

Notas para FACEHBI visita 5

Adquisicion PET-FBB

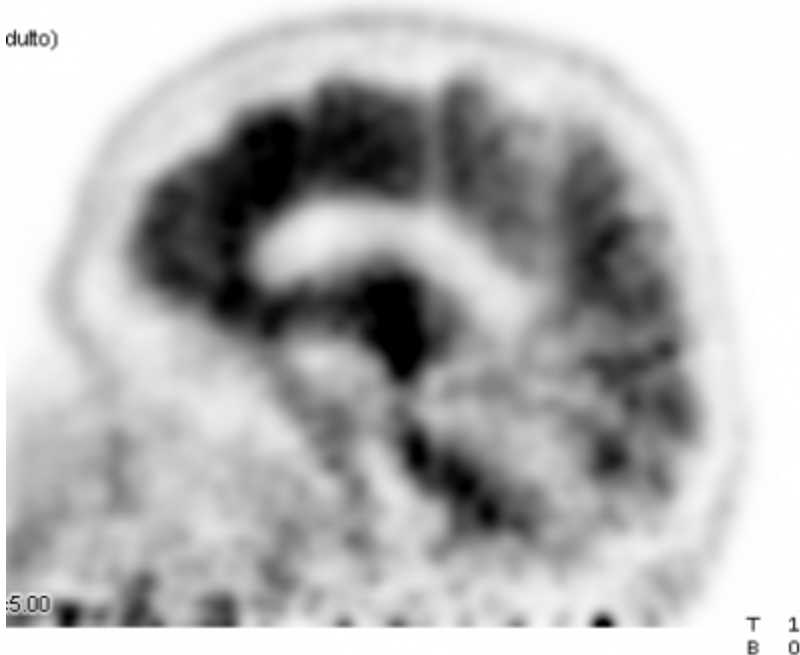
Tags PET-FBB

- "CTAC" Imagen del TC para realizar la Atenuation Correction.
- "PETAC_Read" Imagen sumatoria de 20 minutos que es la que nos piden desde AMYPAD para realizar la valoración visual (que hago yo mediante una web en cada uno de los casos).
- "PETAC_Standard" Estudio dinámico de adquisición PET en modo LIST que hace reconstrucciones de 5m x 4 = 20 min CON corrección de atenuación y con los parámetros de reconstrucción solicitados por AMYPAD
- "PETNAC_Standard" Estudio dinámico de adquisición PET en modo LIST que hace reconstrucciones de 5m x 4 = 20 min SIN corrección de atenuación y con los parámetros de reconstrucción solicitados por AMYPAD
- "PETAC_Standard_FACEHBI" Estudio dinámico de adquisición PET en modo LIST que hace reconstrucciones de 5m x 4 = 20 min CON corrección de atenuación y con los parámetros de reconstrucción definidos para el estudio FACEHBI y que se vienen usando desde que comenzó el estudio en el 2015.

Artefactos adquisicion

Lamento comunicarnos que, a pesar de haber enviado las imágenes de los sujetos de 032-10156, 10129, 10100 y 10080 a Siemens, nos dicen que los estudios son insalvables ya que el problema estaba en una línea de detectores y por lo tanto la re-reconstrucción de imágenes también ha salido artefactuada. Os muestro una imagen de ejemplo donde se pueden ver unas líneas verticales.

