

使用FreeSurfer分析T1结构像数据

Alex / 2019-10-15 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-08-21，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

总结使用FreeSurfer分析T1结构像数据的基本步骤，所有内容来自于FreeSurfer的[官方教程](#)，我使用的FreeSurfer版本是6.0。

一、下载和安装FreeSurfer

1. 下载FreeSurfer安装包并解压，并设置环境变量（可将如下命令添加到.bashrc文件）：

```
export FREESURFER_HOME=/usr/local/freesurfer
source $FREESURFER_HOME/SetUpFreeSurfer.sh
```

2. 获取license文件，并将该文件放在FreeSurfer的安装目录（即 `$FREESURFER_HOME` 所表示的目录）。

更多细节参见：<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/DownloadAndInstall>

二、单被试分析

使用如下命令分析单个被试的数据：

```
export SUBJECTS_DIR=/home/alex/mydata
recon-all -i /home/alex/mydata/T1.nii.gz -s sub001 -autorecon-all
```

在FreeSurfer中假设数据保存在 `$SUBJECTS_DIR` 所表示的目录下，一般需要根据自己情况修改目录位置；recon-all可以使用dicom格式文件作为输入，也可以使用nifti格式文件作为输入；sub001表示处理后的结果保存在命名为sub001的目录。

recon-all的具体步骤和文献参见：

- <http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/ReconAllTableStableV6.0>
- <http://freesurfer.net/fswiki/FreeSurferAnalysisPipelineOverview>

三、质量检查

1. 检查单被试分析的质量，需要检查的内容以及可能的手动修改方法参见：
<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsTutorial/TroubleshootingDataV6.0>
2. 人工检查数据质量非常麻烦，我也看到有自动的方法，不过存在局限性，可以参见：
<https://github.com/Qoala-T/QC>。2023-08-21更新 我自己使用下来，Qoala-T模型效果较差，不推荐。

四、组水平分析（统计分析）

1. 似乎大多数的MRI分析软件的统计模块都是使用的一般线性模型（GLM），需要设置design matrix和contrast。在FreeSurfer里通过FSGD文件来生成design matrix，具体设置方法（包括contrast的设置）参见：

FSGD格式 (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsgdFormat>)

FSGD样例 (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsgdExamples>)

DODS/DOSS (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/DodsDoss>)

2. 将单个被试分析的结果投射到标准空间并进行一定程度的空间平滑：

```
## 投射到标准空间 (fsaverage)
mris_preproc --fsgd ${fsgd} \
              --target fsaverage \
              --hemi ${hemi} \
              --meas ${meas} \
              --out ${hemi}.${meas}.00.mgh

## 空间平滑
mri_surf2surf --hemi ${hemi} \
              --s fsaverage \
              --sval ${hemi}.${meas}.00.mgh \
              --fwhm 10 \
              --cortex \
              --tval ${hemi}.${meas}.10.mgh
```

其中 `${fsgd}` 表示FSGD文件，`${hemi}` 表示半球 (lh/rh)，`${meas}` 表示皮层指标，包括皮层厚度 (thickness)、皮层面积 (area)、曲率 (curv)、沟深 (sulc) 等。

3. 拟合GLM模型和多重比较校正

```
## GLM模型拟合
mri_glmfit \
    --y ${hemi}.${meas}.00.mgh \
    --fsgd ${fsgd} dods \
    --C ${contrast} \
    --surf fsaverage ${hemi} \
    --cortex \
    --glmdir ${hemi}.${meas}.glmdir \
    --eres-save
## 多重比较校正
mri_glmfit-sim \
    --glmdir ${hemi}.${meas}.glmdir \
    --perm 1000 3.0 abs \
    --cwp 0.05\
    --2spaces \
    --bg 1
```

其中 `${contrast}` 表示contrast文件，`--perm`表示使用基于permutation test的多重比较校正方法（[参考文献](#)）。如果在FSGD文件中同时包含连续变量和类别变量，可能会提示design matrix不正交（non-orthogonal），这时可以加上`--perm-force`选项，或者下载[这里的](#) `mri_glmfit-sim` 文件，替换原来的文件。

更多细节参见：<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsTutorial/GroupAnalysisV6.0>

五、基于脑区的分析

在上一节提到的组分析是基于vertex水平，对统计模型有不少限制。另一种分析方法是以脑区为单位，将整个皮层分成若干个脑区，然后提取每个脑区的均值等，这样可以使用其他统计软件进行分析。更多细节参见：

<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsTutorial/AnatomicalROIV6.0>