新数据处理流程：

鉴于主要麻烦的是应对不同的医院以及机器把不同的view 给分出来，这部分也是最需要人工反复检查的，因此流程更改为下：

1. 由于硬盘空间限制，原始数据文件可能有部分为压缩包的形式，这部分需要大家提前解压一下。
2. 首先不再对原始的数据文件夹进行任何处理，而是直接从dcm⽂件中提取不同模态的nifti，需要：
3. 对每个原始文件，从dicom 文件中读取对应的模态：4ch,sax,LGE,t2,以及其他：注意这部分需要大家反复check ，因为可能命名方式有没有考虑到的，常见4ch:4CH、4c SAX:sax、sa LGE：psir 。具体的需要大家对拿到手上的数据具体分析检查。也可参考之前给的命名信息文件
4. 将dicom 文件保存成nifity 每个病人的命名方式为{ID}\_{name}\_{DATE}\_{HP}(名字为拼音，每个分开， 大写 例如LIU\_ZUN\_XU
5. 大家处理时统计一下帧数和sax 的 slice 数（4CH 如果有多的也统计一下我们及时更新确认）
6. 采取将处理好的nifity 文件上传到台式机的方式，后续我们根据帧数等情况统一做resample 以及后续的nnunet 分割ROI，这部分自动化的处理比较方便。

Tips:建议大家分批次处理一下，一方面空间上不至于需求太大，另一方面可以及时更新。