

# 目 录

1 引言.....	1
2 软件概述.....	1
2.1 编写目的 .....	1
2.2 系统配置 .....	1
2.3 软件运行 .....	1
2.3.1 运行环境.....	1
2.3.2 软件结构.....	1
3 软件使用教程.....	2
3.1 实验数据说明 .....	2
3.2 进入软件文件夹 .....	2
3.3 环境配置 .....	3
3.4 软件运行 .....	4
3.4.1 运行 Pipeline .....	4
3.4.2 运行 Statistic Analysis .....	7
3.4.2.1 单样本 $t$ 检验(One-Sample $t$ -test) .....	7
3.4.2.2 双样本 $t$ 检验(Two-Sample $t$ -test).....	9
3.4.2.3 多元回归(Multiple Regression).....	10
3.4.2.4 单因素方差分析(One-way ANOVA) .....	11
3.4.2.5 双因素方差分析(Two-way ANOVA).....	12
3.4.3 运行 View .....	13
3.4.3.1 统计结果的显示.....	14
3.4.3.2 统计结果的矫正.....	15
3.4.3.3 统计结果的报告.....	16
3.4.4 运行 Utilities.....	17
3.4.4.1 数据转换 (Convert) .....	17
3.4.4.2 数据计算器 (Calculator) .....	19
3.4.4.3 数据提取 (Extractor) .....	20

# 1 引言

spaMRI (Surface-based Processing & Analysis for MRI)是一款在 Matlab 环境下处理基于皮层的结构磁共振成像数据软件，主要目的是为脑科学研究者提供一个界面友好、自动化流程的计算分析平台。

大脑的结构具有稳定性和可塑性，因此关于大脑结构像的核磁共振研究越来越受到关注。比如寻找可靠、稳定的结构生物标记物，从而指导神经精神疾病的临床诊断和治疗；探索由外界环境刺激，如学习等认知训练而产生的大脑结构可塑性的变化，有助于改善人们的认知能力；研究脑结构随年龄的变化轨迹，阐明老人智力迟缓、记忆衰退的原因。

基于皮层的形态学分析可以提供多种形态学指标，比如皮层厚度、皮层面积、皮层体积、皮层沟回深度等。这些指标可以定量的描述脑结构的变化情况。通过这些分析和研究手段，我们可以更好的理解大脑的工作机制以及脑疾病的病理机制。

## 2 软件概述

### 2.1 编写目的

编写本软件使用说明的目的是充分叙述本软件所能实现的功能及其运行环境，以便使用者了解本软件的使用范围和使用方法，并为软件的维护和更新提供必要的信息。

### 2.2 系统配置

本软件要求在PC及其兼容机上运行，基本要求4G以上内存，50G以上硬盘。软件需要有Linux或者Mac操作系统(或虚拟系统)环境。硬件需要有PC机及通用输入输出设备（键盘、鼠标、显示器）。

### 2.3 软件运行

#### 2.3.1 运行环境

本软件需在Matlab环境下运行，故先要安装Matlab软件。还需要FreeSurfer软件。

Matlab下载和安装教程：<https://www.linuxidc.com/Linux/2016-10/136436.htm>

FreeSurfer下载网址：<http://www.freesurfer.net/fswiki>

#### 2.3.2 软件结构

将spaMRI添加到Matlab路径，在Matlab命令栏输入spamri即可进入软件的主菜单，进行需要的软件操作，软件的结构界面可见图1。

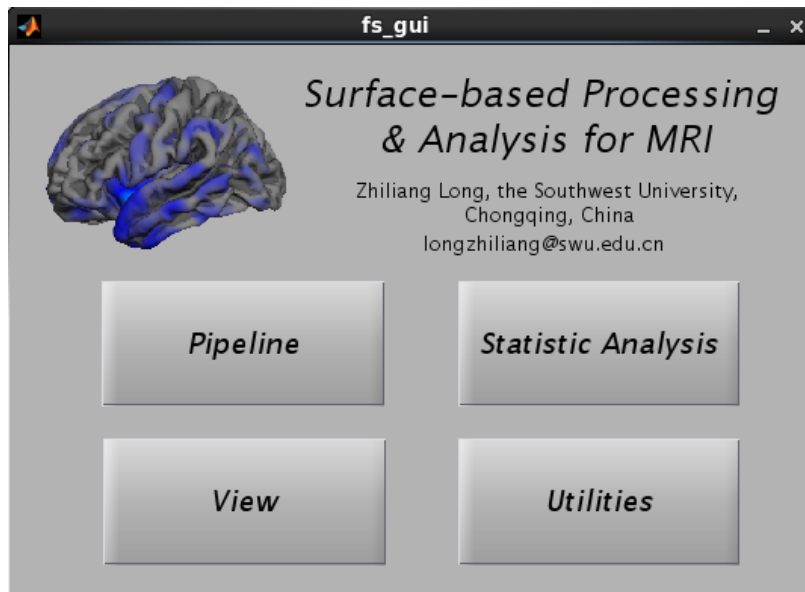
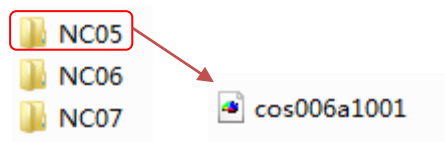


图 1 软件结构界面

## 3 软件使用教程

### 3.1 实验数据说明

网上提供的共享结构磁共振数据。总共16个被试的T1像数据。首先把原始的T1像数据转成nifti格式。每个被试新建一个文件夹，该文件夹下面存放该被试的T1数据。转换后的数据整理如下：



### 3.2 进入软件文件夹

将本软件安装包解压到磁盘任意路径（路径中不得含中文字符），解压后的文件内容见图2（包含2个文件夹和46个文件），随后运行Matlab，将Matlab当前工作路径设置为磁共振数据所在路径。在命令窗口（CommandWindow）中输入spamri后本软件开始运行并弹出软件界面。

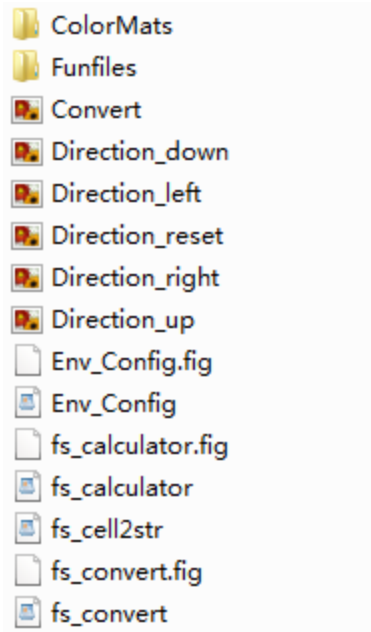


图 2 解压后的文件

### 3.3 环境配置

在Matlab命令栏输入spamri后，会出现配置环境的窗口（如图3）。也可在命令栏输入Env\_Config来配置环境。

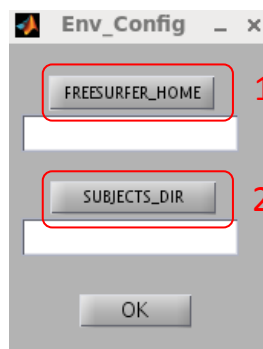


图 3 环境配置界面

界面1： 选择输入FreeSurfer软件安装路径。

界面2： 选择输入结果输出文件夹。然后点击OK按钮，则在命令栏出现提示：

```
The FREESURFER_HOME is :/usr/local/freesurfer
The SUBJECTS_DIR is :/mnt/hgfs/VM_ShareFolders/FS_course_data/Course_results_statistical
```

