

弥散磁共振纤维束成像分割算法综述

张蔚¹, 李轶杰¹, 吴焯², 陈华富^{3,4}, 张帆^{1,4}

(1. 电子科技大学信息与通信工程学院, 成都 611731; 2. 南京理工大学计算机科学与工程学院, 南京 210094; 3. 电子科技大学生命科学与技术学院, 成都 611731; 4. 脑机接口与类脑智能四川省重点实验室, 成都 611731)

摘要: 弥散磁共振成像(Diffusion magnetic resonance imaging, dMRI)作为一种先进的医学成像技术,能够在宏观层面上对活体大脑白质连接进行重建。该技术为量化描述大脑结构连接提供了重要的工具,能够使用连接性或者组织微观结构指标进行量化分析。在过去的20年里,使用弥散磁共振纤维束成像研究大脑连接已经成为神经影像学研究的重要方向。纤维束成像分割则是在量化分析大脑连接时定义不同量化区域的关键,它能够识别对量化大脑结构连接有意义的白质通路,并实现跨受试者的白质通路的定量比较。本文对纤维束分割方法进行了回顾,并按其技术路线归纳为两大类:一类是针对特定解剖纤维束的分割方法,聚焦于具有明确结构定义的通路(如弓状束、锥体束),适用于任务导向型分析与临床导航;另一类是全脑纤维束分割方法,强调数据驱动或图谱导向的结构划分,用于构建大规模结构连接网络和开展全脑层级分析。此外,本文还探讨了各类方法在适用性、准确性、可重复性与计算成本等方面的权衡。尽管自动化分割技术近年来取得显著进展,但目前的方法仍然无法兼顾准确性、泛化性和效率,在解剖一致性、方法标准化及结果可解释性方面仍存在挑战。基于数据驱动的深度学习方法在纤维束分割领域迅速发展,表现出色,有望在上述方面取得更大突破。

关键词: 弥散磁共振成像;纤维束成像;纤维束分割;解剖纤维束识别;全脑纤维束划分

中图分类号: TP183

文献标志码: A

Segmentation Methods for Diffusion Magnetic Resonance Imaging Tractography: A Survey

ZHANG Wei¹, LI Yijie¹, WU Ye², CHEN Huafu^{3,4}, ZHANG Fan^{1,4}

(1. School of Information and Communication Engineering, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 611731, China; 2. School of Computer Science and Engineering, Nanjing University of Science and Technology, Nanjing 210094, China; 3. School of Life Science and Technology, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 611731, China; 4. Sichuan Provincial Key Laboratory of Brain-Computer Interface and Brain-Inspired Intelligence, Chengdu 611731, China)

Abstract: Diffusion magnetic resonance imaging (dMRI), as an advanced medical imaging technique, enables the reconstruction of white matter connectivity in the living brain at the macroscopic level. This technology provides an important tool for the quantitative description of brain structural connectivity and allows for quantitative analysis using connectivity or microstructural indices. Over the past two decades, the use of dMRI tractography to study brain connectivity has become a major direction in neuroimaging research. Tract segmentation is key to defining different quantitative regions in the analysis of brain

基金项目: 国家重点研发计划(2023YFE0118600);国家自然科学基金(62371107)。

收稿日期: 2025-06-08; **修订日期:** 2025-07-12

connectivity. It enables the identification of white matter pathways that are meaningful for quantifying brain structural connections and supports quantitative comparisons of white matter pathways across subjects. This paper reviews tract segmentation methods and categorizes them into two major types based on their technical approaches: One type targets specific anatomical fiber bundles, focusing on tracts with clearly defined structures (such as the arcuate fasciculus and corticospinal tract), and is suitable for task-oriented analysis and clinical navigation; the other type involves whole-brain tract segmentation methods, emphasizing data-driven or atlas-guided structural parcellation for the construction of large-scale structural connectivity networks and the implementation of whole-brain hierarchical analyses. In addition, this paper discusses the trade-offs of various methods in terms of applicability, accuracy, reproducibility, and computational cost. Although automated segmentation techniques have made significant progress in recent years, current methods still struggle to balance accuracy, generalizability and efficiency, and challenges remain in anatomical consistency, methodological standardization, and result interpretability. Data-driven deep learning methods have been rapidly developing in the field of tract segmentation, showing promising performance and holding potential for significant breakthroughs in the aforementioned areas.

Key words: diffusion magnetic resonance imaging (dMRI); tractography; fiber tract segmentation; anatomical fiber tract identification; whole-brain fiber tract parcellation

引言

弥散磁共振成像(Diffusion magnetic resonance imaging, dMRI)是一种非侵入式医学成像技术,能够通过测量水分子在脑组织中的扩散行为,间接反映脑组织微结构,尤其在白质纤维的成像与定量分析中具有重要应用。在此基础上发展的纤维束成像(Tractography)技术,能够重建大脑白质纤维束的空间走向,是目前唯一能够在宏观尺度上重建活体人脑白质连接的成像手段^[1-5]。自1998到2000年间被提出后,纤维束成像技术已广泛应用于神经影像学研究,并在脑网络建模、结构连接分析以及辅助脑功能和脑疾病机制探索等方面发挥了重要作用^[6-12]。最初,该技术主要用于白质结构的可视化呈现,作为一种定性分析方法,在临床实践^[8,13-16]和神经解剖学研究^[17-19]中具有重要意义。近年来,随着模型与算法的发展,越来越多的研究转向基于纤维束的定量分析,试图从流线的几何特征、微观结构指标及网络连接特性中提取生物学或临床意义。在纤维束成像基础上,白质纤维束分割是将重建出的全脑纤维束成像图进行结构性划分,识别具有对量化脑结构连接有意义的白质通路,整体流程如图1所示。从弥散磁共振成像出发,基于流线传播方法进行流线追踪,重建脑白质纤维束走向。在此基础上,对流线进行自动或手动分割,提取具有解剖学意义的特定纤维束区域。因此纤维束分割能够使得不同被试之间进行白质通路量化,从而支持群体水平的统计分析 with 个体化脑连接图谱的构建。更多关于多被试的弥散

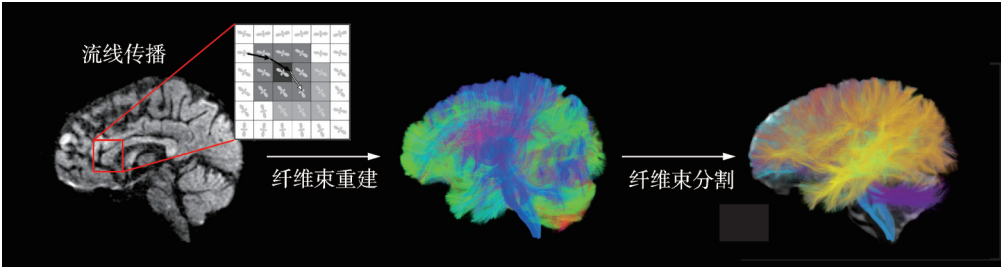


图1 纤维束分割示意图
Fig.1 Schematic diagram of fiber tract segmentation

磁共振研究细节可参考文献[20]。此外,纤维束分割还广泛应用于临床实践,尤其在神经外科术前规划和术中用于辅助定位关键白质结构,减少术中损伤风险^[21-22]。

尽管纤维束分割在神经影像领域已被广泛使用,当前仍缺乏对各类分割方法进行系统整理与比较的综述文献。不同研究使用的分割技术、评估指标及适用场景往往存在差异,影响了研究间的可比性,也给新进入该领域的研究人员或临床工作者带来理解门槛。不同文献中关于弥散磁共振成像相关术语的使用常存在不一致性,容易造成术语混淆,尤其是在“流线”“纤维束”“白质分区”等核心概念上。为增强术语理解的一致性,本文结合 Zhang 等^[23]在综述中列出的纤维束分割相关术语和定义,整理了纤维束分割相关的英文术语与中文对照及定义,供读者参考(表1)。目前纤维束分割问题仍面临许多难点和挑战。一方面是用于纤维束分割的纤维束重建结果不稳定。纤维束分割通常基于纤维束重建的全脑纤维束结果,但由于纤维束重建的结果高度依赖数据质量和特定算法,导致了重建的纤维束有较大变化^[24-25]。因此分割算法在个体的不同纤维束重建结果上保持相同的纤维束分割结果具有较大挑战。此外,纤维束的解剖学定义也不统一^[26-27]。纤维束重建结果是计算机对脑白质纤维束的虚拟重建,目前仍未有基于重建的流线的统一解剖学定义。这也造成了缺乏统一的金标准对不同纤维束方法进行评估。最后,在多中心研究场景下,不同站点的成像协议不同,如何实现分割方法的泛化性以及鲁棒性也是一大挑战^[28-29]。围绕这些难点和挑战,学者们已提出了多种解决方案,主要包括特定解剖纤维束识别方法和全脑纤维束分割方法。这两种技术路线分别关注特定纤维束的准确识别,以及不依赖解剖学标签的全脑纤维束的系统性划分。另外,基于深度学习的分割方法迅速发展,在性能、分割一致性和效率等方面逐渐突破,表现出了出色的效果^[30-31]。

表 1 外文文献中相关术语与中文术语对应表

Table 1 Correspondence table of relevant terms between foreign literatures and Chinese terms		
英文术语	中文术语	定义
Diffusion MRI (dMRI)	弥散磁共振成像	一种磁共振成像技术,专门用于测量水分子在生物组织中的扩散特性。
Diffusion-weighted imaging (DWI)	弥散加权成像	弥散磁共振成像中的一种具体成像方法,通过在特定扩散方向与 b 值下采集信号,获取对水分子扩散高度敏感的加权图像。
Diffusion tensor imaging (DTI)	弥散张量成像	弥散磁共振成像的一种具体方法,用于测量和描述水分子在组织中不同方向上的扩散特征。
Tractography	纤维束成像/纤维束追踪	利用弥散磁共振成像,估计白质纤维束轨迹的计算过程。
Streamline/Fiber	流线/纤维	经纤维束成像算法重建出的轨迹,表现为三维空间的一组有序坐标点。文献中通常称为“纤维”,但“纤维”在生物学意义上特指真实的轴突结构。为避免混淆,建议使用“流线”表明其为数字化重建的结果。
Tractogram	纤维束成像图	由大量流线组成的集合,通常覆盖整个脑白质区域,覆盖所有可能的白质连接。
Streamline cluster/Streamline connection/Streamlines within an edge/White matter parcel	流线簇/流线连接/连接两个脑区的流线/白质分区	对纤维束成像图进行划分所得的流线子集,可由多种算法产生。

续表

英文术语	中文术语	定义
Fiber bundle/Fiber tract/Fiber fasciculus	纤维束	从生物学角度,指由大量轴突构成、连接皮层与皮层或皮层与皮下结构的白质通路。在神经影像学中,这些术语通常用于表示通过纤维束成像方法重建出的、与特定解剖结构相对应的白质连接。
Regions of interest (RoIs)	感兴趣区域	在神经影像学中,指在图像数据中预先定义的、具有解剖或功能意义的特定区域。
Brain connectivity	脑连接	描述不同脑区之间结构性和/或功能性关系的定量描述。
Structural connectivity	结构连接	脑连接的一种,指两脑区之间存在由白质纤维束构成的连接关系。
Connectome/Brain connectivity matrix	连接组/脑连接矩阵	行列对应特定灰质 RoI,矩阵元素为两 RoI 之间结构连接强度的二维矩阵。
Microstructural measure	微观结构指标	在每个体素内提取的反映组织微结构特性的参数。
Tractometry/Profilometry/ Tract-based morphometry	纤维束微观指标量化分析/ 沿纤维束走向的微观结构指标分析/纤维束形态学特征	针对特定纤维束进行微观结构特征量化的分析技术。
Fiber orientation distribution (FOD)	纤维方向分布	单个体素内白质纤维方向的相对分布。
Fiber density map	纤维密度图	白质纤维在全脑或特定区域的密度分布图。

