

TP Masterclass « Particle Therapy »

Planification de traitement avec matRad

Ce TP a pour but de vous faire découvrir la planification de traitement de tumeurs cancéreuses par radiothérapie et de mettre en évidence les principaux avantages des irradiations par faisceaux de photons de protons et d'ions carbone.

Pour ce TP, nous allons utiliser un serveur de calcul sur lequel est installé le logiciel matRad. L'accès à ce serveur de calcul (sous Linux) s'effectue via le logiciel « X2Go » (cf. Annexe).

1 Comparaison des traitements par faisceaux de photons, protons et ions carbone (tumeur du foie)

Les objectifs de cet exercice sont les suivants :

- découvrir le logiciel,
- comparer les dépôts de dose des photons, des protons et des ions carbone avec un seul champ d'irradiation,
- tendre vers une planification de traitement photon réaliste avec plusieurs champs d'irradiation.

1. Charger le cas du patient atteint du foie via le bouton **Load *.mat (LIVER.mat)** (dossier « masterclass/patients »). Identifier les différents organes du patient en particulier le foie, le volume cible et les organes à risque en utilisant les différentes vues du patient (« axial, sagittal et coronal » dans le menu « **visualization** »). Sélectionner les volumes suivants dans la liste des « structures » : cœur (heart), estomac (stomach), foie (liver), peau (skin) et le volume cible planifié (PTV).
2. Relever le nombre de fractions prévues et les critères d'optimisation (« objectives & constraints », c'est-à-dire la dose prescrite pour irradier la tumeur, la dose maximale à déposer dans les organes à risque (OAR) (donner les valeurs par fraction) ainsi que les « fonctions de coût ».

1.1 Champ d'irradiation unique

On cherche à comparer les distributions de dose et les histogrammes « Dose-Volume » obtenus avec un champ d'irradiation de photons, protons et d'ions carbone.

3. Pour chaque type de rayonnement (photons, protons et ions carbone) :
 - choisir le **Radiation Mode** et définir l'angle du faisceau à 0° (gantry angle) en laissant les critères d'optimisation inchangés (« objectives & constraints ») ;

- déclencher le calcul de la dose via le bouton « **Calc. Influence Mx** » et lancer l'optimisation inverse en cliquant sur « **Optimize** » ;
- observer les distributions de dose résultante avec la vue axiale. **Faire des captures d'écran et les mettre côte à côte pour les comparer.**
- cliquer enfin sur le bouton « **Show DVH** » pour afficher les histogrammes « Dose-Volume » (HDV) et cliquer sur l'icône « disquette » pour enregistrer ces histogrammes sous formes de fichiers .fig. Ces fichiers seront analysés dans un second temps.

4. Analyser les fichiers (HDV) en exécutant le jupyter notebook (fichier « masterclass.ipynb » dans le dossier « masterclass/analyse »). NB : penser à adapter le nom des fichiers de données dans le notebook en fonction des noms de fichier que vous avez choisis au moment de leur enregistrement. Mettre les figures HDV côte à côte et les comparer. Relever les grandeurs suivantes fournies par le notebook :

- la fraction du volume tumoral avec moins de 95% de la dose prescrite (« écart tumeur »)
- la fraction du volume des 2 organes à risque (OAR) recevant plus que la dose maximale prévue dans l'optimisation de traitement (« écart OAR »).

1.2 Champs d'irradiation multiples avec des photons

On cherche maintenant à utiliser plusieurs champs d'irradiations « Photons » pour tendre vers une planification de traitement réaliste.

5. Définir un plan de traitement avec 5 champs d'irradiations avec un espacement équidistant des angles de faisceau (Gantry Angle) : 0 72 144 216 288. On prendra un angle de table de traitement (Couch Angle) constant et égal à 0, c'est-à-dire : 0 0 0 0 0.

- observer les distributions de dose résultante avec la vue axiale. **Faire des captures d'écran et les mettre côte à côte pour les comparer.**
- cliquer enfin sur le bouton « **Show DVH** » pour afficher les histogrammes « Dose-Volume » (HDV). Enregistrer le fichier sous la forme d'un fichier .fig.
- Comparer les HDV obtenus avec 1 champ et 5 champs ainsi que les grandeurs suivantes : « écart tumeur », « écart foie » et « écart cœur » :
 - l'écart dans les organes à risque correspond à la fraction du volume de l'organe qui reçoit une dose supérieur à la dose max prévue dans la planification de traitement.
 - l'écart dans la tumeur correspond à la fraction du volume tumoral qui reçoit une dose inférieure à 95% de la dose prescrite.

6. A faire plutôt en fin du TP en fonction du temps qu'il vous reste : essayer de changer les angles des champs d'irradiations pour améliorer la planification de traitement. Mettre vos résultats dans le fichier en ligne suivant : <https://lite.framacalc.org/masterclass-9zpo>. Commencer avec 5 champs d'irradiations avant de réduire éventuellement le nombre de champs.

2 Impact des incertitudes de positionnements du patient sur des irradiations photons et protons (tumeur du cerveau)

L'objectif de cet exercice est d'observer l'impact d'un décalage du patient sur les distributions de dose photons et protons.

- * Charger un cas de patient atteint avec une tumeur à la tête (ALDERSON.mat) puis :
 - choisir le **Radiation Mode** (Proton) et définir 3 angles de champs d'irradiation ;
 - déclencher le calcul de la dose via le bouton « **Calc. Influence Mx** » et lancer l'optimisation inverse en cliquant sur « **Optimize** » ;
 - observer les distributions de dose résultante avec la vue axiale. **Faire des captures d'écran et les mettre côte à côte pour les comparer.**
 - cliquer enfin sur le bouton « **Show DVH** » pour afficher les histogrammes « Dose-Volume » (HDV) et cliquer sur l'icône « disquette » pour enregistrer ces histogrammes sous formes de fichiers .fig.
 - * Simulez une erreur de positionnement du patient en décalant l'isocentre (l'origine du référentiel). Pour cela :
 - décocher la case « auto » de l'iso-centre et définir un nouvel iso-centre décalé de 10 mm vers le tronc cérébral (« brainstem »), c'est-à-dire un isocentre à 155.4 127.3 186.4 ;
 - recalculer la dose basée sur les intensités de faisceau de rayon optimisées précédemment en cliquant sur le bouton (« Recalc »). Ne pas effectuer une nouvelle optimisation.
7. Comparer les distributions de dose (vue axiale) obtenues avec et sans erreur de positionnement ainsi que les HDV et différents « écarts » : « écart tumeur » et les 2 « écarts OAR » les plus élevés.

3 Annexe

Lancement des logiciels X2Go et matRad

- Démarrer le logiciel X2go et créer une nouvelle session avec les informations (login/mdp) que l'on vous a envoyées. L'adresse IP du serveur est : 193.54.49.211 (cf. Figure ??). Penser à définir le **type de session comme « XFCE »** (dernier menu en bas de la fenêtre de configuration).
- Entrer ensuite votre login/mdp dans le menu d'ouverture de session
- Une fois dans l'environnement de travail (Figure ??), ouvrir un terminal (cliquer sur le deuxième icône à partir de la gauche, tout en bas du bureau) et lancer le logiciel matRad en tapant : `matrad`
- **Bien penser à la fin du TP à se déconnecter proprement de X2Go : pour cela, sortir de la session (« Log out ») puis fermer X2Go.**

