

第3部(2): コマンドラインを用いた グループ解析

筑波大学医学医療系
精神医学

根本 清貴

本セクションの目的

- コマンドラインを用いたFreeSurferでの統計解析の基本を理解します
- 解析に必要な前処理や事前に準備するファイルについても理解します
- このセクションは、FS本家チュートリアルの次のセクションを参考にしています

<http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsTutorial/GroupAnalysisV6.0>

SUBJECTS_DIR の変更

- 繰り返しになりますが、変数 **FSWS** を設定し、そのうえで変数 **SUBJECTS_DIR** を変更します
- **fs_tutorial.md** の **3.2.1** をターミナルにコピー&ペーストしてください

```
FSWS=~/.git/fsws
```

```
export SUBJECTS_DIR=$FSWS/subjects
```

QDECではできないこと

- QDECはとても便利なツールですが、複雑な解析はできません
- 以下の制限があります
 - カテゴリ変数は2種類まで&各変数の水準は2まで
 - 3群の解析ができません
 - 連続変数は2種類まで
- コマンドラインならば、それらにも対応できます

本セクションでの統計デザイン

- このセクションの統計デザインは、先程のQDECのセクションと同じデザインを用います
- QDECとコマンドラインの対比ができるのでよいかなと考えました
- 本家のウェブサイトにはDODSの場合しか紹介されていませんが、相関解析、群間比較も扱います

【重要】解析の流れ

- **recon-all -s <subjid> -qcache**
 - fsaverageへのあわせこみ
- **FSGDファイルとコントラストファイルの作成**
 - 手作業で作成する必要あり
- **mrisc_preproc**
 - データをひとつのファイルにまとめる
- **mri_glmfit**
 - 一般線形モデル (GLM) による解析を行う
- **mri_glmfit-sim**
 - 多重比較補正を行う (今回はとりあげません)

recon-all -qcache

- **recon-all** はそのままでは、標準化されていません
- グループ解析のためには、「解剖学的標準化」「平滑化」が必要となります
 - SPMで言うところのnormalization, smoothing にあたります
- FreeSurferでは、デフォルトでは、**fsaverage** に各subjectの画像をあわせこみます
- あわせこみのためのコマンドは以下になります

```
$ recon-all -s <subjectid> -qcache
```

- 所要時間は1例あたり10分程度です
- 平滑化は、0mm～25mmまで5mm刻みで6つのファイルが作成されます
- チュートリアルデータはすでにこの処理が済んでいます

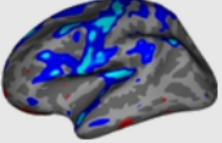
FSGDファイル

- FSGDとは、**FreeSurfer Group Descriptor** の略で、グループ解析にあたり、グループの情報を記載しておくファイルです
- 書式が決まっています
- <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsgdFormat>
- <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/FsgdExample>
- チュートリアル用に既に作成してあります
 - 1グループ1連続変数 g1v1 (相関解析)
 - 2グループ0連続変数 g2v0 (群間比較)
 - 2グループ1連続変数 g2v1

FSGDファイルの書式

- GroupDescriptorFile 1 FSGDという宣言
- Title 解析タイトル
- MeasurementName 解析対象 (皮質厚、容積など)
- Class カテゴリカル変数
- Variables 連続変数
- Input 個々のデータ

【必見】FSGDの例

ログインFsgdExamples検索タイトルテキスト

FreeSurferWikiRecentChangesFindPageHelpContentsFsgdExamples

編集不可のページディスカッション情報添付ファイルその他のアクション: ▼

These are examples of [FreeSurfer Group Descriptor \(FSGD\)](#) files and contrasts for testing various hypotheses. FreeSurfer can **automatically** construct design matrices from an FSGD file. The FSGD file is usually easier to construct than the design matrix. The FSGD file is used as input to several FreeSurfer programs (mainly `mri_glmfit` and `mrisc_preproc`). Note that you can always specify your own matrix using the `--X` option to `mri_glmfit`.

These examples are not meant to be exhaustive, nor are they meant to teach you statistics. See these [slides](#) for more of the statistics background on group analysis and how it applies to FreeSurfer.

An alternative to constructing your own FSGD files is to use [QDEC](#), though QDEC cannot be used with more than two groups and/or more than two continuous variables. In the examples below, the term "QDEC-able" appears after those examples that can be analyzed in QDEC.

Below, DODS refers to "Different Offset, Different Slope" and DOSS refers to "Different Offset, Same Slope". Refer to the [DODS vs DOSS page](#) for more information.

- [One Group, Zero Covariates \(OSGM = One-Sample Group Mean\)](#). DODS = DOSS. QDEC-able.
- [One Group, One Covariate](#). DODS = DOSS. QDEC-able.
- [One Group, Two Covariates](#). DODS = DOSS. QDEC-able.
- [Two Groups \(1 Factor, Two Levels\), Zero Covariates](#). DODS or DOSS. QDEC-able.
- [Two Groups \(1 Factor, Two Levels\), One Covariate](#). DODS only. QDEC-able.
- [Two Groups \(1 Factor, Two Levels\), Two Covariates](#). DODS only. QDEC-able.
- [Three Groups \(1 Factor, Three Levels\), Zero Covariates](#). DODS or DOSS.
- [Four Groups \(2 Factors, Two Levels\), Zero Covariates](#). DODS or DOSS. QDEC-able.
- [Four Groups \(2 Factors, Two Levels\), One Covariate](#). DODS only. QDEC-able.
- [Six Groups \(2 Factors, Three Levels\), Zero Covariates](#). DODS or DOSS.