本文旨在从宏观层面梳理已有方法的主要技术路线,探讨各类方法的适用性、优缺点及发展趋势。笔者希望该综述能够为从事脑白质研究的神经科学家、关注定量连接组分析方法开发的研究者、需解读纤维束成像结果的临床医生与神经外科医师提供帮助,助力该领域的标准化发展与跨领域协同。

1 纤维束分割方法

本章将系统回顾当前主流的纤维束分割方法,梳理其主要技术路线及各自的优势与局限。现有方法大致可归为两大类,如图 2 所示,一类是针对特定解剖纤维束的识别方法,主要面向如弓状束、皮质脊髓束等具有明确解剖定义的白质通路;另一类则是全脑纤维束分割方法,通过纤维束的几何形态、空间分布或端点信息将全脑白质纤维束分割为多个具有一致性特征的流线簇。图 3 为本章涉及的分割方法归类总结。此外,由于深度学习在纤维束分割问题上表现出出色的效果,因此本章还介绍了基于深度学习的方法在纤维束分割领域的发展。最后,介绍了纤维束分割相关的数据集和评价方法。

1.1 解剖纤维束识别

解剖纤维束识别方法旨在精准分割具有明确解剖定义的白质通路(如弓状束、皮质脊髓束等)。然而,由于影像质量变化、个体解剖差异、解剖学定义不统一以及缺少真值等因素,导致识别精度和识别效率难以兼顾。现有方法主要沿以下 4 类技术路线展开:(1)手动流线筛选依赖专家经验,精度高但效率低;(2)基于感兴趣区方法利用脑图谱或机器学习辅助筛选特定区域内流线,提升了自动化程度;(3)流线标记法通过几何或学习方法为流线赋予解剖标签,实现高通量批量识别;(4)基于图像的直接分割则跳过流线追踪,借助深度学习直接在影像层面预测纤维束分布,具备良好前景。

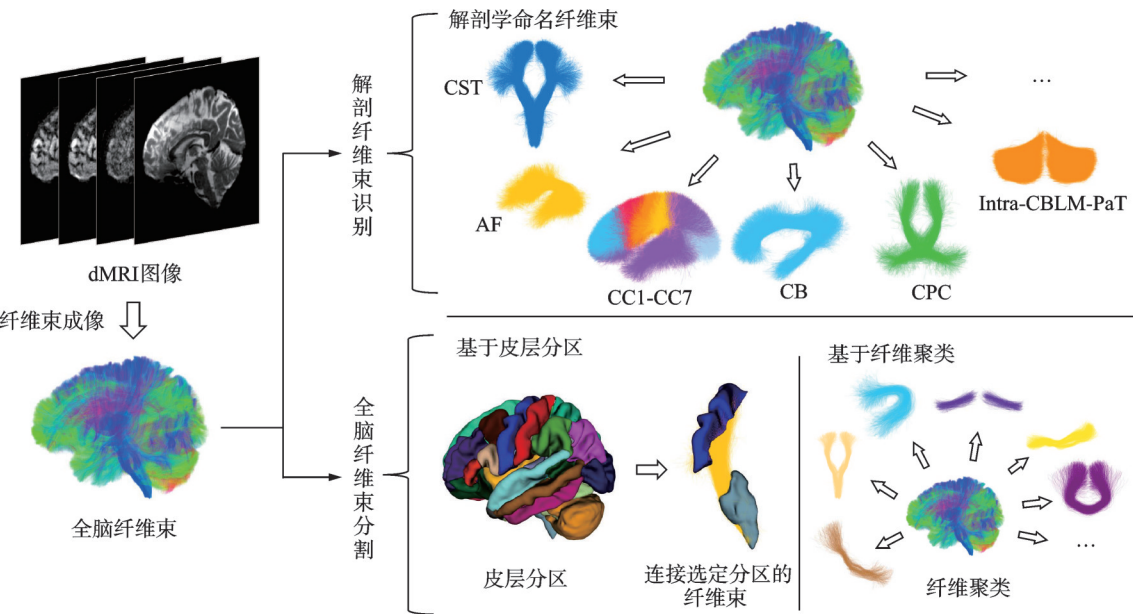


图2 纤维束分割方法示意图

Fig.2 Schematic diagram of fiber tract segmentation methods

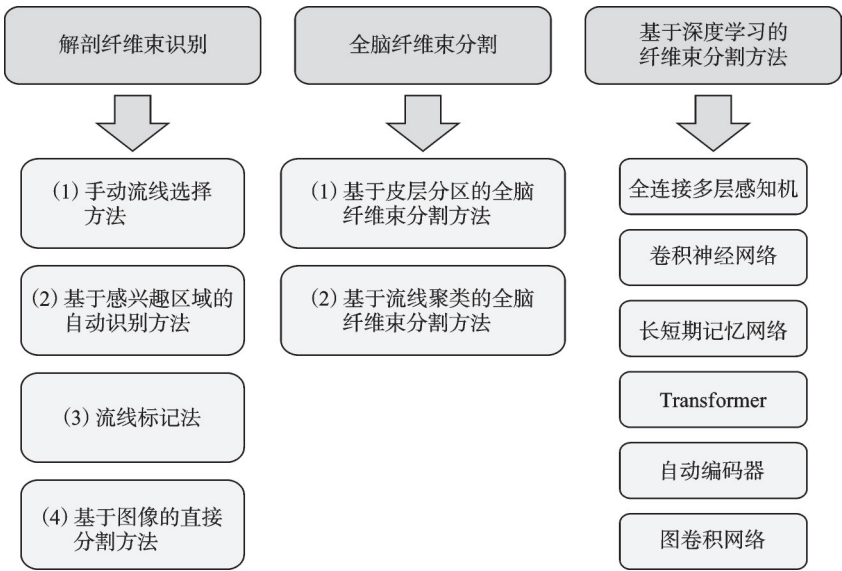


图3 纤维束分割方法汇总

Fig.3 Summary of fiber tract segmentation methods

1.1.1 手动流线选择方法

传统的解剖纤维束识别通常依赖于手动选择流线,也称为“基于虚拟交互的解剖筛选”。在这一过程中,解剖学专家通过在脑影像中手动绘制感兴趣区域,以交互方式选择目标纤维束^[17,32-34]。其中,包含性的感兴趣区域一般放置于皮质或皮层下灰质区域,用于限定流线的起始与终止位置;同时,在白质区域设置流线应该经过的感兴趣区域,以及在非目标区域设定排除性感兴趣区域,以剔除不相关的流

线^[34-35]。手动流线选择被视为解剖纤维束识别的“金标准”,并广泛用于评估各类自动化解剖纤维束识别技术^[14,25,31]。此外,手动流线选择在一些对专业知识依赖较高的场景中仍不可替代,例如脑肿瘤患者术前评估中,由于肿瘤或病灶可能改变原有白质结构,专家需要依据影像特征精确识别功能相关流线^[36]。然而,由于手动纤维选择高度依赖人工操作,耗时长、重复性差且专业门槛高,限制了其在大规模研究或临床常规应用中的推广。因此,近年来越来越多的研究聚焦于开发高效、可复现的自动化纤维束识别技术。

1.1.2 基于感兴趣区域的自动识别方法

基于感兴趣区域的自动识别方法在获取全脑感兴趣区域之后,依据流线轨迹穿过或终止于特定感兴趣区域的空间关系,对目标纤维束进行自动筛选。感兴趣区域的获取通常依赖于专家标注的脑图谱,通过图像配准技术将图谱空间中的感兴趣区域映射到受试者的影像空间^[37-46]。这一过程实现了个体化全脑感兴趣区域的自动构建。目前,常用的脑图谱包括 Freesurfer 皮层分区图谱^[47-48]、MNI-ICBM152 标准模板^[49-52]和 JHU-DTI 白质图谱^[34,53]。Hansen 等^[54]系统总结了更多可用于白质分析的图谱资源。除了配准方法,部分研究使用机器学习方法直接在受试者原始影像上预测感兴趣区域位置,进一步提升了自动化水平和适应性^[38,55]。

1.1.3 流线标记法

流线标记法的目标是为每个流线分配一个解剖学标签。该方法通过计算每条流线与参考流线之间的几何距离进行标签传递,即选择最近的参考流线所对应的标签作为目标流线的标记^[56-70]。近年来,基于机器学习的自动分割方法迅速发展,成为主流方向之一。这类方法以参考纤维束标注数据为训练集,构建分类模型以预测新个体中每条流线的标签^[61,64-65,67,70-71]。为了提高标注效率并减少人工工作量,部分方法^[72-88]首先对全脑流线进行聚类,再对聚类中心或代表性流线进行标注,最终将标签传播至簇内其余流线。这类基于聚类的方法将在第 1.2.2 节中详细介绍。表 2 汇总了当前主流流线标记法的基本信息,包括方法名称、识别的纤维束数量和方法简介。

表 2 流线标记法概览
Table 2 Overview of streamline labeling methods

方法	识别纤维束数量	方法简介
DeepWMA ^[70]	54	基于人工特征提取流线几何特征,结合 CNN 进行分类。适用于不同生命周期个体及存在明显病变(如肿瘤)的大脑。
DeepBundle ^[64]	12	使用图卷积网络对流线进行几何分类,在小型纤维束如穹隆及前联合上表现优于传统方法。仅基于人类连接组计划(Human connectome project, HCP)数据验证。
BrainSegNet ^[60]	8	采用双向 LSTM 进行两阶段分类:先区分灰质与白质,再对白质纤维束进行分割,精度达 96% 以上,但仅在 3 名受试者上测试。
FiberNET ^[61,71]	17	利用调和函数重参数化流线,以保持跨个体一致性,CNN 进行分类,表现出低假阳性率。
Xu 等 ^[67]	64	针对癫痫术前功能区识别,比较不同 CNN 结构与损失函数。注意力机制 CNN 在健康与癫痫患儿中 F_1 最高达 0.95。
Dayan 等 ^[58]	61	提出内存高效的无监督检测方法,无需预定义纤维束,Dice 系数介于 0.3 至 0.9 之间。
FS2Net ^[62]	8	基于 LSTM,适应不同空间方向下的几何稳定性,3 名受试者上准确率均超过 0.90。
SupWMA ^[89]	198	使用点云表示结合对比监督学习,在 6 个跨年龄段数据集中表现出对浅层白质束的高精度分割能力。
Ugurlu 等 ^[66]	9	引入合成“伪流线”进行训练以增强模型对无效流线的识别能力,仅在 HCP 数据中验证。

续表

方法	识别纤维束数量	方法简介
TractCloud ^[69]	42	MLP生成流线的潜在表示后经点云网络分类,结合20个最近邻和500条随机流线,跨5个数据集验证其有效性。
Classifyber ^[56]	45	结合流线形状与解剖连接信息,利用线性分类器完成白质束的自动分割,适应多种成像质量和方法,显著提升分割效果。
Labra等 ^[63]	26	基于多主体模板的快速自动分割算法,单核下较先前算法快23倍,GPU加速下可达70倍,加速同时保持分割准确性。
TRAFIC ^[65]	53	全自动纤维束分类工具,具备较高速度与准确性,提出通过扩展训练样本提升多分类表现。
FIESTA ^[59]	39	结合自监督与无监督学习的全新纤维束分割流程,具备高可重复性、便捷性和精度,适合处理难追踪纤维束。

1.1.4 基于图像的直接分割方法

近些年一类新颖的自动化纤维束识别方法是基于图像的直接分割法^[90-105]。与前面的方法依赖于流线追踪结果进行纤维束识别不同,该方法直接作用于弥散磁共振图像^[104-105]或其衍生图像(如纤维方向分布图、纤维密度图等),通过深度学习模型预测目标纤维束在体积图像中的空间分布进行纤维束追踪。尽管该方法相对较新,相比基于感兴趣区域的自动识别方法和流线标记法使用较少,但TRACULA^[104]、TractSeg^[101]以及特定纤维束成像(Bundle-specific tractography, BST)^[100]等代表性方法已在分割性能和应用潜力上展示出显著优势,体现了该技术路线的广阔前景。表3系统梳理了当前主流的基于图像的直接分割方法,涵盖支持的纤维束数量以及方法介绍,供相关研究者参考与比较。