## 3.4 软件运行

### 3.4.1 运行 Pipeline

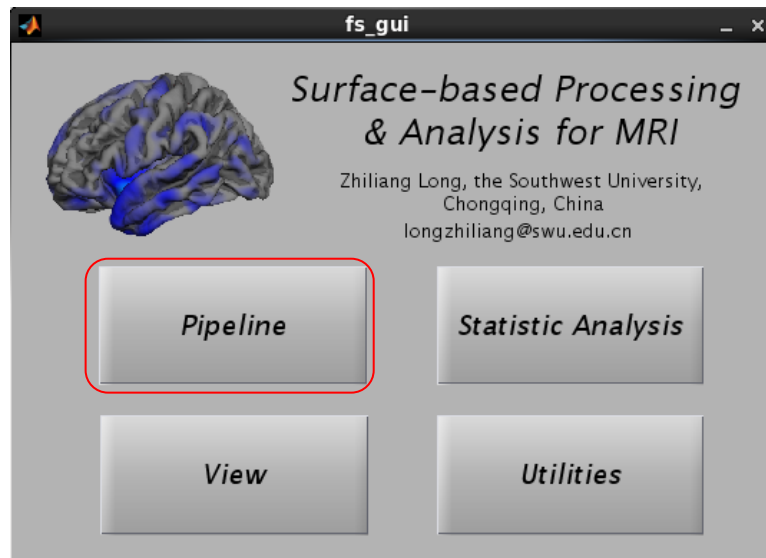


图 4 点击运行 Pipeline

点击运行Pipeline（图4），出现Pipeline的主界面（图5）。

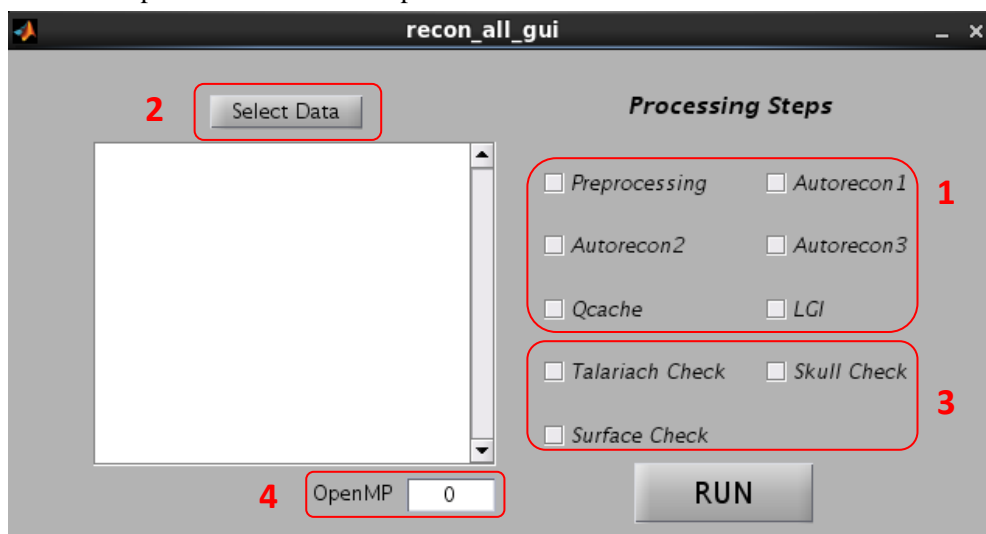


图 5 Pipeline 主界面

界面1：数据处理流程，包括数据预处理（Preprocessing），Autorecon1, Autorecon2, Autorecon3, 标准化（Qcache）和计算局部回指数（LGI）。

界面2：选择数据。如果选择了界面A的Preprocessing，则选择被试文件夹的上一级文件夹。否则选择SUBJECTS\_DIR文件夹下面的被试文件夹。生成的结果如下（图6）：

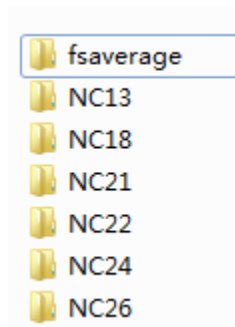


图 6 界面 A 运行后生成的结果

界面3：质量检查。包括检查Talairach配准，剥颅骨情况，皮层检查。检查结果存放在Quality\_control文件夹下面。该文件夹包含3个结果文件夹：1) Skullstrip文件夹，该文件夹里的图片主要检查剥颅骨情况，如图7；2) Surface文件夹，该文件夹里图片检查皮层重构是否完整，如图8，白质分割是否正确，如图9；3) Talairach文件夹，该文件夹里存的是talairach配准图片，如图10。

