第2部(1) ROI解析

筑波大学医学医療系 精神医学

根本 清貴

本勉強会のルール

- ターミナルでタイプするものは、青色で表示
 - 例: freeview -v bert/mri/T1.mgz
- 入力する必要のないコマンドは、紫色で表示
- スクリプトに記載してある内容は緑色で表示
- ショートカットキーの組み合わせは、Ctrl+Cのように水色で色づけ
- GUIでの動作は、View → Show Control Panel のように紫で色づけ
- # 以降は、解説でありタイプする必要はない
- 「フォルダ」=「ディレクトリ」

本セクションの目標

- FreeSurferに搭載されているアトラスについて理解 する
- ROI解析のために必要なコマンドを知る
- 海馬のSubfield解析の結果を集めるためのコマンドを知る
- 脳幹の構造解析の結果を集めるためのコマンドを知る

本セクションのチートシート

- nisg-202001/docs にある ex5.html をダブ ルクリック
- コマンドの意味も記載されている

SUBJECTS_DIRの設定

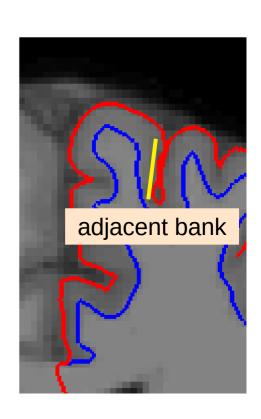
• Lin4Neuroの場合
nisg=/media/sf_share/nisg-202001

MacOSの場合nisg=~/git/nisg-202001

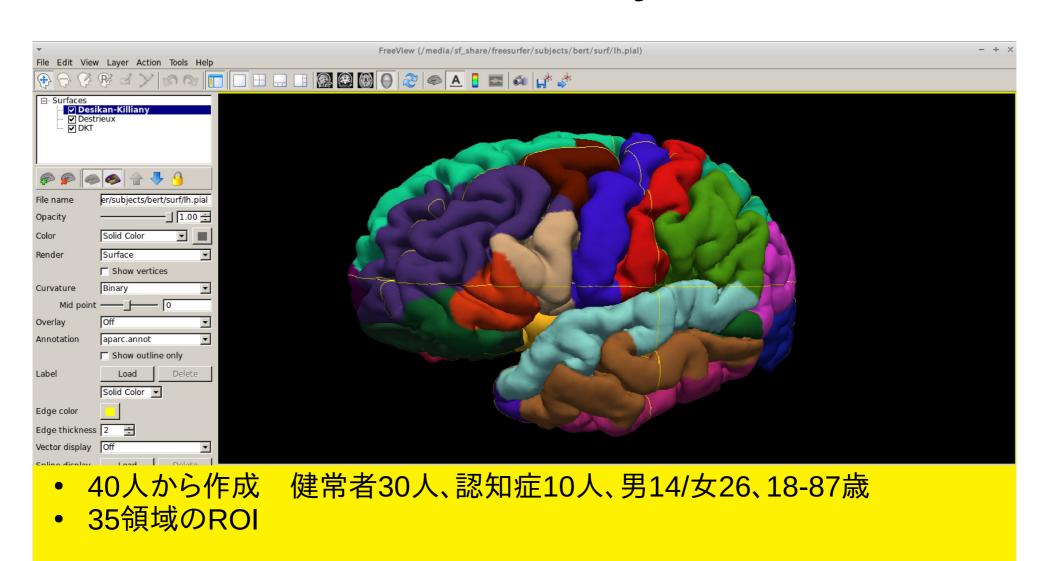
```
SUBJECTS_DIR=$nisg/subjects
cd $SUBJECTS_DIR/ernie
```