表3 基于图像的直接分割方法概览

Table 3 Overview of image-based direct segmentation methods

方法	识别纤维束数量	方法简介
DOTS ^[90]	39	利用概率解剖图谱与局部张量方向,在马尔可夫随机场中联合建模流线形状与空间一致性,实现无需追踪的白质纤维束体素分割。方法鲁棒性强,支持交叉流线、病灶区域,适用于临床自动化分析。
TRACULA ^[104]	18	结合贝叶斯追踪与解剖先验,实现自动化路径级纤维束重建;训练于健康受试者的数据,在精神分裂症患者中亦保持高准确率,具有良好泛化性;已集成于FreeSurfer,适用于研究与临床。
TRACULInA ^[105]	14	该方法面向新生儿脑发育阶段,部分基于TRACULA框架构建,并在早产儿等分布外数据上验证有效,展现出良好的泛化能力与鲁棒性。
TractSeg ^[101-102]	72	首次证明无需流线追踪即可借助深度学习模型从而实现大规模白质纤维束的精确分割,HCP数据平均Dice系数为0.84,临床数据为0.82。
Dong等 ^[91]	72	提出双输入CNN模型融合T1结构张量与fODF峰,直接分割72条纤维束。在HCP和HBDISI上表现优于TractSeg,特别在FX、CST等复杂结构中更稳健,具备良好的解剖一致性与泛化能力。
Liu等 ^[95]	72	引入了标签间关联建模,显著提升分割精度,尤其对难以识别的纤维束。性能优于TractSeg与传统模板法。
Lu等 ^[96]	72	提出了自监督预训练策略,包括纤维密度预测和基于噪声标签的辅助分割,实验验证了其有效性。

续表

方法	识别纤维束数量	方法简介
Xu 等 ^[103]	72	利用配准与标签传播合成伪标签,仅需单一人工标注即可实现有效训练,显著降低标注成本。
Lucena 等 ^[97,106]	72	通过引入与经颅磁刺激反应区域比对,评估分割准确性,表现出良好重叠度。
Kebiri 等 ^[93]	72	使用仅6个扩散测量即可完成全套72条纤维束的分割,虽验证数据有限,但结果具有启发性。
HAMLET ^[99]	12	利用旋转等变卷积避免学习方向信息,在低质量扫描仪数据上展现出优异的稳定性和泛化能力。
Neuro4Neuro ^[94]	25	可实现高精度、高重现性分割,适用于外部扫描仪及痴呆患者数据,表现出良好跨平台鲁棒性。
BST ^[100]	针对单条选定束	在追踪过程中引入特定纤维束的方向与解剖先验,提升重现性、空间覆盖与解剖一致性。相比传统方法,BST减少了假阳性、增强复杂区域识别,显著提高了分割的敏感性与特异性。
Active fibers ^[92]	针对单条选定束	提出了一种几何模板匹配方法,跳过传统追踪,直接将可变形纤维模板拟合至DTI数据,实现自动重建。整合形状、概率图与解剖等先验,在模拟与真实数据中验证其有效性,较手动RoI方法有着更高的空间一致性,适用于模板驱动的群体分析与形态学研究。
Ratnarajah 等 ^[98]	13	提出一种基于Log-Euclidean空间的多标签kNN方法,可为单个体素分配多个纤维束标签,适用于新生儿复杂白质结构分割。无需追踪,直接从DTI张量判别结构,分割结果在重叠度、敏感性与特异性方面表现优异。

1.2 全脑纤维束分割

全脑纤维束分割方法对全脑白质进行系统性划分,通常不依赖于特定解剖纤维束的预定义。全脑纤维束分割的难点在于如何在个体差异较大的白质结构下,实现跨被试分割结果的一致性与可比性,特别是个体间分区结果是否具备对应关系。此外,如何在保证连接区域合理性的同时兼顾纤维轨迹的几何一致性,以及如何选择合适的分区粒度以平衡细节与噪声也是重要挑战。目前方法主要分为两类:基于皮层分区的方法通过流线端点与灰质区域的对应关系构建连接网络,强调白质-灰质的拓扑关联;基于流线聚类的方法则直接依据流线轨迹的几何相似性进行分组,更关注白质内部的结构一致性。前者依赖皮层图谱,后者则采用聚类算法实现自动化分割。两类方法各有优势,分别适用于连接组构建和疾病相关的结构分析。

1.2.1 基于皮层分区的全脑纤维束分割方法

基于皮层分区的全脑纤维束分割方法以灰质结构为核心出发点,通过划分皮层区域(有时也包括皮层下结构),来引导对全脑白质流线的分割与组织。该方法关注不同灰质区域之间的结构性连接模式,强调白质纤维在不同脑区之间所构建的网络关系^[107-113]。它的基本策略是,依据预定义的脑区分区方案选择感兴趣区域对,筛选出连接该区域对的流线,即完成相应纤维束的提取。因此,这类方法的分割结果在很大程度上取决于所采用的皮层分区体系。目前,大多数分区方法基于T1或T2加权结构像构建皮层模型。其中,使用最广泛的是Freesurfer Desikan-Killiany皮质分区^[47-48],此外还包括其他结构性分区方法,如Destrieux分区^[114]、Shattuck分区^[115]以及AAL分区^[116]。部分研究也尝试将功能连接图谱引入皮层分区构建,以更好地反映认知相关的神经组织边界。这类方法基于静息态功能磁共振成像(Function MRI, fMRI)数据,典型代表包括Glasser图谱^[117]、Schaefer图谱^[118]、Yeo 7/17网络模型^[119]以

及Brainnetome分区^[120]。此外,一类更细粒度的策略是基于皮层顶点的分区方法,将整个皮层表面划分为大量离散顶点或小块区域,然后识别连接这些离散点对的纤维束^[121-123]。目前,关于哪种皮层分区方法在结构连接建模中更有效性尚无定论。不同的分区标准会直接影响分割出的连接模式和网络指标,因此仍需根据具体研究目的、数据类型和任务需求进行选择^[113,124-125]。

1.2.2 基于流线聚类的全脑纤维束分割方法

基于流线聚类的全脑纤维束分割方法聚焦于白质结构,通过对纤维束空间轨迹的几何形态进行相似性评估,实现对全脑流线的自动分组。这一方法从白质解剖结构出发,依据流线的整体空间走向而非终止区域进行聚类,以描述结构连接^[68,72-88,126-131]。不同于基于皮层分区的方法仅关注流线终端所在的皮层区域,流线聚类方法考虑整个流线轨迹的几何特征。因此基于皮层分区的方法可能会将空间路径显著不同、但终止于同一区域的流线错误分为同类,而基于流线聚类的方法对皮层处的流线终端发散不敏感,能够将流线末端皮层区域不完全重合但路径形状相似的流线归为同一类。此外,流线聚类通常无需将弥散磁共振成像数据配准至T1加权结构图像,避免了引入过多方法处理上的误差,例如dMRI与T1w图像跨模态配准时的分辨率差异^[132]和dMRI中平面回波成像畸变^[133]等误差。因此一些研究表明流线聚类方法相比于基于皮层分区的方法更有优势。例如,其在跨被试的分割一致性方面表现更为稳定^[134-135],并在重复扫描中展现出更高的可重复性^[136]。由于基于皮层分区的方法能够建立全脑的皮层间连接矩阵,因此相比基于流线聚类的方法使用较多^[107-113]。但在疾病分类和群体间统计分析等应用中,基于流线聚类的方法被越来越多地用于研究大脑结构连接^[137-141]。表4系统梳理了当前主流的全脑流线聚类方法,供相关研究者参考与比较。

表4 全脑流线聚类方法概览

Table 4 Overview of whole-brain streamline clustering methods

方法	识别纤维束数量	方法简介
Avila等 ^[72]	未说明	基于皮层褶皱对短程流线进行聚类,结合DISCO与DARTEL配准技术提升U型流线的识别准确性。
Chekir等 ^[73]	13	提出混合方法结合相似度计算与基于模板的先验知识,Kappa一致性高于0.70。
QuickBundles ^[126]	未说明	简洁高效,适用于快速降维与可视化。
RecoBundles ^[74]	未说明	利用先验束模型实现流线识别,适用于病理脑结构和缺损数据。
Guevara等 ^[75]	83	构建双层级集体模板,实现深部与浅表白质束的自动分割。
Li等 ^[76]	19	融合自上而下与自下而上策略,结合皮层分区与流线形状信息。
Spectral clustering ^[77]	10	高精度谱聚类方法,适合跨个体白质研究。
Román等 ^[78]	93	构建稳定的浅表短联接束图谱,验证可靠性与左右脑对称性。
Ros等 ^[79]	16	利用结构图谱引导分层聚类,实现快速、可重复的流线分组。
AnatomyCuts ^[80-81]	18	利用流线与皮层/皮下标志的空间关系,提高自动与手工标注重叠度达20%。
Tunc等 ^[82]	未说明	引入连接性签名与自适应聚类框架,适用于大样本自动聚类。
Vázquez等 ^[83]	未说明	提出了一种面向群体被试的短联接纤维束自动标注方法。
Wu等 ^[84]	34	提出字典学习方法,实现多个束的软分配与高可解释性。
Yeh等 ^[85]	41	提供由842名受试者数据构建的专家注释结构连接图谱,支持全脑网络分析。
Yoo等 ^[86]	7	多图谱投票机制结合GPU加速,左右脑平均敏感性达90%。
WMA ^[87]	72	利用谱聚类建立覆盖全脑的白质图谱,适配不同年龄和病理状态。
Consistencyclustering ^[88]	3	构建概率白质图谱,适用于稳定标签生成与组间比较。

续表

方法	识别纤维束数量	方法简介
CINTA ^[128]	未说明	基于自编码器的无监督聚类方法,运行时间与流线数量线性相关。
DFC ^[68]	未说明	基于 Siamese 图神经网络,适应不同性别与年龄人群。
DMVFC ^[130]	未说明	融合 dMRI 与 fMRI 信号,实现结构-功能一体化的白质分割。
Maddah 等 ^[129]	未说明	提出全脑流线的模板聚类框架,默认定义跨个体的簇间对应关系,无需后处理,适配多种相似度度量方式。
Kumar 等 ^[127]	50	引入核字典学习与稀疏先验实现软分配式无监督分割,适用于纤维束交叠与个体间差异大的场景。
Yang 等 ^[131]	30	融合空间和功能信号进行全脑流线聚类,揭示功能相关通路,支持多模态下白质结构与功能的联合研究。

1.3 基于深度学习的纤维束分割方法

近年来,深度学习方法在纤维束分割中的应用呈现出迅猛发展趋势。主流方法大多基于有监督学习,依赖人工标注数据进行端到端训练。这类方法在标准数据集上取得了优异的表现,然而其泛化能力在跨数据集或实际临床场景中仍然不足,特别是在标注不完备或存在噪声的情况下,鲁棒性和可迁移性受到挑战。有监督学习方法中,全连接多层感知器架构在浅表白质(Superficial white matter, SWM)分割中展现出独特优势。SupWMA 框架通过改进点云网络结构并结合监督对比学习,实现了对 198 个 SWM 簇的高效划分,其跨年龄段和疾病状态的泛化能力显著优于传统方法^[89,142]。类似地,Anat-SFSeg 通过融合纤维解剖描述符(FiberAnatMap)与点云深度学习网络,在阿尔茨海默病等认知障碍患者的 SWM 分析中表现出卓越的解剖一致性和临床转化价值^[143]。卷积神经网络因其稳定的空间表征能力成为深部白质分析的主流选择,TractSeg 通过直接在 FOD 峰值场进行纤维束分割,避免了传统追踪流程的复杂性,在 105 例 HCP 数据中实现了速度与精度的突破^[101]。而 Nelkenbaum 等^[144]提出的多模态 CNN 架构通过融合 T1 加权与扩散主方向图像,显著提升了临床重要纤维束的分割精度。DeepWMA^[70]利用创新的二维多通道纤维描述符(FiberMap)和百万级标注样本,实现了 54 个主要深部纤维束的高精度分类,并在从新生儿到脑肿瘤患者的多样化人群中展现出高度的识别一致性。图卷积网络(Graph convolutional network, GCN)为配准无关的纤维划分提供了新思路,DeepBundle 通过直接提取纤维几何特征实现全脑束路划分,克服了传统基于图谱配准方法的个体差异问题^[64]。Neuro4Neuro 采用端到端 3D CNN 从扩散张量图像直接分割 25 个白质束,在 9 752 例人群数据中展现出高重现性和亚秒级处理速度^[94]。多模态学习框架 DeepMSP 通过联合微观结构与功能指标预测任务,实现了小脑通路基于结构-功能显著性的创新划分,为神经退行性疾病研究提供了新视角^[145]。一些研究还引入了其他的网络架构。如 BrainSegNet 采用堆叠双向 LSTM 网络实现了白质与灰质的宏观分类以及白质束的微观划分,在 3 例患者数据中均表现出优异的分类性能^[60]。DORIS 通过扩散空间直接分割 10 类组织,为解剖约束追踪提供了更精确的先验信息,其生成的纤维束具有更长平均长度和更低异常流线比例^[146]。Transformer 架构在几何特征建模中表现突出,Wang 等^[147]开发的 FiberGeoMap Learner 通过捕捉流线形状与位置的一致性特征,在自闭症患者中实现了 103 个纤维束的精准对应分割。