コントラストファイル

- コントラストは、自分が検定したい内容を示したベクトルです
- 自身で作成する必要があります
- FSGDと密接に関連します
- SPMやFSLのコントラストと似ています
 - 相関に関しては、結果を二方向性にするので、-1 や 1など考えなくて大丈夫です
- 具体例は後ほど見ていきます
- 注意: コントラストファイルは1行で作成します
- 空白行があるとエラーになります

mrisc_preproc

- **mrisc_preproc** は、FSGDファイルを元に、解析するファイルをひとつにまとめるものです
- 書式は以下になります

```
mrisc_preproc \  
  --fsgd FSGDファイル \  
  --cache-in qcacheで準備したファイル \  
  --target fsaverage \  
  --hemi 半球 \  
  --out ひとまとめにするファイル名
```

mri_glmfit

- **mri_glmfit**は一般線形モデルにもとづいて検定を行うプログラムです
- 書式は以下になります

mri_glmfit \

--y ひとまとめにしたファイル \

--fsgd FSGDファイル \

--c コントラストファイル \

--surf fsaverage 半球 \

--cortex \

--glmdir 出力ディレクトリ

"--cortex" を指定することで、解析が皮質だけに限定され、内側は無視されます

recon-all -qcache の結果確認

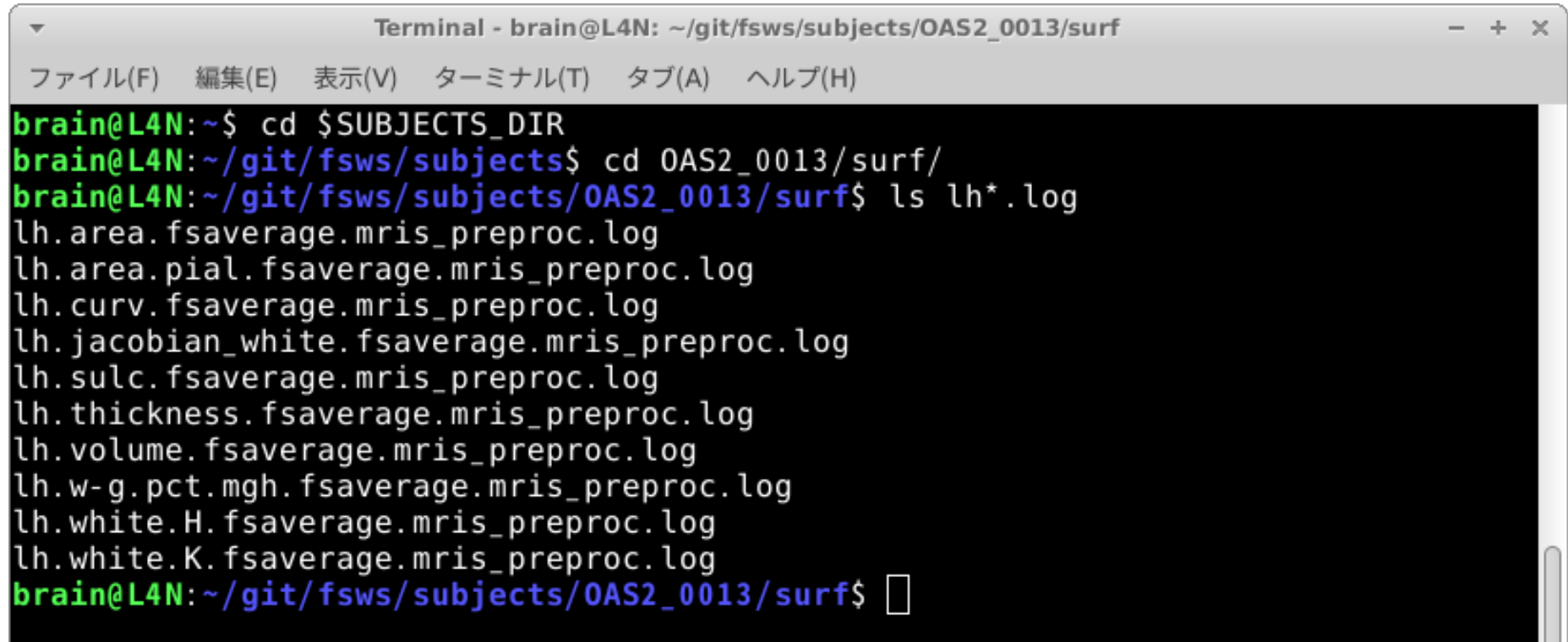
- **recon-all -qcache** の結果は、各個人の surf ディレクトリの下に保存されます
- ひとつひとつに対してログが作成されるので、まずはこのログをリストアップしてみましょう
- 左半球だけ見てみます
- **fs_tutorial.md** の **3.2.2** をコピー&ペーストしてください

```
$ cd $SUBJECTS_DIR
```

```
$ cd OAS2_0013/surf
```

```
$ ls lh*.log
```

recon-all -qcache で生成されるログ



```
Terminal - brain@L4N: ~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf
ファイル(F) 編集(E) 表示(V) ターミナル(T) タブ(A) ヘルプ(H)
brain@L4N:~$ cd $SUBJECTS_DIR
brain@L4N:~/git/fsws/subjects$ cd OAS2_0013/surf/
brain@L4N:~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf$ ls lh*.log
lh.area.fsaverage.mris_preproc.log
lh.area.pial.fsaverage.mris_preproc.log
lh.curv.fsaverage.mris_preproc.log
lh.jacobian.white.fsaverage.mris_preproc.log
lh.sulc.fsaverage.mris_preproc.log
lh.thickness.fsaverage.mris_preproc.log
lh.volume.fsaverage.mris_preproc.log
lh.w-g.pct.mgh.fsaverage.mris_preproc.log
lh.white.H.fsaverage.mris_preproc.log
lh.white.K.fsaverage.mris_preproc.log
brain@L4N:~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf$
```

- これを見ると、area (surface面積), area.pial (軟膜の面積), curvature, jacobian, sulc (脳溝), thickness (皮質厚), volume (灰白質容積), w-g.pct.mgh, white.H, white.K の10種類のファイルが作成されているのがわかります
- あとで .log の中身も見てみると何のコマンドが実行されたかわかります

