

# 使用FreeSurfer 7.4.1分割海马亚区

Alex / 2024-08-30 / [free\\_learner@163.com](mailto:free_learner@163.com) / [AlexBrain.cn](http://AlexBrain.cn)

## 一、背景

在[以前的博客](#)中，介绍了如何在FreeSurfer 6.0中分割海马亚区，最近[安装](#)了FreeSurfer 7.4.1（以下FreeSurfer简称FS），因此介绍一下如何使用FS 7.4.1分割海马亚区。相比于6.0版本，FS 7+中的海马亚区分析主要有两处改动，一是增加了杏仁核的分割，即在进行海马亚区分割的时候，同时分割杏仁核核团；二是进一步细分了亚区，包含19个亚区。参考资料：

<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/HippocampalSubfieldsAndNucleiOfAmygdala>

## 二、安装Matlab Runtime

注意：虽然[官方文档](#)中FS 7+需要安装2014b，但在实际运行中，7.4.1版本需要安装2019b。

```
fs_install_mcr R2019b
```

由于FS 7.4.1默认的安装路径为 `/usr/local`，因此安装Matlab Runtime需要sudo权限，具体地：

```
sudo FREESURFER_HOME=$FREESURFER_HOME $FREESURFER_HOME/bin/fs_install_mcr R2019b
```

在安装Matlab Runtime过程中会使用curl下载文件，在Ubuntu 22.04 LTS中，默认使用snap安装的curl命令有问题（具体什么原因我没有深究），会产生 `Failure writing output to destination` 的报错，卸载以后重新使用apt安装curl即可：

```
sudo snap remove curl
sudo apt install curl
```

## 三、亚区分割

1. 如果只有常规T1加权像（分辨率约1mm）

```
## 运行recon-all流程
## 如果T1加权像分辨率小于1mm，运行recon-all流程时可以加上-cm选项
## ${T1IMAGE}表示T1加权像的路径，${SUBJECT}表示输出结果时被试文件夹的名字，${SUBJECTS_DIR}表示
输出结果时被试文件夹所在目录
recon-all -sd ${SUBJECTS_DIR} -i ${T1IMAGE} -s ${SUBJECT} -all
## 海马亚区分割
segmentHA_T1.sh ${SUBJECT} ${SUBJECTS_DIR}
```

## 2. 如果除了常规T1加权像，还有更高分辨率T2加权像或者FLAIR图像

```
## 同时使用T1加权像和高分辨率T2加权像分割亚区
## ${T2IMAGE}表示T2加权像的路径
## 其中T2字符是自定义的标识字符，也可以设置成其他字符
## 1表示同时使用T1图像进行分割
segmentHA_T2.sh ${SUBJECT} ${T2IMAGE} T2 1 ${SUBJECTS_DIR}
```

```
## 只使用高分辨率T2加权像分割亚区
## 根据官方文档，如果T2图像具有明显更高的分辨率且覆盖了完整的海马和杏仁核区域，推荐只使用高分辨
率图像进行分割
## 0表示不使用T1图像进行分割
segmentHA_T2.sh ${SUBJECT} ${T2IMAGE} T2 0 ${SUBJECTS_DIR}
```

注意：如果需要同时保留使用T1+T2进行分割和单独使用T2进行分割的结果，在上面的命令中需要使用不同的标识字符（比如，不能都为 T2 ），否则会有部分结果会被覆盖。

## 四、分割结果

### 1. 只使用常规T1加权像进行分割

亚区分割结果存放在 `${SUBJECT}/mri` 目录下，`lh.hipposfVolumes-T1.v22.txt` 包含左侧19个亚区的体积以及左侧海马、海马主体（hippocampal body）和海马头部（hippocampal head）总体积；`lh.amygNucVolumes-T1.v22.txt` 包含左侧9个杏仁核核团的体积以及左侧杏仁核总体积；除了亚区的体积，还提供了亚区的mask文件。除了19个亚区的mask，还提供HBT、FS60、CA三种合并方案（具体细节请参考官方文档），即将19个亚区合并成更大的区域。此外，在 `${SUBJECT}/stats` 目录下，会生成 `.stats` 结尾的文件，数据内容和 `.txt` 结尾的文件相同，只是格式不同。

