

Problemas y soluciones comunes relativas al proyecto FACEHBI

procesamiento paulatino

MRI

to NiFTI

Las imagenes van llegando poco a poco y se han de ir procesando paulatinamente. Lo primero es saber cual de las imagenes que han subido no han sido procesadas,

```
$ ls /home/data/subjects/facehbi_smc0*/stats/aseg.stats | awk -F"_smc"
{'print $2'} | awk -F"/" {'print $1'} > mri_hechos.txt
$ sed 's/0/F/' mri_hechos.txt > mri_hechos.dir
$ ls /nas/corachan/facehbi/ > mri_up.dir
$ grep -v "`cat mri_hechos.dir`" mri_up.dir > yet.dir
$ for a in `cat yet.dir`; do for x in -d /nas/corachan/facehbi/$a/*; do if
[[ `dckey -k "SeriesDescription" $x/Img00001.dcm 2>&1 | grep t1_mprage` ]];
then dcm2nii -o tmp/ $x/Img00001.dcm; fi; done; mkdir processed/$a; mv tmp/*
processed/$a; done
$ sed 's/F/0/;s/\(.*\)\/\1;smc/' mri_hechos.dir > /nas/facehbi/wave1_mri.csv
$ sed 's/F/0/;s/\(.*\)\/\1;smc/' yet.dir > /nas/facehbi/wave2_mri.csv
$ cat /nas/facehbi/wave1_mri.csv /nas/facehbi/wave2_mri.csv >
/nas/facehbi/facehbi.csv
$ for a in `ls processed/F*/*.nii.gz`; do b=$(echo $a | sed
s'/processed\F\/nas\/facehbi\/mri\/smc0/; s\/s0/s00/; s/a1001//'); cp $a
$b; done
$ pfs12fs.pl -cut wave2_mri.csv facehbi
```

DELETEME

Ya las tengo en el archivo *yet.txt* Ahora las copio en otro sitio (*al que no tenga acceso el que las sube*) y las proceso.

```
$ for a in `cat yet.txt`; do cp -r /nas/corachan/facehbi/$a
/nas/raw_images/facehbi/mri/; done
$ for a in `cat yet.txt`; do for x in -d /nas/raw_images/facehbi/mri/$a/*;
do if [[ `dckey -k "SeriesDescription" $x/Img00001.dcm 2>&1 | grep
t1_mprage` ]]; then dcm2nii -o tmp/ $x/Img00001.dcm; fi; done; mkdir
processed/$a; mv tmp/* processed/$a; done
```

Averiguar cual me falta por pasarle el FS

```
$ ls -d data/subjects/facehbi* | awk -F"smc" {'print $2'} >
```

```
~/data/facehbi/fs_done.txt
$ ls -d /nas/corachan/facehbi/* | awk -F"/" {'print $5'} | sed 's/F/0/' >
~/data/facehbi/haymri.txt
$ grep -v "`cat ~/data/facehbi/fs_done.txt`" ~/data/facehbi/haymri.txt
```

Ahora viene la parte jodida. He de copiar las imagenes correctamente segun la nomenclatura del procesamiento. Voy a ir una por una y copiarlas segun el esquema,

Una a una seria asi,

```
$ cp processed/F042/s005a1001.nii.gz /nas/facehbi/mri/smc0042s0005.nii.gz
```

Esto se puede mejorar!!!

```
$ for a in `ls processed/F*/*.nii.gz`; do b=$(echo $a | sed
s'/processed\F\/\nas\/facehbi\/mri\/smc0/; s\/s0/s00/; s/a1001//'); echo
"$a $b"; done
```

to Freesurfer

Ahora tengo que convertir el archivo *yet.txt* en una lista que entienda el pipeline.

```
$ sed 's/F/0;/s\/(.*)\/\1;smc/' yet.txt > /nas/facehbi/wave2_mri.csv
```

He modificado el script *pfs/2fs.pl* para que me deje asignarle solo un cierto numero de sujetos en un csv. Esto deberia funcionar. 😊

```
$ pfs/2fs.pl -cut wave2_mri.csv facehbi
```

No se ha de olvidar el incluir las iamgenes nuevas en el listado del estudio

```
$ mv facehbi.csv wave1_mri.csv
$ cat wave1_mri.csv wave2_mri.csv > facehbi.csv
```

Ahora ya se podria procesar con Freesurfer

```
$ precon.pl -cut wave2_mri.csv facehbi
```

