

MANUAL DEL USUARIO

BLUE FRAME

IMRT

Registro ANMAT PM 1896-1

Fi.Me. – Física Medica s.r.l.

Indice

I.	Introducir Imágenes	
I.1.	Automático.....	4
I.2.	Path.....	4
I.3.	Scan path in depth.....	6
I.4.	Procesado de imágenes.....	7
I.5.	Ingresar imagen 2D (contorno).....	11
II.	Alinear Imágenes.....	18
III.	Contorno externo (skin limit).....	24
IV.	Region of Interest (ROI)	
IV.1.	Dibujar ROI.....	33
IV.2.	Auto ROI.....	38
IV.3.	Borrar ROI.....	41
IV.4.	Borrar Segmento de ROI.....	42
IV.5.	Sumar ROIs.....	43
IV.6.	Interpolación de ROI – Espesor ROI.....	45
IV.7.	Dibujar BOLUS.....	47
IV.8.	Expandir ROI.....	49
IV.9.	Editar propiedades de ROI.....	51
IV.10.	ROI from oblique ROI.....	52
V.	Point of interest (POI)	
V.1.	Crear POI.....	53
V.2.	GOTO.....	54
V.3.	Center to POI.....	54
VI.	Fusión.....	56
VII.	Planificación 3D	
VII.1.	Cargar campos.....	61
VII.2.	DVH.....	71
VII.3.	BEV.....	73
VII.4.	Dibujar Protecciones.....	75
VII.5.	Suma de Planes.....	81
VII.6.	Crear diferentes vistas (SAG-COR-Oblicua).....	87
VII.7.	Reconstrucción 3D.....	90
VII.8.	Web Report.....	93
VIII.	Planificación IMRT.....	97
	Apéndice A: Invertir o manipular posición de un paciente.....	106
	Apéndice B: Menu Fusión.....	109
	Apéndice C: Herramientas de BlueShell.....	111
	Apéndice D: Conformación de archivo dosimétrico.....	113
	Apéndice E: Instalación segura de versión BETA.....	116



*Este sistema permite 3 tipos de Usuarios
Físico Responsable
Dosimetrista (o físico auxiliar)
Medico*

Solo usuarios que hayan recibido el entrenamiento en el sistema y posean el certificado del mismo emitido por FiMe están autorizados a utilizar el sistema.



Es muy importante por una cuestión de seguridad que los archivos.rsd se mantengan como 'solo lectura' para que nadie pueda equivocadamente introducir modificaciones en el.

I. Introducir Imágenes

I.1. Automático

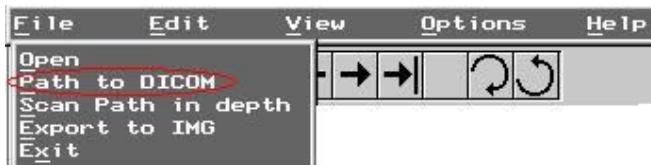
- 1) Crear una carpeta dentro de la carpeta principal del BLUE/Dicom llamada Pacientes c:/BLUE/Dicom/Pacientes.
- 2) Copiar las imágenes Dicom en esa carpeta, ya sea desde el CD o desde la red.
- 3) Arrastrar cualquiera de las imágenes de este paciente hacia el icono BlueShell que está en el escritorio o dentro de la carpeta BLUE. Esto automáticamente abrirá la ventana para procesar todas las imágenes del paciente.



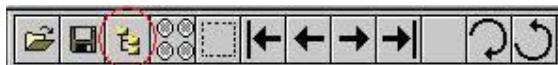
I.2. Path

Esta herramienta sirve cuando no se sabe en qué directorio está la serie de imágenes de interés.

- 1) Hacer clic sobre el icono Dicom . Esto automáticamente abrirá la ventana de Dicom para procesar todas las imágenes del paciente, aunque las imágenes no sean del paciente.
Luego ir a File → Path to DICOM



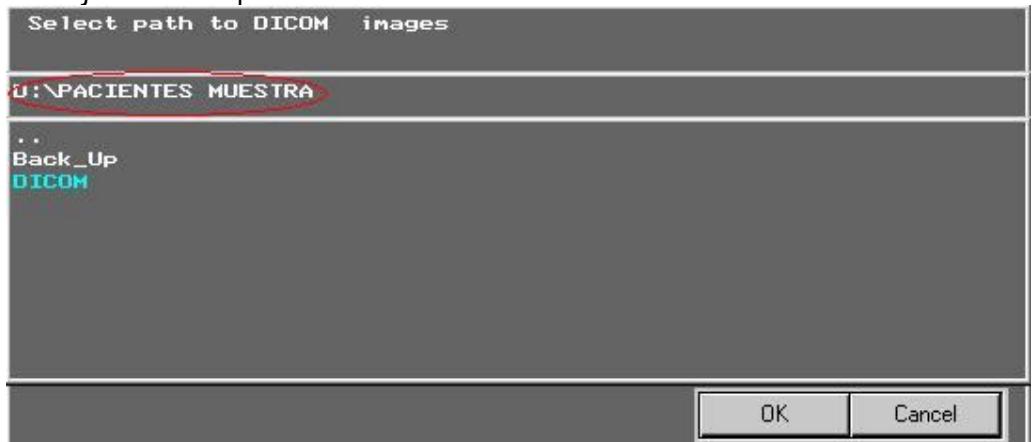
También se puede utilizar el acceso desde la barra de herramientas



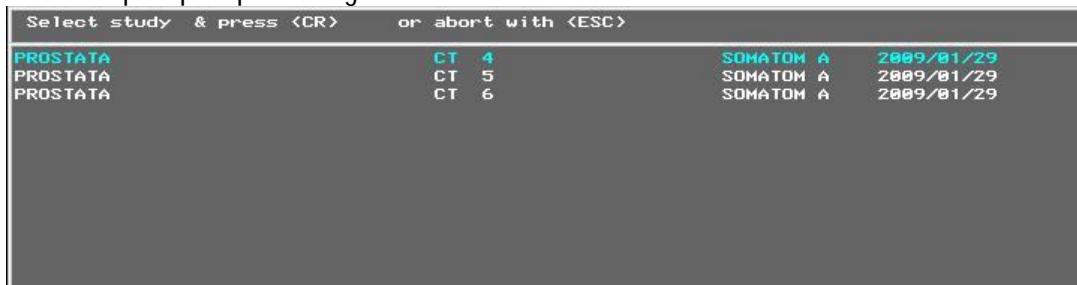
- 2) Se abrirá una ventana en donde se podrá seleccionar el directorio donde se encuentran las imágenes.



-
- 3) Para dirigirnos al directorio donde están las imágenes hay que utilizar los dos puntos horizontales. Haciendo clic en ellos se sube un directorio en dirección al directorio raíz (c:/ o donde esté instalado el BLUE FRAME). Este cambio se puede seguir en la ventana superior al icono dos puntos. Para ingresar a alguna carpeta, se hace clic sobre la carpeta debajo de los dos puntos.

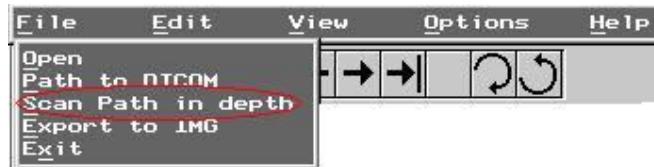


Cuando se llega a la carpeta se hace clic en OK. Entonces aparecerán las tiras de imágenes en la carpeta para poder elegir.

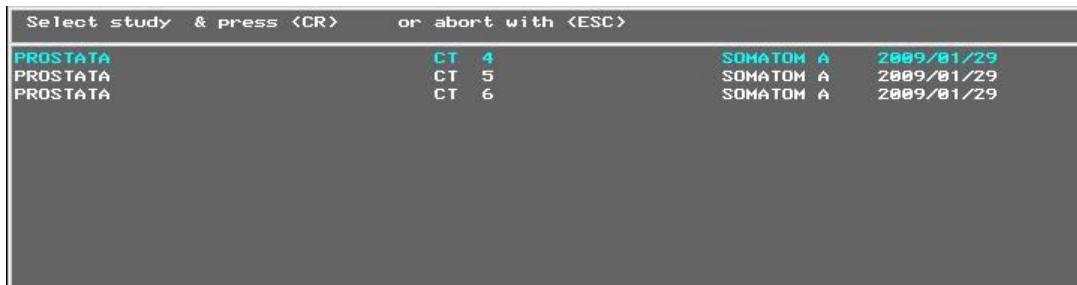


I.3. Scan Path in depth

- 1) Una vez que con el path se llego al directorio donde se encuentran las imágenes, se puede utilizar File → Scan Path in depth para ver las imágenes dentro de ese directorio.

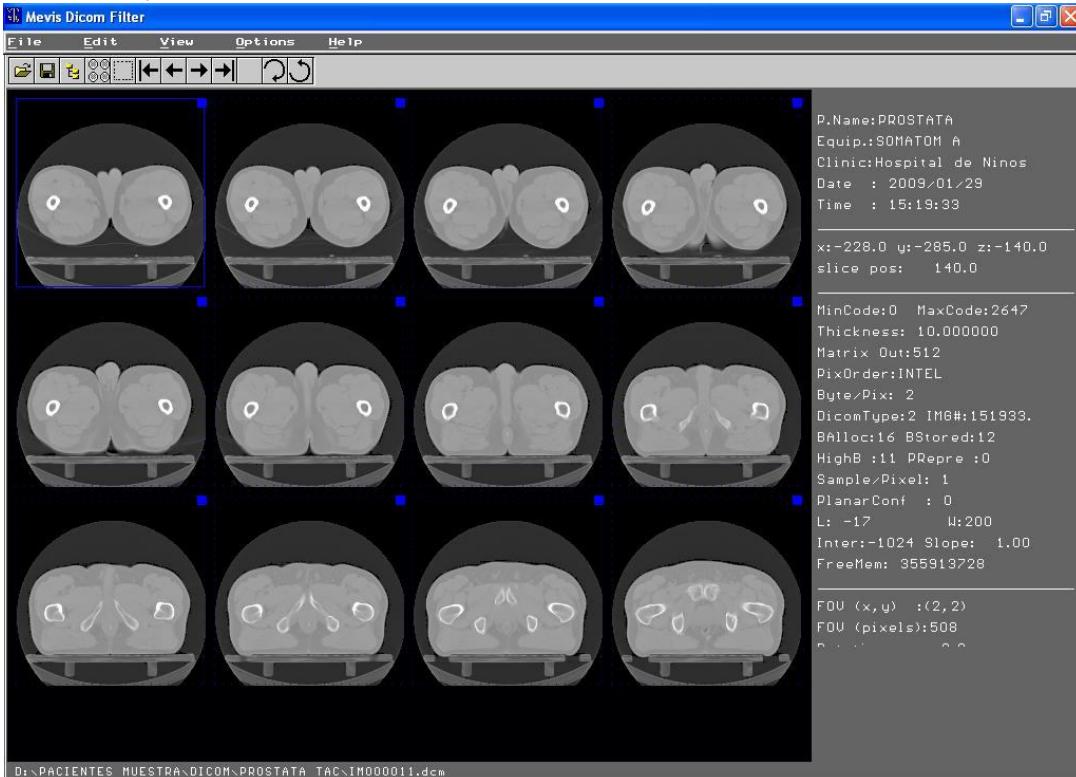


File → Scan Path in depth abrirá la ventana donde podemos seleccionar las imágenes de nuestro paciente.

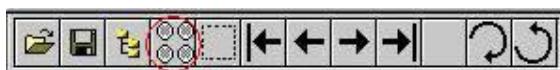


I.4. Procesado de Imágenes

- Una vez tengamos las imágenes dentro del Dicom Filter siguiendo los pasos descriptos en I.1 o I.2, se continua en la Ventana Dicom



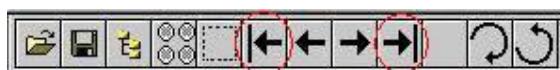
- El cuarto botón de la barra de herramientas superior permite visualizar más de una imagen en la pantalla a la vez. Pulsarlo tres veces para ver 12 imágenes en la ventana.



- La imagen visualizada esta marcada con un recuadro azul a su alrededor. Para avanzar en las imágenes utilice las flechas derecha e izquierda de avance en el teclado o las flechas en el menú superior.



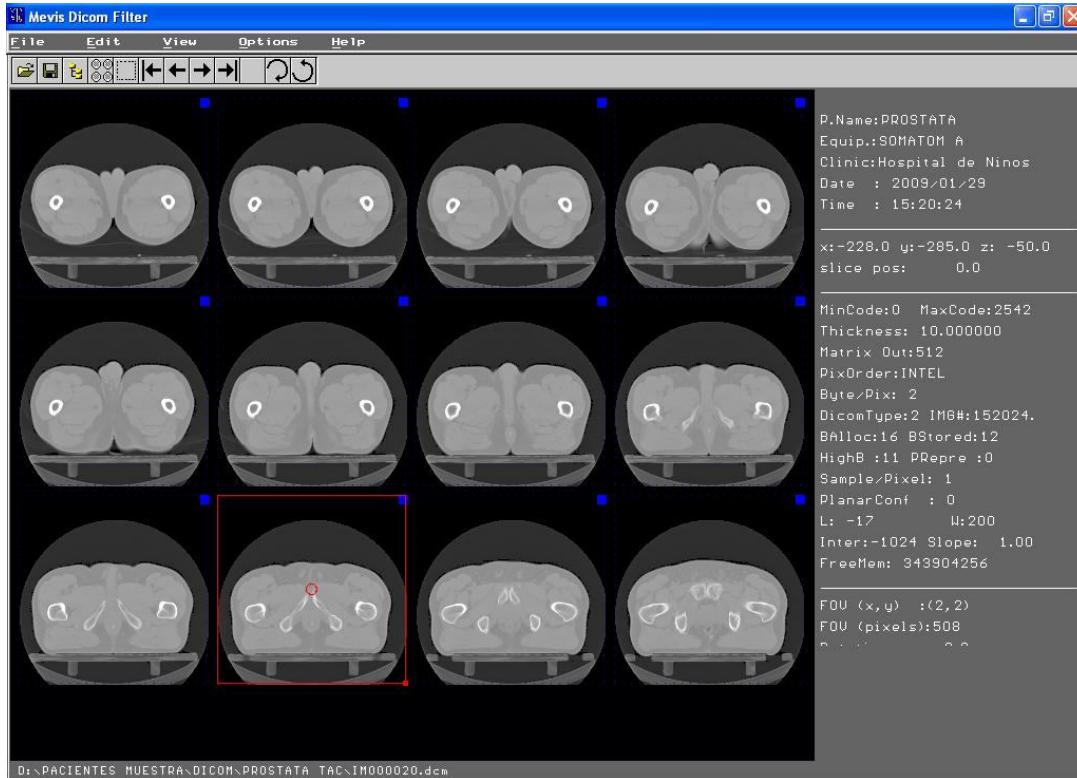
Las flechas de los extremos permiten seleccionar la primera o la ultima imagen del paciente.



- Seleccionar la imagen donde el paciente es mas ancho. Luego se iniciara la determinación del tamaño de todas las imágenes a través del cuadro rojo. Para esto seleccione el cuadro punteado en la barra de herramientas.

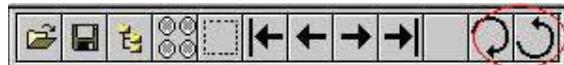


El cuadro rojo debe abarcar el paciente con un mínimo de margen. (Para tener más precisión en la elección del área de la imagen se puede regresar a la visualización de 1 imagen a través del cuarto botón de la barra de herramientas)

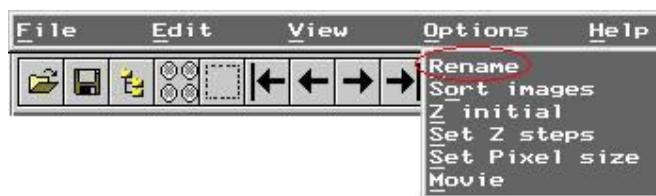


Una vez seleccionado, hacer doble clic en el centro del cuadro rojo y verificar, pasando las imágenes que todas las imágenes queden dentro del recuadro azul.

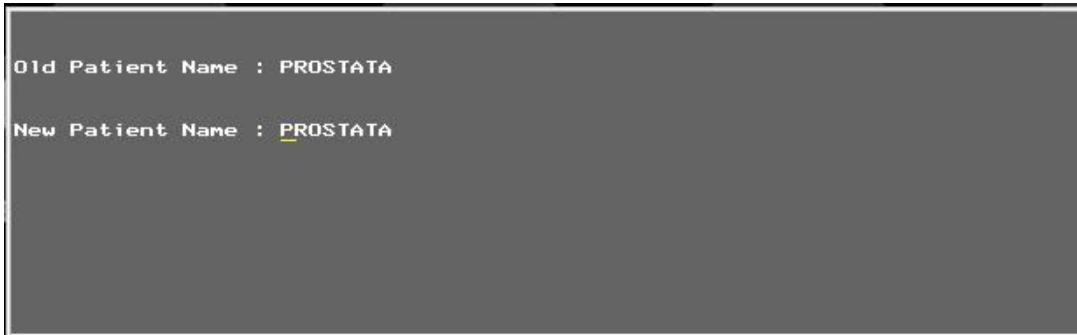
- 5) Si la imagen esta rotada, se puede utilizar la herramienta de nivelación de imagen en la barra de herramientas.



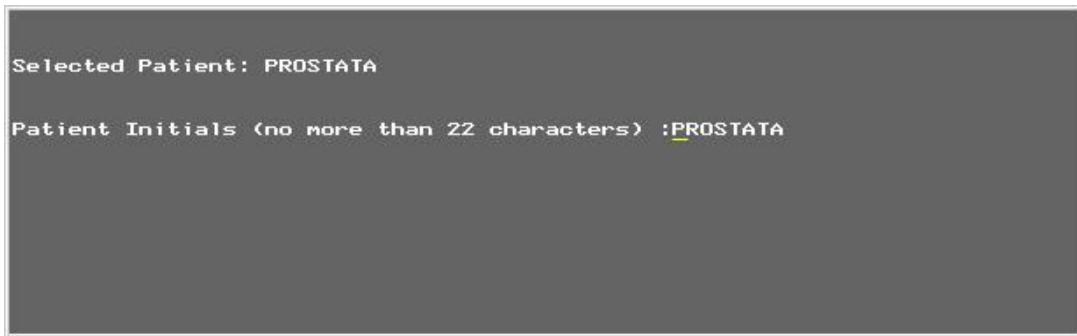
- 6) Si desea cambiar el nombre del paciente, utilice el menú Options → Rename.



Aparecerá un recuadro para el cambio del nombre del paciente. Ingresar el nombre en New Patient Name:

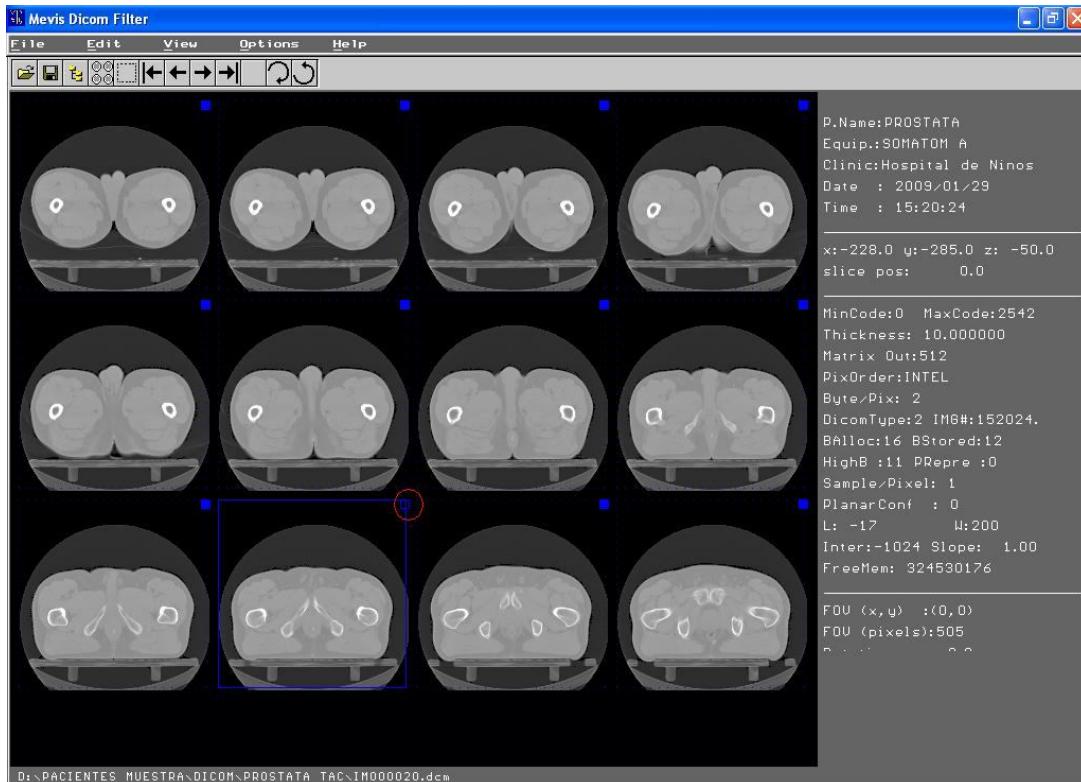


Luego de pulsar ENTER, aparecerá el recuadro de confirmación



Presionar ENTER.

- 7) Cada imagen en esta pantalla tiene un cuadrado azul en el borde superior izquierdo. Si no se desea que una imagen en particular sea ingresada como parte del paciente, seleccionar esa imagen (rodeada por el recuadro azul) y deselegir la presionando la barra espaciadora. El cuadrado superior azul pasara a ser un cuadrado vacío.



- 8) Una vez finalizada la elección de las imágenes del paciente, hacer clic en guardar en la barra de herramientas



- 9) Un cuadro de advertencia aparecerá en la pantalla. Hacer clic en si (o yes) para entrar en el modulo de planificación del BLUE FRAME.

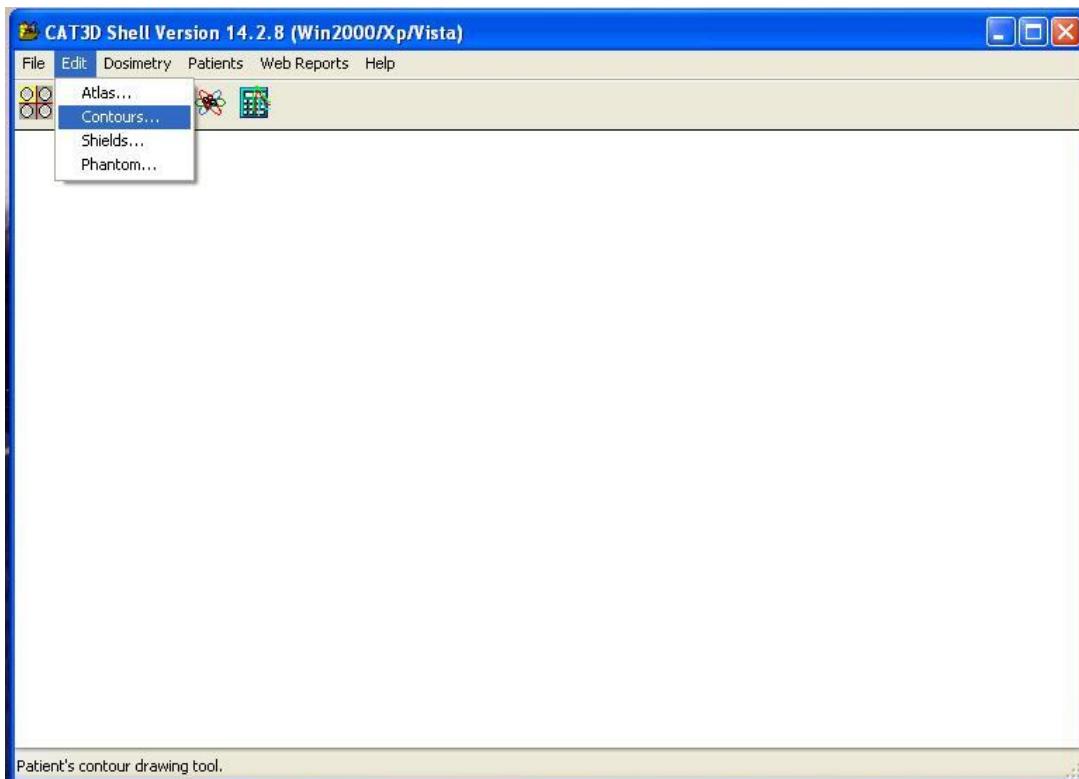


I.5. Ingresar imagen 2D (contorno)

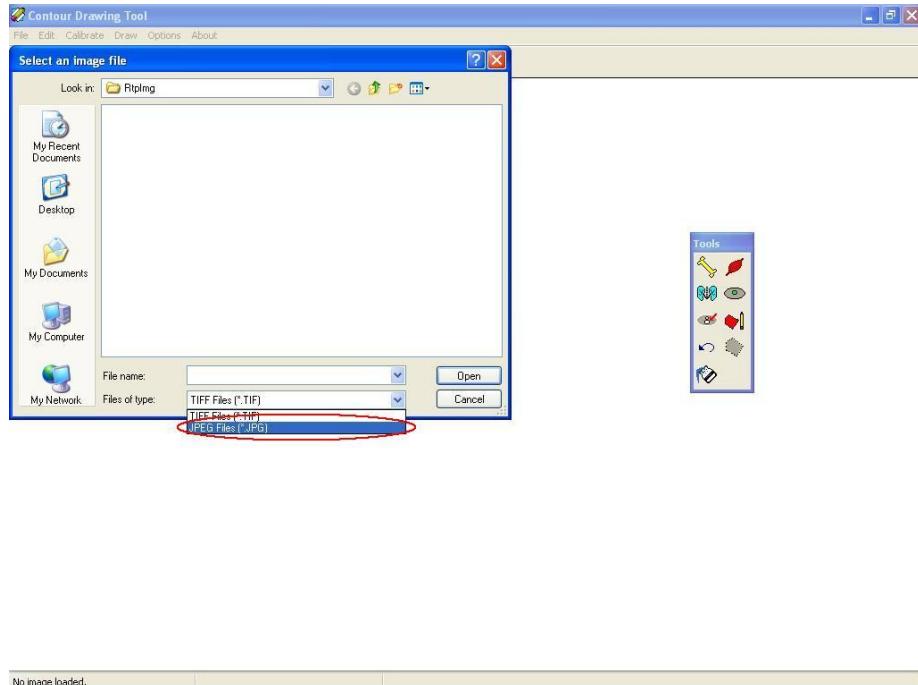
- 1) Primero escanear o fotografiar la imagen 2D sobre la que se quiere planificar e ingresarla en una carpeta de la computadora de BLUE FRAME. Si es posible ponerla en la carpeta BLUE/RtpImg.
- 2) Para ingresar una imagen 2D se debe seguir un camino diferente al de una 3D (TAC). Para esto, primero hay que iniciar el BlueShell.



