

# Como sacar el SUVR de cualquier ROI en PET

El analisis PET(amiloide) actual se basa el la ROI especifica utilizada para calcular el Centiloide. No obstante, suponiendo que querramos sacar el SUVR en alguna otra ROI, tambien se puede implementar sin demasiada complejidad.

Este metodo esta basado en el nuevo pipeline para PET(tau). Solo hay que cambiar el tipo de input, las ROI y ROR y poco mas. El analisis no difire nada sea el PET que sea. 😊

## Registro a T1w

[apet\\_reg.sh](#)

```
#!/bin/sh

study=$1
shift
id=$1
shift
wdir=$1
shift
src=$1
shift

td=${wdir}'/.tmp_'${id}
if [ ! -d "$td" ]; then
    mkdir $td
fi
debug=0
${FREESURFER_HOME}/bin/mri_convert --in_type mgz --out_type nii
${SUBJECTS_DIR}/${study}_${id}/mri/rawavg.mgz
${wdir}/${id}_struc.nii.gz
${FSLDIR}/bin/fslsplit ${src} ${td}/${id}_piece_ -t
for x in ${td}/${id}_piece_*; do
    ${ANTS_PATH}/antsRegistrationSynQuick.sh -d 3 -f
    ${wdir}/${id}_struc.nii.gz -m ${x} -t a -o ${x%.nii.gz}_movingToFixed_
    ${ANTS_PATH}/antsApplyTransforms -d 3 -r
    ${wdir}/${id}_struc.nii.gz -i ${x} -t
    ${x%.nii.gz}_movingToFixed_0GenericAffine.mat -o
    ${x%.nii.gz}_reg.nii.gz;
done
a=`for i in ${td}/*_reg.nii.gz; do echo " $i"; done`
${FSLDIR}/bin/fslmerge -t ${td}/${id}_corr.nii.gz $a
${FSLDIR}/bin/fslmaths ${td}/${id}_corr.nii.gz -Tmean
${wdir}/${id}_pet.nii.gz
if [ $debug = 0 ] ; then
    rm -rf ${td}/*_piece_*
```

fi

## Report

## Mascaras

```

        foreach my $roi (@rois){
            $ptask{'output'} =
$outdir.'/pet_roi_'. $roi.'_'.$subject;
            $ptask{'filename'} =
$outdir.'/'.$subject.'_roi_'. $roi.'.sh';
            $ptask{'command'} =
$ENV{'PIPEDIR'}.'/bin/get_proi.sh '$study.'_'.$subject.'
'.'$w_dir.'/.tmp_'. $subject.' '$roi;
            $mask_chain.=
$w_dir.'/.tmp_'. $subject.'/rois/'.$roi.'.nii.gz ';
            send2slurm(\%ptask);
        }
        #Hacer mascara de cerebelo
        $ptask{'output'} = $outdir.'/pet_cgm_'. $subject;
        $ptask{'filename'} = $outdir.'/'.$subject.'_cgm.sh';
        $ptask{'command'} = $ENV{'PIPEDIR'}.'/bin/get_cbgm.sh
'.'$study.'_'.$subject.' '$w_dir.'/.tmp_'. $subject;
        $mask_chain.=
$w_dir.'/.tmp_'. $subject.'/rois/cerebgm.nii.gz';
        send2slurm(\%ptask);
        #Juntar todas las mascararas en un 4D
        $ptask{'output'} = $outdir.'/pet_merge_'. $subject;
        $ptask{'filename'} = $outdir.'/'.$subject.'_merge.sh';
        $ptask{'command'} = $ENV{'FSLDIR'}.'/bin/fslmerge -t
'.'$w_dir.'/'.$subject.'_masks '$mask_chain;
        #$$ptask{'mailtype'} = 'FAIL,END';
        $ptask{'dependency'} = 'singleton';
        my $mjob_id = send2slurm(\%ptask);

```

### get\_proi.sh

```

#!/bin/sh
subject=$1
shift

tmp_dir=$1
shift

roi=$1
shift

```

```
if [ ! -f ${tmp_dir}/rois/register.dat ]; then
    mkdir -p ${tmp_dir}/rois/;
    tkregister2 --mov $SUBJECTS_DIR/${subject}/mri/rawavg.mgz --
noedit --s ${subject} --regheader --reg ${tmp_dir}/rois/register.dat;
    sleep 10;
fi
if [ ! -f ${tmp_dir}/all_aseg.nii.gz ]; then
    mri_label2vol --seg $SUBJECTS_DIR/${subject}/mri/aparc+aseg.mgz
--temp $SUBJECTS_DIR/${subject}/mri/rawavg.mgz --o
${tmp_dir}/all_aseg.nii.gz --reg ${tmp_dir}/rois/register.dat;
    sleep 10;
fi
mkdir ${tmp_dir}/rois/${roi};
for x in `cat ${PIPEDIR}/lib/pet/${roi}.roi`; do
    sleep 10;
    rlabel=$(echo ${x} | awk -F"," '{print $1}');
    nlabel=$(echo ${x} | awk -F"," '{print $2}');
    ${FSLDIR}/bin/fslmaths ${tmp_dir}/all_aseg.nii.gz -uthr
${rlabel} -thr ${rlabel} -div ${rlabel}
${tmp_dir}/rois/${roi}/${nlabel};
done
a=$(for x in ${tmp_dir}/rois/${roi}/*.nii.gz; do echo "${x} -add ";
done)
a=$(echo ${a} | sed 's/\(.*\) -add$/\1/')
${FSLDIR}/bin/fslmaths ${a} ${tmp_dir}/rois/${roi}
```

## Normalizacion

## PVC

## Metricas

From:

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

Permanent link:

[https://imagen.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:pet\\_any\\_roi](https://imagen.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=neuroimagen:pet_any_roi)

Last update: **2021/05/16 16:51**

