

基于射束元的调强逆向治疗计划中子野权重的最优化研究

陈炳周^{1,2} 侯 氢¹

1 (四川大学原子核科学技术研究所辐射物理及技术教育部重点实验室, 成都 610064)

2 (四川大学物理科学与技术学院应用物理系, 成都 610065)

摘要 基于射束元的调强逆向治疗计划, 如果直接采用精确剂量计算方法计算射束元剂量矩阵, 将会非常耗时。为此, 本文采用射线追踪方法计算射束元剂量矩阵, 通过模拟动力学优化方法优化出射束剖面的初始强度分布, 进而得到子野分布。再由微分卷积积分方法精确获得各子野的剂量矩阵, 并利用模拟动力学最优化方法对各子野进行权重重新优化, 从而使剂量分布得到了极大的改善, 且完全满足需要。这说明了射束元剂量矩阵的近似计算不仅可以大大缩短计算时间, 而且由此造成的剂量分布不确定性能得到有效克服; 同时, 还说明了利用现有的模拟动力学最优化方法优化子野权重, 具有较好的效果。另外还发现, 对于部分含射束元数目较少的子野或者强度分布数值较小的子野, 在放疗过程中是可以舍弃的。

关键词 子野权重, 模拟动力学, 最优化, 调强放射治疗

中图分类号 R817.5, O571.33

近些年来, 基于多叶准直器(Multileaf collimator, MLC)的调强放射治疗(Intensity modulated radiotherapy, IMRT)技术得到越来越多的临床应用^[1,2]。IMRT的治疗方案制定采用逆向治疗计划方法, 主要有基于射束元法和直接优化子野法的逆向计划。前者将每个射野划分为小尺寸的射束元, 计算出单位强度下每个射束元在各个体元上的剂量分布, 即剂量矩阵; 再根据靶区处方剂量及紧要器官剂量约束条件以及射束元剂量矩阵, 由最优化算法得到最优的射束剖面强度分布; 在分布中, 射束元强度值是连续变量, 须将分布进行分群^[3,4], 即离散化处理, 得到有限个强度级; 最后, 用离散后的强度分布, 产生多叶准直器子野。基于射束元法又称两步法: 第一步优化射束剖面强度分布, 第二步进行子野化。直接优化子野法, 即直接优化子野轮廓和权重的优化方法^[5-7], 但此法耗时较多, 且计算的收敛性有待澄清; 也有人工调整子野形状, 进行子野权重优化, 但颇耗人力, 计划质量也依赖于计划者的经验。直接优化子野和基于射束元的逆向计划的孰优孰劣, 尚待阐明, 但目前的多数计划系统仍用基于射束元方法进行调强逆向计划设计。本文也

只对基于射束元的逆向计划方法进行研究。

基于射束元的逆向治疗计划流程的每个步骤都会不同程度地影响最后得到的计划。例如, 对连续的强度分布进行离散化处理后, 剂量分布将偏离最优化时得到的剂量分布。此外, 逆向治疗计划中射束元剂量矩阵的计算很耗时间和存储空间, 若缩小射束元在体模中的散射范围, 或不考虑散射以提高射束元剂量矩阵计算效率, 均使最后得到的剂量分布偏离最优值, 降低治疗质量。

本文旨在研究: 如采用忽略散射的射束元剂量矩阵, 可否通过重新优化子野权重使剂量分布的计算结果与最优剂量分布的偏离减小。

1 方法

在基于射束元的逆向计划中, 先用不考虑散射的射线追踪法计算射束元矩阵, 用模拟动力学法优化所获射束剖面强度分布^[8,9]; 再分别采用等间距方法和遗传算法进行射束剖面强度分群, 将强度分布离散化为有限个强度级, 并进行子野化处理; 最后, 重新优化各子野权重。本文采用微分卷积积分法计算各子野剂量, 子野优化算法仍采用模拟动力学法。