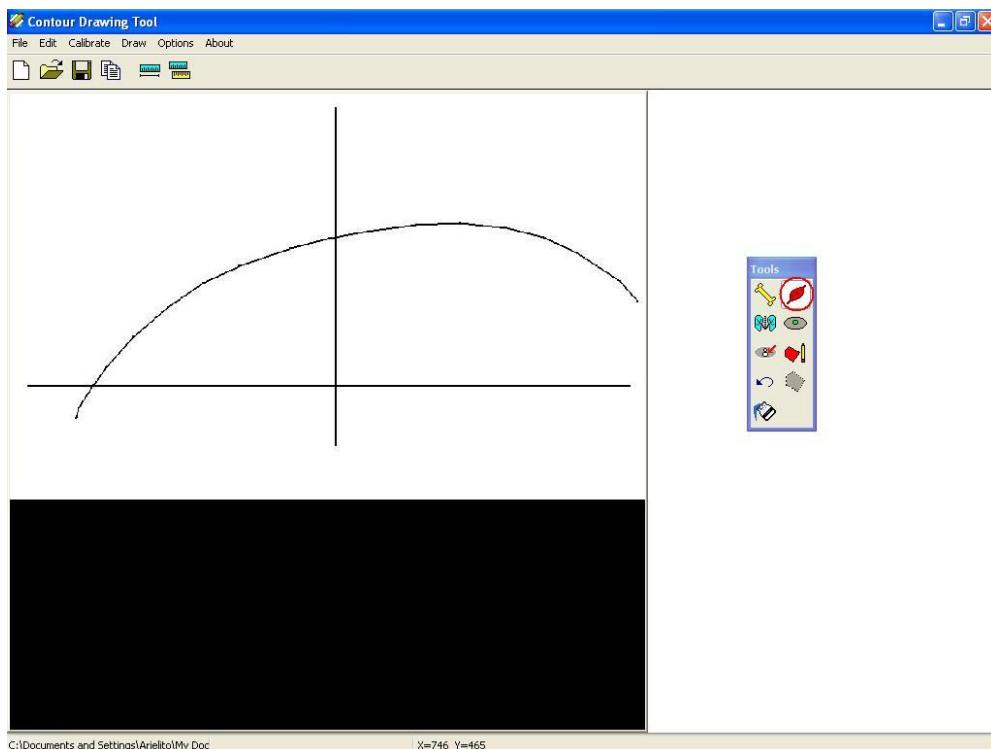
- 3) Una vez en la ventana BlueShell, ir a edit → contours.



- 4) Allí se abrirá la ventana de delimitación. Primero ir a File → New. Luego cambiar a imagen JPEG (o el formato de imagen que se ingreso) y buscar la imagen para abrirla dentro de la carpeta que fue guardada.



- 5) Con la imagen ya cargada, hacer clic en el ícono músculo sobre la barra lateral para delimitar el tejido.



NOTA: LA flecha azul se utiliza para deshacer el último trazo y el lápiz para unir el primer y el último punto del dibujo. Es importante saber que para que el dibujo este completo debe ser una curva CERRADA.

- 6) Una vez delimitado el músculo o tejido adiposo, se puede utilizar las diferentes herramientas de delimitación:

Óseo



Pulmón



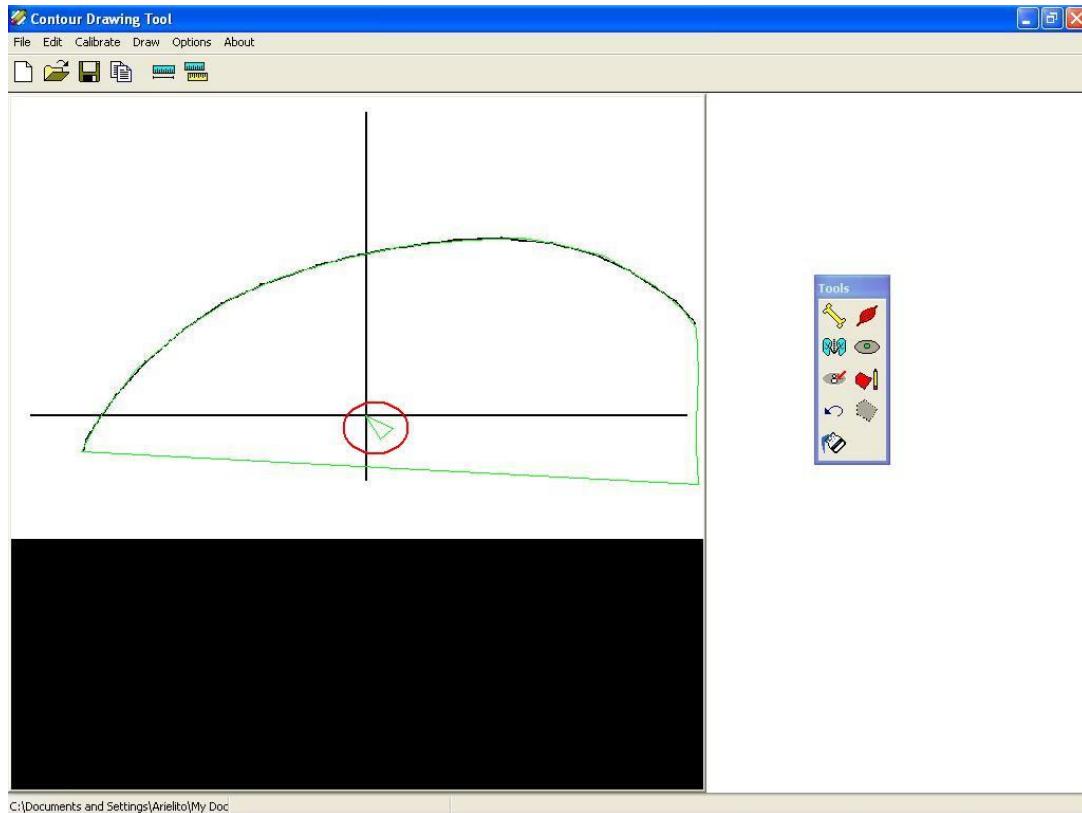
Aire



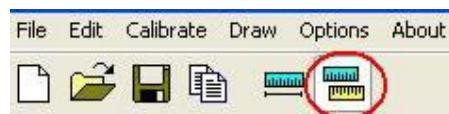
- 7) Con todas las estructuras delimitadas, solo queda marcar los puntos de interés. Para esto se utiliza la herramienta en forma de disco, con la cual se marcaran flechas indicadoras de estos puntos (por ejemplo el isocentro de tratamiento).



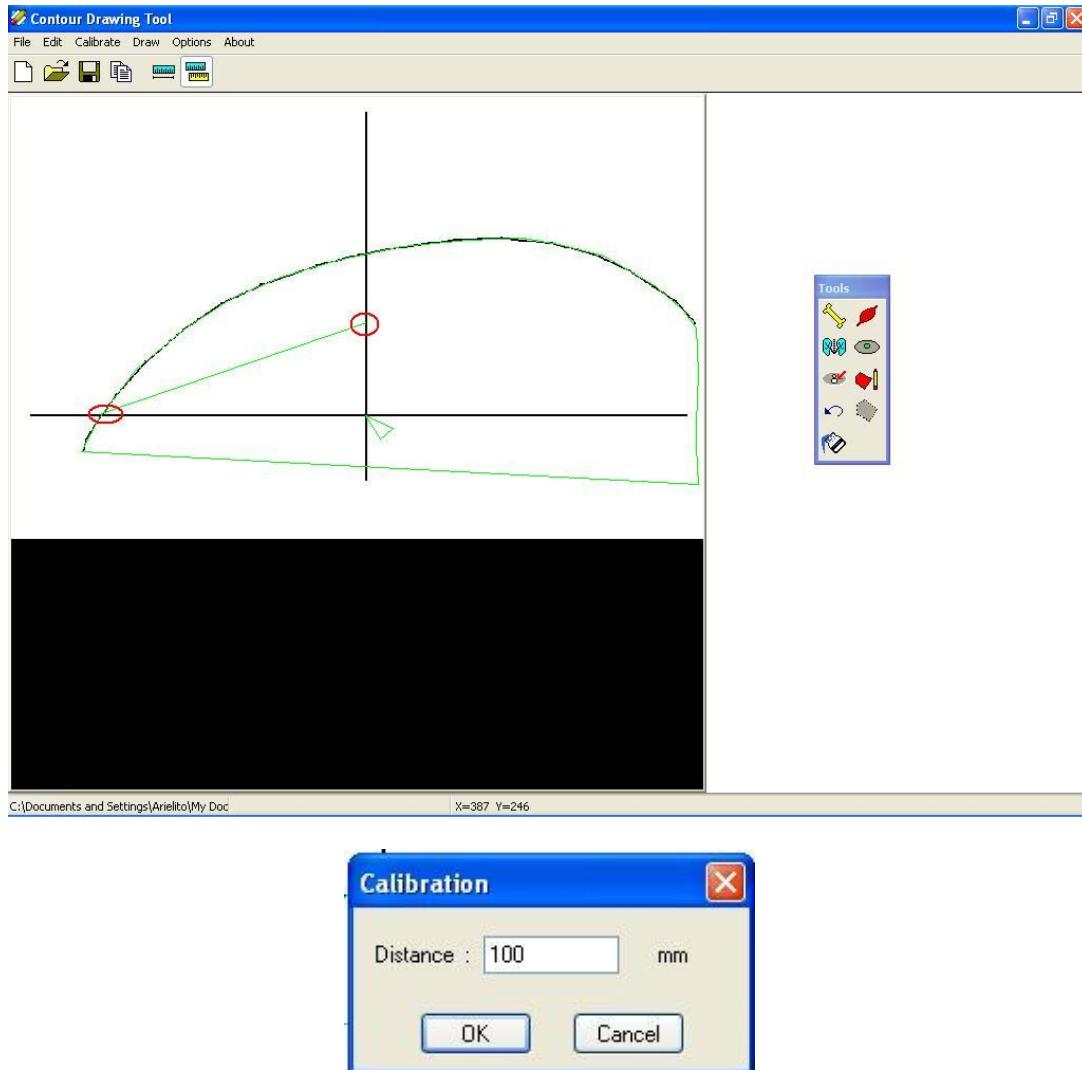
-
- 8) Una vez marcadas las regiones de interés,



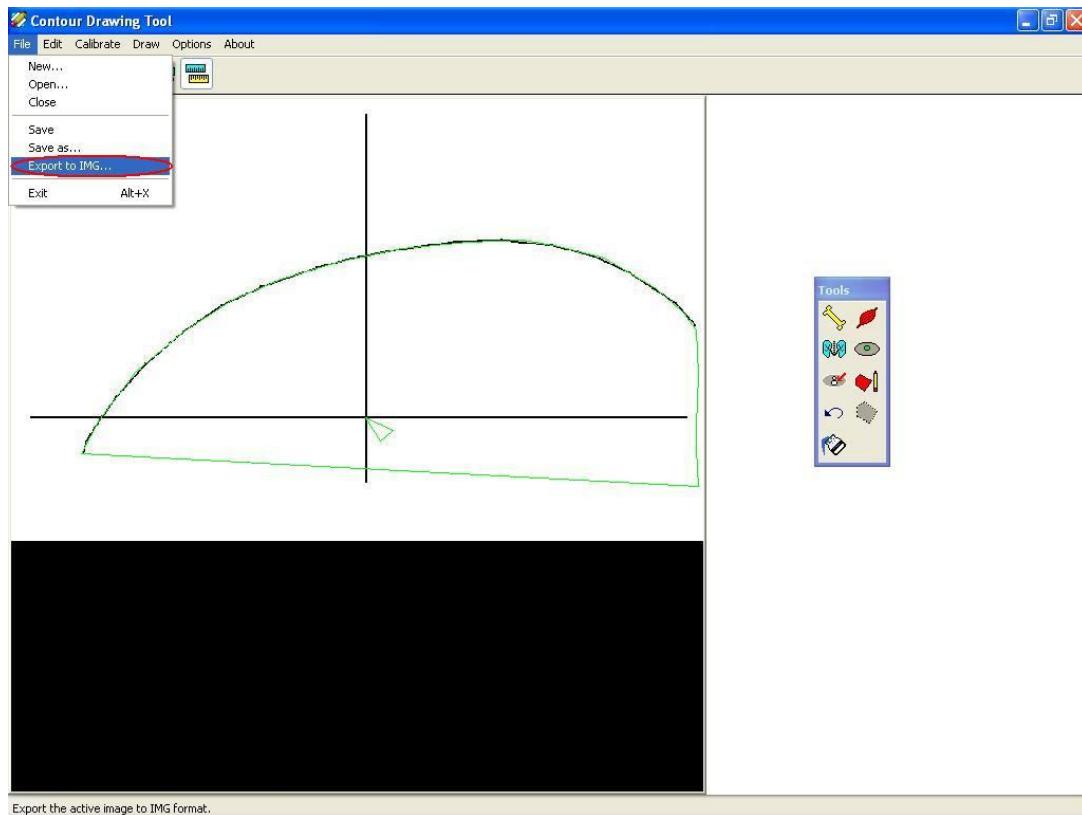
Se procede a establecer la escala del dibujo. Para esto hacer clic en las reglas que esta en al barra de herramientas superior.



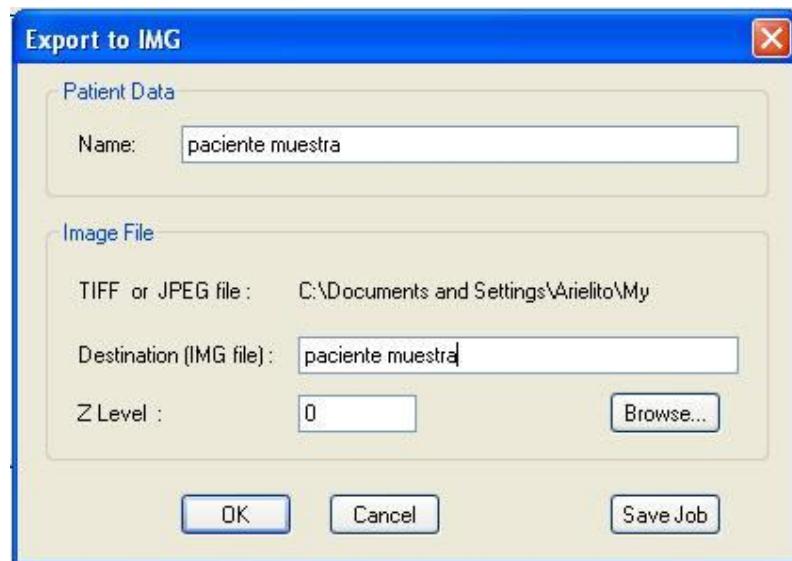
- 9) Luego, con el botón izquierdo presionado delimitar la distancia conocida en el contorno o dibujo. En la ventana emergente ingresar es distancia en milímetros.



- 10) Finalmente ir a File → Export to IMG para exportar el contorno.

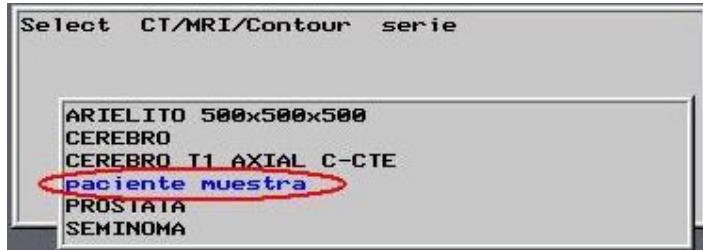


- 11) En el cuadro emergente ingresar el nombre del paciente en la primera ventana superior. Se debe ingresar también el nombre del path del mismo en la ventana inferior a la del nombre del paciente. Se recomienda que sean iguales.

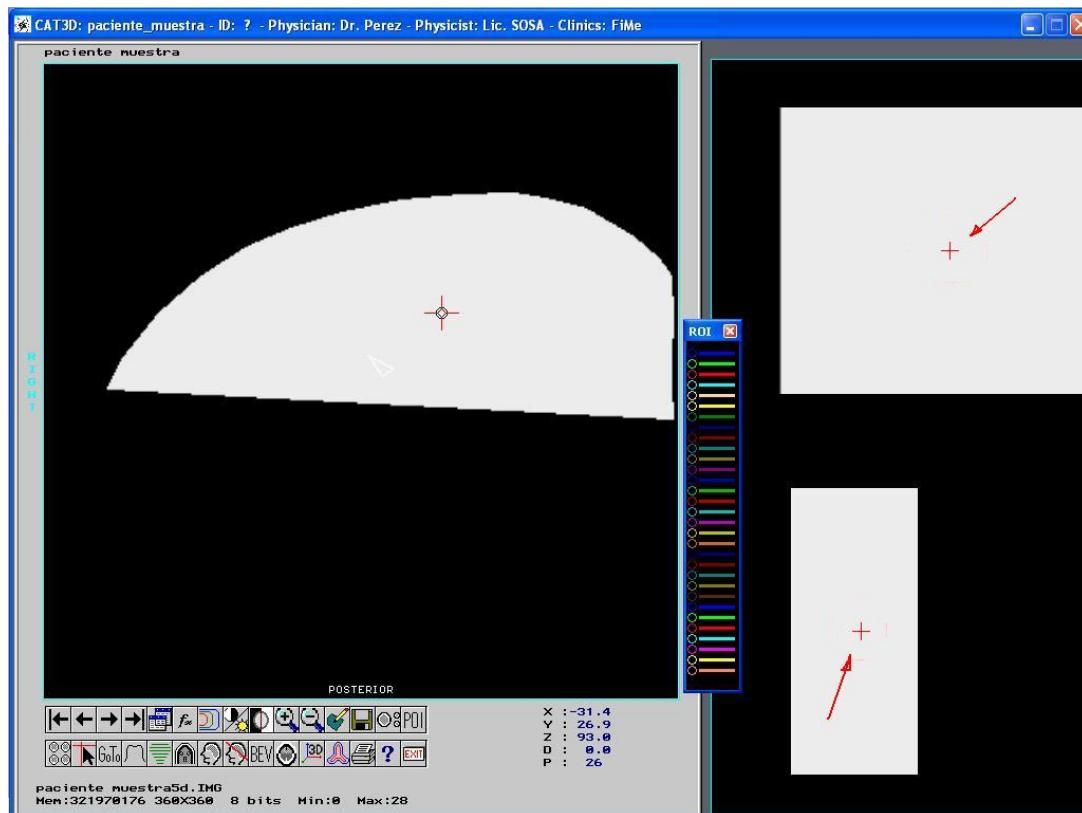


Luego OK.

- 12) Luego salir del contour. No es necesario guardar el contorno.
- 13) Iniciar BLUE FRAME e ir a File → New y elegir el paciente en la lista desplegable.



- 14) En la ventana de aligment elegir NO y guardar los datos del paciente.
IMPORTANTE: La reconstrucción del BLUE FRAME del contorno ingresado en un fantoma de planificación hace que se tenga mucho cuidado a la hora de elegir el corte de planificación. Para esto, en el mosaico, hacer clic en el *Corte del centro* y asegurarse de que el cursor en las vistas laterales indica el centro del fantoma y no un borde.



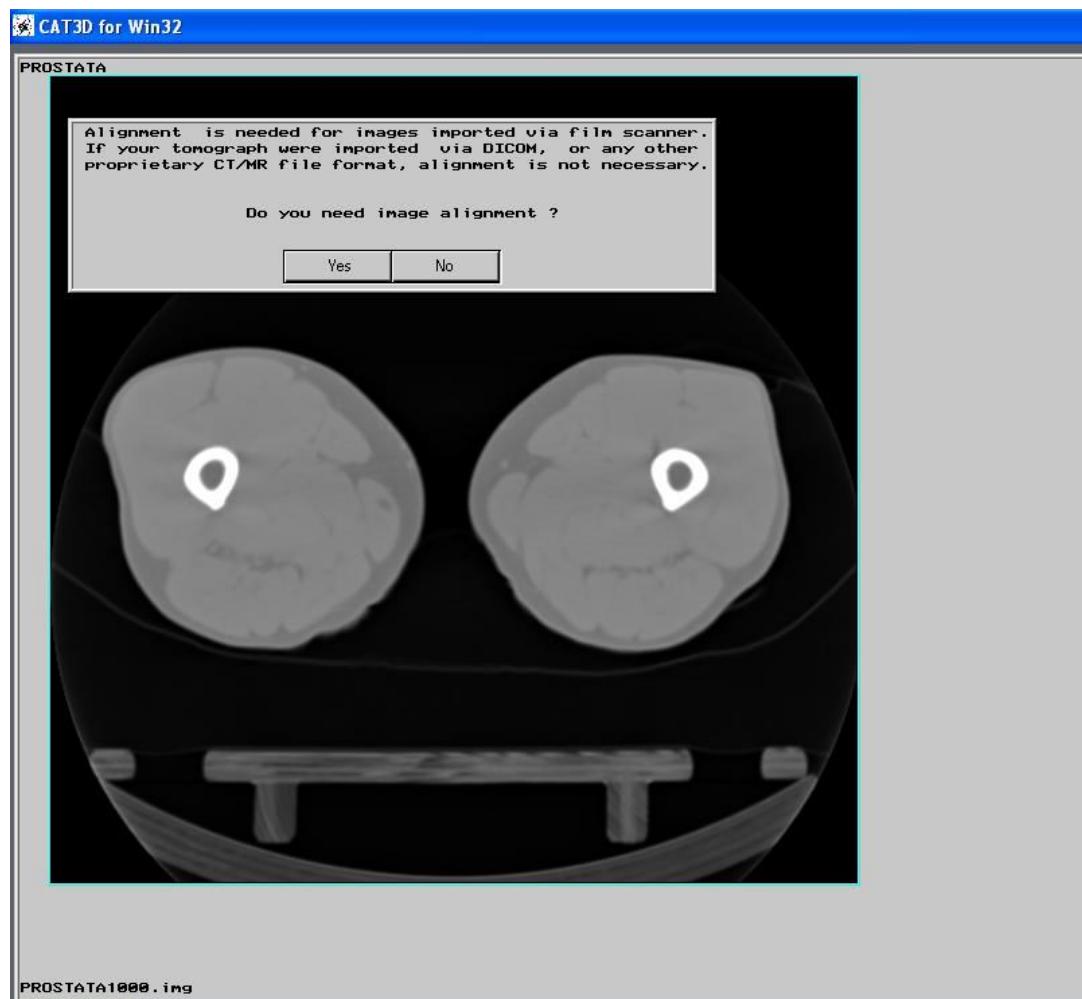
Finalmente planificar con los pasos antes descriptos.

II. Alinear Imágenes

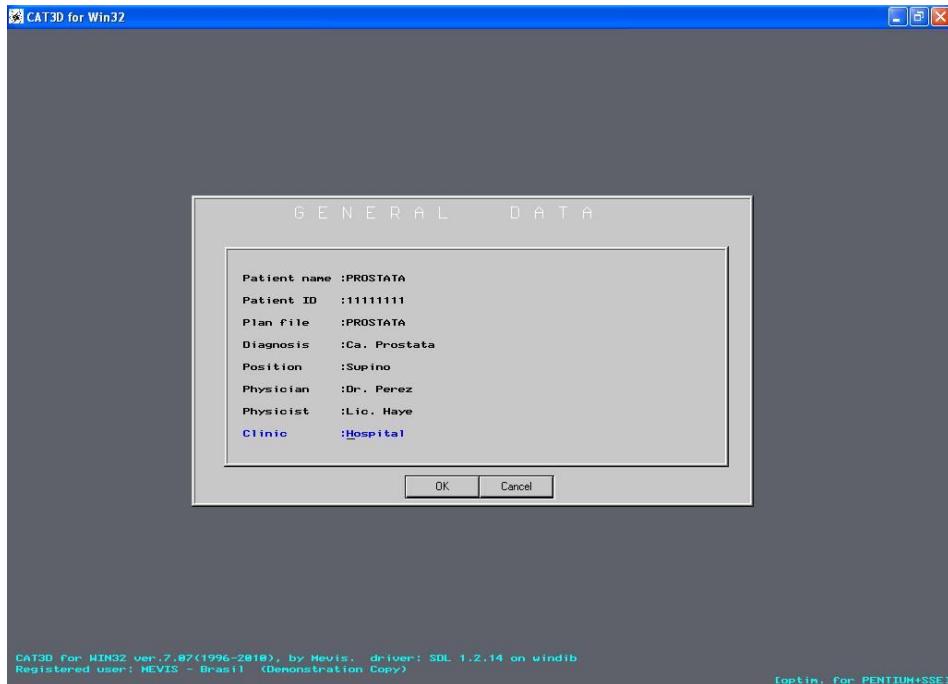
- 1) Luego del pulsado de yes en la ventana



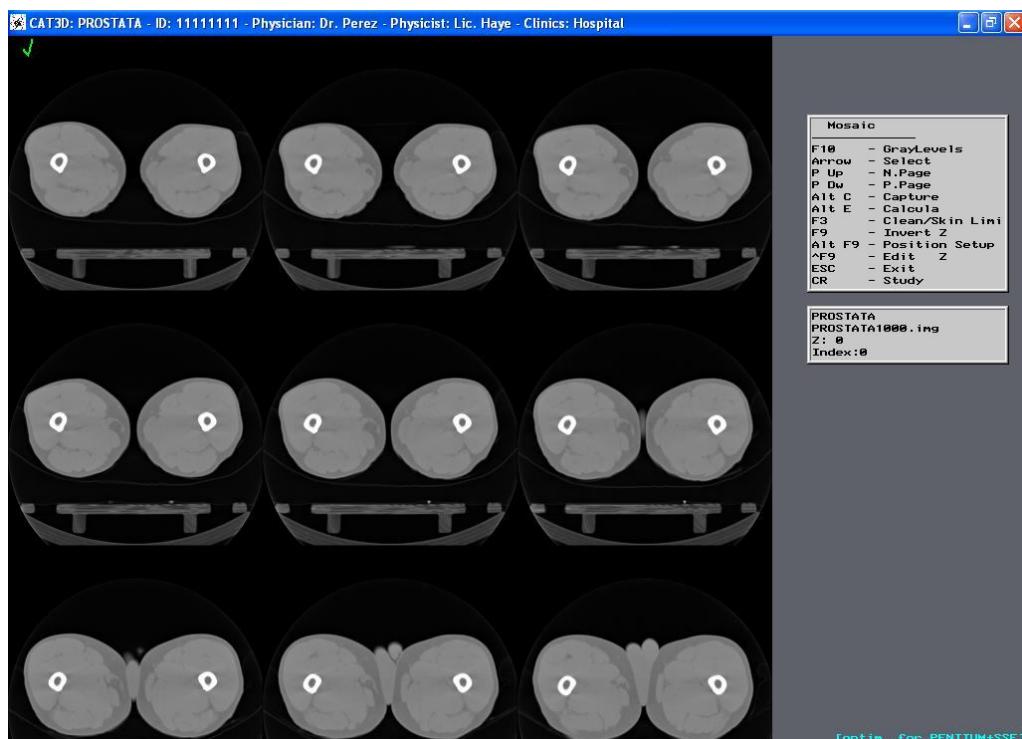
El BLUE FRAME iniciara la ventana principal y mostrara la ventana de alineación de imágenes. Acá hay que presionar NO en todos los casos excepto en el que las imágenes si hayan ingresado por un scanner.



