**影像数据重命名与格式转换 GUI — 用户使用手册**

版本：v1.0｜更新日期：2025-09-26

# 1. 简介

本工具用于对医学影像数据进行批量重命名与格式转换，支持复合扩展名（如 .nii.gz），并提供“真正格式转换”（读取并另存为，非仅修改后缀）。

典型用例包括：将 .mha/.nrrd 统一转换为 .nii.gz；在文件名中批量插入/删除/替换字符；在处理前通过“转换预览”评估命名冲突与改动范围。

# 2. 环境与依赖

• 操作系统：Windows / Linux / macOS（建议 Windows 10/11）

• Python：3.8 及以上

• 依赖：SimpleITK（仅“真正格式转换”功能需要）

安装命令：pip install SimpleITK

• 运行方式：python image\_wash2.py （或将其打包为可执行程序后双击运行）

# 3. 界面总览

界面自上而下主要包含以下区域：

• 顶部：根目录、扩展名设置与“展示文件”扫描按钮

• 文件列表：匹配扩展名的文件（全部）

• 匹配筛选：关键字筛选与“严格匹配”选项

• 查找结果：将被处理的文件集合

• 规则设置：增加 / 减少 / 替换 / 扩展名转换 / 真正格式转换等

• 操作区：转换预览、清空预览、执行

• 状态栏与日志：显示扫描/筛选/预览/执行的统计信息与提示

# 4. 常用控件与功能

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 控件/选项 | 所在区域 | 主要作用 | 备注 |
| 根目录 | 顶部 | 选择数据集根目录。 | 按钮“选择...”或直接粘贴路径 |
| 扩展名（逗号分隔） | 顶部 | 设置需要扫描的文件扩展名，支持复合扩展名。 | 示例：.nii,.nii.gz,.mha,.nrrd |
| 展示文件 | 顶部 | 开始扫描根目录下所有匹配扩展名的文件。 | 扫描成功后显示数量 |
| 匹配筛选 | 中部 | 对已扫描列表进行关键字筛选。 | 支持多个关键字 AND 关系 |
| + 添加筛选框 | 匹配筛选 | 新增一个关键字输入框。 | 与其它关键字取 AND |
| 查找 | 匹配筛选 | 执行筛选。 | 严格模式下只使用第一个关键字 |
| 清空筛选 | 匹配筛选 | 清空所有关键字输入框。 |  |
| 当且仅当（严格等于文件名，不含扩展名） | 匹配筛选 | 启用“严格匹配”模式。 | 只匹配等于文件名（不含扩展）的单一关键字 |
| 查找结果（将对这些文件执行改名/转存） | 列表 | 展示将被处理的文件集合。 |  |
| 规则设置/增加 | 规则设置 | 在指定位置插入字符串。 | 支持负索引，从右向左计数 |
| 规则设置/减少 | 规则设置 | 从指定位置删除给定长度的字符。 | 支持负索引 |
| 规则设置/替换（可多对，全局） | 规则设置 | 按“原→新”成对替换文件名（不含扩展）。 | 可添加多对，逐对全局替换 |
| 转换扩展名（建议 .nii.gz） | 规则设置 | 启用扩展名变更。 | 需在“新扩展名”处填写一个扩展名 |
| 新扩展名 | 规则设置 | 指定目标扩展名。 | 示例：.nii.gz / .mha / .nrrd（只能填一个） |
| 读取并另存为（真正格式转换，非改后缀） | 规则设置 | 用 SimpleITK 读取再写出，真正改变文件格式。 | 会保留 spacing/direction/origin 等元数据 |
| 转换后删除源文件（谨慎） | 规则设置 | 在成功转换后删除源文件。 | 强烈建议先备份并先做预览 |
| 当新旧均为 NIfTI 时可跳过（可选） | 规则设置 | 若输入/输出都是 .nii 或 .nii.gz，则跳过。 | 用于节省时间，避免无意义转换 |
| 转换预览 | 底部 | 生成 Original → New 的映射，并进行命名冲突检测。 | 若发现冲突会中止执行 |
| 清空预览 | 底部 | 清空预览列表。 |  |
| 执行 | 底部 | 按预览进行批量改名/转换。 | 完成后弹窗总结成功/跳过/错误数量 |

