# Protokoll Tagesleistungen (16.11.17)

Legende : O = Einzelarbeit von Philipp Matten

O = Einzelarbeit von Matthias Weinhold

O = Zu recherchierender/ bearbeitender Inhalt

* Versuch des Nachbauens der Stucts um diese in der Pipeline zu öffnen und auszuwerten
* Debugging‘ von Fehler bei Abbruch im Auswahlfenster vom Laden der bekannten Studien
* Versuch mit Janas Code ihre eigenen Dummies neu zu erzeugen
* Verständnisentwicklung für die in der Pipeline eingelesenen Dateien
  + BekannteStudien und BekannteStudien\_Dummies sind Structures (Objekte)

In denen die Werte der Features schon fertig ausgerechnet abgespeichert liegen

* Jana kontaktiert zwecks Überprüfung ob wir den Einleseprozess richtig verstehen und warum Fehler bei der Erzeugung (Endlosrechenschleife) von eigenen/ ihren Dummies

Fazit: Wie machen wir weiter?

Ideen:

* Antwort von Jana abwarten
* Eigene Dummies weiter versuchen zu implementieren oder auf MS-Studie/ Phantom gehen
* Dienen die Dummies uns als Verifizierung/ Hilfe zum Verständnis der einzelnen Texturfeatures oder ist das ein „Holzweg“?
* Wie sollen wir am intelligenten die Daten abgleichen?

-> Dafür ist weiteres Verständnis von den stat. Auswertungen (Korr./TT/Var)

# Protokoll Tagesleistungen (17.11.17)

* Janas Antwort besprechen:  
   Ja TextureFeatureDaten sind in bekannteStudien/\_Dummy schon berechnet abgespeichert, für später auch sinnvoll da keine neue Berechnung notwendig^
* Fehler bei dem Aufruf von unberechneten Dicom-Ordnern (liegt nicht an fehlendem Dateitypnamen oder schlecht vergebenen mit Punkten Oder Sonderzeichen versehenen Dateinamen (hat Stunden benötigt, da viele Matlab/pipline-Abstürze
* Plan für nächste Woche:
* Von Pipline unabhängige theoretische Erarbeitung aller radomics (da viel kürzere Berechnungszeit) Features – bis dahin hoffentlich Hilfestellung von Jana bezüglich eigner Dummies oder eben mit vorhanden Dummies arbeiten

# Protokoll Tagesleistungen (21.11.17)

Ein Bild, das Text, Whiteboard, Karte enthält.

Mit sehr hoher Zuverlässigkeit generierte Beschreibung

# Protokoll Tagesleistungen (22.11.17)

* Audioaufzeichnung ist leider nicht gespeichert worden…
* Gedächtniszusammenfassung:
* Statistische Auswertung von verschiedenen Features über gleiche ROIs
* Histogrammverteilung der Features manuell und „per Auge“ für die verschiedenen probierten Features (Gauß, doppel Peak, etc. multimodal)
* Für dieses Vorgehen nach Literatur suchen und validieren (wiss. Mathodik)

Wenn das nichts ergibt; Selbst Systematik ausdenken

* ROIs in Länge (z-Richtung) unterteilen und schauen, ob sich unterschiedliche Ergebnisse für unterschiedliche Abschnitte in Z ergeben
* Evtl. dann mit Schichtdicke experimentieren und verschiedene Schichten vergleichen (also gleiche Features bei unterschiedlichen Z- Stacks vergleichen)

Zusammengefasst:

Als 1. Schritt Histogramme von Featuren auswerten, zur (zunächst einmal) Auswertung von gesunden MRT- Aufnahmen, bzw. grobem Filtern von vernünftigen Features (Hierfür Literatur mit vorangegangener Forschung).

Darauf aufbauend verschiedene ROIs vergleichen (Histogramme analysieren).

Als 2. Schritt dann überlegen die ROIs in der Tiefe unterteilen und dann Statistik an ihnen betreiben.

# Protokoll Tagesleistungen 23.11.2017

* Siehe Zusammenfassung : „Copy-Paste-Zusammenfassung Paper1“

# Protokoll Tagesleistungen 27.11.2017

* Siehe Zusammenfassung von Paper: A framework for multimodal… T. Upadhaya et. Al.