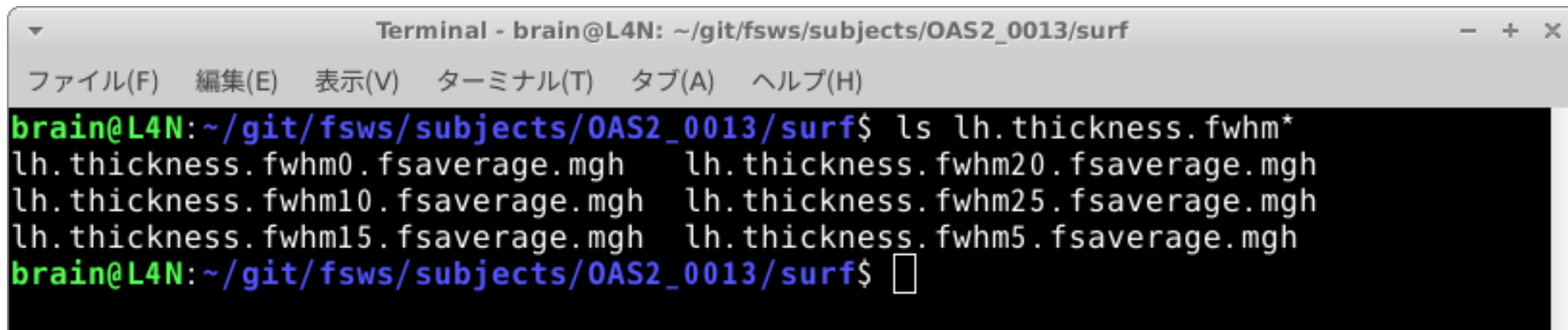
recon-all -qcache の結果確認

- 次に、平滑化されるファイルを確認してみましょう
- 左半球の皮質厚のファイルを確認します
- ターミナルから以下をタイプしてください

```
$ ls lh.thickness.fwhm*
```

- Tab補完を上手に使います
- **ls lh.th** までタイプしてTabを押せば **thickness** まで補完されますので、続けて **.fwhm*** とタイプすれば OKです
- 補完はヒューマンエラーを減らすことにもつながります

recon-all -qcache で生成されるファイル



```
Terminal - brain@L4N: ~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf
ファイル(F) 編集(E) 表示(V) ターミナル(T) タブ(A) ヘルプ(H)
brain@L4N:~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf$ ls lh.thickness.fwhm*
lh.thickness.fwhm0.fsaverage.mgh  lh.thickness.fwhm20.fsaverage.mgh
lh.thickness.fwhm10.fsaverage.mgh  lh.thickness.fwhm25.fsaverage.mgh
lh.thickness.fwhm15.fsaverage.mgh  lh.thickness.fwhm5.fsaverage.mgh
brain@L4N:~/git/fsws/subjects/OAS2_0013/surf$
```

- これを見ると、平滑化の半値幅が0mm～25mmまで5mm刻みのファイルが6つ作成されているのがわかります
- このファイルを後の **mrisc_preproc** で指定します

解析ごとの流れ

- ここからは、解析ごとに、
 - FSGD・コントラストファイルの作成
 - mris_preproc
 - mri_glmfitを行っていきます
- グループ数と連続変数（以降は変数とします）の組み合わせで考えます
 - 1グループ1変数 （シンプルな相関解析）
 - 2グループ0変数 （シンプルな群間比較）
 - 2グループ1変数 （共変量、交互作用）

1グループ1変数

- 1グループ1変数は、以下の2つの帰無仮説が考えられます
 - 1つの共変量を考えた時に、グループの平均が0である
 - 従属変数と変数でプロットされる直線の傾きが0である
- コントラストはそれぞれ以下になります
 - グループ平均をみたい: **[1 0]** g1v1_g.mtx
 - 直線の傾きをみたい: **[0 1]** g1v1_v.mtx
 - 今回は g1v1_v.mtx を使います
- FSGDファイルを見てみましょう
- **fs_tutorial.md** の **3.2.4** をコピー&ペーストしてください

```
$ cd $SUBJECTS_DIR/g1m
```

```
$ cat g1v1.fsgd
```

g1v1.fsgd

GroupDescriptorFile 1

Title Thickness_Age

MeasurementName thickness

Class Main

Variables age

Input OAS2_0013 Main 81

Input OAS2_0022 Main 61

Input OAS2_0048 Main 66

Input OAS2_0050 Main 71

- Title: 任意
- MeasurementName: 皮質厚を検定したいので thickness
 - 容積なら volume, 面積なら area
- Class: グループは1つのみなので Main に
- Variables: 年齢なので age と設定
- Input には、fsid, Class, Variables の順に記載

g1v1の `mrisc_preproc`

- FSGDファイルをもとに `mrisc_preproc` を走らせます
- 左半球、皮質厚、平滑化10mmのデータを使います
- 出力データは、`lh.age.thickness.10.mgh` とします
- `fs_tutorial.md` の 3.2.5 をコピー&ペーストしてください

```
mrisc_preproc \  
  --fsgd g1v1.fsgd \  
  --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage \  
  --target fsaverage \  
  --hemi lh \  
  --out lh.age.thickness.10.mgh
```

- 解析に用いるデータをひとつのファイルにまとめ、`lh.age.thickness.10.mgh` として保存しています

g1v1の mri_glmfit

- 次に **mri_glmfit** を走らせます
- 先程作成した **lh.age.thickness.10.mgh** を入力として使います
- コントラストは、**g1v1_v.mtx** を使います
- 出力ディレクトリは、**lh.age.glmdir** としましょう
- **fs_tutorial.md** の **3.2.6** をコピー&ペーストしてください

```
mri_glmfit --y lh.age.thickness.10.mgh \  
--fsgd g1v1.fsgd dods \  
--C g1v1_v.mtx \  
--surf fsaverage lh \  
--cortex \  
--glmdir lh.age.glmdir
```

- 解析結果を、**lh.age.glmdir** に保存しています

解析で生成されるファイル

- `mri_glmfit` で生成されたファイルを確認しましょう
- ターミナルから以下をタイプしてください

```
$ ls lh.age.glmdir
```

```
X.mat  beta.mgh  fwhm.dat  mask.mgh      rstd.mgh  sar1.mgh  y.fsgd  
Xg.dat  dof.dat   glv1_v    mri_glmfit.log  rvar.mgh  surface
```

```
$ ls lh.age.glmdir/glv1_v
```

```
C.dat  cnr.mgh      gamma.mgh      maxvox.dat  sig.mgh  
F.mgh  efficiency.dat  gammavar.mgh  pcc.mgh     z.mgh
```