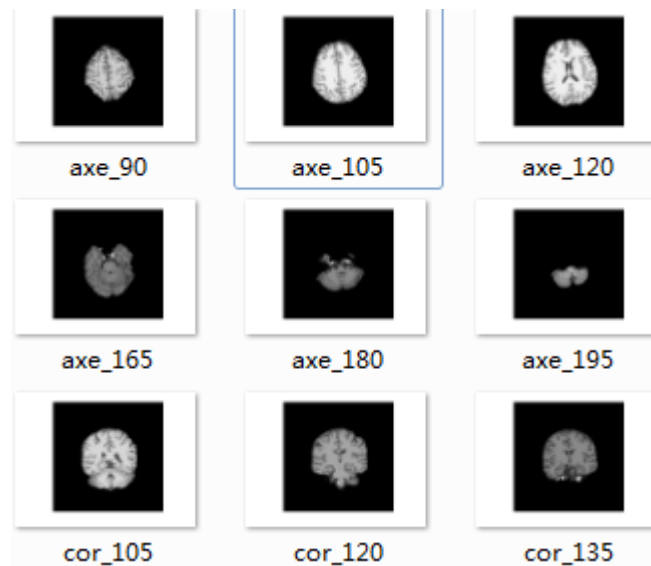


图 7 剥颅骨检查

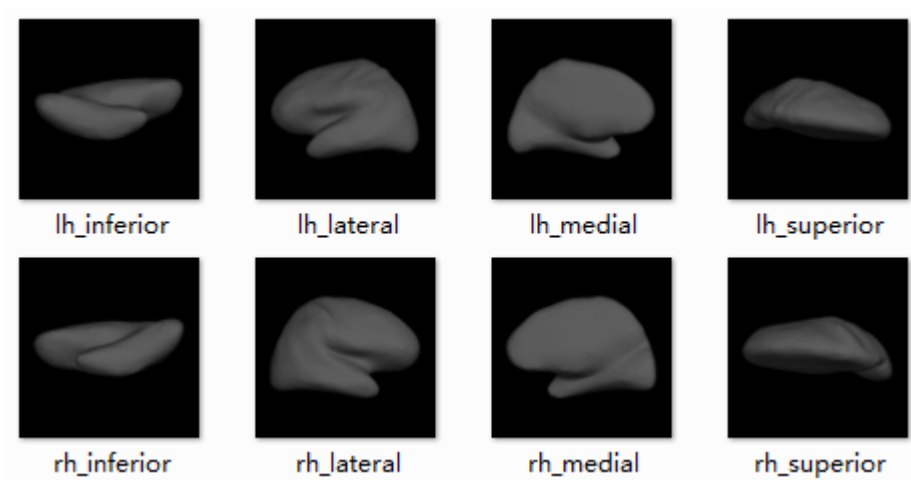


图 8 surface 结果检查

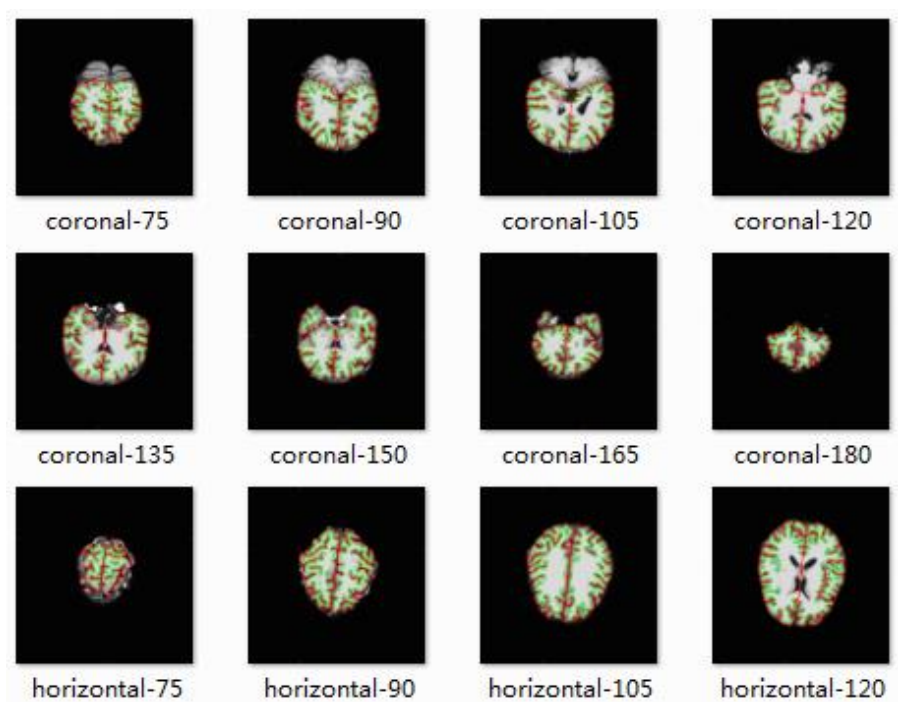


图 9 白质分割结果检查

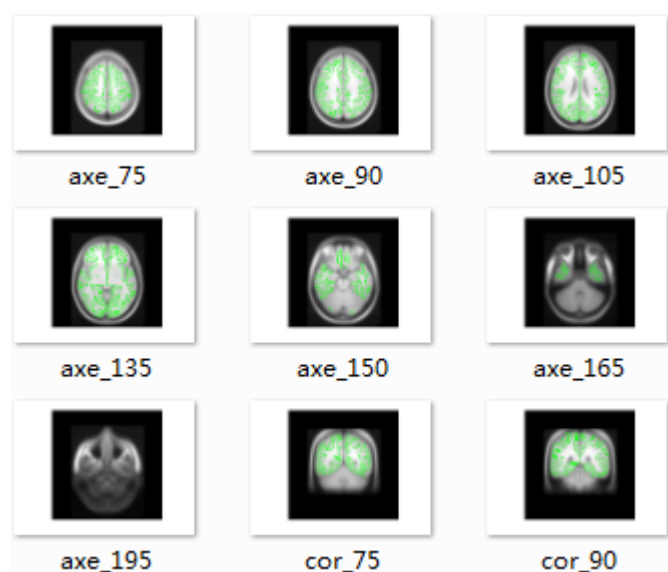


图 10 Talairach 配准结果

界面4: 开启处理器个数。默认0表示不开启。处理器数开启越多，界面A的数据处理花的时间越少。

### 3.4.2 运行 Statistic Analysis

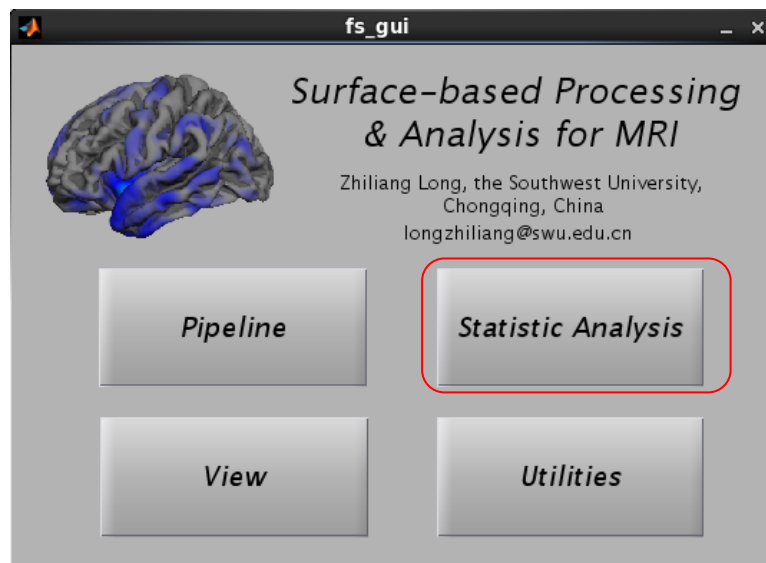


图 11 点击运行 Statistic Analysis

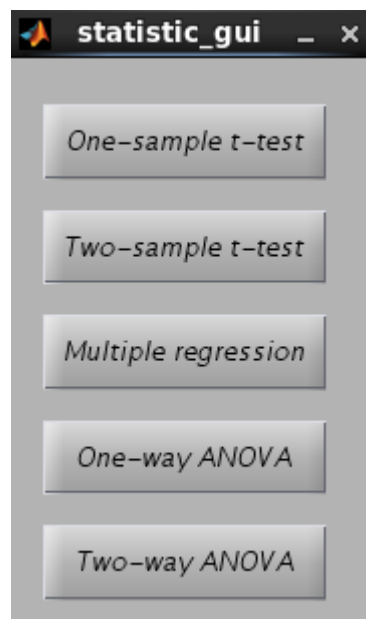


图 12 Statistic Analysis 界面

#### 3.4.2.1 单样本 t 检验(One-Sample t-test)

单样本t检验界面如下（图13）：



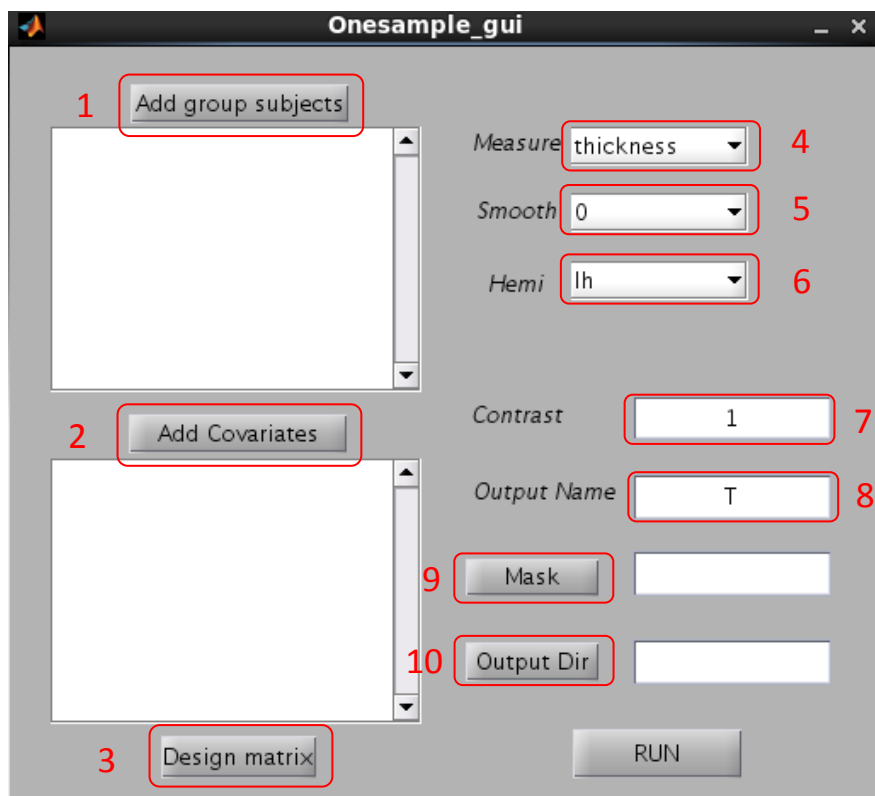


图 13 单样本 t 检验界面

界面1: 添加一组被试;

界面2: 添加协变量, 协变量格式可以是mat、txt和xls;

界面3: 显示设计矩阵;

界面4: 选择皮层测量值thickness, area, area.pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white, w-g.pct.mgh, white.H, white.K

界面5: 选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面6: 选择lh或者rh

界面7: 填写contrast, 默认1

界面8: 填写生成结果文件名的前缀, 默认T

界面9: 选择mask (mask文件是label文件), 不选则默认是全脑

界面10: 选择输出文件夹

点击RUN运行。

生成的结果如下 (图14):

