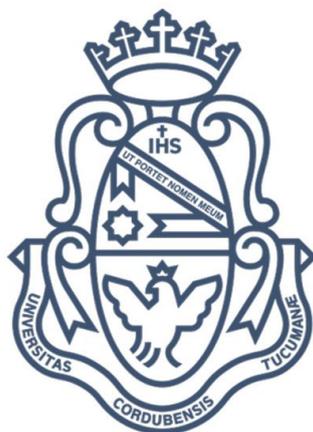


Trabajo Especial De Licenciatura En Física

Implementación de LogFiles en controles de calidad paciente-específico

Ezequiel Agustín Cabrera Lacey

Diciembre 2023



Universidad Nacional de Córdoba

Facultad de Matemática, Astronomía, Física y Computación

Directores:

Dr. Chesta Miguel A.

Dr. Venencia C. Daniel



Implementación de LogFiles en controles de calidad paciente-específico © 2023 by Ezequiel Agustín Cabrera Lacey está bajo una Licencia Creative Commons BY-NC 4.0 Internacional.

Agradecimientos

- A mis directores Miguel A. Chesta y C. Daniel Venecia, por el apoyo y la predisposición brindada para resolver todas las dudas e inquietudes que surgieron durante la consolidación de este trabajo.
- Al *Instituto Privado de Radioterapia Oncológica* y a su personal, por abrirme sus puertas y ayudarme en este proceso de aprendizaje.
- A mi familia y mi pareja, por su cariño y apoyo incondicional durante todos estos años.

Sin el aporte de estas personas, este trabajo no podría haber sido posible.

Resumen

El procedimiento típico para un tratamiento de radioterapia comienza con la prescripción por parte del médico oncológico de la dosis a suministrar sobre el tejido tumoral. Es tarea del área de física médica implementar un plan de radiación para maximizar la dosis en el tumor y minimizando la deposición el tejido sano en las proximidades del tumor. Este plan es ejecutado por un acelerador de tipo LINAC para llevar a cabo el tratamiento en el paciente, durante este procedimiento, el acelerador puede ser configurado para que guarde un registro de los componentes mecánicos que se ven envueltos durante el tratamiento.

La funcionalidad original de estos archivos de registro es responder a la necesidad del personal clínico para llevar un relevamiento sobre el comportamiento de los equipos durante cada tratamiento. Actualmente, es de gran interés explotar este potencial para trasladar esta información hacia los controles de calidad paciente-específico.

Este trabajo fue realizado en colaboración con el *Instituto Privado de Radioterapia Oncológica* dónde fueron tomados estos archivos de registro, tomando como hipótesis que estos archivos poseen información suficiente para reconstruir las planificaciones originales a base de las posiciones registradas, aprovechando así los beneficios del algoritmo de cálculo del planificador original y obtener así un control de calidad paciente específico del tratamiento aplicado.

Para esto, se tomaron los registros de cada campo para la reconstrucción y posterior cálculo de dosis. Una vez realizado el cálculo, se estudió el desempeño de la metodología propuesta frente a otras técnicas de controles de calidad convencionales, obteniendo resultados prometedores para esta metodología como una fuente alternativa como control de calidad paciente-específico.

Abstract

A typical procedure for a radiotherapy treatment begins at the medical prescription of the dose to be delivered at the tumoral tissue. The responsibility falls on the medical physicist to design a treatment plan focused on optimizing the dose directed at the tumor while limiting radiation exposure to surrounding healthy tissue. This plan is implemented by a LINAC type accelerator to deliver the treatment, through this procedure, the accelerator could be configured to save a record over the mechanical components that get involved during the treatment.

Initially, these record files were intended to offer insights into the accelerator's performance during each treatment session for clinical staff. However, there is now a growing interest in utilizing this data for patient-specific quality assurance procedures.

This work was made in collaboration with the *Instituto Privado de Radioterapia Oncológica* where the measurements of the record files were taken under the hypothesis that these files contain enough information for the reconstruction of the original radiotherapy planification with the recorded positions, taking advantage of the TPS's algorithm to obtain a PSQA for the applied treatment.

To achieve this, records for each beam has been taken for the reconstruction and later dose calculation. Once the calculus was done, it was studied the performance of the proposal methodology against other conventional quality assurance techniques, getting promising results for this method as an alternative source for patient specific quality assurance.

Índice general

Lista de Tablas	I
Lista de Figuras	III
1. Introducción	1
2. Marco teórico	4
2.1. Aceleradores lineales	4
2.1.1. Cabezal del colimador	5
2.1.2. Gantry	5
2.1.3. Mordazas	6
2.1.4. Colimador multilámina	6
2.1.5. Mesa de tratamiento	8
2.2. Archivos de registro para aceleradores Varian TM	8
2.2.1. DynaLog	8
2.2.2. Trajectorylog	9
2.3. Archivos de planificación	11
2.4. Algoritmos de cálculo	11
2.4.1. Anisotropic Analytical Algorithm	12
2.4.2. Colapse Cone Convolution	12

3. Materiales y métodos	14
3.1. Adquisición de archivos	14
3.2. Métrica: Índice γ	14
3.3. Comisionamiento TG-119	16
3.3.1. C-1: MultiTarget	16
3.3.2. C-2: Mock Prostate	17
3.3.3. C-3: Mock Head/Neck	17
3.3.4. C-4: C-Shape	17
3.4. Python y librerías	18
3.4.1. Pydicom	19
3.4.2. Pylinac	19
3.4.3. PyMedPhys	19
3.5. Metodología propuesta para la implementación de LogFiles en PSQA	19
3.5.1. Desarrollo del algoritmo	20
4. Resultados y análisis	25
4.1. Errores sistemáticos	25
4.2. Campos simples	27
4.3. Comisionamiento TG-119	29
4.4. Validación	30
4.4.1. Mamas	30
4.4.2. Metástasis Oseas	32
5. Conclusiones	34
Lista de Abreviaturas	34
Glosario	35

Índice general	I
Bibliografía	35
Anexos	38
A. Código fuente	39
B. Figuras	40
C. Tablas de resultados	42
C.1. Errores sistemáticos	42
C.2. Campos simples	43
C.3. Comisionamiento TG-119	45
C.4. Validación	46

Índice de tablas

1.	Estructura de contenidos en DynaLog LogFile. Extracto de <i>DynaLog File Viewer Reference Guide</i>	9
2.	Estructura de encabezado de Trajectorylog LogFile. Extracto de <i>Truebeam Trajectory Log File Specification</i>	10
1.	Análisis γ sobre mediciones dosimétricas portal para errores sistemáticos de apertura 2 mm, threshold 30 %.	26
1.	Resultados de análisis γ global para dosimetría portal, threshold 30 %.	29
1.	Resultados medios de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc TM	31
2.	Resultados de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc TM	33
1.	Resultados forzando errores sistemáticos, criterio 2%/1mm/Th.30%.	42
1.	Resultados de análisis γ global (local) en modo 6 MeV, threshold 30%.	43
2.	Resultados de análisis γ global (local) en modo 10 MeV, threshold 30%.	44
1.	Resultados del comisionamiento TG-119, threshold 30%.	45
1.	Resultados de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc TM	46
2.	Resultados de la validación de treinta pacientes de cáncer de mama. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc TM	47

Índice de figuras

2.1.	Esquema representativo de un LINAC convencional.	4
2.2.	Ángulos de rotación del cabezal en escala Varian TM (azul) y IEC 61217 (rojo).	5
2.3.	Ángulo de gantry en escala Varian TM (azul) y IEC 61217 (rojo).	6
2.4.	Ángulo de la mesa de tratamiento en escala Varian TM (azul) y IEC 61217 (rojo).	7
3.1.	Representación del calculo γ en un ejemplo unidimensional.	15
3.2.	Perfil del tratamiento de comisionamiento C-1: Multitarget. Extracto de AAPM.	17
3.3.	Perfil del tratamiento de comisionamiento C-2: Prostate. Extracto de AAPM.	17
3.4.	Perfil del tratamiento de comisionamiento C-3: H&N. Extracto de AAPM.	18
3.5.	Perfil del tratamiento de comisionamiento C-4: C-Shape. Extracto de AAPM.	18
3.6.	Diagrama de flujo para implementación clínica del software propuesto.	20
3.7.	Diagrama de flujo para el programa propuesto. Etapas de ordenación campo-LogFile (Verde), reconstrucción de la información (Celeste) y modificación (Morado).	24
4.1.	Índice γ para la inducción de errores sistemáticos de diferente magnitud y naturaleza. Advertencia al 95 % (verde) y aprobación al 90 % (roja).	26
4.2.	Índice γ con criterio global (a) y local (b) para los diferentes campos simples a 6 MeV. Advertencia al 95 % (verde).	27
4.3.	Índice γ con criterio global (a) y local (b) para los diferentes campos simples a 10 MeV. Advertencia al 95 % (verde).	28

4.4.	Resultados γ del comisionamiento TG-119. Advertencia al 95 % (verde). . .	29
4.5.	Visualización de un análisis γ trabajado desde RadCalc TM	30
4.6.	Índice γ sobre el volumen global (a) y PTV total (b) para treinta pacientes de cáncer de mama, criterio 3%/2mm/Th.30%. Advertencia al 95 % (verde) y aprobación al 90 % (roja).	31
4.7.	Índice γ sobre el volumen global (a) y PTV total (b) para treinta pacientes de metástasis ósea, criterio 3%/2mm/Th.30%. Advertencia al 95 % (verde) y aprobación al 90 % (roja).	32
4.8.	Visualización a través del TPS Eclipse de la resta entre la distribución de dosis planificada y la reconstruida (Morado para diferencia nula).	33
B.1.	Figuras de los campos simples. OPEN (a), POZO (b), SILLA (c), WEDGE (d), PICOS (e).	40
B.2.	Especificaciones de los softwares de cálculo RadCalc TM (a) y Eclipse (b). .	41

Capítulo 1

Introducción

El Control de Calidad (QA) en la radioterapia es un aspecto crítico para asegurar la precisión y seguridad del tratamiento del paciente. A lo largo de los años, avances significativos fueron hechos en desarrollar e implementar medidas de controles de calidad para mantener altos los estándares de los tratamientos.

Organizaciones internacionales como la *International Atomic Energy Agency* (IAEA) y sociedades de profesionales como la *American Association of Physicist in Medicine* (AAPM) forman parte íntegra en establecer protocolos y estándares para las prácticas en análisis de calidad. Estas guías proveen un marco de trabajo consistente y uniforme a lo largo de los centros de radioterapia a nivel mundial.

QA en radioterapia enmarca un amplio rango de actividades orientadas a verificar y validar varios componentes del proceso de tratamiento. Estos componentes incluyen el planeamiento del tratamiento, calibración de la maquinaria, posicionamiento del paciente, entrega de dosis, y la verificación del tratamiento. El objetivo primario es asegurar que la dosis prescrita es entregada de manera precisa al tejido tumoral mientras se minimiza la exposición a la radiación en los tejidos sanos.

Uno de los pilares fundamentales en QA de radioterapia son las mediciones con base en un fantoma. A través de estos, el físico médico puede verificar los parámetros de tratamiento, cálculo de dosis y desempeño de la maquinaria implementada. Esto aporta mecanismos de detección y rectificación de discrepancias, asegurando la precisión y seguridad de los tratamientos provistos. Análisis de calidad a base de fantomas es un método robusto, pero implica el gasto de tiempo y usos de recursos.

A pesar de los avances significativos en QA, los desafíos aún persisten. La complejidad y rápida evolución de las técnicas de tratamiento es uno de ellos, como es el caso de los tratamientos de Intensity-Modulated Radiotherapy (IMRT), y Volumetric Modulated Arc Therapy (VMAT), entre otros. Estas técnicas avanzadas requieren métodos más

sofisticados para su control de calidad para asegurar la precisión del tratamiento.

Bajo este marco de técnicas avanzadas y en la búsqueda de reducir los tiempos de uso de los equipos de radioterapia, se encuentran las técnicas de simulación computacional para los controles de calidad de los tratamientos. Estas simulaciones componen una representación sofisticada y compleja de los procesos físicos que se ven involucrados en la emisión e interacción de la radiación durante el procedimiento médico.

Estas simulaciones son realizadas habitualmente mediante el software de planificación propia del dispositivo implementado una simulación completa de la máquina de radioterapia obteniendo la información del tratamiento directamente desde el archivo de planificación DICOM.

Otro enfoque dentro de las técnicas de simulación computacional para controles de calidad, implica la utilización de los archivos de registro LogFile como método de reconstrucción del tratamiento brindado, estableciendo así una simulación a base de los datos registrados durante el tratamiento y no los ideales planificados. Para el caso de los aceleradores VarianTM, el software de planificación propio Eclipse solo lleva a cabo simulaciones con base en los archivos de planificación. Si se desea evaluar mediante los archivos de registro, se debe recurrir a software externos como RadCalcTM, lo cual representa una inversión en sí mismo.

Al igual que en diversos problemas de la física se busca que distintos experimentos independientes entre sí sean consistentes entre ellos para validar una postura, para el físico médico es valioso contar con diferentes mecanismos de cálculo independiente, redundante y consistentes entre ellos para poder decir con mayor certeza si un tratamiento es de calidad.

Este trabajo tiene como objetivo profundizar en el potencial de los archivos LogFile para realizar el Control de Calidad Paciente Específico (PSQA) desarrollando e implementando un programa in-house que permita el uso de la información de los archivos de registro para llevar a cabo controles de calidad de manera nativa en el planificador original, aprovechando así su algoritmo y poder de cálculo.

Explotar el potencial de los LogFile fuera de su propósito original es una de las metas para muchos investigadores en la última década y publicaciones como *"A Varian DynaLog file-based procedure for patient dose-volume histogram-based IMRT QA"*[1], *"Clinical examples of 3D dose distribution reconstruction, based on the actual MLC leaves movement, for dynamic treatment techniques"*[2], *"Trajectory log file sensitivity: A critical analysis using DVH and EPID"*[3], entre otros, serán los cimientos utilizados en el desarrollo de este trabajo.

El objetivo último es brindar una herramienta y procedimiento paso-a-paso para la re-

construcción de un plan de radioterapia con base en sus archivos LogFile para obtener una distribución de dosis independiente y redundante con otros algoritmos de cálculo, expandiendo así los recursos ya establecidos para el físico médico en PSQA.

Capítulo 2

Marco teórico

2.1. Aceleradores lineales

Un Acelerador Lineal (LINAC)¹ es un instrumento que implementa campos electromagnéticos para acelerar electrones por una guía de ondas hasta hacerlos impactar contra un objetivo para producir la emisión de fotones de hasta 18 MeV. Estos aceleradores no poseen fuente radioactiva, por lo que la producción de radiación solo se efectúa cuando se le comanda que así sea. Son numerosos los componentes que se ven involucrados durante la realización de un tratamiento, pero en los archivos de registro solo cinco de sus componentes mecánicos obtienen un seguimiento durante todo el procedimiento.

