



# This is the Detritus Wiki


























If you like this wiki buy the admin a book

Here is where your journey begins

## Neuroimagen




- Pipeline de procesamiento (v0.5.0) Developer guide 🔄 In Progress
- VBM ACE pipeline 🔄 WIP ⚠️ Important 🐛 Bugs
- Modulos del pipeline
- Pipeline de procesamiento (v0.4.0) Developer guide 😄
- Pipeline de procesamiento (v0.4.0) User guide ✅ Finished
- Pipeline de procesamiento (v0.3.0) 🗑️ Delete!
- Freesurfer QC (visualqc)
- FBB QC
- Plataforma XNAT
  - Useful, but DANGER, DB edits ⚠️ ⚠️ ALERT ⚠️
  - Operaciones con XNAT 🔄 WIP
  - Plataforma XNAT - Instalacion
  - Plataforma XNAT - Pipelines
    - Plataforma XNAT - Pipeline para procesamiento con Freesurfer en cluster
    - Plataforma XNAT - Pipeline para registro de PET y MRI en cluster
  - Notas 📄 DRAFT
    - Notas para operaciones comunes con XNAT
    - Plataforma XNAT - Entendiendo la API
    - XNAT API Client

- Usando XNAT API Client
  - Descargando resultados con la API
- Proyectos (notas generales)
  - AB255 - Hacer resumen de proyecto (DICOMs)
  - FACEHBI
    - Notas FACEHBiv5 
    - VBM Lenguaje 
    - VBM sobre varias variables
    - New DTI registering 
    - Experimento DTI
    - Tractografia sobre regiones especificas
    - Kissing & Dancing across FACEHBI
  - BIOFACE
    - BIOFACE Composite Scores
    - MD-NPH analisis
    - SBM (aka FSGA)
    - determinar la N de ATN
    - TBSS 
    - VBM  
    - Hacking FSLVBM  
  - EPAD
  - MOPEAD  piloto para neuroimagen en cluster
  - MRI\_FACE 
    - Anonimizacion MRIFACE
    - Informes y datos
- Procesamiento General
  - Calibracion Freesurfer 7
  - Alternativas FSQC 
  - Plantilla para VBM con ANTs  
  - FreeSurfer Group Analysis 
  - FreeSurfer Longitudinal Analysis 
  - Testing VBM 
  - mri\_deface 
  - ANTs help  
  - Dando formato a las resultados
  - ADNI dataset
    - Example: Cusp fitting
    - Example: Replication (merging, filtering and fitting)
    - SMC data con AV45 y MRI
  - DICOM related tools 
  - FSL tips & tricks (All FSL docs here)
  - FSL spatial smoothing
  - Windows VM (brick03) (matlab )
  - FSL VM (brick03) 
  - BIDS 
    - BIDS format 
    - DICOM to BIDS format 
- MRI
  - Métricas Freesurfer
  - Harvard-Oxford Atlas ROIs
  - by ICV correction HowTo

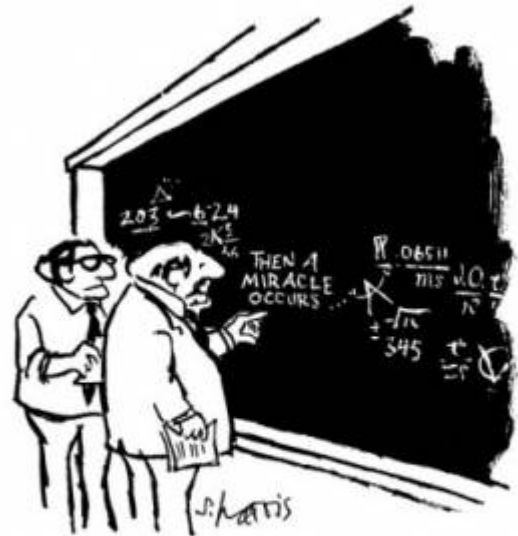
- Composite MRI ThickAVG HowTo
- Hippocampal Subfields
- Notas sobre BIANCA (FSL WMH)
- acoplado diferentes proyectos en un dataset
- Metodo WMHs
- brainageR WIP
- Procesamiento fMRI
  - DPABISurf Bug
  - preprocesamiento FMRI (old good FSL) 😊
  - preprocesamiento FMRI (fmriprep)
  - preprocesamiento FMRI (cpac) Issue
  - procesamiento FMRI (AFNI: afni\_proc.py) Someday
- PET
  - PIBs
  - Composite ROIs HowTo
  - FBB procesing
    - Centiloid
    - Centiloid Longitudinal Analysis
  - Notas Tau DRAFT
  - Analisis de PET-tau GOAL
  - Analisis PET, cualquier ROI WIP
- DTI
  - Corregistro de DTI usando epi\_reg y ANTs Finished
  - New DTI registering
  - Experimento DTI (old) Bugs
  - Notas sobre corregistro de DTI Important
  - TRACULA Done

## Genetica

<u>P-VALUE</u>	<u>INTERPRETATION</u>
0.001	HIGHLY SIGNIFICANT
0.01	
0.02	
0.03	
0.04	SIGNIFICANT
0.049	OH CRAP. REDO CALCULATIONS.
0.050	
0.051	ON THE EDGE OF SIGNIFICANCE
0.06	
0.07	HIGHLY SUGGESTIVE, SIGNIFICANT AT THE P<0.10 LEVEL
0.08	
0.09	
0.099	HEY, LOOK AT THIS INTERESTING SUBGROUP ANALYSIS
≥0.1	