# 5. 快速上手（推荐流程）

1. 选择【根目录】→ 填写【扩展名（逗号分隔）】（如 .nii,.nii.gz,.mha,.nrrd）→ 点击【展示文件】完成扫描。

2. 在【匹配筛选】中添加关键字，点击【查找】。默认是 AND 关系（必须同时包含所有关键字）。

3. 如需精确到“仅文件名（不含扩展）”完全等于某字符串，勾选【当且仅当（严格等于文件名，不含扩展名）】并仅填写一个关键字。

4. 在【规则设置】中配置：  
 • 增加：位置 index（支持负索引）与插入字符串；  
 • 减少：起始 index（支持负索引）与删除长度；  
 • 替换：按“原→新”可添加多对，逐对全局替换；  
 • 扩展名：勾选【转换扩展名】并填写【新扩展名】（仅允许一个，如 .nii.gz）；  
 • 真正格式转换：勾选【读取并另存为】（基于 SimpleITK），可配合【转换后删除源文件】；  
 • 可选跳过：勾选【当新旧均为 NIfTI 时可跳过】以避免无意义转换。

5. 点击【转换预览】生成 Original → New 的映射并自动进行命名冲突检测。若提示冲突，请修改规则后重试。

6. 确认无误后点击【执行】。完成后会弹窗汇总：成功/跳过/错误数量，同时在界面底部日志中给出详细记录。

# 6. 重要行为说明

• 复合扩展名优先匹配：例如同为 .nii 与 .nii.gz，程序将优先识别更长的“.nii.gz”。

• 严格匹配：仅使用第一个关键字，与“文件名（不含扩展）”进行等值匹配。

• 多关键字筛选：非严格模式下，多个关键字为 AND 关系（全部包含才命中）。

• 插入/删除索引：支持负索引（-1 表示最后一个字符位置，-2 倒数第二……）。

• 替换为全局：每一对“原→新”会在目标字符串中进行全局替换。

• 真正格式转换：使用 SimpleITK 读取并写出（WriteImage），保留 spacing/direction/origin 等元数据；写出 .nii.gz 时自动启用压缩。

• 冲突检测：若多个源文件映射到同一目标路径，或目标路径对应不同源/已存在，将提示冲突并中止“执行”。

• 日志标签（示例）：[CONVERT]、[RENAME]、[DEL SRC]、[SKIP 同为NIfTI]、[ERR] 等，便于追踪过程。

# 7. 规则配置示例

示例 A：在文件名前添加“PCa\_”前缀

• 增加：位置 index = 0，插入字符串 = PCa\_

• 其余规则不变

示例 B：删除文件名末尾的“\_mask”

• 假设末尾 5 个字符为 \_mask，可设置：起始 index = -5，删除长度 = 5

示例 C：批量将“t2w”替换为“T2WI”

• 添加一对替换：原 = t2w，新 = T2WI；可继续添加其它替换对

示例 D：将 .mha/.nrrd 统一转换为 .nii.gz

• 勾选【转换扩展名】并填写【新扩展名】.nii.gz；勾选【读取并另存为】实现真正格式转换；必要时勾选“删除源文件”（谨慎）

# 8. 常见问题（FAQ）

Q1：提示“未安装 SimpleITK：请先 pip install SimpleITK”？

A1：该提示出现在启用“读取并另存为”时，请先安装 SimpleITK。若仅改名/改后缀不需要安装。

Q2：预览/执行时提示“存在命名冲突，已中止”？

A2：说明有多个源文件映射到相同目标文件，或目标文件已存在且来源不同。请调整规则或先处理已有文件。

Q3：日志提示“将覆盖不同源文件”？

A3：这是潜在风险提示，代表新目标路径已经存在且不是同一个源文件，需更改命名规则避免覆盖。

Q4：如何保证可回滚？

A4：建议在执行前备份数据；务必先使用“转换预览”确认映射关系无误，再点击“执行”。

Q5：NIfTI 压缩设置？

A5：写出 .nii.gz 时默认启用压缩。若仅改名，不涉及重新写出，不会改变压缩状态。

# 9. 使用建议与安全提示

• 大规模处理前先在小样本上演练完整流程。

• 强烈建议先做“转换预览”，确认无冲突再执行。

• 启用“转换后删除源文件”前，务必做好备份。

• 文件名/路径包含中文通常不影响处理，但建议避免非常规符号。

# 10. 版本信息

• 程序标题：课题组影像数据批量重命名/转存（支持 .nii.gz 等复合扩展 | 真正格式转换）

• 支持的扩展名（可自定义）：.nii, .nii.gz, .mha, .nrrd（可按需添加更多）

• 更新要点：  
 1) 复合扩展名识别与优先级（.nii.gz 优先）  
 2) 真正格式转换（SimpleITK）  
 3) 冲突检测与预览工作流  
 4) NIfTI 同类型可选跳过  
 5) 完整日志输出