

XAPLAB: software de diseño de protocolos de adquisición con equipos de rayos X

A. Martínez Martínez¹, A. García Santos², R. Polo Cezón², M. Desco Menéndez^{1, 2, 3, 4},
M. Abella García^{2, 4}

¹ Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón, Madrid, {amartinez, mdesco, mabella}@hggm.es

² Depto. Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial, Universidad Carlos III de Madrid, {agsantos, rpolo}@hggm.es

³ Centro de investigación en red en salud mental (CIBERSAM), Madrid,

⁴ Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares Carlos III (CNIC), Madrid

Resumen

La introducción de detectores digitales de rayos X en equipos de radiología, junto con el desarrollo de algoritmos avanzados de reconstrucción permite proporcionar a estos equipos capacidades para obtener información 3D. Éstas se basan en la obtención de un número limitado de proyecciones con sistemas de geometría no estándar.

En este trabajo presentamos XAPLAB, un software para facilitar el diseño y la implementación de nuevos protocolos de adquisición. La herramienta permite ajustar la posición de adquisición de las distintas proyecciones dentro de las posibilidades de movimiento un sistema específico, simular y pre-visualizar las proyecciones y obtener información relevante como el campo de visión (FOV) cubierto o la dosis de radiación total estimada. Así como exportar la secuencia generada para ser reproducida en el sistema real. Las partes con mayor coste computacional se implementan en kernels acelerados con GPU. Para demostrar la utilidad del software se ha realizado el diseño de un protocolo de tomosíntesis lineal en el equipo de radiología digital NOVA FA de SEDECAL y se han comparado las proyecciones simuladas y reales de un maniquí geométrico.

1. Introducción

En las últimas décadas se ha producido una rápida transición hacia la radiología digital, gracias a la introducción de detectores digitales. Este hecho, junto con la aparición de sistemas de posicionamiento más flexibles, ha propiciado el desarrollo de nuevos métodos para obtener información 3D utilizando sistemas de radiología convencional. Esto permite llevar la tomografía a situaciones en las que no es posible realizar un TAC como, por ejemplo, durante una cirugía o en la UVI.

Estos nuevos protocolos de adquisición se centran en la obtención de información 3D a partir de un número limitado de proyecciones con geometrías no estándar. En este contexto, la simulación mediante software constituye una herramienta muy valiosa a la hora de explorar las posibilidades de diferentes configuraciones de adquisición antes de implementarlas en sistemas reales. En los últimos años se han desarrollado numerosas herramientas software [1-5] que permiten simular el proceso de generación de las imágenes de rayos X. En general, están orientadas a la simulación de imágenes 2D o estudios tomográficos, imponiendo ciertas restricciones en cuanto al posicionamiento de la fuente y el detector. Esto limita su utilidad a la hora de simular nuevos protocolos que

implementen configuraciones no estándar; además, no proporcionan una forma directa de adaptar los protocolos diseñados a las especificaciones de un sistema de adquisición real.

En este trabajo presentamos XAPLAB (X-ray Acquisition Protocol LABoratory), un software diseñado para permitir la creación de protocolos de adquisición con geometrías flexibles adaptadas a sistemas reales además de simular las imágenes mediante *kernels* de alto rendimiento y proporcionar información adicional como la dosis estimada o el campo total irradiado. El software facilita además la implementación de los protocolos diseñados en un sistema real.

2. Materiales y métodos

XAPLAB ha sido desarrollado en MATLAB siguiendo un enfoque modular y basado en la programación orientada a objetos, con el fin de permitir flexibilidad para añadir nuevas funcionalidades.

Los elementos principales del sistema de rayos X están representados mediante sus respectivos objetos:

- *source*: representa la fuente de rayos X, definida por su posición.
- *detector*: describe el detector, definido por su posición, tamaño de matriz y de píxel, y orientación (ángulos *tilt*, *skew* y *roll*).
- *patient*: objeto del que se desea obtener la imagen, definido por su posición y tamaño de matriz y vóxel.
- *position*: asociación de un objeto *source* con un objeto *detector*.
- *geometry*: agrupa todos los elementos anteriores, definiendo una secuencia de objetos *position*.

Para asegurar que los protocolos diseñados puedan ser adquiridos en un sistema real se introduce el concepto de *definiciones de sistema* que describen los rangos posibles de posicionamiento de los diferentes elementos.

XAPLAB se maneja a través de su interfaz gráfica de usuario, que se muestra en la Figura 1.