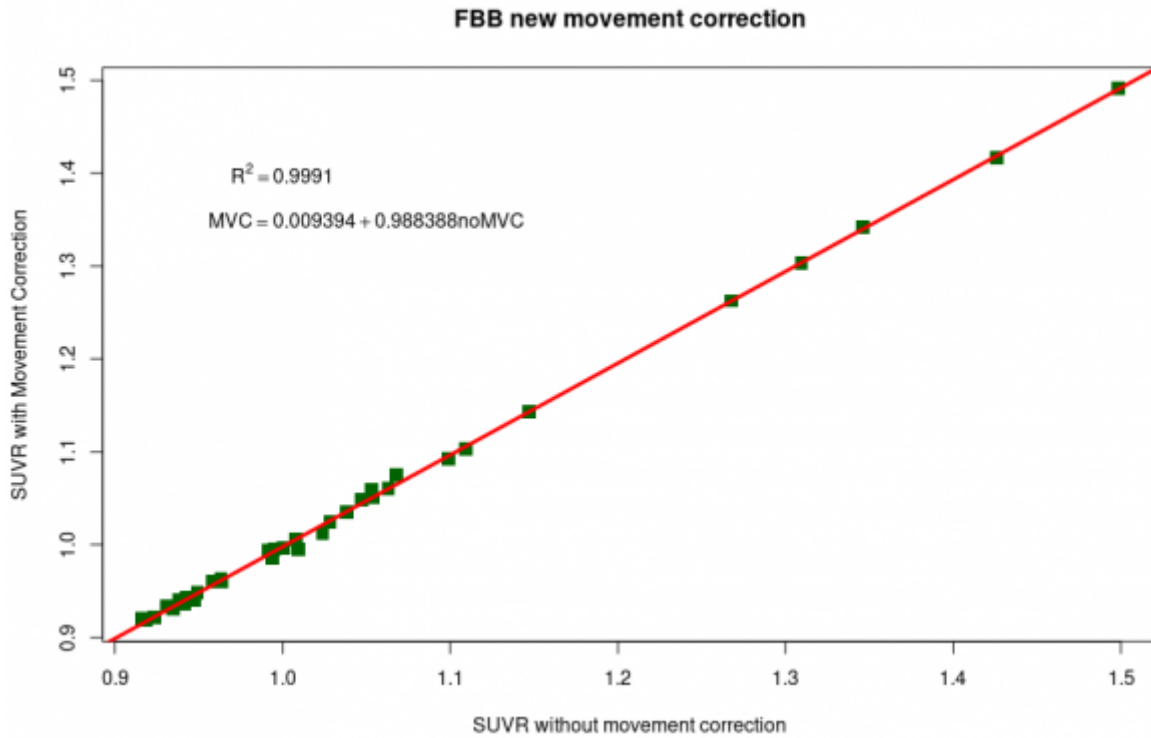
culito)



