

Guide de l'utilisateur

1. Installation

1.1. Installation de Python

- 1.1.1. Ouvrir l'invite de commande et vérifier si une installation préalable de python à déjà eu lieu en saisissant la commande "python --version". Si python 3.6 ou une version postérieure est installée sauter directement au point 1.2. Dans le cas contraire, si la commande n'est pas reconnue ou si la version installée est antérieure à la 3.6, suivre les instructions suivantes.
- 1.1.2. Se rendre sur la page <https://www.python.org/downloads/> et télécharger la dernière version de l'interpréteur compatible avec votre système d'exploitation.
- 1.1.3. Lancer l'installation et suivre les instructions. Sous MacOS, cliquer sur "personnaliser" et s'assurer que les cases "UNIX command-line tools" et "install or upgrade pip" sont bien cochées. Sous Windows, cliquer sur "customize installation" et cocher la case "add Python to environment variables", ensuite sur la page "optional features" valider la case "pip".



- 1.1.4. Réouvrir un terminal et saisir la commande "python --version". Si l'installation c'est correctement déroulée, les informations correspondantes devraient apparaitre. Si plusieurs versions de Python sont installées (notamment sous

MacOS qui utilise python 2.7 de base) il peut être nécessaire de préciser la version que l'on souhaite ouvrir en utilisant par exemple "python3 --version".

1.2. Téléchargement des librairies annexes

- 1.2.1. Les packages additionnels vont être téléchargés et installés via le terminal avec pip (petit gestionnaire de paquets pour python, normalement installé en même temps que l'interpréteur).
- 1.2.2. Utiliser la commande "python3 -m pip install xxx" en adaptant la version de python et en remplaçant successivement "xxx" par "matplotlib", "pydicom", "numpy", "PyQt5", "scipy", "scikit-image".

1.3. Téléchargement du code source

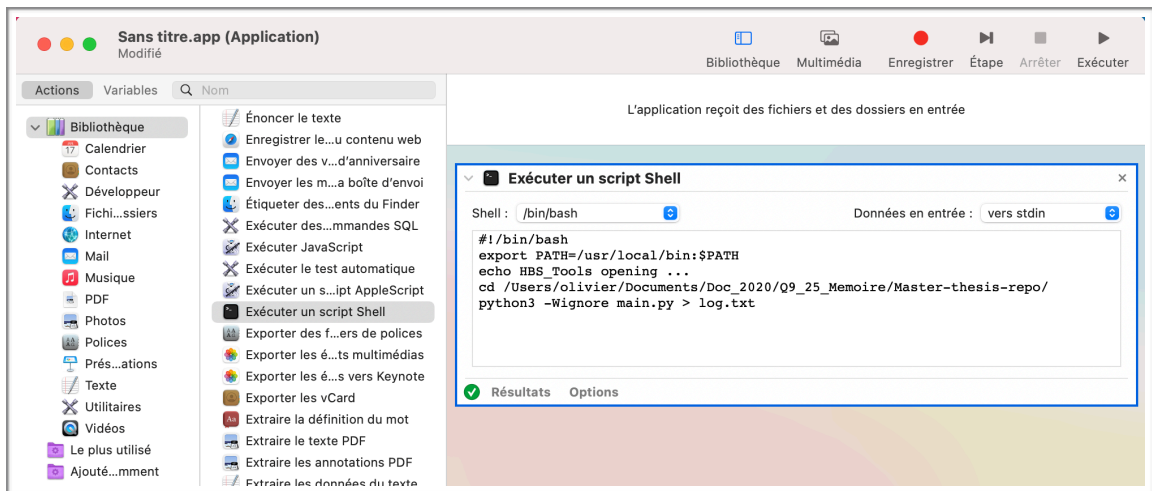
- 1.3.1. Pour les utilisateurs de git, cloner le repository suivant : <https://github.com/orenson/Master-thesis>. Sauter le point suivant.
- 1.3.2. Sinon, suivre le lien ci-dessus, cliquer sur le bouton vert, télécharger le .zip contenant le code et décompresser le dossier à l'emplacement de votre choix.
- 1.3.3. A ce stade, si tout s'est bien déroulé, il est possible de lancer le programme via l'invite de commande en se plaçant dans le dossier contenant le code source avec "cd" puis en utilisant "python3 main.py" ou "python3 main.py > log.txt" pour réorienter la sortie vers un fichier texte.