解析で生成されるファイル

- beta.mgh – 推定されたパラメータ (surface overlay)
- dof.dat – 自由度 (テキスト)
- fwhm.dat – 残差の平均FWHM (テキスト)
- g1v1_v – コントラストのサブディレクトリ
- mask.mgh – バイナリマスク (surface overlay)
- mri_glmfit.log – ログ (テキスト)
- rstd.mgh – 残差の標準偏差 (surface overlay)
- rvar.mgh – 残差の分散 (surface overlay)
- sar1.mgh – 残差の spatial AR1 (surface overlay)
- Surface – この解析に用いられた surfaceのsubject と半球 (テキスト)
- Xg.dat – デザインマトリクス (テキスト)
- X.mat – デザインマトリクス (MATLAB形式)
- y.fsgd – FSGDファイルのコピー (テキスト)

コントラストディレクトリ内に 生成されるファイル

- C.dat – もともとのコントラストマトリックス (テキスト)
- cnr.mgh – コントラスト/ノイズ比 (surface overlay)
- efficiency.dat – コントラストの有効性 (テキスト)
- F.mgh – F ratio of contrast (surface overlay)
- gamma.mgh – コントラストの効果量 (surface overlay)
- gammavar.mgh – コントラストの分散 (surface overlay)
- maxvox.dat – 最大統計量のボクセル (text)
- pcc.mgh – Pearson の偏相関係数 (surface overlay)
- sig.mgh -- significance, $-\log_{10}(\text{pvalue})$, uncorrected (surface overlay)
- z.mgh -- z-stat that corresponds to the significance (surface overlay)

Freeviewでの結果表示

- 今の統計の結果をFreeviewで表示します
- 多重比較補正なしのデータは、**glm/lh.age.glmDir/g1v1_v/sig.mgh** です
- $P < 0.001$ のデータを表示したいとすると、Freeviewでは、
- $-\log(10^{-3}) = 3$ となります
- **fs_tutorial.md** の **3.2.7** をコピー&ペーストしてください

```
cd $SUBJECTS_DIR
```

```
freeview -f \  
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/lh.inflated:o  
verlay=$SUBJECTS_DIR/glm/lh.age.glmDir/  
g1v1_v/sig.mgh:overlay_threshold=2,5 -  
viewport 3d
```

Freeviewのコマンド解剖

```
freeview -f \  
fsaverage/surf/lh.inflated:
```

- freeviewで fsaverage/surf にある **lh.inflated** をまず表示

```
overlay=glm/lh.age.glmdir/glv1_v/  
sig.mgh:
```

- その上に、glm/lh.age.glmdir/glv1_v にある**sig.mgh**を表示

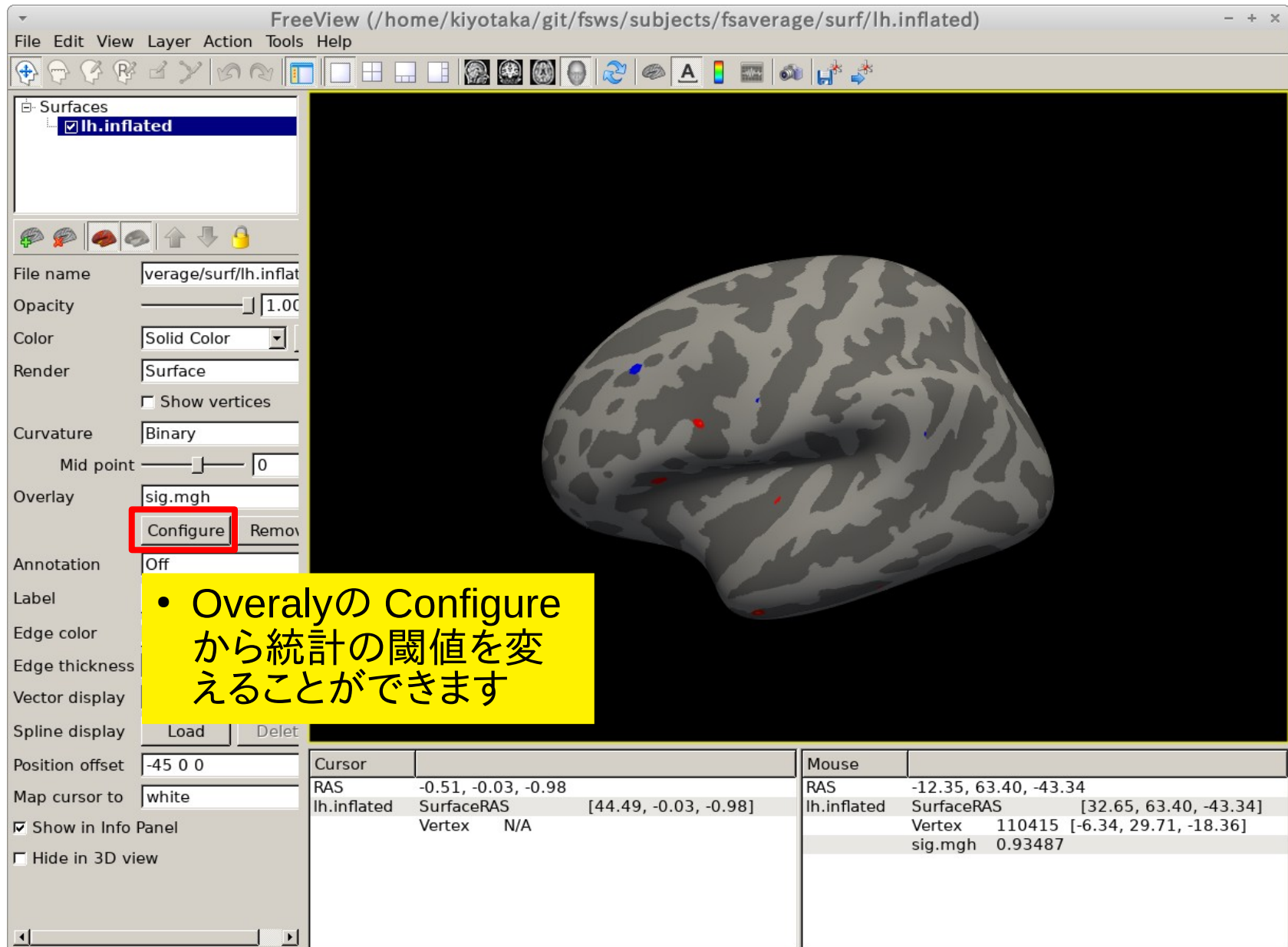
```
overlay_threshold=2,5
```

- overlayの閾値は、0.1～0.00001まで

```
-viewport 3d
```

- これらを3次元モードで表示

年齢と相関する皮質厚



FreeView (/home/kiyotaka/git/fsws/subjects/fsaverage/surf/lh.inflated)