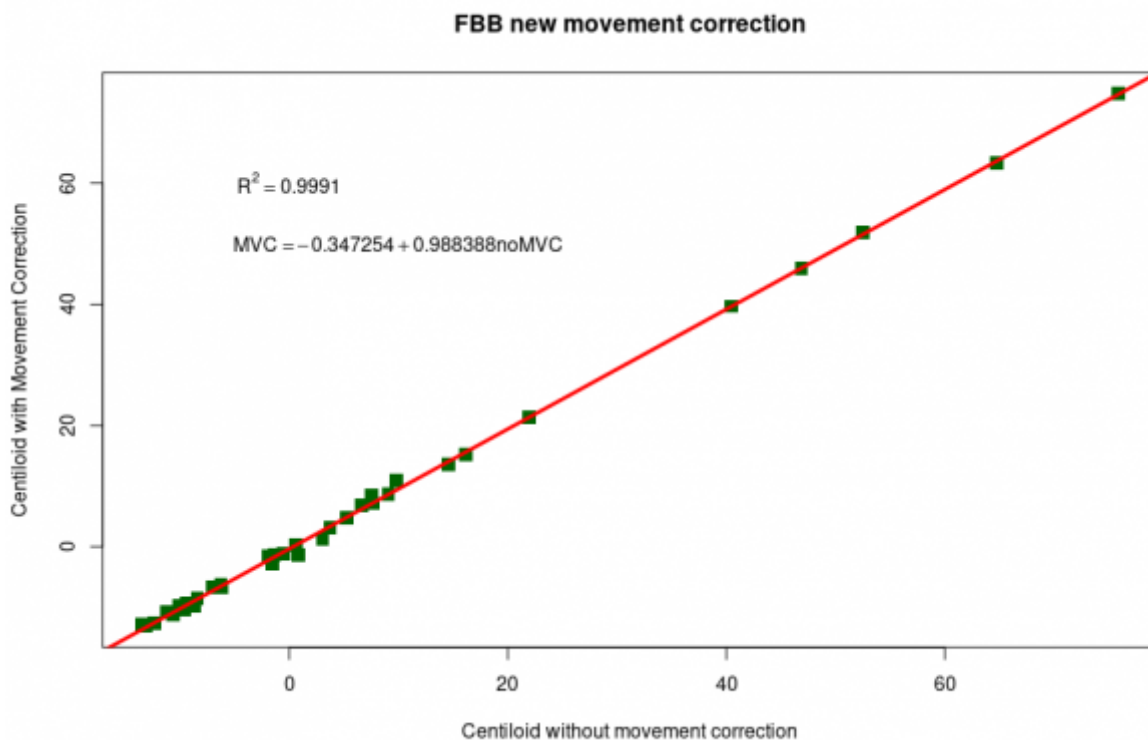
Correccion de movimiento

Con el nuevo protocolo de la visita 5 se ha eliminado la imagen de 20min que teniamos en las visitas anteriores. La opcion que tenemos ahora para eliminar la correccion de movimiento es hacer un *Tmean* a la imagen de 4x5min y registrar o registrar cada una por separado y hacer el *Tmean* luego

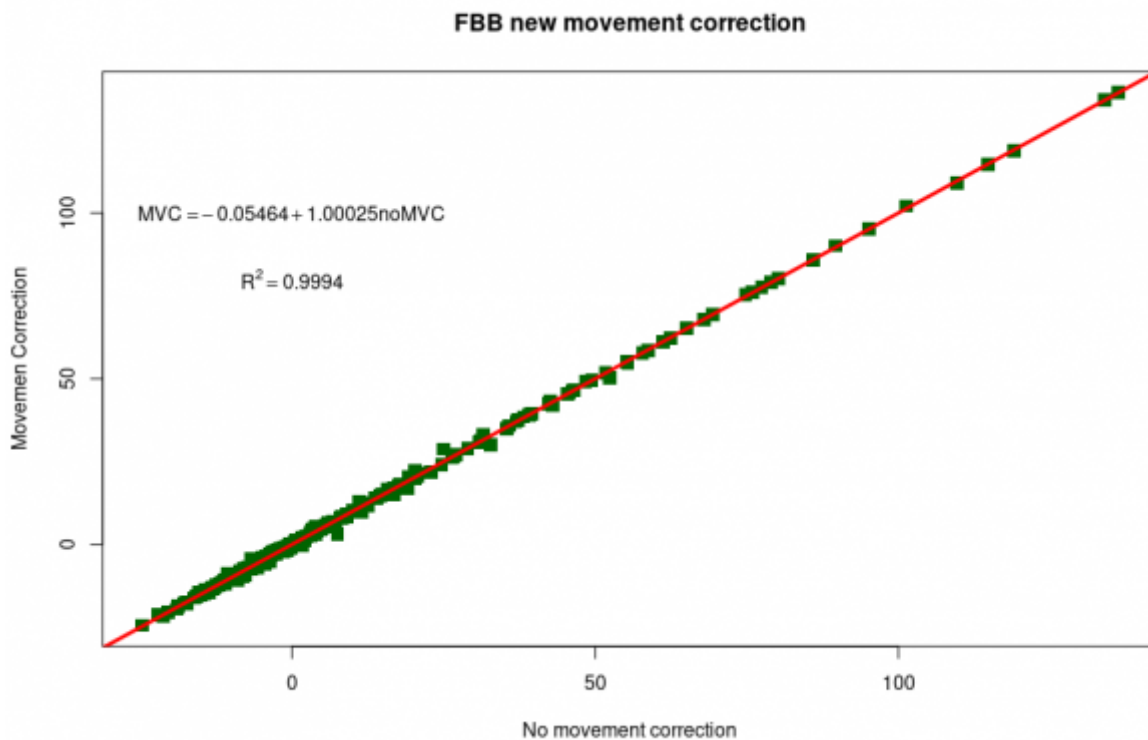
Pero vamos que no importa mucho. Ni para el SUVR,



Ni para el Centiloide (😊 por supuesto),



Esto esta hecho con XNAT. El pipeline original no hacia la correccion de movimiento pero el actual la hace. En la v5 hay pocos casos pero si hago lo mismo en v0 y v2 juntas tengo los mismo, aunque en este caso he utilizado el pipeline pero es la misma comparacion,



Resumiendo: Voy a dejar la correccion de movimiento en XNAT porque es lo correcto "formalmente" pero es claro que es igual una cosa que otra. El pipeline del cluster tiene la opcion de hacerlo (-wcorr) o no (por defecto) asi que todo OK.

