Autor: Adrià López Gurrea

Trabajo de Final de Grado en Ingeniería Biomédica

Universitat de Girona

MANUAL DE USUARIO

El primer paso, es instalar un editor de código fuente que permita el lenguaje Python, en mi caso he utilizado la aplicación Visual Studio Code. Aquí dejo el link de descarga:

https://code.visualstudio.com/download

Una vez abrimos la aplicación, creamos un nuevo archivo de texto y escogemos el lenguaje Python en la opción "Select a language".

Select a language, or fill with template, or open a different editor to get started. Start typing to dismiss or don't show this again.

Después vamos al terminal y instalamos las siguientes librerías, que son las que usaremos en los diferentes programas: Pydicom, os, matplotlib.pyplot, seaborn, numpy y collections.

Si las imágenes no están anonimizadas, el primer programa que se tiene que utilizar es el de AnonimizarlmagenesDICOM. Para utilizar este programa tienes que previamente tener una carpeta con las imágenes en formato DICOM y otra carpeta creada donde van a ir las imágenes anonimizadas. Tal y como yo hice el programa, los archivos DICOM tendrían que estar en una carpeta sin subdirectorios, por eso solamente hay un for. Si en tu caso tienes subdirectorios, puedes añadir en este programa el código que he usado en otros scripts para recorrer carpetas con subdirectorios.

Una vez tienes las carpetas con las imágenes DICOM anonimizadas, ya puedes ir utilizando los otros programas preferiblemente en el orden que voy a comentar. Primero, recomendaría usar el programa MediaDosisPorPacienteySerie. En este programa, como comenté en la memoria, en los resultados se diferencia entre series y pacientes, es por eso que para recorrer la carpeta de archivos DICOM he utilizado tres bucles for. Para obtener los resultados correctamente divididos por series y pacientes, en la carpeta tiene que haber primero un número de subdirectorios que hagan referencia a cada paciente, y dentro de estos, otros subdirectorios que hagan referencia a cada serie.

Dentro de los subdirectorios que hacen referencia a las series es donde deberían de estar los archivos DICOM. Para utilizar este script únicamente hay que tener una carpeta con las imágenes en formato DICOM, y igualar su ruta a la variable "directory_path" en el código.

Después, el siguiente *script* que utilizaría sería el de EstadisticasImagenesDICOM. En este, a diferencia del anterior, no nos interesa dividir los resultados en series ni pacientes, únicamente queremos observar como se utiliza cada equipo. Es por eso que solo se utilizan dos bucles *for* para recorrer todos los archivos DICOM de la carpeta. Como con el anterior, para utilizar este *script* únicamente hay que disponer de una carpeta con las imágenes en formato DICOM, para igualar su ruta a la variable "directory_path" en el código.

El siguiente programa que recomendaría utilizar es el de DiagramaViolin. Al igual que en el anterior, no nos interesa dividir los resultados en series ni pacientes, únicamente queremos observar cómo actúa cada equipo. A diferencia de los anteriores, para utilizar el *script*, se deben de tener como mínimo dos carpetas con archivos DICOM para hacer la comparación de equipos en el diagrama de violín. En mi caso, he utilizado tres carpetas ya que quería comparar tres equipos, pero se puede hacer con más si es necesario, se tendría que añadir el código para los otros equipos. Se tienen que igualar la ruta de las carpetas a las variables "directory_pathX".

Finalmente, para los curiosos que quieren ver los valores de la variable "CTDIvol" de cada uno de los archivos DICOM de una carpeta, utilizaría el *script* DosisImagenesDICOM. Para utilizar este *script* únicamente hay que disponer de una carpeta con las imágenes en formato DICOM, para igualar su ruta a la variable "directory_path" en el código.