File Edit View Layer Action Tools Help

Surfaces

- lh.inflated

File name: /average/surf/lh.inflated

Opacity: 1.00

Color: Solid Color

Render: Surface

Show vertices: ☐

Curvature: Binary

Mid point: 0

Overlay: sig.mgh

Configure Remove

Annotation: Off

Label:

Edge color:

Edge thickness:

Vector display:

Spline display: Load Delete

Position offset: -45 0 0

Map cursor to: white

Show in Info Panel: ☒

Hide in 3D view: ☐

Cursor

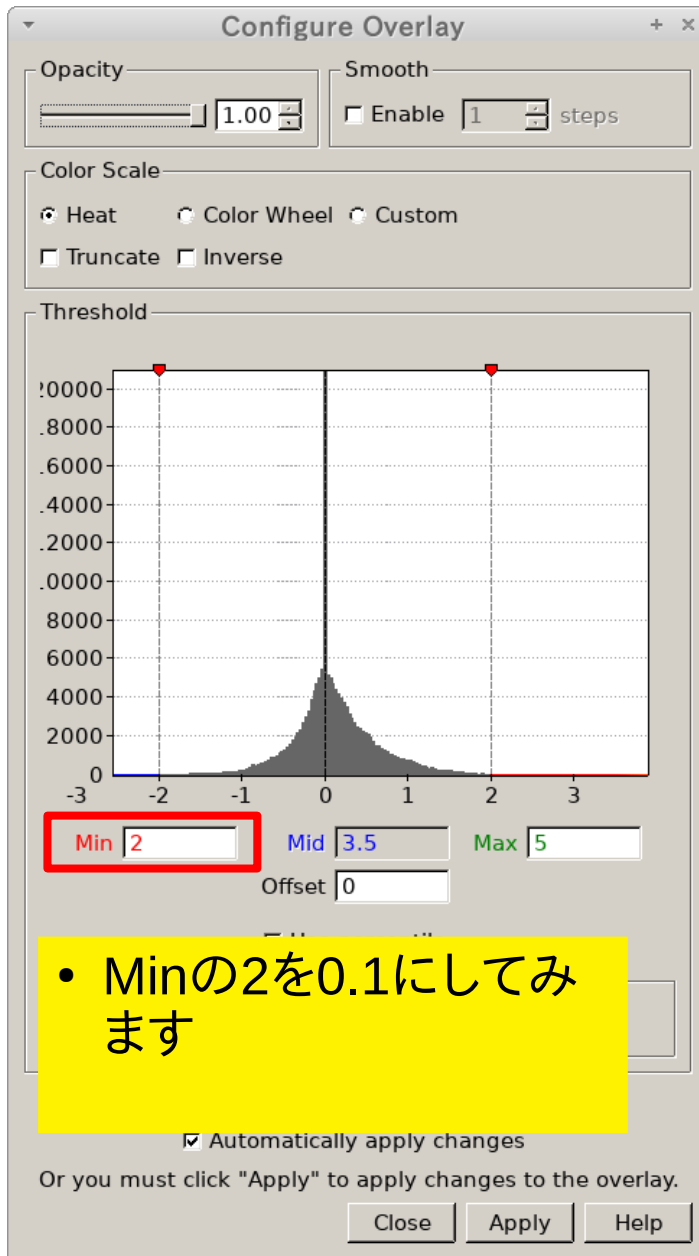
RAS	-0.51, -0.03, -0.98	
lh.inflated	SurfaceRAS [44.49, -0.03, -0.98]	
Vertex	N/A	

Mouse

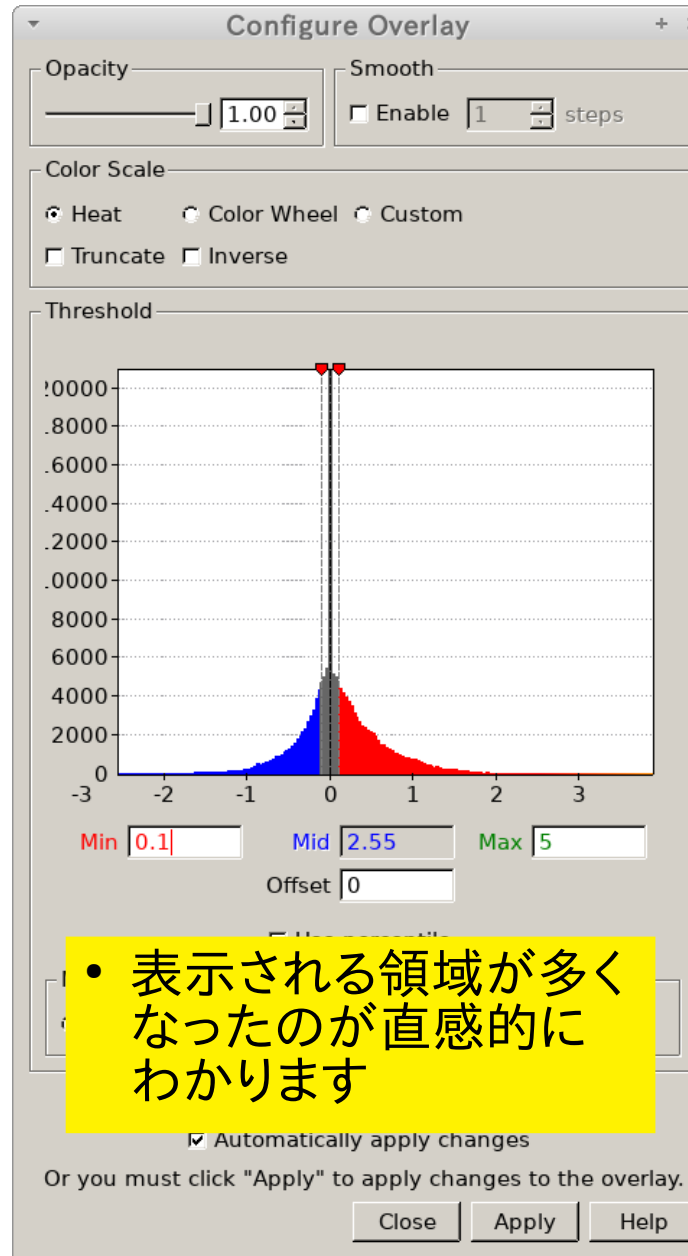
RAS	-12.35, 63.40, -43.34	
lh.inflated	SurfaceRAS [32.65, 63.40, -43.34]	
Vertex	110415 [-6.34, 29.71, -18.36]	
sig.mgh	0.93487	