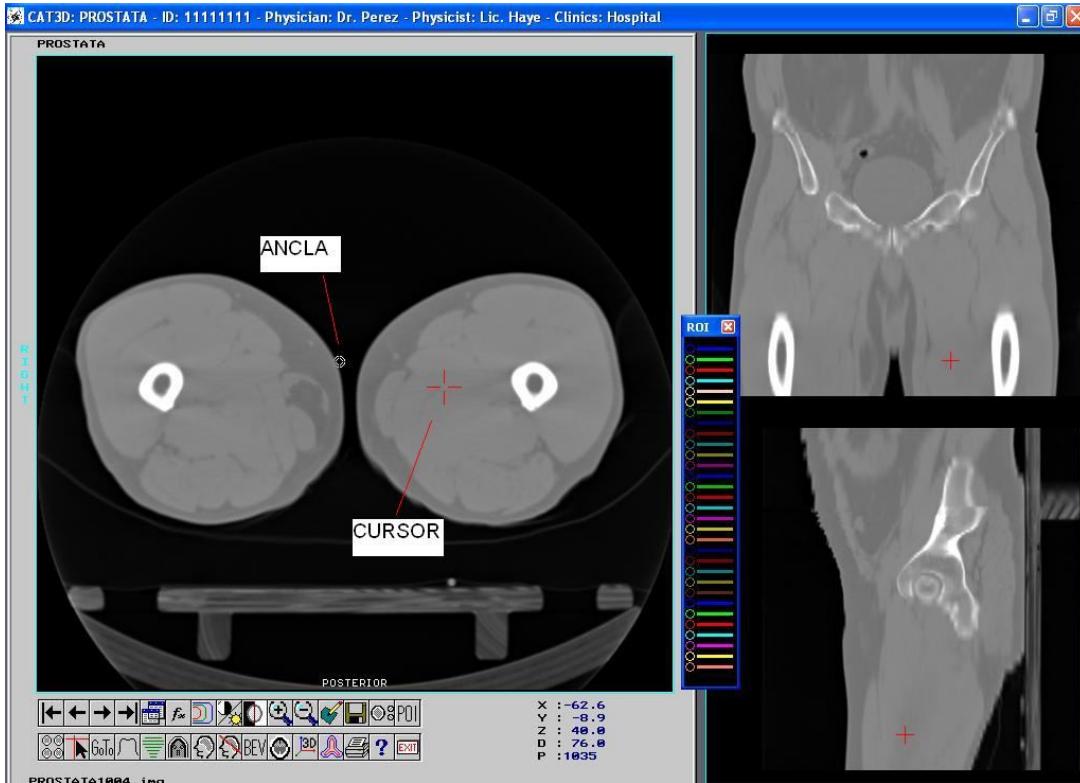
- 2) BLUE FRAME ingresara todas las imágenes (se puede ver en la pantalla como lo hace) y luego aparecerá la ventana de la información de la planificación. Una vez completada la información, presionar OK. Nota: Los datos institucionales (tres últimas filas) pueden estar cargados por default si se ingresa esa información al sistema siguiendo el procedimiento 500 Carga de datos institucionales al sistema.



- 3) Aparecerá la ventana mosaico.



- 4) Hacer clic sobre cualquier imagen en el mosaico para pasar a la ventana de planificación.



- 5) Utilizando los botones Page up y Page down o las flechas en la barra de herramientas principal, se puede avanzar en la dirección céfalo-caudal en las imágenes del paciente.

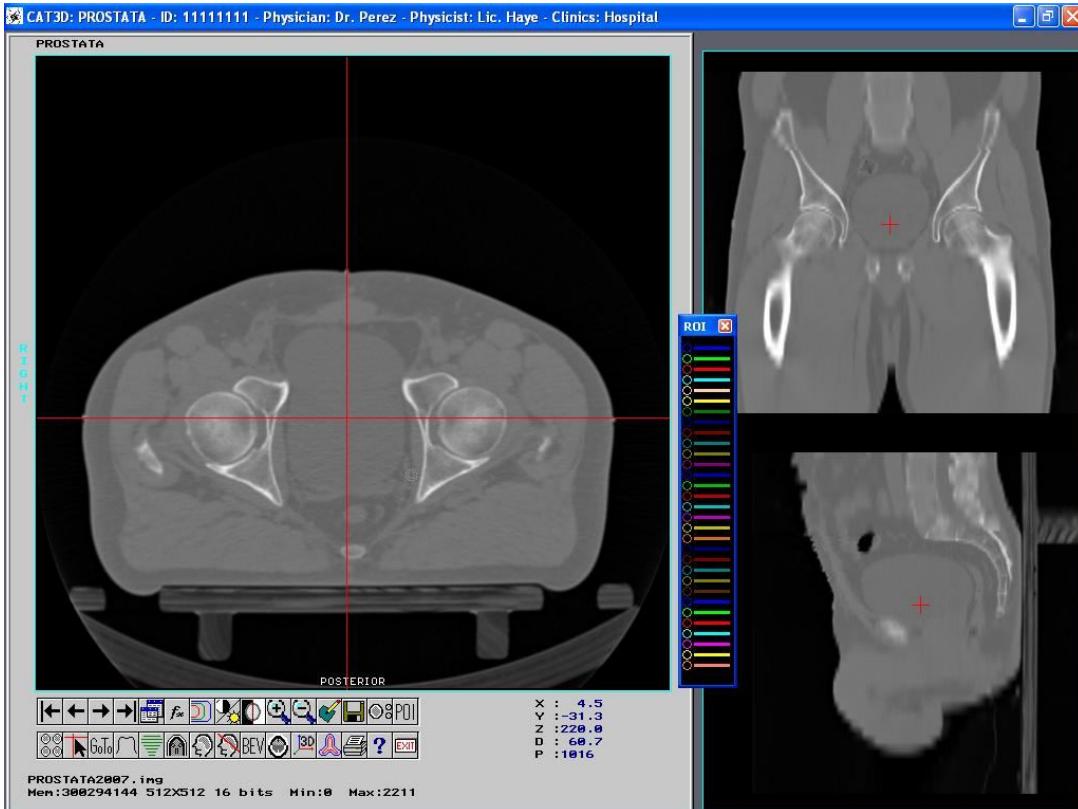


Los botones de las flechas del extremo son para ir a la última (izquierda) o a la primera (derecha) imagen del paciente.

- 6) Ubicar el Isocentro de Referencia (Fiduciales).
 7) Utilizando la herramienta Cursor, elegir la forma de cruz llena del cursor (hacer clic sobre la herramienta cursor hasta que cambie)



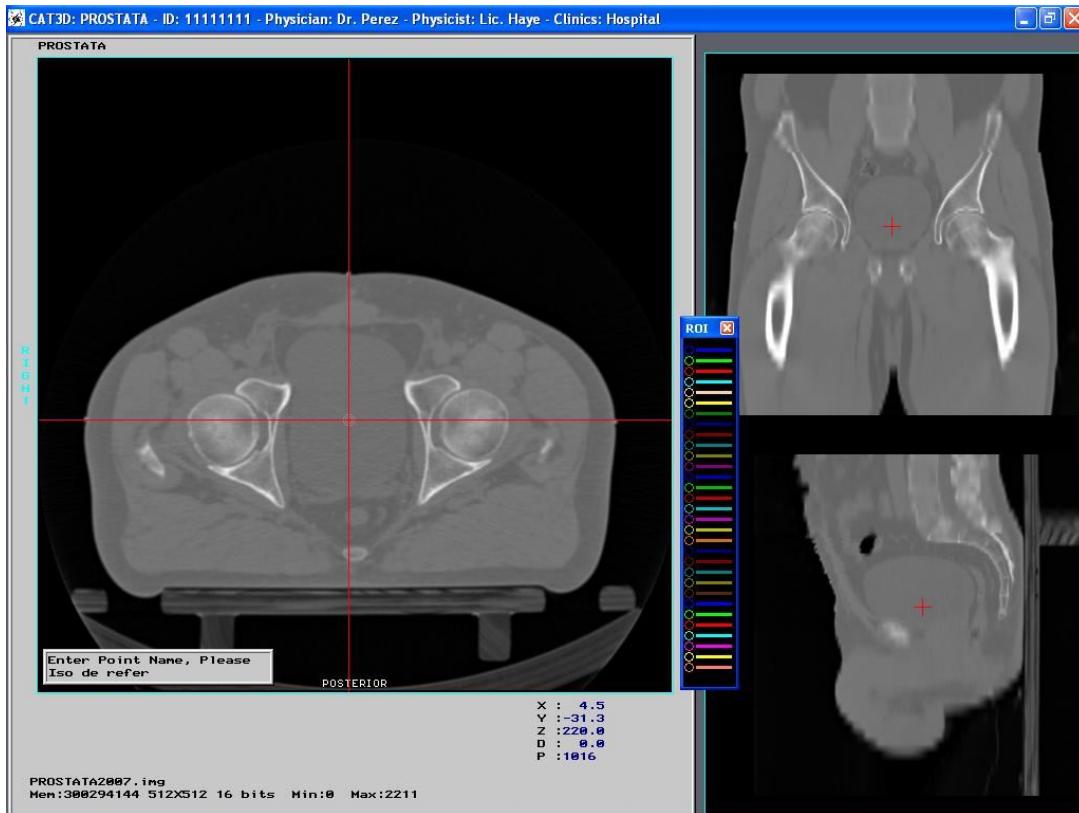
- 8) Alinear la cruz llena con los marcadores anterior y laterales del Isocentro de Referencia. Presionando TAB en el teclado se puede cambiar el paso del movimiento del cursor. El cursor se mueve con las flechas del teclado en la imagen axial.



- 9) Una vez determinado el Punto, pulsar ENTER o hacer doble clic sobre el centro de la cruz para centrar el ancla sobre donde se definirá el Isocentro de Referencia.
Luego hacer clic sobre POI para definir un punto que se llamará Isocentro de Referencia.



Se abrirá una ventana en donde se debe escribir el nombre del punto. No acepta más de 12 caracteres. Luego de ingresado el nombre, presionar ENTER.



Estas directivas se pueden seguir para definir cualquier punto de interés en el paciente.

- 10) Una vez definido el Isocentro de Referencia, se debe guardar nuevamente el plan desde el botón save.

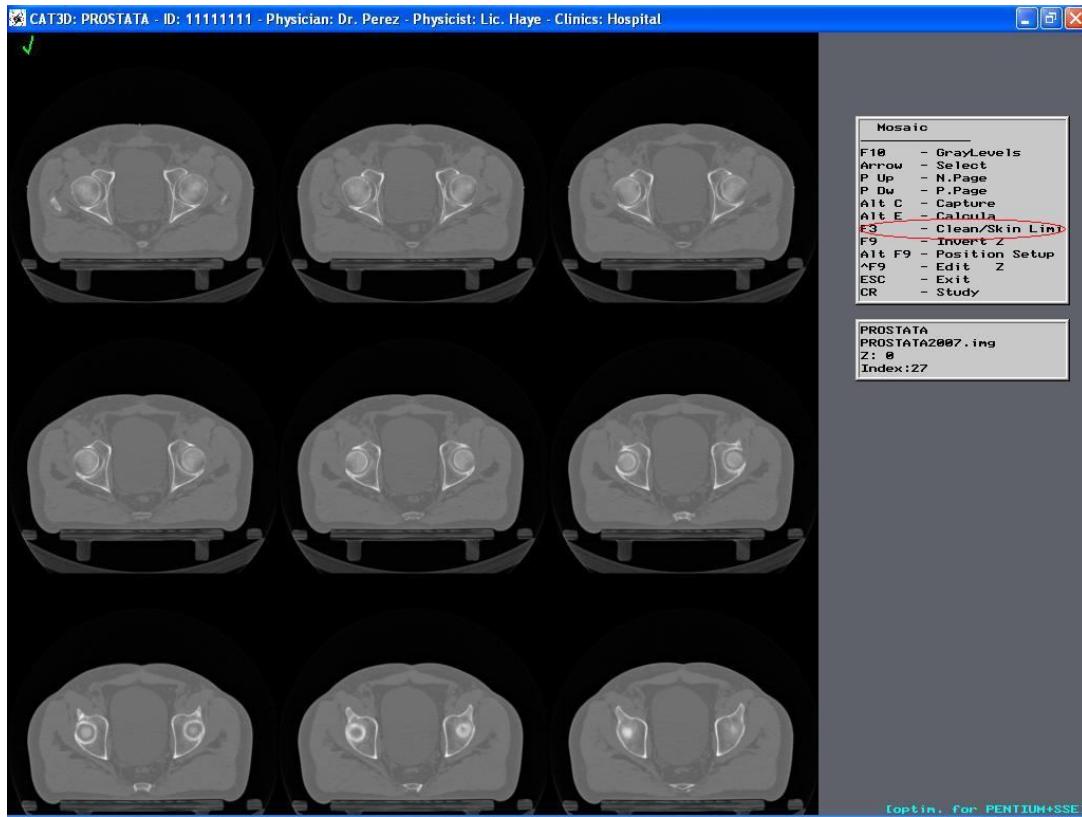


NOTA: BLUE FRAME no hace autosave, por lo que a medida que se avanza en el plan, se debe ir
guardando los cambios.

- 11) Debemos regresar al mosaico para poder definir el contorno exterior del paciente. Para esto se debe hacer clic sobre el botón mosaico en la barra de herramientas principal.



- 12) Ya en el menú mosaico, presionar la tecla F3 como lo indica el menú lateral del mosaico para abrir la ventana de delimitación del contorno externo del paciente.

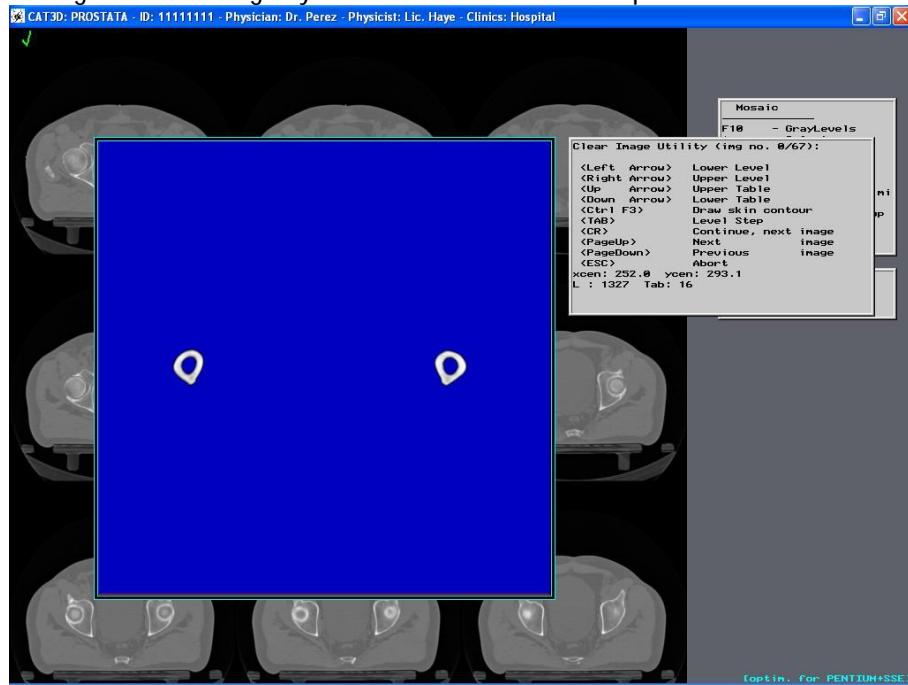


Ya dentro del menú, se continúa con el SkinLimit/Clean.

NOTA: este alineado de imágenes corresponde a un paciente con el posicionamiento que se utilizó en el tomógrafo. Si por alguna razón técnica se necesita que el paciente cambie de posición para la planificación y posterior tratamiento, BLUE FRAME permite modificar el posicionamiento del paciente. Para esto dirigirse al APENDICE A.

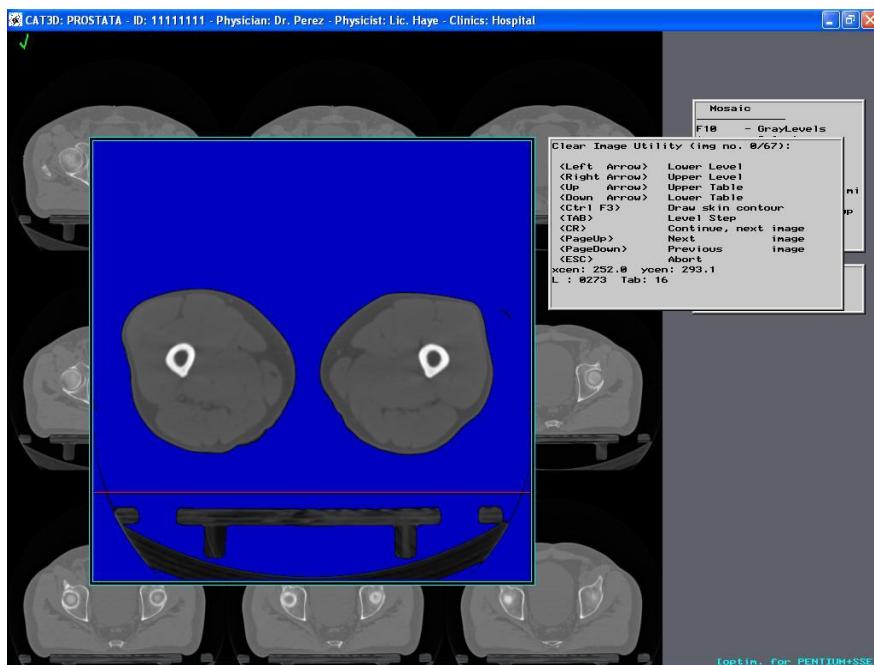
III. Contorno externo (skin limit)

- Una vez en la ventana de contorno externo del paciente, con el cursor sobre la ventana principal, presionar el botón derecho del Mouse y mover el cursor lateralmente para modificar el nivel de grises en la imagen y encontrar la ventana mas optima.

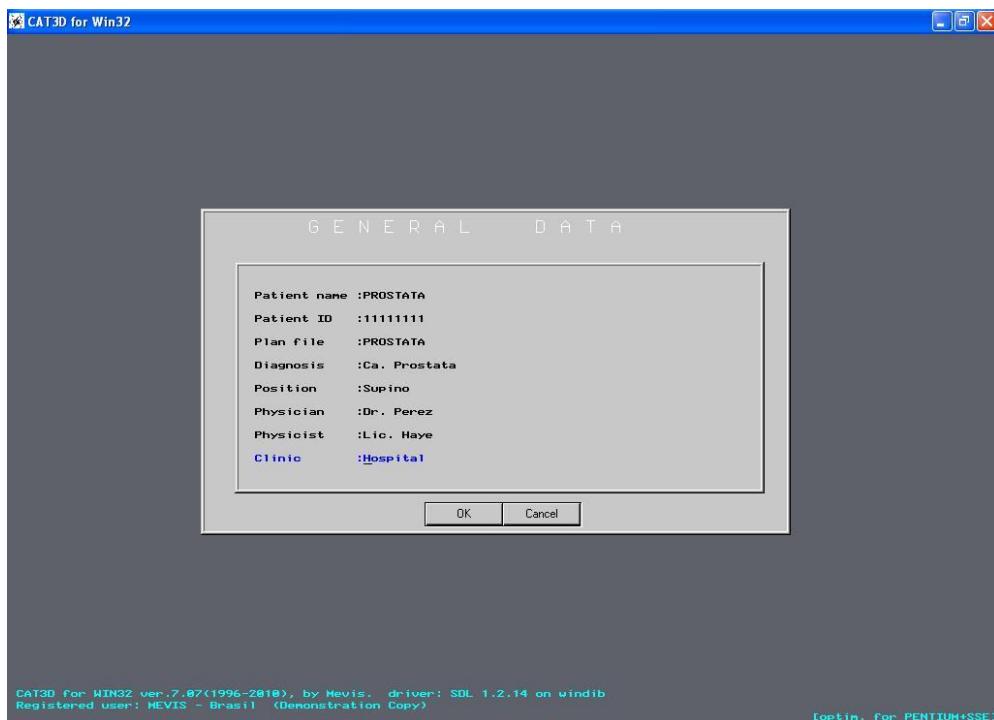


La ventana más óptima es donde se pueda apreciar el límite entre la piel del paciente y el aire.

- Con Las flechas del teclado **ARRIBA** y **ABAJO** se pone en funcionamiento la línea de delimitación de la camilla. Esta línea roja se utiliza para borrar todo lo que se encuentre debajo de ella, como ser la camilla.



- 3) Para elegir cual será el nivel de la línea roja se pueden utilizar los botones *AVANZAR PAG.* y *RETROCEDER PAG.* Para ir de corte en corte.
- 4) Una vez determinado el nivel de la camilla y la escala de grises de la ventana, regresar al primer corte y hacer *ENTER*



- 5) Luego el planificador carga los datos del paciente.
- 6) Aparecerá la ventana mosaico.



- 7) Hacer clic sobre cualquier imagen en el mosaico para pasar a la ventana de planificación.



- 8) Utilizando los botones Page up y Page down o las flechas en la barra de herramientas principal, se puede avanzar en la dirección céfalo-caudal en las imágenes del paciente.

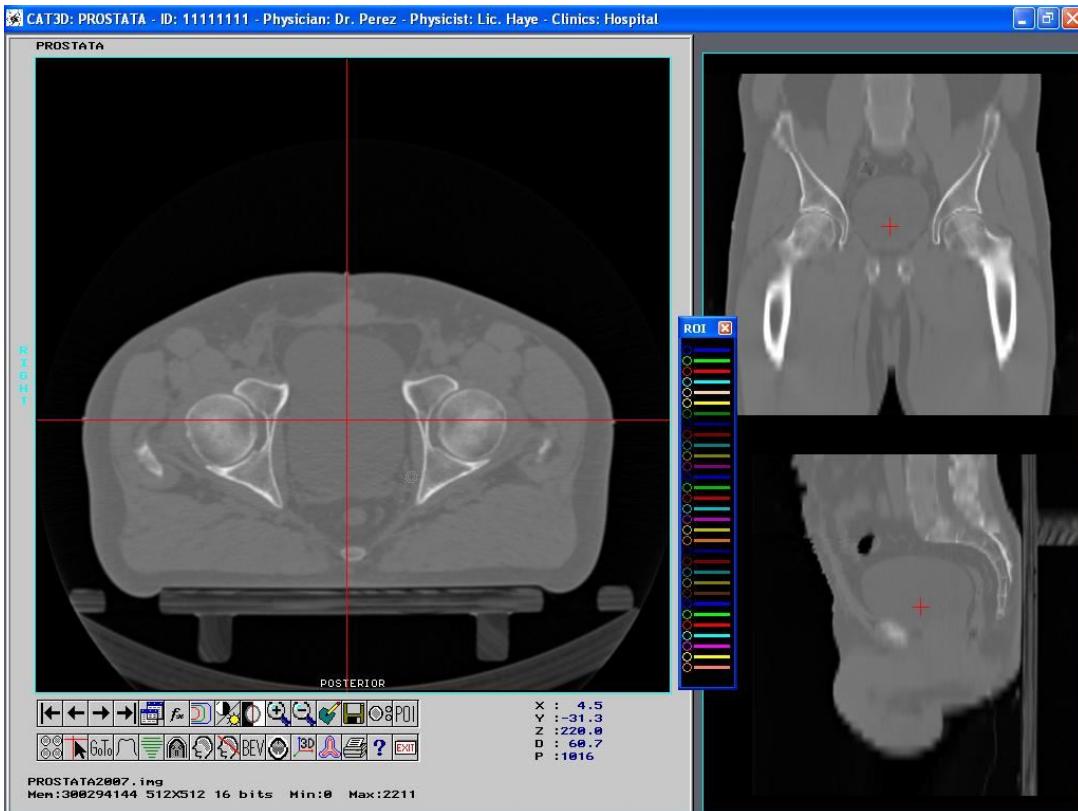


Los botones de las flechas del extremo son para ir a la última (izquierda) o a la primera (derecha) imagen del paciente.

