

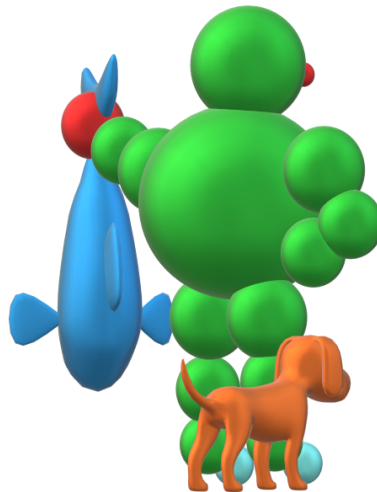
Dose Hunter

Guide d'utilisation

Institut Claudius Regaud, France

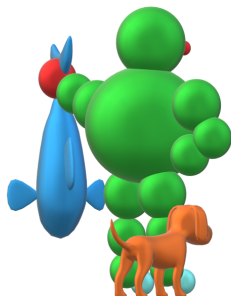
Abstract

Ce document décrit comment utiliser le script DoseHunter, un outil pour automatiser la collecte de valeurs de HDV pour un grand nombre de patients dans la base de données d'Eclipse.



Contents

1	Qu'est ce que DoseHunter?	3
2	Démarrer	4
2.1	id.txt	5
2.2	index.txt	5
2.3	planfilter.txt	7
2.4	Execution de DoseHunter	9
3	Données de sortie	10



1. Qu'est ce que DoseHunter?

DoseHunter est un script *stand alone*, c'est à dire qu'il ne nécessite pas d'ouvrir Eclipse et peut être executé seul. Il permet de collecter automatiquement des index de doses (dose max, dose min, D95%, etc.) pour un grand nombre de patients. Les données récoltées sont stockés dans un fichier .csv (exploitable avec Excel, Python, etc.).

DoseHunter est un outil qui peut être utilisé pour la recherche, des études ponctuelles ou des essais cliniques.

2. Démarrer

Vous devez être sur une station Eclipse (pas Citrix) et il faut absolument ouvrir une session windows avec un identifiant qui existe dans ARIA (ne pas utiliser les sessions Windows type Eclipse23).

Dans un dossier local de la station (sur le bureau ou sur le C:/), copier le dossier:

```
\\srv015\radiotherapie\SCRIPTS_ECLIPSE\dose_hunter
```

Merci de ne travailler qu'avec une copie de ce dossier et de ne pas le modifier. Pour lancer DoseHunter, il suffit de double cliquer sur le fichier DoseHunter.exe en présence des 5 fichiers suivants. Deux fichiers .dll fournis par Varian:

- **VMS.TPS.Common.Model.Types.dll**
- **VMS.TPS.Common.Model.API.dll**

et trois fichiers *texte* contenant les choix de l'utilisateur:

- **id.txt** contient la liste des patients (voir section 2.1)
- **index.txt** contient la liste des index que l'on souhaite collecter (voir section 2.2)
- **planfilter.txt** contient des indications pour que DoseHunter filtre les plans des patients pour, par exemple, exclure certains plans de l'analyse (voir section 2.3)

Lorsque DoseHunter est lancé, la console Windows affiche des informations sur le déroulement de l'exécution du programme. A la fin la console invite l'utilisateur à taper ENTER pour terminer. Les données collectées sont sauvegardées dans le dossier **out/** (voir section 3).

2.1. *id.txt*

id.txt est un simple fichier texte (éditable avec le bloc notes de Windows par exemple) qui contient la liste des patients que l'utilisateur souhaite étudier. Il faut simplement écrire les ID des patients, un par ligne, sans espaces. Cela peut être réalisé par un copier/coller à partir d'une colonne d'un fichier Excel. Un exemple est fourni dans le dossier de travail.

2.2. *index.txt*

index.txt est un autre fichier texte qui indique quelles données l'utilisateur souhaite collecter pour chaque patient indiqué dans la liste de patients (voir section 2.1). Chaque ligne de **index.txt** doit avoir ce format général:

```
<struct. name 1>;<struct name 2 (opt)>;<struct. name 3 (opt)>;<index>;<index>;<index> (etc.)
```

Par exemple, le fichier peut contenir:

```
Heart;HEART;heart,max,min,median,D95%  
PTV,max,D95cc,median  
Liver;liver,max,V50cc,vol
```

Attention, veuillez noter la différence entre les ',' et les ';'. Chaque ligne est composée d'éléments séparés par ','. Le premier élément de la ligne indique le nom de la structure recherchée. Il est possible d'indiquer plusieurs orthographes de la structure en les séparant par des ';'. Ici par exemple le coeur est recherchée avec les orthographes suivantes : **Heart**, **HEART** ou **heart**. Si une structure est trouvée avec la première orthographe (ici **Heart**) les autres sont ignorées. Sinon DoseHunter cherchera une structure dont le nom est la deuxième orthographe, puis la troisième...