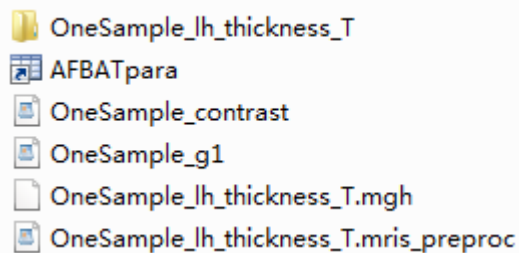


图 14 单样本 t 检验结果

### 3.4.2.2 双样本 t 检验(Two-Sample t-test)

双样本t检验界面如下（图15）：

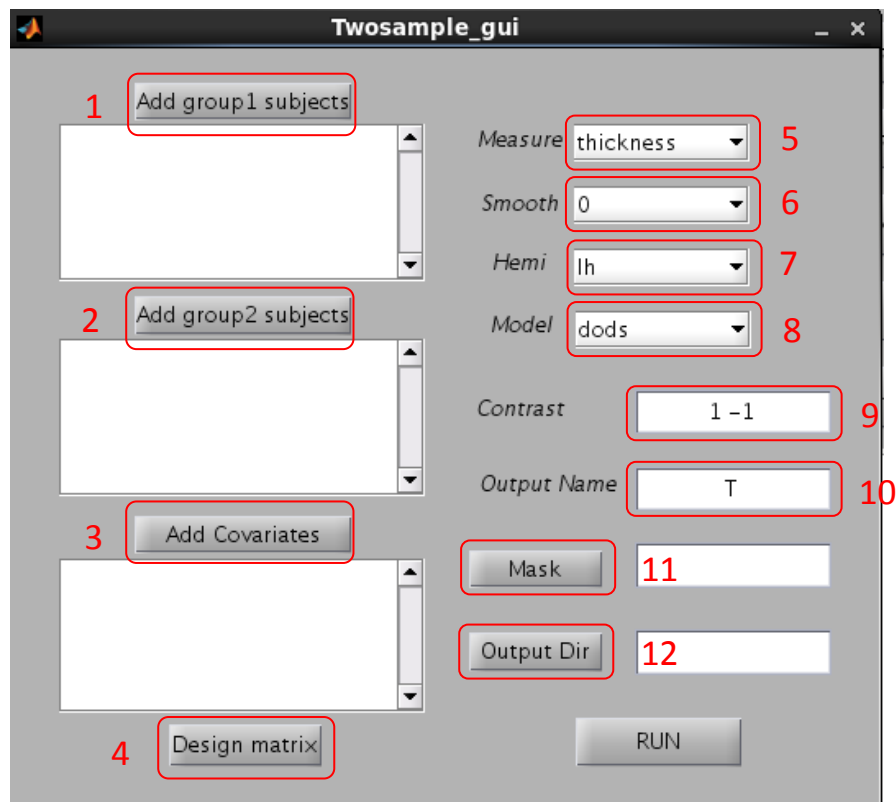


图 15 双样本 t 检验界面

界面1：添加第一组被试；

界面2：添加第二组被试；

界面3：添加协变量，协变量格式可以是mat、txt和xsl；

界面4：显示设计矩阵；

界面5：选择皮层测量值thickness, area, area.pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white, w-g.pct.mgh, white.H, white.K

界面6：选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面7：选择lh或者rh

界面8：选择统计模型dods或者doss

界面9：填写contrast，默认1 -1

界面10：填写生成结果文件的前缀，默认T

界面11：选择mask（mask文件是label文件），不选则默认是全脑

界面12：选择输出文件夹

点击RUN运行。

生成的结果如下（图16）：



图 16 双样本 t 检验结果

### 3.4.2.3 多元回归(Multiple Regression)

多元回归界面如下（图17）：

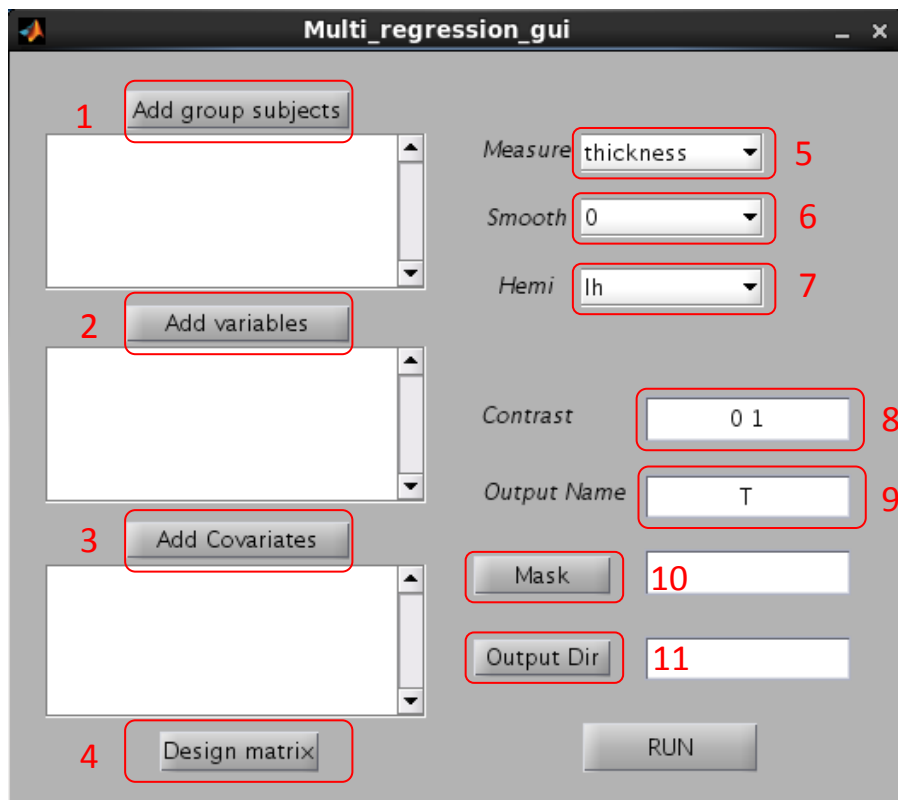


图 17 多元回归界面

界面1：添加一组被试；

界面2：添加感兴趣的变量，变量格式有mat、txt和xsl；

界面3：添加协变量，协变量格式可以是mat、txt和xsl；

界面4：显示设计矩阵；

界面5：选择皮层测量值thickness, area, area.pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white, w-g.pct.mgh, white.H, white.K

界面6：选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面7：选择lh或者rh

界面8：填写contrast，默认0 1

界面9：填写生成结果文件的前缀，默认T

界面10：选择mask（mask文件是label文件），不选则默认是全脑

界面11：选择输出文件夹

点击RUN运行。

生成的结果如下（图18）：

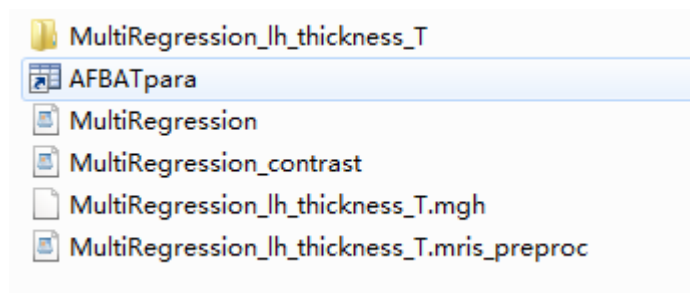


图 18 多元回归检验结果

### 3.4.2.4 单因素方差分析(One-way ANOVA)

目前单因素方差分析只考虑被试间设计。该界面如下（图19）：

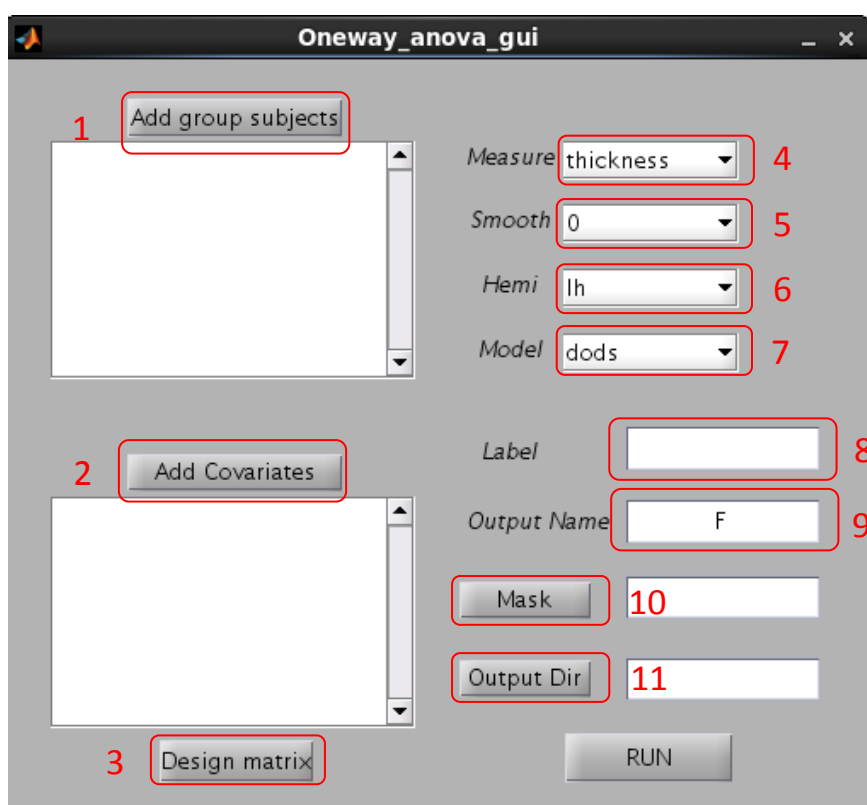


图 19 单因素方差分析界面

界面1：添加所有被试；

界面2：添加协变量，协变量格式可以是mat、txt和xsl；

界面3：显示设计矩阵；

界面4：选择皮层测量值thickness, area, area.pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white, w-g.pct.mgh, white.H, white.K