Correspondencia AMYPAD - FACEHBI

Debo tener una correspondencia en tre los dos estudios,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head amypad_facehbi.list
032-10001,F005
032-10002,F015
032-10003,F001
032-10004,F024
032-10005,F010
032-10006,F023
032-10007,F013
032-10008,F030
032-10009,F009
032-10010,F039
```

A partir de aqui,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ for x in `cat amypad_facehbi.list`; do
a=$(echo ${x} | awk -F"," '{print $1}'); f=$(echo ${x} | awk -F"," '{print
$2}'); echo "${f},FACEHBI_${a}-FBB"; done | sed '1iF007,FACEHBI-F007v5' |
sort -t, -k 1 > imgdirs.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head imgdirs.csv
F001,FACEHBI_032-10003-FBB
F005,FACEHBI_032-10001-FBB
F007,FACEHBI-F007v5
F008,FACEHBI_032-11008-FBB
F009,FACEHBI_032-10009-FBB
F010,FACEHBI_032-10005-FBB
F013,FACEHBI_032-10007-FBB
F014,FACEHBI_032-10017-FBB
F015,FACEHBI_032-10002-FBB
F018,FACEHBI_032-11018-FBB
```

y saco las fechas,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ for x in `cat imgdirs.csv`; do p=$(echo ${x} |
awk -F"," '{print $2}'); f=$(find /nas/clinic/facehbi_5/${p} -type f | head
-n 1); d=$(dckey -k "AcquisitionDate" ${f} 2>&1); echo "${x},${d}"; done >
imgdates.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head imgdates.csv
F001,FACEHBI_032-10003-FBB,20200206
F005,FACEHBI_032-10001-FBB,20200206
F007,FACEHBI-F007v5,20191219
F008,FACEHBI_032-11008-FBB,20201112
F009,FACEHBI_032-10009-FBB,20200213
F010,FACEHBI_032-10005-FBB,20200213
F013,FACEHBI_032-10007-FBB,20200910
F014,FACEHBI_032-10017-FBB,20200903
```

```
F015,FACEHBI_032-10002-FBB,20200206
F018,FACEHBI_032-11018-FBB,20201008
```

Subiendo a XNAT por pedazos

Primero me bajo el CSV de xnat que contiene la lista de los sujetos del proyecto,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head xnat_up.csv
Subject,M/F,Hand,YOB,MR Sessions,PET Sessions
F001,U,,,1,1
F005,U,,,1,1
F006,U,,,1,
F007,U,,,1,1
F008,U,,,,1
F009,U,,,1,1
F010,U,,,1,1
F013,U,,,1,1
F014,U,,,1,1
```

ahora,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ awk -F"," '{if($6=="") print $1}' xnat_up.csv
> nopetyet.list
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ grep -f nopetyet.list
amypad_id_traslations.csv > nopetyet_amypad.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ for x in `cat nopetyet_amypad.csv`; do
f=$(echo ${x} | awk -F"," '{print $1}'); a=$(echo ${x} | awk -F"," '{print
$2}'); if [[ -e /nas/clinic/facehbi_5/FACEHBI_${a}-FBB ]]; then echo ${x};
fi; done > sube_esto.csv
```

Ya tenemos para subir a XNAT y ejecutar el pipeline,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ for x in `cat sube_esto.csv`; do f=$(echo ${x}
| awk -F"," '{print $1}'); a=$(echo ${x} | awk -F"," '{print $2}'); xnatapic
upload_dicom --project_id f5cehbi --subject_id ${f} --experiment_id ${f}A --
pipelines /nas/clinic/facehbi_5/FACEHBI_${a}-FBB; done
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ for x in `cat sube_esto.csv`; do f=$(echo ${x}
| awk -F"," '{print $1}'); xnatapic run_pipeline --pipeline
RegisterPETwithMRImatch --project_id f5cehbi --experiment_id ${f}A; done
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ queue
JOBID PARTITION NAME USER ST
TIME NODES NODELIST(REASON)
35924 fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01203 xnat R
1:03 1 brick01
35925 fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01204 xnat R
1:03 1 brick01
35926 fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01205 xnat R
1:03 1 brick01
35927 fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01206 xnat R
```

```

1:03      1 brick01
          35928      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01207      xnat  R
1:03      1 brick01
          35929      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01208      xnat  R
1:02      1 brick01
          35930      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01209      xnat  R
1:02      1 brick01
          35931      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01210      xnat  R
1:02      1 brick01
          35932      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01211      xnat  R
1:02      1 brick02
          35933      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01212      xnat  R
1:02      1 brick02
          35934      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01213      xnat  R
0:59      1 brick02
          35935      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01214      xnat  R
0:59      1 brick02
          35936      fast RegisterPETwithMRImatch.XNAT5_E01215      xnat  R
0:59      1 brick02