- 9) Ubicar el Isocentro de Referencia (Fiduciales).
 10) Utilizando la herramienta Cursor, elegir la forma de cruz llena del cursor (hacer clic sobre la herramienta cursor hasta que cambie)



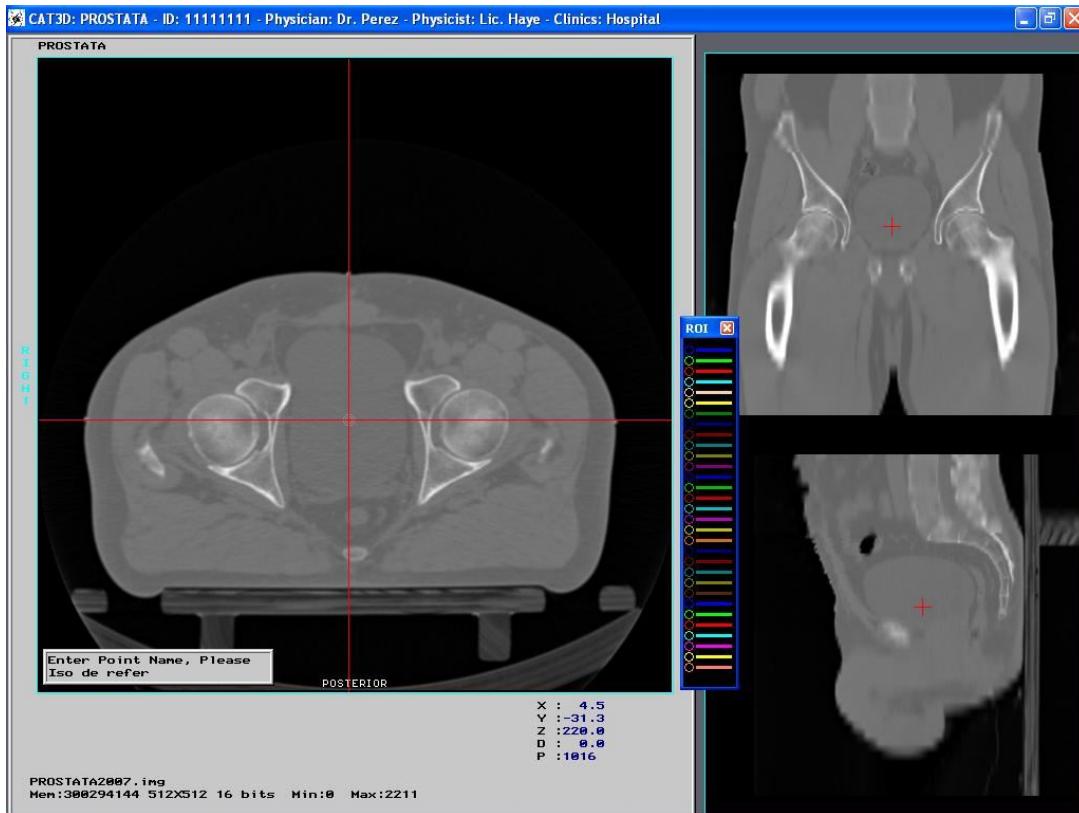
- 11) Alinear la cruz llena con los marcadores anterior y laterales del Isocentro de Referencia.
 Presionando TAB en el teclado se puede cambiar el paso del movimiento del cursor. El cursor se mueve con las flechas del teclado en la imagen axial.



- 12) Una vez determinado el Punto, pulsar ENTER o hacer doble clic sobre el centro de la cruz para centrar el ancla sobre donde se definirá el Isocentro de Referencia.
 Luego hacer clic sobre POI para definir un punto que se llamará Isocentro de Referencia.



Se abrirá una ventana en donde se debe escribir el nombre del punto. No acepta más de 12 caracteres. Luego de ingresado el nombre, presionar ENTER.

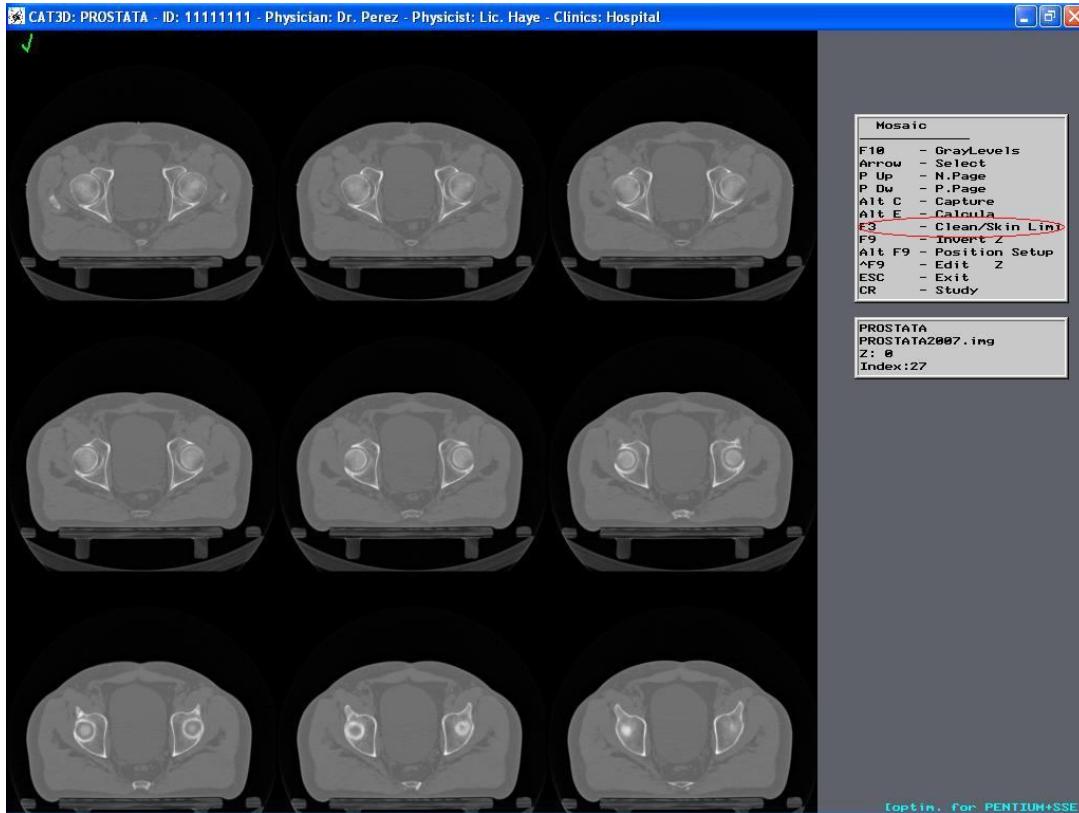


Estas directivas se pueden seguir para definir cualquier punto de interés en el paciente.

- 13) Una vez definido el Isocentro de Referencia, debemos regresar al mosaico para poder definir el contorno exterior del paciente. Para esto se debe hacer clic sobre el botón mosaico en la barra de herramientas principal.

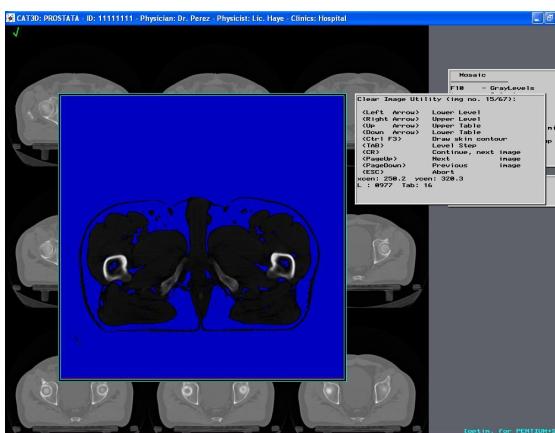


- 14) Ya en el menú mosaico, presionar la tecla F3 como lo indica el menú lateral del mosaico para abrir la ventana de delimitación del contorno externo del paciente.

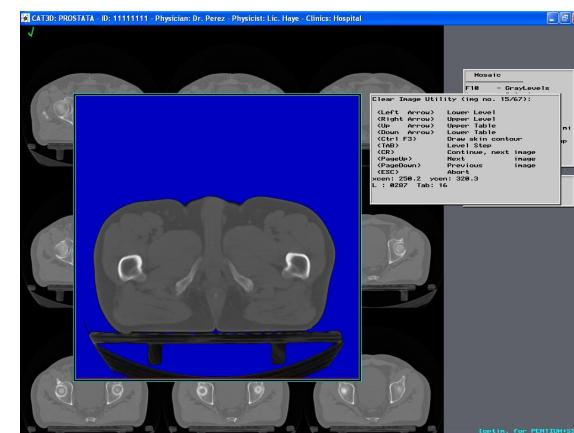


- 15) Ya en la ventana de SkinLimit/Clean, seleccionar una buena vista arrastrando el mouse manteniendo apretado el botón derecho.

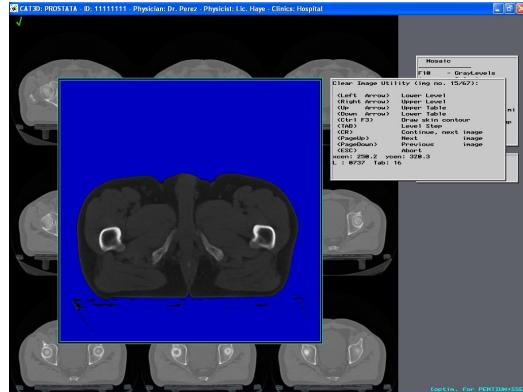
Mala Ventana



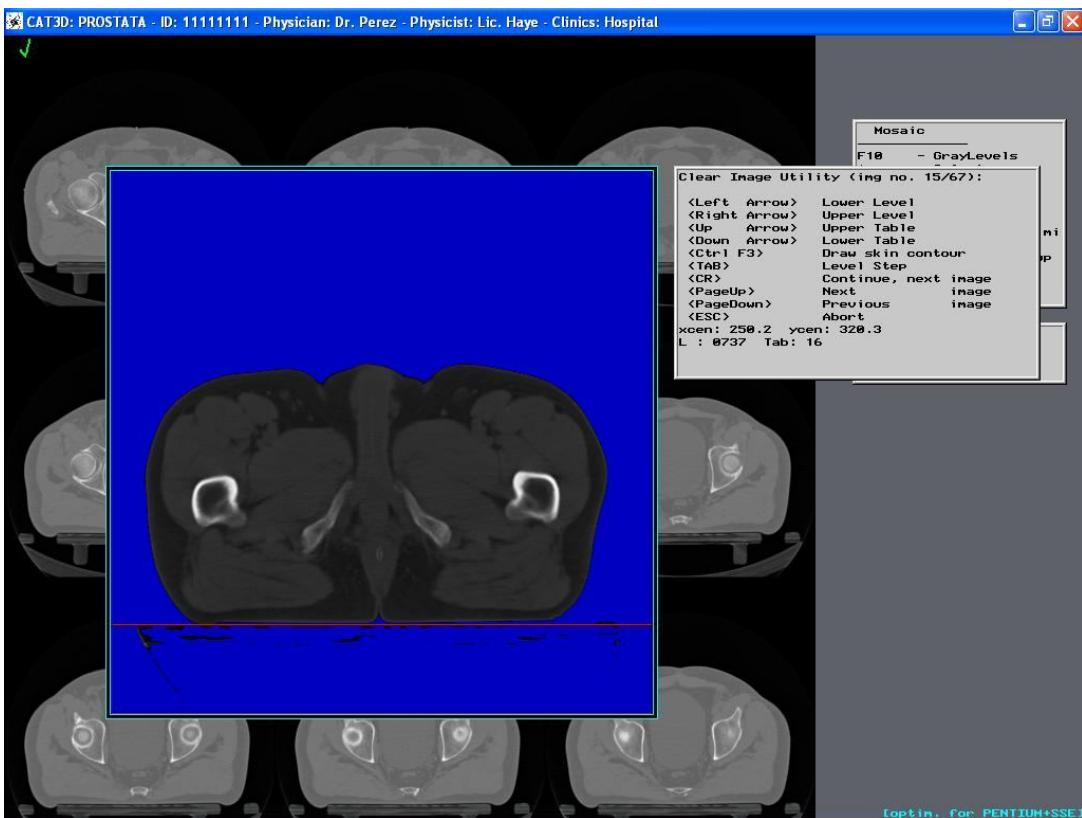
Buena Ventana



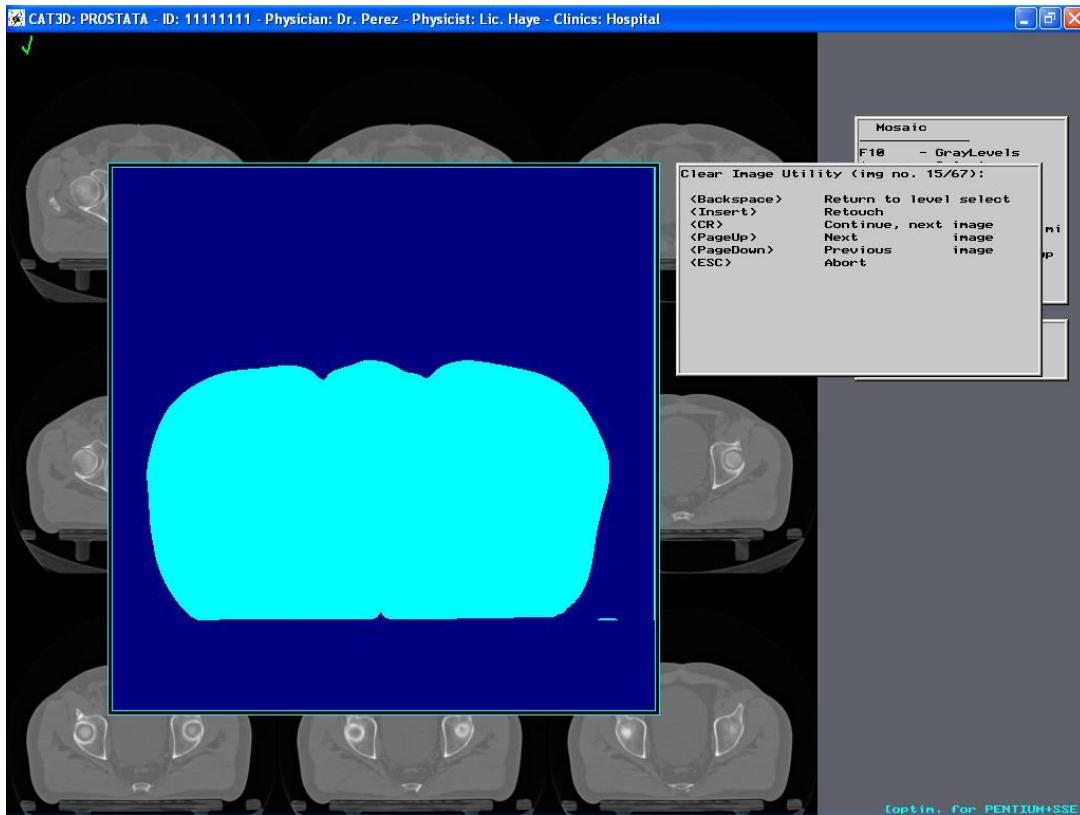
Ventana Óptima



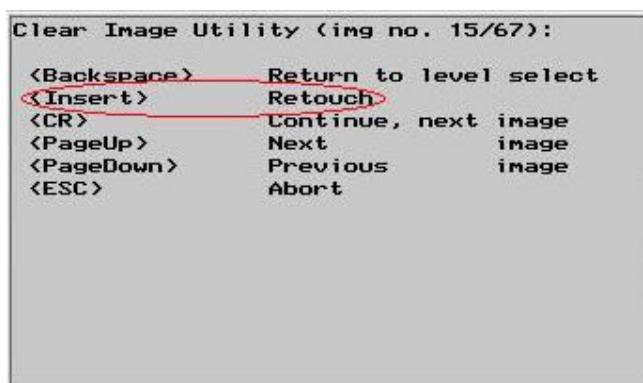
- 16) Una vez seleccionada la ventana, utilizar la herramienta para remover la camilla. Para esto, con *Avanzar Pag.* y *Retroceder Pag.*, ir al corte más grande en nuestro paciente. Con los botones *Flecha arriba* y *Flecha abajo* se puede mover la línea roja que se ubica en la parte inferior de la ventana, la cual delimitara la camilla de nuestro paciente. Una vez seleccionado el nivel de la camilla, regresar al primer corte con *Retroceder Pag.*
- NOTA: Se puede modificar EN CADA CORTE independientemente la posición de la línea roja.



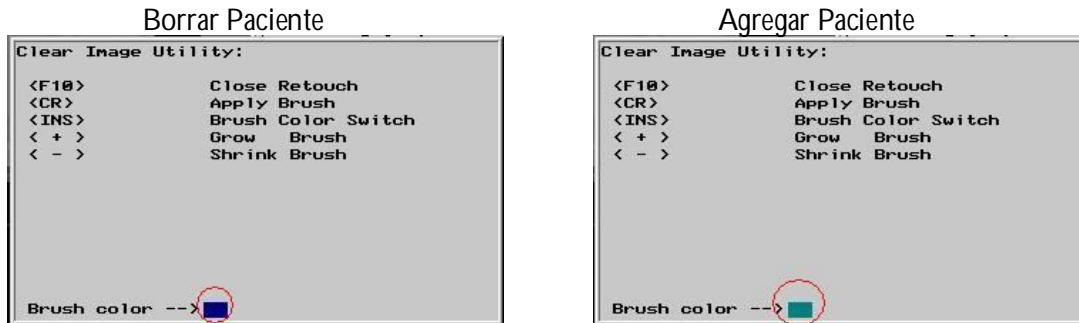
- 17) Desde el primer corte y si todo es satisfactorio (ventana y borrado de camilla), apretar *Enter* para ingresar al menú de RETOUCH



En la ventana RETOUCH se deben borrar partes de la imagen que sean insatisfactorias para la planificación o agregar partes del paciente que hayan sido borradas al ingresar a esta ventana. Para esto se utiliza la tecla *Insert* del teclado.

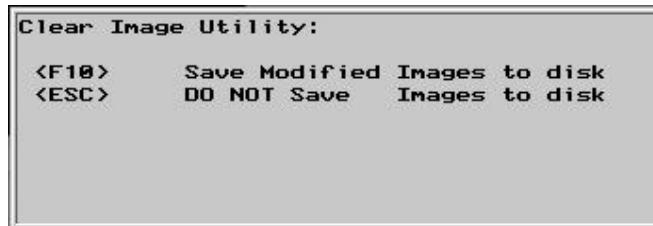


- 18) Una vez en la ventana RETOUCH, el cursor cambiara de forma a un círculo. Para hacer cualquier cambio, primero hay que determinar si se quiere borrar o agregar paciente. Con la tecla *Insert* se puede determinar esto. Por default, la función esta en agregar paciente (cursor de color celeste). Si se quiere borrar paciente, cambiar pulsando *Insert* al color azul. Se vera en la ventana menú el cambio de color.



NOTA: La tecla + y – sirven para agrandar o achicar el tamaño del cursor. Para agregar o borrar paciente, simplemente hacer clic sobre la zona.

- 19) Una vez conseguida la imagen optima, presionar F10 para salir del modo RETOUCH. Luego presionar *Enter* para aceptar esa imagen y pasar a la otra.
 20) Alcanzada la ultima imagen, luego de presionar *Enter* se abrirá una ventana para guardar los cambios.



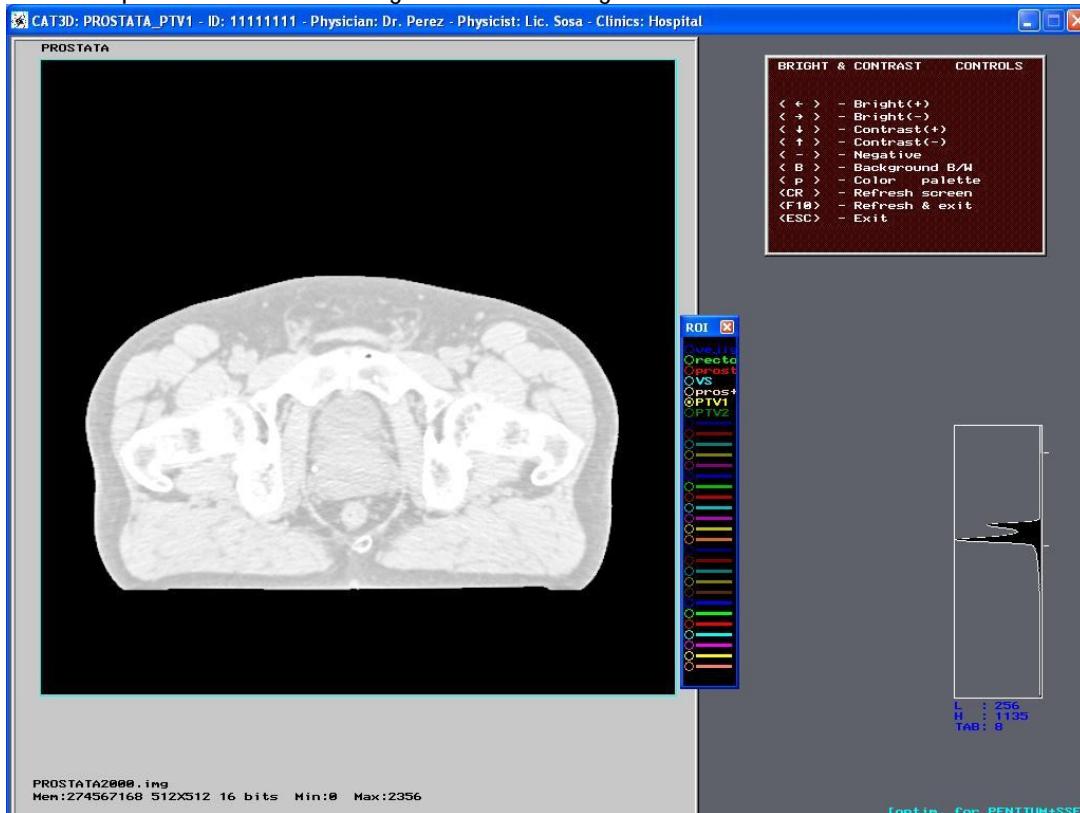
Pulsar F10 para salvar las imágenes cambiadas al disco.

NOTA: Ahora se ve la importancia de primero determinar el Isocentro de Referencia, ya que al delimitar el SkinLimit/Clean se pueden perder las imágenes de los fiduciales en el paciente. Despues de salir del menú SkinLimit/Clean, se aparecerá en la ventana mosaico nuevamente. Hacer doble clic sobre cualquier imagen.

IV. Region of Interest (ROI)

IV.1. Dibujar ROI

- 1) Nuevamente estamos en la pantalla principal de planificación. Para comenzar a dibujar ROIs, primero se debe encontrar una ventana de imagen apta para el Medico.
 - i) Para eso se debe utilizar el botón derecho del mouse y manteniéndolo apretado se debe mover el cursor sobre la imagen. Con esto se abrirá en la parte derecha de la imagen la ventana de grises.



Una buena ventana de imagen resulta de encerrar la parte más alta del espectro lateral dentro de la ventana, como muestra la imagen.

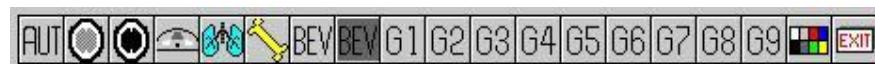


- ii) Se puede utilizar la herramienta de ventana de grises. Para esto, en la barra de herramientas principal, hacer clic en



para ingresar en la ventana de grises. Una vez dentro, se debe manipular la ventana con las flechas del teclado. Las flechas ARRIBA y ABAJO sirven para aumentar y disminuir el tamaño de la ventana y las flechas DERECHA e IZQUIERDA son para mover la ventana verticalmente. LA tecla TAB se utiliza para cambiar el paso del cambio (2 significa un paso mas chico y 32 mas grande).

En este menú se pueden encontrar ventanas predeterminadas, como la automática, cerebro 1, cerebro 2, músculo, pulmón, ósea, automática y BEV, en orden de izquierda a derecha. También BLUE FRAME permite guardar ventanas elegidas por el usuario en los cuadros G#.

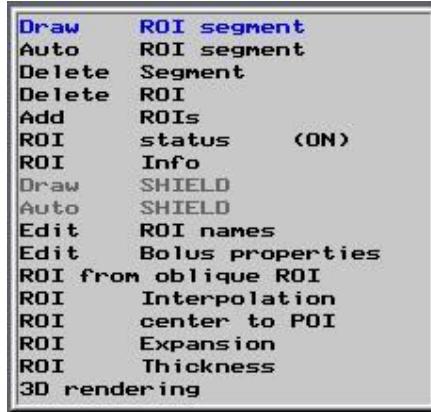


Presionar F10 o clic sobre exit para salvar los cambios y salir a la ventana principal.

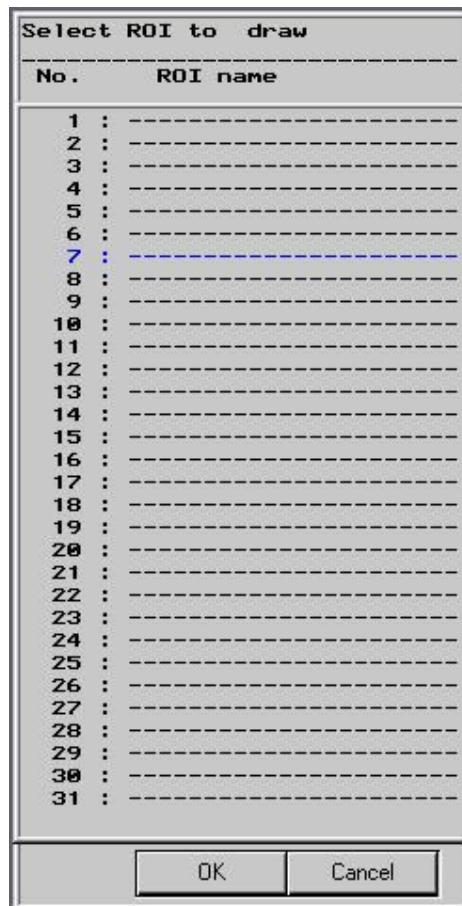
- 2) Una vez determinada la imagen optima, ingresar al menú de ROI.



-
- 3) Dentro del menú de ROI, se muestran las varias funciones.