- Overlayの Configure から統計の閾値を変えられます

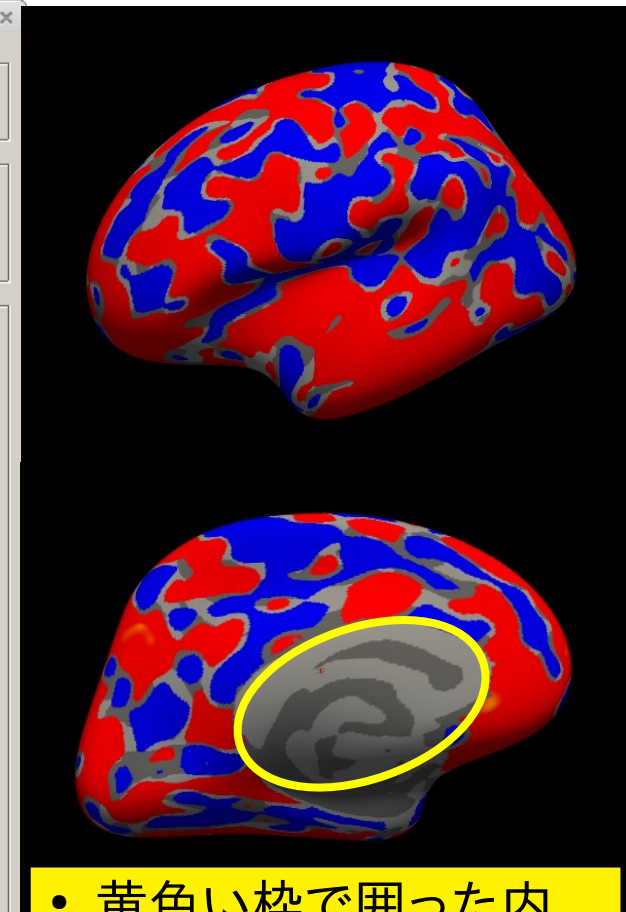
統計閾値の変更



- Minの2を0.1にしてみます



- 表示される領域が多くなったのが直感的にわかります



- 黄色い枠で囲った内側の領域は、mri_glmfitで -cortex オプションを指定したために解析から外れています。従って、ここは色がつきません

2グループ0変数

- 2グループ0変数は、以下の帰無仮説が考えられます
 - あるグループと別のグループの平均値に差がない
- コントラストは以下になります
 - **[1 -1]** g2v0.mtx
- FSGDファイルを見てみましょう
- **fs_tutorial.md** の **3.2.8** をコピー&ペーストしてください

```
$ cd $SUBJECTS_DIR/g1m
```

```
$ cat g2v0.fsgd
```

g2v0.fsgd

GroupDescriptorFile 1

Title Group_analysis

MeasurementName thickness

Class Nondemented

Class Demented

Input OAS2_0013 Nondemented

Input OAS2_0022 Nondemented

Input OAS2_0048 Demented

Input OAS2_0050 Demented

- Title: 任意
MeasurementName: 皮質厚を検定したいので thickness
- Class: グループは2つ
 - Nondemented
 - Demented
- Variablesはないので省略
- Inputには、fsidとClassを記載

g2v0の `mrisc_preproc`

- FSGDファイルをもとに `mrisc_preproc` を走らせます
- 左半球、皮質厚、平滑化10mmのデータを使います
- 出力データは、`lh.dx.thickness.10.mgh` とします
- `fs_tutorial.md` の 3.2.9 をコピー&ペーストしてください

```
mrisc_preproc \  
  --fsgd g2v0.fsgd \  
  --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage \  
  --target fsaverage \  
  --hemi lh \  
  --out lh.dx.thickness.10.mgh
```

- 解析に用いるデータをひとつのファイルにまとめ、`lh.dx.thickness.10.mgh` として保存しています

コントラストファイル **g2v0.mtx** の修正

- 皆様にお配りした **g2v0.mtx** ファイルには間違っって空行が入ってしまっています
- コントラストファイルに空行が入ると、次の **mri_glmfit** がエラーになります
- 修正するためのコマンドを準備しました
fs_tutorial.md の **3.2.10.0** をコピー&ペーストしてください

```
sed -i '/^$/d' g2v0.mtx
```

【参考】

- **sed** はテキスト操作の際に強力なコマンドです
- **-i** は、ファイルを上書きという意味です
- **'/パターン/d'** で、パターンに合致するものを削除という意味になります
- **^\$** は、行頭と行末が続いている、すなわち何もない行という意味になります
- 要するに空行を削除しなさいというコマンドになります

g2v0の `mri_glmfit`

- 次に `mri_glmfit` を走らせます
- 先程作成した `lh.dx.thickness.10.mgh` を入力として使います
- コントラストは、`g2v0.mtx` を使います
- 出力ディレクトリは、`lh.dx.glmdir` としましょう
- `fs_tutorial.md` の 3.2.10 をコピー&ペーストしてください

```
mri_glmfit --y lh.dx.thickness.10.mgh \  
--fsgd g2v0.fsgd dods \  
--C g2v0.mtx \  
--surf fsaverage lh \  
--cortex \  
--glmdir lh.dx.glmdir
```

