1. **Was haben wir bisher gemacht**

* Mit dem Code/ der Pipeline und den Funktionen experimentiert
* -> Frage: Wie kann man neue Daten importieren/ geht nicht (an unseren Rechnern) immer…
* Dazu: Vorschläge, neues Script und fertige SA von Jana organisieren
* Bugreport: Zu allem im Code (Pipeline, Feature- Toolboxen, Imagine, GUI, Unterscripte)
* Paper recherchiert zu bisherigen Methodik von Texture Analysis mit Features
* -> Frage: Kommen wir dagegen die neuronalen Netzwerkanalysen mit unserem „zu Fuß“- Approach gegen die Auswertungen von anderen Forschungsgruppen (Empfehlung) an? Wenn ja, wie? Können wir mit unseren statistischen Methoden Aussagen treffen? #Literaturrecherche
* Tagesprotokoll geführt
* Recherchen haben gezeigt, dass (im Oberschenkel) keine Muskeln bevorzugt von einer Atrophie betroffen sind und daher alle ROIs auf die features zu untersuchen und miteinander zu vergleichen sind. Im Unterschenkel nach unserer Recherche auch keine speziellen ROIs, welche von der Atrophie besonders betroffen sind

1. **Was haben wir verstanden**

* Grob: Die Bedienung der Pipeline und den Zusammen
* Nach was wir mit unseren Features suchen wollen, im Sinne der Pathologie von Diab. Mel. Induzierter Atrophie -> Fetteinlagerungen in den einzelnen Muskeln (ROIs)
* Für die Auswertung: 16 Datensätze x 7 ROIs x 90 (49?) Features x 4 MRI- Sequenzen an Kombinationen
* Diab. Induzierte Sarkopenie wirkt nur in der unteren Extremität

1. **Idee wie wir weiter vorgehen -> next Steps**

* ROIs mit den gleichen Features auswerten und vergleichen (für je alle Patienten der MS- Studie)
* Wenn dann path. Daten vorhanden: Mit gesunden (MS-Studie) Daten vergleichen und evtl vorher schon Prognosen wagen, welche Features gut/ schlecht sein könnten?
* Wäre es eine Idee Radiologen zu fragen wegen der Pathologie der Bilder oder wollen wir nur mit „verstandenen“/ diagnostizierten Daten unsere Auswertung machen?
* Bevorzugte ROIs (selber weiter recherchieren?)???
* ROIs mit gleichem Feature bei allen Daten für alle 4 Sequenzen machen und die Ergebnisse nach den verschiedenen Sequenzen vergleichen
* Standardisierte Segmentierung erwünscht?
  + Nein -> Philipp segmentiert, wenn vorhanden neue Aufnahmen
  + Ja -> MS – Studie muss durch Segmentierungsalgorithmus segmentiert werden (fertig?)
* Radiomics hat in der Structure 42 Werte, obwohl es 57 Features zur Auswahl gibt in der Pipeline. Das gleiche Problem, mit anderen zahlen ist bei PORTS **-> Beantwortet!!!!**

1. **Programmfehler bzw. Behebungen an der Pipeline**

* Neue Funktionen einlesen (.dcm, .ima) funktioniert, trotz Rücksprache mit Jana nicht.
* -> Haben versucht die Funktion durch Debuggen zu verstehen (vergeblich, Stand: 05.12)
* Neue Dateien werden vom Pfad her nicht erkannt und können deswegen nicht in die Liste übernommen werden. Ergo: Neue Daten nicht berechenbar…