1.4. Automatisation du lancement (MacOS)

- 1.4.1. Afin d'éviter de devoir à chaque fois passer par le terminal pour lancer le script nous allons créer une petite application exécutant automatiquement les commandes nécessaires. Pour ce faire, lancer Automator.app.
- 1.4.2. Sélectionner "nouveau document" puis "application".
- 1.4.3. Dans le menu de gauche, sélectionner "exécuter un script shell" et faire un drag & drop vers la zone de droite.
- 1.4.4. Saisir les commandes suivantes en adaptant la ligne 4 à votre dossier où se trouve le code python.

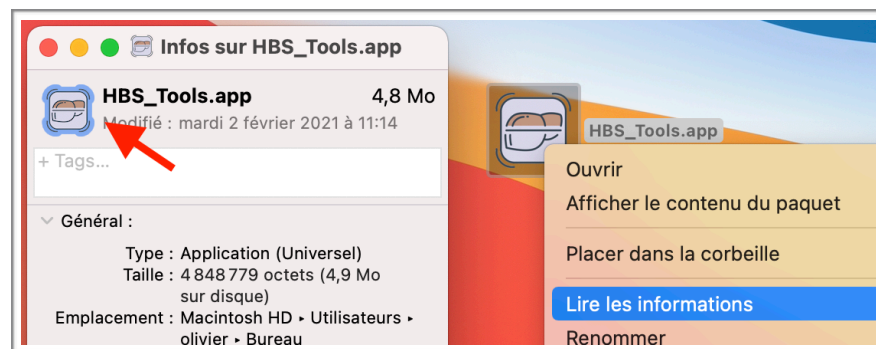
```
#!/bin/bash
export PATH=/usr/local/bin:$PATH
echo HBS_Tools opening ...
cd path/to/source/code/directory
python3 -Wignore main.py > log.txt
```

- 1.4.5. L'exécution peut être testée avec le bouton dans le coin supérieur droit. Si tout s'est bien déroulé le programme doit se lancer après un court instant.



1.4.6. Finalement, enregistrer le .app sur votre bureau et fermer Automator.

1.4.7. Comme pour toute application, l'icône peut être modifiée comme suit : ouvrir icon.png fourni avec le code source et taper cmd+a suivi de cmd+c puis clique droit sur le .app du bureau, sélectionner l'icône par défaut dans le coin supérieur gauche et finir par un cmd+v.



1.5. Automatisation du lancement (Windows)

1.5.1. Sous Windows, ouvrir le bloc note et saisir les commandes suivantes (en adaptant la ligne 2 à l'emplacement de votre dossier où se trouve le code python) :

```
echo HBS_Tools opening ...
cd path/to/source/code/directory
python -Wignore main.py > log.txt
```

1.5.2. Enregistrer le fichier en utilisant l'extension ".cmd", dans le même dossier que le code source.

1.5.3. Cliquez droit sur ce nouveau fichier, sélectionnez créer un raccourci et le placer sur le bureau par exemple.

1.5.4. Pour changer l'icône, cliquez droit sur le raccourci. Dans propriétés, sélectionnez "changer d'icône" puis choisissez le fichier ".ico" fourni avec le code.