- 解析結果を、`lh.dx.glmdir` に保存しています

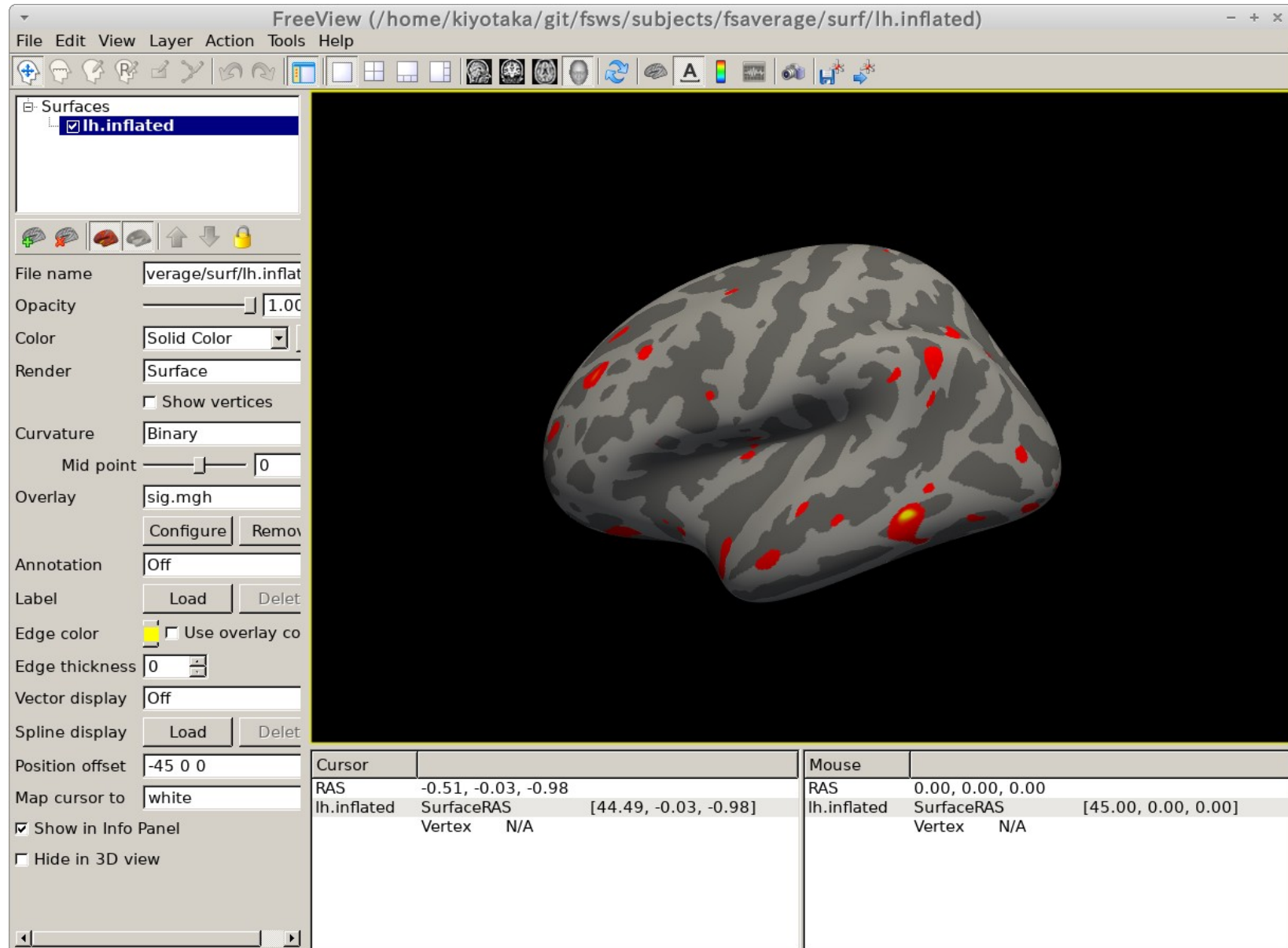
Freeviewでの結果表示

- 今の統計の結果をFreeviewで表示します
- 多重比較補正なしのデータは、`glm/lh.dx.glmkdir/g2v0/sig.mgh` です
- 先程と同様、 $P < 0.001$ ($=3$) のデータを表示します
- **fs_tutorial.md** の **3.2.11** をコピー&ペーストしてください

```
cd $SUBJECTS_DIR
```

```
freeview -f \  
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/lh.inflated:  
overlay=$SUBJECTS_DIR/glm/lh.dx.glmkdir/  
g2v0/sig.mgh:overlay_threshold=2,5 -  
viewport 3d
```

認知症に比べて非認知症で 皮質が厚い領域



2グループ1変数

- 2グループ1変数は、以下の帰無仮説が考えられます
 - 2つのグループは、共変量を考慮しても平均値に差がない
 - 従属変数と変数の傾きはグループによって差がない
 - 共変量を考慮した時に、グループの主効果がない
 - グループによる効果を考慮した時に変数の効果がない
- コントラストは以下になります
 - グループ差(共変量考慮) **[1 -1 0 0]** g2v1_g.mtx
 - 傾きのグループによる差 **[0 0 1 -1]** g2v1_gxv.mtx
 - グループの主効果 **[0.5 0.5 0 0]** g2v1_main_g.mtx
 - 変数の主効果 **[0 0 0.5 0.5]** g2v1_main_v.mtx

2グループ1変数のFSGDファイル

- 2グループ1変数のFSGDファイルを見てみましょう
- **fs_tutorial.md** の **3.2.12** をコピー&ペーストしてください

```
cd $SUBJECTS_DIR/g1m
```

```
cat g2v1.fsgd
```

g2v1.fsgd

- GroupDescriptorFile 1
- Title Group x age
- MeasurementName thickness
- Class Nondemented
- Class Demented
- Variables age
- Input OAS2_0013 Nondemented
- Input OAS2_0022 Nondemented
- Input OAS2_0048 Demented 66
- Input OAS2_0050 Demented 71

- Title: 任意
MeasurementName: 皮質厚を検定したいので thickness
- Class: グループは2つ
 - Nondemented
 - Demented
- Variablesにageを設定
- Inputには、fsid, Class, Variables を記載

g2v1の `mrisc_preproc`

- FSGDファイルをもとに `mrisc_preproc` を走らせます
- 左半球、皮質厚、平滑化10mmのデータを使います
- 出力データは、`lh.age_dx.thickness.10.mgh` とします
- `fs_tutorial.md` の 3.2.13 をコピー&ペーストしてください

```
mrisc_preproc \  
  --fsgd g2v1.fsgd \  
  --cache-in thickness.fwhm10.fsaverage \  
  --target fsaverage \  
  --hemi lh \  
  --out lh.age_dx.thickness.10.mgh
```