相比之下,无监督方法展现出在缺乏标签指导下学习复杂纤维结构的潜力,特别是基于自动编码器和图神经网络的模型。DFC(Deep fiber clustering)通过图卷积结构整合纤维几何形态与拓扑信息,实现高效聚类和结构保真性,在增强解释性的同时提供了数据驱动的聚类机制^[68];而 CINTA(Clustering in tractography using autoencodes)则基于自编码器框架,实现了对大规模纤维数据的快速建模与划

分,在精度和效率之间取得了较好的平衡^[128]。FIESTA(Fiber segmentation in tractography using auto-encodes)利用自编码器的潜在空间距离度量并结合对比学习与生成式采样实现纤维束分割,其性能显著优于RecoBundles等传统方法^[59]。

不同网络架构在纤维束分割中各具优势,架构的多样性为应对不同分割挑战提供了丰富的技术路线选择。卷积神经网络系列模型(如DeepWMA、TractSeg)凭借其局部特征提取能力和空间鲁棒性,成为临床场景的主流选择;图神经网络(如DeepBundle、DFC)擅长处理非欧式空间的流线关系;递归神经网络(如BrainSegNet)对序列依赖性强的长程纤维具有独特建模优势;Transformer架构(如FiberGeo-Map Learner)在跨被试的对应关系学习中表现突出;而自动编码器(如FIESTA、CINTA)则在无监督场景下展现出强大的特征学习能力。

1.4 纤维束分割相关数据集和评价方法

表5汇总了开源的纤维束分割数据集,其中TractSeg和TractoInferno直接包含了有标签的解剖纤维束分割结果,WMA则是白质纤维束图谱,图谱可用来分割受试者全脑纤维束获得解剖纤维束分割结果。

表5 纤维束分割数据集

Table 5 Fiber tract segmentation datasets

来源	内容	链接
TractSeg ^[101]	105个受试者,每个受试者包含72个白质纤维束。白质纤维束图谱,包含58个深部白质束和16类	https://zenodo.org/records/1477956
WMA ^[87]	短距离和中距离浅表纤维。还包含全脑白质纤维簇聚类,共800个。	https://github.com/SlicerDMRI/ORG-Atlases
TractoInferno ^[148]	354个受试者,每个受试者包含30个白质纤维束。	https://openneuro.org/datasets/ds003900/versions/1.1.1

纤维束分割常用的评价方法包括体素重叠指标和纤维层面的分类精度指标。体素层面的主要指标包括Dice系数、重叠率(Overlap)和过度覆盖率(Overreach),用于衡量预测结果与参考真值在体素空间中的一致性,通过计算预测纤维束和金标准纤维束的二值掩膜重叠情况进行评估。其中Dice系数应用较多,定义如下

$$\text{Dice} = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \quad (1)$$

式中: A 表示金标准的纤维束体素掩膜, B 表示预测结果的体素掩膜。重叠率(Overlap)衡量预测结果对金标准的覆盖程度,其定义为

$$\text{Overlap} = \frac{|A \cap B|}{|A|} \quad (2)$$

过度覆盖率(Overreach)衡量预测结果中多余部分的比例,其定义为

$$\text{Overreach} = \frac{|B \setminus A|}{|A|} \quad (3)$$

Dice系数通常用于单个个体的分割结果,为了更好地理解单个纤维束在不同个体空间分布的一致性,还常使用加权Dice系数(Weighted Dice, wDice)系数对不同方法生成的群体热力图进行比对,反映方法在群体水平上的空间一致性,其定义为

$$\text{wDice} = \frac{2 \sum_i \min(P_i, G_i)}{\sum_i P_i + \sum_i G_i} \quad (4)$$

式中 P_i 和 G_i 分别表示预测与金标准在第 i 个体素上的归一化权重值。另一方面,纤维层面的评价方法主要关注对于纤维的解剖标签分类准确性,包括整体的分类准确率(Accuracy)、各类纤维束的平均召回率(Recall)和平均精确率(Precision)。此外,还常用纤维束识别率(Tract identification rate),即统计每个被试中是否成功识别出某一纤维束(通常定义为该束包含至少10条流线),衡量方法对不同纤维束的鲁棒性和稳定性。为了进一步直观展示,还常结合可视化分析,包括个体纤维束的三维显示和群体水平的空间热力图。此外,计算效率即运行时间也可作为工程实现层面的指标。综合以上指标和使用相同的开源数据集,可以从空间重叠性、分类准确性、算法鲁棒性和计算效率等多个维度评价纤维束分割方法的性能。

2 纤维束分割实践考量

在开展纤维束分割研究时,选择合适的方法需综合考虑可重复性、一致性、定义标准、任务需求、配准策略及计算效率等多个因素,尤其在面对跨个体、跨中心研究背景下。以下是实践中应重点权衡的几个方面。

(1) 解剖纤维束分割的验证与可重复性挑战。由于缺乏公认的金标准,解剖纤维束分割方法的验证长期面临挑战。目前最常见的评估策略是可重复性测试,包括方法内部和方法之间的可重复性^[35,136,149]。例如,在基于弥散张量成像的方法中,手动纤维束选择方法在某些特定的纤维束及分割协议下显示出较高的重复性^[34]。但在采用高阶交叉流线建模方法时,可重复性下降,这可能与伪纤维束数量增加有关^[35]。尽管如此,手动纤维束选择方法仍被视为训练和评估算法性能的参考标准^[46,101,150]。针对自动化纤维束识别,有研究发现纤维标记法在重复性方面优于基于感兴趣区域的自动识别方法^[136],但由于仍有许多纤维束分割方法没有被比较,目前学界尚未形成一致结论^[104,134]。

(2) 跨个体、跨中心研究中的一致性需求。优秀的分割方法应该在不同受试者及扫描协议下保持高度一致性。这一点在多中心、跨生命周期研究中尤为关键,因为这些研究通常涉及大规模的数据集^[151-155]。成像模型对分割一致性具有直接影响。现代交叉流线成像方法相较传统弥散张量成像,在复杂白质结构的敏感性上具有优势,因此在跨时段和跨个体分析中通常表现出更高的一致性^[156-157]。

(3) 解剖纤维束定义的不一致性。解剖纤维束分割结果很大程度上依赖于对目标纤维束的定义。然而,目前尚无统一的标准定义,不同方法对同一解剖目标可能给出不同的分割结果^[26,35,158]。对此,研究者们正在尝试建立更标准化的框架,如白质查询语言^[43]和基于图谱的解剖纤维束参考集^[50,85,87],这些资源多数已以开放形式发布,便于社区共享与扩展。

(4) 任务导向的纤维束成像策略选择。纤维束分割方法应根据研究目标灵活选取合适的纤维束成像方法。若仅关注特定纤维束,那么针对特定纤维束的纤维束成像方法在计算上更高效;而全脑纤维束成像虽然开销更大,但适用于需要全脑连接信息的研究,如构建脑连接组或执行纤维束过滤等分析。值得注意的是,全脑追踪方法通常采用统一参数处理全脑白质区域,这对某些特异性强、参数敏感的结构(如视放射)可能并不适用^[159-161]。近年来,研究者尝试通过多算法集成^[162]或大规模参数空间探索^[163]以改善流线重建结果。

(5) 不同纤维束识别方法的配准依赖。不同纤维束识别方法对图像配准的依赖程度不同,基于感兴趣区域的自动识别方法通常需要将三维图像体积配准(例如模板T1图像配准至个体dMRI空间),容易受到模态间分辨率差异及平面回波成像畸变的干扰^[132-133],尽管FSL^[164]、ANTs^[165]等工具可以实现配准,但性能会受到许多因素的影响。例如dMRI和T1加权图像之间可能受到图像分辨率的差异^[132]和dMRI数据中回波平面成像失真^[133]的影响。相比之下,流线标记法多采用直接的纤维束配准策略,将个体纤维束成像数据直接与可参考纤维束分割的纤维束成像图谱对齐,可绕开跨模态配准问题。现有方法包括线性配准^[166-167]及支持非线性变形的配准技术^[168-170]。虽然使用流线配准方法可以避免基于

感兴趣区域的方法中的跨模态配准问题,但流线配准尤其是非线性配准的计算量可能比体积配准的更大。近年来涌现的一类基于深度学习的直接分割方法可跳过繁琐配准流程,从弥散磁共振图像直接预测目标纤维束,显著提高了效率,但其前提是需构建质量高、数量大的训练数据集。

(6) 全脑白质分割的粒度控制。全脑白质分割不仅用于流线识别,也常被用于脑网络构建。此时,分区粒度成为关键因素,即分割后获得多少白质分区数量。在构建连接组时,分区数量通常与皮层分区方案密切相关^[171-172];在纤维束聚类中,则取决于聚类算法获得的纤维束簇数量^[84,87]。不同研究中所采用的白质分区数量差异巨大,从几十个到上百万不等^[121,141,173-176]。分割尺度的选择需要结合具体的应用场景,一些研究表明细尺度分割(超过2 000个分区)更利于机器学习及微观连接分析^[141,173],而粗尺度分割(少于200个分区)则能提升个体间连接组的一致性^[174-175]。此外,也有研究提出可通过一致性阈值处理进一步提升连接组稳定性^[177-178]。

(7) 深度学习方法的兴起。近年来,深度学习技术在纤维束识别领域快速发展,展现出优异的效率和潜力。已有多项工作尝试利用神经网络模型实现高效、自动化的纤维束识别,覆盖从局部特定结构到全脑分割的多种任务^[60-61,65,67-68,70-71,99,101-102]。随着训练数据集和算法精度的提升,深度学习方法有望在分割精度、一致性和可扩展性方面取得更大突破。需要强调的是,尽管相关算法和成像技术不断发展,纤维束成像结果的生物学解释仍面临重大挑战^[178-180]。需要明确的是,流线追踪算法生成的流线仅为对白质结构的近似重建,不能简单等同于真实的轴突走向^[125,181-182]。因此,研究者在基于这些结果进行解剖学推断时,必须保持严谨,避免过度解释^[183-185]。这一问题已在以往综述中被多次指出,常见误区包括假阳性路径的识别、对连接网络的简化建模、以及缺乏生物学验证支持的结构解释^[186-189]。为了缓解上述问题,目前一些研究正通过多方面手段提升分割结果的解剖准确性与生物学特异性,如优化成像协议、引入多模态数据融合、增强建模策略、以及应用深度学习等数据驱动方法^[190-198]。但是,即便采用更先进的算法,分割结果仍受到底层模型假设、数据质量(如信噪比)及解剖先验不一致等因素的制约。

3 研究展望

本综述系统梳理了纤维束分割的研究现状,回顾了该领域的主流技术路线,并总结了近年来的重要进展。需要注意的是,纤维束分割问题仍然存在许多挑战,当前尚无单一方法可在所有任务中同时兼顾准确性、泛化性与效率。特别是在跨模态、跨人群及多中心研究中,不同方法之间的表现差异仍然较大。此外,在解剖一致性、方法标准化及结果可解释性方面仍存在挑战。因此,研究人员在选择具体分割技术时,应充分考虑研究目标、数据类型、计算资源及临床需求等因素,合理权衡模型复杂度与实际适用性。对于算法开发者而言,未来的研究应更加聚焦于以下几个方面,推动纤维束分割技术的进一步发展。

