

使用FreeSurfer分割海马亚区

Alex / 2022-10-12 / free_learner@163.com / learning-archive.org

更新于2023-09-23，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

介绍使用FreeSurfer 6.0分割海马亚区的基本步骤，以下内容参考[FreeSurfer Wiki](#)。

一、海马亚区模板

FreeSurfer的海马亚区模板根据15个被试（平均年龄79岁）的7T磁共振数据（ex vivo，分辨率0.1-0.2 mm），手动将海马分割成13个区域。更多细节参考：

Iglesias, Juan Eugenio et al. "A computational atlas of the hippocampal formation using ex vivo, ultra-high resolution MRI: Application to adaptive segmentation of in vivo MRI." *NeuroImage* vol. 115 (2015): 117-37.

二、安装Matlab Runtime

```
## 下载fs_install_mcr脚本
cd $FREESURFER_HOME/bin
curl https://raw.githubusercontent.com/freesurfer/freesurfer/dev/scripts/fs_install_mcr -o
fs_install_mcr
chmod +x fs_install_mcr
## 下载Matlab 2012b Runtime
fs_install_mcr R2012b
```

三、亚区分割

1. 如果只有常规T1加权像（分辨率约1mm）

```
## 如果已经运行完了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
## ${SUBJECT}表示被试文件夹的名字，关于recon-all流程，可以参考以前的博客
recon-all -s ${SUBJECT} -hippocampal-subfields-T1
## 如果没有运行过recon-all流程
recon-all -all -s ${SUBJECT} -hippocampal-subfields-T1
```

2. 如果除了常规T1加权像，还有更高分辨率的T2加权像或者FLAIR图像

```
## 如果同时使用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
## 末尾的T2字符是自定义的，如果是FLAIR图像，可以设置成FLAIR等
recon-all -s ${SUBJECT} -hippocampal-subfields-T1T2 ${T2IMAGE} T2
## 如果只使用高分辨率T2加权像分割亚区
recon-all -s ${SUBJECT} -hippocampal-subfields-T2 ${T2IMAGE} T2
```

四、分割结果

1. 如果只使用常规T1加权像进行分割

亚区分割结果存放在 `${SUBJECT}/mri` 目录下，`lh.hippoSfLabels-T1.v10.mgz` 表示左侧12个亚区（去掉了alveus）的分割图像，分辨率为0.333 mm，只包含海马和临近区域（而不是全脑）。`lh.hippoSfLabels-T1.v10.FSvoxelSpace.mgz` 同样表示左侧12个亚区的分割图像，但是图像包含整个全脑，分辨率为1mm。`lh.hippoSfVolumes-T1.v10.txt` 表示左侧12个亚区的体积以及左侧海马总体积。

2. 如果包含常规T1加权像和高分辨率T2加权像

如果同时使用T1/T2进行分割，生成的结果为：`lh.hippoSfLabels-T1-T2.v10.mgz`，`lh.hippoSfVolumes-T1-T2.v10.txt`，`lh.hippoSfLabels-T1-T2.v10.FSvoxelSpace.mgz`；如果只使用T2进行分割，生成的结果为：`lh.hippoSfLabels-T2.v10.mgz`，`lh.hippoSfLabels-T2.v10.FSvoxelSpace.mgz`，`lh.hippoSfVolumes-T2.v10.txt`。此外，还包括一个 `T2.FSspace.mgz`，表示（经刚体配准）对齐到T1像后的T2像（在 `mri/transforms` 目录下包含 `T1_to_T2.v10.QC.gif`，可用于检查T1-T2对齐质量）。

