Laboratory Journal

Trabalho de Conclusão e Curso

Yuri R. Tonin

yuri@df.ufscar.br

Começo 31 de Outubro de 2017

Sumário

Terça, 3	31 de Outubro de 2017
1	Análise de Dados
2	Análise de Dados
Quarta,	1 de novembro de 2017
1	Análise de Dados
Terça, 7	de novembro de 2017
1	Análise de Dados

Terça, 31 de Outubro de 2017

1 Análise de Dados

Ao realizar simulações, observamos que um sinal com um ruído aleatório (de distribuição gaussiana e largura 1 desvio padrão) causava uma grande incerteza na posição dos pontos da curva linear (figura 1). O comportamento esperado é que o ponto a esquerda representa o ângulo maior (no caso, 10°), enquanto que o outro represente o ângulo menor (2°). As simulações mostravam caso em que as posições se invertiam, devido ao grande ruído.

Seja S o sinal. No eixo Y, plota-se S/\sin . No eixo X, S/\tan . Espera-se que $S/\sin(2^{\circ}) > S_{10}/\sin(10^{\circ})$ pois o numerador cresce menos que o denominador quando se muda o ângulo de 2° para 2° . Para ver isso basta plotar uma curva do sinal ideal e ver a variação em cada valor dos ângulos.

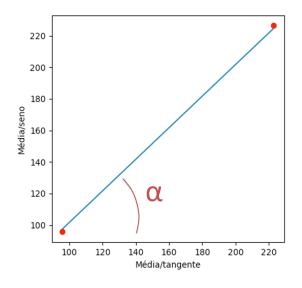


Figura 1:

Voltamos então a GUI para avaliar se os fittings também apresentavam o mesmo comportamento. Descobrimos que os valores estavam sempre invertidos, isto é, o ponto da esquerda era o de 2° e o da direita de 10°. O motivo é que o valor de $S_{10} >> S_2$. Isso não pode estar correto. Portanto, tudo indica que há uma diferença de ganho no sinal em

diferentes aquisições, já que um conjunto de dados com determinado ângulo diz respeito UMA aquisição.

Iremos então realizar uma análise dessa diferença no sinal para cada um dos ângulo. Usaremos a GUI para dados de diversos pacientes e analisaremos a inclinação da reta é aproximadamente a mesma para todos os pacientes. se houver uma consistência, poderemos fazer o mesmo para uma região de gorda (onde o contraste não atinge) e outra de rim (por onde o contraste passa). Essas regiões poderão ser utilizadas como referência para criarmos um "segundo rescaling" e obter os valores corretos (ou mais próximos dos corretos) para a média de uma ROI (sinal).

2 Análise de Dados

O Fernando me passou os dados de diversos pacientes. Por agilidade, optamos por calcular as médias das ROIs pelo MIPAV. Fiz a análise de apenas 1 paciente para as imagens pré-contraste. Algo estranho aconteceu: as médias da ROI estão dando valores (muito!) diferentes do que quando calculo pela minha GUI do Python. E o pior: pelo MIPAV, a diferença de intensidade da imagem de 2 para a de 10 graus parece ser de 4 vezes, como deve ser! **Checar documentação do MIPAV** para ver se calculei corretamente as médias pelo software. Caso isso se confirme, terei que ver na GUI se fiz algum cálculo com a imagem que possa estar alterando os valores do pixels e mudando tanto assim a média do sinal na ROI. Também posso tentar entender como o Python importa as imagens; quem sabe na importação algo está alterando os valores...

ERRATA: O motivo para a diferença acima foi encontrado no dia seguinte.

Quarta, 1 de novembro de 2017

1 Análise de Dados

A diferença nos valores do MIPAV e da GUI citadas ontem ocorrem por causa do rescaling que fiz na GUI. O MIPAV não faz o rescaling. Assim, extrai o valor dos coeficientes de rescaling pela GUI e vou implementar o rescaling pelo excel posteriormente após extrair todos os valores de intensidade pelo MIPAV.

Terça, 7 de novembro de 2017

1 Análise de Dados

Terminei de analisar as médias do sinais provenientes de diferentes regiões: 3 do fígado, 1 do rim e 2 de gordura.

Ignorei o SUBJ021 porque seu arquivo DICOM era único para todos os slices e assim não consegui extrair os Rescaling factors a partir da minha GUI, a qual precisa de 1 arquivo por slice.

A tabela 1 mostra os valores do coeficiente angular da reta gerada pelos dois pontos de cada região (2 e 10 graus), para cada sujeito.

Vemos que os SUBJ011 e SUBJ018 possuem valores bem altos para o coeficiente. Vemos que que as regiões de gordura possuem o menor desvio padrão. Todos os demais possuem desvio padrão da de 100% da média.

Tabela 1: tabelaMedias

Paciente	Fígado A	Fígado B	Fígado C	Rim	Gordura A	Gordura B
SUBJ001	4.31	4.27	5.42	4.14	1.25	1.34
SUBJ002	4.78	4.00	4.08	2.55	1.41	1.41
SUBJ003	4.12	4.86	5.05	4.02	0.95	0.95
SUBJ004	4.11	3.73	4.33	2.20	0.87	0.87
SUBJ005	3.50	3.64	4.69	3.42	1.16	1.16
SUBJ006	5.89	6.97	7.05	3.51	1.52	1.52
SUBJ007	2.77	2.41	2.20	1.86	0.83	0.83
SUBJ008	4.51	4.73	5.42	3.07	1.02	1.02
SUBJ009	7.76	8.20	8.37	4.51	2.10	2.10
SUBJ010	4.14	4.56	4.82	2.77	0.96	0.96
SUBJ011	11.28	11.14	10.88	9.89	3.65	3.65
SUBJ012	4.13	3.58	4.12	2.18	1.46	1.46
SUBJ013	5.88	5.76	6.52	4.05	1.20	1.20
SUBJ014	5.36	5.31	5.09	3.01	1.12	1.12
SUBJ015	2.93	2.48	2.43	3.43	0.95	0.95
SUBJ016	2.95	2.74	2.49	2.33	0.95	0.95
SUBJ017	1.90	1.77	1.54	1.43	0.69	0.69
SUBJ018	29.18	30.10	31.92	36.99	3.87	3.87
SUBJ019	4.38	4.97	6.01	3.73	1.55	1.55
SUBJ020	2.61	3.07	2.84	1.89	0.84	0.84
SUBJ022	7.36	8.63	9.52	5.11	3.82	3.82
SUBJ023	2.75	2.63	2.97	2.37	1.18	1.18

Average	5.7539524	5.8894279	6.2617352	4.9292917	1.515662925	1.520010985
StDev	5.6343634	5.8704812	6.2014859	7.3660122	0.972241553	0.971191236

Fórmulas

Formula 1 - Pythagorean theorem

$$a^2 + b^2 = c^2$$