界面5：选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面6：选择lh或者rh

界面7：选择统计模型dods还是doss

界面8：填写label。1xN的数字矩阵，N是被试数。矩阵里的数字表示该被试属于哪一组。

比如[1 1 1 2 2 2]表示有6个被试，前3个被试是第一组，后三个被试是第二组。

界面9：填写生成结果文件的前缀，默认F

界面10：选择mask（mask文件是label文件），不选则默认是全脑

界面11：选择输出文件夹

点击RUN运行。

生成的结果如下（图20）：

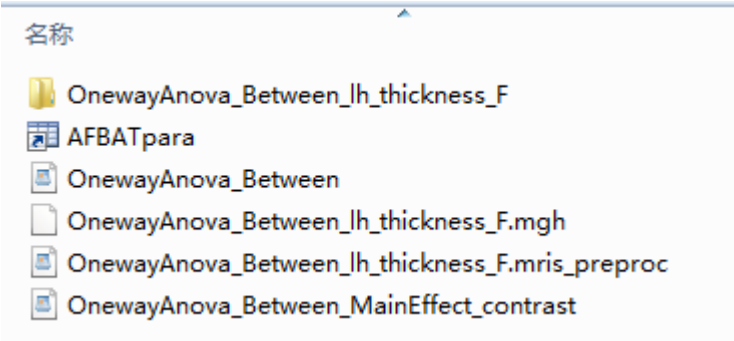


图 20 单因素方差分析检验结果

3.4.2.5 双因素方差分析(Two-way ANOVA)

目前双因素方差分析只考虑被试间设计。该界面如下（图20）：

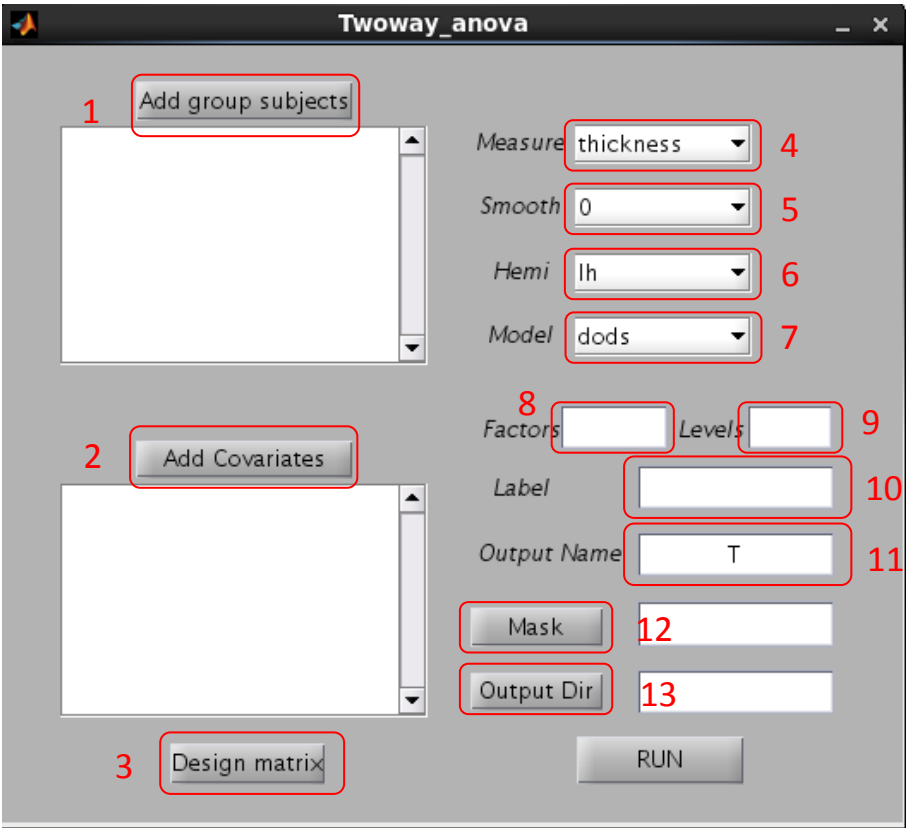


图 20 双因素方差分析界面

界面1：添加所有被试；

界面2：添加协变量，协变量格式可以是mat、txt和xsl；

界面3：显示设计矩阵；

界面4：选择皮层测量值thickness, area, area\_pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white,

w-g.pct.mgh, white.H, white.K

界面5: 选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面6: 选择lh或者rh

界面7: 选择统计模型dods还是doss

界面8: 填写2个因子名字, 逗号隔开。如diagnosis, gender

界面9: 填写2个因子各有多少水平数, 逗号隔开。如2,3表示2x3的方差设计

界面10: 填写label。1xN的数字矩阵, N是被试数。矩阵里的数字表示该被试属于哪一组。比如[11 11 12 12 21 21 22 22]表示有8个被试, 前2个被试是第一个因子第一个水平+第二个因子第一个水平, 后两个被试是第一个因子第一个水平+第二个因子第二个水平, .....以此类推。

界面11: 填写生成结果文件的前缀, 默认T

界面12: 选择mask (mask文件是label文件), 不选则默认是全脑

界面13: 选择输出文件夹

点击RUN运行。

生成的结果如下 (图21):

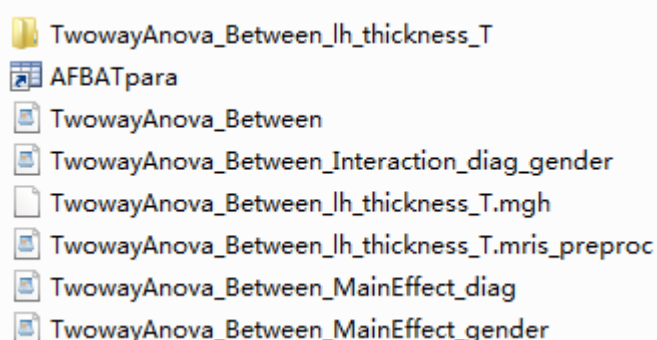


图 21 双因素方差分析结果

### 3.4.3 运行 View

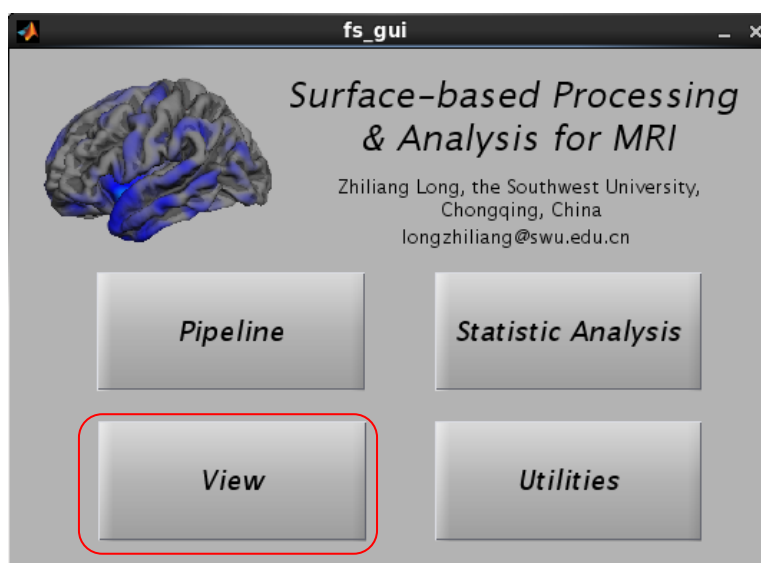


图 22 点击 View 按钮

View 界面功能是查看统计结果、矫正和报告统计结果。界面如下 (图 23):

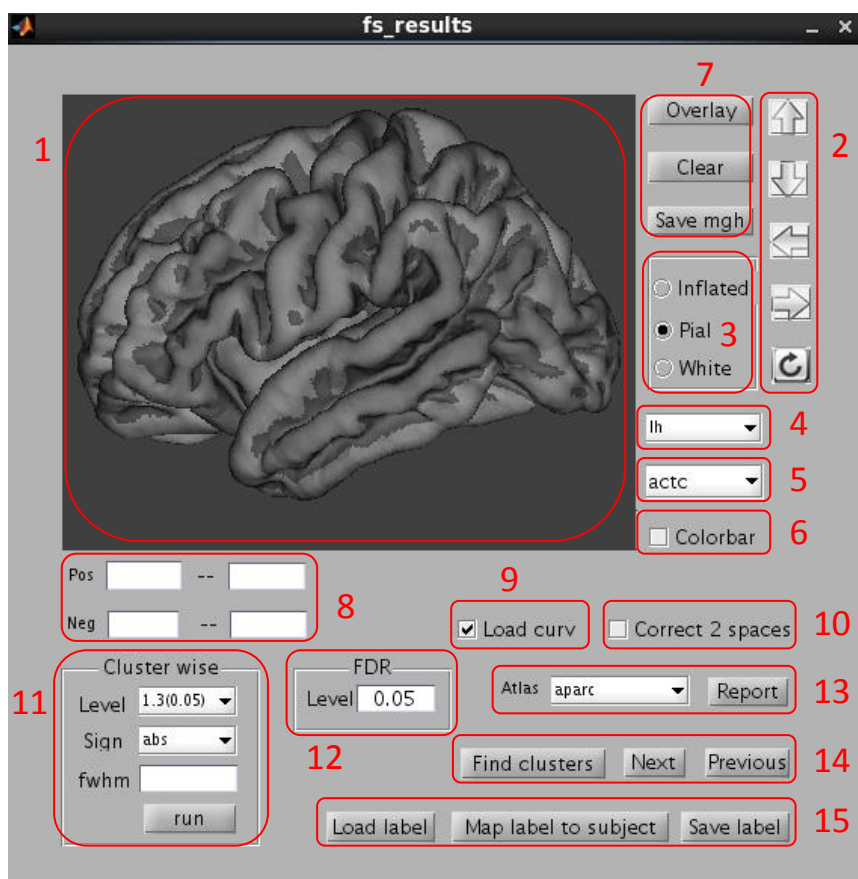


图 23 View 界面

界面1: 图形显示窗口;

