



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

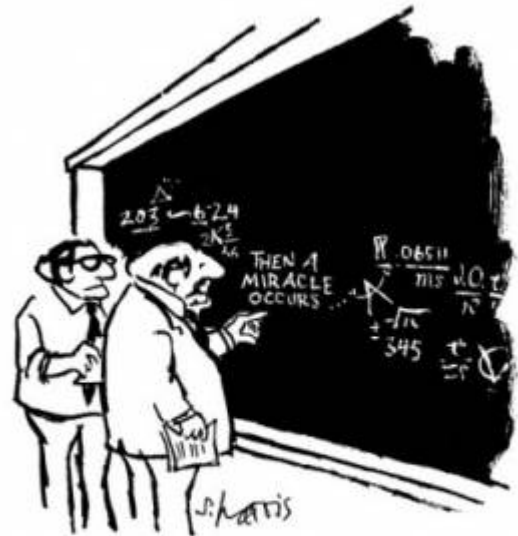
- Composite MRI ThickAVG HowTo
- Hippocampal Subfields
- Notas sobre BIANCA (FSL WMH)
- acoplado diferentes proyectos en un dataset
- Metodo WMHs
- brainageR 🔄 WIP
- Procesamiento fMRI
 - DPABISurf 🐛 Bug
 - preprocesamiento FMRI (old good FSL) 😊
 - preprocesamiento FMRI (fmriprep)
 - preprocesamiento 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	
0.050	OH CRAP. REDO CALCULATIONS.
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 🟡 WIP
- 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."

CN
COLLECTION

- [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

Procesing 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:

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

Permanent link:

<http://detritus.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=start&rev=1647506532>

Last update: **2022/03/17 08:42**