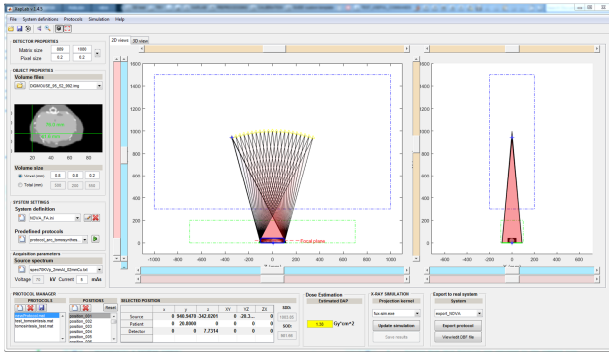


Figura 1. Interfaz de usuario

El flujo de trabajo está representado de forma resumida en la Figura 2. La interfaz de usuario permite seleccionar el volumen que representa al paciente definiendo su tamaño y orientación, y añadir un número arbitrario de posiciones de fuente y detector (*positions*). En la misma interfaz se realiza la configuración de los diferentes elementos del sistema de adquisición, tales como los rangos de posicionamiento de fuente y detector, así como el tamaño de matriz y de píxel del detector, que pueden ajustarse individualmente o seleccionarse de entre una lista de configuraciones pre-definidas y editables por el usuario.

La geometría de adquisición se representa en tiempo real en las vistas de los planos XY y XZ, así como en una vista 3D que se encuentra en la segunda pestaña. Las posiciones de fuente y detector pueden ser modificadas de forma interactiva mediante los elementos gráficos que se muestran en estas vistas, o modificando sus coordenadas individualmente mediante una tabla.

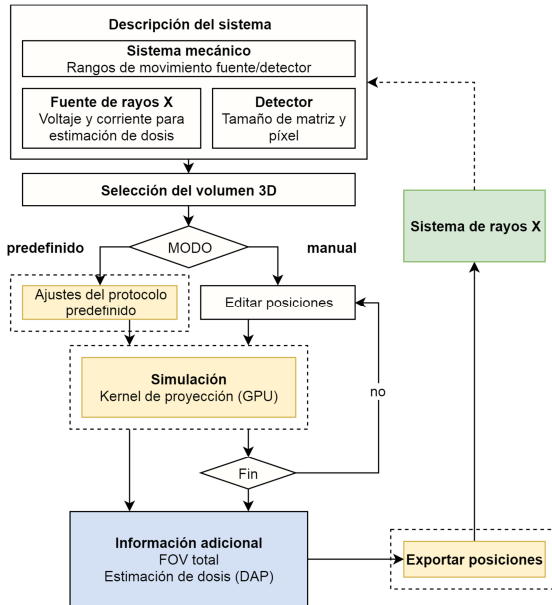


Figura 2. Flujo de trabajo de XAPLAB

La configuración del objeto *geometry*, que representa el protocolo de adquisición diseñado, es procesada por diferentes módulos implementados por XAPLAB para proporcionar diferentes funcionalidades. A continuación se describen brevemente los diferentes tipos de módulos soportados y su funcionamiento.

2.1. Simulación

El módulo de simulación permite obtener una pre-visualización del protocolo diseñado. Para ello ejecuta llamadas a FUX-sim [6], un paquete optimizado para GPU (utilizando CUDA y OpenCL) que genera las proyecciones a partir de una representación tridimensional del objeto a adquirir con la geometría diseñada. FUX-sim utiliza el sistema de coordenadas que se muestra en la Figura 3 para representar la geometría de adquisición. Se define en primer lugar la posición del *detector virtual* mediante las distancias fuente-detector y objeto-detector, así como el ángulo de proyección en el plano XY; siendo el detector ortogonal a la línea fuente-centro del detector. Para expresar todas las posibles posiciones y orientaciones del detector se define el *detector real* especificando los desplazamientos horizontal y vertical respecto al *detector virtual*, así como los ángulos de rotación (*skew*) e inclinación (*tilt* y *roll*) respecto a los 3 ejes.