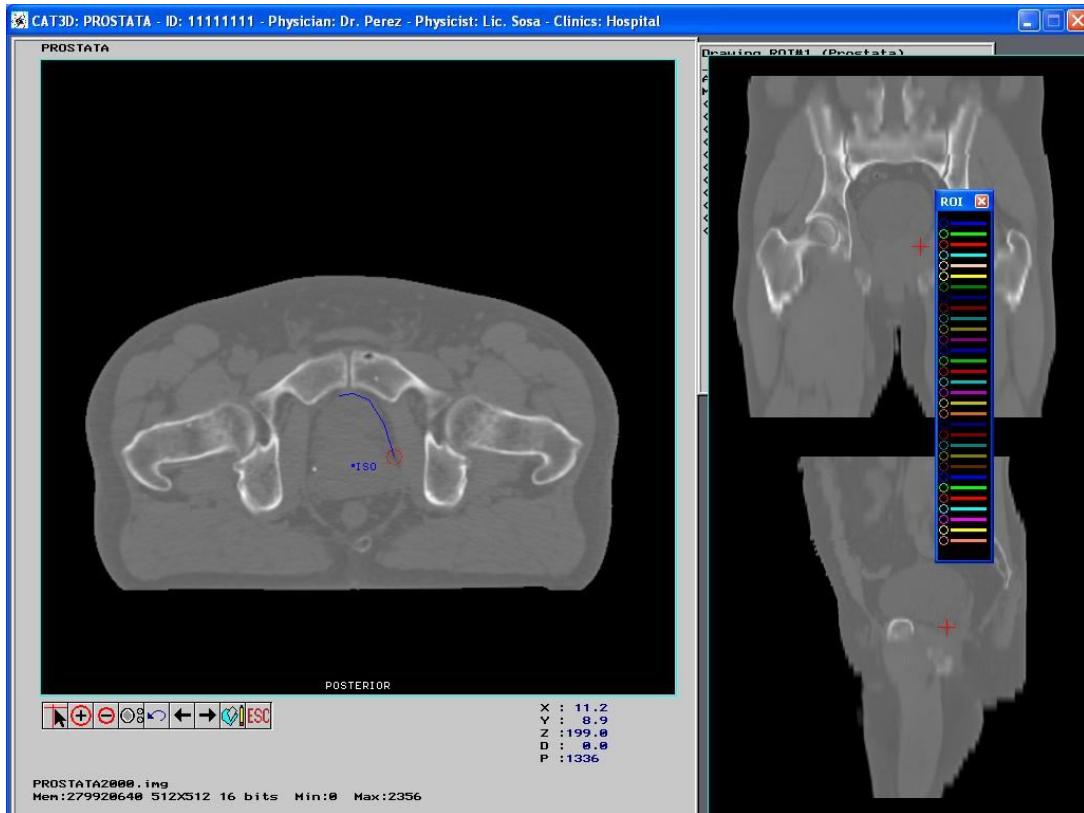
- 4) Hacer clic en Draw ROI segment para ingresar en el menú de caracterización de ROI. Aquí se elegirá el ROI a dibujar. Tener en cuenta que cada número pertenece a un color de ROI diferente. Hacer clic sobre el número elegido.



- 5) Luego aparecerá la ventana para introducir el nombre de este ROI. Luego de ingresado, presionar ENTER.



- 6) Luego aparecerá el cursor circular, con el cual se marcará el ROI.

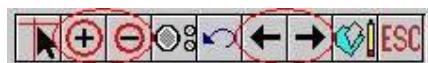


El cursor tiene dos formas de dibujo: Continúa, la cual se obtiene manteniendo presionado el botón derecho del mouse y se sigue el dibujo; Punto a punto, la cual se obtiene presionando el botón derecho del mouse punto a punto, en donde el BLUE FRAME unirá los puntos con líneas rectas.

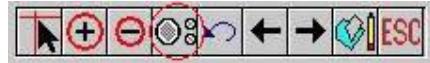
Con el botón cursor se puede cambiar la forma del cursor y la flecha azul es la función 'Deshacer'.



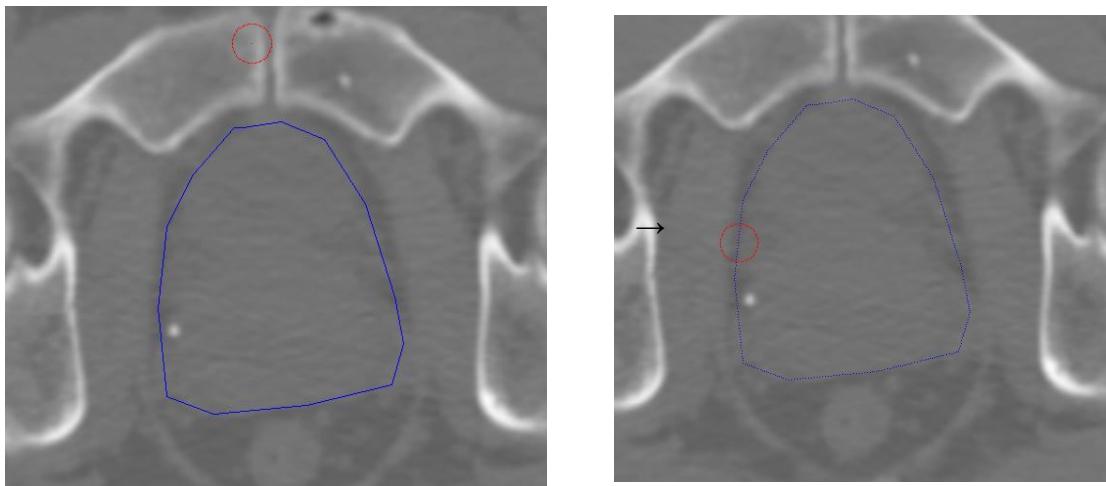
Con las teclas + y - se cambia el radio del cursor y las flechas laterales se utilizan para aceptar el cambio del ROI y pasar a la siguiente imagen.



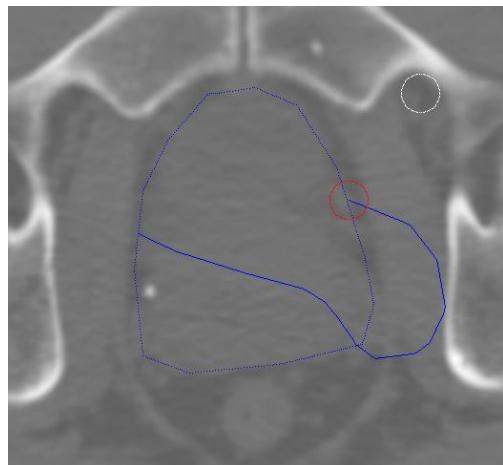
-
- 7) Para poder ver el submenú de ROI se puede presionar la tecla de vistas o presionar el numero 3 para poder verlo.



- 8) En el sub menú de ROI se destaca la tecla INSERT. Esta tecla se utiliza para ingresar en la función corregir ROI. Para esto, sobre un segmento o ROI previamente dibujado, presionar la tecla INSERT y luego hacer clic sobre donde se quiere comenzar a modificar el segmento de ROI. Esto volverá al ROI en una línea de puntos en vez de una linea llena.



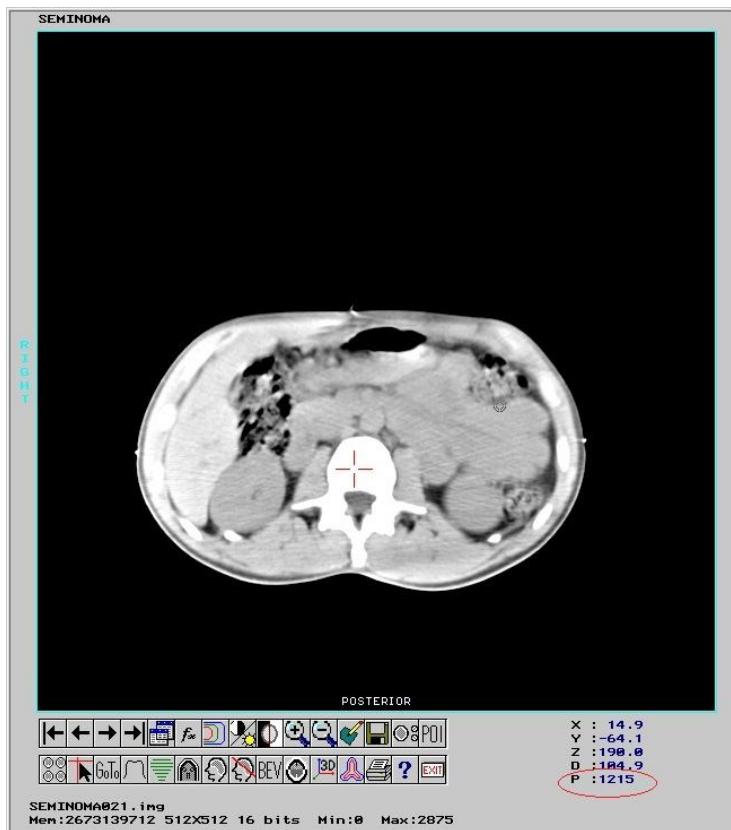
- 9) Ahora solo modificar la zona que se quiere y terminar la selección cerca del ROI.



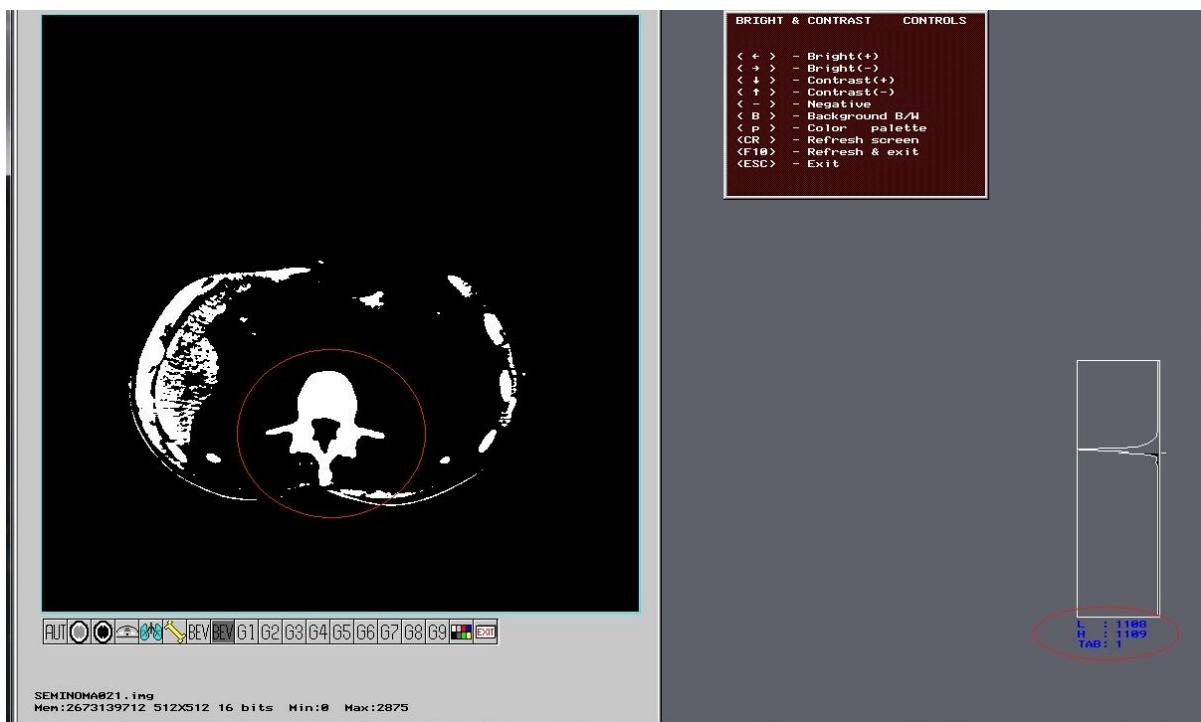
Luego de esto, pasar a la siguiente imagen con las flechas laterales o pulsando AVANZAR Pág. o RETROCEDER Pág.

IV.2. Auto ROI

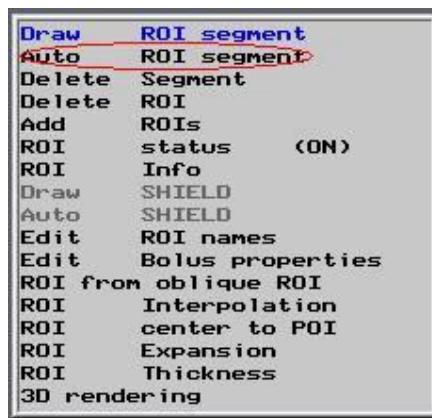
- 1) La herramienta Auto ROI es útil cuando se tiene una gran diferencia entre valores de píxel cercanos, como en el caso del pulmón o hueso, en donde el valor de píxel del pulmón (hueso) es sensiblemente diferente que el tejido. Para utilizar esta herramienta, primero hay que acceder encontrar una ventana de grises adecuada.
- 2) Primero ir a un punto del tejido del cual se quiere hacer el auto ROI. Utilizaremos hueso en este caso. Como podemos ver en la pantalla, el valor de pixel de la estructura en donde está el cursor es 1200.



- 3) Con este valor en mente y utilizando las flechas del teclado, ir al menú de grises y cerrar la apertura de la ventana a cero (utilizar TAB para cambiar el paso a 1). Entonces el valor high será diferente en 1 unidad del valor low. Buscar el valor más aproximado al que habíamos tomado en la ventana anterior hasta ver una buena delimitación del hueso como muestra la captura.



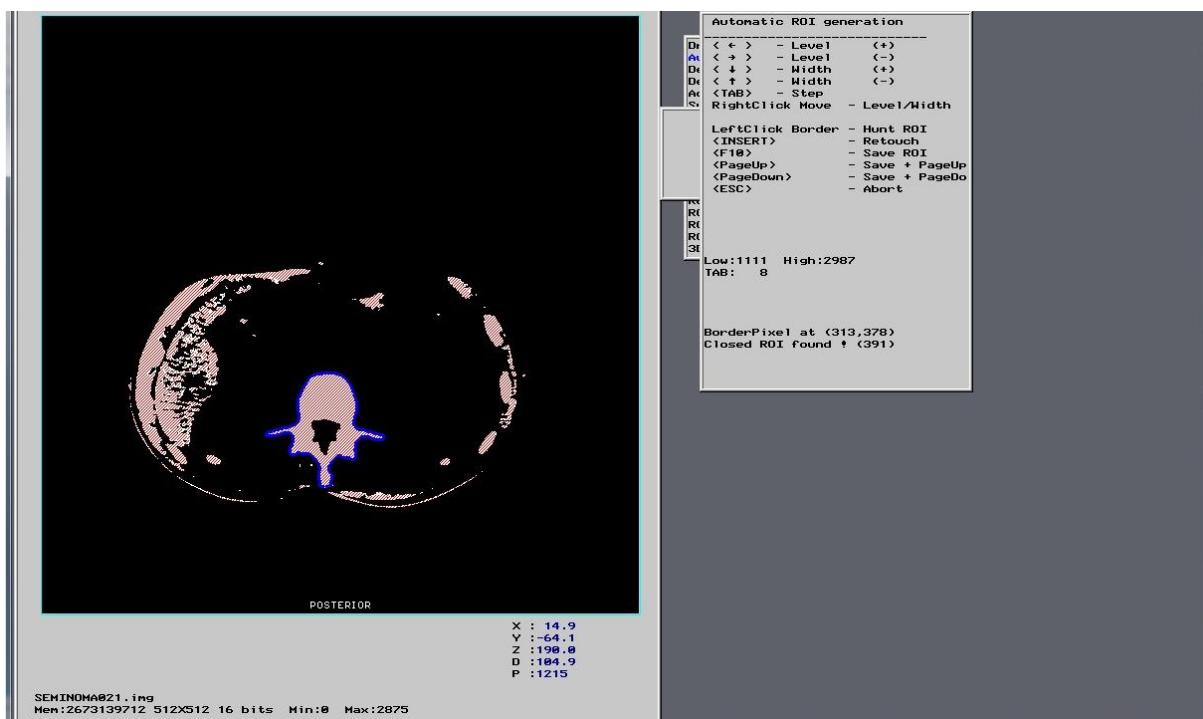
- 4) Luego ir al menú ROI en la barra de herramientas principal y luego en AUTO ROI SEGMENT



- 5) Allí se abrirá la ventana en donde seleccionar el número del ROI y luego introducir el nombre. Dentro del auto ROI, con el botón derecho del Mouse presionado y moviendo el cursor de derecha a izquierda (el mismo procedimiento que se sigue para cambiar la ventana de grises en la ventana principal), determinar una buena ventana de selección de auto ROI. Hay que lograr que la parte a marcar (hueso) quede totalmente de color ROJO.



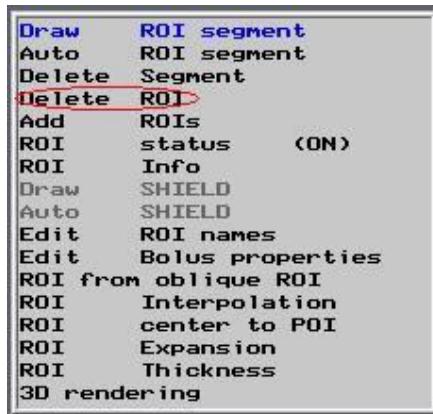
- 6) Una vez que se consigue una buena ventana, hacer clic sobre el límite entre la zona de color rojo y la zona no seleccionada para seleccionar ese segmento de ROI.



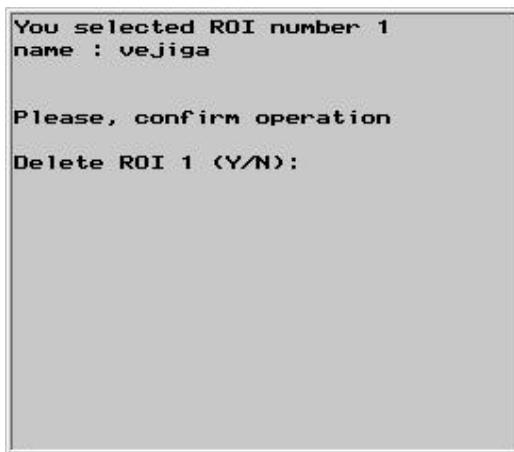
Una vez seleccionado, pasar a la siguiente imagen con las flechas laterales o pulsando AVANZAR Pág. o RETROCEDER Pág. Proceder de la misma manera en todos los cortes de interés.

IV.3. Borrar ROI

- 1) Para borrar un ROI ingresar en el menú de ROI desde la barra de herramientas principal.
- 2) Allí se abrirá la ventana en donde se debe seleccionar Delete ROI.



- 3) Luego elegir cual es el ROI a borrar en la pantalla emergente.
- 4) Confirmar presionando Y para borrar el ROI o presionar N para anular.

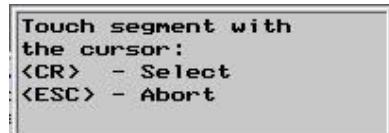


IV.4. Borrar Segmento de ROI

- 1) Para borrar un segmento (parte de un ROI en un solo corte) se debe posicionar en el segmento a borrar en la ventana principal (elegir en la pantalla esa imagen) e ingresar en el menú de ROI desde la barra de herramientas principal.
- 2) Luego seleccionar Delete segment en el menú.



- 3) Aparece un cuadro en donde se indica hacer clic sobre el segmento a borrar. Se vera que una vez seleccionado, el segmento cambia a color negro.

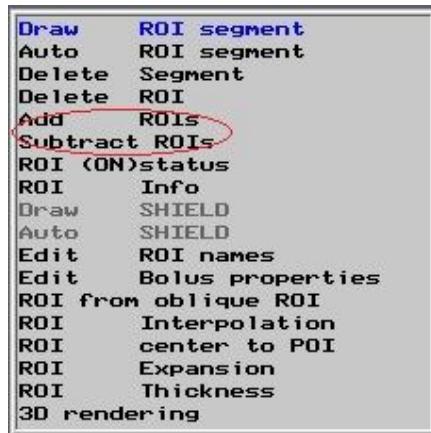


- 4) Una vez seleccionado el segmento, el cuadro cambiara. Seleccionar ENTER si se quiere borrar o ESC si no.



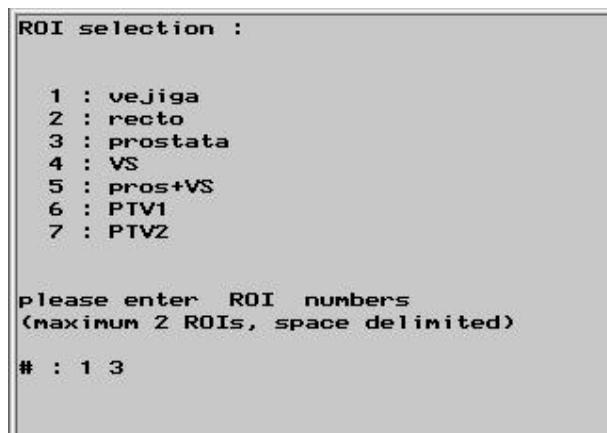
IV.5. Sumar y Restar ROIs

- 1) Para sumar (restar) 2 ROI previamente dibujados, ingresar en el menú de ROI en la barra de herramientas principal y luego hacer clic en Add ROIs (Subtract ROIs).

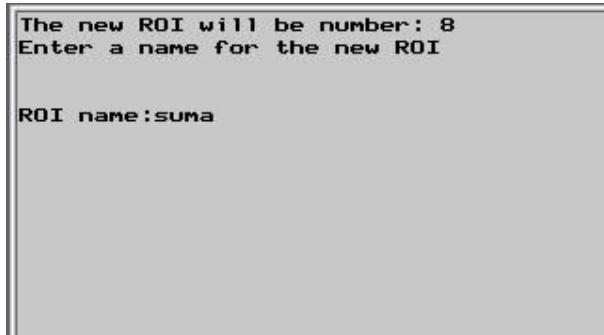


- 2) Aparecerá una ventana en donde se deben ingresar los números de los ROI que se quieren sumar (restar), separados por un espacio. Luego presionar ENTER.

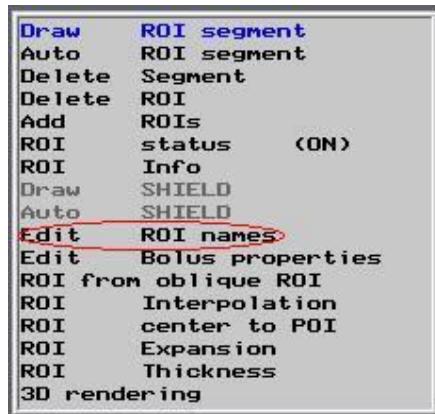
NOTA: Todos los ROIs dibujados hasta el momento están listados en la parte superior de la ventana. Si hay algún ROI que este invisible no se mostrara.



-
- 3) Luego, la siguiente ventana le pedirá que ingrese el nombre del nuevo ROI resultante de la suma (resta). Ingresarlo y presionar ENTER.



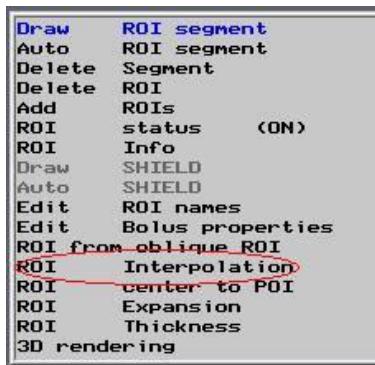
- 4) La herramienta Edit ROI name se utiliza para editar el nombre de los ROIs.



IV.6. Interpolación de ROI – Espesor ROI

- 1) La herramienta ROI interpolation se utiliza para interpolar segmentos de un ROI entre dos segmentos ya dibujados. Para utilizar esta herramienta se recomienda que los segmentos entre los cuales se quiere interpolar no estén muy separados, para que la interpolación sea lo mas exacta posible.

Ingresar al menú de ROI y luego a ROI interpolation.



- 2) Luego hacer clic sobre el ROI que se quiere interpolar. BLUE FRAME procederá a interpolar automáticamente entre los cortes que posea el ROI.
- 3) La herramienta ROI thickness se utiliza para cambiar el espesor de los segmentos de un ROI. Para esto ingrese al menú de ROI y seleccione ROI thickness.



- 4) Ahora se debe ingresar el espesor que se quiere dar a los segmentos en milímetros y presionar ENTER.

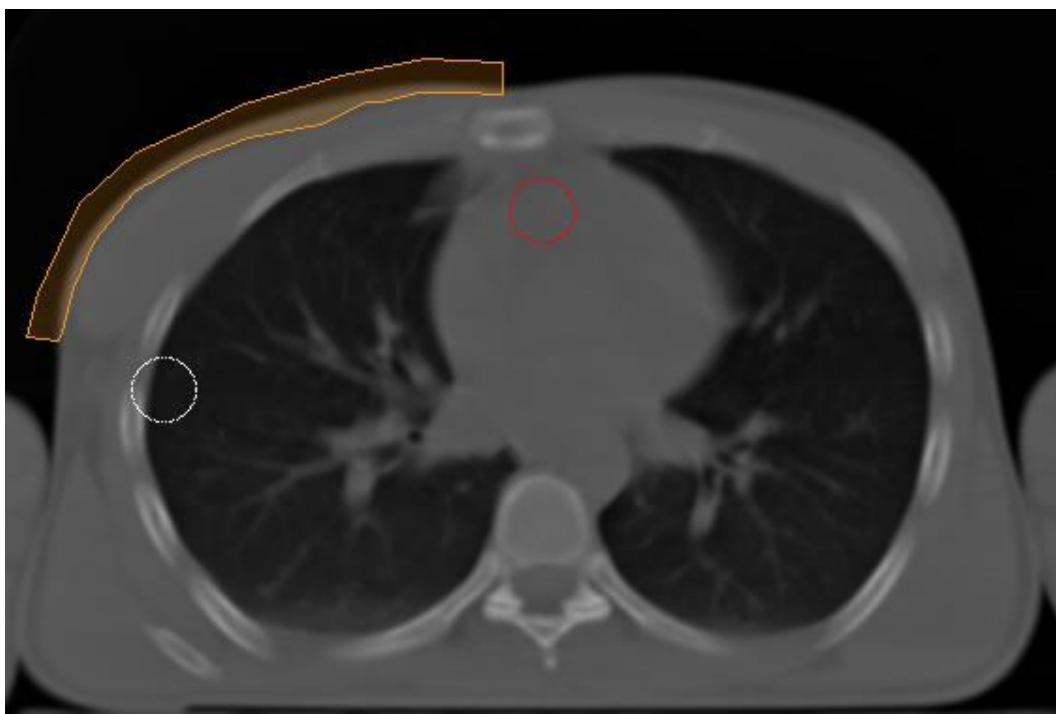


IV.7. Dibujar BOLUS

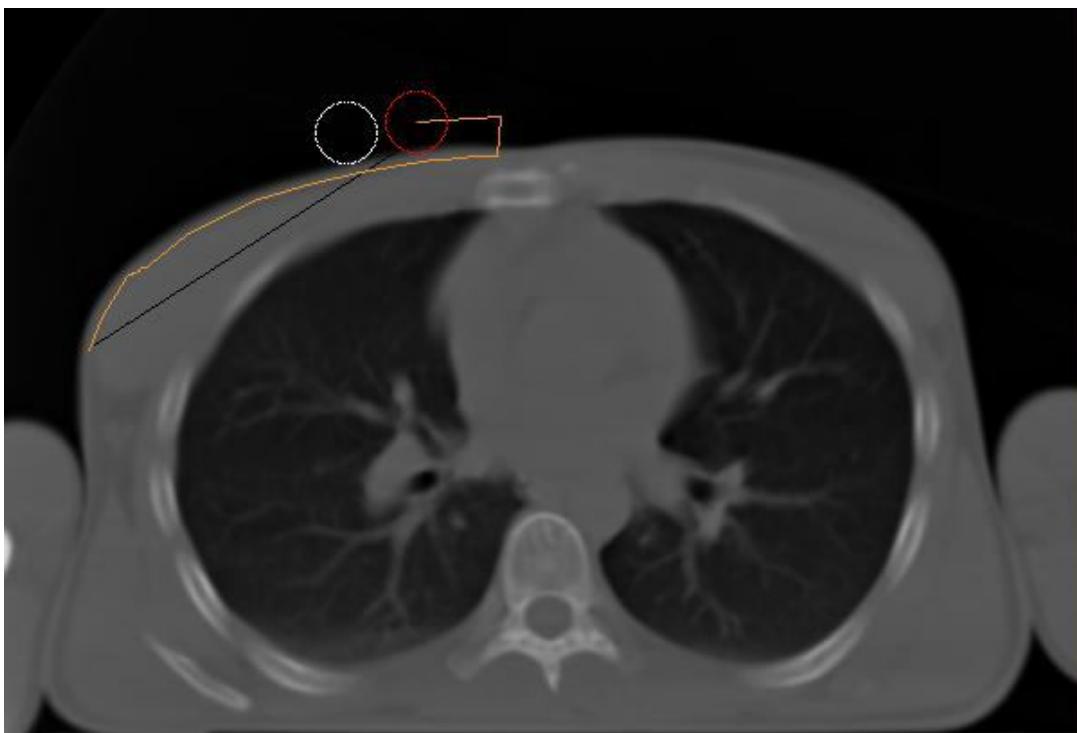
- 1) Para definir un bolus, primero hay que considerar que el bolus es un ROI en donde se puede definir la densidad. Por lo tanto, hay que ingresar en el menú de ROI y seguir los pasos explicados anteriormente para la construcción de un ROI, con la diferencia de que este ROI en particular se llamará Bolus-1 o Bolus-#. Si el nombre del ROI no es Bolus-numero, el BLUE FRAME no lo reconocerá como tal.