界面2: 图形上下左右旋转和复位;

界面3: surface显示的3种方式, 包括Inflated、Pial和White

界面4: 选着左脑还是右脑

界面5: 选择colorbar种类 (在overlay时才有效)

界面6: 是否显示colorbar

界面7: 加载、清除和保存mgh文件

界面8: 显示或调整overlay图数字范围

界面9: 是否显示curv曲面

界面10: 矫正时是否考虑左右半球

界面11: 蒙特卡洛矫正

界面12: fdr矫正


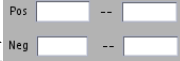
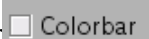

界面13: 报告统计结果

界面14: 寻找每个cluster及它的信息

界面15: 加载和保存label, 以及把label从fsaverage空间映射回被试的native空间

下面介绍 View 界面主要的三个功能。

### 3.4.3.1 统计结果的显示

点击  , 加载统计结果图 sig.mgh 文件, 调整不同阈值  , 选择显示 colorbar  , 选择不同的 colorbar 类型  , 结果如下 (图 24):

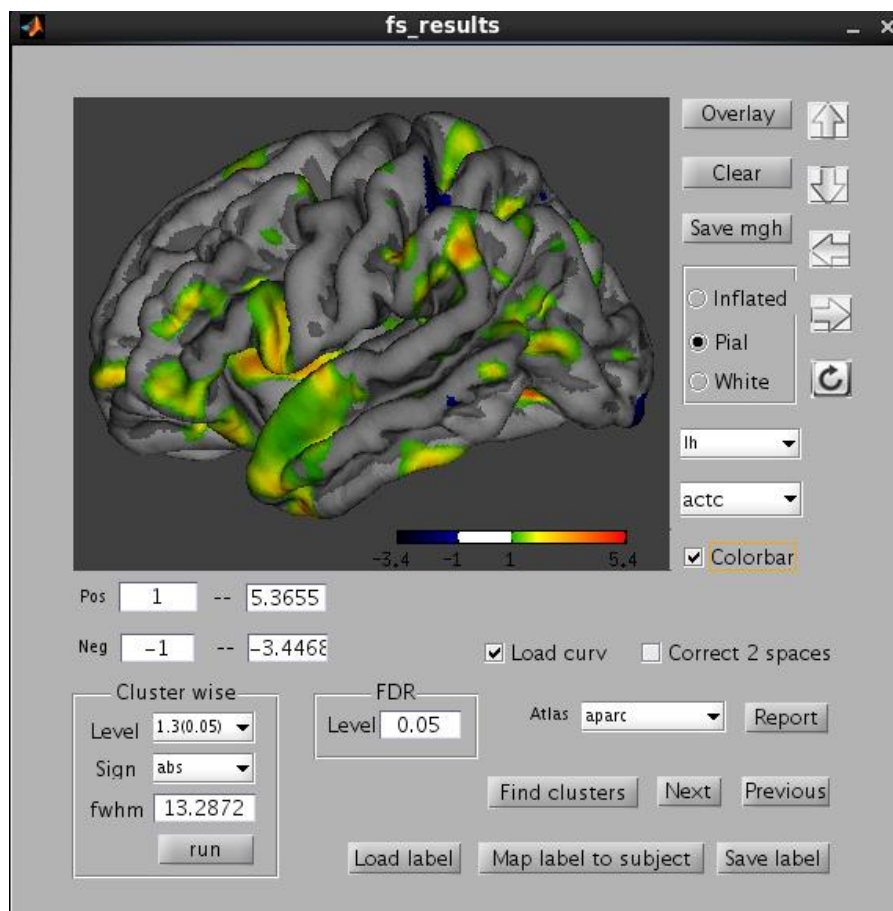


图 24 统计结果显示图

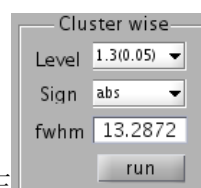
### 3.4.3.2 统计结果的矫正

加载统计结果 sig.mgh 文件后，有两种矫正方式可选择：1) fdr 矫正



，只

需填入矫正后水平回车即可；2) 蒙特卡洛矫正



，需依次填入 vertex 水平阈

值、统计值符号 (abs, pos, neg)，半高宽大小（注意这里是半高宽大小估计值，不是数据处理时的平滑核大小。如果统计用 Statistic Analysis 界面分析的话，则会自动加载半高宽大小），然后点击 run。如果统计时人为加入了 mask，这里就会根据新加入的 mask 来矫正（蒙特卡洛矫正会很慢）。统计后界面如下（图 25）：



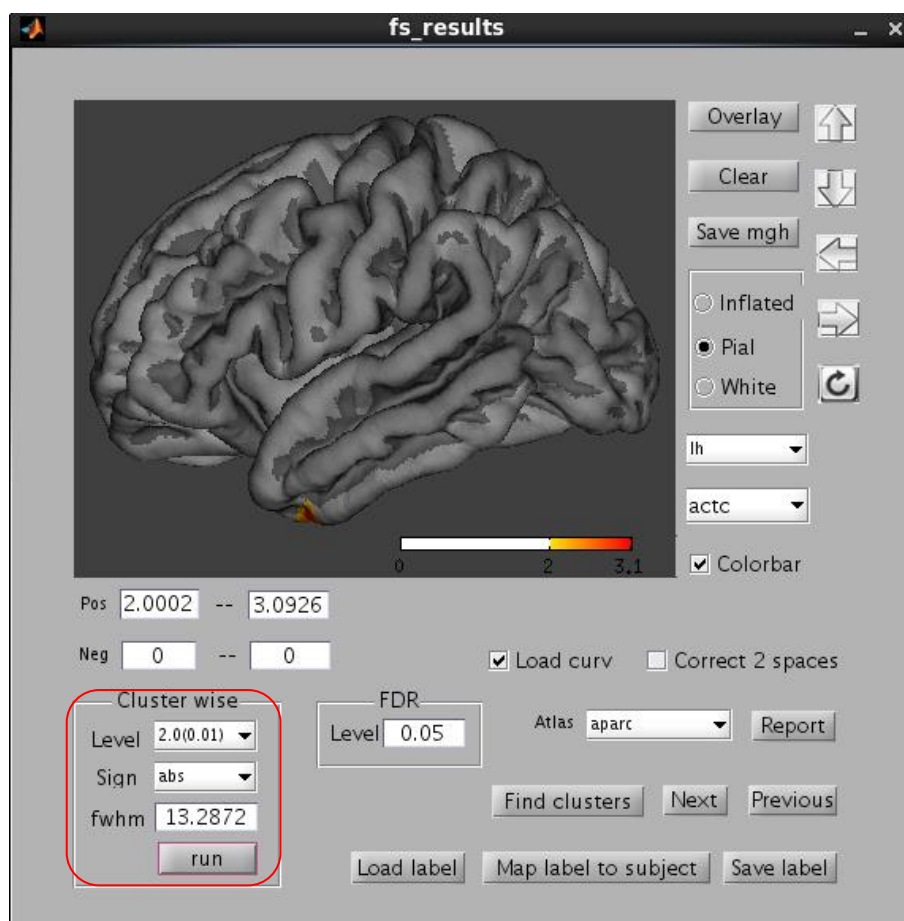


图 25 蒙特卡洛校正结果图

### 3.4.3.3 统计结果的报告

统计结果校正完以后，选择适当的 Atlas Atlas    aparc，然后点击 Reports，则会在 Matlab 的命令窗口报道脑区的信息，如下图（图 26）：

```
#Clusters:
ClusterNo  Vtxpeak  Vtxmax  Size(mm^2)  Nvtx  MNIx  MNIy  MNIz  AparcPeak  Aparcs
1          3.0926  75297  317.329    569   -36.55  0.52  -39.59  inferiortemporal  entorhinal(10.5448%)
```