(1) 开放可共享的数据与工具链建设。高质量的标注数据集是深度学习模型训练的基础,但目前公开可用的纤维束分割数据集仍然有限,且数据来源和标注标准不一致。未来的研究应致力于构建更大规模、多中心、多协议的高质量数据集,涵盖不同年龄段、疾病状态和成像条件,以支持模型的训练和泛化性验证。此外,开发配套的开源工具链(如标准化预处理流程、评估指标库和可视化工具)将有助于促进该领域的软件基础建设,降低研究门槛,推动方法的广泛应用。

(2) 模型泛化性、一致性、准确率和效率的提升。尽管深度学习在纤维束分割中展现出巨大潜力,但其在跨数据集和临床场景中的泛化能力仍显不足。未来的研究中可通过多中心数据训练、域适应技术和数据增强等策略,引入解剖先验等知识,结合多模态信息和更先进的模型网络架构,进一步提升模型对不同扫描仪、不同成像协议和人群的泛化性和个体分割一致性,提升纤维束分割精度,减少模型训练和实际部署及推理的时间。

(3) 分割方法的标准化。当前纤维束分割领域缺乏统一的分区方案和评估标准,导致不同研究之间的结果难以直接比较。未来的研究应致力于通过国际合作建立标准化的纤维束定义,制定适用于不同研究场景(如临床中肿瘤区特定纤维束识别、连接组分析)的分区粒度标准。同时明确体素层面和纤维层面评价指标的应用场景,确保结果的可比性和可重复性。

(4) 多模态信息的集成与融合建模。纤维束分割的精准性和生物学意义可以通过整合不同模态的神经影像数据(如dMRI、fMRI、T1加权成像和脑电等)以及跨学科知识(如神经解剖学、计算神经科学及临床医学)来提升。跨领域的多模态信息融合能够提供更丰富的生物学信息,更好地描述白质纤维的复杂特性。未来研究可继续探究弥散磁共振与其他模态的融合,将纤维束结构网络与功能网络等关联,实现更精准的纤维束分割,通过其他模态信息验证分割的纤维束通路的有效性。

(5) 纤维束分割基础模型的开发。传统的纤维束分割方法往往依赖于特定的分区方案或特定任务设定,缺乏足够的灵活性和泛化能力,难以应对不同研究场景或临床需求的变化。因此,未来可尝试开发具备高度适应性与扩展性的基础模型,作为纤维束分割领域的通用底座。该模型应能够兼容多种主流或定制化的脑区分区标准,支持多粒度的分割任务,同时允许用户根据具体研究需求灵活配置输出结果。例如用户可以指定模型仅关注特定的神经纤维通路,或者依据不同的解剖学或功能分区标准进行全脑级别的精细划分。

4 结束语

纤维束分割作为脑连接组学分析的关键环节,已在神经科学与临床神经影像研究中发挥着日益重要的作用。本文系统梳理了该领域的主要技术路线,从针对特定解剖纤维束的识别方法,到数据驱动或图谱导向的全脑纤维束分割方法,全面回顾了当前主流方法的理论基础、应用特点及关键进展。

尽管相关方法在分割精度、自动化程度与建模能力方面不断取得突破,纤维束成像仍受到其间接成像原理、数据质量限制以及解剖一致性不足等因素制约,导致分割结果在生物学解释力和临床通用性上仍然存在差距。深度学习等新兴技术在提升分割性能上表现出巨大潜力,但其泛化能力、可解释性与标准化问题尚需进一步解决。

总体而言,纤维束分割仍是一个充满挑战且极具潜力的研究方向,其技术进步将为大脑结构连接图谱的绘制和个体化精准医疗的发展奠定更加坚实的基础。

参考文献:

- [1] BASSER P J. Fiber-tractography via diffusion tensor MRI (DT-MRI)[C]//Proceedings of the 6th Annual Meeting ISMRM. Sydney, Australia: [s.n.], 1998, 1226: 14.
- [2] BASSER P J, PAJEVIC S, PIERPAOLI C, et al. In vivo fiber tractography using DT-MRI data[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2000, 44(4): 625-632.
- [3] CONTURO T E, LORI N F, CULL T S, et al. Tracking neuronal fiber pathways in the living human brain[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1999, 96(18): 10422-10427.
- [4] MORI S, CRAIN B J, CHACKO V P, et al. Three-dimensional tracking of axonal projections in the brain by magnetic resonance imaging[J]. Annals of Neurology, 1999, 45(2): 265-269.
- [5] WESTIN C F, MAIER S E, KHIDHIR B, et al. Image processing for diffusion tensor magnetic resonance imaging[C]//Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 1999: 441-452.
- [6] ASSAF Y, PASTERNAK O. Diffusion tensor imaging (DTI)-based white matter mapping in brain research: A review[J]. Journal of Molecular Neuroscience, 2008, 34(1): 51-61.
- [7] CICCARELLI O, CATANI M, JOHANSEN-BERG H, et al. Diffusion-based tractography in neurological disorders:

- Concepts, applications, and future developments[J]. *The Lancet Neurology*, 2008, 7(8): 715-727.
- [8] ESSAYED W I, ZHANG F, UNADKAT P, et al. White matter tractography for neurosurgical planning: A topography-based review of the current state of the art[J]. *Neuroimage Clinical*, 2017, 15: 659-672.
 - [9] NUCIFORA P G P, VERMA R, LEE S K, et al. Diffusion-tensor MR imaging and tractography: Exploring brain microstructure and connectivity[J]. *Radiology*, 2007, 245(2): 367-384.
 - [10] SHI Y, TOGA A W. Connectome imaging for mapping human brain pathways[J]. *Molecular Psychiatry*, 2017, 22(9): 1230-1240.
 - [11] YAMADA K, SAKAI K, AKAZAWA K, et al. MR tractography: A review of its clinical applications[J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2009, 61(4): 165-174.
 - [12] ZEKELMAN L R, ZHANG F, MAKRI S N, et al. White matter association tracts underlying language and theory of mind: An investigation of 809 brains from the Human Connectome Project[J]. *NeuroImage*, 2022, 246: 118739.
 - [13] ABHINAV K, YEH F C, MANSOURI A, et al. High-definition fiber tractography for the evaluation of perilesional white matter tracts in high-grade glioma surgery[J]. *Neuro-Oncology*, 2015, 17(9): 1199-1209.
 - [14] PUJOL S, WELLS W, PIERPAOLI C, et al. The DTI challenge: Toward standardized evaluation of diffusion tensor imaging tractography for neurosurgery[J]. *Journal of Neuroimaging*, 2015, 25(6): 875-882.
 - [15] 吴烨, 和岚翔, 张鑫媛, 等. 弥散磁共振成像在中医诊疗中的机遇与挑战[J]. *数据采集与处理*, 2024, 39(4): 776-793.
WU Ye, HE Lanxiang, ZHANG Xinyuan, et al. Opportunities and challenges of diffusion MRI in traditional Chinese medicine [J]. *Journal of Data Acquisition and Processing*, 2024, 39(4): 776-793.
 - [16] 焦瑞柯, 张小凤, 叶初阳. 基于 T1 加权图像的白质纤维束分割方法[J]. *数据采集与处理*, 2024, 39(4): 863-873.
JIAO Ruike, ZHANG Xiaofeng, YE Chuyang. White matter fiber tract segmentation method based on T1-weighted imaging [J]. *Journal of Data Acquisition and Processing*, 2024, 39(4): 863-873.
 - [17] CATANI M, HOWARD R J, PAJEVIC S, et al. Virtual in vivo interactive dissection of white matter fasciculi in the human brain[J]. *NeuroImage*, 2002, 17(1): 77-94.
 - [18] CICCARELLI O, PARKER G J M, TOOSY A T, et al. From diffusion tractography to quantitative white matter tract measures: A reproducibility study[J]. *NeuroImage*, 2003, 18(2): 348-359.
 - [19] MAKRI S N, KENNEDY D N, MCINERNEY S, et al. Segmentation of subcomponents within the superior longitudinal fascicle in humans: A quantitative, in vivo, DT-MRI study[J]. *Cerebral Cortex*, 2005, 15(6): 854-869.
 - [20] SMITH S M, KINDLMANN G, JBABDI S. Cross-subject comparison of local diffusion MRI parameters[M]//*Diffusion MRI*. [S.l.]: Elsevier, 2014: 209-239.
 - [21] NORTON I, ESSAYED W I, ZHANG F, et al. SlicerDMRI: Open source diffusion MRI software for brain cancer research [J]. *Cancer Research*, 2017, 77(21): e101-e103.
 - [22] ZHANG F, NOH T, JUVEKAR P, et al. SlicerDMRI: Diffusion MRI and tractography research software for brain cancer surgery planning and visualization[J]. *JCO Clinical Cancer Informatics*, 2020, 4(4): 299-309.
 - [23] ZHANG F, DADUCCI A, HE Y, et al. Quantitative mapping of the brain's structural connectivity using diffusion MRI tractography: A review[J]. *NeuroImage*, 2022, 249: 118870.
 - [24] HE J, ZHANG F, XIE G, et al. Comparison of multiple tractography methods for reconstruction of the retinogeniculate visual pathway using diffusion MRI[J]. *Human Brain Mapping*, 2021, 42(12): 3887-3904.
 - [25] XIE G, ZHANG F, LEUNG L, et al. Anatomical assessment of trigeminal nerve tractography using diffusion MRI: A comparison of acquisition b-values and single- and multi-fiber tracking strategies[J]. *NeuroImage Clinical*, 2020, 25: 102160.
 - [26] SCHILLING K G, RHEAULT F, PETIT L, et al. Tractography dissection variability: What happens when 42 groups dissect 14 white matter bundles on the same dataset?[J]. *NeuroImage*, 2021, 243: 118502.
 - [27] DELL'ACQUA F, LEEMANS A, ZHANG F, et al. The tractographer's dilemma: Understanding sources of variability in tractography[J]. *Brain Structure & Function*, 2025, 230(6): 99.
 - [28] CETIN-KARAYUMAK S, ZHANG F, ZURRIN R, et al. Harmonized diffusion MRI data and white matter measures from the adolescent brain cognitive development study[J]. *Scientific Data*, 2024, 11(1): 249.
 - [29] ZHU A H, MOYER D C, NIR T M, et al. Challenges and opportunities in dMRI data harmonization[M]//*Mathematics and Visualization: Computational Diffusion MRI*. Cham: Springer International Publishing, 2019: 157-172.