国家自然科学基金(10475059)和四川大学青年科学基金(200572)资助

第一作者: 陈炳周, 1972年出生, 1997年毕业于四川大学, 目前为该校博士研究生, 讲师, 研究方向: 辐射物理与医学物理

通讯作者: 侯 氢

收稿日期: 2006-10-16, 修回日期: 2006-12-30

1.1 调强优化的模拟动力学算法

设 I 为射束元强度(或子野权重)矩阵, 其分量 I_i 是第 i 个射束元(或子野)的强度, $O(I, \alpha)$ 为最优优化目标函数, α 为其它参量。对于任意给定的初始强度, 则 I 的演化满足动力学方程:

$$M_i \frac{d^2 I_i}{d\tau^2} = - \frac{\partial O(I, \alpha)}{\partial I_i} \quad (1)$$

其中, τ 是虚拟时间, M_i 为“粒子”质量。本文采用物理目标函数:

$$O(I, \alpha) = C \sum_{n=1}^{N_v} w_n \left[\sum_{i=1}^{N_p} I_i d_n^{(i)} - \bar{d}_n \right]^2 \quad (2)$$

这里, C 是归一化常数, $d_n^{(i)}$ 是一个强度单位的射束元(或子野)对第 n 个体积元的剂量贡献, $\bar{d}_n$ 是第 n 个体积元的处方剂量, w_n 是第 n 个体积元的权重因子, N_v 和 N_p 分别代表体积元和射束元的数目。在该物理目标函数下, “粒子”质量 M_i 定义为:

$$M_i = 2 \sum_{i=1}^{N_p} \sum_{n=1}^{N_v} w_n d_n^{(i)} d_n^{(j)} \quad (3)$$

1.2 剂量计算的射线追踪法

本文用射线追踪法计算射束元剂量矩阵。射线追踪方法是简化的剂量计算方法, 它不考虑人体组织对光子的散射, 剂量分布是原束光子在各体元上的剂量分布, 服从射线穿射距离的平方反比定律和能量衰减规律。在源皮距为 SSD 的情况下, 皮肤表面下沿射野中心轴方向的射线穿透深度为 d 的某点 $\bar{r}$ 处的剂量 $D(\bar{r})$ 可以写成:

$$D(\bar{r}) = \Psi_0 \frac{\mu_{en}}{\rho(\bar{r})} \left(\frac{SSD}{SSD + d} \right)^2 e^{-\int_0^d \mu d\bar{l}} \quad (4)$$

式中, Ψ_0 为入射光子束的初始能量注量, $\frac{\mu_{en}}{\rho(\bar{r})}$ 为质能吸收系数, $\bar{l}$ 为射线入射点到计算点 $\bar{r}$ 的几何路径, μ 为射线在积分路径 $\bar{l}$ 上的线性衰减系数。

1.3 剂量计算的微分卷积分法

本文用微分卷积分法计算子野的剂量分布。微分卷积分法^[10-13]是光子剂量计算的真正三维计算方法, 该法有较好的计算精度, 与实验数据相比,

误差在 2% 以下。所需计算时间短于蒙特卡洛(MC)法。该法是通过计算原束光子在 $\bar{r}'$ 处释放的能量(TERMA) $T(\bar{r}')$ 与积分核 $K(\bar{r})$ 的卷积得到剂量分布 $D(\bar{r})$:

$$D(\bar{r}) = \int T(\bar{r}') K(\bar{r} - \bar{r}') d\bar{r}' \quad (5)$$

式中, $T(\bar{r}) = \frac{\mu_{en}}{\rho(\bar{r})} \Phi(\bar{r}) E$ 是原束光子在体元中释放的能量, $\frac{\mu_{en}}{\rho(\bar{r})}$ 为介质对原束光子在 $\bar{r}$ 处的质能吸收系数, $\Phi(\bar{r})$ 为原束通量, E 为入射光子能量。而 $K(\bar{r})$ 可由 MC 法计算得到^[11]。

