

Anleitung zur Auswertung von biosensitiven Daten mit bMRI

Aufgesetzt von Ludger Radke am 14.11.2023

Diese Anleitung führt Sie durch den Prozess der Auswertung von bMRI-Daten, beginnend mit dem Laden der Daten aus dem PACs, über die Umwandlung in ein lesbares Format, bis hin zur Segmentierung und Analyse.

Schritt-für-Schritt-Anleitung

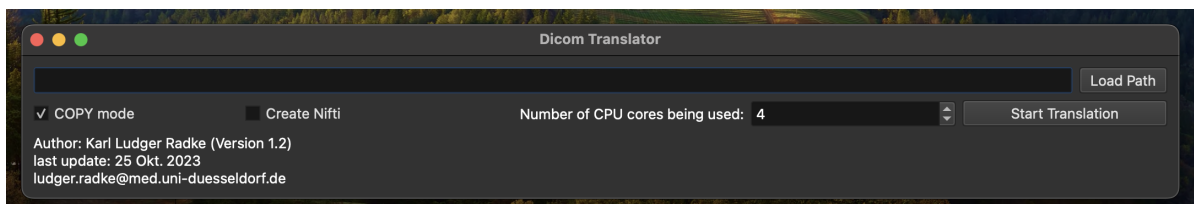
Schritt 1: Laden der Daten aus dem PACs

Laden Sie zunächst die erforderlichen Daten aus dem PACs-System.

Schritt 2: Verwendung des DicomTranslator

Um die Daten in ein lesbares Format zu transformieren, verwenden Sie den DicomTranslator.

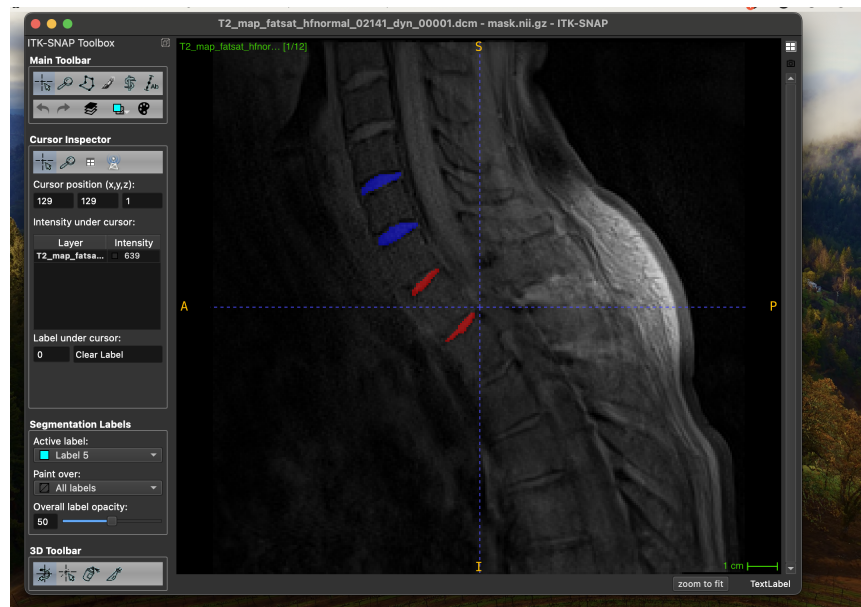
- **GitHub-Link:** [DicomTranslator](#)
- **Verfügbar für:** Windows (.exe Datei), Mac (.app Ordner) oder alternativ direkt über Python.
- **Weitere Informationen:** Für detaillierte Anweisungen besuchen Sie das README im GitHub-Repo.