- [30] ZHANG F, THÉBERGE A, JODOIN P M, et al. Think deep in the tractography game: Deep learning for tractography computing and analysis[J]. *Brain Structure & Function*, 2025, 230(6): 100.
- [31] POULIN P, JÖRGENS D, JODOIN P M, et al. Tractography and machine learning: Current state and open challenges[J]. *Magnetic Resonance Imaging*, 2019, 64: 37-48.
- [32] STIELTJES B, KAUFMANN W E, VAN ZIJL P C, et al. Diffusion tensor imaging and axonal tracking in the human brainstem[J]. *NeuroImage*, 2001, 14(3): 723-735.
- [33] THIEBAUT DE SCHOTTEN M, FFYTCHÉ D H, BIZZI A, et al. Atlasing location, asymmetry and inter-subject variability of white matter tracts in the human brain with MR diffusion tractography[J]. *NeuroImage*, 2011, 54(1): 49-59.
- [34] WAKANA S, CAPRIHAN A, PANZENBOECK M M, et al. Reproducibility of quantitative tractography methods applied to cerebral white matter[J]. *NeuroImage*, 2007, 36(3): 630-644.
- [35] RHEAULT F, DE BENEDICTIS A, DADUCCI A, et al. Tractostorm: The what, why, and how of tractography dissection reproducibility[J]. *Human Brain Mapping*, 2020, 41(7): 1859-1874.
- [36] RADMANESH A, ZAMANI A A, WHALEN S, et al. Comparison of seeding methods for visualization of the corticospinal tracts using single tensor tractography[J]. *Clinical Neurology and Neurosurgery*, 2015, 129: 44-49.
- [37] ALLAN P G, BRIGGS R G, CONNER A K, et al. Parcellation-based tractographic modeling of the ventral attention network [J]. *Journal of the Neurology Sciences*, 2020, 408: 116548.
- [38] ASTOLFI P, DE BENEDICTIS A, SARUBBO S, et al. A stem-based dissection of inferior fronto-occipital fasciculus with a deep learning model[C]//Proceedings of 2020 IEEE 17th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). [S.l.]: IEEE, 2020.
- [39] HUA K, ZHANG J, WAKANA S, et al. Tract probability maps in stereotaxic spaces: Analyses of white matter anatomy and tract-specific quantification[J]. *NeuroImage*, 2008, 39(1): 336-347.
- [40] LAWES I N C, BARRICK T R, MURUGAM V, et al. Atlas-based segmentation of white matter tracts of the human brain using diffusion tensor tractography and comparison with classical dissection[J]. *NeuroImage*, 2008, 39(1): 62-79.
- [41] SCHURR R, FILO S, MEZER A A. Tractography delineation of the vertical occipital fasciculus using quantitative T1 mapping[J]. *NeuroImage*, 2019, 202: 116121.
- [42] VERHOEVEN J S, SAGE C A, LEEMANS A, et al. Construction of a stereotaxic DTI atlas with full diffusion tensor information for studying white matter maturation from childhood to adolescence using tractography-based segmentations[J]. *Human Brain Mapping*, 2010, 31(3): 470-486.
- [43] WASSERMANN D, MAKRI S, RATHI Y, et al. The white matter query language: A novel approach for describing human white matter anatomy[J]. *Brain Structure & Function*, 2016, 221(9): 4705-4721.
- [44] YEATMAN J D, DOUGHERTY R F, MYALL N J, et al. Tract profiles of white matter properties: Automating fiber-tract quantification[J]. *PLoS One*, 2012, 7(11): e49790.
- [45] ZHANG W, OLIVI A, HERTIG S J, et al. Automated fiber tracking of human brain white matter using diffusion tensor imaging[J]. *NeuroImage*, 2008, 42(2): 771-777.
- [46] ZHANG Y, ZHANG J, OISHI K, et al. Atlas-guided tract reconstruction for automated and comprehensive examination of the white matter anatomy[J]. *NeuroImage*, 2010, 52(4): 1289-1301.
- [47] DESIKAN R S, SÉGONNE F, FISCHL B, et al. An automated labeling system for subdividing the human cerebral cortex on MRI scans into gyral based regions of interest[J]. *NeuroImage*, 2006, 31(3): 968-980.
- [48] FISCHL B. FreeSurfer[J]. *NeuroImage*, 2012, 62(2): 774-781.
- [49] MAZZIOTTA J, TOGA A, EVANS A, et al. A probabilistic atlas and reference system for the human brain: International consortium for brain mapping (ICBM)[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, B: Biology Science*, 2001, 356(1412): 1293-1322.
- [50] MORI S, OISHI K, JIANG H, et al. Stereotaxic white matter atlas based on diffusion tensor imaging in an ICBM template[J]. *NeuroImage*, 2008, 40(2): 570-582.
- [51] OISHI K, ZILLES K, AMUNTS K, et al. Human brain white matter atlas: Identification and assignment of common anatomical structures in superficial white matter[J]. *NeuroImage*, 2008, 43(3): 447-457.
- [52] OISHI K, FARIA A, JIANG H, et al. Atlas-based whole brain white matter analysis using large deformation diffeomorphic

- metric mapping: Application to normal elderly and Alzheimer's disease participants[J]. *NeuroImage*, 2009, 46(2): 486-499.
- [53] WAKANA S, JIANG H, NAGAE-POETSCHER L M, et al. Fiber tract-based atlas of human white matter anatomy[J]. *Radiology*, 2004, 230(1): 77-87.
- [54] HANSEN C B, YANG Q, LYU I, et al. Pandora: 4-D white matter bundle population-based atlases derived from diffusion MRI fiber tractography[J]. *Neuroinformatics*, 2021, 19(3): 447-460.
- [55] LI S, CHEN Z, GUO W, et al. Two parallel stages deep learning network for anterior visual pathway segmentation[M]// *Mathematics and Visualization: Computational Diffusion MRI*. Cham: Springer International Publishing, 2021: 279-290.
- [56] BERTÒ G, BULLOCK D, ASTOLFI P, et al. Classifyber, a robust streamline-based linear classifier for white matter bundle segmentation[J]. *NeuroImage*, 2021, 224: 117402.
- [57] CLAYDEN J D, STORKEY A J, BASTIN M E. A probabilistic model-based approach to consistent white matter tract segmentation[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2007, 26(11): 1555-1561.
- [58] DAYAN M, KATSAGEORGIOU V M, DODERO L, et al. Unsupervised detection of white matter fiber bundles with stochastic neural networks[C]// *Proceedings of 2018 25th IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*. [S.l.]: IEEE, 2018.
- [59] DUMAIS F, LEGARRETA J H, LEMAIRE C, et al. FIESTA: Autoencoders for accurate fiber segmentation in tractography [J]. *NeuroImage*, 2023, 279: 120288.
- [60] GUPTA T, PATIL S M, TAILOR M, et al. BrainSegNet : A segmentation network for human brain fiber tractography data into anatomically meaningful clusters[EB/OL]. (2017-10-14). <https://doi.org/10.48550/arXiv.1710.05158>.
- [61] GUPTA V, THOMOPOULOS S I, CORBIN C K, et al. FiberNET 2.0: An automatic neural network based tool for clustering white matter fibers in the brain[C]// *Proceedings of 2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018)*. [S.l.]: IEEE, 2018.
- [62] JHA R R, PATIL S, NIGAM A, et al. FS2Net: Fiber structural similarity network (FS2Net) for rotation invariant brain tractography segmentation using stacked LSTM based siamese network[C]// *Proceedings of International Conference on Computer Analysis of Images and Patterns*. [S.l.]: [s.n.], 2019: 459-469.
- [63] LABRA N, GUEVARA P, DUCLAP D, et al. Fast automatic segmentation of white matter streamlines based on a multi-subject bundle atlas[J]. *Neuroinformatics*, 2017, 15(1): 71-86.
- [64] LIU F, FENG J, CHEN G, et al. DeepBundle: Fiber bundle parcellation with graph convolution neural networks[C]// *Proceedings of the 1st International Workshop on Graph Learning in Medical Imaging*. [S.l.]: [s.n.], 2019, 11849: 88-95.
- [65] LAM P D N, BELHOMME G, FERRALL J, et al. TRAFIC: Fiber tract classification using deep learning[C]// *Proceedings of SPIE Medical Imaging Conference*. [S.l.]: SPIE, 2018, 10574: 257-265.
- [66] UGURLU D, FIRAT Z, TURE U, et al. Supervised classification of white matter fibers based on neighborhood fiber orientation distributions using an ensemble of neural networks[M]// *Mathematics and Visualization: Computational Diffusion MRI*. Cham: Springer International Publishing, 2019: 143-154.
- [67] XU H, DONG M, LEE M H, et al. Objective detection of eloquent axonal pathways to minimize postoperative deficits in pediatric epilepsy surgery using diffusion tractography and convolutional neural networks[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2019, 38(8): 1910-1922.
- [68] CHEN Y, ZHANG C, XUE T, et al. Deep fiber clustering: Anatomically informed fiber clustering with self-supervised deep learning for fast and effective tractography parcellation[J]. *NeuroImage*, 2023, 273: 120086.
- [69] XUE T, CHEN Y, ZHANG C, et al. TractCloud: Registration-free tractography parcellation with a novel local-global streamline point cloud representation[C]// *Proceeding of Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention—MICCAI 2023*. [S.l.]: [s.n.], 2023: 409-419.
- [70] ZHANG F, CETIN KARAYUMAK S, HOFFMANN N, et al. Deep white matter analysis (DeepWMA): Fast and consistent tractography segmentation[J]. *Medical Image Analysis*, 2020, 65: 101761.
- [71] GUPTA V, THOMOPOULOS S I, RASHID F M, et al. FiberNET: An ensemble deep learning framework for clustering white matter fibers[M]// *Lecture Notes in Computer Science: Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention—MICCAI 2017*. Cham: Springer International Publishing, 2017: 548-555.
- [72] AVILA N L, LEBENBERG J, RIVIÈRE D, et al. Inference of an extended short fiber bundle atlas using sulcus-based

- constraints for a diffeomorphic inter-subject alignment[M]//Mathematics and Visualization: Computational Diffusion MRI. Cham: Springer International Publishing, 2019: 323-333.
- [73] CHEKIR A, DESCOTEAUX M, GARYFALLIDIS E, et al. A hybrid approach for optimal automatic segmentation of white matter tracts in HARDI[C]//Proceedings of 2014 IEEE Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES). [S.l.]: IEEE, 2014.
- [74] GARYFALLIDIS E, CÔTÉ M A, RHEAULT F, et al. Recognition of white matter bundles using local and global streamline-based registration and clustering[J]. *NeuroImage*, 2018, 170: 283-295.
- [75] GUEVARA P, DUCLAP D, POUPON C, et al. Automatic fiber bundle segmentation in massive tractography datasets using a multi-subject bundle atlas[J]. *NeuroImage*, 2012, 61(4): 1083-1099.
- [76] LI H, XUE Z, GUO L, et al. A hybrid approach to automatic clustering of white matter fibers[J]. *NeuroImage*, 2010, 49(2): 1249-1258.
- [77] O'DONNELL L J, WESTIN C F. Automatic tractography segmentation using a high-dimensional white matter atlas[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2007, 26(11): 1562-1575.
- [78] ROMÁN C, GUEVARA M, VALENZUELA R, et al. Clustering of whole-brain white matter short association bundles using HARDI data[J]. *Frontiers in Neuroinformatics*, 2017, 11: 73.
- [79] ROS C, GÜLLMAR D, STENZEL M, et al. Atlas-guided cluster analysis of large tractography datasets[J]. *PLoS One*, 2013, 8(12): e83847.
- [80] SILESS V, CHANG K, FISCHL B, et al. AnatomyCuts: Hierarchical clustering of tractography streamlines based on anatomical similarity[J]. *NeuroImage*, 2018, 166: 32-45.
- [81] SILESS V, DAVIDOW J Y, NIELSEN J, et al. Registration-free analysis of diffusion MRI tractography data across subjects through the human lifespan[J]. *NeuroImage*, 2020, 214: 116703.
- [82] TUNÇ B, PARKER W A, INGALHALIKAR M, et al. Automated tract extraction via atlas based adaptive clustering[J]. *NeuroImage*, 2014, 102: 596-607.
- [83] VÁZQUEZ A, LÓPEZ-LÓPEZ N, HOUENOU J, et al. Automatic group-wise whole brain short association fiber bundle labeling based on clustering and cortical surface information[J]. *Biomedical Engineering Online*, 2020, 19(1): 42.
- [84] WU Y, HONG Y, AHMAD S, et al. Tract dictionary learning for fast and robust recognition of fiber bundles[J]. *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*, 2020, 12267: 251-259.
- [85] YEH F C, PANESAR S, FERNANDES D, et al. Population-averaged atlas of the macroscale human structural connectome and its network topology[J]. *NeuroImage*, 2018, 178: 57-68.
- [86] YOO S W, GUEVARA P, JEONG Y, et al. An example-based multi-atlas approach to automatic labeling of white matter tracts[J]. *PLoS One*, 2015, 10(7): e0133337.
- [87] ZHANG F, WU Y, NORTON I, et al. An anatomically curated fiber clustering white matter atlas for consistent white matter tract parcellation across the lifespan[J]. *NeuroImage*, 2018, 179: 429-447.
- [88] ZIYAN U, SABUNCU M R, GRIMSON W E L, et al. Consistency clustering: A robust algorithm for group-wise registration, segmentation and automatic atlas construction in diffusion MRI[J]. *International Journal of Computer Vision*, 2009, 85(3): 279-290.
- [89] XUE T, ZHANG F, ZHANG C, et al. Superficial white matter analysis: An efficient point-cloud-based deep learning framework with supervised contrastive learning for consistent tractography parcellation across populations and dMRI acquisitions[J]. *Medical Image Analysis*, 2023, 85: 102759.
- [90] BAZIN P L, YE C, BOGOVIC J A, et al. Direct segmentation of the major white matter tracts in diffusion tensor images[J]. *NeuroImage*, 2011, 58(2): 458-468.
- [91] DONG X, YANG Z, PENG J, et al. Multimodality white matter tract segmentation using CNN[C]//Proceedings of the ACM Turing Celebration Conference. New York, NY, USA: ACM, 2019.
- [92] ECKSTEIN I, SHATTUCK D W, STEIN J L, et al. Active fibers: Matching deformable tract templates to diffusion tensor images[J]. *NeuroImage*, 2009, 47(S2): T82-T89.
- [93] KEBIRI H, GHOLIPOUR A, BACH CUADRA M, et al. Direct segmentation of brain white matter tracts in diffusion MRI [EB/OL]. (2023-07-05). <https://doi.org/10.48550/arXiv.2027.02223v1>.