FreeSurferに準備されているアトラス

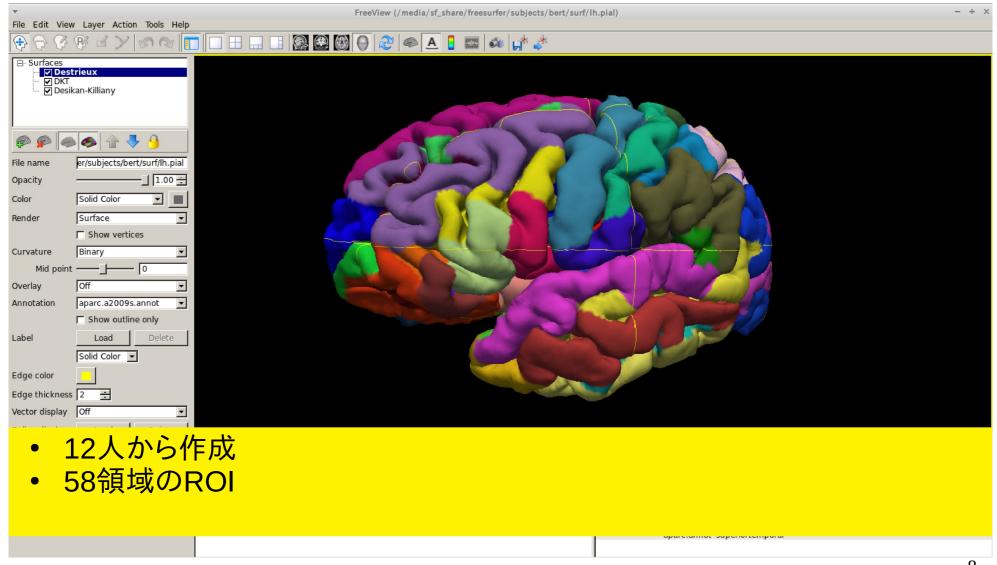
- FreeSurferには3つのアトラスが準備されている
 - Desikan-Killiany (aparc)
 - 脳回をもとにしたアトラス
 - 脳回は軟膜画像で見える部分+それに隣接している土手 (adjacent bank) 部分で構成
 - Destrieux (aparc.a2009s)
 - 曲率の情報を使って皮質を脳回と脳溝に区分
 - 脳回はpial画像で見える部分だけの情報
 - 脳回の土手は脳溝として扱われる
 - DKT (aparc.DKTatlas)
 - Desikan–Killiany–Tourville
 - Mindboogle-101の40人のデータから構成
- FreeSurferのページでは、Desikan-KillianyかDestrieuxが扱われているため、この2つを主に扱う



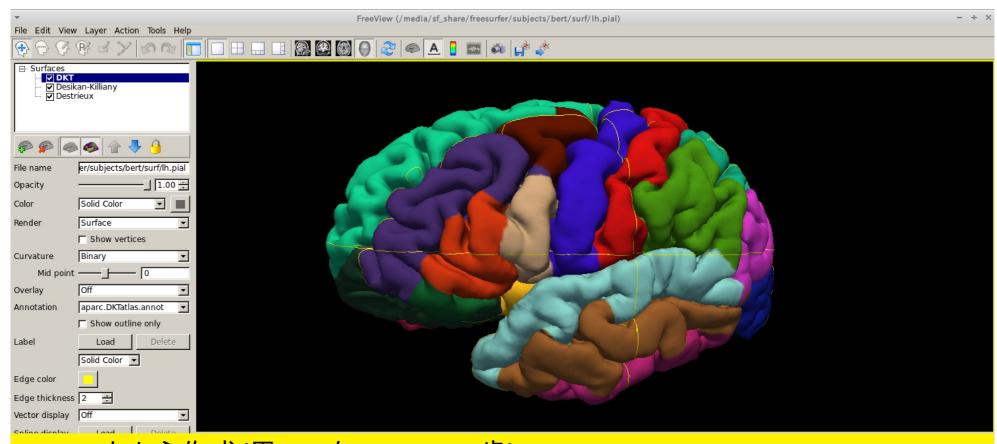
Desikan-Killiany atlas



Destrieux atlas



DKT atlas



- 40人から作成(男20、女20、26±7歳)
- DK atlas の変形
- 35領域のROI

ROIの数値を知る

- FreeSurferの特徴のひとつに、recon-all が終わった際に、既にROIの数値が得られているということが挙げられる
- 各subjectの stats ディレクトリにファイルがある
- stats に移動し、ls でファイルの一覧を見る

cd stats

ls

\$SUBJECTS_DIR/ernie/stats

aseg.stats
lh.BA_exvivo.stats
lh.BA_exvivo.thresh.stats
lh.aparc.DKTatlas.stats
lh.aparc.a2009s.stats
lh.aparc.pial.stats

lh.aparc.stats
lh.curv.stats
lh.w-g.pct.stats
rh.BA_exvivo.stats
rh.BA_exvivo.thresh.stats
rh.aparc.DKTatlas.stats

rh.aparc.a2009s.stats
rh.aparc.pial.stats
rh.aparc.stats
rh.curv.stats
rh.w-g.pct.stats
wmparc.stats

- aseg.stats: 皮質下ROIの情報
- **lh.aparc.stats**: Desikan-Killiany atlasに基づいたROIの情報
- lh.aparc.a2009s.stats: Destrieux atlasに基づいたROIの情報
- wmparc.stats: wm画像におけるROIの情報

ROI情報を一度に取り出す

- 個々人の情報は stats ディレクトリにある
- 多くのSubject がいる時に1例1例取り出すのは大変
- FreeSurferには、一度に取り出して表を作成するコマンドがある
 - asegstats2table: aseg.stats to table
 - aparcstats2table: aparc.stats to table
- OAS2_0013 と OAS2_0048 のROI情報を取り出す