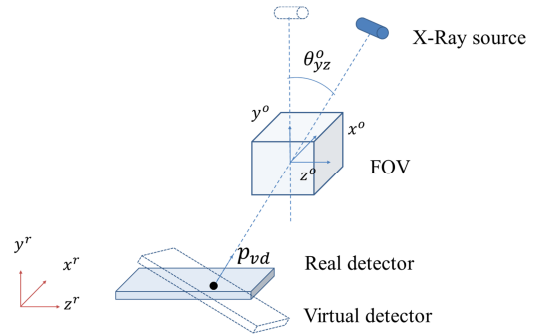


Figura 3. Sistema de coordenadas en FUX-sim

El módulo de simulación traduce la geometría del protocolo diseñado a los parámetros de FUX-sim, y le proporciona la ruta al archivo que representa el volumen. Las imágenes resultantes se muestran en una ventana externa.

2.2. Protocolos predefinidos

Los protocolos predefinidos son módulos diseñados para facilitar el diseño y evaluación de protocolos específicos variando sus parámetros. A partir de un objeto *geometry* que representa las condiciones iniciales, y de parámetros adicionales especificados por el usuario, se calculan y generan automáticamente las posiciones de adquisición. En la Figura 4 se muestra un ejemplo de protocolo predefinido de tomosíntesis lineal en el que se especifican el número de posiciones y la distancia del plano focal al centro del objeto.

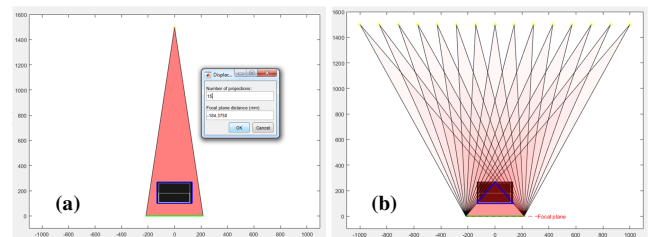


Figura 4. (a) Configuración de un protocolo predefinido de tomosíntesis lineal con selección del n° de posiciones y distancia del plano focal; (b) posiciones generadas

Estos módulos también permiten devolver información específica sobre un protocolo como el grosor de rodaja y mostrarlo en la interfaz principal (Figura 4).

2.3. Estimación de dosis

Encontrar un equilibrio entre la calidad de la imagen y la dosis de radiación al paciente es importante a la hora de diseñar un protocolo de adquisición. XAPLAB realiza una estimación de la dosis total recibida mediante el cálculo del *producto dosis-área* [7] (DAP), que se obtiene mediante la ecuación 1.

$$DAP(mGycm^2) = n_0 \cdot C \cdot \left(\frac{KV}{80}\right)^\alpha \cdot \left(\frac{100}{d}\right)^2 \cdot T \quad (1)$$

Donde C es la corriente del tubo (mA), d la distancia focal (cm), T el tamaño del campo iluminado (cm²), n₀ el valor de rendimiento de referencia y α el factor que caracteriza la dependencia del valor de haz con el voltaje. El valor de n₀ se calcula a 80kVp y una distancia fuente-detector de 100cm de acuerdo con la ecuación 2.

$$n_0 = \frac{D_{80kV,100cm}(mGy)}{C_0(mAs)} \quad (2)$$

2.4. Exportación de protocolos

XAPLAB permite añadir módulos para exportar los protocolos diseñados para su adquisición en el sistema de radiología. Estos módulos tienen como entrada el objeto *geometry* generado, y se encargan de traducir la posición de los elementos al sistema de coordenadas empleado por el sistema real.

3. Evaluación

Se ha realizado una evaluación del software consistente en el diseño de un protocolo de tomosíntesis lineal, en el cual la fuente y el detector se desplazan longitudinalmente y en sentidos opuestos.

El protocolo se diseñó para el sistema de radiología digital NOVA FA de SEDECAL, que dispone de una suspensión de techo automática, mesa elevable y *bucky* mural con ángulo ajustable. El detector es de tipo *flat panel* Perkin Elmer XRpad 4336 con un tamaño de matriz de 3556x4320 píxeles y tamaño de píxel de 100µm.

Siguiendo el flujo de trabajo mostrado en la Figura 2, se creó una definición de sistema representando los rangos de movimiento de fuente y detector en dicho sistema, y se implementó un módulo para exportar el protocolo diseñado con el formato y sistema de coordenadas utilizado por éste. Se configuró el objeto *geometry* de partida con un par fuente-detector con una distancia fuente-detector de 150 cm y se utilizó uno de los módulos de tomosíntesis lineal implementados en XAPLAB, situando el plano focal a la altura del detector; el protocolo generado es el que se muestra en la Figura 4.b. Finalmente se utilizó el módulo FUX-sim para simular el protocolo, obteniendo las imágenes P_S .