在采用微分卷积积分方法计算射束元剂量矩阵时, 公式(5)变形为:

$$D(\bar{r}) = \sum_j D_j(\bar{r}) \quad (6)$$

其中, $D_j(\bar{r}) = \int T_j(\bar{r}') K(\bar{r} - \bar{r}') d\bar{r}'$ 。

1.4 强度分布的离散化处理

初始强度分布不能直接进行子野化, 须通过分群处理产生有限个强度级。将彼此连通的具有相同强度级的笔束划分为可用多叶准直器叶片构造的照射子野。我们曾就等间距分群法^[11,14]和遗传算法分群法对初始强度分布进行离散化处理作过比较, 强度级数较小时, 等间距分群法的误差很大, 而若增加级数, 又会增加子野数。基于遗传算法的强度分群方法, 可减少分群前后的剂量分布差异, 该法采用基于强度分布的目标函数:

$$O_f(g) = \frac{1}{N_f} \sum_{i=1}^{N_f} [\tilde{I}_i(g) - I_i]^2 \quad (7)$$

其中, I_i 、 $\tilde{I}_i(g)$ 分别为第 i 个射束元分群前后的强度值, N_f 是射束剖面上的射束元总数。 $g = \{g_0, g_1, \dots, g_L\}$ 为遗传算法进行分群优化得到的强度刻度值, L 为分群产生的强度级的个数。

第 k 个群内的强度值可以通过公式求得:

$$\phi_k(g) = \frac{\sum_{i=1}^{N_f} \theta(I_i - g_{k-1}) \theta(g_k - I_i) I_i}{\sum_{i=1}^{N_f} \theta(I_i - g_{k-1}) \theta(g_k - I_i)}, \quad k = 1, 2, \dots, L \quad (8)$$

这里的 $\theta(x)$ 为阶跃函数。进而就可以得到各射束元在遗传算法分群后对应的强度值:

$$\tilde{I}_i(g) = \sum_{k=1}^L \theta(I_i - g_{k-1}) \theta(g_k - I_i) \varphi_k(g) \quad (9)$$

1.5 目标函数中的处方剂量及器官权重

最优化采用公式(2)形式的目标函数。在进行射束剖面初始强度分布优化时，对于处在同一器官内的各体元上的处方剂量是相同的，靶区上的体元权重都设为 100，而其它体元的权重设为 0。子野权重再优化时，处方剂量与器官权重的给定则与此不同。

子野化前的剂量分布系根据靶区的处方剂量和紧要器官的约束条件直接优化获得，如子野权重优化后的每个体元处的剂量分布与之接近，则子野权重优化能基本满足靶区的处方剂量和紧要器官的约束条件。鉴此，在子野权重优化中，将子野化前的剂量分布作为各体元处的处方剂量。在此前提下，为保证靶区或紧要器官对目标函数具有相同的贡献，子野权重优化时目标函数中的各体元权重并不等于射束剖面初始强度分布优化时的器官权重，而是反比于其所在器官(靶区或紧要器官)内的体元数目。

2 结果

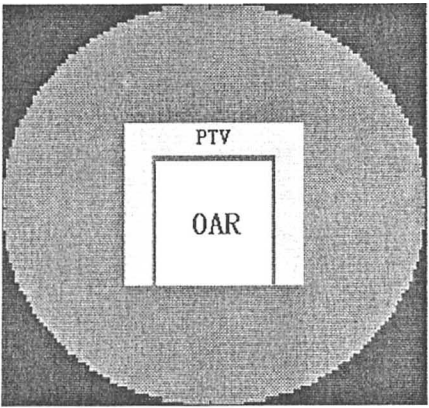
本文进行了模体模拟和临床实例模体(各一个)，均先采用射线追踪剂量法获得射束元剂量矩

阵，再用模拟动力学优化法得到初始的射束剖面的强度分布；射束子野化时，分别采用等间距分群方法和遗传算法分群方法进行强度分群，并采用文献[3]的子野划分方法划分子野。

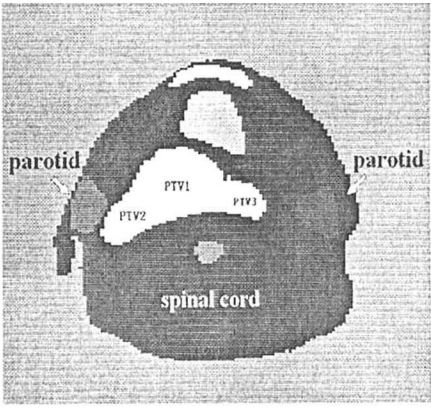
2.1 模拟实例与临床实例介绍及相关参数设置

(1) 图 1(a)所示是一个用于调强计划性能测试的典型模体，系 $\Phi 30\text{ cm} \times 10\text{ cm}$ 圆柱体，体积元尺寸为 $0.25\text{ cm} \times 0.25\text{ cm} \times 0.25\text{ cm}$ 。计划靶区(PTV)呈马蹄形，厚度为 2cm。计划靶区和紧要器官(OAR)的长度均为 6cm。靶区的处方剂量为 100Gy。紧要器官的剂量体积约束是吸收剂量超过 40Gy 的体积不大于 50%。采用 6MeV 的光子束、五束共面等角照射，射束元尺寸为 $0.5\text{ cm} \times 0.5\text{ cm}$ 。