Pythonのバージョンに注意

- asegstats2table, aparcstats2table はともに、 Python2.x系で動作する
- macOSの方でデフォルトが Python3.x系にしている方はこのままだと動かない

python --version

\$FREESURFER_HOME/bin/ にある、
 asegstats2table および aparcstats2table の最初の行を以下に変更することでうまく動く

#!/usr/bin/env python2.7

デフォルトがPython 3.x系の場合

```
python -version
   Python 3.6.7

cd $FREESURFER_HOME/bin

sudo open -e asegstats2table
sudo open -e aparcstats2table
```

行頭を以下に変更 #!/usr/bin/env python2.7

asegstats2table

```
• 使い方は以下
 asegstats2table \
  --subjects subj1 subj2 subj3 \
  --tablefile テーブル名
• --delimiter=comma でコンマ区切りにできる
 cd $SUBJECTS_DIR
 asegstats2table \
  --subjects OAS2_0013 OAS2_0048 \
  --delimiter=comma \
  --tablefile aseg.vol.csv
```

aseg.vol.csv

- コマンドをタイプしたディレクトリに aseg.vol.csv は 保存されるので注意
- macOS, Lin4Neuro ともに以下で開く

open aseg.vol.csv

 macOSではNumbersが、Lin4Neuroでは LibreOfficeが起動するはずです

aseg.vol.csv

Measure: volume	Left-Lateral- Ventricle	Left-Inf- Lat-Vent	Left-Cerebellum- White-Matter	Left-Cerebellum- Cortex
OAS2_0013	17015.3	774.7	10676.7	39947.4
OAS2_0048	51450.7	1702.4	14135.5	56131.7

- Subjectごとに1行に表示される
- 行列を転置するには、--transpose を使う

```
asegstats2table \
  --subjects OAS2_0013 OAS2_0048 \
  --delimiter=comma \
  --transpose \
```

--table aseg.vol.trans.csv

aseg.vol.trans.csv

Measure:volume	OAS2_0013	OAS2_0048
Left-Lateral-Ventricle	17015.3	51450.7
Left-Inf-Lat-Vent	774.7	1702.4
Left-Cerebellum-White-Matter	10676.7	14135.5
Left-Cerebellum-Cortex	39947.4	56131.7
Left-Thalamus-Proper	5368.5	6106.4
Left-Caudate	3198.8	4307.7
Left-Putamen	4075.7	5878.5
Left-Pallidum	1425	2100.7
3rd-Ventricle	1542.4	2743.6
4th-Ventricle	1193.2	1924.6
Brain-Stem	16195.1	22025.3
Left-Hippocampus	3148.9	4049
Left-Amygdala	1297.8	1310.6

fs_stats_aseg.sh

- asegstats2table を簡単に使うために準備したスクリプト
- \$SUBJECTS_DIR/tables 内にcsvファイルを保存する
 - "タイムスタンプ.aseg.csv"
- 使い方は以下のとおりfs_stats_aseg.sh subject(s)
- OAS2_*MR[12] のROIデータを保存する fs_stats_aseg.sh OAS2_*MR[12]

open tables

fs_stats_aseg_trans.sh

- fs_stats_aseg.sh の結果を転置して出力する スクリプト
- 使い方は以下のとおりfs_stats_aseg_trans.sh subject(s)
- OAS2_*MR[12] のROIデータを取り出す fs_stats_aseg_trans.sh OAS2_*MR[12]

open tables

aparcstats2table

- 使い方は以下
 - aparcstats2table -hemi lh \
 - --subjects Subj1 Subj2 \
 - --table lh.aparc.csv
- デフォルトは Desikan-Killiany atlas をもとに、ROI の面積を求める
 - アトラスを変化させたいときは、--parc で指定
 - 測定するものを変化させたいときは、--meas で指定
 - 転置するときは、--transpose を指定

aparcstats2table

• OAS2_0013 と OAS2_0048 の左半球の面積を 求める

```
aparcstats2table --hemi lh \
  --subjects OAS2_0013 OAS2_0048 \
  --delimiter=comma \
  --table lh.aparc.area.csv
```

aparcstats2table

thicknessの計算

area以外を求めたい時は、--meas の後に求めたいものを指定する

```
aparcstats2table --hemi lh \
   --subjects OAS2_0013 OAS2_0048 \
   --delimiter=comma \
   --meas thickness \
   --table lh.aparc.thickness.csv
```