Para facilitar la posterior evaluación se diseñó y construyó un maniquí geométrico consistente en un prisma hueco de metacrilato con marcadores radio-opacos incrustados en sus esquinas. Para poder simular el protocolo se adquirió un TAC del maniquí con un

Toshiba Aquilion/LB (512x512x1645 vóxeles, tamaño de vóxel 0.931x0.931x0.5 mm). En la Figura 5 se muestra el maniquí geométrico situado en el sistema de rayos así como un corte axial del TAC adquirido.

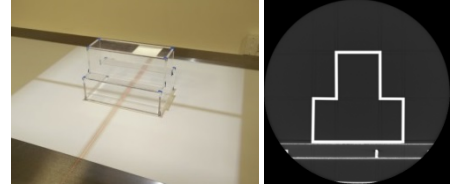


Figura 5. Maniquí geométrico en la posición de adquisición (izquierda) y corte axial del TAC (derecha).

El protocolo diseñado se exportó utilizando el módulo implementado y se adquirieron las imágenes P_R . En la Figura 6 se muestran las imágenes resultado de la simulación con FUX-sim (P_S), así como las adquiridas en el equipo de radiología (P_R); las imágenes no están post-procesadas al no ser necesario para localizar los marcadores.

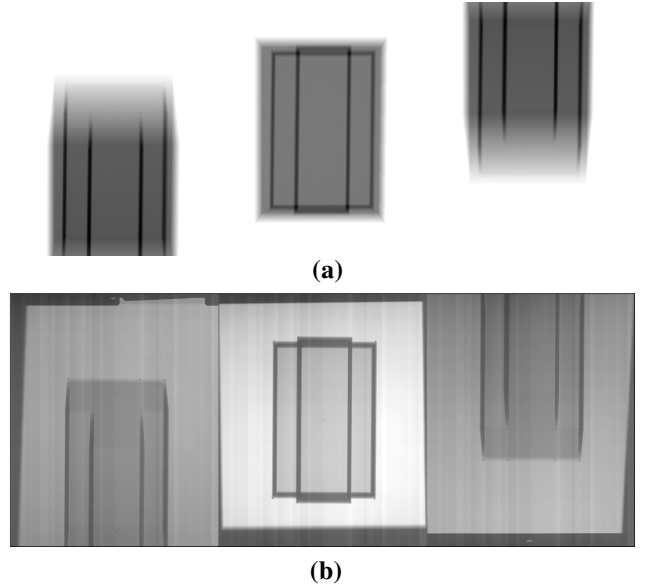


Figura 6. (a) Imágenes simuladas para las posiciones extremas y central. (b) Imágenes adquiridas

Con el fin de evaluar la correspondencia geométrica entre la geometría generada en XAPLAB con la reproducida en el sistema real, se midieron las distancias de las posiciones de los marcadores en la imagen real respecto a la simulada, para cada proyección. Para ello se localizaron de forma semi-automática los centros de los marcadores en las proyecciones, emparejando los marcadores de las imágenes simuladas con los correspondientes en las imágenes adquiridas.

Para ajustar la posición virtual del maniquí a la posición de adquisición, se registraron los marcadores en la proyección central simulada a la proyección real, estimando la transformación afín tal que:

$$M_R \approx T \times M_S \quad (3)$$

Donde M_S representa las coordenadas de los marcadores en la imagen simulada y M_R en la imagen real. A continuación se aplicó esta matriz de transformación 2D a los planos ZX de la imagen TAC del maniquí para colocar el objeto en una posición similar a la de la adquisición real, y se repitió la simulación utilizando como entrada este volumen modificado, obteniendo las proyecciones P_S' .

Se localizaron de nuevo las posiciones de los marcadores en las imágenes P_S' y P_R (Figura 7) y se calcularon las distancias euclídeas entre cada par de puntos.

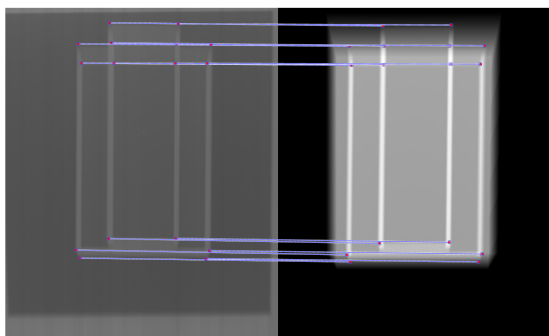


Figura 7. Localización de los pares de marcadores en la imagen adquirida P_R (izquierda) y simulada P_S' (derecha)

