

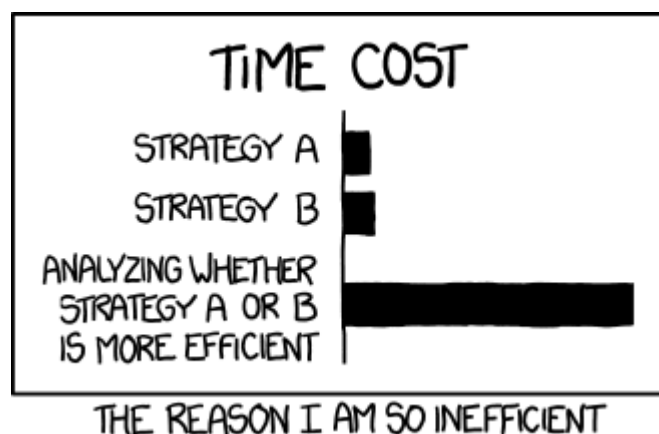


# This is the Detritus Wiki



























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 ⚠️
  - Reusing XNAT API into ACE pipeline (Perl library) 🔄 WIP
  - 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
    - Inclusion de datos externos 
- 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)
- acoplando diferentes proyectos en un dataset
- Metodo WMHs
- brainager 
- Alzheimer's Disease cortical signature (ADCS) 
- Procesamiento fMRI
  - DPABISurf 
  - preprocesamiento FMRI (old good FSL) 😊
  - preprocesamiento FMRI (fmrip) (cpac) 
  - procesamiento FMRI (AFNI: afni\_proc.py) 
- PET
  - PIBs
  - Composite ROIs HowTo
  - FBB procesing
    - Centiloid
    - Centiloid Longitudinal Analysis
  - Notas Tau 
  - Analisis de PET-tau 
  - Analisis PET, cualquier ROI 
- DTI
  - Corregistro de DTI usando epi\_reg y ANTs 
  - New DTI registering
  - Experimento DTI (old) 
  - Notas sobre corregistro de DTI 
  - TRACULA 

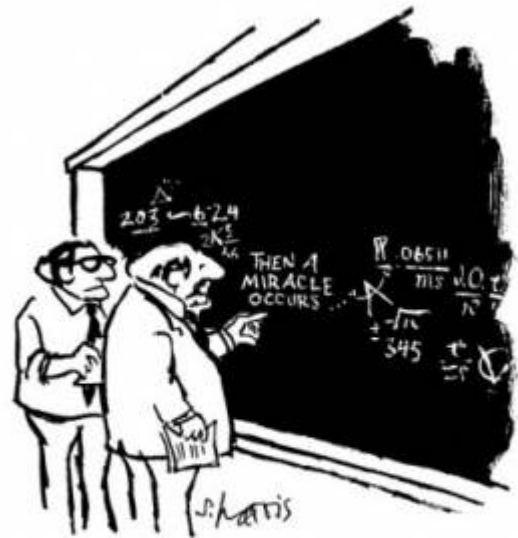
## Genetica

<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 bootstraping
- 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 variant Calling - Haplotype Caller
  - Joint Variant Calling - Genotype GVCFs
  - Variant 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 GAIAIN
- Very Cool Random Number Generator
- Using pinpoint for rapid presentations
- memory issues question on PerlMonks
- Adding Maths
- xfig + latex formulas
- Unix help 

- Vim comments
- How to do a meta analysis with linear regresions 
- Jupyter en los bricks
- VNC por tunel SSH
- Gestión de la medicación
- Nueva gestión de la medicación (**Bigger, Better, Faster, More!**) 
- R, update from src 
- Como consultar y manejar fail2ban
- Instalando y manejando ensembl-vep
- Haciendo un parser para los informes de Radiologia 

## Cluster

- Cluster basic procedures
  - Installing munge
  - conf y servicios 
  - propagar usuarios 
  - instalar nuevo nodo 
  - Servicios a bajar para desmontar NAS 
- SLURM 
- slurm-drmaa
- jail users
  - lo mismo, para EADB
- ISSUES detritus 
- Configure VNC 
- nmcli help
- Containers con Singularity 

## 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://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/> - **Detritus Wiki**

Permanent link:  
<http://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=start>

Last update: **2022/11/17 08:51**