1.5.5. Double cliquer sur le raccourci devrait à présent suffire à ouvrir HBS_Tools.

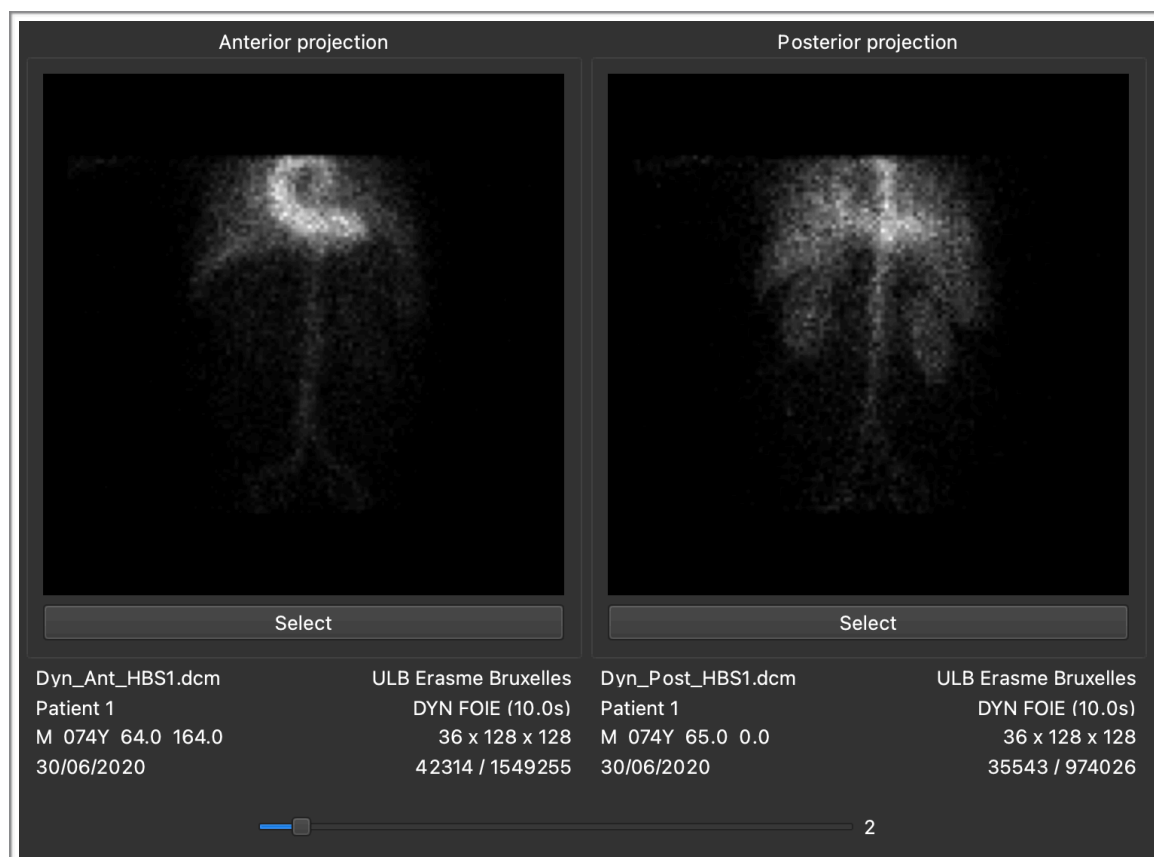
2. Utilisation

2.1. Démarrage

Le plus simple est de suivre le point 1.4 ou 1.5 pour obtenir un utilitaire qui lance HBS_Tools avec un simple clique. Sinon, comme expliqué au point 1.3.3, le programme peut être lancé depuis un invite de commande.

2.2. Chargement des images

Quand le programme se lance automatiquement ou via la commande “python3 main.py”, la première étape est de charger les projections antérieures et postérieures en utilisant les boutons “select” correspondants. Une boîte de dialogue apparaît alors et vous laisse sélectionner le fichier DICOM correspondant approprié. Lorsqu’un fichier est chargé, certaines informations de bases sur l’examen et le patient contenues dans les métadonnées sont alors affichée juste en dessous. Cela permet de s’assurer que les 2 projections sont bien du même patient, de la même date et du même format par exemple. Il ne reste alors plus qu’à calculer la moyenne géométrique des 2 projections via le bouton “compute geometric mean” en bas à droite de l’interface. Si vous utilisez le terminal, une autre option est de saisir le nom des 2 fichiers DICOM en argument après le “main.py”. Cela aura pour effet de lancer HBS_Tools directement avec les images chargées et la moyenne calculée, évitant ainsi de devoir aller chercher les fichiers manuellement.

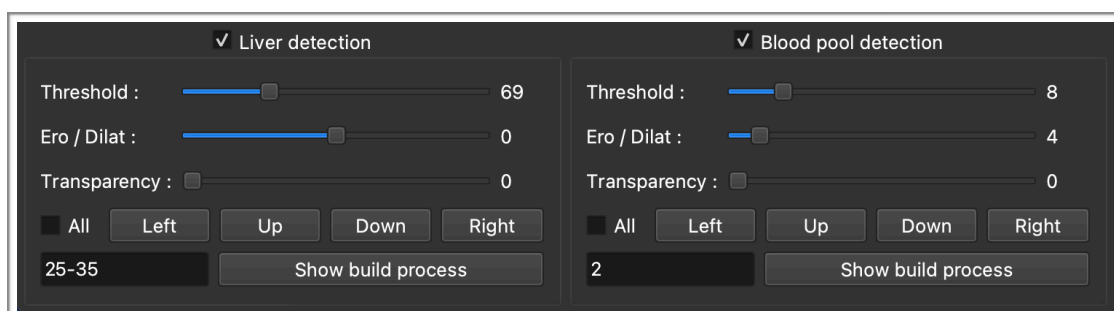


Ci-dessous, le détail des métadonnées extraites et leur tag DICOM correspondant, de haut en bas et de gauche à droite :