图 26 校正后结果报告

报道的 cluster 信息有：cluster 编号（ClusterNo）、Peak 点统计值（Vtxpeak）、Peak 所在的顶点（Vtxmax）、cluster 大小（Size）、cluster 顶点数（Nvtx）、Peak 点 MNI 坐标（MNIx, MNIy, MNIz）、Peak 所在脑区名字（AparcPeak）、Cluster 包含哪些脑区（Aparc）。

### 3.4.4 运行 Utilities

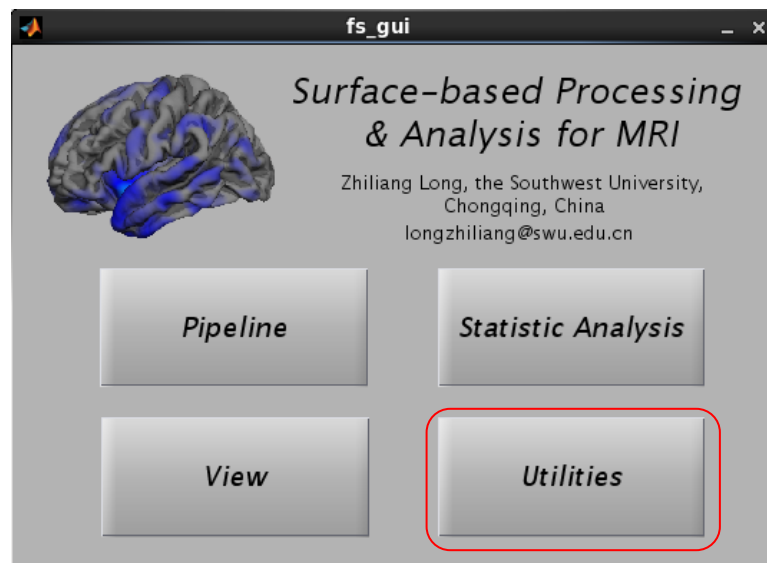


图 26 点击运行 Utilities

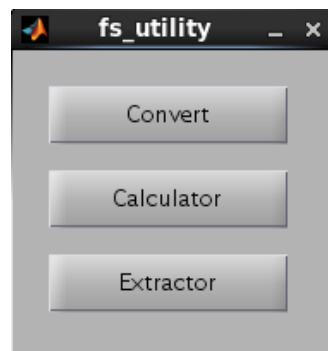


图 27 Utilities 的界面图

Utilities 界面分三个功能块介绍。

#### 3.4.4.1 数据转换（Convert）

数据转换的界面如下（图 28）：

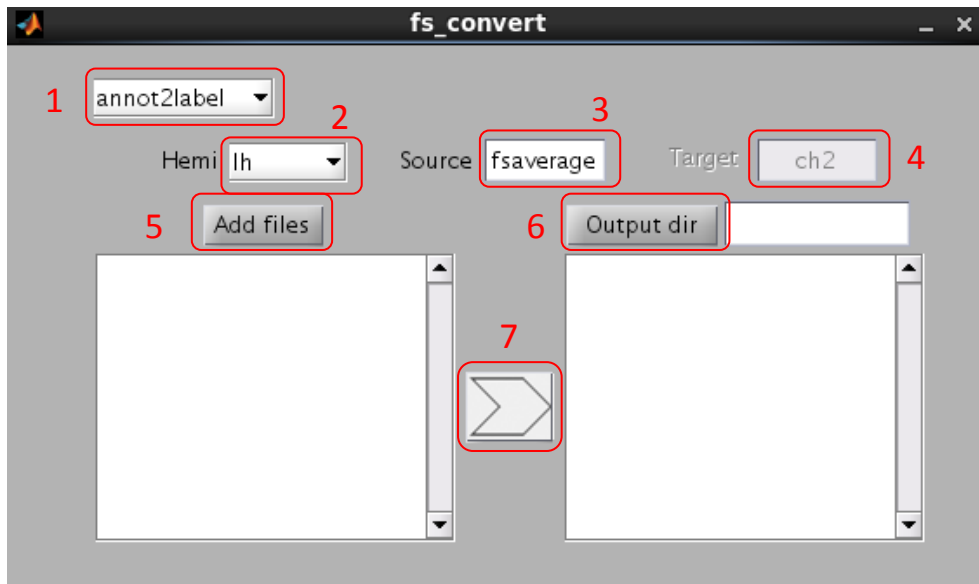


图 28 数据转换界面

界面1: 选择数据转换类型, 目前有以下类型annot2label, label2annot, label2label, surf2surf, label2nifti, nifti2label, surf2nifti, nifti2surf, mgz2nifti, nifti2mgz。

界面2: 选择左脑还是右脑

界面3: 填写文件来源空间。默认是fsaverage

界面4: 填写文件目标空间。默认是ch2（这里ch2是通过mricron安装目录下的templates文件夹下的ch2.nii文件跑一遍recon-all得到）

界面5: 选择添加对应的数据类型文件

界面6: 选择输出文件夹

界面7: 点击开始运行

下面以 annot2label 转换为例进行说明。

首先选择 **annot2label**，选择右脑 **rh**，源空间默认 **fsaverage**。这里意思是要把 fsaverage 空间上的右脑分区模板（annot 文件）转化为 ROI（label 文件）。然后选择右脑分区模板和输出目录（图 29）。