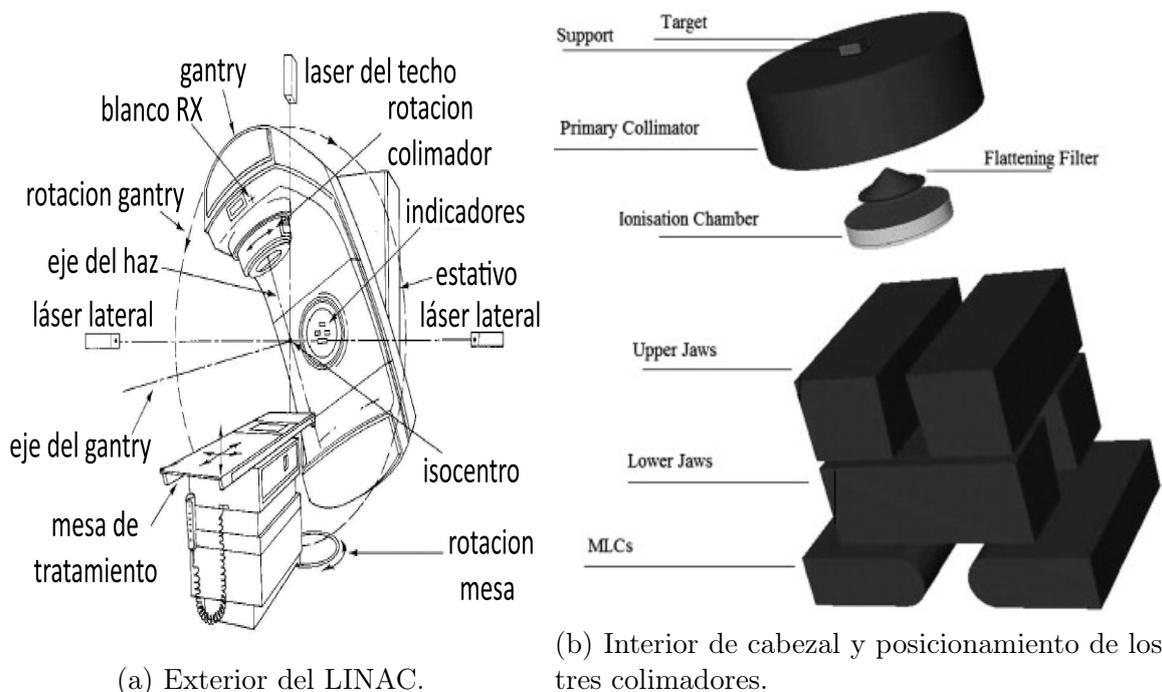


Figura 2.1: Esquema representativo de un LINAC convencional.

¹Los aceleradores lineales para el uso clínico se denominan CLINAC, pero dado a la ausencia de ambigüedades se utilizará el termino LINAC de ahora en adelante.

2.1.1.1. Cabezal del colimador

Dentro del cabezal se encuentran varios elementos que se encargan de conformar el haz de fotones necesario para el tratamiento clínico. En primera instancia, se implementa un colimador primario fijo para ajustar la superficie máxima irradiable del LINAC, luego para conformar un perfil de dosis uniforme se implementan filtros aplanadores para posteriormente medir la tasa de fluencia en unidades monitoras sobre dos cámaras de ionización independientes y consecutivas, por último se conforma el perfil del haz a través de colimadores jaw y un Colimador Multi-Lámina (MLC).

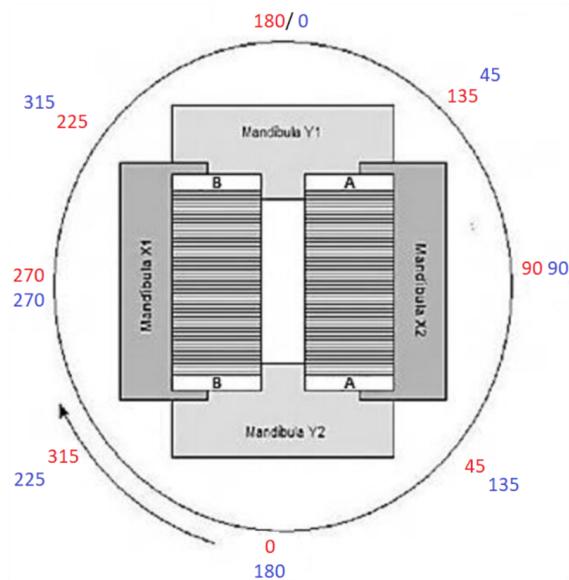


Figura 2.2: Ángulos de rotación del cabezal en escala VarianTM (azul) e IEC 61217 (rojo).

En los archivos de registro se lleva a cabo un control sobre el ángulo de rotación en grados que posee el cabezal del colimador durante el tiempo de tratamiento.

2.1.1.2. Gantry

El gantry es el largo y rotante brazo del Acelerador Lineal sobre el que se sitúa el cabezal del colimador. Permite la entrega de radiación sobre el paciente desde varios ángulos. La implementación del gantry difiere según el tipo de tratamiento que se le realiza al paciente, en los tratamientos IMRT el gantry permanece sobre un ángulo fijo para cada campo de tratamiento, mientras que para los tratamientos VMAT y SBRT cada campo se irradia con el gantry en movimiento sobre una fracción de arco definida.

Para los archivos de registro, la posición del gantry queda almacenada en grados desde 0 a 360 con el origen situado cuando el brazo está recto y el cabezal del colimador se encuentra arriba y se considera un incremento positivo a un desplazamiento en el sentido antihorario.

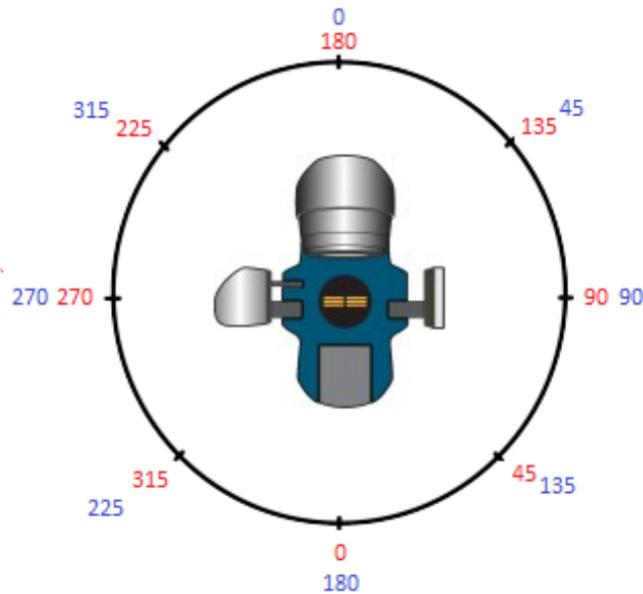


Figura 2.3: Ángulo de gantry en escala Varian[™] (azul) y IEC 61217 (rojo).

2.1.3. Mordazas

Las mordazas o jaw son dos pares de colimadores secundarios, un par para el eje X y otro para el eje Y, encargados de conformar el tamaño cuadrado del campo de tratamiento. Para aceleradores típicos, el tamaño máximo del campo es de 40 cm x 40 cm, aunque puede ser menor para algunos modelos. Estos colimadores están contruidos a base de materiales altamente densos como el tungsteno para brindar la mayor atenuación de los rayos X, para evitar atenuaciones irregulares en los bordes del colimador, los extremos son contruidos con forma de trapecoide rectángulo a modo de que la atenuación se realiza acompañando el ángulo de las trayectorias de los fotones.

Estos se sitúan sobre un carril curvo, a modo que los perfiles angulares de los bordes de los colimadores acompañen el ángulo de apertura del cono de fluencia.

La posición de los colimadores habitualmente es fija para cada uno de los campos de tratamiento y esta se mide en centímetros de desplazamiento desde el centro del campo máximo, considerando los desplazamientos positivos en las direcciones convencionales de los ejes X e Y.

2.1.4. Colimador multilámina

Si bien los colimadores secundarios son implementados para conformar campos cuadrados, como es habitual en los tratamientos clínicos, el volumen tumoral del tratamiento no es de forma rectangular, por lo que es necesario una conformación adicional que permita ser dinámica para cada tipo de tratamiento. Este trabajo de conformación adicional recae sobre el colimador multilámina, este cuenta habitualmente con 60 pares opuestos de lá-

minas móviles, los cuales al poder moverse durante el tratamiento son altamente efectivos para tratar campos complejos con alta precisión.

Existen dos variantes de MLC, las cuales se diferencian en su capacidad de resolución, los primeros modelos contaban con todas las láminas de iguales espesores, actualmente las versiones más avanzadas cuentan con una región en el centro del colimador, donde los pares de láminas son de la mitad de espesor que sus contra partes externas, de esta forma es posible establecer geometrías mucho más complejas con alta precisión.

En el caso de los dispositivos de alta resolución de VarianTM encontramos dos modelos distintos: *Millennium 120* y *HD 120*, si bien ambos cuentan con 60 pares de láminas, las diferencias principales se encuentran en la cantidad y espesores de estas, teniendo el *Millennium 120* 40 pares de 0,5 cm de espesor para las láminas internas y 20 pares (10 a cada lado) externos de 1 cm de espesor para las láminas externas. Mientras que el *HD 120* posee 32 pares de 0,25 cm de espesor para la región central y 28 pares (14 a cada lado) externos de 0,5 cm de espesor.

El posicionamiento de las láminas durante el tratamiento se lleva a cabo individualmente para el extremo interno de cada lámina independiente de su par sobre un sistema de coordenadas análogo al de los jaw. La forma de llevar registro sobre los desplazamientos de las láminas se lleva a cabo a través de un tornillo sin fin sobre el que se sitúa el mecanismo móvil de la lámina, por lo que su movimiento rotacional puede ser medido y trasladado a un desplazamiento en cm de la lámina.

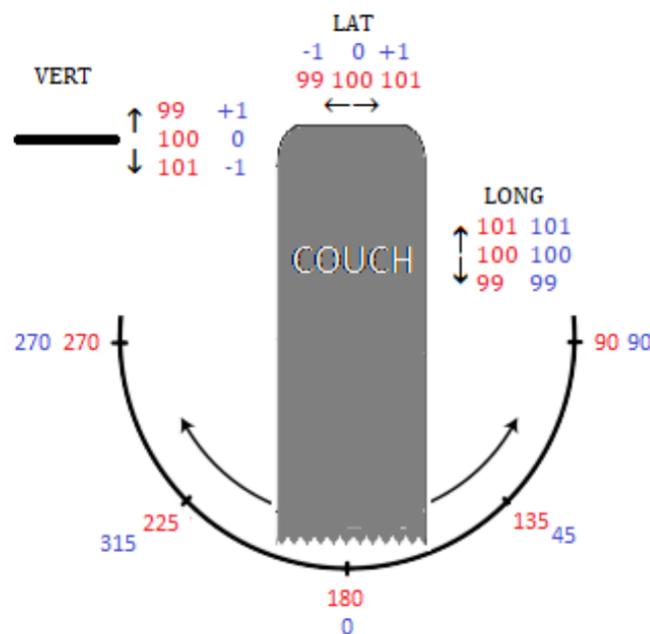


Figura 2.4: Ángulo de la mesa de tratamiento en escala VarianTM (azul) y IEC 61217 (rojo).

2.1.5. Mesa de tratamiento

La mesa de tratamiento o couch es la superficie recta sobre la que se sitúa el paciente durante el tratamiento, esta mesa posee mecanismos móviles que le permiten el movimiento sobre seis grados de libertad: tres lineales (X, Y, Z) y tres rotacionales ($\Theta X, \Theta Y, \Theta Z$). El movimiento sobre estos ejes no es completamente libre, sino que son realizados en un rango de movimiento independiente a cada grado de libertad, el movimiento sobre el pitch (ΘX) y el roll (ΘY) solo puede ser de hasta $\pm 3^\circ$ mientras que para el yaw (ΘZ) el rango de movimiento es de $\pm 90^\circ$.

No todos los archivos de registro llevan constancia del posicionamiento del couch o de todos sus grados de libertad, los registros habituales son del posicionamiento lineal y sobre el ángulo de yaw.

2.2. Archivos de registro para aceleradores VarianTM

Cada fabricante de LINAC, poseen su formato independiente para los LogFile, diferenciándose desde la información que poseen, hasta el tiempo entre cada registro.

Los equipos con los que se llevaron a cabo las mediciones para este trabajo fueron dos tipos de modelos LINAC de la marca VarianTM: *TrueBeam* y *Novalis TX*. Estos modelos hacen uso de dos formatos distintos de archivos de registro: DynaLog para el *Novalis TX* y Trajectorylog para el modelo *TrueBeam*, siendo el formato DynaLog el más primitivo de estos.

Si bien existen diversos tipos de modelos de LINAC distintos dentro de la marca VarianTM, solo existen estos dos tipos de formatos distintos para los LogFile. Sus características se listan a continuación.

2.2.1. DynaLog

Es el tipo de formato más primitivo empleado en los sistemas VarianTM Clinac, este realiza un muestreo cada 50 ms y lleva constancia de: un mapeo en un rango de 1 a 25000 de la fracción de unidades monitoras acumulada (para tratamientos del tipo VMAT, este es reemplazado por el ángulo de gantry), el posicionamiento angular del gantry y del cabezal, la ubicación en mm de los cuatro jaw y del carril sobre el que se encuentran cada banco de láminas y finalmente la posición: real, planificada y previa para cada una de las 120 láminas que componen el MLC.

Los registros originales del MLC toman sus mediciones en las centenas de milímetros desde su plano físico, para realizar comparaciones consistentes con otros formatos de registro, estos valores son convertidos a cm y multiplicados por un factor de conversión

*target-to-isocenter*².

Tabla 1: Estructura de contenidos en DynaLog LogFile. Extracto de *DynaLog File Viewer Reference Guide*.

Column	Format	Description
1	<long>	Current dose fraction or current gantry rotation
2	<long>	Previous segment number (starting with zero)
3	<long>	Beam hold-off state 2 = LMIMRT carriage group transitions 1 = MLC beam hold-off signal asserted 0 = MLC beam hold-off signal not asserted
4	<long>	Beam on state 1 = Clinac beam is on 0 = beam is off
5	<long>	Previous segment dose index or previous segment gantry angle
6	<long>	Next segment dose index or next segment gantry angle
7	<long>	Gantry rotation in 10th of a degree
8	<long>	Collimator rotation in 10th of a degree
9	<long>	Upper Y1 jaw position in mm in the isoplane
10	<long>	Upper Y2 jaw position in mm in the isoplane
11	<long>	Lower X1 jaw position in mm in the isoplane
12	<long>	Lower X2 jaw position in mm in the isoplane
13	<long>	Carriage expected position in 100th of a mm
14	<long>	Carriage actual position in 100th of a mm
The remaining columns contain the following values for each leaf in the carriage. (nLeaf = 0, 1, 2 and so on)		
4*nLeaf + 15	<long>	Expected position
4*nLeaf + 16	<long>	Actual position
4*nLeaf + 17	<long>	Previous field position
4*nLeaf + 18	<long>	Next field position

La extensión de este formato es ".dlog" y puede realizarse una lectura con cualquier software de edición de texto dado que su estructura es semejante a los formatos de registros ".csv" (Comma Separated Value). la característica particular de este formato LogFile es que estos almacenan sus registros en dos archivos complementarios, uno para cada banco de láminas, por cada campo de tratamiento.