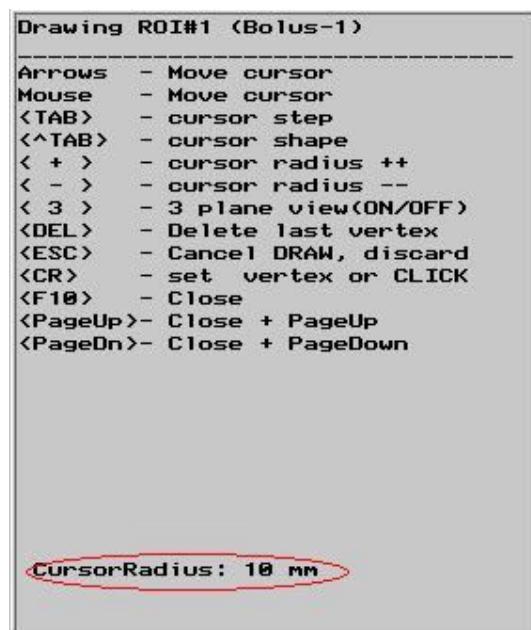
- 2) Ahora dibujar el bolus en la zona donde se utilizará. Tener en cuenta que acá es donde se define el espesor del Bolus.



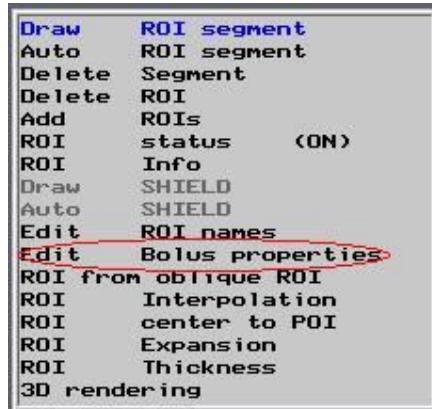
NOTA: La mejor forma de dibujar el bolus con el espesor adecuado es utilizar la herramienta cursor. Como se notara, el cursor es un círculo en el cual se puede definir el valor del radio. Posicionando la base del círculo en la piel del paciente, el centro determinara donde se va dibujando el ROI.



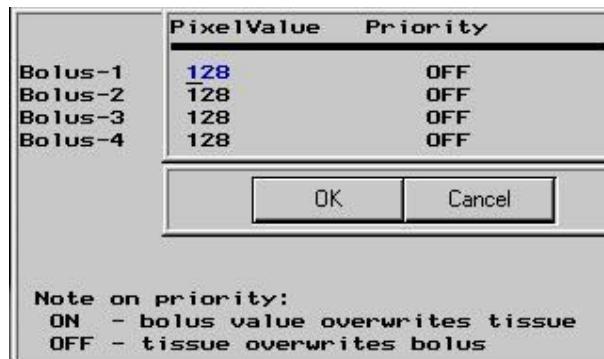
Para cambiar el radio del círculo, utilizar el signo + y el signo – del teclado o de la barra de herramientas. El radio del círculo se muestra en el menú lateral. Si no se puede ver el menú lateral, recordar que se pueden esconder las vistas coronal y sagital presionando la tecla 3.



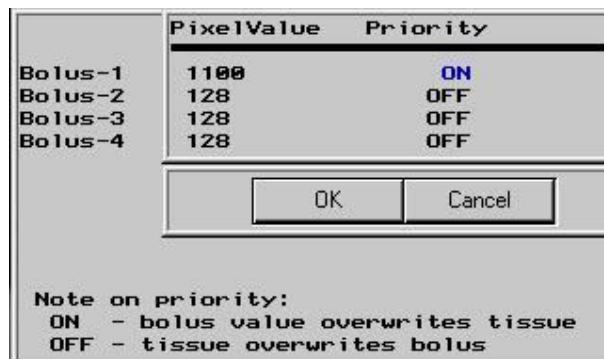
- 3) Una vez definido todo el ROI Bolus-#, entrar nuevamente en el menú ROI y hacer clic en Edit Bolus properties.



- 4) Aparecerá la siguiente ventana. Ahora es donde se define la densidad del bolus.

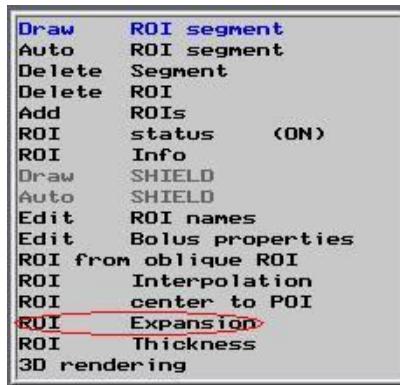


- 5) Claramente se ve que se pueden definir hasta 4 bolus en BLUE FRAME. Ingresar el valor de píxel correspondiente a la densidad de tejido, que es aproximadamente 1100. Un valor de píxel de 100 corresponde a aire.
- 6) Luego indicar la Prioridad (columna priority) con on para que el bolus sobrescriba el tejido y off para que el bolus no lo sobrescriba. Para esto hacer clic sobre el bolus correspondiente en la columna priority y cambiar de off a on presionando la barra espaciadora.

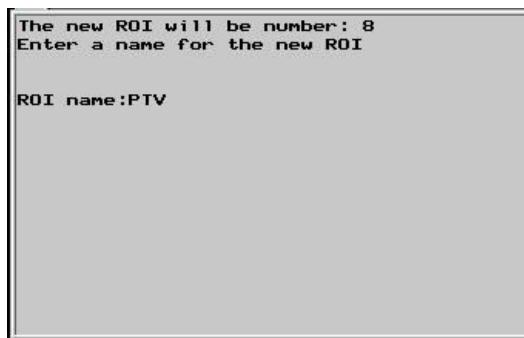


IV.8. Expandir ROI

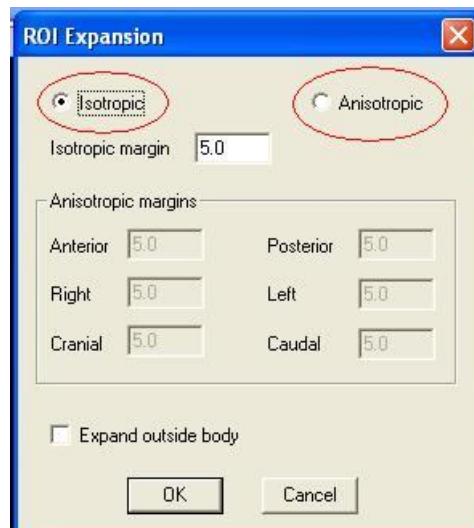
- 1) Para expandir un ROI, primero ingresar al menú de ROI y luego hacer clic sobre ROI expansion.



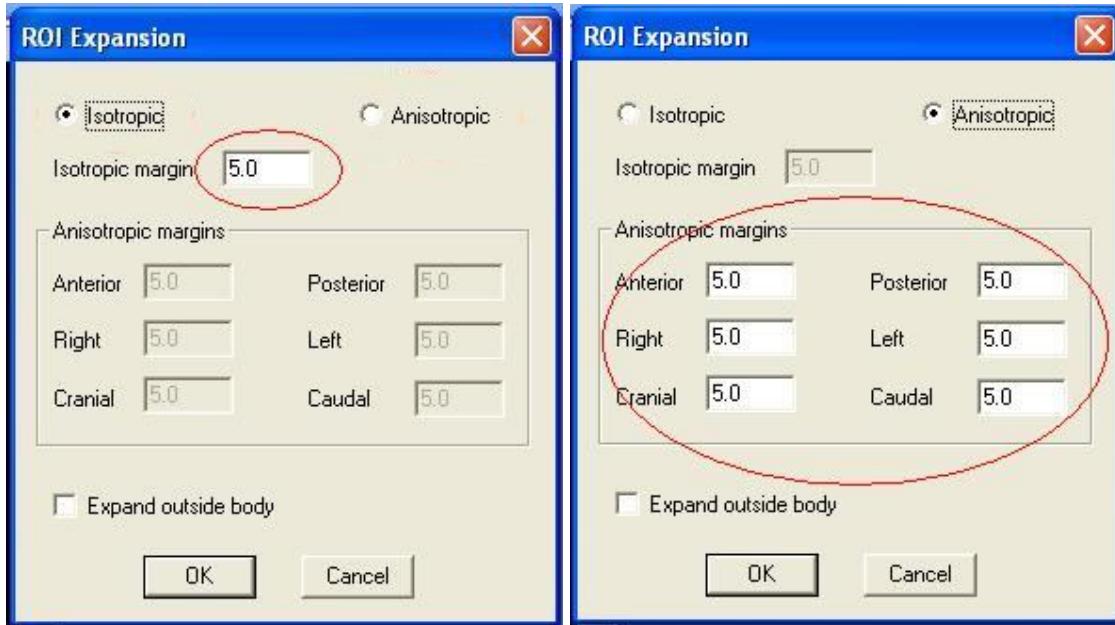
- 2) Luego se debe seleccionar el ROI que se desea expandir.
- 3) Ingresar el nombre del nuevo ROI que se generara de la expansión.



- 4) En la ventana emergente se pueden determinar las características de la expansión: Isotropica (igual expansión en todas las direcciones) o anisotropica (una determinada expansión en cada dirección).



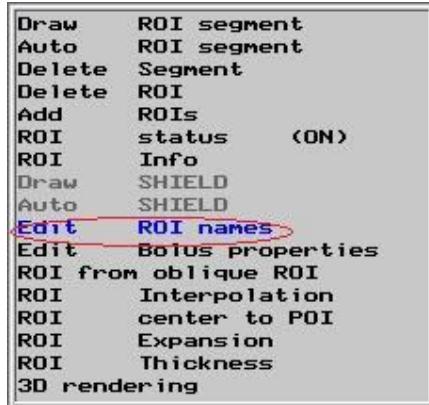
- 5) Luego se ingresa en las ventanas habilitadas la cantidad de milímetros de expansión. En el caso anisotropico, se habilita una distancia para cada dirección.
 NOTA: Recuerde que BLUE FRAME trabaja todas las distancias en milímetros.



- 6) Luego presionar OK para que la expansión se lleve a cabo.

IV.9. Editar Nombre y color de ROI

- 1) Para editar el nombre de un ROI ir al menú de ROI y luego a edit ROI names.

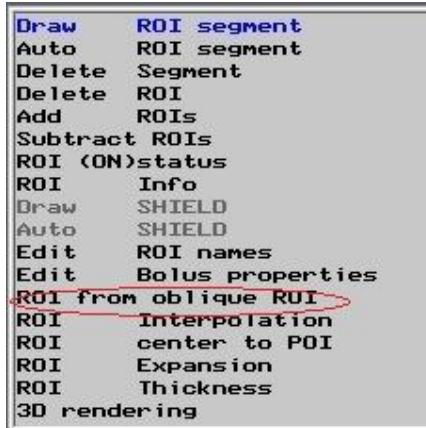


Luego editar el nombre en la segunda columna de la pantalla emergente y hacer clic sobre OK. También se puede cambiar el color correspondiente al ROI cambiando su número en la primera columna. La relación entre el número y el color lo entrega la paleta de ROI.



IV.10. ROI from Oblique ROI

- 1) Esta herramienta se utiliza para convertir un ROI dibujado en imágenes Coronales, Sagitales, Oblicuas y Oblicuas dibujadas en RM en un ROI de imágenes axiales. Para esto con el ROI de las imágenes por ejemplo oblicuas, ir a menú de ROI y luego a *ROI from oblique ROI*.



- 2) Luego elegir el ROI a modificar en la lista despegable. Finalmente nombrar al ROI.

V. Point of interest (POI)

V.1. Crear POI

- 1) Para crear un POI seguir las especificaciones del inciso 9 y 10 del capítulo II.
 - 2) Para editar un POI se utilizan las teclas ctrl+end para abrir el menú de POI

Aquí no solo se puede editar el nombre del POI, si no sus coordenadas en el paciente como también su estado (columna show y used. Se cambia de on a off con la barra espaciadora)

V.2. GOTO

- 1) Esta herramienta se utiliza para ir de un POI a otro ya previamente creados. Para esto ir a la herramienta en el menú principal



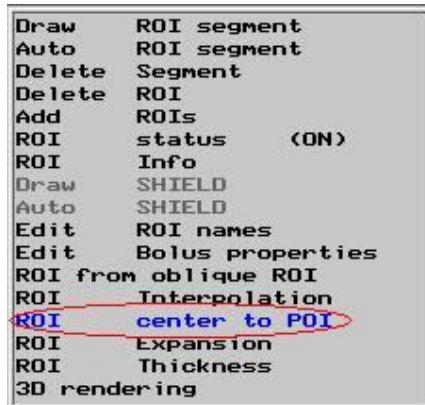
- 2) Luego hacer clic sobre el POI al que se desea mover en la lista emergente.

V.3. Center to POI

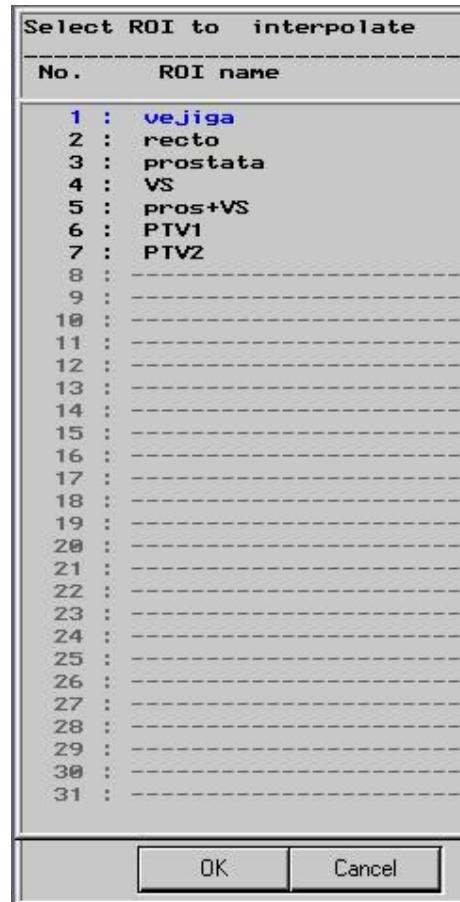
- 1) La herramienta center to POI es muy útil para la planificación. Con ella somos capaces de crear un POI en el centro de un ROI. Así tendremos un isocentro de planificación. Primero ir al menú de dibujo en el menú principal



- 2) Luego hacer clic sobre ROI Center to POI



-
- 3) Elegir el ROI al cual se desea introducir el nuevo POI de la lista emergente



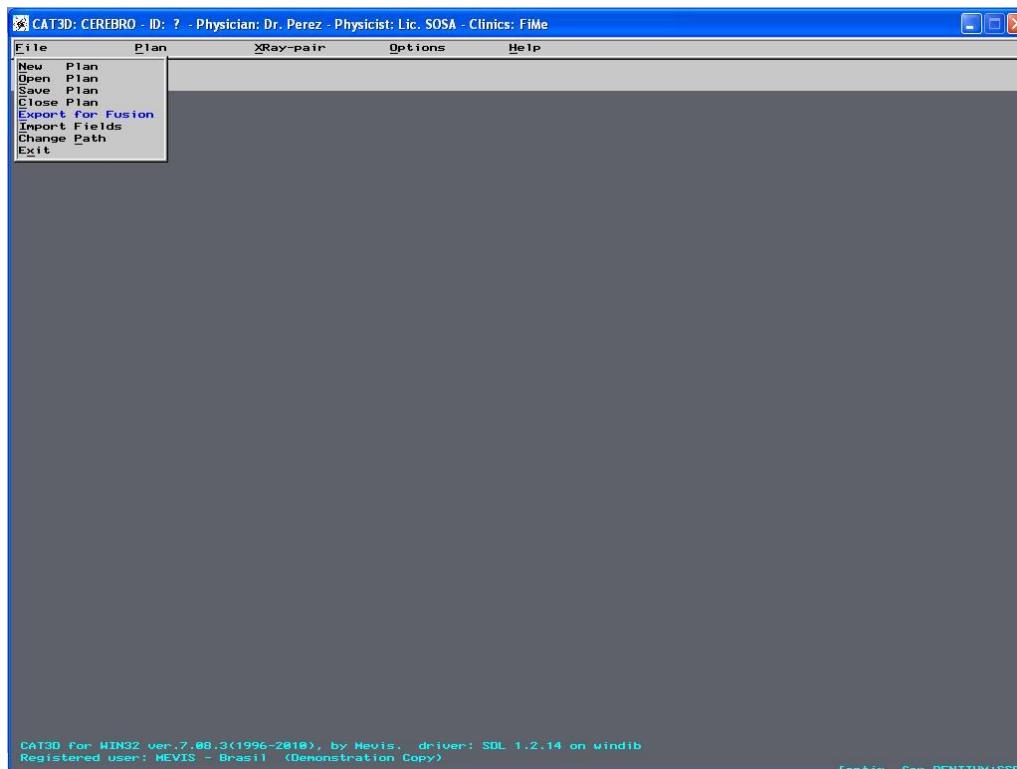
- 4) Poner el nombre del nuevo POI. Luego ENTER

VI. Fusión

- 1) BLUE FRAME permite al usuario fusionar imágenes de TAC con imágenes de RM o PET. Para esto tenemos que tener ya ingresadas ambas series de imágenes en el planificador. El ingreso de imágenes de TAC ya fue explicado en el capítulo 1. Partiremos de cómo introducir imágenes de RM (PET).

Para introducir imágenes de RM (PET) se procede de la misma forma que con imágenes de TAC, siguiendo los pasos descriptos en los capítulos I y II.

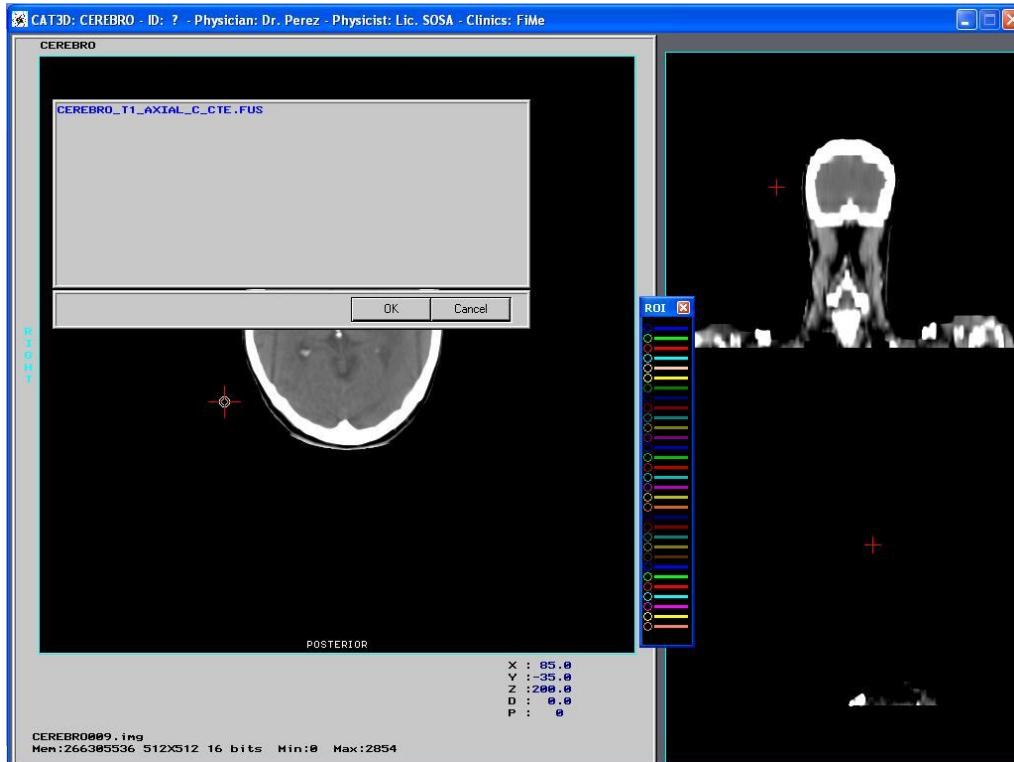
- 2) Una vez ingresado el nuevo paciente en el BLUE FRAME, delimitar el contorno exterior del mismo (ahora formado por imágenes de RM o PET) y guardar. No se debe marcar ningún punto en las imágenes de RM (PET). BLUE FRAME hará una fusión automática de las dos tiras de imágenes.
- 3) Luego presionar la tecla ESC hasta llegar a la ventana de menú principal del BLUE FRAME. Allí ir a File→Export for fusion. El BLUE FRAME exportara este paciente a la carpeta fusión.



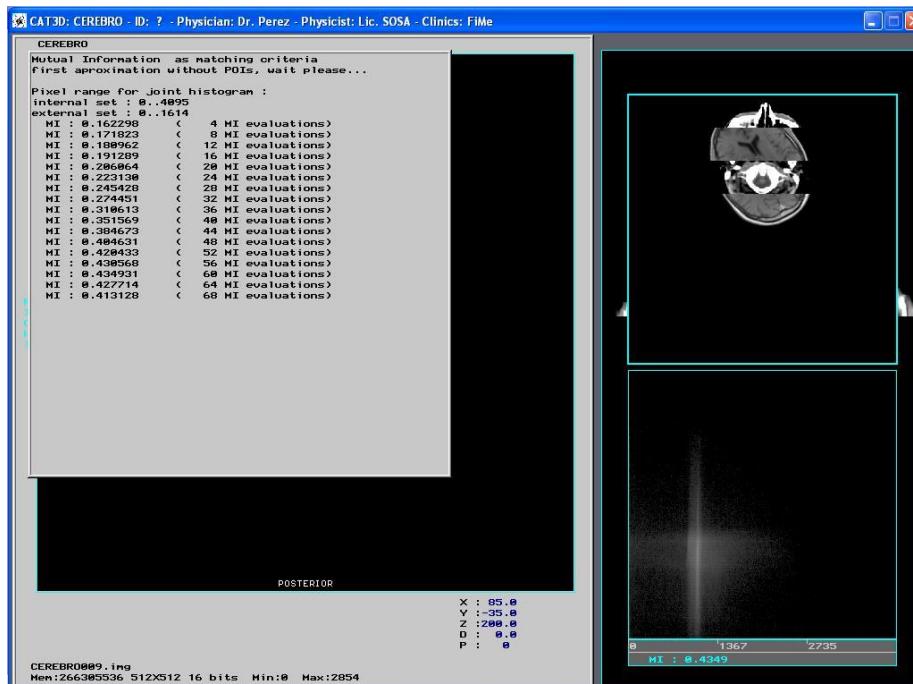
- 4) Una vez exportadas las imágenes de RM para la fusión, ir al paciente con las imágenes de TAC, que es donde se planificara. Desde allí llamar las imágenes de fusión presionando F5 o utilizando el botón fusion desde la barra de herramientas en la ventana principal. Es importante conseguir *Antes de la fusión* Una buena ventana de grises ya que será la que utilizará BLUE FRAME para la ulterior vista de la fusión.