Les autres éléments de la ligne (après la première virgule) sont les index que l'utilisateur souhaite collecter pour la structure. Les index possibles sont :

- **vol** : volume de la structure (**Vol** et **VOL** sont tolérés)
- **min** : dose minimum de la structure (Gy) (**Min**, **MIN** tolérés)
- **max** : dose maximum de la structure (Gy) (**Max**, **MAX** tolérés)
- **mean** : dose moyenne de la structure (Gy) (**Mean**, **MEAN** tolérés)
- **median** : dose médiane de la structure (Gy) (**Median**, **MEDIAN** tolérés)
- **DXX%** or **DXXcc** : e.g. D95% ou D2.5cc : Dose (Gy) reçue par 95% ou 2.55 cc de la structure
- **VXX%** or **VXXcc** : e.g V49.6% ou V49.6cc : Volume en % ou en cc qui reçoit 49.6 Gy
- **HI** or **hi** : Homogeneity Index in the structure:

$$HI = \frac{D2-D98}{D50}$$
where D2, D50 and D98 are the doses received by 2%, 50% and 98% of the chosen structure, respectively.
- **CIxx**: e.g. CI95 : Conformity Index pour l'isodose 95%

$$CI95 = \frac{PIV}{TV}$$
où PIV est le volume de l'isodose 95% et TV le volume de la structure.
- **PIxx**: e.g. PI95 : Paddick Conformity Index for the isodose 95%

$$PI95 = \frac{TV_{PIV}^2}{TV \times PIV}$$
where TV_{PIV} est el volume de la structure qui reçoit

95% de la dose totale, PIV est le volume de l'isodose 95% et TV le volume de la structure.

Notez que les doses sont absolues (pas de doses relatives).

2.3. *planfilter.txt*

Certains patients contiennent un grand nombre de plans et il peut être pratique de filtrer les plans pour lesquels l'utilisateur souhaite collecter des index. Pour cela il faut utiliser le fichier **planfilter.txt**.

Si le fichier est absent des valeurs de filtres par défaut seront utilisées.

Attention !

Ne pas modifier le fichier à part les valeurs indiquées à droite des ':'.

Exemple de fichiers :

```
# HOW TO FILTER YOUR PLAN
# DO NO MODIFY THIS FILE EXCEPT THE PART AFTER THE ":"

# keep only the plans with a total dose > to a value
Min Total Dose (Gy):60.0

# keep only the plans with a total dose < to a value
Max Total Dose (Gy):200.0

# Treat approved? If "no" treat approved plans will be excluded.
TreatApproved plan:no

# Planning approved? If "no" planning approved plans will be excluded.
PlanningApproved plan:no

# Unapproved? If "no" unapproved plans will be excluded.
Unapproved plan:yes
```

```

# Named plans? If "no", plans with a name will be excluded.
Named plan:yes

# Unnamed plans? If "no", plans with no name will be excluded.
Unnamed plan:yes

# keep it if it contains a string? If "yes", plans will be kept only
if they contain the string
Plan name must contain a string:no:toto

# Exclude it if it contains a string? If "yes", plans will refused
if they contain the string
Exclude if plan name contains:no:toto

# Explore Sum plans ? if no, sum plans are ignored, yes to explore them
Explore Sumplans:yes

```

Dans cet exemple, l'utilisateur souhaite garder les plans suivants :

- Total dose entre 60 et 200 Gy
- exclusion si le statut du plan est "Treat Approve"
- exclusion si le statut du plan est "Planning Approve"
- garder si le statut du plan est "Unapproved"
- garder si le plan a un nom (tous les plans ont un ID mais pas forcément un nom)
- garder si le plan n'a pas de nom (ici l'utilisateur souhaite garder tous les plans qu'ils aient un nom ou pas)

- Pas de filtre sur l’ID du plan ici. L’utilisateur pourrait vouloir par exemple exclure tous les plans pour lequel l’ID contient **DTO** ou **dto**. La dernière ligne du fichier serait :

```
Exclude if plan name contains:yes:DT0:dto
```

ou à l’inverse les conserver. Il faudrait alors utiliser la ligne:

```
Plan name must contain a string:yes:DT0:dto
```

- les plans somme ne sont pas ignorés. A noter si cet option est activée, seuls quelques filtres seront utilisés pour les plans somme : les tests si le plan somme a un nom et les chaînes de caractère qu’il doit contenir pour être conservés ou exclus.