2.2.2. Trajectorylog

Es el formato de registro más avanzado utilizado en los equipos *TrueBeam*, estos realizan un registro cada 20 ms de: la fracción de unidades monitoras acumuladas, el ángulo real y planificado del cabezal y gantry, la posición de los cuatro jaw, un mapeo directo de

²1,96078, fuente: *HD120 MLC System and Maintenance Guide*, página 153, Varian™.

los puntos de control, las posiciones reales y planificadas de las láminas del MLC desde el plano del isocentro, el desplazamiento de cada carril de los bancos de láminas y adicionalmente la posición lateral (X), longitudinal (Y), vertical (Z) y de jaw (ΘZ) del couch. Todos los registros de desplazamiento son realizados en cm y desde el plano del isocentro (en caso de ser razonable) a diferencia de su contra parte más primitiva.

Tabla 2: Estructura de encabezado de Trajectorylog LogFile. Extracto de *Truebeam Trajectory Log File Specification*.

Line	Data Description
1	Signature 'VOSTL'
2	Version '2.1'
3	Header Size (fixed for now at 1024)
4	Sampling Interval in milliseconds
5	Number of axes sampled. (Indicates length of next entry)
	Axis enumeration
	Coll Rtn - 0
	Gantry Rtn - 1
	Y1 - 2
	Y2 - 3
	X1 - 4
	X2 - 5
6	Couch Vrt - 6
	Couch Lng - 7
	Couch Rtn - 8
	MU - 40
	Beam Hold - 41
	Control Point - 42
	MLC - 50
7	Samples per axis. For MLC, it is the number of leaves and carriages
	Axis Scale
8	1 - Machine Scale
	2 - Modified IEC 61217
9	Number of subbeams
10	Is truncaterd? (Did the plan exceed 20 minutes?)
11	Number of snapshots
12	Reserved

Este formato tiene por extensión ".bin" lo que implica que su manipulación es más compleja dado que su información se encuentra codificada en binario, por lo que su lectura directa no es posible y debe ser decodificada previamente.

Estos archivos son completos e independientes, dado que para cada campo de tratamiento generan un único archivo Trajectorylog a diferencia del formato DynaLog, además los equipos *TrueBeam* cuentan con un modo "secuenciador" lo que compacta todos los campos de tratamiento en un único archivo Trajectorylog continuo.

2.3. Archivos de planificación

Para el uso clínico existen protocolos estandarizados sobre los formatos de archivos para la comunicación y almacenamiento de imágenes médicas, el estándar más exitoso es el Digital Imagin and Communication In Medicine (DICOM) que resuelve la problemática de interoperabilidad entre diferentes dispositivos. Dado que una imagen no contiene la información suficiente, este protocolo cuenta con objetos del tipo Information Object Definition (IOD)³ los cuales almacenan la información complementaria a las imágenes médicas. Existen diferentes IOD para cada tipo de información médica que se quiera almacenar. Todo este protocolo en conjunto definen un Standard Operating Procedure (SOP) para las imágenes médicas.

En radioterapia son varios los IOD que se ven involucrados en un tratamiento. Al momento de la planificación se implementa el formato RT Plan IOD como plantilla para el almacenamiento del tratamiento del paciente, para los campos este archivo cuenta con un módulo (*Beam Sequence*) de información relevante a cada campo de tratamiento planificado. Aquí se instancia una descripción general sobre el equipo y el tipo tratamiento planificado para, posteriormente, en el submódulo (*Control Point Sequence*) establecer por cada punto de control: las posiciones en mm planificadas para las 120 láminas que componen el MLC, un valor normalizado representativo a la fracción de dosis acumulada (*Meterset*), el ángulo de gantry para los tratamientos VMAT y las posiciones iniciales de los jaw en mm desde el plano del isocentro.

Estos planes son creados por el físico médico en el Treatment Planning System (TPS) a base de protocolos establecidos para cada tipo de tratamiento que requiera un paciente.

2.4. Algoritmos de cálculo

En el TPS el físico médico es capaz de llevar a cabo una simulación de la deposición de la radiación sobre el tejido del paciente con base en la planificación creada. Dada la naturaleza de las simulaciones computacionales cada método de cálculo aporta una solución independiente y es de suma importancia para el profesional tener múltiples sistemas de cálculos independientes y que estos sean consistentes entre ellos.

Para este trabajo se realizaron cálculos de dosis implementando el sistema de planificación nativo de los LINAC, Eclipse, el cual cuenta con el algoritmo de cálculo Analytical Anisotropic Algorithm (AAA) y de manera independiente con el sistema de cálculo RadCalcTM, el cual posee una versión hace uso del algoritmo Colapse Cone Convolution (CCC). Para especificaciones ver Anexo B Fig.B.2.

³La composición de diferentes IOD bajo un mismo objeto se denomina Composite Information Object Definition (CIOD).

2.4.1. Anisotropic Analytical Algorithm

AAA es un algoritmo donde la dosis por cada beamlet es calculada a base de convolución. La fluencia de energía del beamlet es separada en componentes de fotones primarios, fotones extrafocales y electrones contaminantes originados principalmente por el filtro aplanador, cámara de ionización, jaw y el aire. La contribución en la dosis $D_\beta(x, y, z)$ por el beamlet β es modelado a través de la convolución de su fluencia Φ y la función de densidad de energía depositada $I(z, \rho)$ con un kernel de dispersión $K(x, y, z, \rho)$, que define la dispersión lateral de dosis en el fantoma:

$$D_\beta(x, y, z) = \Phi_\beta \cdot I_\beta(z, \rho) \iint_\beta K_\beta(x' - x, y' - y, z, \rho) dx' dy' \quad (2.1)$$

Cada función es definida de manera independiente para cada componente de la fluencia. Las funciones representativas de la energía de fluencia y los kernels son expresadas de manera analítica y la convolución integral sobre las dimensiones del beamlet también son resultados de manera analítica, es por esto que este algoritmo recibe la etiqueta de "analítico".

2.4.2. Colapse Cone Convolution

Al igual que en AAA, en CCC se realiza una separación de los fotones primarios y los fotones secundarios y electrones. El transporte de energía de los fotones primarios está modelado por la Energía Total Liberada por Unidad de Masa (TERMA) $T_E(\mathbf{r})$, la cual se define en el punto \mathbf{r} dado por los fotones de energía E y por una energía de fluencia Ψ en un medio de densidad ρ .

Mientras que el transporte secundario de fotones y electrones se encuentra modelado por un kernel de dispersión puntual $h(E, \mathbf{s}, \mathbf{r})$ describiendo la distribución de dosis al punto \mathbf{r} desde un solo fotón interactuando en el punto \mathbf{s} . Para haces poli-energéticos, el kernel de dispersión puede ser construido a partir de la suma apropiadamente pesada de kernels mono-energéticos según el espectro de energía del haz a determinada profundidad. De esta forma la dosis en el punto \mathbf{r} queda definida como:

$$D(\mathbf{r}) = \frac{1}{\rho(\mathbf{r})} \int \iiint T_E(\mathbf{s}) \rho(\mathbf{s}) h(E, \mathbf{s}, \mathbf{r}) d^3s dE \quad (2.2)$$

Resolver computacionalmente esta ecuación requiere de un gran poder de cálculo por lo que en CCC aproxima esta convolución con la introducción del colapso de conos coaxiales. En esta aproximación toda energía liberada en conos coaxiales de igual ángulo sólido es transportada, atenuada y depositada en elementos del eje.

Si bien el punto fuerte de CCC se encuentra en la reducción del tiempo de cálculo, en la

práctica clínica se han encontrado problemáticas a la hora de representar correctamente la deposición de dosis en interfaces de tejido ligero y hueso, tratamientos de pulmón, metastasis oseas y en tratamientos altamente energéticos.

Capítulo 3

Materiales y métodos

3.1. Adquisición de archivos

Los resultados experimentales fueron adquiridos de manera conjunta tanto en el *Instituto Privado de Radioterapia* (IPR) como en el *Instituto Privado de Radioterapia Oncológica* (IPRO). Para este trabajo se utilizaron los registros de tratamientos realizados en ambas clínicas, por cuatro equipos de radioterapia de dos modelos VarianTM distintos, tres *Novalis* y un *TrueBeam*. De estos tratamientos se guardó su plan DICOM original y los LogFile correspondientes al día de ejecución.

Para el estudio de la influencia de los errores sistemáticos en la reconstrucción de los planes, se indicaron cuatro tipos de errores: desplazamiento, apertura, cierre y aleatorio. Esto se realizó sobre las planificaciones de dos tratamientos de: cabeza y cuello, próstata y mama, uno por cada tipo de formato, variando la intensidad de los errores desde 0,5 mm hasta 2 mm cada 0,5 mm.

Dado que una de las problemáticas es la reconstrucción de dosis en tratamientos altamente energéticos en CCC, calculando con AAA se implementaran cinco campos de geometrías simples en el modo 6 MeV y 10 MeV para realizar una comparación de dosis bajo diferentes métricas.

Finalmente, para la validación de este estudio se llevó a cabo el trabajo del comisionamiento TG-119 y se estudiaron las reconstrucciones de treinta tratamientos de metástasis ósea y treinta de mama.

3.2. Métrica: Índice γ

El índice γ combina diferencia de dosis y diferencia en distancia para calcular una métrica adimensional para cada punto en una distribución de dosis volumétrica. Para esto se emplea una de las distribuciones como referencia, la cual es tomada como el estándar

ideal en nuestro caso es la distribución de dosis calculada por el TPS sobre la planificación original, y otra distribución de dosis la cual será evaluada, usualmente la distribución de dosis medida o calculada por otro algoritmo.

El γ se calcula con base en determinar la distancia euclídea mínima para cada punto de la referencia. Por lo que a cada punto de la distribución de referencia, se determina para todos los puntos de la distribución evaluada:

1. La distancia entre el punto de referencia y el punto de evaluación: $\Delta r(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E)$
2. La diferencia en dosis entre el punto de referencia y el punto de evaluación: $\Delta D(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E)$

Por lo que la distancia euclídea toma la forma de Ec.3.1:

$$\Gamma(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E) = \sqrt{\frac{\Delta r^2(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E)}{\delta r^2} + \frac{\Delta D^2(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E)}{\delta D^2}} \quad (3.1)$$

donde δr y δD se corresponde al criterio de diferencia de distancia y diferencia de dosis respectivamente.

De esta forma, el γ correspondiente al punto de \mathbf{r}_R queda determinada al encontrar el mínimo de la Ec.3.1 evaluando sobre todos los puntos del conjunto de evaluación.

$$\gamma(\mathbf{r}_R) = \min\{\Gamma(\mathbf{r}_R, \mathbf{r}_E)\} \forall \{\mathbf{r}_E\} \quad (3.2)$$

El reporte de γ se realiza sobre el porcentaje de puntos respecto al total, sobre los cuales $\gamma(\mathbf{r}_R) < 1$ indicando el criterio δr y δD bajo el formato usual $\delta D(\%)/\delta r(mm)$.

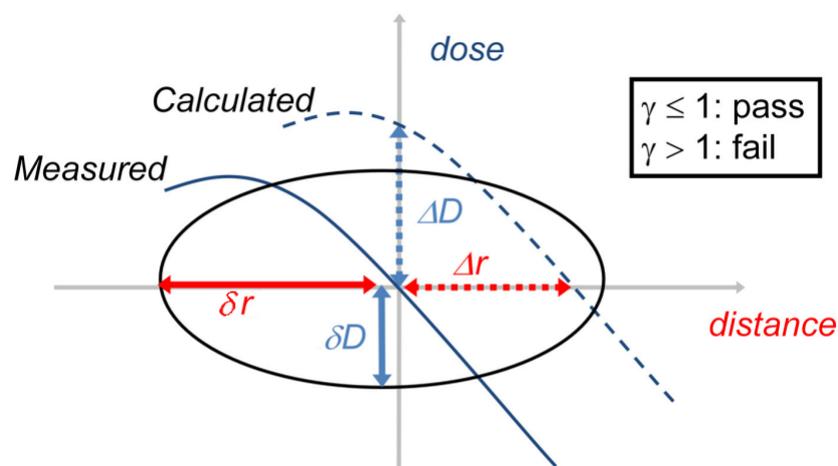


Figura 3.1: Representación del cálculo γ en un ejemplo unidimensional.

El cálculo γ se divide en dos categorías; local y global, diferenciándose sobre el criterio sobre el cual se define ΔD :

1. Local: $\Delta D = D_E(\mathbf{r}_E) - D_R(\mathbf{r}_R)$
2. Global: $\Delta D = \frac{D_E(\mathbf{r}_E) - D_R(\mathbf{r}_R)}{D_{norm}}$

donde D_{norm} es un valor de dosis de referencia el cual es considerado como el valor de dosis máxima dentro del espacio de referencia. El criterio bajo el que se calcula γ depende del tipo de test que se quiera llevar a cabo, siendo el criterio local el más restrictivo fallando principalmente en zonas de alto gradiente de dosis, mientras que el global si bien enmascara estos tipos de errores, resalta las diferencias en las zonas de alta deposición de dosis.

En el ámbito profesional, el criterio global es comúnmente utilizado para los controles de calidad de tratamientos administrados a los pacientes, mientras que el criterio local es utilizado para el comisionamiento y puesta en punto de los equipos de radioterapia.

Puesto que el cálculo del índice γ puede llegar a consumir mucho poder de cómputo, y que además no es de interés llevar a cabo esta métrica en regiones de deposición de dosis despreciable, es que se implementa un porcentaje en relación con el valor de referencia (threshold) mediante el cual cualquier valor de punto de dosis menor a este no es considerado como punto de evaluación.

3.3. Comisionamiento TG-119

El TG-119 es un test de comisionamiento establecido por la AAPM que tiene por objetivo definir un estándar de problemáticas que se encuentran en la planificación de tratamientos IMRT. Mediante la predefinición de objetivos y estructuras, las diferencias entre la dosis planificada y medida puede ser causada por limitaciones en la precisión del cálculo de dosis y en los mecanismos de entrega de esta. Si bien el TG-119 no está diseñado para detectar la fuente de estos errores, sí establece un relevamiento sobre la precisión global de los sistemas de IMRT.

Estas pruebas sirven para definir un estándar global sobre la forma de planificación de planes IMRT, en el ámbito clínico este test es aplicado para el comisionamiento a su vez de tratamientos VMAT. En este trabajo se hará uso de cuatro casos establecidos para comisionamiento por la AAPM para poner a prueba la metodología de reconstrucción propuesta.

3.3.1. C-1: MultiTarget

Tres objetivos cilíndricos colocados uno sobre otro en su eje de rotación. Cada cilindro es de aproximadamente 4 cm de diámetro y longitud.

