

使用FIRST分析皮下核团形变

Alex / 2019-05-15 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-08-13，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

介绍使用FSL的FIRST分析皮下核团形变的方法（我这里使用的版本是5.0.11）。所有内容参考FIRST官方教程和文献：

- <https://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/FIRST/UserGuide>
- http://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fslcourse/lectures/struc_seg.pdf
- http://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fslcourse/lectures/practicals/seg_struc/index.html#first
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3417233/>

一、准备数据

我这里准备了两组被试（每组各10名被试）的T1原始数据，假设分别命名为N001.nii.gz, N002.nii.gz, ..., N010.nii.gz；P001.nii.gz, P002.nii.gz, ..., P010.nii.gz。

二、分割皮下核团

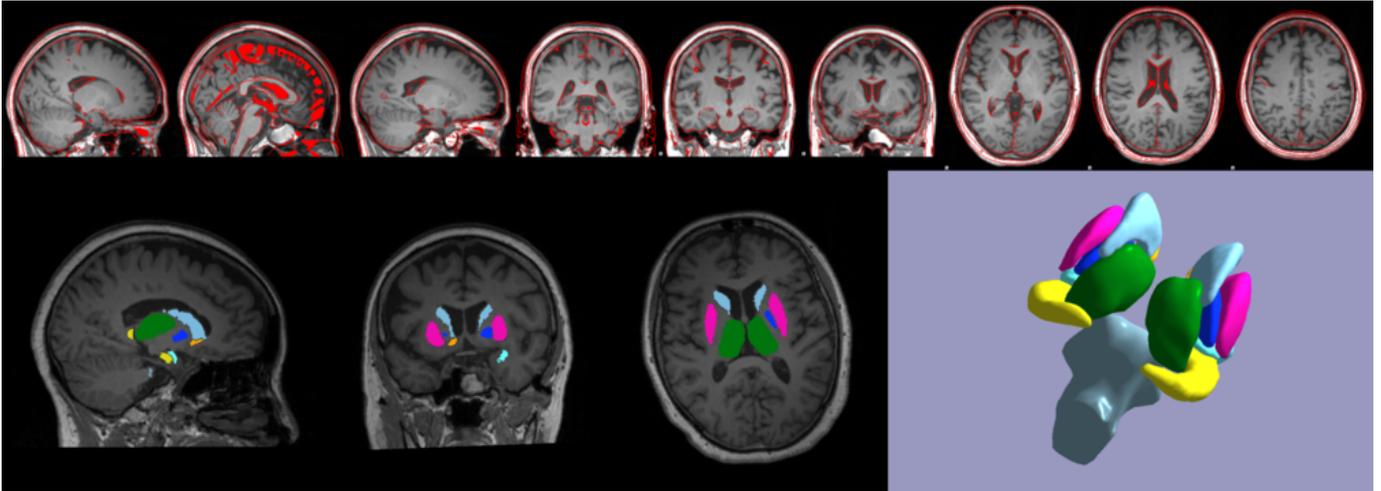
```
run_first_all -i N001.nii.gz -o N001
```

上面这条命令表示对N001进行皮下核团的分割，其中 `-i` 表示原始T1数据，`-o` 表示输出文件的前缀。这一步骤主要包含3个小步骤，将原始T1结构像配准到MNI152 1mm的模板上、估计皮下核团的分割、校正不同核团的边界。运行结束后：

1. 生成 `N001_to_std_sub.mat/N001_to_std_sub.nii.gz`，表示配准到MNI152模板的T1像和仿射变换矩阵，可以使用 `slicesdir -p ${FSLDIR}/data/standard/MNI152_T1_1mm.nii.gz N001_to_std_sub.nii.gz` 生成截图查看；
2. 生成 `N001_all_fast_origsegs.nii.gz/N001_all_fast_firstseg.nii.gz`，表示原始的皮下核团分割结果以及校正边界后的结果，可以使用 `first_roi_slicesdir N001.nii.gz N001_all_fast_firstseg.nii.gz` 截图查看分割质量；
3. 生成 `N001-L_Hipp_first.bvars/N001-L_Hipp_first.vtk`，表示分割的模型参数文件和网格文件（我理解为是对皮下核团表面的一个拟合结果），这里 `L_Hipp` 表示左侧的海马，一共有15个结构。

对所有被试重复该操作，得到所有被试的分割结果，比如：

```
for sub in N001 N002 N003
do
  run_first_all -i ${sub}.nii.gz -o ${sub}
done
```



三、体积分析

```
fslstats N001_all_fast_firstseg.nii.gz -l 16.5 -u 17.5 -V >
N002_L_Hipp_Volume.txt
```

上面的命令根据皮下核团的分割结果提取被试N001左侧海马的体积，其中左侧海马的标签是17，所以通过 `-l 16.5 -u 17.5` 的方式来提取；通过重定向 `>` 将结果保持在文本文件中；对每个被试重复该操作，可得到每个被试的左侧海马体积，并进行统计分析。这是常规的对于皮下核团整体体积的分析。