- [Whole Genome Sequencing into the cluster 😊](#) y tambien en python 
- [Bonn GWAS](#)
  - [common pairs HowTo](#)
  - [all pairs HowTo](#)
  - [common pairs Scheme](#)
  - [all pairs Scheme](#)
  - [mail 29012013 TIM](#)
  - [Paralelizando plink](#)
- [Evaluar resultados por regresion linear ?](#)
  - [Parsing interSNP SingleMarker](#)
  - [Parsing interSNP BestMarkerCombi2](#)
- [Imputation](#)
  - [Imputation with impute2](#)
  - [Imputation proceeding with impute2 \(metodo de no se quien 😊\)](#)
  - [Convertir DB de 1000Genome \(vcf\) a plink \(ped\)](#)
  - [Imputando 1000 Genome con plink !](#)
  - [Imputando 1000 Genome con minimac !](#)
- [Common polygenic variation](#)
- [Pearson's Meta-Analysis](#)
- [Como hacer bootstrapping](#)
- [Meta-analisis de modelos de plink](#)
- [Testing LD structure](#)
- [FTD GWAS 😊 - TO BE RELEASED SOON 😊](#)
- [Bonn WES - DAY TO DAY IT WILL SEE ITS END 😊](#)
  - [What are exomes? 😊](#)
  - [Bioinformatic analysis](#)
    - [Get data from varbank](#)
    - [Understanding FASTQ files](#)
    - [Evaluate FASTQ data quality](#)
      - [Script1 - Summarize summary.txt](#)
      - [Script2 - Summarize modules-stats.txt](#)
    - [Getting ready - Softwares needed](#)
    - [Sequence Data pre-process](#)
      - [Map and Mark Duplicates](#)
      - [Indel Realignment](#)
      - [Base Recalibration](#)
    - [Variant Discovery](#)
      - [Single varaint Calling - Haplotype Caller](#)
      - [Joint Variant Calling - Genotype GVCFs](#)
      - [Varaint Recalibration](#)
    - [Preliminary analysis](#)
      - [Variant Evaluation](#)
      - [Variant Annotation](#)
        - [snpEff Installation](#)
        - [snpEff Annotation](#)
    - [Evaluation](#)
  - [Statistic analysis](#)
    - [plink/PSEQ](#)

# Tools



"I think you should be more explicit here in step two."



- [Pasos de conversion para la matriz de GAAIN](#)
- [Very Cool Random Number Generator](#)
- [Using pinpoint for rapid presentations](#)
- [memory issues question on PerlMonks](#)
- [Adding Maths](#)
- [xfig + latex formulas](#)
- [Unix help](#) ⚠ Important
- [Vim comments](#)
- [How to do a meta analysis with linear regresions](#) 🔧 Fix Me!
- [Jupyter en los bricks](#)
- [VNC por tunel SSH](#)
- [Gestión de la medicación](#)
- [Nueva gestión de la medicación \(Bigger, Better, Faster, More!\)](#) 🔄 WIP
- [R, update from src](#) 🔧 Fix Me!
- [Como consultar y manejar fail2ban](#)
- [Instalando y manejando ensembl-vep](#)
- [Haciendo un parser para los informes de Radiologia](#) 🔄 WIP

## Cluster

- [Cluster basic procedures](#)
  - [Installing munge](#)
  - [conf y servicios](#) 🔧 Fix Me!
  - [propagar usuarios](#) 🔧 Fix Me!
  - [instalar nuevo nodo](#) ✅ Task

- [Servicios a bajar para desmontar NAS](#) WIP
- [SLURM](#) ☆ Favourite
  - [slurm-drmaa](#)
- [jail users](#)
  - [lo mismo, para EADB](#)
- [ISSUES detritus](#) 🔄 In Progress
- [Configure VNC](#) 🔔 Issues
- [nmcli help](#)
- [Containers con Singularity](#) ☆ Favourite

## Processing data with R

- [Composite scores](#)
- [Regresiones en R](#)
- [Partial correlations en R](#)
- [remove R package in R](#)

## Coding



- [CUDA](#)
  1. [enum\\_gpu](#)
  2. [simple reduction](#)
  3. [getnet \(no shared memory\)](#)
  4. [getnet \(shared memory\)](#)
  5. [toy model \(textures\)](#) 📅 Someday
  6. [toy model \(atomics\)](#) 📅 Someday
  7. Avanzado y Recursos online:
    - [Vasily Volkov @ Berkeley](#)
    - [CUDA @ MIT](#)

## Paralelizacion

- [Python](#)
  - [ejecutando una lista de ordenes](#) ⚠ Important
  - [organizando una lista de ordenes con dependencias](#) ⚠ Important

- [integrando la ejecucion en el cluster con python](#)
- Perl
  - [funcion Perl para enviar tareas a SLURM](#)
  - [enviando tareas a SLURM con Perl](#)

From:

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

Permanent link:

<https://imagen.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=start>

Last update: **2022/04/09 09:47**