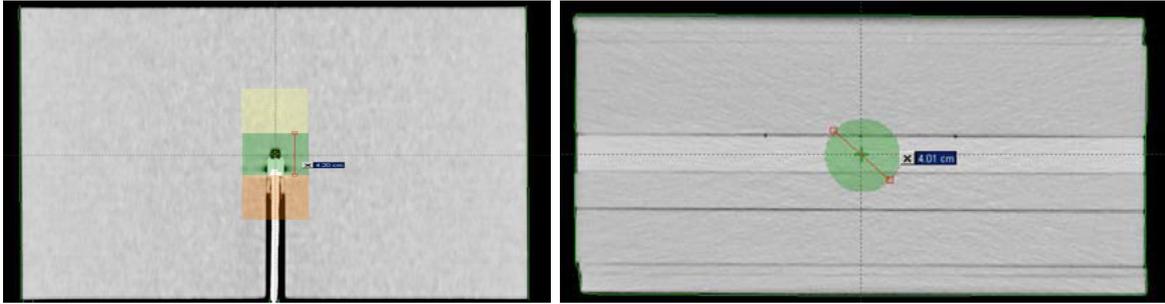


Figura 3.2: Perfil del tratamiento de comisionamiento C-1: Multitarget. Extracto de AAPM.

3.3.2. C-2: Mock Prostate

Este Clinical Target Volume (CTV) de próstata es aproximadamente un elipsoide de dimensiones medio-lateral (ML), antero-posterior (AP) y supero-inferior (SI) de 4, 2,6 y 6,5 cm respectivamente, con el Planned Target Volume (PTV) extendido 0,6 al rededor del CTV. El recto es modelado por un cilindro de diámetro 1,5 cm que linda con la parte posterior de la próstata. La vejiga se modela con una aproximación elipsoidal de dimensiones ML, AP y SI de 5, 4, y 5 cm respectivamente, centrada en la parte superior de la próstata.

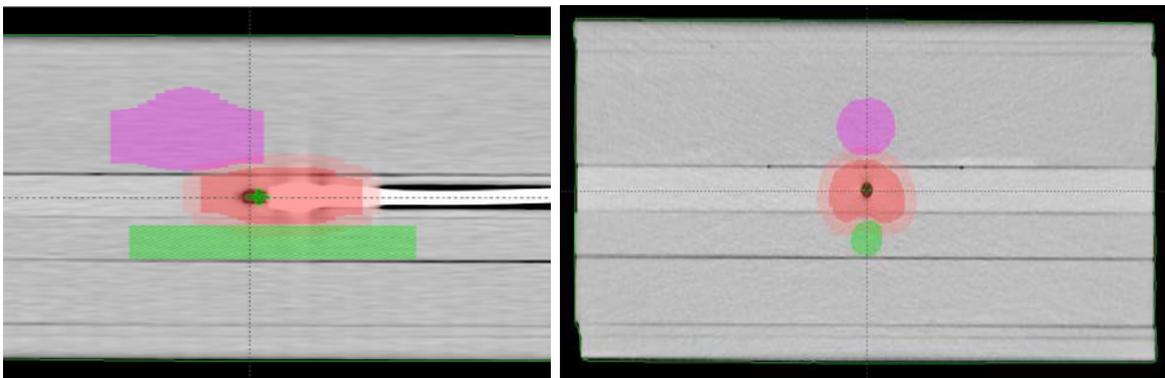


Figura 3.3: Perfil del tratamiento de comisionamiento C-2: Prostate. Extracto de AAPM.

3.3.3. C-3: Mock Head/Neck

Este PTV incluye todos los volúmenes anteriores desde la base del cráneo hasta la parte superior de la nuca, incluyendo los nodos posteriores de la nuca. El PTV se encuentra retraído 0,6 cm desde la piel, además de contar con una separación de 1,5 cm entre las cuerdas vocales y el PTV.

3.3.4. C-4: C-Shape

El objetivo es un volumen cilíndrico en forma de C que rodea a una estructura cilíndrica en su eje que debe ser evitada en la planificación. El núcleo es un cilindro de 1 cm de

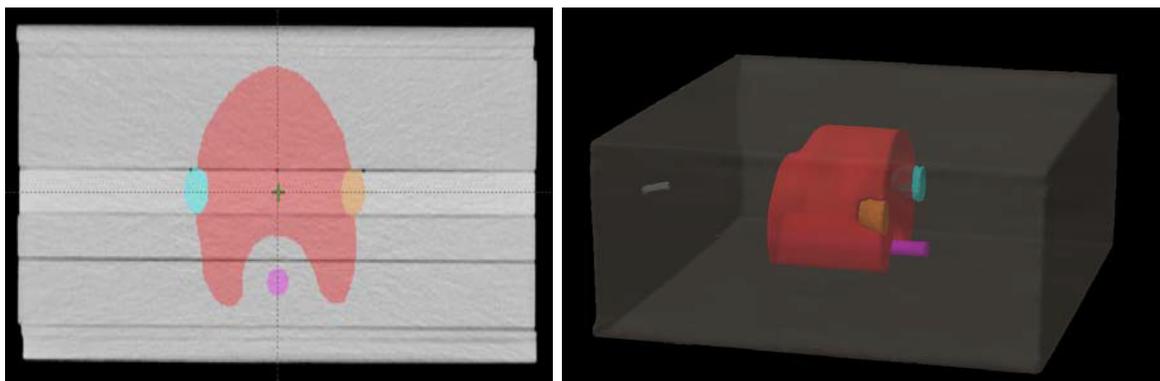


Figura 3.4: Perfil del tratamiento de comisionamiento C-3: H&N. Extracto de AAPM.

radio y la separación con el PTV es de 0,5 cm, por lo que el radio interno del PTV es de 1,5 cm y su radio externo es de 3,7 cm. La longitud del núcleo cilíndrico es de 10 cm, mientras que la del PTV es de 8 cm.

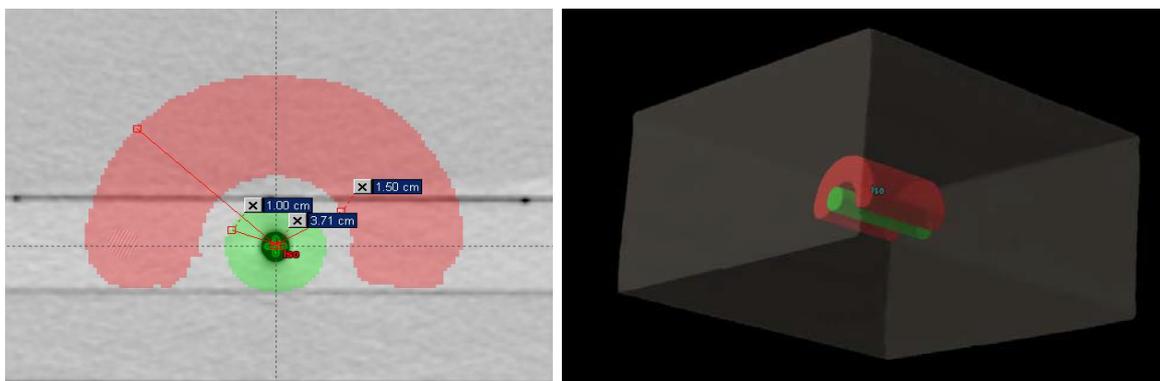


Figura 3.5: Perfil del tratamiento de comisionamiento C-4: C-Shape. Extracto de AAPM.

3.4. Python y librerías

Python[4] es un lenguaje de programación ampliamente utilizado en el desarrollo de software con una amplia base de desarrolladores y herramientas que le permiten al programador ser capaz de compartir e implementar de manera libre soluciones a diferentes problemas y desafíos que se quieran afrontar.

La selección de este lenguaje se hace para brindar una alternativa abierta para el desarrollo de futuras investigaciones, dado que las publicaciones realizadas sobre los archivos LogFile, los algoritmos de manipulación son desarrollados en *MATLAB*, un entorno de programación pago.

Para la manipulación de los formatos LogFile y DICOM, además de la implementación de funciones de análisis, se hicieron uso de múltiples librerías de código abierto para la lectura. Estas tres son principales que componen el desarrollo de este trabajo:

3.4.1. Pydicom

Pydicom[5] es un paquete de funciones para la visualización de archivos DICOM, el cual permite la exploración y modificación de los diferentes atributos dentro de los diferentes formatos para luego ser exportado.

Esta librería junto con sus herramientas es el principal medio mediante el cual se modificarán los atributos del plan DICOM original, para dar lugar a una copia con la información capturada de los LogFiles.

3.4.2. Pylinac

Pylinac[6] es una librería para el análisis de imágenes y conjunto de datos comúnmente utilizados en el área de física médica en operaciones rutinarias de QA. Dentro del paquete de funciones con las que cuenta Pylinac, se encuentra un módulo específico para el análisis de archivos LogFile VarianTM, esto nos permite la importación en un formato manipulable de la información contenida en ambos formatos; Dynalog y Trajectorylog.

A través de la función de importación de LogFiles en Pylinac, la información contenida en los archivos es automáticamente transformada en unidades consistentes entre ellas. Los atributos de nuestro interés son: ángulo de gantry (representado en grados), posiciones de mlc (transformado a cm desde el plano del isocentro), posiciones de jaws y puntos de control o unidades monitoras en caso de no contar con este último.

3.4.3. PyMedPhys

PyMedPhys[7] es una librería de Python de código abierto con diversos recursos para física médica. Dentro de este repertorio de herramientas se hará uso de la función γ incluida dentro de sus paquetes, la cual se encarga de descomponer la información almacenada en el RT Dosis IOD¹, en matrices que puedan ser aplicadas para su análisis γ .

Adicionalmente, será utilizada de marco de referencia para la implementación del análisis γ a primeros principios, la cual servirá de base de comparación de las diferentes métricas obtenidas por los softwares implementados en el ámbito clínico.

3.5. Metodología propuesta para la implementación de LogFiles en PSQA

Tomando como hipótesis que los archivos LogFile poseen la información suficiente para llevar a cabo un cálculo de dosis, se establece como propuesta llevar a cabo un algoritmo de transformación de los archivos LogFile a un formato adecuado para ser implementado en

¹Information Object Definition.

el TPS para el cálculo de dosis, haciendo uso del algoritmo de cálculo AAA y las ventajas que brinda este. Este procedimiento ha sido utilizado en diversas publicaciones[1][2][8] por lo que se establece como objetivo establecer un procedimiento de principio a fin de código libre para expandir las posibles investigaciones futuras.

El TPS, el cual realiza cálculo de dosis con AAA, lleva a cabo una simulación del transporte de radiación y depósito de esta en las posiciones y movimientos del LINAC registrados en el archivo RT DICOM, este formato puede ser editado por librerías de código abierto como Pydicom. De esta forma, decodificando la información contenida en los LogFile, esta será usada para modificar, por cada punto de control, las posiciones planificadas del MLC y gantry (para VMAT) por las posiciones registradas en los archivos del LINAC. Luego de realizadas las modificaciones correspondientes, se guarda el archivo DICOM.

Con el RT Plan modificado, se exporta el TPS para realizar el cálculo de dosis correspondiente, dicha información de dosis es almacenada bajo el protocolo DICOM bajo el formato RD Dosis IOD. Con este cálculo de dosis realizado por AAA, se estudia las diferencias con la dosis de la planificación original determinando su índice γ .

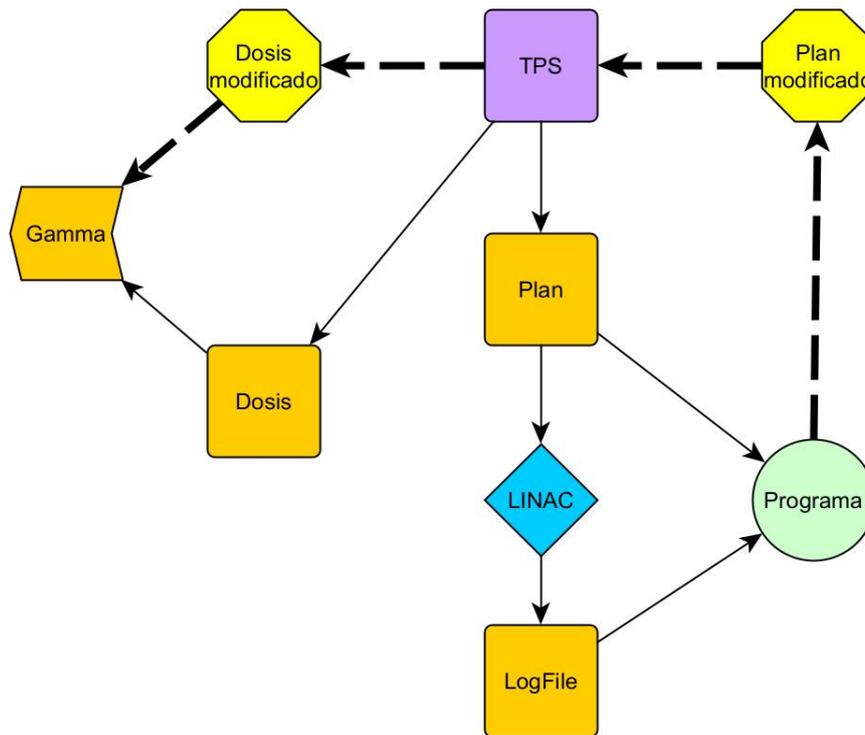


Figura 3.6: Diagrama de flujo para implementación clínica del software propuesto.

3.5.1. Desarrollo del algoritmo

Antes de llevar a cabo las modificaciones del archivo DICOM de la planificación original con los las mediciones registradas durante la aplicación de tratamiento. Es necesario, en primera instancia, llevar todos los registros a un sistema de coordenadas y unidades

consistentes entre ellas. Para ello se deben aplicar las siguientes transformaciones:

1. Transformar el ángulo de gantry del sistema VarianTM al sistema IEC 61217 utilizado por el protocolo DICOM (Ver Fig.2.3).
2. Invertir el orden del registro de los bancos de láminas.
3. Cambiar el sistema de referencias de los LogFile² al sistema de referencias convencional del protocolo DICOM³.
4. Transformar los valores de los registros MLC:
 - DynaLog: La aplicación del factor multiplicativo *target-to-isocenter*, y de la conversión de centésimas de milímetro a centímetro se realiza de manera automática con el módulo de importación de Pylinac. Lo que basta realizar es la conversión de centímetros a milímetros.
 - Trajectorylog: Conversión de centímetros a milímetros.

Para realizar la primera de las transformaciones es necesario no solo rotar 180° el origen de coordenadas, sino que además se debe pasar de un sistema de incrementos en el sentido antihorario a uno horario. Para esto se aplica la siguiente función:

$$C(\theta) = 180 - \theta \quad (\text{mód } 360) \quad (3.3)$$

En el caso de la inversión del orden en el cual se encuentran registrados los bancos de láminas lo que se propuso fue invertir todo el orden del registro de las 120 láminas para luego volver a invertir el orden de cada mitad (60 láminas), dando como resultado la inversión del orden de los bancos A y B. Como se modifica cada banco por separado, en esta instancia se pueden realizar las modificaciones indicadas en los ítems 3 y 4.

Una representación del código utilizado se encuentra a continuación:

```
def invert_banks(log):

    # Invert leaves banks matrix
    prep_leaves = []
    for matrix in log.leaves:
        matrix = np.fliplr(matrix.transpose())
        matrix[:, :60] = -np.fliplr(matrix[:, :60])
        matrix[:, 60:] = np.fliplr(matrix[:, 60:])
        prep_leaves.append(np.round(matrix * 10))
    return prep_leaves
```

El resultado de estas transformaciones da lugar a registros del MLC y gantry consis-

²Positive means retracted. Negative means extended across the centerline'[9].