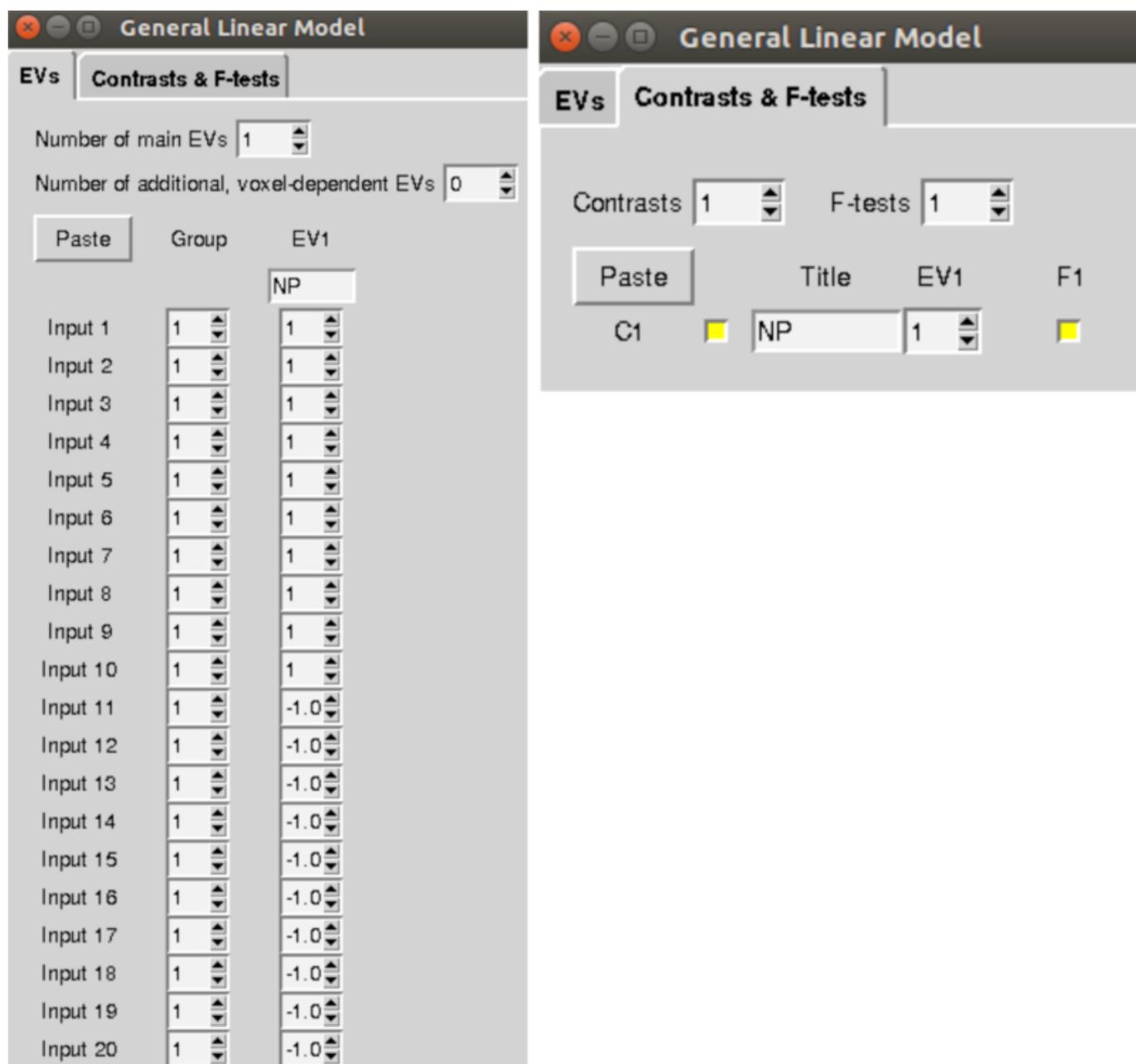
四、形变分析

```
concat_bvars L_Hipp_all.bvars *L_Hipp_first.bvars
```

将所有被试的海马的模型参数文件 `*L_Hipp_first.bvars` 拼接成一个文件 `L_Hipp_all.bvars`；

```
## Reconstruct meshes in native space
first_utils --vertexAnalysis --usebvars -i L_Hipp_all.bvars -o NP -d NP.mat --
useReconNative --useRigidAlign
## Or reconstruct meshes in MNI space
first_utils --vertexAnalysis --usebvars -i L_Hipp_all.bvars -o NP -d NP.mat --
useReconMNI
```

将每个被试的海马形变信息投射到平均形状上，每个位置（vertex）一个数字，表示距离平均形状的垂直距离。其中NP.mat表示进行统计分析的设计矩阵。设计矩阵的设置如下：



NP表示输出结果的前缀，该步骤运行结束后，生成 NP.nii.gz 和 NP_mask.nii.gz ，分别表示每个被试相对于平均形状的距离和mask文件。

```
randomise -i NP.nii.gz -m NP_mask.nii.gz -o NP -d NP.mat -t NP.con -f NP.fts --
fonly -D -F 3
```

比较两组被试在形状上的差异，其中 --fonly 表示只进行F检验， -F 3 表示使用基于cluster的多重比较校正方法的cluster阈值；运行结束后，生成

NP_fstat1.nii.gz/NP_clustere_corr_p_fstat1.nii.gz，分别表示F值和校正后的1-p值（即 $1-p > 0.95$ 表示统计显著）。

```
## 3D view
first3Dview NP_mask.nii.gz NP_clustere_corr_p_fstat1.nii.gz
## 2D view
fsleyes -std1mm NP_clustere_corr_p_fstat1 -cm red-yellow -dr 0.95 1
```

使用上面的命令进行简单的3D或者2D可视化。