DTI

to NiFTI

```
$ for a in `ls /nas/corachan/facehbi/`; do for x in -d
/nas/corachan/facehbi/$a/*; do if [[ `dckey -k "SeriesDescription"
$x/Img00001.dcm 2>&1 | grep "ep2d_diff_mddw_64_p2$" ` ]]; then dcm2nii -o
/nas/facehbi/tmp_dti/ $x/; fi; done; mkdir processed/$a; mv tmp_dti/*
processed/$a; done
```

```
$ cd /nas/facehbi
$ for x in `find processed/ -name "*.bval"`; do nm=$(echo $x | sed
's/processed/F\(.*\)\s\(.*\)a001.bval/smc0\1s0\2/'); cp $x dti/${nm}.bval;
cp ${x%.bval}.bvec dti/${nm}.bvec; cp ${x%.bval}.nii.gz dti/${nm}.nii.gz;
done
```

Procesamiento

```
$ cat acqparams.txt
0 1 0 0.12192
0 -1 0 0.12192

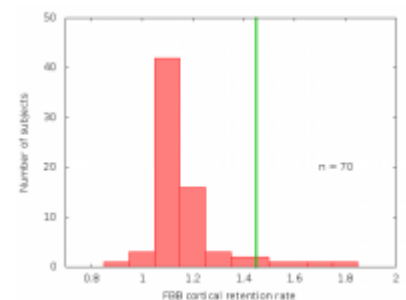
$ indx=""
$ for ((i=1; i<=143; i+=1)); do indx="$indx 1"; done
$ echo $indx > dti_index.txt

$ dti_reg.pl -nocorr facehbi

$ dti_metrics.pl facehbi
$ dti_metrics.pl -a1 facehbi
$ dti_metrics_custom.pl -uofm SN facehbi
$ dti_metrics_custom.pl -uofm SN_anterior facehbi

$ dti_track.pl -uofm DMN facehbi
$ for x in `ls -d working/smc0*_probtrack_out`; do mv $x `echo $x | sed
's/out/DMN/'`;done
$ dti_metrics_alt.pl -path DMN facehbi
```

FBB



to NiFTI

Para ir procesando según vayan llegando las imágenes,

```
$ cp -ru clinic/* raw_images/facehbi/fbb/
$ ls raw_images/facehbi/fbb/ | sed 's/FACEHBI-F\(.*\)B/\1/' >
facehbi/fbb_copied.txt
$ grep -v "`cat facehbi/fbb_done.txt`" facehbi/fbb_copied.txt >
```

```
facehbi/fbb_wave2.txt
$ grep -v "`cat facehbi/fbb_done.txt`" facehbi/fbb_copied.txt | sed
's/\(.*\)\/0\1;smc/' > facehbi/wave2_fbb.csv
$ sed 's/\(.*\)\/0\1;smc/' facehbi/fbb_copied.txt > facehbi/wave1_fbb.csv
$ sed 's/\(.*\)\/0\1;smc/' facehbi/fbb_copied.txt > facehbi/all_fbb.csv
```

Otro ejemplo puede ser, si ya tengo hecho un pedazo, ¿Como saco de las que no he procesado? **Pues así**

```
$ ls /nas/clinic/ | sed 's/FACEHBI.*F\(.*\)B.*\/0\1/' | sort | uniq >
hayfbb.txt
$ awk -F";" {'print $1'} facehbi_fbb_fs_suvr.csv > hechos.txt
$ grep -v "`cat hechos.txt`" hayfbb.txt | sed 's/\(.*\)\/\1;smc/' > yet.txt
```

Problemas de almacenamiento y conversión de las imágenes



Los DICOM llegan en carpetas de hasta 500 imágenes DICOM. Esto quiere decir que hay que copiar previamente todas las imágenes que queremos convertir a una misma carpeta y a partir de ahí es que se convierten.

Si tenemos un archivo txt (yet.txt en el ejemplo) y sabemos cual imagen hay que buscar hacemos,

```
$ for x in `awk -F";" {'print $1'} yet.txt`; do y=/nas/clinic/FACEHBI-
F$(echo $x|sed 's/0\(.*\)/\1/')B/DICOM/; for od in `find $y -maxdepth 2 -
name "*0000" -o -name "*0001"`; do for okf in `ls $od`; do if [[ `dckey -k
"SeriesDescription" $od/$okf 2>&1 | grep "5min"` ]]; then cp $od/$okf
/nas/facehbi/tmp_2nifti/; fi; done; ff=$(ls /nas/facehbi/tmp_2nifti/ | head -
n 1); dcm2nii -o /nas/facehbi/tmp/ /nas/facehbi/tmp_2nifti/$ff; done; rm -rf
/nas/facehbi/tmp_2nifti/*; nf=$(ls /nas/facehbi/tmp/*.nii.gz | head -n 1);
fslsplit $nf /nas/facehbi/fbb_ok/smc${x}s; rm -rf /nas/facehbi/tmp/*; done
```



[Esto está mejor aquí](#)