Ideen aus deren Erkenntnissen für uns:

1. Statistisch genug Werte benötigt um eine Aussage über die Validität der Paper machen zu können (wahrscheinlich schwer, bei den wenigen [vergleichbaren] Daten)
2. Mehr als 2 MRT- Sequenzen vergleichen und statistisch interpretieren (Alleinstellungsmerkmal?)!
3. Den Autoren war die Standardisierung wichtig, also die Normierung der verschiedenen Aufnahmen. Kann man verschiedene Sequenzen auf die gleichen signifikanten Features dann zurück führen? Wahrscheinlich ein interessantes Teilgebiet zum Ausarbeiten für die SA
4. Wurde unser Ziel nicht mitunter so definiert, dass wir die TF auf zirka <10 reduzieren sollen?

De Certaines Page 12: However, among the features considered potentially useful, some may be too unstable (dependent on the ROI size and/or position) to consider them as reliable texture descriptors [49]. Experimental analysis of the features stability, performed on MR images or phantoms, should therefore precede the classification experiments, in

order to exclude **a priori** the features that could not really contribute to a muscular tissue recognition.

1. PET/CT -TFs -!- Secondly, the extremely high variability (>100 %) observed for some features suggested that they should **never be used, even in a single-site, single-scanner study.**

# Protokoll Tagesleistungen 28.11.2017

Analyse von den Features „Entropy“ bei beiden Toolboxen

* Histogramme erstellt von Vergleichen von gleichen ROIs in verschiedenen Patienten (MS- Studie), 16 St. Für je (2x) eine ROI
* Nächste Überlegung ist wie man die Histogramme auswertet und die Daten miteinander vergleichen kann
* Sind die T- Tests/ Korrelations- und Variationskoeffizienten schon statistisch für eine (Gruppe von) Auswertungen ausreichend oder müssen schon bei kleinen Vergleichen erweiterte statistische Verfahren verwendet werden? -> zu klären: Thomas

# Protokoll Tagesleistungen 01.12.2017

1. Fragen zum generellen weiteren Vorgehen: -> zu klären mit Thomas

* Ist es sinnvoll in den gesunden ROIs Features auszuwerten oder kommt dann im vgl. zu einem kranken (von Hand segmentierten ROI) ein zu großer Fehler mir rein.
* Stichwort: Fetteinlagerungen in der ROI (wenn diese pathologisch ist)
* Features, welche eine Erkennung von Fetträndern ermöglichen waren in der Überlegung für die ersten statistischen Vergleiche von Features bei gleichen ROIs

Zusammenfassung/ Besprechung von Paper

***A framework for multimodal imaging-based prognostic model building: Preliminary study on multimodal MRI in Glioblastoma Multiforme***

* Wir wollen eine ROI untersuchen und auf Heterogenität und Fetteinlagerungen überprüfen
* Genau das haben die Autoren des Papers bei den Tumoren als ROI auch getan und gilt als unsere Motivation.
* Könnte es ein Problem sein, wenn man adipostive Patiendaten hat? Erkennen die Features auch pathologische Fälle, wenn der Patient adipositv sein? -> Wahrscheinlich kein Problem, weil ROIs händisch segmentiert sind!
* Unsere radiomics hat 58 Features, wohingegen das „radiomics“ in dem Paper 34 Features behandelt… Weil diese aus den anderen Studien rausgenommen werden?

Zu recherchieren: 21]Gutierrez, RodriguezD, et al. Metrics and textural features of MRI dif-fusion to improve classification of pediatric posterior fossa tumors. Am J Neuroradiol 2014;35(5):1009–15.

[22]XianG. An identification method of malignant and benign liver tumors from ultrasonography based on GLCM texture features and fuzzy SVM. Expert Syst Appl 2010;37(10):6737–41.

* Quantisierung wie bei Jana in 64 Stufen
* Features aus allen Ordnungen können wohl das beste Resultat erzielen (keine Ordnungen pauschal ausschließen)
* Immer gleiche Voxelgittergrößen nehmen! Starke Verfälschung der Metriken ansonsten.
* Alle 13 Raumrichtungen nehmen, Korrelation zwischen ROI-Größe und Feature geringer

1. Unsere Fragen an Thomas:

* Approach im Paper mit SVM/ Kernel und Maschinenlernen für die Auswertung.
* Können wir das manuell überhaupt machen oder wird das nichts?
* Sind wir auf dem Holzweg?
* Wie können wir Softwaretechnisch unsere Statistik betreiben?