(2) 头部病例，系美国放射肿瘤治疗协会 2003 年在圣地亚哥做的调强临床实验的第四个例子。它有不同处方剂量的 3 个靶区，多个硬约束和体积约束的紧要器官。靶区 PTV1、PTV2、PTV3 的处方剂量分别是 66、60、54Gy。左边腮腺的剂量体积约束是剂量超过 15Gy 的体积不大于 20%。右边的腮腺的剂量体积约束是剂量超过 25Gy 的体积不大于 60%。紧要器官脊柱、脑干、下颌腺的硬约束分别是 45、50、25Gy。病人的一个切面如图 1(b)所示。体积元的尺寸是 $0.2\text{ cm} \times 0.2\text{ cm} \times 0.2\text{ cm}$ 。采用 6MeV 的光子束、五束共面等角照射，射束元大小为 $1.0\text{ cm} \times 1.0\text{ cm}$ 。



(a)



(b)

图 1 CT 切片示意图

(a) 模拟例子 (b) 临床实例
Fig.1 CT slices of the simulated phantom (a) and the clinical case (b)

2.2 计算结果和讨论

图 2 为等间距分群子野化前后得到的靶区和紧要器官的剂量体积直方图(DVH),实线为初始强度分布下射线追踪算法计算结果;长划线为子野化后采用射线追踪计算结果;点线为子野化后采用微分卷积积分计算结果;点划线为子野权重优化后微分卷积积分计算结果。图 2(a)为模体的模拟结果,可清楚地看到,子野化后,在保证满足约束条件的前

提下,微分卷积积分算法与射线追踪算法得到的靶区 DVH 相差甚远。可见采用射线追踪算法得到的射束元剂量矩阵可能使最后的剂量分布偏离临床要求,应重新优化子野权重。子野权重经过重新优化后,DVH 得到了极大的改善,甚至好于子野化后经射线追踪算法得到的 DVH。图 2(b)为该临床实例的模拟结果,子野权重优化后,尽管 DVH 改善程度不如图 2(a),但仍明显获得改善。

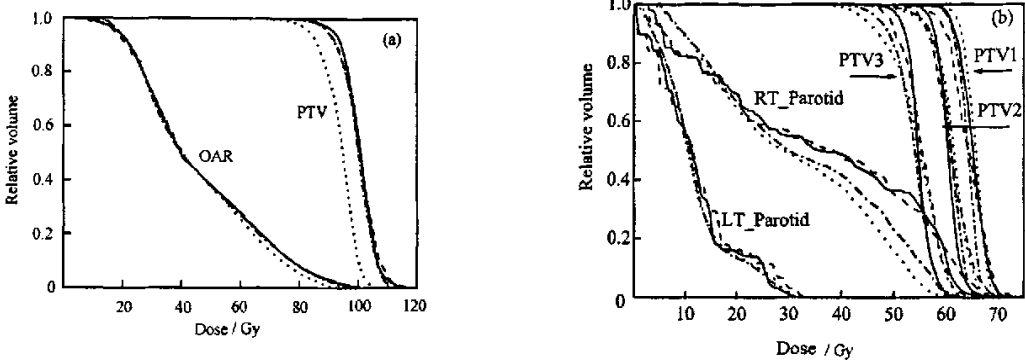


图 2 基于等间距分群子野化前后不同剂量计算方法下的靶区及紧要器官的 DVH 比较示意图
(a) 模拟例子, (b) 临床实例

Fig. 2 DVHs obtained before and after segmentation based on even-spaced clustering for the simulated phantom (a) and the clinical case (b), respectively