En la gráfica de la Figura 8 se representa la media de las distancias entre marcadores para cada posición del protocolo de tomosíntesis, que se mantiene por debajo de 12 mm para las posiciones extremas (con mayor distancia fuente-detector)

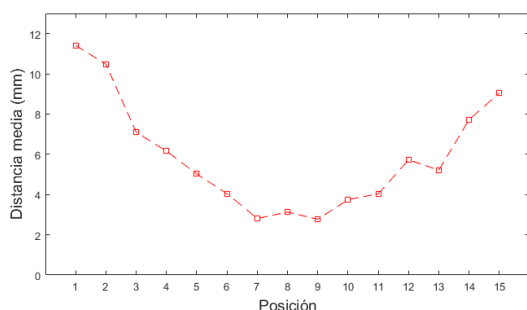


Figura 8. Distancia media entre marcadores para cada proyección.

4. Discusión y trabajo futuro

Se ha presentado una herramienta software que permite diseñar protocolos de adquisición de rayos X con geometrías flexibles y evaluar su viabilidad por medio de simulaciones por software antes de su implementación en un sistema real.

Su interfaz de usuario permite definir secuencias con posiciones flexibles de fuente y detector, obtener las imágenes simuladas mediante software y exportar los protocolos generados para su adquisición en sistemas reales.

Se ha realizado una evaluación del software simulando y adquiriendo un protocolo de tomosíntesis aplicado a un maniquí geométrico con marcadores radio-opacos y

comparando las posiciones en proyección de los marcadores, entre las imágenes simuladas y las reales. Los resultados muestran una gran concordancia geométrica entre las imágenes simuladas y las imágenes adquiridas en el sistema real. El error medio en la posición de los marcadores en proyección es inferior a 12 mm para las posiciones más extremas del protocolo e inferior a 4 mm para las centrales. Este error puede deberse en gran medida a las tolerancias propias del sistema de posicionamiento, así como a las diferencias entre el posicionamiento del maniquí en el TAC y en el sistema NOVA FA. En cualquier caso se trata de un error aceptable dada la finalidad del software.

Como trabajo futuro se plantea la expansión de las funcionalidades de XAPLAB con nuevos métodos de simulación, como por ejemplo la adición de simulación de radiación dispersa o espectro policromático. La implementación de XAPLAB, basada en el uso de módulos, facilita la inclusión estas nuevas funcionalidades así como la definición de nuevos protocolos o exportación a otros sistemas de radiología.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (proyectos DPI-2016-79075-R) y el Instituto de Salud Carlos III (DTS17/00122).

Referencias

- [1] G. Landry, F. deBlois, and F. Verhaegen, "ImaSim, a software tool for basic education of medical x-ray imaging in radiotherapy and radiology," *Frontiers in Physics*, vol. 1, 2013 2013.
- [2] V. Fanti, R. Marzaddu, G. Massazza, and P. Randaccio, "A simulation tool to support teaching and learning the operation of X-ray imaging systems," *Medical Engineering & Physics*, vol. 27, pp. 555-559, 9/2005 2005.
- [3] E. Gallio, O. Rampado, E. Gianaria, S. D. Bianchi, and R. Ropolo, "A GPU Simulation Tool for Training and Optimisation in 2D Digital X-Ray Imaging," *PLOS ONE*, vol. 10, p. e0141497, 2015-11-6 2015.
- [4] P. Duvauchelle, N. Freud, V. Kaftandjian, and D. Babot, "A computer code to simulate X-ray imaging techniques," *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section B: Beam Interactions with Materials and Atoms*, vol. 170, pp. 245-258, 2000 2000.
- [5] A. Maier, H. G. Hofmann, M. Berger, P. Fischer, C. Schwemmer, H. Wu, *et al.*, "CONRAD—A software framework for cone-beam imaging in radiology," *Medical Physics*, vol. 40, p. 111914, 11/2013 2013.
- [6] M. Abella, E. Serrano, J. Garcia-Blas, I. Garcia, C. De Molina, J. Carretero, *et al.*, "FUX-Sim: Implementation of a fast universal simulation/reconstruction framework for X-ray systems," *PLOS ONE*, vol. 12, 2017.
- [7] J. M. Boone, D. D. Cody, J. R. Fisher, G. D. Frey, H. Glasser, J. E. Gray, *et al.*, "AAPM report 74: Quality control in diagnostic radiology," 2002 2002.