# Protokoll Tagesleistungen 04.12.2017

* Besprechung der von uns separat gelesenen/ erarbeiteten Paper (siehe Google. Drive, bzw. Citavi, bzw. Zusammenfassungen)
* Erstellen und schreiben einer Fragen-/ bzw.- Neuerungsliste für das erste „Zwischenmeeting“ mit Thomas
* Terminanfrage (Matthias, per Mail) an Thomas geschrieben und gesendet –> Thomas nicht im Office bis 14.12. … :/

🡪 Erstes Treffen dann wahrscheinlich frühestens Mitte/ „Arbeits- Ende“ Dezember

* Weitere Paper zu vorangegangenen Analysen von MRT-/ CT- Bildern mit Textur- Features unter dem Aspekt der Isolation von Fakten über Effekte bei Muskeluntersuchungen recherchiert und gelesen
* Diverse Erkenntnisse aus der Recherche:

o Fetteinlagerung bei Frauen im Oberschenkel kann mit pathologischen. Befunde3n verwechselt werden

o Es ist kein Muskel besonders bevorzugt betroffen von Kachekie/ Sarkopenie oder Arthrophie, unabhängig von Größe (Querschnitt) und rel. Position im Beim

# Protokoll Tagesleistungen 05.12.2017

* Versuch Daten (.dcm und .ima) einzulesen durch:

o Nach Janas Anleitung über die Pipeline/ GUI (-> klappt nicht, keine Dateien gefunden)

o Unter debugging versucht das Einlesen zu verstehen

* Jana ein Video und Erklärung geschickt, dass es bei uns nicht klappt und um Rückmeldung gebeten

o Versucht Einlese Schleife nachzubauen… Vergeblich

o Liste an Fragen für die erste Betreuerbesprechung ergänzt/ erweitert

* Protokoll Tagesleistungen 07.12.2017Debug von Janas Code – Betriebssystem abhängiger Einleseprozess implementiert
* Sichten von PET/CT-Daten – keine Mask-Dateien -> man. oder autom. Segmentierung
* Weitere Bugs gefunden und dokumentiert

Protokoll Tagesleistungen 11.12.2017

* Schematischer Aufführung aller Studien, aller ROIs in Histogrammen bei den Features der GSZLM (?) manuell aufgetragen und erste optische Betrachtung gemacht
* -> Problem: Auswertung erfolgte bei allen drei Sequenzen (evtl. der erste Schritt um Gemeinsamkeiten bei allen Matrix- Features zu finden?)
* Neugestalten der Ladeabfrage in der Pipeline (erstes pop- up in Run\_GUI) -> Matze
* Fehlerabfangen im 1. Lade Menü (s. Unterpunkt oben)
* Bugreport (Nachtragen) Keine verschiedenen Aufnahmen von Bildern in Imagine (wenn über Janas Pipeline geöffnet betrachtbar)
* Weitere Schritt für stat. Auswertung überlegt: Neuronale Netzte Toolbox verwendbar?

Evtl mit dem Kurven arbeiten

* Nachvollziehen der phy. Details der versch. Sequenzen, bzgl. Des Vergleiches mit der Ula... - bla- et. Al. Studie… Wahrscheinlich nicht 1:1 vergleichbar!
* Statistiktoolboxen nutzen um Normalverteilung „zu beweisen“?

Protokoll Tagesleistungen 12.12.2017

* Debuggen der GUI
  + Öffnen möglich ohne Studien einladen zu müssen
  + Generierung von Maske mit MITK möglich, Einlesen von Dicom-Daten und Maske möglich -> Fehler bei der Weiterverarbeitung ->Jana Datei gesendet
  + Fehler bei Einladem von zusätzlicher Studie in erstem TAB -> Video aufgenommen -> Jana gesendet
  + Fehler bei Einladen von noch nicht bearbeiteten Studien wenn schon zuvor eine berechnete Studie eingeladen wurde -> genauere Analyse am Donnerstag (hardcodierte Pfade?)
  + Weiteres Verständnis der GUI beim Vergleichen der Daten