Datos demograficos

lo que sale del omi es una mierda y hay que convertirlo en algo potable:

```
$ awk -F"," '{printf "%04d, %s, %d, %s, %s\n", $7,$9,$4,$3,$8}'
mierda_demo.csv | sed 's/Varón/1;/s/Mujer/0;/s/,
\([0-9]*\)\/\([0-9]*\)\/\([0-9]*\)\/, \3-\2-\1/g' | awk -F"," '{printf "%04d,
%d, %d, %d\n", $1,$2,$3,$5-$4}' > mier_demo.csv
```

y sacamos la edad de la fecha de nacimiento y la del screening

```
#!/usr/bin/env perl

use strict;
use warnings;
use utf8;
use Date::Manip;
use Math::Round;

my $ifile = shift;
my $heads;
open IDF, "<$ifile" or die "Couldn't find input file";
while(<IDF>){
    if(/^Subject.*/){
        print "Subject, Gender, Education, Age\n";
    }
    if(my ($nodate, $date1, $date2) = /(\d{4}, \d+, \d{1,2}), (\d+-\d+-\d+),
(\d+-\d+-\d+)/){
        my $age = nearest(0.1,
Delta_Format(DateCalc($date1,$date2),"%hv")/(24*365.2425));
        print "$nodate, $age\n";
    }
}
close IDF;
```

Extract image date

MRI

First approach,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ for y in /nas/corachan/facehbi/*; do for x in
${y}/*; do if [[ `dckey -k "SeriesDescription" ${x}/Img00001.dcm 2>&1 | grep
t1_mprage` ]]; then a=$(dckey -k "StudyDate" ${x}/Img00001.dcm 2>&1); fi;
done; echo ${y} ${a};done
/nas/corachan/facehbi/F001 20141205
/nas/corachan/facehbi/F002 20141205
/nas/corachan/facehbi/F003 20141211
/nas/corachan/facehbi/F004 20141212
.....
```

Vamos a ordenarlo un poco,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ for y in /nas/corachan/facehbi/*; do for x in
${y}/*; do if [[ `dckey -k "SeriesDescription" ${x}/Img00001.dcm 2>&1 | grep
t1_mprage` ]]; then a=$(dckey -k "StudyDate" ${x}/Img00001.dcm 2>&1); fi;
done; echo ${y} ${a};done | sed 's/.*F/0/; s/ /;/ ' >
```

```
/home/osotolongo/facehbi/dicom_mri_v0_date.csv
```

O mas rapido,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ for y in /nas/corachan/facehbi_2/*; do for x in `find ${y} -type f | head -n 1`; do a=$(dckey -k "StudyDate" ${x} 2>&1); done; echo ${y} ${a}; done | sed 's/.*F/0/; s/_.* / /; s/ /;/ ' | uniq | grep -v 0ACEHBIS > /home/osotolongo/facehbi/dicom_mri_v2_date.csv
```

FBB

one random file by subject,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ find /nas/clinic/facehbi/FACEHBI-F001B/DICOM/ -type f | head -n 1  
/nas/clinic/facehbi/FACEHBI-F001B/DICOM/15012118/23390000/27112349
```

ahora,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ for y in /nas/clinic/facehbi/*; do for x in `find ${y}/DICOM/ -type f | head -n 1`; do a=$(dckey -k "StudyDate" ${x} 2>&1); done; echo ${y} ${a}; done | sed 's/.*-F/0/; s/B//; s/ /;/ ' > /home/osotolongo/facehbi/dicom_fbb_v0_date.csv  
[osotolongo@detritus facehbi]$ for y in /nas/clinic/facehbi_2/*; do for x in `find ${y}/ -type f | head -n 1`; do a=$(dckey -k "StudyDate" ${x} 2>&1); done; echo ${y} ${a}; done | grep -v Error | sed 's/_/-/g; s/.*-F/0/; s/F//; s/ /;/ ' > /home/osotolongo/facehbi/dicom_fbb_v2_date.csv
```

Parece raro pero dado el poco consistente formato de los archivos hay que cambiar las ordenes para cad directorio.

Las fechas quedan ahora en cuatro archivos,

```
[osotolongo@detritus facehbi]$ ls -l dicom_*  
-rw-rw---- 1 osotolongo osotolongo 2800 May 20 10:06 dicom_fbb_v0_date.csv  
-rw-rw---- 1 osotolongo osotolongo 2786 May 20 10:14 dicom_fbb_v2_date.csv  
-rw-rw---- 1 osotolongo osotolongo 2884 May 18 14:59 dicom_mri_v0_date.csv  
-rw-rw---- 1 osotolongo osotolongo 3262 May 20 10:02 dicom_mri_v2_date.csv
```

From:
<http://detritus.fundacioace.com/wiki/> - Detritus Wiki

Permanent link:
<http://detritus.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:facehbi&rev=1558340333>

Last update: 2020/08/04 10:45