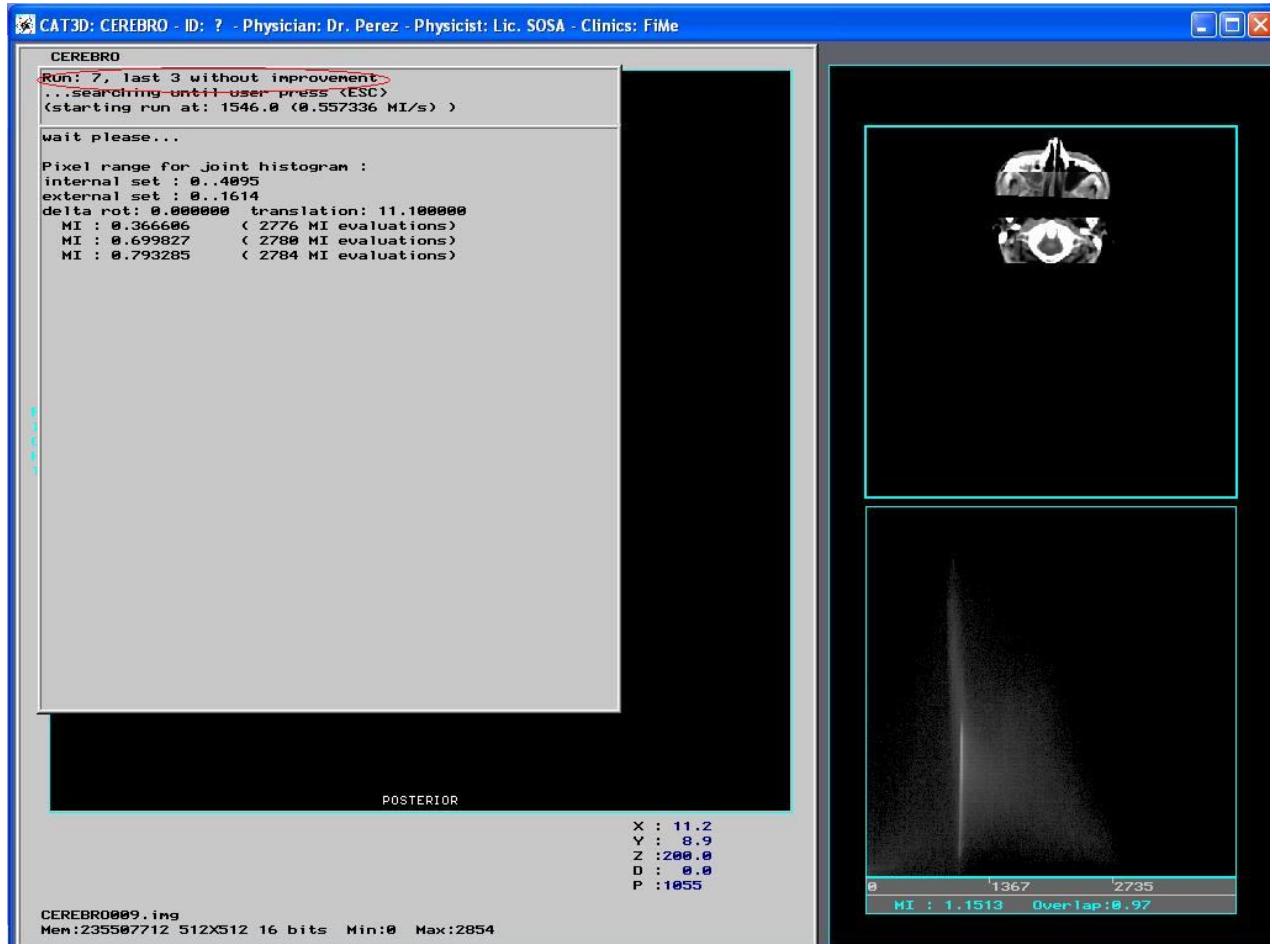
Aparecerá el menú de fusión donde se muestran todos los pacientes disponibles para fusión. Buscar el paciente que se desea y hacer clic sobre él.



- 5) El planificador comenzara con el Mutual Maximization Information a hacer la fusion de las imágenes.



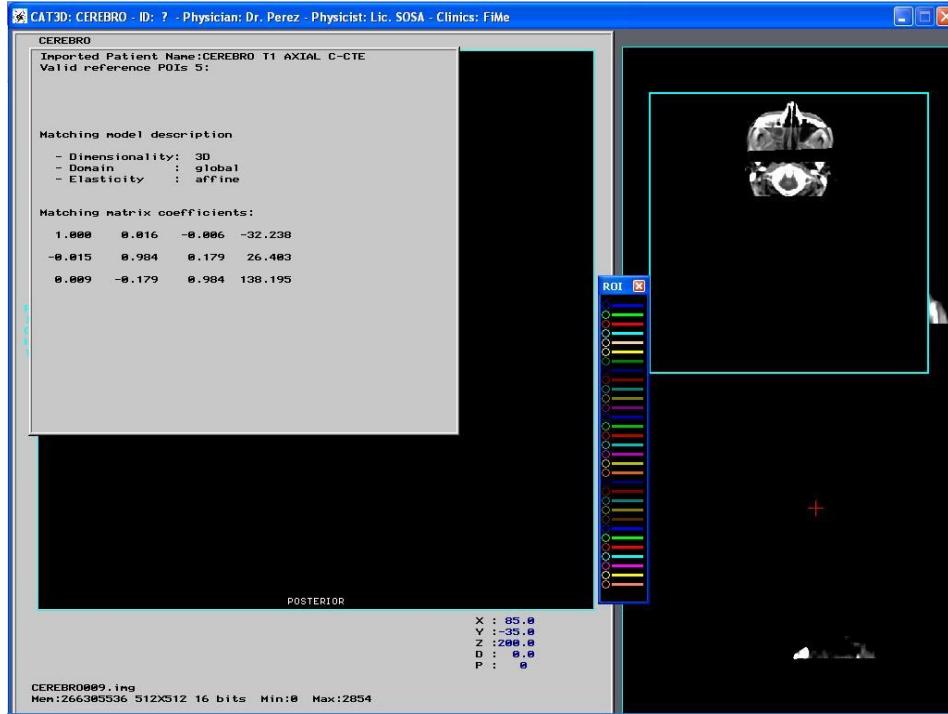
- 6) Cuando en la ventana de fusión aparezca la sentencia 'last 3 without improvement' se puede presionar ESC ya que son suficientes iteraciones para una buena fusión.



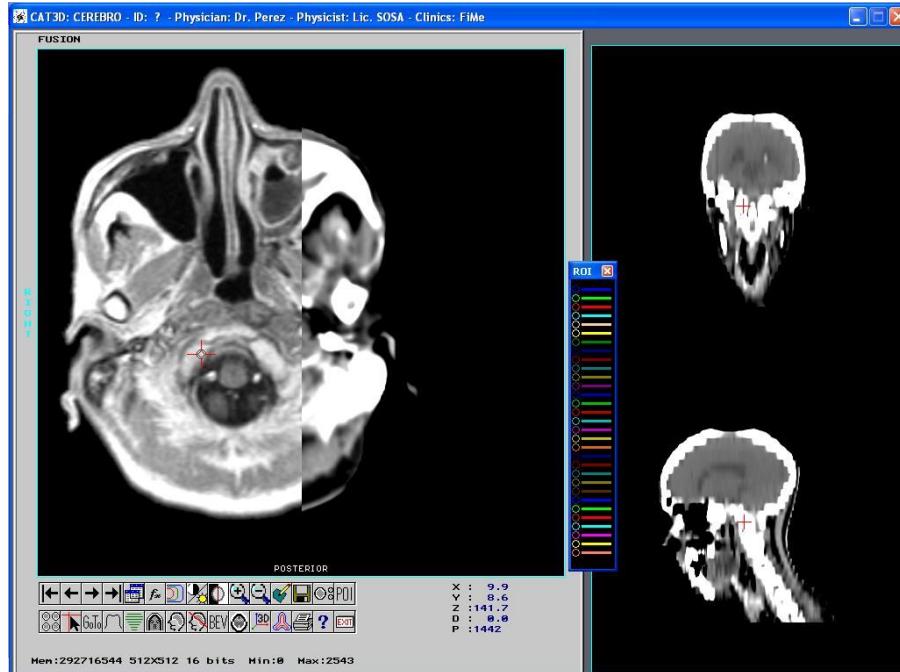
NOTA: la mutual maximization information es necesaria correrla solo la primera vez que se realiza la fusión. Una vez alcanzado el punto óptimo, cada vez ulterior que se realice la fusión *entre estas dos tiras de imágenes* aparecerá un aviso de que BLUE FRAME utilizará la información ya guardada para fusionar. Presionar YES.



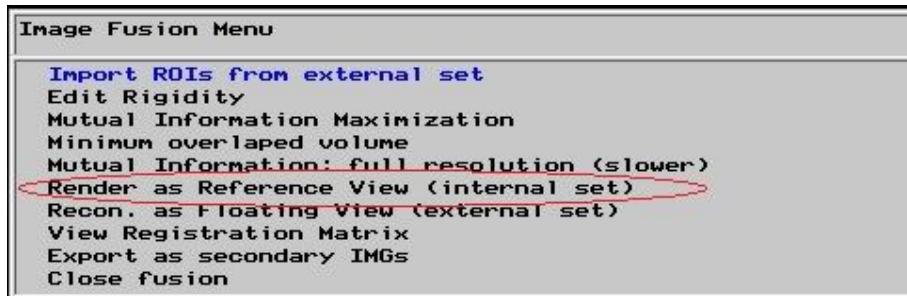
- 7) Una vez terminada la fusión (después de presionar ESC) aparecerá una ventana con el resumen. ENTER para salir de esa ventana.



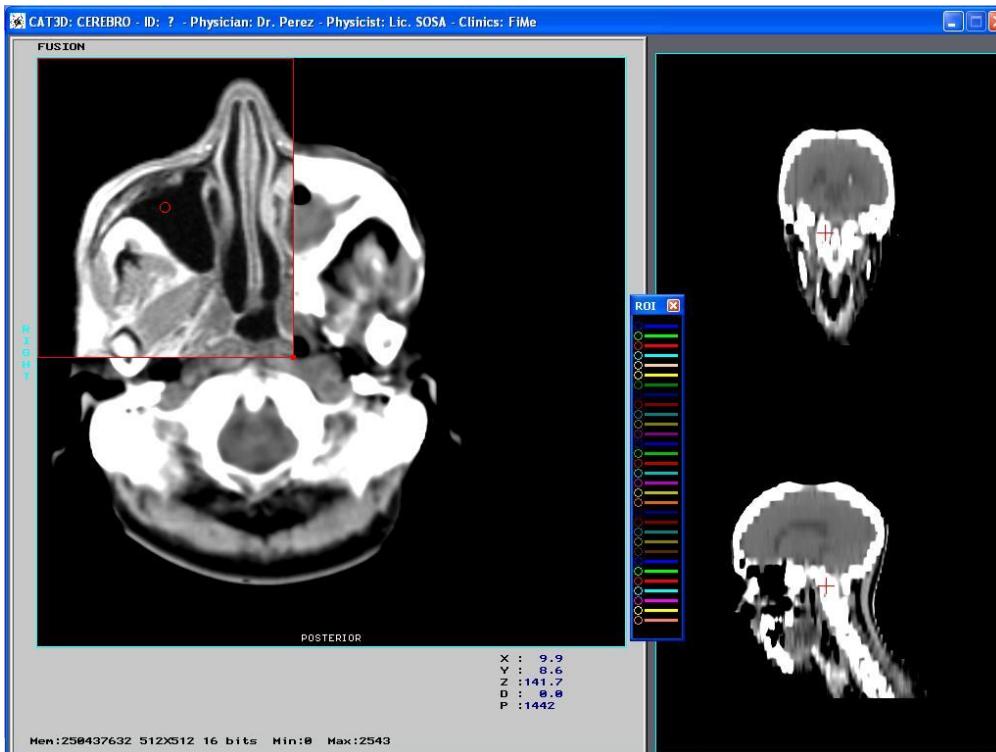
- 8) Ya realizada la fusión, la ventana se vera con mitad RM y mitad TAC.



- 9) Presionar Alt+F5 para acceder al menú de Fusión. Luego utilizar *render as reference view (internal set)* para que las imágenes de TAC coincidan exactamente con las imágenes de RM y poder ver los ROIs en ambas tiras de imágenes sin deformaciones de ningún tipo. Una vez dentro de esta opción, presionando la tecla M y ctrl+M, se puede visualizar un mix de imagen de TAC y RM.



- 10) Para modificar la ventana que separa el corte de RM del de TAC, presionar ctrl.+F5. Allí aparecerá la ventana delimitadora. Presionando alt+F5 aparecerá el menú de fusión en la pantalla. Ahora se debe buscar una buena ventana de grises en la RM para una excelente visualización del ambas tiras de imágenes en la fusión.



- 11) Los ROIs se dibujan desde el menú de ROI de la forma estándar explicada en el capítulo IV.
- 12) Una vez dibujado el ROI, expandirlo siguiendo las indicaciones del capítulo VI.8.

Salir de la fusión utilizando la tecla GOTO a cualquier punto de la TAC (usualmente isoref).
NOTA: Para la descripción de la totalidad de las funciones del modo fusión dirigirse al APENDICE B.

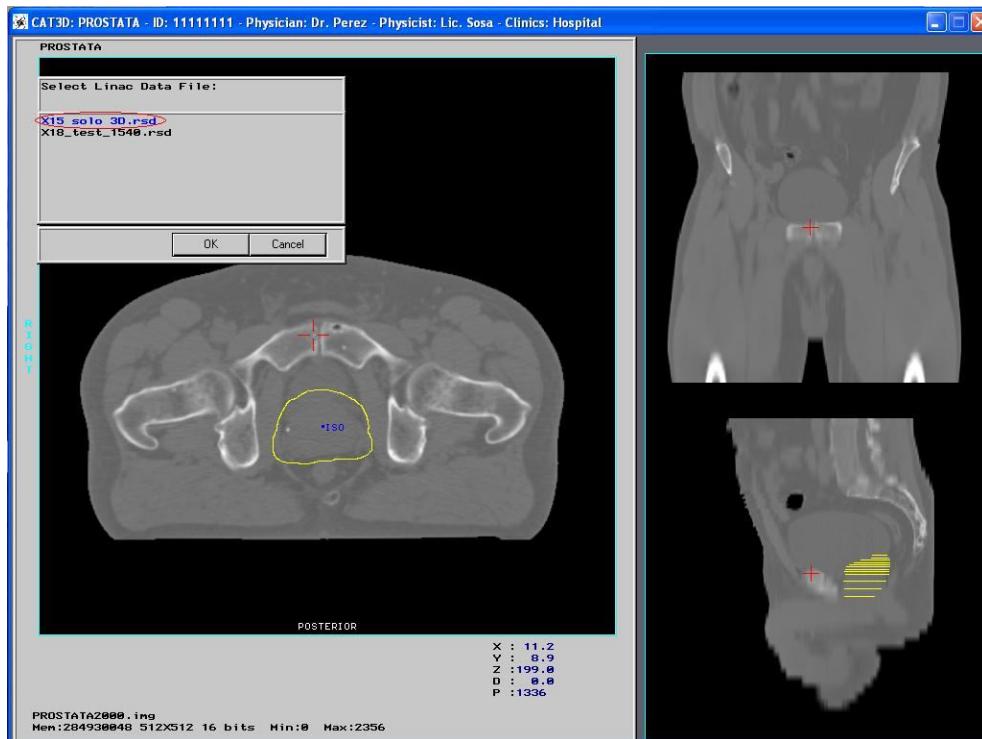
VII. Planificación 3D

VII.1. Cargar campos

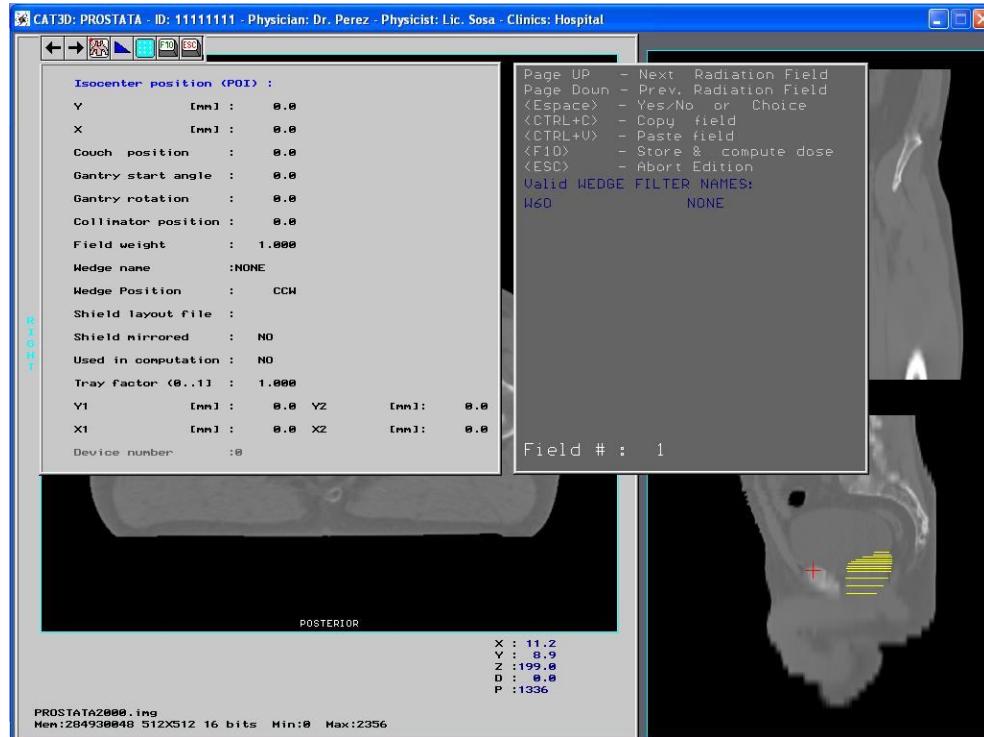
- Una vez elegido el POI en el cual se planificara (ISO en nuestro caso. Ver capítulo 4.8 center to POI), ir en la barra de herramientas del menú principal a teletherapy edit radiation field



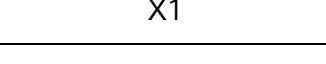
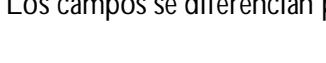
- Se abrirá una ventana con todos los archivos dosimetricos con extensión .rsd (Energía) que hay en la carpeta BLUE FRAME. Elegir y hacer clic sobre el correspondiente a la maquina y energía con la que se desea para planificar.



- 3) Aparecerá el menú de los campos en donde se deben ingresar todas las especificaciones de cada campo.

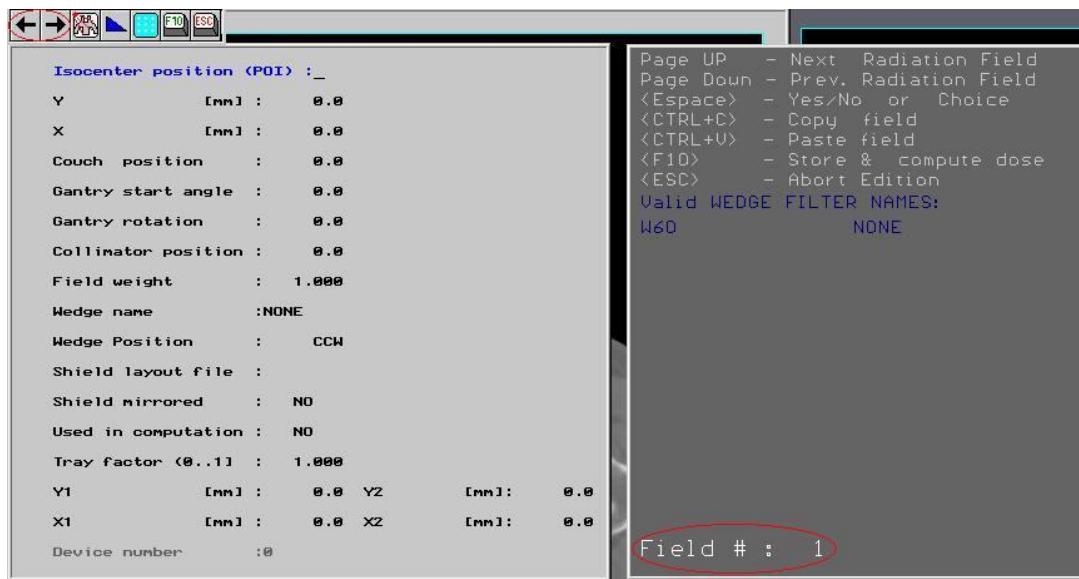


Isocenter Position (POI)	POI que corresponde al centro de ese campo y a la profundidad <i>Escribir el nombre del POI</i>
Y (cross plane)	Valor del lado del campo en mm cross plane <i>Escribir el valor</i>
X (cross plane)	Valor del lado del campo en mm in plane <i>Escribir el valor</i>
Couch Position	Angulo de giro del couch (camilla) <i>Escribir el valor</i>
Gantry Start angle	Angulo de incidencia de gantry para ese campo. <i>Escribir el valor</i>
Gantry rotation	Angulo de comienzo de rotación para un tratamiento de arco. <i>Escribir el valor</i>
Collimator position	Angulo de rotación del colimador <i>Escribir el valor</i>
Field weight	Contribución del campo en la dosis diaria total entregada <i>Escribir el valor</i>

	Wedge name Cuña a utilizar <i>Usar el botón cuña en la barra de herramientas superior.</i>
	Wedge position Posición de la cuña <i>Usar la barra espaciadora para pasar por las diferentes posiciones</i>
	Shield layout file Nombre del archivo correspondiente a la protección conformada de ese campo. <i>Se carga automáticamente después de dibujar. Se puede cargar desde el acceso en la barra de herramientas superior.</i>
	Shield mirrored Aviso si la protección conformada de este campo es una copia espejo de la protección de otro campo de tratamiento
	Used in computation Aviso de si ese campo se utiliza en el cálculo de la planificación. Para que el campo este encendido en la planificación debe decir YES. <i>Usar la barra espaciadora para pasar de yes a no</i>
	Tray factor Valor del factor de bandeja <i>Se carga automáticamente después de dibujar una protección. Se puede cargar desde el acceso en la barra de herramientas superior.</i>
Y1	Valor de la mordaza asimétrica cross plane. <i>Escribir el valor</i>
Y2	Valor de la mordaza asimétrica cross plane. <i>Escribir el valor</i>
X1	Valor de la mordaza asimétrica in plane. <i>Escribir el valor</i>
X2	Valor de la mordaza asimétrica in plane. <i>Escribir el valor</i>

NOTA: Si se utilizan asimétricos se debe ingresar en Y (X) el valor total del campo, o sea, la suma de las dos aperturas asimétricas.

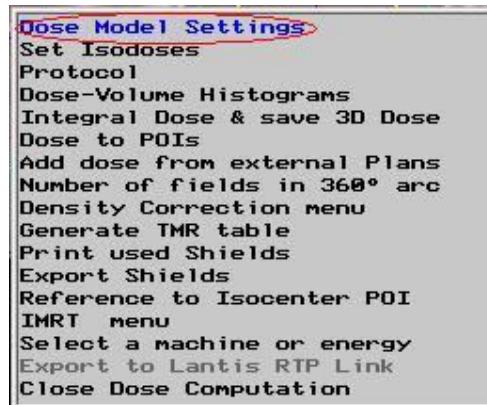
Las flechas de la barra de herramientas superior permiten cambiar de campo.
Los campos se diferencian por el número de cada uno.



- 4) Una vez cargados todos los campos de planificación, se asignara el punto de normalización y la dosis diaria del tratamiento. Ir al botón *fx* en la barra de herramientas del menú principal

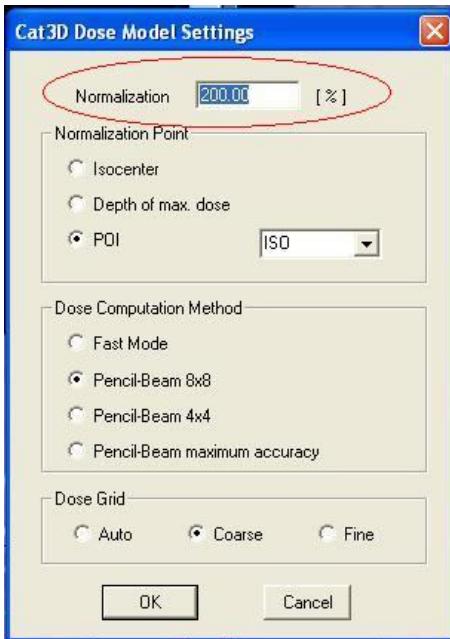


- 5) Hacer clic sobre Dose Model Settings



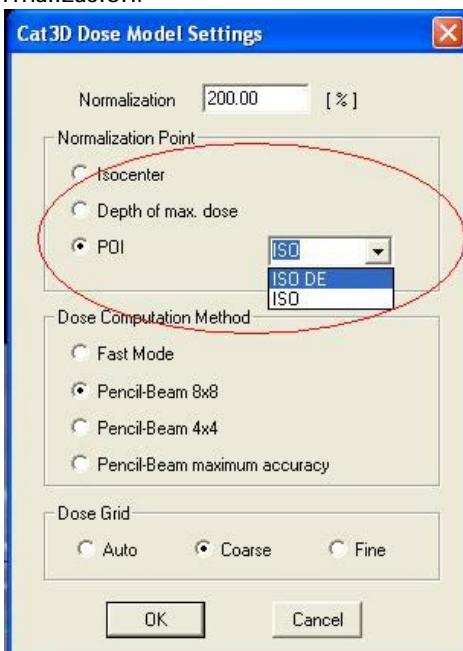
- 6) Se abrirá la ventana de dosis.

i) Dosis día:



La normalización total equivale a la dosis día del tratamiento en cGy. Debe ser igual a la suma de todos los pesos de los campos de tratamiento multiplicado por 100 (ejemplo: si la dosis diaria es de 200 cGy, dividimos este valor por 100 y obtenemos que la suma de los pesos de todos los campos de tratamiento deben sumar 2. Si el tratamiento consta de 4 campos, cada campo tendrá un peso de 2/4 = 0.5 si están todos igualmente pesados).

ii) Punto de normalización:

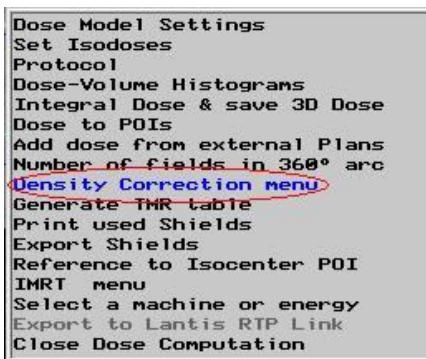


Isocenter: se normaliza en el isocentro de tratamiento (POI que figura en cada campo)
 Depth of max. Dose: Se normaliza en el punto de máxima dosis de cada campo
 POI: Se normaliza en un POI específico. En la ventana de la derecha se despliega una lista con todos los POI en el plan.

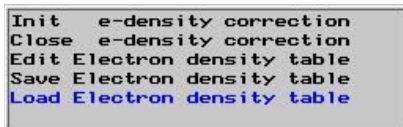
iii) Método de cómputo: Por default BLUE FRAME calcula con pencil-Beam 8x8, pero esto se puede cambiar.

iv) Grilla de dosis. Auto es la mejor elección.

- 7) Luego desde *fx* nuevamente ir a Density correction menú para cargar la tabla de densidades.

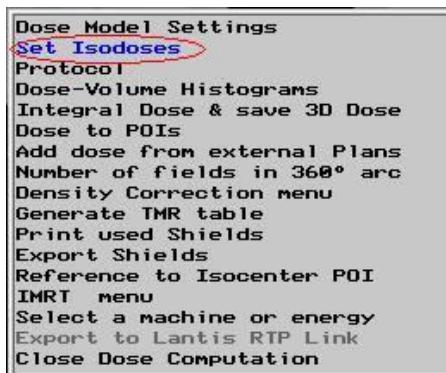


Hacer clic sobre load electrón density table y luego sobre la tabla (tomógrafo) correspondiente a esta tira de imágenes.