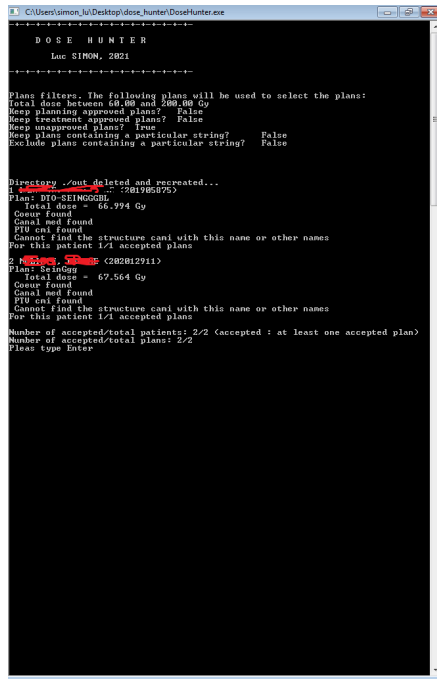
Les chaînes doivent être séparées par des ‘:’

D’autres filtres peuvent être développés sur demande.

2.4. Execution de DoseHunter

Lorsque l’utilisateur double clique sur DoseHunter.exe, la liste de patients est lue (voir la description de id.txt en section 2.1). Pour chaque patient, chaque course est ouvert, et pour chaque course, chaque plan est testé (voir les filtres section 2.3). Si le plan passe la filtration, les index (voir section 2.2) sont récoltés et sauvegardés dans le fichier data.csv (voir section 3).

Pas besoin d’ouvrir Eclipse pour l’exécution. Durant l’exécution, la console Windows, affiche des informations (nom du patient, nom du plan, nom des structures recherchées...) Si une structure n’est pas trouvée le programme continue. Voir ci-dessous un exemple de la console à la fin de l’exécution.



```
-----
D O S E   H U N T E R
-----
      Luc SIMON, 2021
-----

Plans filters. The following plans will be used to select the plans:
Total dose between 60.000 and 200.000 Gy
Deep planning approved plans?  False
Deep treatment approved plans?  False
Deep unapproved plans?  True
Deep plans containing a particular string?  False
Exclude plans containing a particular string?  False

Doseberry ./out deleted and recreated...
1. Plan: DTG-SEINW0000 (701985875)
   Total dose = 66.994 Gy
   Coeur found
   Canal not found
   P10 not found
   Cannot find the structure canl with this name or other names
   For this patient 1/1 accepted plans
2. Plan: DTG-SEINW0000 (202012911)
   Plan: SeinGgg
   Total dose = 67.164 Gy
   Coeur found
   Canal not found
   P10 not found
   Cannot find the structure canl with this name or other names
   For this patient 1/1 accepted plans
Number of accepted/total patients: 2/2 (accepted : at least one accepted plan)
Number of accepted/total plans: 2/2
Please type Enter
```

3. Données de sortie

Un dossier **output/** est créé à l'exécution. Attention il est effacé et re-créé à chaque exécution de DoseHunter. A la fin l'utilisateur est invité à taper ENTER. Deux fichiers sont créés dans le dossier **output/**:

- **log.txt** contient plus ou moins les messages que la console a affiché pendant l'exécution.
- **data.csv** contient les données collectées. Il peut être ouvert avec Excel ou un script Python. Attention dans Excel il peut être nécessaire de remplacer tous les '.' par des ','. Chaque ligne contient les valeurs pour les plans étudiés (un par ligne) et il peut y avoir plusieurs lignes pour un patient. Le format est le suivant :

```
<patient ID>;<course ID>;<plan ID>;<plan date>;<author of the plan>;  
<total dose>;<dose per fraction>;<number of fractions>;<MU>;<MI (MU/fraction)>;  
<plan normalisation value>;<index>;<index>;<index>...
```

La première ligne contient le titre des colonnes. Les autres lignes contiennent les valeurs séparées par des ';'. Si une valeur n'a pas été récoltée (DoseHunter n'a pas pu trouver la structure) la cellule est vide.