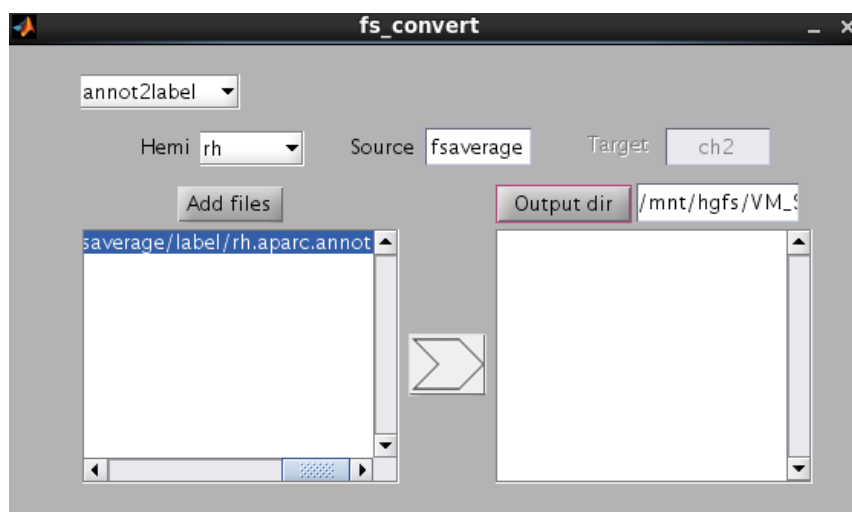


图 29 annot2label 转换示例图

然后点击运行得到如下结果（图 30）：

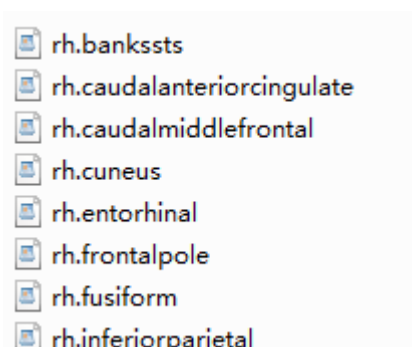


图 30 annot2label 转换结果图

### 3.4.4.2 数据计算器（Calculator）

数据计算器界面如下（图 31）：

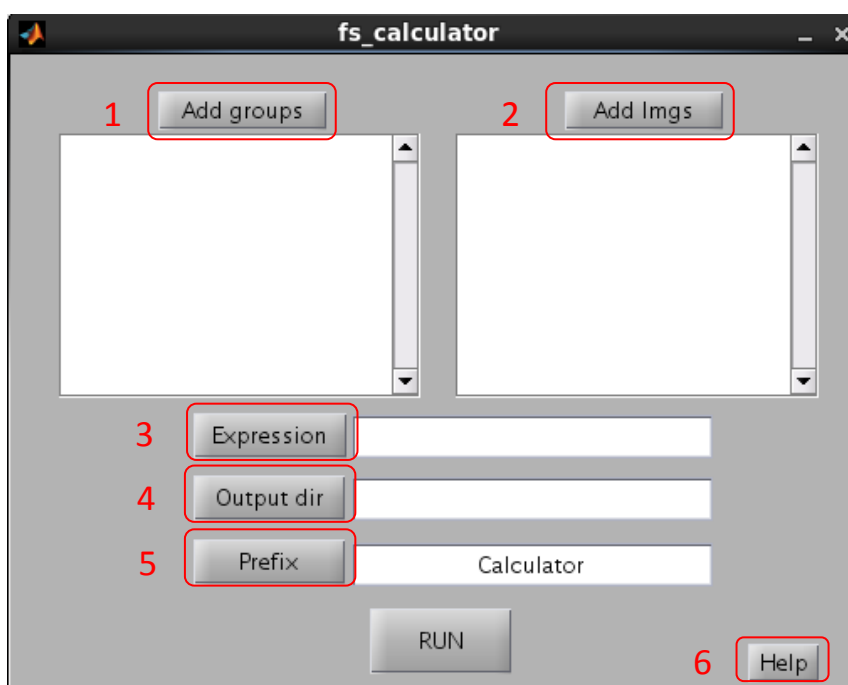


图 31 数据计算器界面

界面1：以组的形式添加数据。注意每组必须包含相同数量的同一种数据类型。

界面2：以文件形式添加数据。可添加数据类型是label文件或者mgh文件

界面3：写入表达式。具体参照Help

界面4：选择输出文件夹

界面5：确定输出文件名前缀。默认是Calculator

界面6：Help文档

下面以合并两个 ROI（label 文件）为例说明。

点击 **Add Imgs**，选定两个 ROI。填写表达式 `union(i1,i2)`，选择输出目录。选定后的界面如下（图 32）：

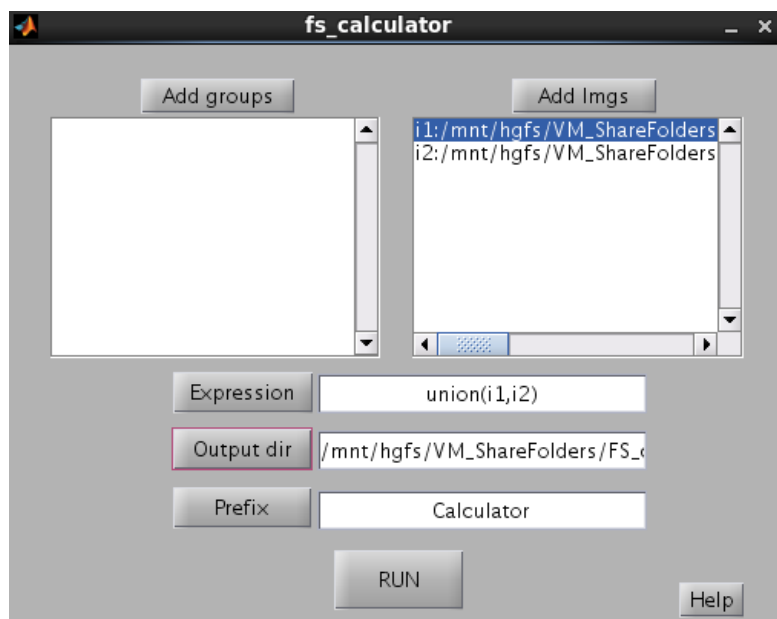


图 32 两个 ROI 的合并示例

点击运行，生成的结果是这两个 ROI 的合并（label 文件  Calculator）。

### 3.4.4.3 数据提取（Extractor）

数据提取界面如下（图 33）：

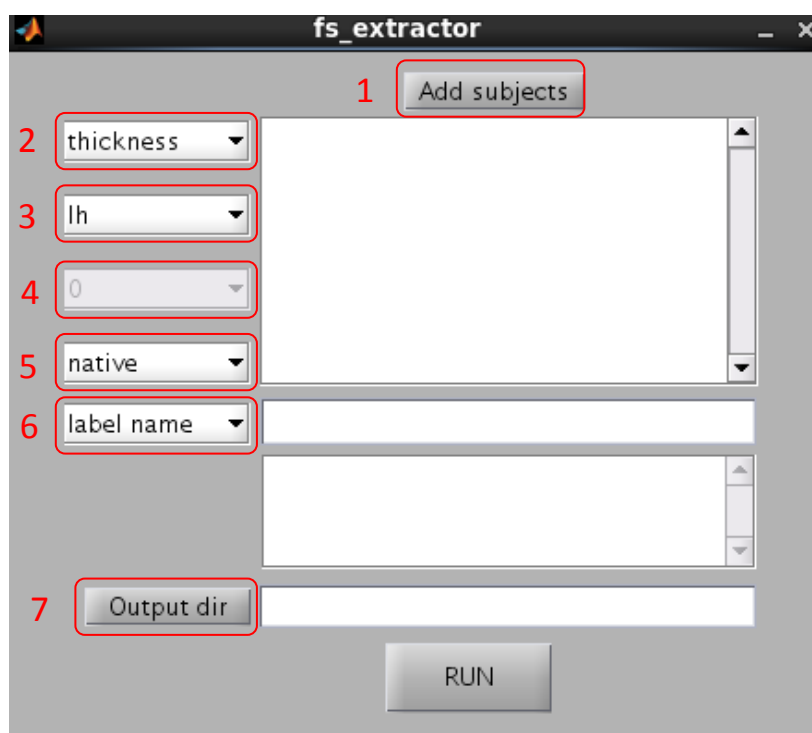


图 33 数据提取界面

界面1：选择被试文件夹

界面2：选择皮层测量值thickness, area, area.pial, sulc, curv, pial\_lgi, volume, jacobin\_white, w-g.pct.mgh。

界面3：选择lh或者rh

界面4: 选择平滑核0, 5,10,15,20,25

界面5: 选择natiave还是fsaverage

界面6: 选择ROI或者Atlas

界面7: 选择输出目录

下面以提取native空间的ROI皮层厚度为例说明。

点击 **Add subjects** 添加被试，测量值选择皮层厚度 **thickness**，选择左脑

**lh**，选择 **label name**，在右边框中填入两个ROI的名字，以逗号隔开。

选择输出目录。选定后界面如下（图34）：

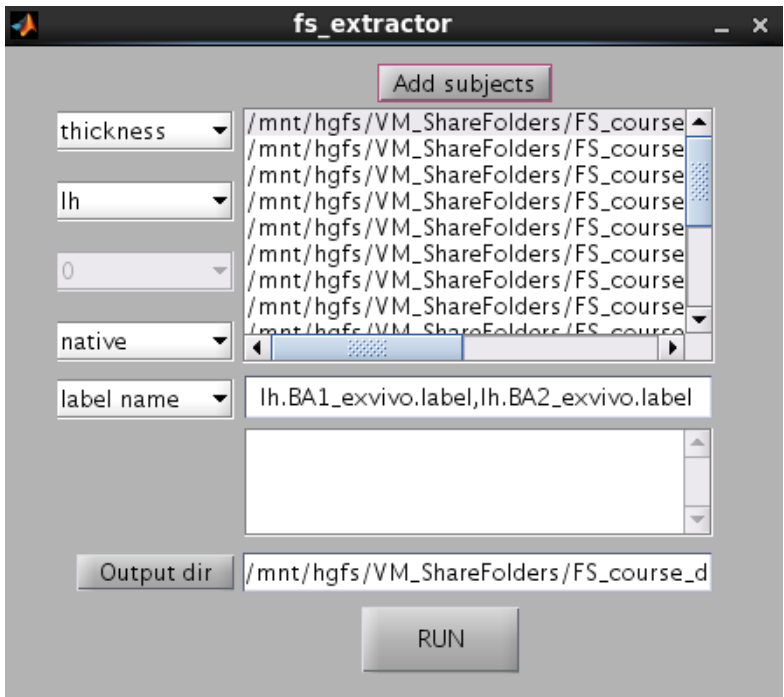


图 34 提取 ROI 皮层厚度示例图

点击运行，生成结果为 txt 文档。如下（图 35）：

subjid_name	lh. BA1_exvivo.label	lh. BA2_exvivo.label
NC13	2.1847	2.2543
NC18	2.0408	2.1729
NC21	2.2899	2.3098
NC22	2.188	2.2941
NC24	2.6251	2.5223
NC26	2.1869	2.2007
RTN02	2.0758	2.3142
RTN09	2.0528	2.1758
RTN10	2.2179	2.1954
RTN16	2.6083	2.4786
RTN21	2.1229	2.2123
RTN24	1.9722	2.1034
RTN27	2.1081	2.1219
RTN31	2.1296	2.2018
RTN34	2.1083	2.2003
RTN36	2.4577	2.4328

图 35 提取的 ROI 皮层厚度值