³Cero en el eje central del MLC con posiciones positivas a la derecha y negativas a la izquierda.

tentes con los formatos utilizados en los archivos de planificación.

Antes de implementar los cambios se debe establecer una relación entre las *snapshots* de los LogFile con los puntos de control de la planificación.

En el caso del formato Trajectorylog, este ya cuenta con un mapeo directo de los puntos de control en unidades fraccionarias (ver Tabla 2), donde se determinó que la primera *snapshot* de punto de control fraccionario cuya parte entera sea igual al punto de control buscado, es la que se corresponde a dicho punto de control.

El formato DynaLog no cuenta con esta ventaja, para solventar esto lo que se establece es una correlación directa entre el mapeo de la fracción de fluencia acumulada (valores de 1 a 25000) y el peso meterset (usualmente expresada en valores de 0 a 1). Esto no establece contradicciones para tratamientos de múltiples campos, dado que el formato DynaLog realiza un guardado independiente por cada campo sin opción de 'secuenciador'.

Una vez establecidas las transformaciones y el mapeo correspondiente, las modificaciones son realizadas a través de un algoritmo como el siguiente:

```
def perform_changes(dicom, log):
    beams_leaves = itertools.product(
        dicom.beams, dicom.num_leaves
    )

    # Make a copy of the original RT plan
    plan = copy(dicom)

    # Modified planned values by LogFile measurements
    for beam_leaf in beams_leaves:
        beam = beam_leaf[0]
        leaf = beam_leaf[1]

        new_value = varian_to_iec(log.gantry[beam][point])

        plan.BeamSequence[beam].\
            ControlPointSequence[point].\
            GantryAngle = new_value

    for point in range(dicom.control_points[beam]):
        new_value = prep_leaves[beam][point, leaf]

        plan.BeamSequence[beam].\
            ControlPointSequence[point].\
            BeamLimitingDevicePositionSequence[0].\
            LeafJawPositions[leaf] = new_value
```

return plan

Un problema habitual es la identificación del archivo LogFile correspondiente a cada campo de tratamiento. Esto se encuentra presente en dos casos: en el formato Trajectorylog en modo 'secuenciador'⁴ y en los formatos DynaLog. Este último es nombrado bajo el siguiente formato al momento del registro:

```
CYYYYMMDDHHNNSS_<Patient ID>.dlog
```

Cuyos valores representan el banco de láminas (C), año (YYYY), mes (MM), día (DD), hora (HH), minutos (NN), segundos (SS) y el código de identificación del paciente (<Patient ID>).

Por lo que es posible la ordenación según el orden de ejecución; sin embargo, en el protocolo DICOM se ordenan los campos según el orden de creación en el TPS, lo cual no necesariamente coincide con el orden de ejecución en el tratamiento.

Dado que el desafío es protocolar, se trabajará bajo la hipótesis que el orden de ejecución es consecuente con el nombramiento habitual de los campos en el TPS (*Field 1*, *Field 2*, etc.) y cualquier caso excepcional deberá ser analizado individualmente.

Bajo las consideraciones realizadas, el programa propuesto se desenvuelve, para cada campo, según el diagrama de flujo de la Fig.3.7.

La información completa sobre el código fuente implementado se encuentra referenciado en el Anexo A.

⁴Un archivo Trajectorylog normal, es nombrado según el campo asociado.

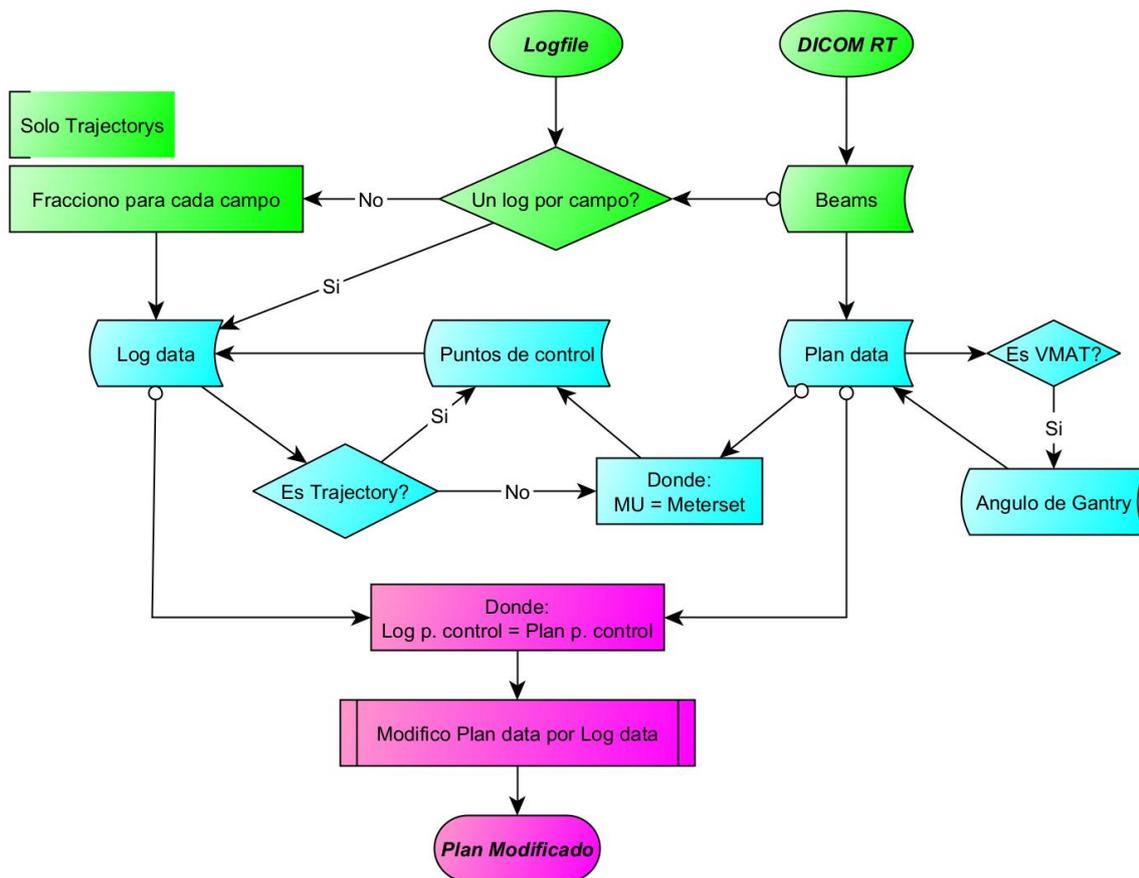


Figura 3.7: Diagrama de flujo para el programa propuesto. Etapas de ordenación campo-LogFile (Verde), reconstrucción de la información (Celeste) y modificación (Morado).

Capítulo 4

Resultados y análisis

Todos los resultados fueron analizados basándose en el índice γ tomando como distribución de dosis referencial, la calculada por el TPS para la planificación original, en nuestro caso la calculada por Eclipse.

En todos los casos el test fue realizado sobre la distribución volumétrica de dosis para obtener un índice de calidad dosimétrico.

En cuanto al criterio sobre el que se considera un plan aprobado, se aplicaran las consideraciones clínicas que establecen como aprobado un plan con resultado γ superior al 95 %, uno con advertencias para resultados entre 95 % y 90 % y uno desaprobado a aquel que obtenga un test menor al 90 %.

4.1. Errores sistemáticos

Para realizar un estudio sobre la influencia de los diferentes tipos de errores sistemáticos que pueden aparecer en la reconstrucción de la planificación original. Se modificaron las posiciones planificadas solamente a base de cuatro tipos de naturaleza de error: apertura, cierre, desplazamiento y aleatorio (con distribución gaussiana).

Para esto se tomaron las planificaciones de dos tratamientos de: cabeza y cuello, próstata y mama, uno por cada tipo de formato. Las métricas del índice γ para las simulaciones fueron realizadas mediante el software clínico RadCalcTM bajo el criterio 2%/1mm/Th.30%. Los resultados se encuentran ilustrados por la Fig.4.1, valores en Anexo C.1 Tabla 1.

Se seleccionó el error de apertura sistemática de 2 mm para ser irradiado¹ y realizar el análisis γ sobre su reconstrucción con base a sus LogFile para validar los resultados obtenidos en las simulaciones previas. El cálculo γ se realizó a través de dos criterios, 2%/1mm/Th.30% y 3%/2mm/Th.30%, mediante los software clínicos VeriSoftTM

¹Este no presenta posibilidad de colisión entre las láminas para su implementación en el LINAC.

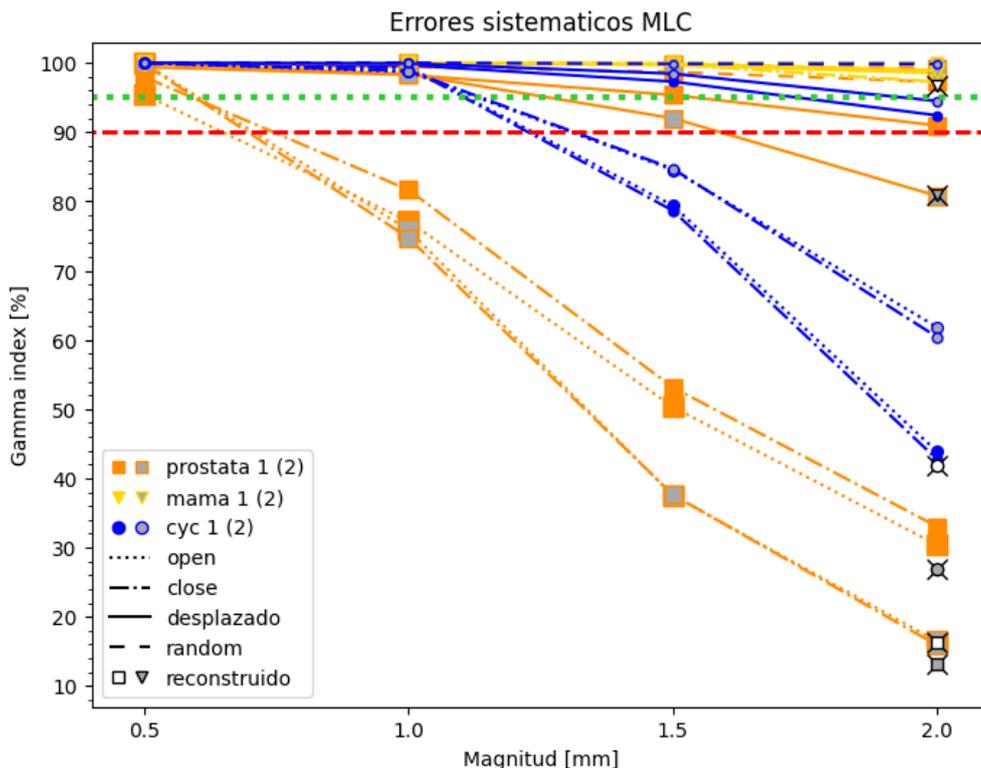


Figura 4.1: Índice γ para la inducción de errores sistemáticos de diferente magnitud y naturaleza. Advertencia al 95 % (verde) y aprobación al 90 % (roja).

y RadCalcTM además de una validación a primeros principios a través del módulo gamma de PyMedPhys. Los resultados se encuentran en la Tabla 1, los resultados obtenidos en RadCalcTM se encuentran señalados en la Fig.4.1.

Tabla 1: Análisis γ sobre mediciones dosimétricas portal para errores sistemáticos de apertura 2 mm, threshold 30 %.

Patología	Formato	VeriSoft [%]		RadCalc [%]		PyMedPhys [%]	
		3%/2mm	2%/1mm	3%/2mm	2%/1mm	3%/2mm	2%/1mm
Próstata	Tjectorylog	76,8	35,9	71,87	19,76	69,24	13,22
	Dynalog	82,6	41,3	80,14	26,06	76,6	16,36
Mama	Tjectorylog	99,9	90	99,96	91,68	99,92	80,92
	Dynalog	100	98,7	100	99,04	100	96,67
CyC	Tjectorylog	92,1	52,4	91,33	41,75	87,55	26,85
	Dynalog	98,6	69,1	98,42	61,75	97,67	41,8

Los resultados demostraron ser consistentes en la aprobación mediante el cálculo γ . Se aprecia además que cada tipo de tratamiento posee una sensibilidad característica para cada tipo de errores sistemáticos, siendo los tratamientos de cáncer de mama los más insensibles frente a los errores inducidos. Para profundizar en este último se realizaron simulaciones con errores de apertura de hasta 5 mm, encontrándose una desaprobación en desplazamientos desde 4,5 mm.

4.2. Campos simples

Se realizaron dos irradiaciones, una en *Novalis TX* (DynaLog) y otra en *TrueBeam* (Trajectorylog), para cinco tipos de campos simples (ver Anexo B Fig.B.1), se compararon las métricas de análisis γ con criterio global (local) en los tres software de análisis disponibles: VeriSoft™, RadCalc™ y la función a primeros principios de PyMedPhys. Resultados en Anexo C.2 Tabla 1 visualizados en la Fig.4.2a.

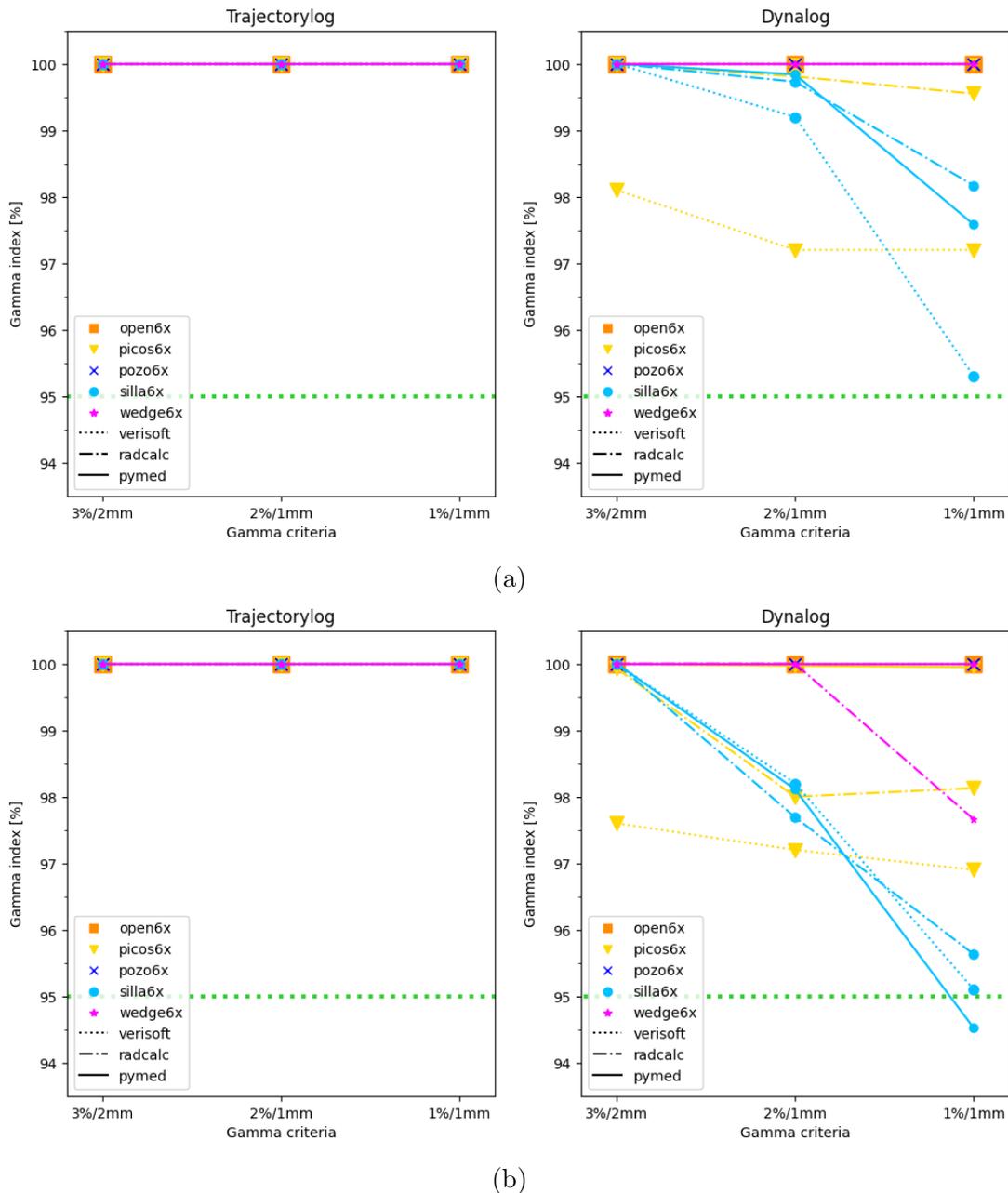


Figura 4.2: Índice γ con criterio global (a) y local (b) para los diferentes campos simples a 6 MeV. Advertencia al 95% (verde).