### 2. 使用高分辨率T2加权像进行分割

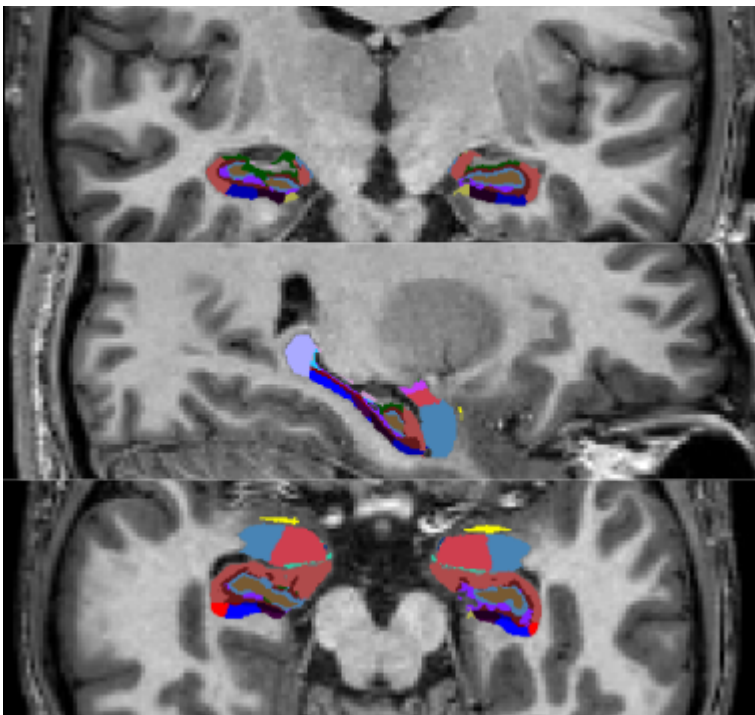
使用高分辨率T2图像时（无论是T1+T2联合分割，还是只使用T2图像），数据结构和只使用T1图像时完全一样，只是文件命名稍有不同。比如，如果使用T1+T2联合分割，海马亚区体积文件为

lh.hippoSfVolumes-T1-T2.v22.txt ; 如果只使用T2图像, 则亚区体积文件为 lh.hippoSfVolumes-T2.v22.txt 。mask文件命名也有类似的变动。此外, 由于使用额外的T2图像, 需要进行T1和T2的配准, 因此生成的结果里还包含 T2.FSspace.mgz , 表示对齐到T1像后的T2像; 在 `/${SUBJECT}/mri/transforms` 目录下包含 `T1_to_T2.v22.QC.gif` , 可用于检查配准质量。注意: 如果只使用T2图像进行亚区分割, 那么 `/${SUBJECT}/stats` 目录下的文件内容为空, 这应该是 `segmentHA_T2.sh` 本身的一个bug。

### 3. 质量控制

可以使用如下命令打开图像检查亚区分割结果:

```
## 只使用T1进行分割
freeview -v nu.mgz -v lh.hippoAmygLabels-T1.v22.mgz:colormap=lut -v rh.hippoAmygLabels-T1.v22.mgz:colormap=lut
## 同时使用T1+T2进行分割
freeview -v nu.mgz -v T2.FSspace.mgz:sample=cubic -v lh.hippoAmygLabels-T1-T2.v22.mgz:colormap=lut -v rh.hippoAmygLabels-T1-T2.v22.mgz:colormap=lut
## 只使用T2进行分割
freeview -v nu.mgz -v T2.FSspace.mgz:sample=cubic -v lh.hippoAmygLabels-T2.v22.mgz:colormap=lut -v rh.hippoAmygLabels-T2.v22.mgz:colormap=lut
```



### 4. 将所有被试结果汇总到一个文件

根据[官方文档](#), 在FS 7+中提供了一个 `ConcatenateSubregionsResults.sh` 脚本来提取所有被试的结果, 但是在我安装的FS 7.4.1中并没有这个脚本, 需要自行下载:

[https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/pub/dist/lcnpub/dst/ConcatenateSubregionsResults\\_Patch/](https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/pub/dist/lcnpub/dst/ConcatenateSubregionsResults_Patch/)。下载好脚本后，将脚本移动到 `$FREESURFER_HOME/bin` 目录即可。

```
## ${OUTDIR}表示存放结果的目录
## 生成*_concat.stats文件
ConcatenateSubregionsResults.sh -f hipposubfields.lh.T1.v22.stats -f
hipposubfields.rh.T1.v22.stats -s ${SUBJECTS_DIR} -o ${OUTDIR}
```

## 5. 不同模态数据结果差异

下图表示只使用T1图像、只使用T2图像和使用T1+T2图像进行海马亚区分割，得到的体积的差异。注意：这只是一个被试数据的情况，并不具有一般性。