Schritt 3: Segmentierung der Daten in ITK-Snap

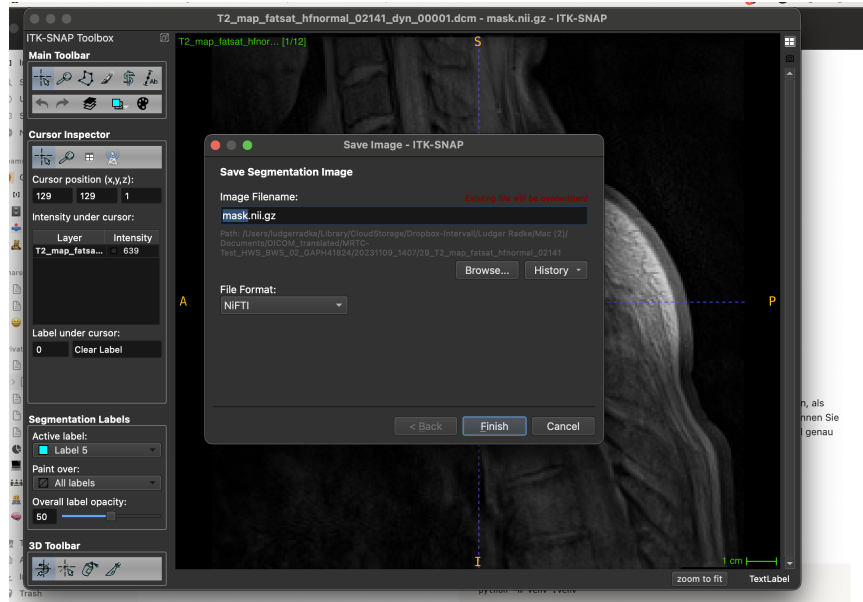
1. ITK-Snap herunterladen und installieren:

- [ITK-Snap Website](#)
2. Starten Sie ITK-Snap und lesen Sie die Dicom-Daten ein.
 3. Führen Sie die Segmentierung der Daten durch.



4. Speichern Sie die Segmentierung:

- Speichern Sie die Segmentierung im Ordner, in dem die DICOM-Bilder liegen, als `mask.nii.gz`. Dies ermöglicht eine automatisierte Erkennung. Alternativ können Sie auch andere Namen verwenden, dann muss jedoch im bMRI-Skript der Pfad genau angegeben werden.



Schritt 4: Verwendung von bMRI

1. GitHub-Link: [bMRI](#)

2. Installation:

- Stellen Sie sicher, dass Python auf Ihrem System installiert ist. Überprüfen Sie bitte im README welche version verwendet werden soll.
- Optional: Erstellen eines virtuellen Environments (venv):

```
python -m venv .venv
```

- Aktivieren des venv:

◦ Windows:

```
.venv\Scripts\activate
```

◦ Linux/Mac:

```
source .venv/bin/activate
```

- Installieren der Abhängigkeiten:

```
pip install -r requirements.txt
```

3. Anpassen des Pfads im Python-Skript:

- Verwenden Sie einen Editor oder eine Python-IDE, um den Pfad im Skript anzupassen.

4. Ausführen des Skripts:

- Klicken Sie auf 'run' oder führen Sie das Skript in Ihrer Entwicklungsumgebung aus.

5. Einstellen der Parameter:

- Überprüfen Sie das README für Informationen zur Einstellung der Parameter.
- **Wichtig:** Geben Sie an, ob es sich um 2D- oder 3D-Daten handelt.
- **Für T1rho müssen die TSL-Zeiten manuell angegeben werden, da diese nicht in den DICOM-Tags gespeichert sind.**

6. Optional: Überprüfen der Ergebnis:

- Sie können nur einen Viewer starten. Bitte beachten Sie, dass nach dem Schließen des Viewers das Skript beendet wird. Der Viewer kann jedoch jederzeit später aktiviert werden, um die Ergebnisse zu überprüfen.

7. Ergebnisse:

- Die Ergebnisse werden als CSV-Datei gespeichert. Zusätzlich werden alle Maps und Fits als NIFTI-Dateien gespeichert, damit sie später überprüft werden können.

Hinweise

- Stellen Sie sicher, dass Sie alle erforderlichen Software- und Hardwareanforderungen erfüllen, bevor Sie mit der Auswertung beginnen.
- Bei Problemen oder Fragen konsultieren Sie die Dokumentation der verwendeten Tools oder suchen Sie Unterstützung in den entsprechenden Community-Foren.