Para analizar el desempeño del método propuesto en tratamientos de alta energía, se replicaron las mediciones anteriores a 10 MeV. Los resultados se encuentran expuestos en

el Anexo C.2 Tabla 2 e ilustrados en la Fig.4.3.

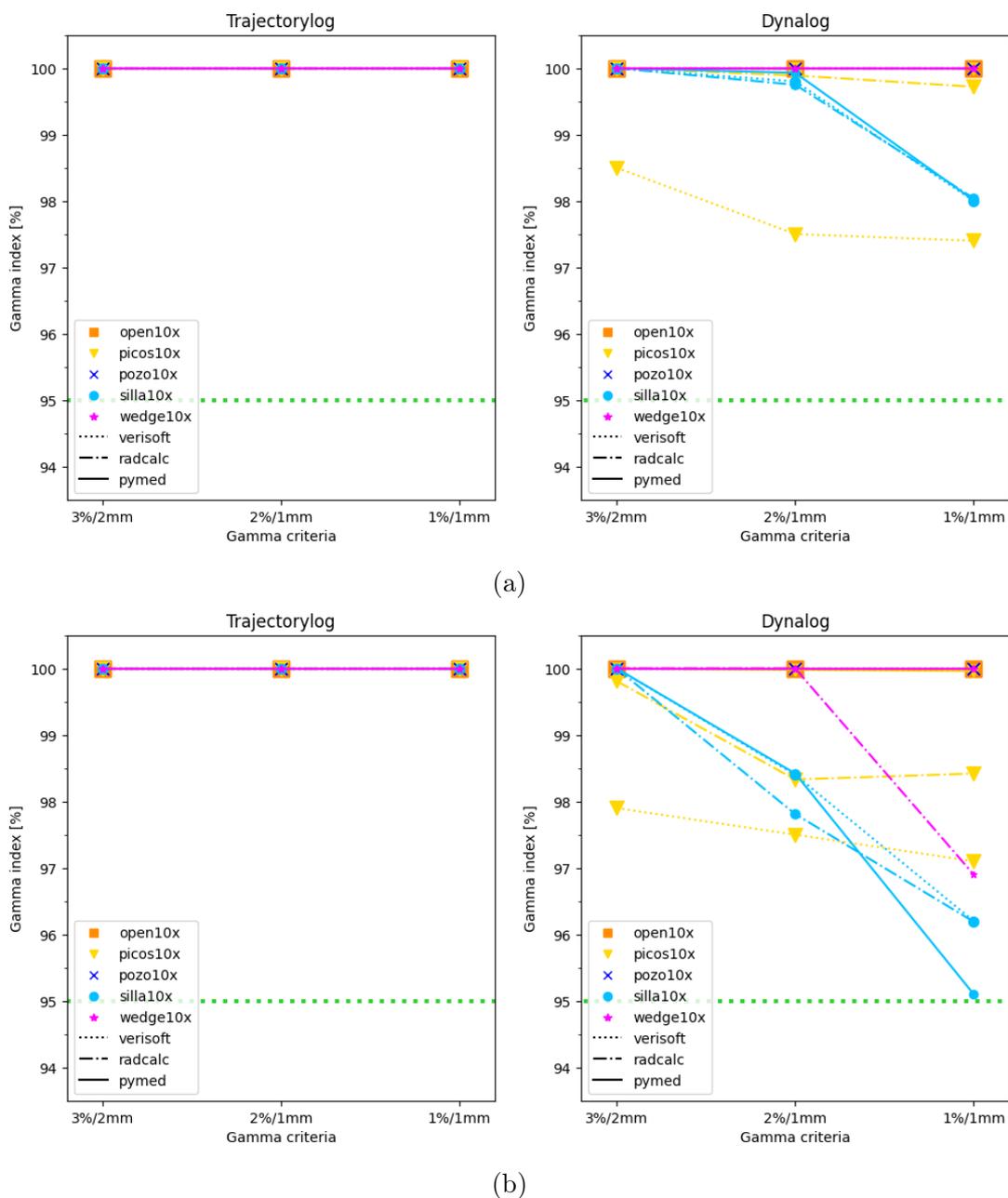


Figura 4.3: Índice γ con criterio global (a) y local (b) para los diferentes campos simples a 10 MeV. Advertencia al 95 % (verde).

La validación con mediciones experimentales se realizó mediante dosimetría portal en los cinco campos para los dos tipos de formato LogFile. Los resultados fueron analizados mediante el software RadCalcTM bajo el criterio 3%/2mm/Th.30%. Resultados en Tabla 1.

Los resultados fueron consistentes entre ambos modos de operación del LINAC. Las métricas de análisis γ obtenidas señalan que en todos los casos las reconstrucciones fueron consistentes con las planificaciones originales en ambos modos de operación, y que aquellas planificaciones implementadas en el *TrueBeam* fueron las de mejor desempeño en todos

Tabla 1: Resultados de análisis γ global para dosimetría portal, threshold 30 %.

RT Plan	Formato	Modo 6 MeV	Modo 10 MeV
		3%/2mm	3%/2mm
OPEN	Tajectorylog	100	97,9
	DynaLog	100	98,7
PICOS	Trajctorylog	99,9	100
	DynaLog	99,4	99
POZO	Trajctorylog	100	98,3
	DynaLog	100	99,8
SILLA	Trajctorylog	96,8	98,6
	DynaLog	96,3	95,8
WEDGE	Trajctorylog	100	96,5
	DynaLog	100	99,4

los casos medidos.

4.3. Comisionamiento TG-119

Para los campos TG-119 se irradiaron los cuatro casos estipulados por la AAPM, donde se capturaron los dos tipos de formato LogFile. Los resultados fueron analizados en los tres softwares independientes: RadCalcTM, VeriSoftTM y la función a primeros principios de PyMedPhys. Los resultados se exponen en la Tabla 1 y se representan en la Fig.4.4.

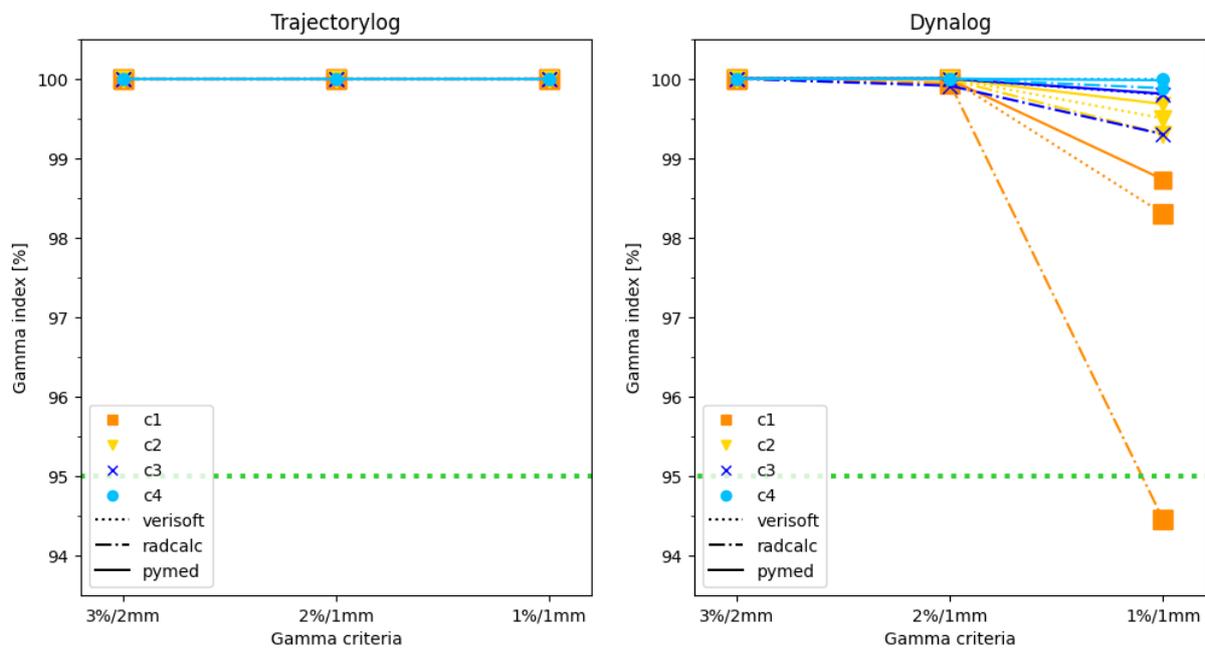


Figura 4.4: Resultados γ del comisionamiento TG-119. Advertencia al 95 % (verde).

En todos los casos, las planificaciones reconstruidas poseen aprobación bajo criterio clínico (3%2mm) como también bajo criterios más exigentes.

4.4. Validación

Como comprobación de la implementación de las técnicas de reconstrucción planteadas para la implementación clínica en PSQA se tomaron las planificaciones y LogFile de sesenta pacientes: de metástasis ósea (treinta) y cáncer de mama (treinta), comparando a través del test γ los resultados de la reconstrucción de la dosis con los cálculos de dosis planificados. Se llevará a cabo una comparativa con la reconstrucción a base de LogFile propia del software RadCalcTM con CCC, ver Fig.4.5.

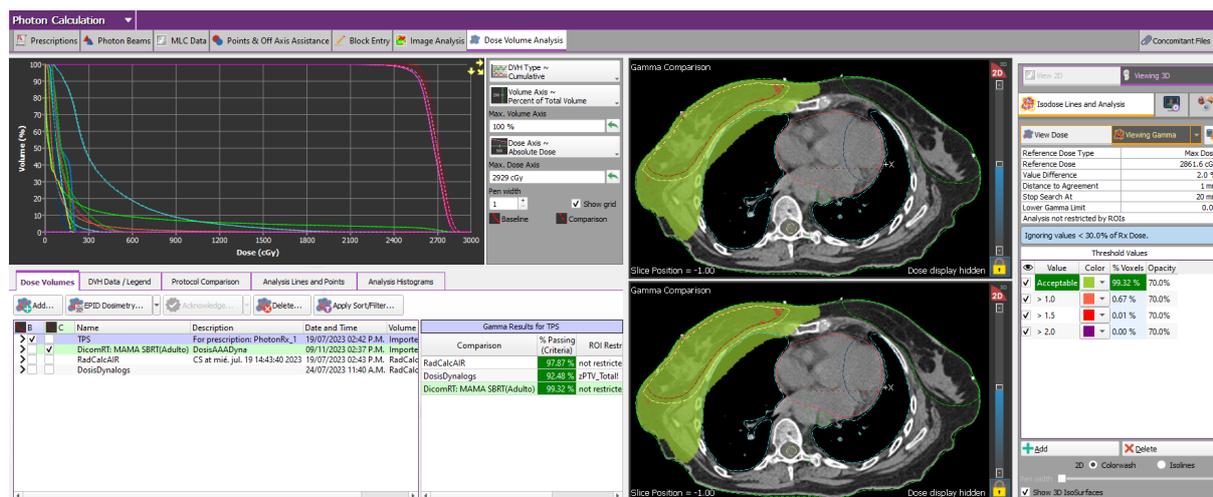


Figura 4.5: Visualización de un análisis γ trabajado desde RadCalcTM.

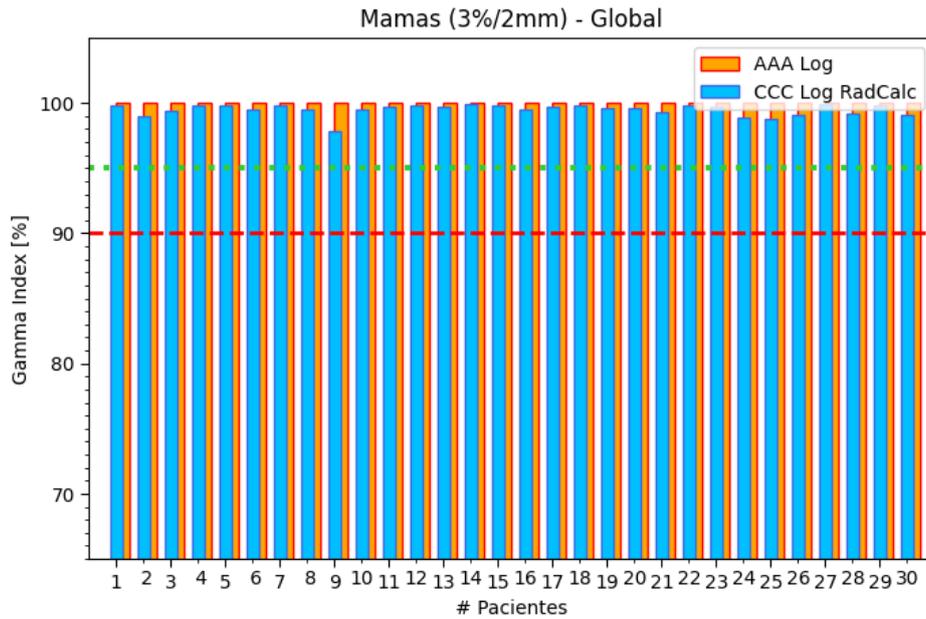
Como criterio se implementó el estándar clínico de 3%/2mm/Th.30% calculando sobre RadCalcTM². Se aplicará el test en la distribución de dosis total y sobre PTV total.