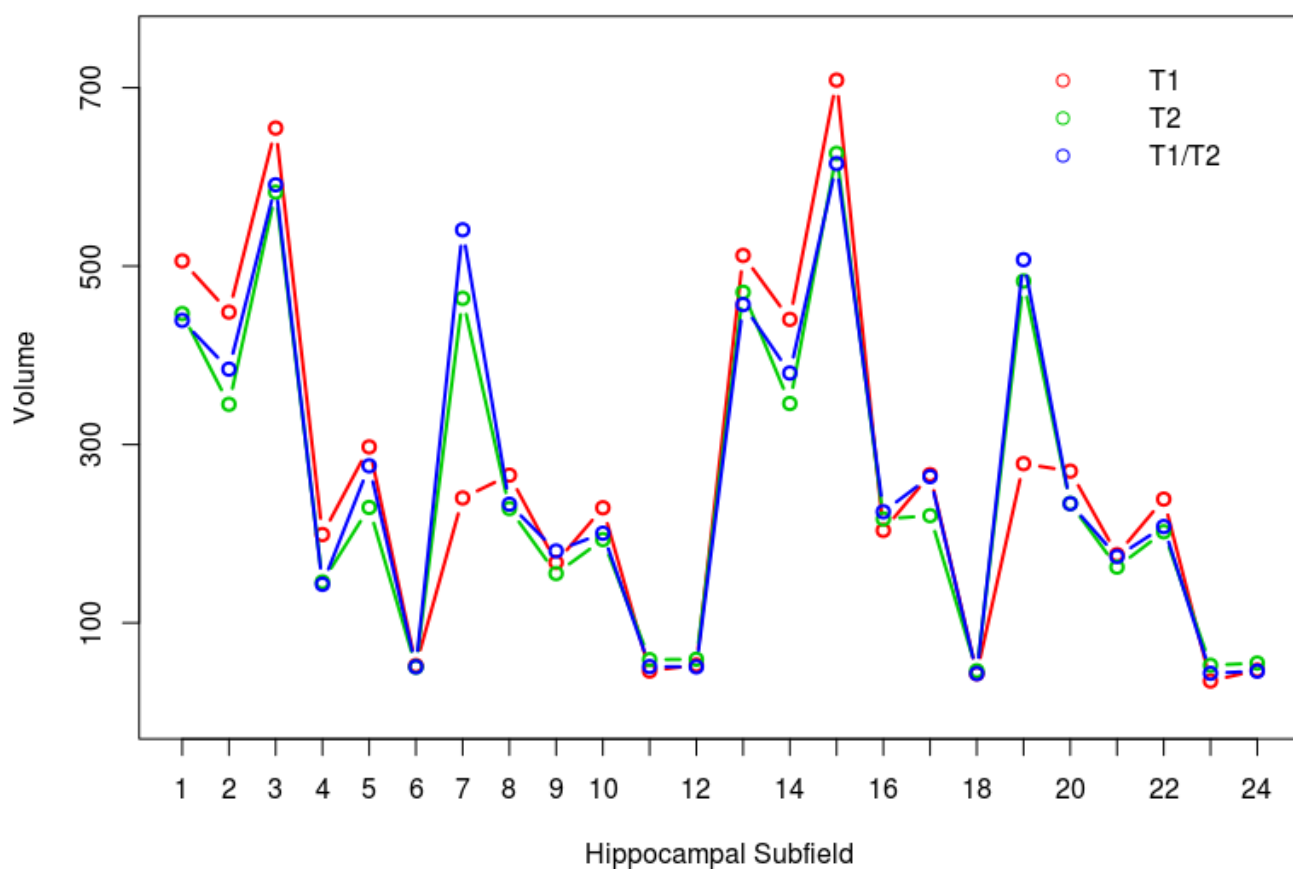
3. 将所有被试结果汇总到一个文件

如果对多个被试的数据进行了分割，下一步往往是将所有被试的海马亚区体积汇总到一个文件中，进行后续统计分析。

```
## 如果只用T1像进行分割
## T1_only.txt表示所有被试的海马亚区体积，即输出文件
## ${SUBJECTS_DIR}表示被试文件夹所在目录
quantifyHippocampalSubfields.sh T1 T1_only.txt ${SUBJECTS_DIR}
## 如果同时使用T1/T2像进行分割
quantifyHippocampalSubfields.sh T1-T2 T1_T2.txt ${SUBJECTS_DIR}
## 如果只用T2像进行分割
quantifyHippocampalSubfields.sh T2 T2_only.txt ${SUBJECTS_DIR}
```

从下图可以看到（1-12表示左侧的亚区，13-24表示右侧的亚区），只使用T1像和如果包含T2像，分割结果在 `molecular_layer` 差别特别大（这里只展示了一个被试的结果）。如果只使用T1