将上述临床实例所产生的子野筛选其尺寸较小或者权重较小者,重行权重优化,其 DVH 对比示意图见图 3。等间距分群再子野化后共有 48 个子野,筛选了 15 个小尺寸和小权重子野。剂量分布是由微分卷积积分获得,实线为全部子野经子野权重优化的计算结果;虚线为子野筛选后经过二次子野权重

优化的计算结果;点线为子野筛选后未经二次子野权重优化的计算结果。图 3 表明:直接筛选部分子野, DVH 变差;再做一次子野权重优化,并未造成剂量分布的大变化。这说明在临床上,舍弃部分子野是完全可行的,但必须进行子野权重的再次优化。

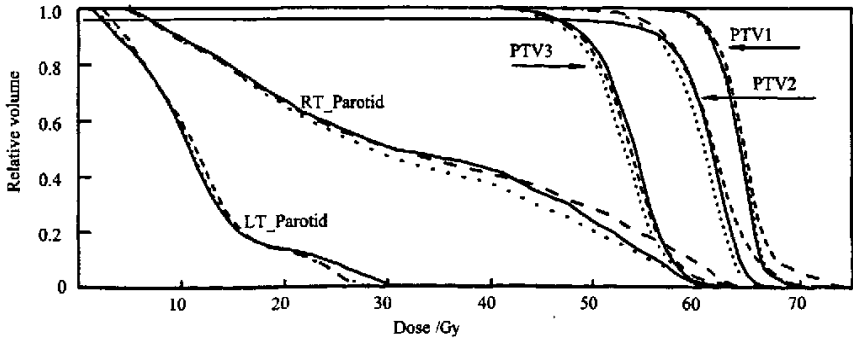


图 3 临床实例在舍弃部分子野前后的 DVH 对比示意图

Fig. 3 DVHs obtained by convolution-superposition dose calculation algorithm for the clinical case before and after omitting some segments

上述强度分群采用的等间距法, 均将初始强度分布分成7个强度级。计算过程中还采用了遗传算法分群, 强度级仍是7个, 其DVH结果见图4(曲线的表示方式同图2)。比较图2与图4, 可以发现, 就分群前后剂量分布差异而言, 遗传算法结果优于等间距方法, 但子野权重优化的结果却不依赖于强度分群的形式。

采用射线追踪算法获得射束元剂量矩阵, 经微分卷积积分计算子野剂量分布, 再做子野权重优化, 可大大节省整个计划过程的计算时间。这是因为: 射束剖面强度未优化前, 只能假设每个射束元强度

不为零, 则获得射束元剂量矩阵的微分卷积积分法必须采用(6)式; 子野轮廓确定后, 而微分卷积积分法计算剂量分布就可采用(5)式, 而此式的计算时间(见前文)远少于(6)式。另一方面, 射束元数毕竟远大于子野数, 该临床实例有5个射束方向、每个射野含射束元400个, 共2000个射束元, 而子野数仅为48个(等间距法分群)或50个(遗传算法分群)。

从图2、图3和图4还可发现, 在子野权重优化过程中, 器官权重的设置基本保证满足约束条件, 这就避免了子野权重优化时重新设置约束条件, 使优化过程变得简单快速。

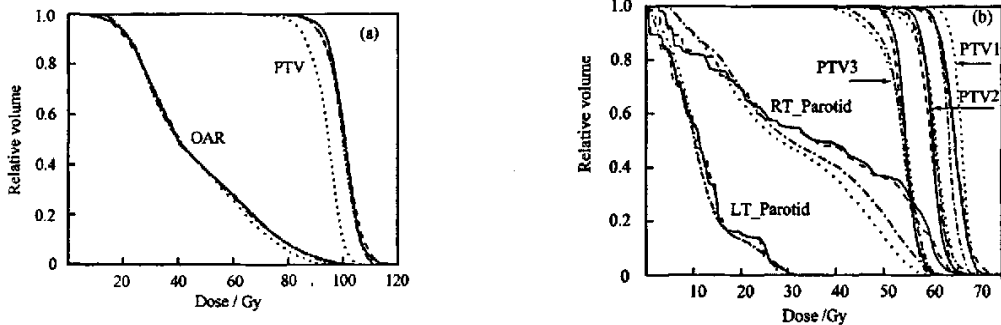


图4 基于遗传算法分群子野化前后不同剂量计算方法下的靶区及紧要器官的DVH比较示意图

(a) 模拟例子, (b) 临床实例

Fig. 4 DVHs obtained before and after segmentation based on genetic clustering for the simulated phantom (a) and the clinical case (b), respectively