```

Dando output a los resultados

Lo arreglo un poco y lo uno con los codigos internos,

```

[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ sed -i 'liPSubject,Directory,Date'
imgdates.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ join -t, internos.csv imgdates.csv | awk -F", "
'{{print $1},"$2"},"$4}' > info_pet.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ ./format_date.pl info_pet.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head info_pet_proper.csv
PSubject,Interno,Date
F001,20090806,06.02.2020
F005,20141272,06.02.2020
F007,20080716,19.12.2019
F008,20131483,12.11.2020
F009,20141277,13.02.2020
F010,20141280,13.02.2020
F013,20070303,10.09.2020
F014,20100381,03.09.2020
F015,20141087,06.02.2020

```

Hago el archivo de guia,

```

[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ sed 's/;/,//' f5cehbi_mri.csv | sort -t, -k 2 |
sed 'liSubject,PSubject' > guia_mri.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ join -t, -1 2 -2 1 guia_mri.csv
info_pet_proper.csv > gdata_pet.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head gdata_pet.csv
PSubject,Subject,Interno,Date

```

```
F001,0001,20090806,06.02.2020
F005,0002,20141272,06.02.2020
F007,0004,20080716,19.12.2019
F009,0005,20141277,13.02.2020
F010,0006,20141280,13.02.2020
F013,0017,20070303,10.09.2020
F014,0007,20100381,03.09.2020
F015,0008,20141087,06.02.2020
F023,0009,20150075,12.03.2020
```

Ahora organizo,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ mkdir fbb_results
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ sed 's/;/,/g' xnat_fbb_cl.csv >
fbb_results/xnat_fbb_cl.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ cat info_page_pet.csv
''
''
Base de datos:,0. Sotolongo-Grau,asqwerty@gmail.com
Extracción de métricas:,0. Sotolongo-Grau,asqwerty@gmail.com
col. Externa:,Andrés Perissinotti,aperissi@clinic.cat
,Aida Ninerola,ninerola@clinic.cat
''
,Centiloid,https://link.springer.com/article/10.1007/s00259-017-3749-6
,info:,http://detritus.fundacioace.com/files/metodos_FBB.pdf
```

Ejecuto el formateador,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ metrics2xls.pl -i fbb_results -g gdata_pet.csv
-o fbb_results.xls -s info_page_pet.csv f5cehbi
```