4.4.1. Mamas

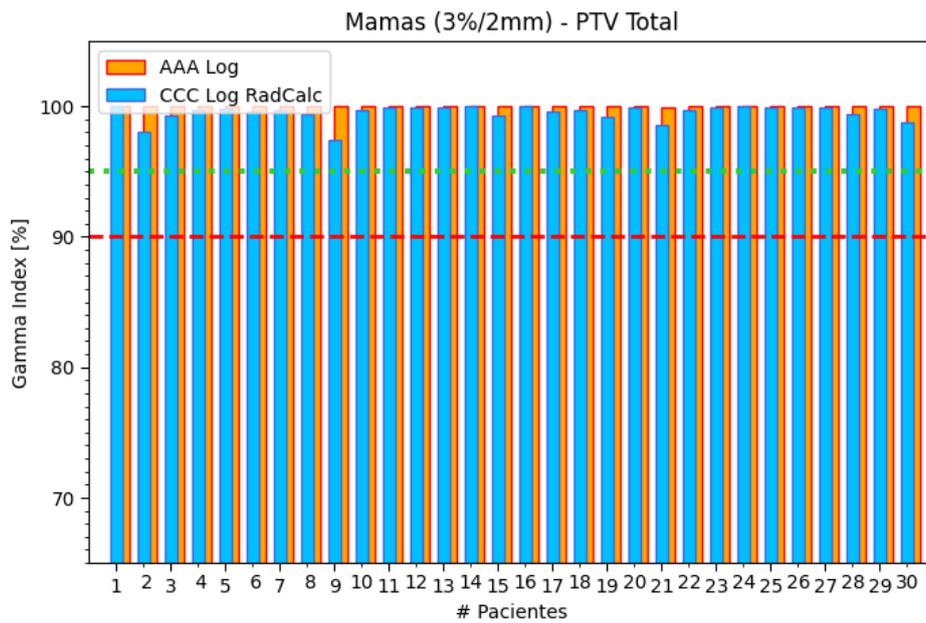
Los resultados obtenidos en la reconstrucción en AAA fueron consistentes con los cálculos independientes realizados a través de CCC en RadCalcTM para las actividades de PSQA. Las métricas obtenidas se encuentran visualizadas en la Fig.4.6 con sus resultados promedios en la Tabla 1 con base en los resultados del Anexo C.4 Tabla 2.

Una comparación posterior entre las dosis resultantes de los dos modos de cálculo RadCalcTM CCC (DICOM base y LogFile base), arroja resultados análogos a los obtenidos por la comparativa directa entre la distribución de dosis calculada en el TPS y la calculada a través de la metodología propuesta. Lo cual indica que la implementación de los archivos LogFile para el cálculo de dosis, desestima las discrepancias por el uso de diferentes algoritmos de cálculo y hace su enfoque en diferencias en dosis inducidas por el posicionamiento de los componentes mecánicos del LINAC.

²Las métricas se obtienen a través de este, dado que cuenta con validez internacional.



(a)



(b)

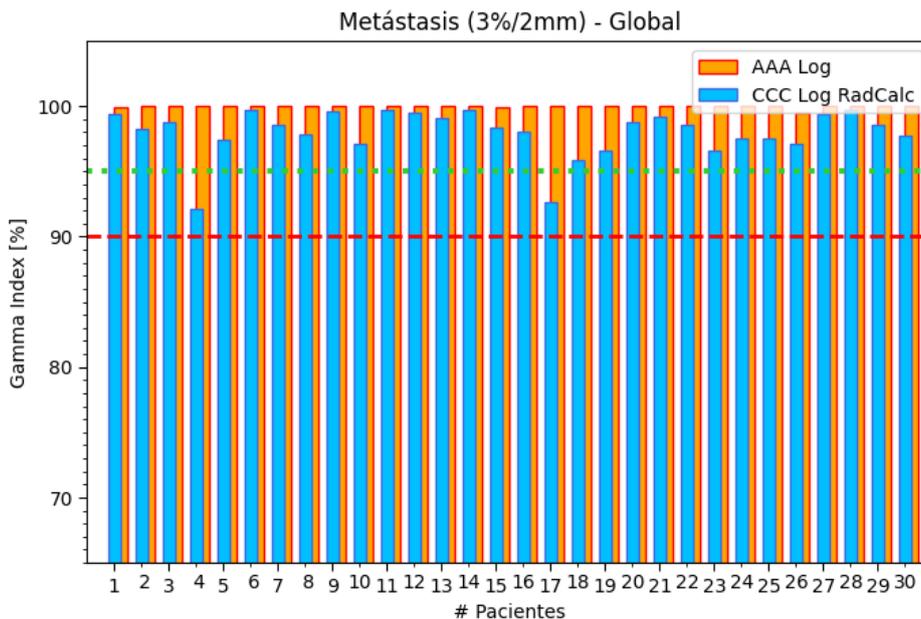
Figura 4.6: Índice γ sobre el volumen global (a) y PTV total (b) para treinta pacientes de cáncer de mama, criterio 3%/2mm/Th.30%. Advertencia al 95% (verde) y aprobación al 90% (roja).

Tabla 1: Resultados medios de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalcTM.

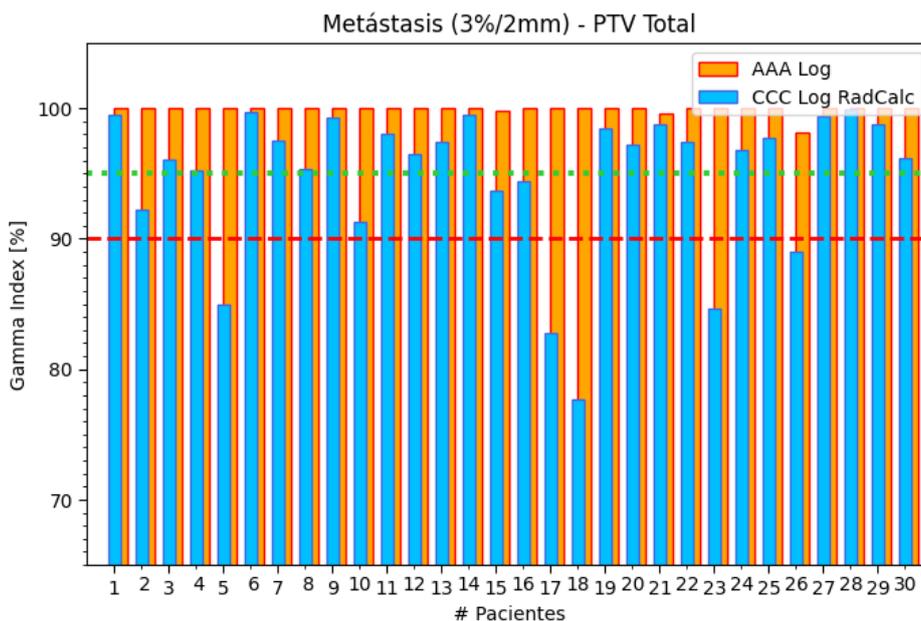
Volumen	RadCalc Log (CCC)	Reconstrucción (AAA)
Global	99,5 ± 0,4 %	99,999 ± 0,003 %
PTV Total	99,5 ± 0,6 %	99,997 ± 0,007 %

4.4.2. Metástasis Oseas

Las métricas obtenidas demostraron una efectividad superior en contraste a las distribuciones de dosis calculas a través del algoritmo CCC de RadCalcTM, las complicaciones encontradas en el cálculo a través de CCC son esperables, dado que es una problemática ya conocida. Los resultados se encuentran representados por la Fig. 4.7 y la Tabla 2 a base de los resultados expuestos en el Anexo C.4 Tabla 1.



(a)



(b)

Figura 4.7: Índice γ sobre el volumen global (a) y PTV total (b) para treinta pacientes de metástasis ósea, criterio 3%/2mm/Th.30%. Advertencia al 95 % (verde) y aprobación al 90 % (roja).

Tabla 2: Resultados de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc™.

Volumen	RadCalc Log (CCC)	Reconstrucción (AAA)
Global	$98 \pm 2 \%$	$99,98 \pm 0,09 \%$
PTV Total	$95 \pm 6 \%$	$99,9 \pm 0,3 \%$

En todos los casos tratados durante la validación, los tratamientos reconstruidos contaron con la aprobación mediante índice γ bajo criterio clínico. Para la reafirmación que las reconstrucciones generan una distribución de dosis no idéntica a la calculada por el TPS se visualizaron la resta entre las distribuciones de dosis planificadas y las reconstruidas, ver Fig.4.8, y se observa que las diferencias de dosis se encuentran en el orden de 0,5 Gy.

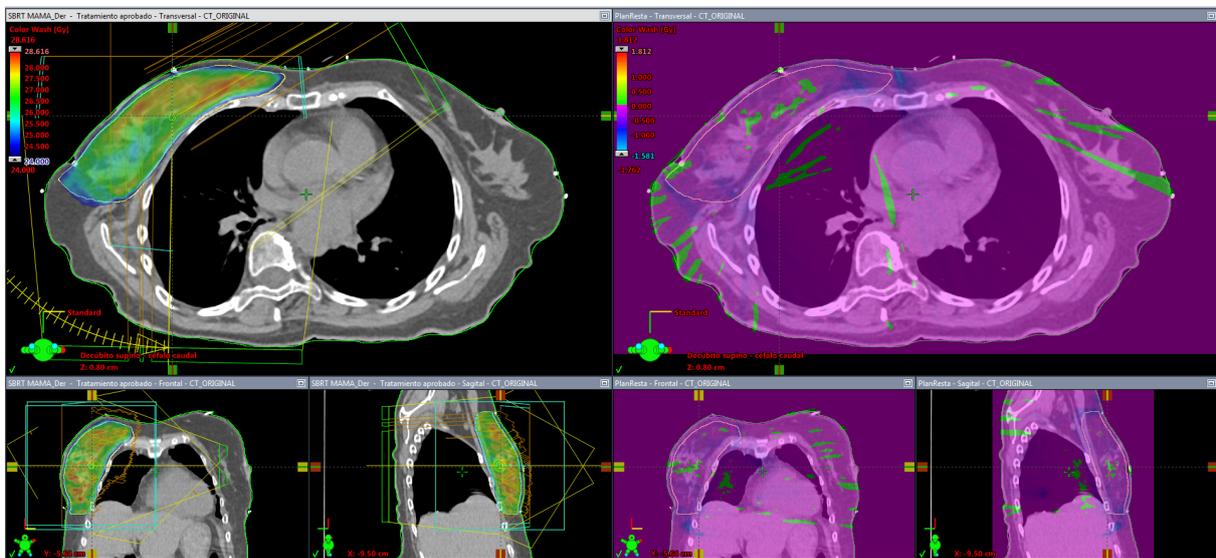


Figura 4.8: Visualización a través del TPS Eclipse de la resta entre la distribución de dosis planificada y la reconstruida (Morado para diferencia nula).

Capítulo 5

Conclusiones

Se estableció un procedimiento paso-a-paso para la reconstrucción de los planes de radioterapia a base de los archivos de registro LogFile haciendo uso de librerías de libres de código abierto desarrolladas en Python.

El procedimiento propuesto para la reconstrucción del tratamiento de radioterapia con base en los archivos de registro LogFile demostró ser consistente bajo las métricas analizadas de análisis γ .

Estudiando el reflejo de errores sistemáticos inducidos en el procedimiento de reconstrucción, se determinó que diferentes tipos de tratamientos poseen diferentes puntos críticos frente a los cuales la planificación no es aprobada dada la magnitud de los errores inducidos. De estos se determinó que los errores sistemáticos con distribución gaussiana son los más insensibles en la aprobación, en contraste con los errores del tipo desplazamiento.

Se estudió la aplicación del algoritmo propuesto bajo campos simples y en una muestra de sesenta pacientes de patologías diversas (mama y metástasis ósea), dando como resultado reconstrucciones consistentes con las simulaciones y mediciones de dosis planificadas.

Para contar con una validación estandarizada, se sometió la metodología planteada a los campos de comisionamiento TG-119 establecido por la AAPM resultando en la validación del método de reconstrucción.

La información contenida en los archivos LogFile resultó de gran valor para la validación en procedimiento de controles de calidad paciente-especifico.

Lista de Abreviaturas

IPRO	<i>Instituto Privado de Radioterapia Oncológica</i>
TPS	Treatment Planning System
PSQA	Control de Calidad Paciente Específico
LINAC	Acelerador Lineal
IEC	International Electrotechnical Commission
AAPM	<i>American Association of Physicist in Medicine</i>
PTV	Planned Target Volume
QA	Control de Calidad
IAEA	<i>International Atomic Energy Agency</i>
IMRT	Intensity-Modulated Radiotherapy
VMAT	Volumetric Modulated Arc Therapy
DICOM	Digital Imagin and Communication In Medicine
MLC	Colimador Multi-Lámina
SBRT	Stereotactic Body Radiation Therapy
IOD	Information Object Definition
CIOD	Composite Information Object Definition
SOP	Standard Operating Procedure
RT	Radioterapia
AAA	Analytical Anisotropic Algorithm
CCC	Colapse Cone Convolution
TERMA	Energía Total Liberada por Unidad de Masa
IPR	<i>Instituto Privado de Radioterapia</i>
CTV	Clinical Target Volume
ML	medio-lateral
AP	antero-posterior
SI	supero-inferior

Glosario

Varian TM	empresa fabricante de software y maquinarias para tratamientos oncológicos
γ	criterio para la comparación de dosis
DynaLog	formato LogFile para LINACs Novalis TX
LogFile	archivo de registro
Trajectorylog	formato LogFile para LINACs Truebeam
RadCalc TM	software clínico para rutinas de QA
Eclipse	software clínico nativo de los equipos Varian TM para radioterapia
fantoma	objeto diseñado para la representación de diferentes partes del cuerpo
jaw	colimadores secundarios ajustables
couch	mesa de tratamiento
pitch	rotación sobre el eje X
roll	rotación sobre el eje Y
yaw	rotación sobre el eje Z
gantry	brazo rotante del acelerador linea
isocentro	punto del espacio sobre el que gira la unidad de tratamiento de radioterapia
beamlet	haz de fotones pequeño
convolución	operación matemática que combina dos funciones para describir la superposición entre ambas
δr	criterio espacial para el calculo gamma
δD	criterio dosimétrico para el calculo gamma
meterset	unidad representativa de la fracción de fluencia acumulada por punto de control
VeriSoft TM	software clínico para el calculo de dosis y rutinas de QA

Bibliografía

- [1] Teke-T. Moragues S. Pozo M. Casals-Farran J. Calvo-Ortega, J. F. A varian dynalog file-based procedure for patient dose-volume histogram-based imrt qa. *Journal of applied clinical medical physics*, 15(2):4665, 2014. URL <https://doi.org/10.1120/jacmp.v15i2.4665>.
- [2] Wojciech Osewski, Łukasz Dolla, Michał Radwan, Marta Szlag, Roman Rutkowski, Barbara Smolińska, and Krzysztof Ślosarek. Clinical examples of 3d dose distribution reconstruction, based on the actual mlc leaves movement, for dynamic treatment techniques. *Reports of Practical Oncology Radiotherapy*, 19(6):420–427, 2014. ISSN 1507-1367. doi: <https://doi.org/10.1016/j.rpor.2014.04.013>. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1507136714000728>.
- [3] Ravindran P. B. Ekayanake P. Vikraman S. Amirah S.-Lim Y. Y. F. Vun C. H. S. Khalid J. Woon, W. A. Trajectory log file sensitivity: A critical analysis using dvh and epid. *Reports of practical oncology and radiotherapy : journal of Greatpoland Cancer Center in Poznan and Polish Society of Radiation Oncology*, 23(5):346–359, 2018. URL <https://doi.org/10.1016/j.rpor.2018.07.006>.
- [4] Guido Van Rossum and Fred L. Drake. *Python 3 Reference Manual*. CreateSpace, Scotts Valley, CA, 2009. ISBN 1441412697.
- [5] Darcy Mason. Su-e-t-33: pydicom: an open source dicom library. *Medical Physics*, 38(6Part10):3493–3493, 2011.
- [6] Kerns JR. Pylinac, 2021. URL <https://pylinac.readthedocs.io/>.
- [7] Simon Biggs, Matthew Jennings, Stuart Swerdloff, Phillip Chlap, Derek Lane, Jacob Rembish, Jacob McAloney, Paul King, Rafael Ayala, Fada Guan, Nicola Lambri, Cody Crewson, and Matthew Sobolewski. Pymedphys: A community effort to develop an open, python-based standard library for medical physics applications. *Journal of Open Source Software*, 7(78):4555, 2022. doi: 10.21105/joss.04555. URL <https://doi.org/10.21105/joss.04555>.
- [8] Huerta-Hernandez C. I. Rangaraj D. Vazquez-Quino, L. A. Trajectory log file sensitivity: A critical analysis using dvh and epid. *Clinical experience with machine log file*

software for volumetric-modulated arc therapy techniques, 30(3):276–279, 2017. URL <https://doi.org/10.1080/08998280.2017.11929614>.