Ih.aparc.area.csv

Ih.aparc.area	OAS2_0013	OAS2_0048
Ih_bankssts_area	771	806
lh_caudalanteriorcingulate_area	436	795
Ih_caudalmiddlefrontal_area	1612	2267
lh_cuneus_area	1089	523
Ih_entorhinal_area	289	506
lh_fusiform_area	2164	3103
Ih_inferiorparietal_area	3412	3867
lh_inferiortemporal_area	2389	2681
Ih_isthmuscingulate_area	821	1030
Ih_lateraloccipital_area	3814	4079

lh.aparc.thickness.csv

Ih.aparc.thickness	OAS2_0013	OAS2_0048
Ih_bankssts_thickness	2.296	2.259
Ih_caudalanteriorcingulate_thickness	2.588	2.55
lh_caudalmiddlefrontal_thickness	2.373	2.324
Ih_cuneus_thickness	1.968	2.041
Ih_entorhinal_thickness	3.294	3.061
lh_fusiform_thickness	2.593	2.175
Ih_inferiorparietal_thickness	2.314	1.867
Ih_inferiortemporal_thickness	2.866	2.455
Ih_isthmuscingulate_thickness	2.24	2.171
Ih_lateraloccipital_thickness	2.065	1.995

fs_stats_aparc.sh

- aparcstats2table を簡単に使うために準備したスクリプト
- \$SUBJECTS_DIR/tables 内に16種類のcsvファイルを出力 {アトラス2種}×{Ih,rh}×{面積,皮質厚,皮質厚SD,皮質容積}
- 使い方は以下のとおりfs_stats_aparc.sh subject(s)
- OAS2_*MR[12] の結果を保存するには fs_stats_aparc.sh OAS2_*MR[12]

open tables

fs_stats_aparc_trans.sh

- aparcstats2table の結果を転置したもの
- 結果を \$SUBJECTS_DIR/tables 内に8種類のcsvファイルを出力
 - {アトラス2種}×{面積,皮質厚,皮質厚SD,皮質容積}
- 使い方は以下のとおりfs_stats_aparc.sh subject(s)
- OAS2_*MR[12] の結果を保存するには

```
fs_stats_aparc_trans.sh OAS2_*MR[12]
```

open tables

Volume = Thickness × Surface area

- Question: What are the implications of cortical volume vs. thickness for measuring differences between healthy groups? In particular, what do these mean when looking at differences between men and women? Given that volume has been more closely correlated with cortical surface area, why would thickness be the preferred measure in some cases?
- Answer: volume = thickness * surface area, how you interpret differences between populations measuring one or the other is not clear at all

海馬subfield容積の確認

- 各subjectの mri/{lh,rh}.hippoSfVolumes-T1.v10.txt に情報がおさめられている
- ernie の 左半球の海馬subfieldの容積を確認する

```
cd $SUBJECTS_DIR/ernie/mri
cat lh.hippoSfVolumes-T1.v10.txt
```

```
Hippocampal_tail 540.337015
subiculum 404.762092
CA1 616.299497
hippocampal-fissure 185.327710
```

quantifyHippocampalSubfields.sh

- 海馬の情報を一括して集めるFreeSurfer本家のスクリプト
- \$SUBJECTS_DIR 内にある海馬の情報を一括してまとめる
- 使い方は以下のとおり quantifyHippocampalSubfields.sh T1 \ <output_file>
- \$SUBJECTS_DIR/hipposf.txt に書き出してみる

```
quantifyHippocampalSubfields.sh T1 \
hipposf.txt
```

fs_stats_hipposf.sh

- 海馬subfieldの一覧を取り出すために準備したスクリプト
- 結果を \$SUBJECTS_DIR/tables 内に左右別に2つの csvファイルを出力する
- 使い方は以下のとおりfs_stats_hipposf.sh subject(s)
- OAS2_*MR1 の結果を保存する
 cd \$SUBJECTS_DIR
 fs_stats_hipposf.sh OAS2_*MR1

open tables

fs_stats_hipposf_trans.sh

- fs_stats_hipposf.sh の結果を転置して出力するスク リプト
- \$SUBJECTS_DIR/tables 内に左右別に2つのcsvファイルを出力
- 使い方は以下のとおりfs_stats_hipposf_trans.sh subject(s)
- OAS2_*MR1 の結果を保存する
 fs_stats_hipposf_trans.sh OAS2_*MR1

open tables

脳幹構造の容積の確認

- 各subjectの mri/brainstemSsVolumes.v10.txt に情報 がおさめられている
- ernie の 脳幹構造の容積を確認する

cd \$SUBJECTS_DIR/ernie/mri
cat brainstemSsVolumes.v10.txt

Medulla 4335.069467

Pons 14677.847278

SCP 360.762963

Midbrain 6218.191115

Whole_brainstem 25591.870823

quantifyBrainstemStructures.sh

- FreeSurferの公式の脳幹の情報を一括して集めるスクリプト
- \$SUBJECTS_DIR 内にある脳幹の情報を一括してまとめる
- 使い方は以下のとおり quantifyBrainstemStructures.sh <output_file>
- brainstem.txt に書き出してみる

quantifyBrainstemStructures.sh brainstem.txt #1行でタイプ

Questions?