计算应符合下列要求：

- 1) 使用脑掩膜限定张量拟合范围；
- 2) 基于 b 值和扩散梯度方向文件进行张量拟合；
- 3) 计算张量特征值 λ_1 、 λ_2 、 λ_3 ；
- 4) 生成 FA、MD、AD、RD 等扩散指标图；
- 5) AD 按 λ_1 计算，RD 按 $(\lambda_2 + \lambda_3) / 2$ 计算，MD 按 $(\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3) / 3$ 计算；
- 6) 检查扩散指标图是否存在异常高值、异常低值、非脑组织残留或影响指标解释的空间错位；
- 7) 记录所采用的软件名称、版本、张量拟合方法及主要参数。

4.5.2 纤维束三维重建

应基于预处理后的 DTI 数据或扩散模型结果进行白质纤维束三维重建。纤维追踪可采用 MRtrix3、DSI Studio 或具有同等功能的软件完成。纤维束三维重建应符合下列要求：

- 1) 明确采用的扩散模型和纤维追踪方法，包括确定性追踪或概率性追踪；
- 2) 检查脑掩膜、白质掩膜或感兴趣区与扩散图像的空间一致性；
- 3) 设置并记录种子点位置、种子点数量、步长、角度阈值、FA 阈值或其他终止条件；
- 4) 设置纤维长度筛选条件，去除过短、过长或不符合解剖结构的纤维；
- 5) 对胼胝体、皮质脊髓束、上纵束、扣带束等主要白质纤维束进行目视质量检查；
- 6) 如出现大量穿越脑室、脑外区域或明显不符合解剖走行的纤维，重新检查预处理、掩膜、追踪参数和扩散方向信息。

4.5.3 白质结构连接组构建

应基于纤维追踪结果和脑区分区图谱构建白质结构连接组。连接组构建可采用 MRtrix3 tck2connectome 或具有同等功能的软件完成。白质结构连接组构建应符合下列要求：

- 1) 选择明确的脑区分区图谱作为网络节点，并记录图谱名称、版本、节点数量和空间模板；
- 2) 明确图谱与个体扩散空间之间的配准路径，包括结构像到扩散像、图谱到个体空间或个体图像到标准空间的配准步骤；
- 3) 检查脑区分区图谱、结构像和扩散图像之间的配准精度；
- 4) 根据纤维追踪结果定义脑区间结构连接边；
- 5) 连接权重可采用纤维数量、平均 FA、平均 MD、纤维长度、连接密度或经脑区体积校正后的指标表示；
- 6) 检查连接矩阵中是否存在缺失值、无穷值或异常极端值；
- 7) 对无向结构连接网络，连接矩阵满足对称性要求；
- 8) 记录节点数量、边数量、连接密度、阈值策略、图论指标、软件名称、版本及主要参数。

4.5.4 后处理结果质量控制与记录

后处理完成后，应对扩散指标图、纤维追踪结果和白质结构连接组结果进行质量检查，并形成后处理质量控制记录。后处理结果质量控制应符合下列要求：

- 1) 检查 FA、MD、AD、RD 等扩散指标图的空间分布是否符合脑白质解剖特征，图像中不应存在空间错位、异常高值、异常低值或非脑组织残留；
- 2) 检查主要白质纤维束重建结果，重点观察胼胝体、皮质脊髓束、上纵束、扣带束等主要纤维束走行是否符合基本解剖结构；
- 3) 检查纤维追踪结果中是否存在穿越脑室、脑外区域或与主要白质纤维解剖走行不一致的纤维，并记录异常类型、异常范围和处理方式；
- 4) 检查白质结构连接矩阵的完整性和分布特征，矩阵中不存在缺失值、无穷值或异常极端值；对无向结构连接网络，连接矩阵满足对称性要求；
- 5) 保存必要的可视化检查图像，包括扩散指标图、纤维束三维重建图、连接矩阵热图及网络图。

参 考 文 献

- [1] Bijsterbosch J, Harrison SJ, Jbabdi S, et al. Challenges and future directions for representations of functional brain organization. *Nat Neurosci.* 2020, 23(12):1484-1495.
- [2] Fan L, Li H, Zhuo J, et al. The human Brainnetome atlas: a new brain atlas based on connectional architecture. *Cereb Cortex.* 2016, 26(8):3508-3526.
- [3] Shamir, I., Assaf, Y. Tutorial: a guide to diffusion MRI and structural connectomics. *Nat Protoc.* 2015, 20: 317 – 335.
- [4] Cetin-Karayumak, S., Zhang, F., Zurrin, R. et al. Harmonized diffusion MRI data and white matter measures from the Adolescent Brain Cognitive Development Study. *Sci Data.* 2024,11,249.
- [5] Matthew F. Glasser, Stamatios N. Sotiropoulos, et. al. The minimal preprocessing pipelines for the Human Connectome Project. *NeuroImage.* 2013,80:105-124
- [6] Fidel Alfaro-Almagro, Mark Jenkinson, Image processing and Quality Control for the first 10,000 brain imaging datasets from UK Biobank, *NeuroImage.* 2018, 166:400-424
- [7] Yeh, C.-H., Jones, D.K., Liang, X., Descoteaux, M. and Connelly, A. Mapping Structural Connectivity Using Diffusion MRI: Challenges and Opportunities. *J Magn Reson Imaging.* 2021, 53:1666-1682.
- [8] Cieslak, M., Cook, P.A., He, X. et al. QSIprep: an integrative platform for preprocessing and reconstructing diffusion MRI data. *Nat Methods.* 2021,18:775 – 778.
- [9] Tahedl, M., Tournier, JD. & Smith, R.E. Structural connectome construction using constrained spherical deconvolution in multi-shell diffusion-weighted magnetic resonance imaging. *Nat Protoc.* 2025, 20, 2652 – 2684.
- [10] Raúl R. Cruces, Jessica Royer, Micapipe: A pipeline for multimodal neuroimaging and connectome analysis, *NeuroImage.* 2022, Volume 263, 119612.
- [11] Huang, W., Dong, X., Zhao, T., Kucikova, L., Fu, A., & Shu, N. DCP: A pipeline toolbox for diffusion connectome. *Human Brain Mapping.* 2024,45(3), e26626.
- [12] Sina Mansour L., Maria A. Di Biase, Robert E. Smith, Andrew Zalesky, Caio Seguin, Connectomes for 40,000 UK Biobank participants: A multi-modal, multi-scale brain network resource, *NeuroImage.* 2023, Volume 283, 120407.