y ya esta,

Subject	FbbApert	Intenso	Date	S/P/R	Cerebel
1	F001	20090806	06.02.2020	1.00948879	3.891288614
2	F005	20141272	06.02.2020	8.990298270	-9.023231719
3	F007	20080716	19.12.2019	1.12876905	111.1568479
4	F009	20141277	13.02.2020	1.147805648	11.867251046
5	F010	20141280	13.02.2020	0.818605796	13.88627714
6	F013	20070303	10.09.2020	1.262780832	39.74097907
7	F014	20100381	03.09.2020	0.961817018	-6.408728194
8	F015	20141087	06.02.2020	0.944890205	-0.03121182
9	F023	20150075	12.03.2020	0.842012819	-0.484573686
10	F024	20141287	21.02.2020	0.891870889	-1.817021784
11	F025	20131017	21.02.2020	0.961830840	-6.134149158
12	F029	20140027	11.03.2020	0.9112567667	-11.14526738
13	F030	20141533	21.02.2020	0.9517658607	-1.860471683
14	F038	20141118	01.03.2020	1.010010217	8.963293962
15	F039	20141101	01.03.2020	1.084392018	8.281288197
16	F038	20150029	01.18.2020	1.498129016	75.813942324
17	F042	20141187	11.03.2020	1.055788907	4.888884951
18	F045	20141287	21.12.2020	1.008603805	0.87283659
19	F048	20140844	08.11.2020	1.02812818	3.791718907
20	F049	20080307	18.11.2020	1.052920217	7.524104987
21	F076	20131481	05.11.2020	1.308155519	46.8554184
22	F078	20141184	11.11.2020	0.9598342062	-1.576209864
23	F080	20121287	26.11.2020	1.386302165	11.30748912
24	F082	20140770	01.11.2020	1.719110818	308.30449194
25	F089	20141291	05.11.2020	0.9194355843	39.80049198
26	F094	20141275	05.12.2020	1.188178741	35.17888652

Seguimiento de las MRI

Tengo que ver cuantas MRI me faltan segun el plan de visitas. Tengo que abrir [el archivo compartido](#). Sacar la columna de codigos de proyecto y de fecha de MRI (hay que copiar todo el rango a un

archivo nuevo y despues borrar las intermedias).



Idealmente bastaria con convertir esto a un CSV pero el nuevo y mas moderno MSExcel no parece tener esa opcion. Asi que guardamos el .xlsx y vamos a ver como los convertimos.

Y aqui despotricamos un poco sobre las nuevas *features* del office365 que mola mucho pero o nos deja hacer nada que ellos no quieran

Asi que tenemos que pensar un poco antes de darnos por vencidos y lo que voy a hacer es escribir un script facil que me lleve una hoja de .xlsx a CSV. mmmmm,

xls2csv.pl

```
#!/usr/bin/perl

use strict;
use warnings;
use Spreadsheet::XLSX;
my $ifile = shift;
die "Should supply input file!!!!\n\n" unless $ifile;
my $excel = Spreadsheet::XLSX -> new ($ifile);
foreach my $sheet (@{$excel -> {Worksheet}}) {
    $sheet -> {MaxRow} ||= $sheet -> {MinRow};
    foreach my $row ($sheet -> {MinRow} .. $sheet -> {MaxRow}) {
        $sheet -> {MaxCol} ||= $sheet -> {MinCol};
        foreach my $col ($sheet -> {MinCol} .. $sheet -> {MaxCol}) {
            my $cell = $sheet -> {Cells} [$row] [$col];
            if($cell -> {Val}) {print($cell -> {Val});}
            print ",";
        }
        print "\n";
    }
    print "\n";
}
```

y ahora,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ ./xls2csv.pl mri_status_20210707.xlsx >
mri_status_20210707.csv
```

y a ver,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head -n 40 mri_status_20210707.csv
F001,27/01/2020 - 14:00,
```



```

F002,,
F003,,
F004,,
F005,03/02/2020 - 18:00,
F006,08/01/2020 - 14:45,
F007,10/12/19 - 13:30,
F008,22/06/2020 - 7:00,
F009,23/01/2020 - 11:30,
F010,22/01/2020 - 13:00,
F011,,
F012,,
F013,13/06/2020 - 9:00,
F014,12/03/2020 - 11:30,
F015,30/01/2020 - 12:45,
F016,,
F017,,
F018,22/06/2020 - 18:00,
F019,,
F020,15/06/2020 - 20:00,
F021,NO HACE RM POR CLAUSTRFOBIA,

```

🤔 que sucio esta esto, ala,

```

[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ awk -F"," '{if ($2) print }'
mri_status_20210707.csv | awk -F"-" '{print $1}' | grep -i -v "no\|retira"
> mri_status_20210707_almostclean.csv
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ head -n 40 mri_status_20210707_almostclean.csv
F001,27/01/2020
F005,03/02/2020
F006,08/01/2020
F007,10/12/19
F008,22/06/2020
F009,23/01/2020
F010,22/01/2020
F013,13/06/2020
F014,12/03/2020
F015,30/01/2020
F018,22/06/2020
F020,15/06/2020
F023,17/02/2020
F024,13/02/2020
F025,22/02/2020
F027,1/7/2020
F028,29/06/2020
F029,28/02/2020
F030,20/02/2020
F033,19/06/2020
F036,27/02/2020
F039,24/02/2020
F041,25/06/2020
F043,3/7/2020