像进行分割，位于内部的亚区（GC-DG/CA4/molecular layer）分割不够准确，需要谨慎对待。

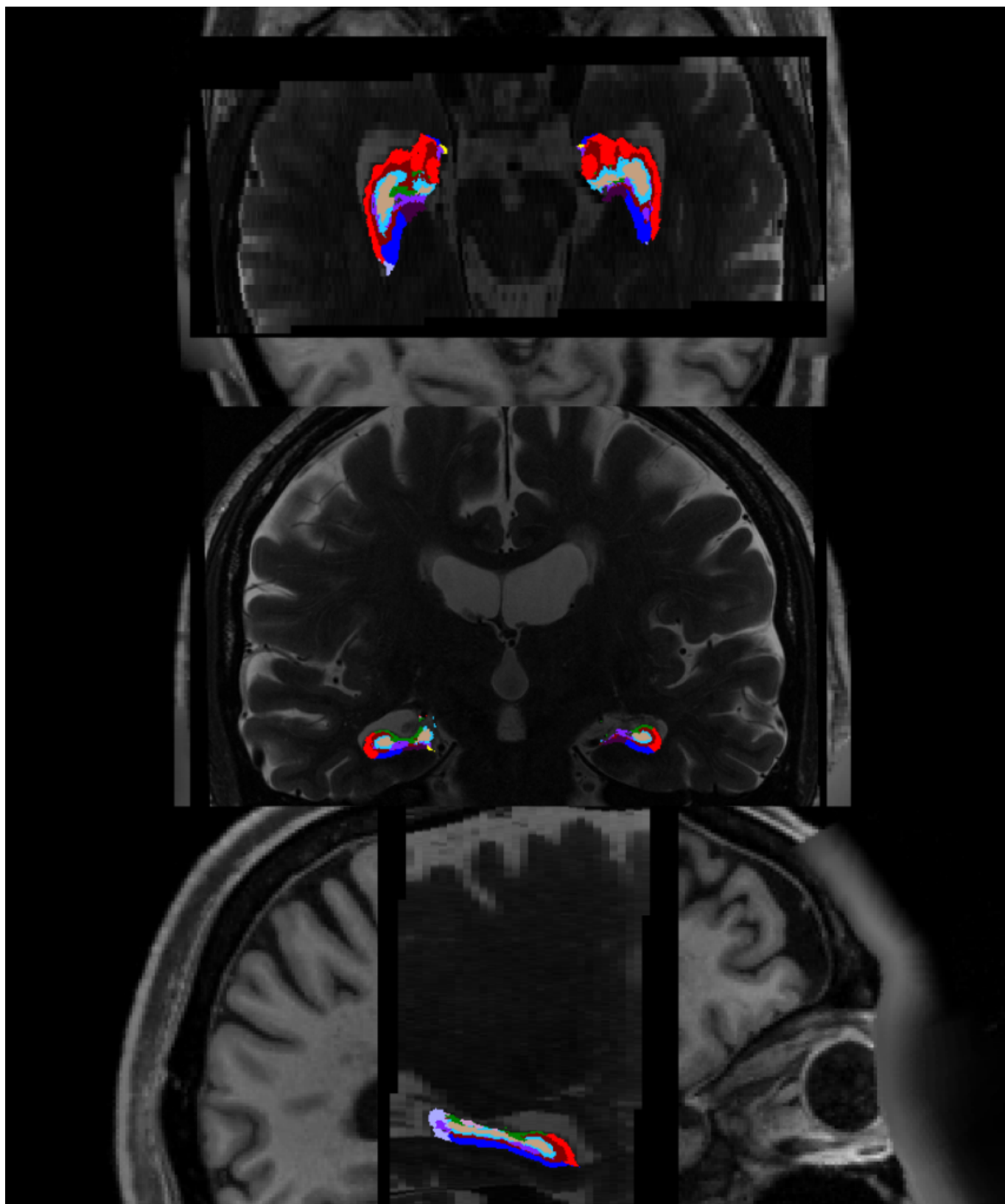


五、质量控制

在FreeSurfer Wiki上并没有介绍应该如何进行质量控制以确保分割结果的准确性，一般来说通过简单的可视化可以确保分割大致上是没有问题的。

```
## 如果只使用T1像
freeview -v nu.mgz -v lh.hippoSfLabels-T1.v10.mgz:colormap=lut -v rh.hippoSfLabels-T1.v10.mgz:colormap=lut
## 如果只使用T2像
freeview -v nu.mgz -v T2.FSspace.mgz:sample=cubic -v lh.hippoSfLabels-T2.v10.mgz:colormap=lut -v rh.hippoSfLabels-T2.v10.mgz:colormap=lut
## 如果使用T1+T2像
freeview -v nu.mgz -v T2.FSspace.mgz:sample=cubic -v lh.hippoSfLabels-T1-T2.v10.mgz:colormap=lut -v rh.hippoSfLabels-T1-T2.v10.mgz:colormap=lut
```

下图是只使用T2像的一个例子，如果有很多被试，可能需要批量生成图片，可以参考我以前的[博客](#)。



六、其他

如果是纵向追踪数据，[步骤](#)有所不同。这里介绍的内容仅适用于FreeSurfer 6.0，在FreeSurfer 7中，[海马亚区模块](#)进一步得到优化。另外，海马亚区分析至少需要10G内存。