3 结论

基于射束元方式的调强放射治疗计划制订过程中, 通过简化剂量算法获得射束元剂量矩阵, 大大节省了计算时间和存储空间, 但须对由此产生的子野权重进行重新优化。通过精确剂量计算方法计算出各个子野的剂量分布, 运用模拟动力学优化方法优化子野权重, 靶区的剂量分布得到了明显的改善。但这种改善不依赖于子野化过程中分群方式的选择。同时还发现, 舍弃一部分尺寸或权重相对较小的子野, 再经过子野权重的优化, 将不会因为子野数目的减少而导致靶区剂量分布质量明显变差。

参考文献

- Webb S. Intensity modulated radiation therapy, Bristol: Institute of Physics Publishing, 2001, 1—19
- Intensity modulated radiation therapy collaborative working group. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 2001, 51: 880—914
- Bortfeld T, Kahler D L, Waldron T J, et al. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 1994, 28: 723—730
- Wu Y, Yan D, Sharpe M B, et al. Med Phys, 2001, 28: 2188—2197
- De Gersm W, Claus F, De Wagter C, et al. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 2001, 51(5): 1371—1388
- Cotrutz C, Xing L. Phys Med Biol, 2003, 48: 2987—2998
- Shepard D M, Earl M A, Li X A, et al. Med Phys, 2002, 29: 1007—1018
- HOU Q, WANG Y G. Phys Rev Lett, 2001, 87: 168101-1-4
- Hou Q, Wang J, Chen Y, et al. Med Phys, 2003, 30: 61—68
- Mackie T R, Scrimger J W, Battista J J. Med Phys, 1985, 12: 188—196
- Mackie T R, Bielajew A F, Rogers D W O, et al. Med Phys, 1988, 33: 1—20
- Boyer A, Mok E. Med Phys, 1985, 12: 169—177
- Mohan R, Chui C. Med Phys, 1986, 13: 64—73
- Chui C S, Chan M F, Yorke E, et al. Med Phys, 2001, 28: 2441—2449

Optimization of segment weight using simulated dynamics algorithm for beamlet-based IMRT

CHEN Bingzhou^{1,2} HOU Qing¹

1 (Key Lab for Radiation Physics and Technology of Ministry of Education, Institute of Nuclear Science and Technology,

Sichuan University, Chengdu 610064)

2 (Applied Physics Department, College of Physics Science and Technology, Sichuan University, Chengdu 610065)

Abstract With accurate calculation algorithms in inverse planning for beamlet-based intensity modulated radiotherapy (IMRT), it takes time to calculate the dose matrix, which represents the dose distribution of each beamlet element to each voxel for unit fluence. To reduce the calculation time, coarse or approximate algorithms are often a choice, but this results in a final dose distribution that cannot reflect the real value. In addition, it is necessary to test if a coarse algorithm is capable of calculating the dose matrix of beamlets. In this work, simulated dynamics optimization algorithm was applied to optimize the segment weight to minish the dose error from the dose matrix calculation. After calculating the dose matrix by ray-tracing algorithm which takes into account just the primary component of absorbed dose, the original beam profile intensity distribution was optimized by using the simulated dynamics algorithm. Before segmentation, the even-spaced algorithm and genetic algorithm were applied in clustering. The dose distribution of every segment was calculated accurately by using convolution-superposition algorithm, and the weight of any voxel was in inverse proportion to the voxel number of the PTV or OAR it belonged. The segment weight was optimized by using the simulated dynamics algorithm. By comparing the dose distributions before and after optimization of segment weight, one finds that the dose distribution is improved obviously. It was also found that some segments which contained fewer beamlets or lower weight value could be omitted because the decay of dose distribution could be improved by re-optimizing the segment weight, and that some segments could be omitted by re-optimizing the segment weight during the process of beamlet-based IMRT.

Key words Segment weight, Simulated dynamics, Optimization, Intensity modulated radiotherapy

CLC R817.5, O571.33