- [94] LI B, DE GROOT M, STEKETEE R M E, et al. Neuro4Neuro: A neural network approach for neural tract segmentation using large-scale population-based diffusion imaging[J]. *NeuroImage*, 2020, 218: 116993.
- [95] LIU R, LAUZE F, BEKKERS E J, et al. SE(3) group convolutional neural networks and a study on group convolutions and equivariance for DWI segmentation[J]. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 2025, 8: 1369717.
- [96] LU Q, LI Y, YE C. White matter tract segmentation with self-supervised learning[M]//*Lecture Notes in Computer Science: Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention—MICCAI 2020*. Cham: Springer International Publishing, 2020: 270-279.
- [97] LUCENA O, LAVRADOR J P, IRZAN H, et al. Assessing informative tract segmentation and nTMS for pre-operative planning[J]. *Journal of Neuroscience Methods*, 2023, 396: 109933.
- [98] RATNARAJAH N, QIU A. Multi-label segmentation of white matter structures: Application to neonatal brains[J]. *NeuroImage*, 2014, 102: 913-922.
- [99] REISERT M, COENEN V A, KALLER C, et al. HAMLET: Hierarchical harmonic filters for learning tracts from diffusion MRI[EB/OL]. (2018-07-03). <https://doi.org/10.48550/arXiv.1807.01068v1>.
- [100] RHEAULT F, ST-ONGE E, SIDHU J, et al. Bundle-specific tractography with incorporated anatomical and orientational priors[J]. *NeuroImage*, 2019, 186: 382-398.
- [101] WASSERTHAL J, NEHER P, MAIER-HEIN K H. TractSeg-Fast and accurate white matter tract segmentation[J]. *NeuroImage*, 2018, 183: 239-253.
- [102] WASSERTHAL J, NEHER P F, HIRJAK D, et al. Combined tract segmentation and orientation mapping for bundle-specific tractography[J]. *Medical Image Analysis*, 2019, 58: 101559.
- [103] XU H, XUE T, LIU D, et al. A registration- and uncertainty-based framework for white matter tract segmentation with only one annotated subject[C]//*Proceedings of 2023 IEEE 20th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*. [S.l.]: IEEE, 2023.
- [104] YENDIKI A, PANNECK P, SRINIVASAN P, et al. Automated probabilistic reconstruction of white-matter pathways in health and disease using an atlas of the underlying anatomy[J]. *Frontiers in Neuroinformatics*, 2011, 5: 23.
- [105] ZÖLLEI L, JAIMES C, SALIBA E, et al. TRActs constrained by underlying infant anatomy (TRACULInA): An automated probabilistic tractography tool with anatomical priors for use in the newborn brain[J]. *NeuroImage*, 2019, 199: 1-17.
- [106] LUCENA O, BORGES P, CARDOSO J, et al. Informative and reliable tract segmentation for preoperative planning[J]. *Frontiers in Radiology*, 2022, 2: 866974.
- [107] BASSETT D S, BULLMORE E T. Small-world brain networks revisited[J]. *Neuroscientist*, 2017, 23(5): 499-516.
- [108] BULLMORE E, SPORNS O. Complex brain networks: Graph theoretical analysis of structural and functional systems[J]. *Nature Reviews Neuroscience*, 2009, 10(3): 186-198.
- [109] GONG G, HE Y, CONCHA L, et al. Mapping anatomical connectivity patterns of human cerebral cortex using in vivo diffusion tensor imaging tractography[J]. *Cerebral Cortex*, 2009, 19(3): 524-536.
- [110] INGALHALIKAR M, SMITH A, PARKER D, et al. Sex differences in the structural connectome of the human brain[J]. *Proceedings of National Academy Sciences of the United States of America*, 2014, 111(2): 823-828.
- [111] SPORNS O, TONONI G, KÖTTER R. The human connectome: A structural description of the human brain[J]. *PLoS Computational Biology*, 2005, 1(4): e42.
- [112] YE H F C, BADRE D, VERSTYNNEN T. Connectometry: A statistical approach harnessing the analytical potential of the local connectome[J]. *NeuroImage*, 2016, 125: 162-171.
- [113] ZALESKY A, COCCHI L, FORNITO A, et al. Connectivity differences in brain networks[J]. *NeuroImage*, 2012, 60(2): 1055-1062.
- [114] DESTRIEUX C, FISCHL B, DALE A, et al. Automatic parcellation of human cortical gyri and sulci using standard anatomical nomenclature[J]. *NeuroImage*, 2010, 53(1): 1-15.
- [115] SHATTUCK D W, MIRZA M, ADISETIYO V, et al. Construction of a 3D probabilistic atlas of human cortical structures [J]. *NeuroImage*, 2008, 39(3): 1064-1080.
- [116] TZOURIO-MAZOYER N, LANDEAU B, PAPATHANASSIOU D, et al. Automated anatomical labeling of activations in SPM using a macroscopic anatomical parcellation of the MNI MRI single-subject brain[J]. *NeuroImage*, 2002, 15(1): 273-289.

- [117] GLASSER M F, COALSON T S, ROBINSON E C, et al. A multi-modal parcellation of human cerebral cortex[J]. *Nature*, 2016, 536(7615): 171-178.
- [118] SCHAEFER A, KONG R, GORDON E M, et al. Local-global parcellation of the human cerebral cortex from intrinsic functional connectivity MRI[J]. *Cerebral Cortex*, 2018, 28(9): 3095-3114.
- [119] YEO B T T, KRIENEN F M, SEPULCRE J, et al. The organization of the human cerebral cortex estimated by intrinsic functional connectivity[J]. *Journal of Neurophysiology*, 2011, 106(3): 1125-1165.
- [120] EICKHOFF S B, STEPHAN K E, MOHLBERG H, et al. A new SPM toolbox for combining probabilistic cytoarchitectonic maps and functional imaging data[J]. *NeuroImage*, 2005, 25(4): 1325-1335.
- [121] BESSON P, LOPES R, LECLERC X, et al. Intra-subject reliability of the high-resolution whole-brain structural connectome [J]. *NeuroImage*, 2014, 102: 283-293.
- [122] FELLNER M, VARGA B, GROLMUSZ V. The frequent complete subgraphs in the human connectome[J]. *PLoS One*, 2020, 15(8): e0236883.
- [123] MANSOUR L S, TIAN Y, YEO B T T, et al. High-resolution connectomic fingerprints: Mapping neural identity and behavior[J]. *NeuroImage*, 2021, 229: 117695.
- [124] DE REUS M A, VAN DEN HEUVEL M P. The parcellation-based connectome: Limitations and extensions[J]. *NeuroImage*, 2013, 80: 397-404.
- [125] YE H C, JONES D K, LIANG X, et al. Mapping structural connectivity using diffusion MRI: Challenges and opportunities [J]. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 2021, 53(6): 1666-1682.
- [126] GARYFALLIDIS E, BRETT M, CORREIA M M, et al. QuickBundles, a method for tractography simplification[J]. *Frontiers in Neuroscience*, 2012, 6: 175.
- [127] KUMAR K, SIDDIQI K, DESROSIERS C. White matter fiber analysis using kernel dictionary learning and sparsity priors[J]. *Pattern Recognition*, 2019, 95: 83-95.
- [128] LEGARRETA J H, PETIT L, JODOIN P M, et al. Clustering in tractography using autoencoders (CINTA)[M]//Lecture Notes in Computer Science: Computational Diffusion MRI. Cham: Springer Nature Switzerland, 2022: 125-136.
- [129] MADDAH M, MEWES A U J, HAKER S, et al. Automated atlas-based clustering of white matter fiber tracts from DTMRI [J]. *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*, 2005, 8: 188-195.
- [130] WANG J, GUO B, LI Y, et al. A novel deep learning tractography fiber clustering framework for functionally consistent white matter parcellation using multimodal diffusion MRI and functional MRI[EB/OL]. (2024-11-04). <https://doi.org/10.48550/arXiv.2411.01859>.
- [131] YANG Z, LI X, ZHOU J, et al. Functional clustering of whole brain white matter fibers[J]. *Journal of Neuroscience Methods*, 2020, 335: 108626.
- [132] MALINSKY M, PETER R, HODNELAND E, et al. Registration of FA and T1-weighted MRI data of healthy human brain based on template matching and normalized cross-correlation[J]. *Journal of Digital Imaging*, 2013, 26(4): 774-785.
- [133] ALBI A, MEOLA A, ZHANG F, et al. Image registration to compensate for EPI distortion in patients with brain tumors: An evaluation of tract-specific effects[J]. *Journal of Neuroimaging*, 2018, 28(2): 173-182.
- [134] SYDNOR V J, RIVAS-GRAJALES A M, LYALL A E, et al. A comparison of three fiber tract delineation methods and their impact on white matter analysis[J]. *NeuroImage*, 2018, 178: 318-331.
- [135] ZHANG F, NORTON I, CAI W, et al. Comparison between two white matter segmentation strategies: An investigation into white matter segmentation consistency[C]//Proceedings of 2017 IEEE 14th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2017). [S.l.]: IEEE, 2017.
- [136] ZHANG F, WU Y, NORTON I, et al. Test-retest reproducibility of white matter parcellation using diffusion MRI tractography fiber clustering[J]. *Human Brain Mapping*, 2019, 40(10): 3041-3057.
- [137] FENG Y, YAN W, WANG J, et al. Local white matter fiber clustering differentiates Parkinson's disease diagnoses[J]. *Neuroscience*, 2020, 435: 146-160.
- [138] JI E, GUEVARA P, GUEVARA M, et al. Increased and decreased superficial white matter structural connectivity in schizophrenia and bipolar disorder[J]. *Schizophrenia Bulletin*, 2019, 45(6): 1367-1378.
- [139] WU Y, ZHANG F, MAKRISS N, et al. Investigation into local white matter abnormality in emotional processing and