- Nom du fichier DICOM sélectionné
- Nom du patient [0010,0010]
- Sex [0010, 0040], age [0010, 1010], poids [0010, 1030], taille [0010, 1020]
- Date de l'examen [0008, 0022]
- Nom de l'institut [0008, 0080]
- Description de la série [0008, 103E], temps de prise de vue par image [0018, 1242]
- Nombre d'images [0028, 0008], de colonnes [0028, 0011], de lignes [0028, 0010]
- Coûts pour l'image affichée / coûts totaux [0018, 0070]

2.3. Détermination des ROIs

L'étape suivante du processing est de délimiter les régions d'intérêt pour le foie et le pool sanguin. Pour ce faire il faudra utiliser les 2 encadrés de la partie inférieure de la fenêtre. Cocher la petite case en haut permet ou non d'accéder au réglages et d'afficher la région d'intérêt par dessus les images moyennées. Ensuite il faudra jouer sur les 2 premiers curseurs jusqu'à obtenir des ROI satisfaisantes. Le troisième permet de modifier la façon dont la ROI est affichée. Sur 0 (par défaut) seulement le contour de la zone est tracé, augmenter les valeurs permet d'afficher la région "pleine" en modifiant le niveau de transparence (1 = peu visible, 10 = opaque). Les 4 boutons "gauche", "haut", "bas", "droite" permettent de shifter la ROI dans la direction voulue. Si la petite case de gauche n'est pas cochée, le shift n'est effectif que sur la slice affichée (utile pour corriger les mouvements du foie dus à la respiration par exemple), si elle l'est, alors le shift se répercutera sur toute la série d'image. Finalement, le (les) chiffre(s) dans le coin inférieur gauche indiquent quelle(s) slice(s) est (sont) utilisée(s) pour calculer la ROI. Pour le foie "25-35" signifie que c'est la moyenne des 10 dernières images qui sert de base au calcul de la ROI (ces paramètres fonctionnent généralement correctement et ne doivent normalement pas être modifiés). Dans le cas de la détection du coeur la tâche est plus complexe puisqu'il s'agit de repérer la slice où l'organe est le mieux mis en évidence, ce qui ne constitue que une (ou parfois 2) image(s) dont la position dans le temps n'est pas identique pour tous les patients. Ainsi un petit algorithme se charge normalement de sélectionner la meilleur image mais dans la pratique, il se peut qu'une candidate alternative existe. Il suffit donc de changer le chiffre (ou comme pour le foie, de saisir une range de slices qui seront moyennées) servant de base au calcul de la ROI du pool sanguin. Le bouton "show



build process” donne simplement un aperçu des différentes étapes du processing de l’image pour la construction du masque.

2.4. Calcul de la clairance hépatique

Une fois les 2 ROIs correctement mises en évidence, il est alors possible de calculer la clairance hépatique via le bouton “Show time-activity curves”. La courbe d’activité au cours du temps pour chaque ROI ne s’affiche que si la ROI correspondante est active (case cochée). Il est important que les 2 ROIs soit actives (comme sur l’image ci-dessus) pour obtenir une valeur de clairance. De plus le poids et la taille du patient sont nécessaires pour normaliser le résultat, si ces informations ne sont pas présentes dans les champs correspondants du fichier DICOM alors 2 petites fenêtres vous inviteront successivement à saisir les valeurs appropriées.

2.5. Sauvegarde et export

Finalement, il est possible d’enregistrer les différents paramètres pour ne pas avoir à refaire tout le travail lors d’une prochaine réouverture des mêmes séries d’images grâce au bouton “save parameters”. C’est l’identifiant unique (UID) de la projection antérieure qui est utilisé pour référencer les données. Donc, lors de la prochaine utilisation d’une même projection antérieure, les paramètres seront récupérés au moment du clique sur “compute geometric mean”.

Il est possible de partager les valeurs obtenues grâce au bouton “export” qui, comme son nom l’indique, permet d’exporter les résultats sous différents formats (excel, png, DICOM). Le format excel permet d’obtenir les valeurs brutes des 3 times-series (foie, pool sanguin, champ complet) pour les traiter par un autre logiciel par exemple. Choisir DICOM générera un nouveau fichier de ce type contenant deux images : un affichage en mosaïque (4x9) des 36 slices avec les ROIs et un graphe avec les courbes temps-activité et les valeurs de clairance. L’option png permet également de générer quelque chose de similaire mais sous forme de captures d’écran classiques. Il est possible d’y sélectionner les slices à inclure dans la mosaïque (“-” pour inclure toutes les slices entre 2 valeurs et “,” pour des valeurs individuelles). Par défaut, cela ne générera qu’une seule image, si on souhaite en obtenir une seconde avec les courbes et les résultats, il faut cocher la première case “include curves and results”. Enfin, l’option “show after generation” permet d’avoir directement un aperçu des images produites.