- 解析に用いるデータをひとつのファイルにまとめ、
`lh.age_dx.thickness.10.mgh` として保存しています

g2v1の `mri_glmfit`

- 次に `mri_glmfit` を走らせます
- 作成した `lh.age_dx.thickness.10.mgh` を入力として使います
- コントラストは、4つのコントラストを全部指定してみましょう
- 出力ディレクトリは、`lh.age_dx.glmfit` とします

g2v1の mri_glmfit (cont'd)

- fs_tutorial.md の 3.2.14 をコピー&ペーストしてください

```
mri_glmfit \  
  --y lh.age_dx.thickness.10.mgh \  
  --fsgd g2v1.fsgd dods \  
  --C g2v1_g.mtx \  
  --C g2v1_gxv.mtx \  
  --C g2v1_main_g.mtx \  
  --C g2v1_main_v.mtx \  
  --surf fsaverage lh \  
  --cortex \  
  --glmdir lh.age_dx.glmdir
```

- 解析結果を、lh.dx.glmdir に保存しています

Freeviewでの結果表示

- 今の統計の結果をFreeviewで表示します
- 年齢と群の交互作用のコントラストを見てみます
- 多重比較補正なしのデータは、`glm/lh.age_dx.glmDir/g2v1_gxv/sig.mgh` です
- 先程と同様、 $P < 0.001$ ($=3$) のデータを表示します
- **fs_tutorial.md** の **3.2.15** をコピー&ペーストしてください

```
cd $SUBJECTS_DIR
```

```
freeview -f \
```

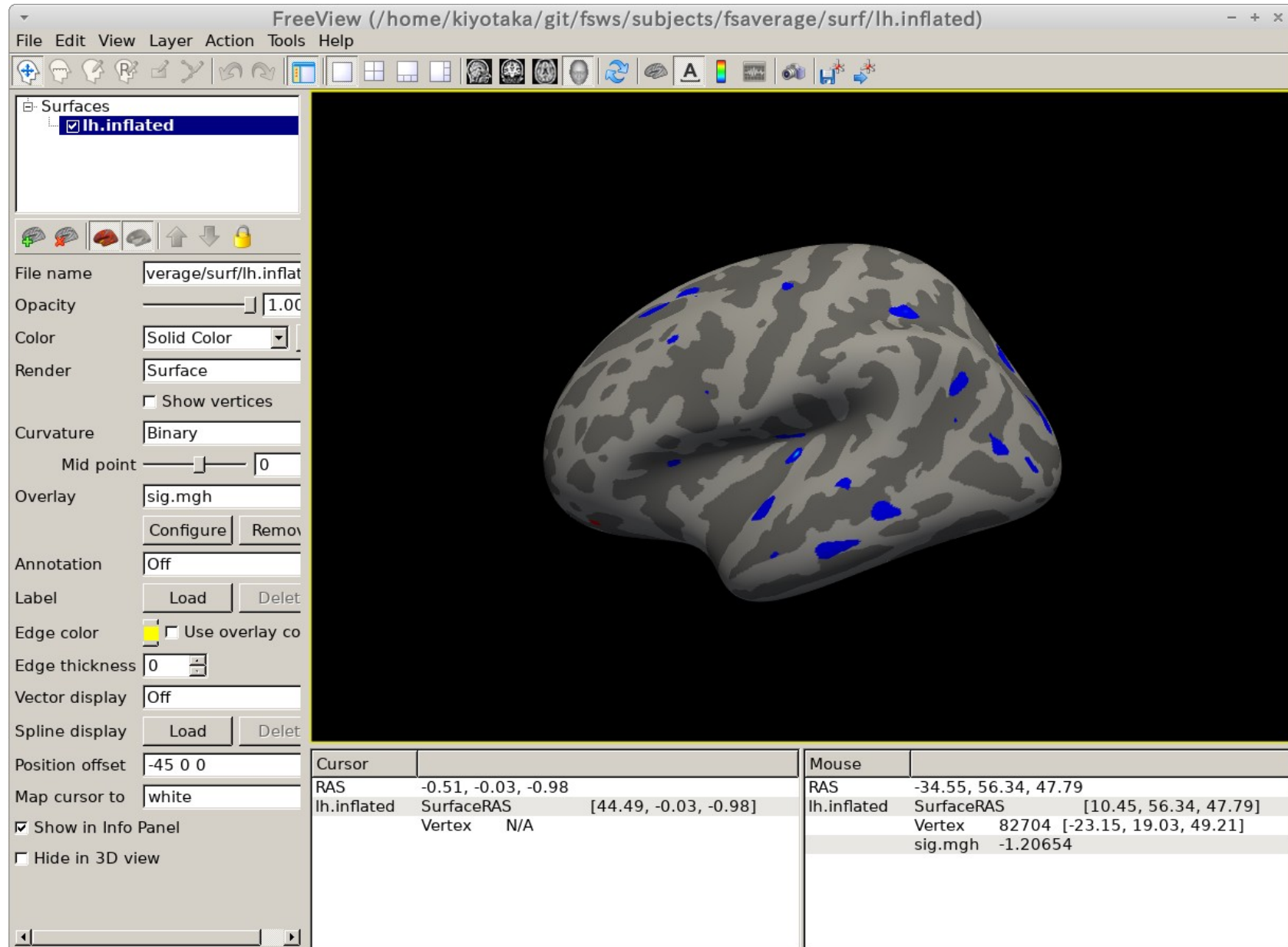
```
$SUBJECTS_DIR/fsaverage/surf/
```

```
lh.inflated:overlay=$SUBJECTS_DIR/glm/
```

```
lh.age_dx.glmDir/g2v1_gxv/
```

```
sig.mgh:overlay_threshold=2,5 -viewport 3d
```

非認知症群と認知症群で年齢と皮質厚の相関に違いがある領域



質疑応答