- sensorimotor areas using an automatically annotated fiber clustering in major depressive disorder[J]. *NeuroImage*, 2018, 181: 16-29.
- [140] ZHANG F, WU W, NING L, et al. Suprathreshold fiber cluster statistics: Leveraging white matter geometry to enhance tractography statistical analysis[J]. *NeuroImage*, 2018, 171: 341-354.
- [141] ZHANG F, SAVADJIEV P, CAI W, et al. Whole brain white matter connectivity analysis using machine learning: An application to autism[J]. *NeuroImage*, 2018, 172: 826-837.
- [142] XUE T, ZHANG F, ZHANG C, et al. SupWMA: Consistent and efficient tractography parcellation of superficial white matter with deep learning[C]//Proceedings of 2022 IEEE 19th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). [S.l.]: IEEE, 2022.
- [143] ZHANG D, ZONG F, ZHANG Q, et al. Anat-SFSeg: Anatomically-guided superficial fiber segmentation with point-cloud deep learning[J]. *Medical Image Analysis*, 2024, 95: 103165.
- [144] NELKENBAUM I, TSARFATY G, KIRYATI N, et al. Automatic segmentation of white matter tracts using multiple brain MRI sequences[C]//Proceedings of 2020 IEEE 17th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). [S.l.]: IEEE, 2020.
- [145] TCHETCHENIAN A, ZEKELMAN L, CHEN Y, et al. Deep multimodal saliency parcellation of cerebellar pathways: Linking microstructure and individual function through explainable multitask learning[J]. *Human Brain Mapping*, 2024, 45(12): e70008.
- [146] THEAUD G, EDDE M, DUMONT M, et al. DORIS: A diffusion MRI-based 10 tissue class deep learning segmentation algorithm tailored to improve anatomically-constrained tractography[J]. *Frontiers in Neuroimaging*, 2022, 1: 917806.
- [147] WANG Z, HE M, LV Y, et al. Accurate corresponding fiber tract segmentation via FiberGeoMap learner with application to autism[J]. *Cerebral Cortex*, 2023, 33(13): 8405-8420.
- [148] POULIN P, THEAUD G, RHEAULT F, et al. TractoInferno: A large-scale, open-source, multi-site database for machine learning dMRI tractography[J]. *Scientific Data*, 2022, 9(1): 725.
- [149] TONG Q, HE H, GONG T, et al. Reproducibility of multi-shell diffusion tractography on traveling subjects: A multicenter study prospective[J]. *Magnetic Resonance Imaging*, 2019, 59: 1-9.
- [150] KREILKAMP B A K, LISANTI L, GLENN G R, et al. Comparison of manual and automated fiber quantification tractography in patients with temporal lobe epilepsy[J]. *NeuroImage Clinical*, 2019, 24: 102024.
- [151] ALEXANDER L M, ESCALERA J, AI L, et al. An open resource for transdiagnostic research in pediatric mental health and learning disorders[J]. *Scientific Data*, 2017, 4(1): 170181.
- [152] CASEY B J, CANNONIER T, CONLEY M I, et al. The adolescent brain cognitive development (ABCD) study: Imaging acquisition across 21 sites[J]. *Developmental Cognitive Neuroscience*, 2018, 32: 43-54.
- [153] CETIN-KARAYUMAK S, DI BIASE M A, CHUNGA N, et al. White matter abnormalities across the lifespan of schizophrenia: A harmonized multi-site diffusion MRI study[J]. *Molecular Psychiatry*, 2020, 25(12): 3208-3219.
- [154] HARMS M P, SOMERVILLE L H, ANCES B M, et al. Extending the human connectome project across ages: Imaging protocols for the lifespan development and aging projects[J]. *NeuroImage*, 2018, 183: 972-984.
- [155] THOMPSON P M, ANDREASSEN O A, ARIAS-VASQUEZ A, et al. ENIGMA and the individual: Predicting factors that affect the brain in 35 countries worldwide[J]. *NeuroImage*, 2017, 145: 389-408.
- [156] BUCCI M, MANDELLI M L, BERMAN J I, et al. Quantifying diffusion MRI tractography of the corticospinal tract in brain tumors with deterministic and probabilistic methods[J]. *NeuroImage Clinical*, 2013, 3: 361-368.
- [157] PRČKOVSKA V, RODRIGUES P, PUIGDELLIVOL SANCHEZ A, et al. Reproducibility of the structural connectome reconstruction across diffusion methods[J]. *Journal of Neuroimaging*, 2016, 26(1): 46-57.
- [158] DICK A S, TREMBLAY P. Beyond the arcuate fasciculus: Consensus and controversy in the connectional anatomy of language[J]. *Brain*, 2012, 135: 3529-3550.
- [159] LI S, ZHANG W, YAO S, et al. Tractography-based automated identification of retinogeniculate visual pathway with novel microstructure-informed supervised contrastive learning[J]. *Human Brain Mapping*, 2024, 45(17): e70071.
- [160] SHERBONDY A J, DOUGHERTY R F, BEN-SHACHAR M, et al. ConTrack: Finding the most likely pathways between brain regions using diffusion tractography[J]. *Journal of Vision*, 2008, 8(9): 15.

- [161] TAX C M W, DUITTS R, VILANOVA A, et al. Evaluating contextual processing in diffusion MRI: Application to optic radiation reconstruction for epilepsy surgery[J]. PLoS One, 2014, 9(7): e101524.
- [162] TAKEMURA H, CAIAFA C F, WANDELL B A, et al. Ensemble tractography[J]. PLoS Computational Biology, 2016, 12(2): e1004692.
- [163] YEH F C. Shape analysis of the human association pathways[J]. NeuroImage, 2020, 223: 117329.
- [164] SMITH S M, JENKINSON M, WOOLRICH M W, et al. Advances in functional and structural MR image analysis and implementation as FSL[J]. Neuroimage, 2004, 23(S1): S208-S219.
- [165] AVANTS B B, TUSTISON N, SONG G. Advanced normalization tools (ANTs)[J]. Insight, 2009, 2: 1-35.
- [166] GARYFALLIDIS E, OCEGUEDA O, WASSERMANN D, et al. Robust and efficient linear registration of white-matter fascicles in the space of streamlines[J]. NeuroImage, 2015, 117: 124-140.
- [167] O'DONNELL L J, WELLS W M, GOLBY A J, et al. Unbiased groupwise registration of white matter tractography[J]. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, 2012, 15: 123-130.
- [168] BENOUI, VEKSLER R, FRIEDMAN A, et al. Combining white matter diffusion and geometry for tract-specific alignment and variability analysis[J]. NeuroImage, 2019, 200: 674-689.
- [169] OLIVETTI E, SHARMIN N, AVESANI P. Alignment of tractograms as graph matching[J]. Frontiers in Neuroscience, 2016, 10: 554.
- [170] WANG J, DU M, WU Y, et al. A novel streamline-based diffusion MRI tractography registration method with probabilistic keypoint detection[C]//Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. [S.l.]: [s.n.], 2025.
- [171] HAGMANN P, CAMMOUN L, GIGANDET X, et al. Mapping the structural core of human cerebral cortex[J]. PLoS Biology, 2008, 6(7): e159.
- [172] MESSÉ A. Parcellation influence on the connectivity-based structure-function relationship in the human brain[J]. Human Brain Mapping, 2020, 41(5): 1167-1180.
- [173] LIU X, LAUER K K, WARD B D, et al. Fine-grained parcellation of brain connectivity improves differentiation of states of consciousness during graded propofol sedation[J]. Brain Connectivity, 2017, 7(6): 373-381.
- [174] OSMANLIOĞLU Y, ALAPPATT J A, PARKER D, et al. Connectomic consistency: A systematic stability analysis of structural and functional connectivity[J]. Journal of Neural Engineering, 2020, 17(4): 045004.
- [175] RODRIGUES P, PRATS A, GALLARDO-PUJOL D, et al. Evaluating structural connectomics: The effect of the cortical parcellation scheme[C]//Proceedings of Frontiers in Neuroinformatics Conference. [S.l.]: [s.n.], 2013.
- [176] ZALESKY A, FORNITO A, HARDING I H, et al. Whole-brain anatomical networks: Does the choice of nodes matter?[J]. NeuroImage, 2010, 50(3): 970-983.
- [177] BAUM G L, ROALF D R, COOK P A, et al. The impact of in-scanner head motion on structural connectivity derived from diffusion MRI[J]. NeuroImage, 2018, 173: 275-286.
- [178] ROBERTS J A, PERRY A, ROBERTS G, et al. Consistency-based thresholding of the human connectome[J]. NeuroImage, 2017, 145: 118-129.
- [179] MAIER-HEIN K H, NEHER P F, HOUDE J C, et al. The challenge of mapping the human connectome based on diffusion tractography[J]. Nature Communications, 2017, 8(1): 1349.
- [180] THOMAS C, YE F Q, IRFANOGLU M O, et al. Anatomical accuracy of brain connections derived from diffusion MRI tractography is inherently limited[J]. Proceedings of National Academy Sciences of the United States of America, 2014, 111(46): 16574-16579.
- [181] ASSAF Y, JOHANSEN-BERG H, THIEBAUT DE SCHOTTEN M. The role of diffusion MRI in neuroscience[J]. NMR in Biomedicine, 2019, 32(4): e3762.
- [182] JEURISSEN B, DESCOTEAUX M, MORI S, et al. Diffusion MRI fiber tractography of the brain[J]. NMR in Biomedicine, 2019, 32(4): e3785.
- [183] HUTTENLOCHER P R. Synapse elimination and plasticity in developing human cerebral cortex[J]. American Journal of Mental Deficiency, 1984, 88(5): 488-496.
- [184] MILLER D J, DUKA T, STIMPSON C D, et al. Prolonged myelination in human neocortical evolution[J]. Proceedings of

National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(41): 16480-16485.

- [185] SIDMAN R L, RAKIC P. Neuronal migration, with special reference to developing human brain: A review[J]. *Brain Reserach*, 1973, 62(1): 1-35.
- [186] DADUCCI A, DAL PALÚ A, DESCOTEAUX M, et al. Microstructure informed tractography: Pitfalls and open challenges [J]. *Frontiers in Neuroscience*, 2016, 10: 247.
- [187] JONES D K. Challenges and limitations of quantifying brain connectivity in vivo with diffusion MRI[J]. *Imaging Medicine*, 2010, 2(3): 341-355.
- [188] O'DONNELL L J, PASTERNAK O. Does diffusion MRI tell us anything about the white matter? An overview of methods and pitfalls[J]. *Schizophrenia Research*, 2015, 161(1): 133-141.
- [189] RHEAULT F, POULIN P, VALCOURT CARON A, et al. Common misconceptions, hidden biases and modern challenges of dMRI tractography[J]. *Journal of Neural Engineering*, 2020, 17(1): 011001.
- [190] BARAKOVIC M, TAX C M W, RUDRAPATNA U, et al. Resolving bundle-specific intra-axonal T2 values within a voxel using diffusion-relaxation tract-based estimation[J]. *NeuroImage*, 2021, 227: 117617.
- [191] HENRIQUES R N, JESPERSEN S N, SHEMESH N. Correlation tensor magnetic resonance imaging[J]. *NeuroImage*, 2020, 211: 116605.
- [192] HUTTER J, SLATOR P J, CHRISTIAENS D C, et al. Integrated and efficient diffusion-relaxometry using ZEBRA[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 15138.
- [193] NING L, GAGOSKI B, SZCZEPANKIEWICZ F, et al. Joint relaxation-diffusion imaging moments to probe neurite microstructure[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2020, 39(3): 668-677.
- [194] NING L, SZCZEPANKIEWICZ F, NILSSON M, et al. Probing tissue microstructure by diffusion skewness tensor imaging [J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 135.
- [195] PIZZOLATO M, PALOMBO M, BONET-CARNE E, et al. Acquiring and predicting multidimensional diffusion (MUDI) data: An open challenge[M]//*Mathematics and Visualization: Computational Diffusion MRI*. Cham: Springer International Publishing, 2020: 195-208.
- [196] SHEMESH N, JESPERSEN S N, ALEXANDER D C, et al. Conventions and nomenclature for double diffusion encoding NMR and MRI[J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2016, 75(1): 82-87.
- [197] WESTIN C F, KNUTSSON H, PASTERNAK O, et al. Q-space trajectory imaging for multidimensional diffusion MRI of the human brain[J]. *NeuroImage*, 2016, 135: 345-362.
- [198] WU W, MILLER K L. Image formation in diffusion MRI: A review of recent technical developments[J]. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 2017, 46(3): 646-662.

作者简介:



张蔚(1999-),男,博士研究生,研究方向:脑神经影像计算、数据协调, E-mail: zhangwei@uestc.edu.cn。



李轶杰(2001-),男,硕士研究生,研究方向:弥散磁共振纤维束成像。



吴烨(1989-),男,教授,研究方向:医学图像分析、人工智能。



陈华富(1967-),男,教授,研究方向:脑成像与模式识别。



张帆(1988-),通信作者,男,教授,研究方向:脑神经影像计算、弥散磁共振和人工智能, E-mail: fan.zhang@uestc.edu.cn。

(编辑:王静)