[9] Inc. Varian Medical Systems. *DynaLog File Viewer Reference Guide*. 2013.

Anexos

Anexo A

Código fuente

Debido a la extensión del mismo, el código fuente del software desarrollado para la realización de este trabajo no se encuentra incorporado de manera directa. Sin embargo, este se encuentra publicado de manera libre para su uso y modificación como repositorio GitHub bajo el nombre Log2DICOM (github.com/CabreraEze/Log2DICOM). Se establece que la distribución se realiza sin garantía de ningún tipo, expresa o implícita.

Anexo B

Figuras

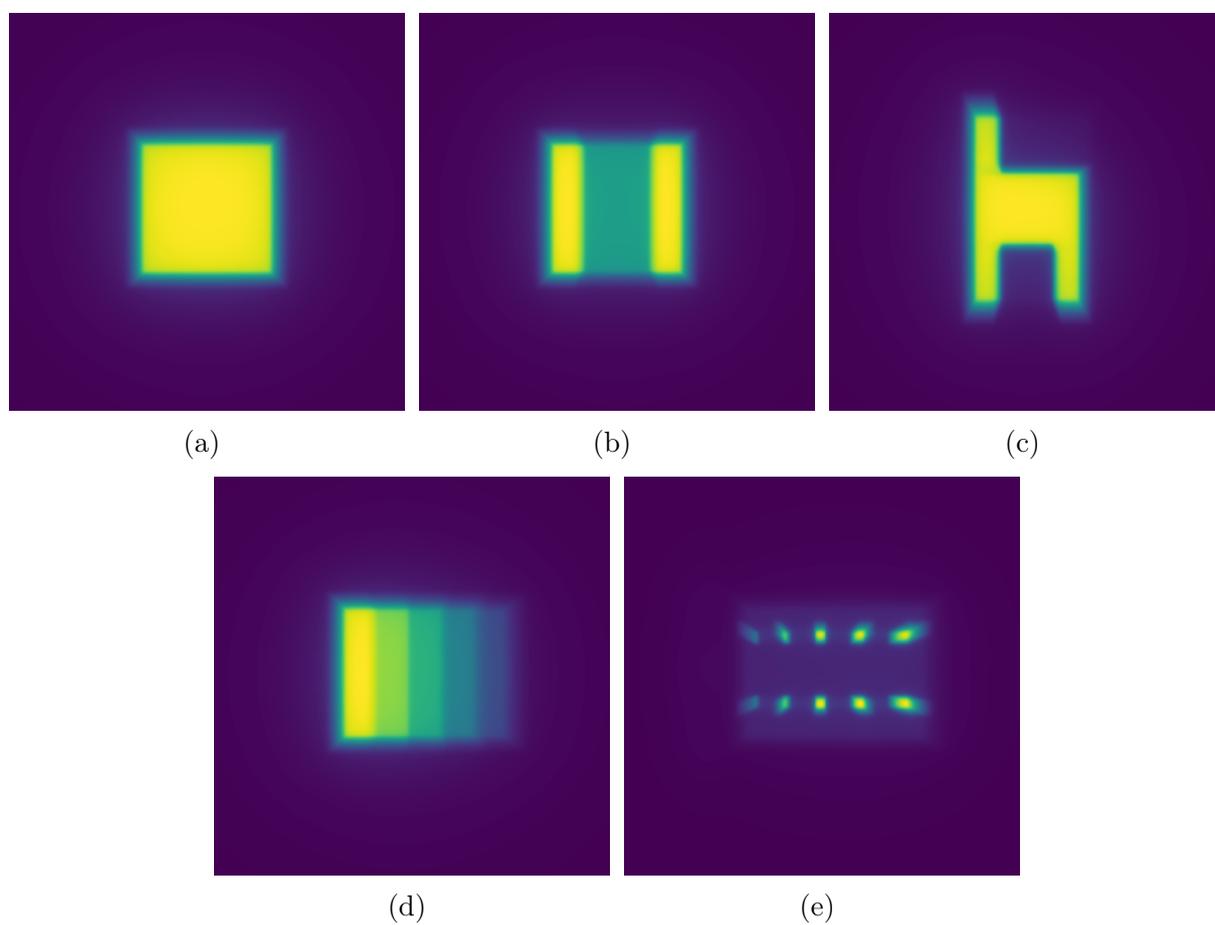
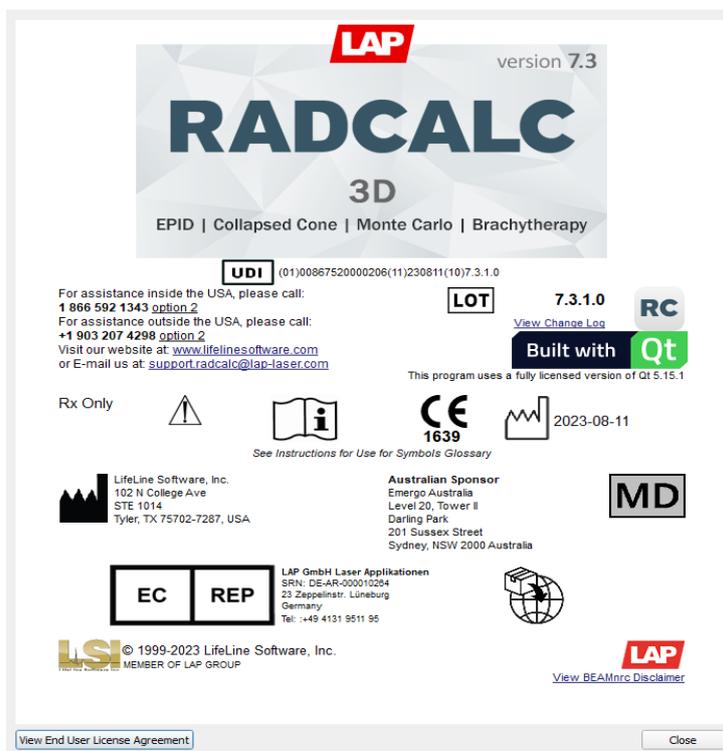


Figura B.1: Figuras de los campos simples. OPEN (a), POZO (b), SILLA (c), WEDGE (d), PICOS (e).



(a)



(b)

Figura B.2: Especificaciones de los softwares de calculo RadCalcTM (a) y Eclipse (b).

Anexo C

Tablas de resultados

C.1. Errores sistemáticos

Tabla 1: Resultados forzando errores sistemáticos, criterio 2%/1mm/Th.30%.

Patología	Formato	Abierto [mm]				Cerrado [mm]			
		0.5	1	1.5	2	0.5	1	1.5	2
Próstata	Tajectorylog	95,4	77,12	50,31	30,36	97,96	81,65	53,13	33,02
	DynaLog	99,97	75,84	37,51	16,44	99,82	74,7	37,62	15,88
Mama	Trajectorylog	100	100	99,87	98,47	100	100	99,95	98,96
	DynaLog	100	100	99,75	97,13	100	100	99,78	97,29
CyC	Trajectorylog	100	99,39	79,41	43,85	100	99,35	78,66	42,72
	DynaLog	100	98,72	84,53	61,83	99,99	98,87	84,71	60,4

Patología	Formato	Desplazado [mm]				Gaussiano [mm]			
		0.5	1	1.5	2	0.5	1	1.5	2
Próstata	Tajectorylog	99,4	98,27	95,37	90,96	99,66	99,44	98,69	97,25
	DynaLog	99,93	98,37	92	80,78	100	100	99,9	99,29
Mama	Trajectorylog	100	99,99	99,69	98,55	100	100	100	100
	DynaLog	100	100	99,88	98,89	100	100	100	100
CyC	Trajectorylog	100	99,68	97,3	92,42	100	100	100	99,94
	DynaLog	100	99,93	98,44	94,49	100	100	99,88	99,87

C.2. Campos simples

Tabla 1: Resultados de análisis γ global (local) en modo 6 MeV, threshold 30 %.

RT plan	Formato	VeriSoft [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	98,1 (97,6)	97,2 (97,2)	97,2 (96,9)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,2 (98,2)	95,3 (95,1)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)

RT plan	Formato	RadCalc [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (99,93)	99,81 (98)	99,55 (98,13)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,73 (97,69)	98,17 (95,63)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (97,66)

RT plan	Formato	PyMedPhys [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (99,97)	100 (99,95)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,84 (98,11)	97,58 (94,52)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)

Tabla 2: Resultados de análisis γ global (local) en modo 10 MeV, threshold 30 %.

RT plan	Formato	VeriSoft [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	98,5 (97,9)	97,5 (97,5)	97,4 (97,1)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,8 (98,4)	98 (96,2)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)

RT plan	Formato	RadCalc [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (99,81)	99,89 (98,33)	99,72 (98,42)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,75 (97,81)	98,04 (96,19)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (96,9)

RT plan	Formato	PyMedPhys [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
OPEN	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
PICOS	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (99,98)	100 (99,96)
POZO	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
SILLA	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,93 (98,42)	98,01 (95,1)
WEDGE	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)

C.3. Comisionamiento TG-119

Tabla 1: Resultados del comisionamiento TG-119, threshold 30 %.

RT plan	Formato	VeriSoft [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
C1	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	98,3 (100)
C2	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (97,6)	100 (97,2)	99,5 (96,9)
C3	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	99,8 (100)
C4	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (98,2)	100 (95,1)

RT plan	Formato	RadCalc [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
C1	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,94 (100)	97,45 (100)
C2	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (99,93)	99,99 (98)	99,3 (98,13)
C3	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,91 (100)	99,3 (100)
C4	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (97,69)	99,88 (95,63)

RT plan	Formato	PyMedPhys [%]		
		3%/2mm	2%/1mm	1%/1mm
C1	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	99,99 (100)	98,73 (100)
C2	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (99,97)	99,68 (99,95)
C3	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (100)	99,81 (100)
C4	TrajectoryLog	100 (100)	100 (100)	100 (100)
	DynaLog	100 (100)	100 (98,11)	99,98 (94,52)

C.4. Validación

Tabla 1: Resultados de la validación de treinta pacientes de metástasis ósea. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalcTM.

Paciente	Formato	RadCalc Log (CCC) [%]		Reconstrucción (AAA) [%]	
		Global	PTV Total	Global	PTV Total
1	DynaLog	99,38	99,45	99,89	100
2	DynaLog	98,29	92,19	100	100
3	Trajectorylog	98,77	96,07	100	100
4	Trajectorylog	92,1	95,2	100	100
5	DynaLog	97,46	85	100	100
6	DynaLog	99,73	99,66	100	100
7	DynaLog	98,51	97,48	100	100
8	DynaLog	97,81	95,38	100	100
9	DynaLog	99,6	99,3	100	100
10	DynaLog	97,09	91,32	100	100
11	DynaLog	99,73	98,09	100	100
12	DynaLog	99,48	96,53	100	100
13	Trajectorylog	99,09	97,39	100	100
14	DynaLog	99,74	99,53	100	100
15	DynaLog	98,38	93,72	99,95	99,76
16	Trajectorylog	98,06	94,4	100	100
17	Trajectorylog	92,69	82,72	100	100
18	Trajectorylog	95,81	77,68	100	100
19	DynaLog	96,63	98,44	100	100
20	DynaLog	98,76	97,26	99,98	99,97
21	DynaLog	99,2	98,76	100	99,63
22	DynaLog	98,54	97,42	100	100
23	DynaLog	96,62	84,63	100	100
24	DynaLog	97,57	96,78	100	100
25	DynaLog	97,51	97,68	100	100
26	DynaLog	97,1	89	99,52	98,15
27	DynaLog	99,44	99,44	100	100
28	Trajectorylog	99,7	99,95	100	100
29	Trajectorylog	98,52	98,74	100	100
30	Trajectorylog	97,76	96,15	100	100

Tabla 2: Resultados de la validación de treinta pacientes de cáncer de mama. Criterio 3%/2mm/Th.30% calculado con RadCalc™.

Paciente	Formato	RadCalc Log (CCC) [%]		Reconstruccion (AAA) [%]	
		Global	PTV Total	Global	PTV Total
1	DynaLog	99,76	99,98	100	100
2	DynaLog	99,02	98,06	100	100
3	DynaLog	99,44	99,32	100	100
4	DynaLog	99,85	99,68	100	100
5	DynaLog	99,84	99,86	100	100
6	DynaLog	99,5	99,55	100	100
7	DynaLog	99,85	99,74	100	100
8	DynaLog	99,47	99,44	100	100
9	DynaLog	97,8	97,38	100	100
10	DynaLog	99,51	99,74	100	99,99
11	DynaLog	99,73	99,91	100	100
12	DynaLog	99,86	99,88	100	100
13	DynaLog	99,71	99,95	100	100
14	DynaLog	99,92	99,98	100	100
15	DynaLog	99,78	99,29	100	100
16	DynaLog	99,54	99,98	100	100
17	DynaLog	99,71	99,65	100	100
18	DynaLog	99,79	99,74	100	100
19	DynaLog	99,56	99,15	100	100
20	DynaLog	99,64	99,88	100	100
21	DynaLog	99,31	98,54	99,99	99,96
22	DynaLog	99,81	99,73	100	100
23	Trajectorylog	99,75	99,87	100	100
24	Trajectorylog	98,9	100	100	100
25	Trajectorylog	98,79	99,91	100	100
26	Trajectorylog	99,11	99,9	100	100
27	Trajectorylog	99,88	99,95	100	100
28	Trajectorylog	99,19	99,41	100	100
29	DynaLog	99,77	99,76	99,99	99,99
30	DynaLog	99,1	98,8	99,99	99,99