```

```
F044,17/07/2020
F048,23/06/12
F052,6/7/2020
F053,10/07/2020
F054,30/07/2020
F055,16/07/2020 - 12:15,
F056,03/07/2020
F058,21/09/2020
F061,09/03/2020
F063,25/06/20
F065,28/09/2020
F068,9/9/2020
F069,30/06/2020
F070,31/7/2020
F071,20/06/2020
F072,14/07/2020
```

bueno no gana ningun premio pero se puede trabajar. 😊

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ wc -l mri_status_20210707_almostclean.csv
154 mri_status_20210707_almostclean.csv
```

A ver los que hay bajados

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ ls /nas/corachan/FACEHBI_V5_OSCAR_ZIP/*.zip |
grep -v "-" | awk -F"/" '{print $5}' | sed 's/\.zip//' > downloaded.list
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ wc -l downloaded.list
125 downloaded.list
```

y vamos a ver cuales no estan en el server,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ grep -v "`cat downloaded.list`"
mri_status_20210707_almostclean.csv
F044,17/07/2020
F158,2021-07-15,
F178,10/05/2021
F182,1/06/2021
F185,28/04/2021
F189,21/06/2021
F192,31/03/2021
F194,6/4/2021
F195,03/06/2021
F196,22/06/2021
F203,07/05/2021
F208,18/06/2021
F216,13/05/2021
F219,14/05/2021
F220,10/05/2021
F223,07/05/2021
F226,07/05/2021
F228,2021-09-01,
```

```
F229, 1/6/2021
F231, 12/05/2021
F233, 15/06/2021
F234, 15/06/2021
F236, 14/05/2021
F238, 06/05/2021
F239, 12/05/2021
F241, 12/05/2021
F243, 12/05/2021
F245, 5/7/2021
F246, 30/07/2021
```

Vaya unas 29 que me faltan,

Pues copias esta lista y se la mandas a quien ya sabes para que los suba 😊 . **Pero antes miras las fechas que estan eln el futuro y no les pides esos!!!!**

Seguimiento de los PET

Para ir chequeando los PET que se van subiendo podemos bajarnos el csv de los sujetos de del proyecto directamente de XNAT y despues sacar la lista de PETs que se han subido,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ awk -F"," '{if($6==1) print $1}'
xnat_f5cehbi_list_7_23_2021_9_27_52.csv > pets_uploaded.list
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ wc -l pets_uploaded.list
105 pets_uploaded.list
```

Ahora voy a quitarlos de la lista de AMYPAD,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ grep -v "^`cat pets_uploaded.list`"
amypad_id_traslations.csv > amypad_not_uploaded.csv
```

Voy a sacar ahora una lista de los IDs de los PET que tengo en disco,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ ls /nas/clinic/facehbi_5/ | awk -F"_" '{print
$2}' | awk -F"-" '{print $2}' > they_are_here.list
```

y ahora viene la parte tricky, cuantos debo subir?

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ grep "032-`cat they_are_here.list`"
amypad_not_uploaded.csv > go.csv
```

a ver como queda esto en un *loop*,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ while read guy; do sbj=$(echo ${guy} | awk -
F"," '{print $1}'); ind=$(echo ${guy} | awk -F"-" '{print $2}'); tgd=$(ls
/nas/clinic/facehbi_5/ | grep ${ind}); xnatapic upload_dicom --project_id
f5cehbi --subject_id ${sbj} --experiment_id ${sbj}A
```

```
/nas/clinic/facehbi_5/${tgd}; done < go.csv
```

y esto demora un poco pues compacta cada PET y lo sube a XNAT.

From:

<https://xnat.fundacioace.com/wiki/> - **Detritus Wiki**

Permanent link:

https://xnat.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:notas_f5cehbi

Last update: **2021/07/23 09:20**