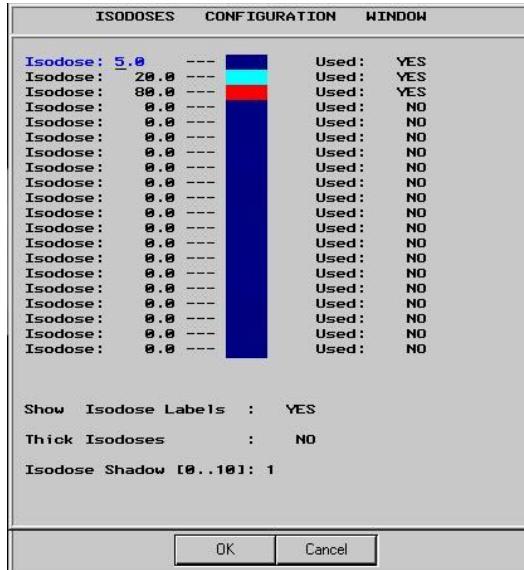


NOTA: BLUE FRAME incorpora la tabla de corrección de densidades (heterogeneidades) automáticamente. Para crear esta tabla, que solo pertenece al tomógrafo que se utiliza, cargar imágenes en el BLUE FRAME de este tomógrafo. Luego ir a init e-density correction. Luego a Edit Electrón density table para poner el nombre y finalmente en Save Electrón density table para guardar esa tabla.

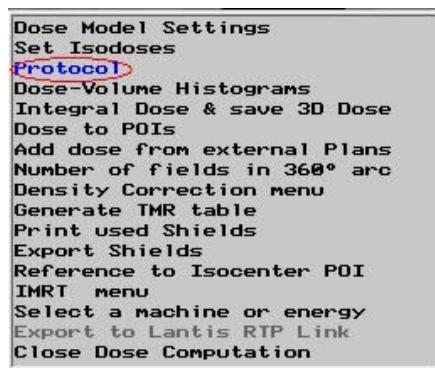
- 8) Una vez cargados todos los campos, para elegir las curvas de isodosis que se quieren mostrar ir a *fx* y luego a set isodosis



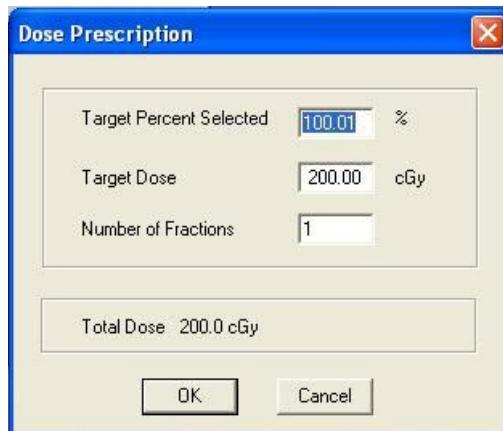
- 9) En la primera columna se ingresa el valor de la isodosis, en la segunda el color de la línea y en la tercera si aparece o no en la visualización (esto último se hace con la barra espaciadora).



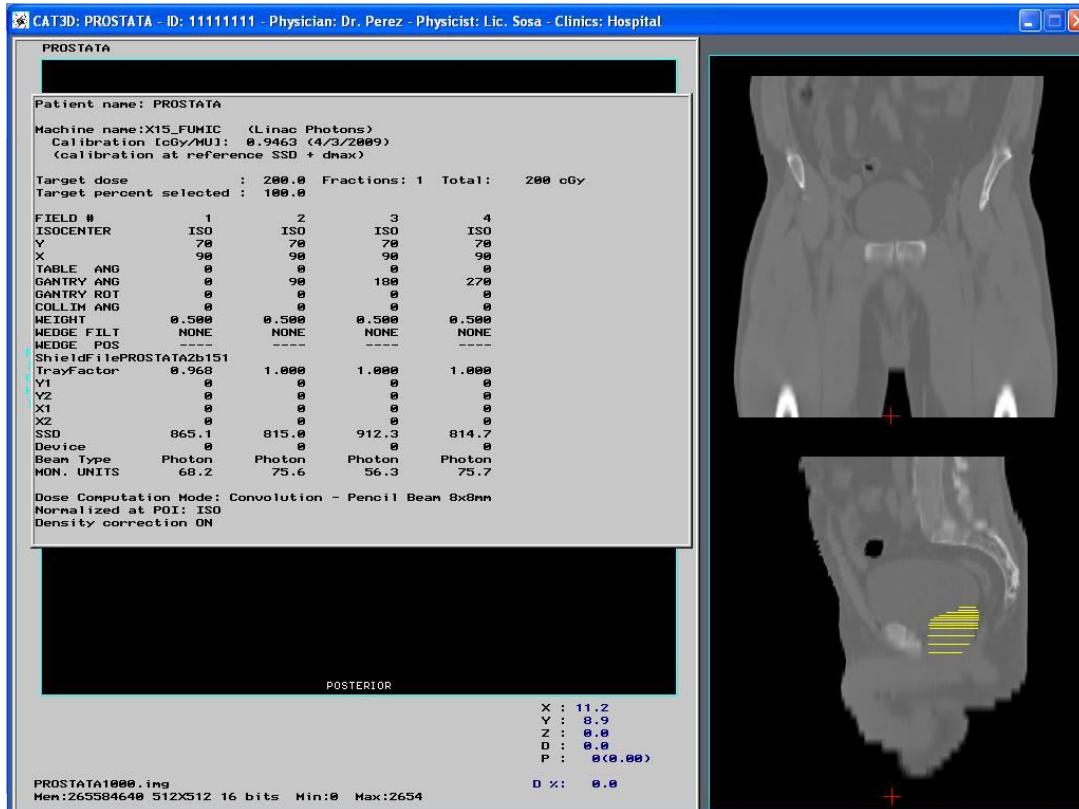
- 10) Para imprimir el protocolo ir a *fx* y luego a protocol



- 11) Luego ingresar el porcentaje de dosis asignado al punto de normalización (generalmente el 100%), la dosis día y el numero de aplicaciones (para llegar a la dosis total)



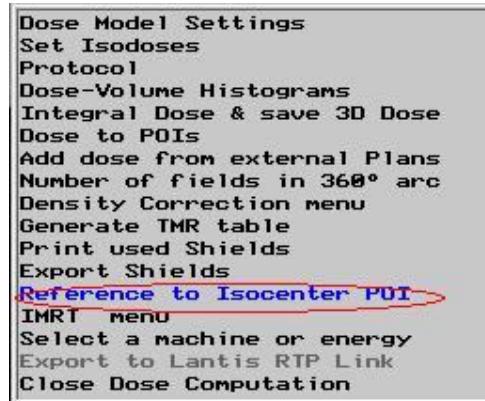
12) Finalmente se muestra el protocolo.



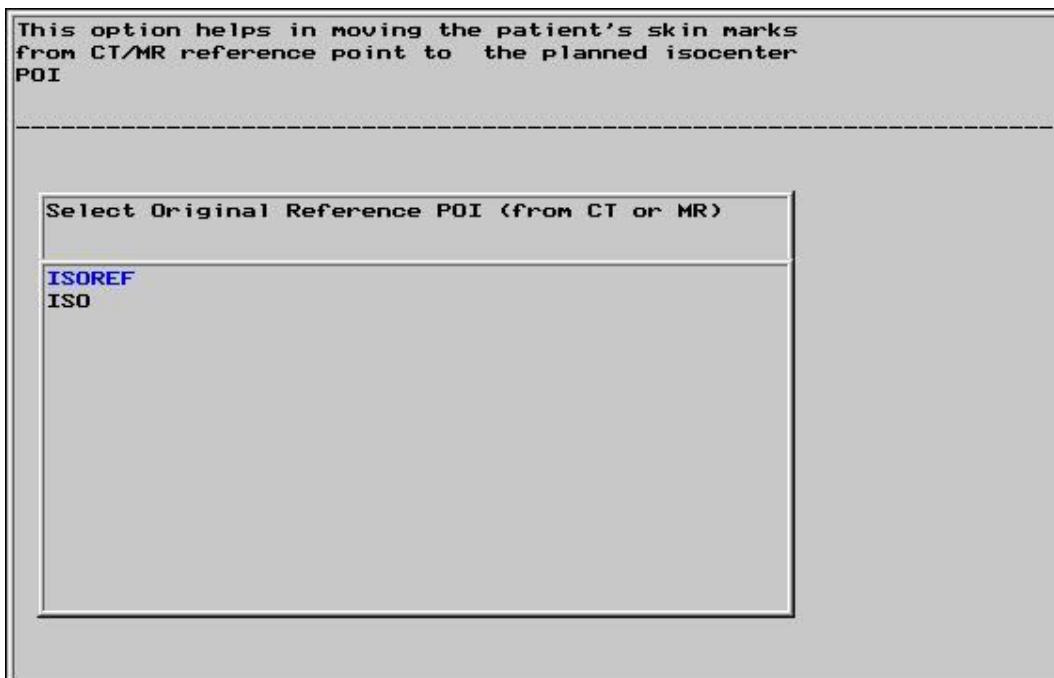
Para imprimir solo apretar ENTER. Aparecerá la ventana preguntando si se quiere imprimir el protocolo. Hacer clic en yes.



- 13) Finalmente, se imprime el corrimiento del isocentro de referencia al isocentro de tratamiento. Ir a *fx* y luego a Referencia to Isocenter POI



- 14) Hacer clic primero en el isocentro de referencia y en la segunda ventana emergente en el isocentro final.



- 15) En la ventana emergente aparecerá cuanto es la distancia entre los dos puntos en milímetros.

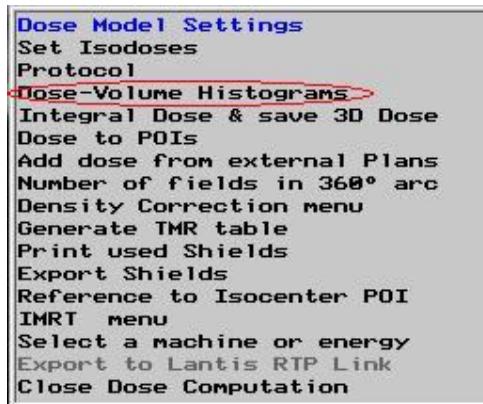
IMPORTANTE: Estos movimientos son validos solo si el paciente esta en posición Supino (Decúbito Dorsal) y con la cabeza hacia el gantry. De otra forma, hay que hacer los cambios correspondientes.

```
This option helps in moving the patient's skin marks  
from CT/MR reference point to the planned isocenter  
POI  
  
Original Reference POI was: ISOREF  
Planned Isocenter POI is : ISO  
  
To change the skin markers from original reference to planned  
isocenter, do as follows :  
  
    0.7 mm to left side of the patient  
    30.6 mm to back side of the patient  
    21.0 mm to feet direction  
  
NOTE: valid only for patient laying FACE-UP and HEAD-FIRST  
  
Do you want to printed this page ? (Y/N) :
```

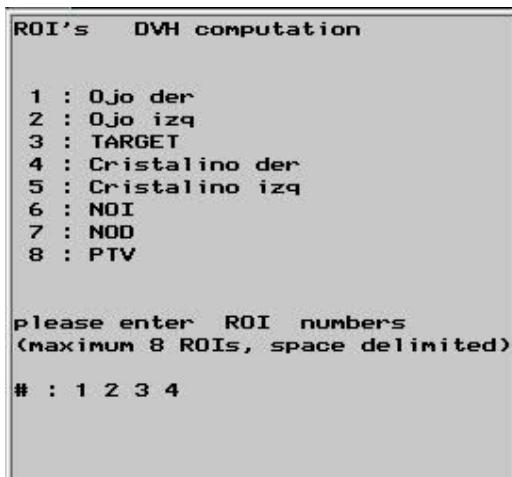
Luego presionar Y para imprimir.

VII.2.DVH

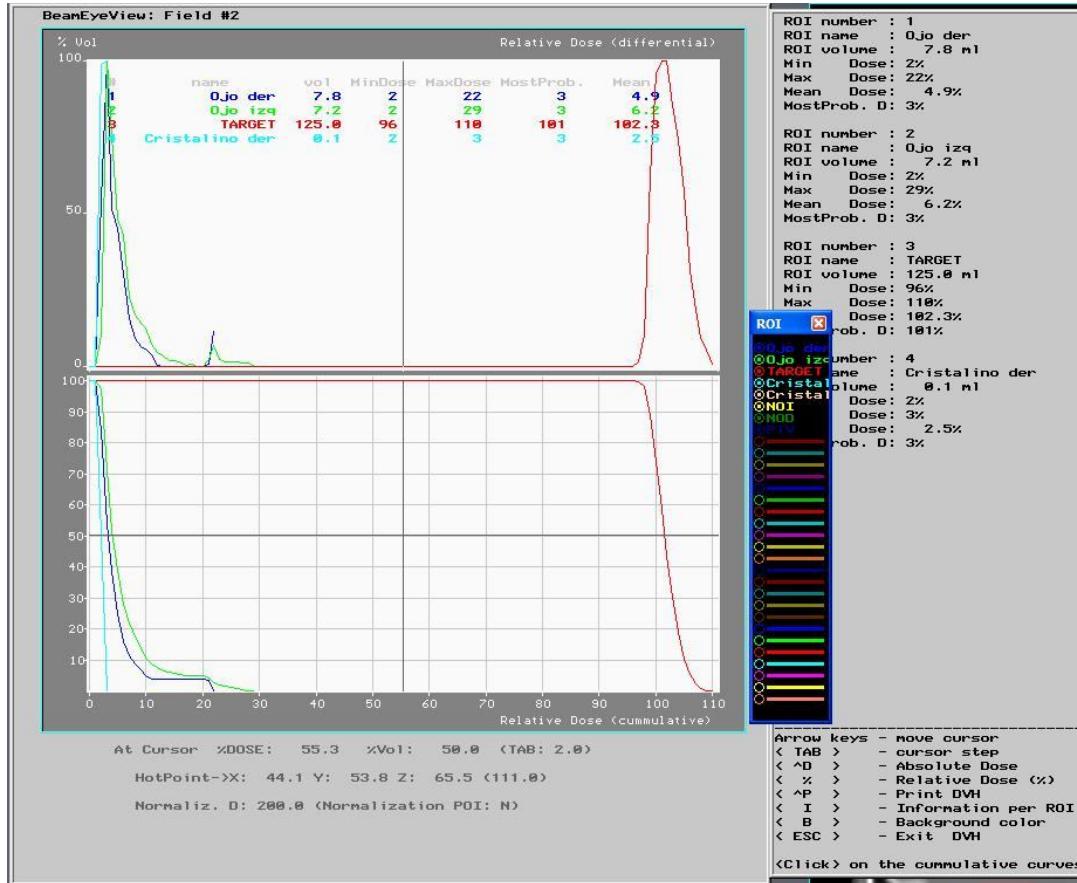
- 1) Para calcular un DVH de 1 solo plan de tratamiento (si son mas de 1 plan y hay que sumar ir a capitulo 6.2) en fx ir a Dose-volume Histogram.



- 2) Luego ingresar el número, separado por un espacio, correspondiente a cada ROI del cual se quiere aparezca en el DVH. Presionar ENTER. Recordar que no se pueden ingresar mas de 8 ROI's en el DVH.



- 3) El DVH superior corresponde al frecuencial, mientras que el inferior es el cumulativo. Presionando % se leen las dosis en porcentajes y presionando la tecla D se pasa a dosis absoluta (en cGy).



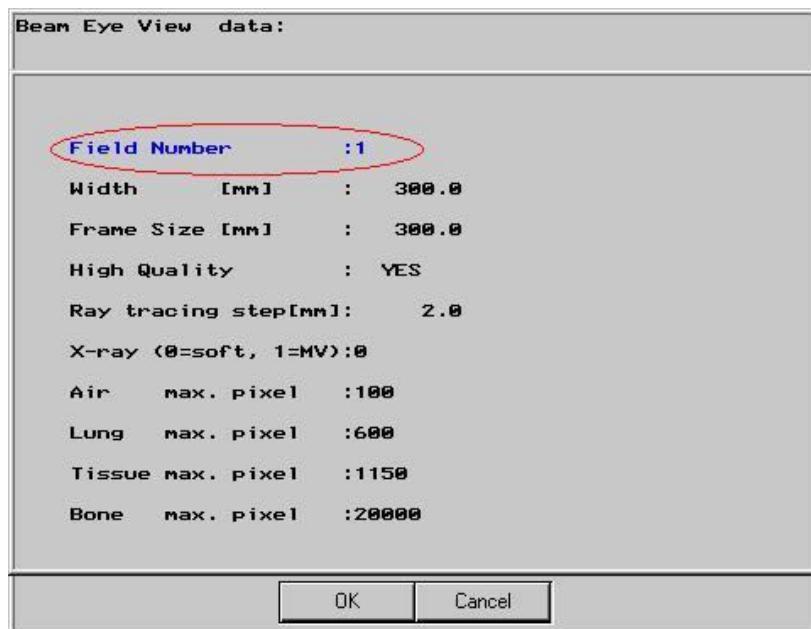
Para imprimir presionar ctrl+p y para salir ESC. En la ventana de la derecha se pueden observar todos los datos de cada uno de los ROI's del DVH.

VII.3.BEV

- 1) Para utilizar la vista BEV de un campo hacer clic sobre la herramienta BEV en la barra de herramientas del menú principal.



- 2) Se abrirá la ventana BEV donde se ingresan los datos del campo a ver. El numero del campo irá en la primera fila.



Width es el ancho de la ventana

Frame size es el alto de la ventana

High quality: YES por default, pero se puede cambiar con la barra espaciadora.

Ray tracing step: valor de la separación entre cortes de la tomografía.

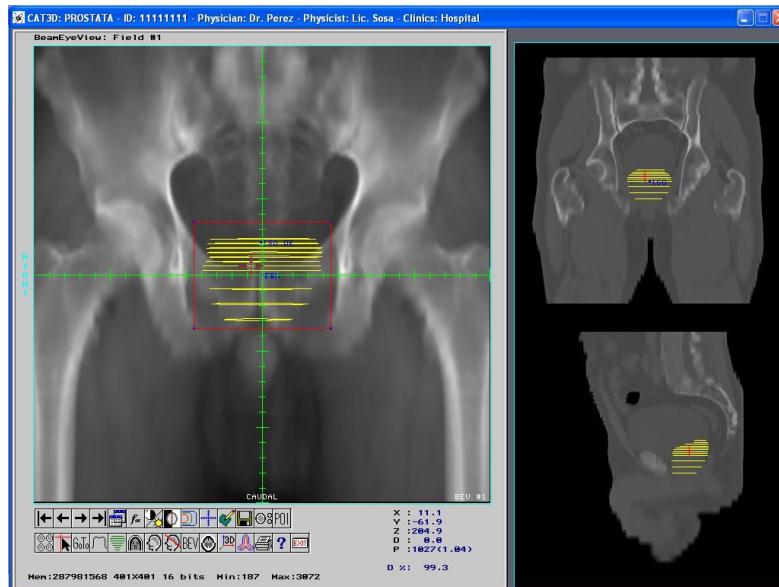
Air: 15

Lung: 40

Tissue: 1000

Bone: 2000

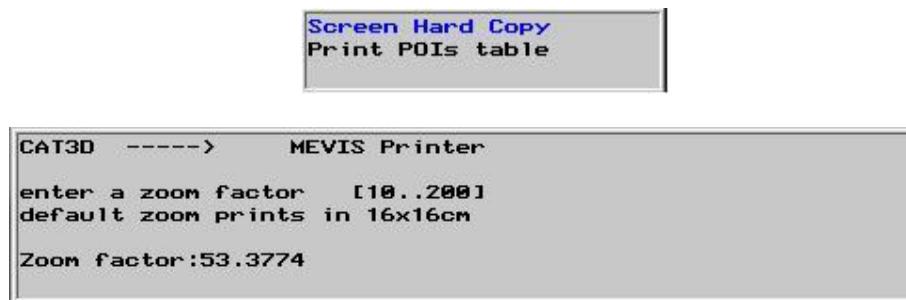
- 3) Una vez dentro del BEV se puede cambiar la ventana de contraste y grises presionando el botón derecho del Mouse y arrastrándolo (los valores antes mostrados entregan una buena ventana de grises).



- 4) Para imprimir la vista de BEV se debe hacer clic sobre el botón impresora en la barra de herramientas del menú principal.



Luego sobre screen hard copy. Luego elegir la magnificación (50 significa 0.5).

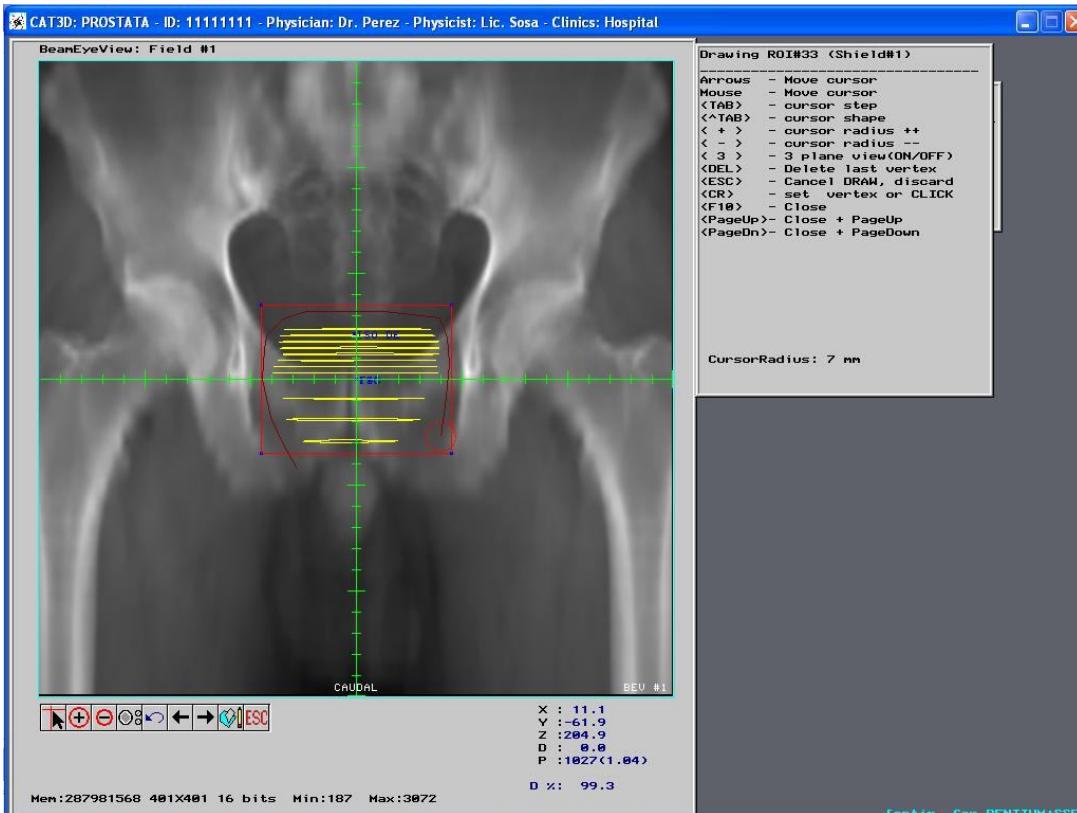


VII.4. Dibujar Protecciones

- 1) Para dibujar una protección en un campo se debe estar dentro de la vista BEV. Hacer clic sobre el menú de ROI en la barra de herramientas del menú principal y luego a draw SHIELD

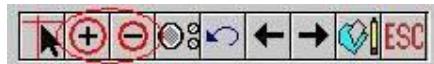


- 2) Se abrirá la ventana de dibujo. BLUE FRAME delimita APERTURAS de los campos, por lo que se debe tener presente que de lo que se delimita no es una protección, si no una apertura y la protección es lo que queda fuera de la línea dibujada.

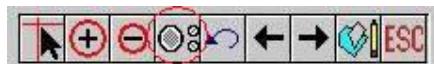


3) En el menú:

- i) Con los botones + y - se cambia el radio del cursor.



- ii) Con el botón siguiente se muestra y se oculta la vista 3D



- iii) Con la flecha azul se borra el ultimo segmento dibujado



- iv) Presionando F10 se dibuja automáticamente un segmento entre el primer y ultimo punto dibujados, cerrando la apertura.

4) Una vez cerrada la protección se abrirán 2 ventanas. En la primera se puede escribir un comentario sobre la protección y luego presionar ENTER. Para equipos MLC se ajustan las láminas al shield dibujado.

```
COMMENT :field:01, gantry angle: 0 <X15_FUMIC>
```

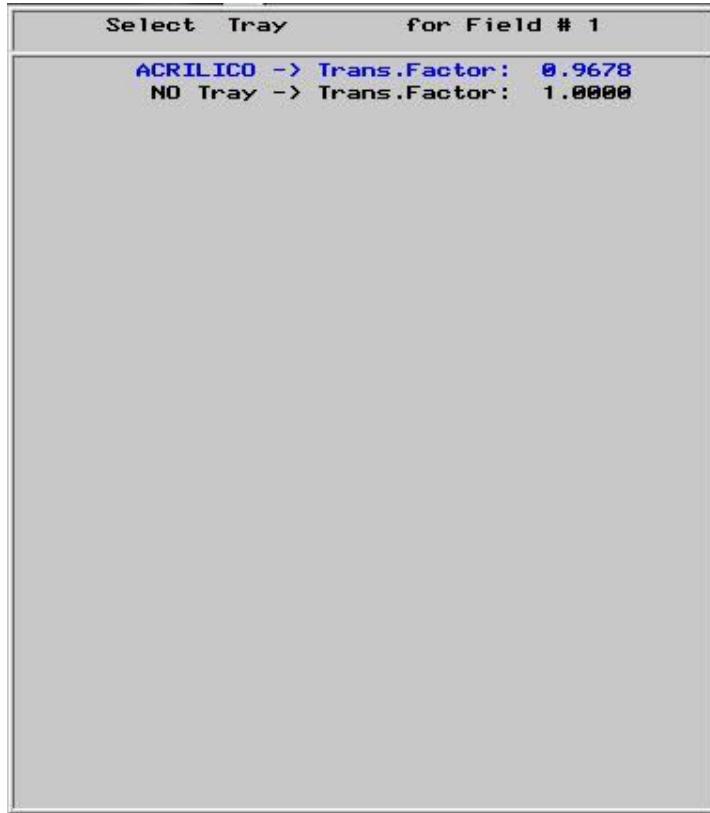
(press ENTER to accept the proposed comment or edit it)

Luego en la ventana emergente se escribe el nombre del archivo .pb que figurara en el protocolo para ese campo y ENTER.

```
FILE NAME (no path, no extension) : PROSTATA2b141
```

(press ENTER to accept the proposed file name)

Finalmente se carga la bandeja a utilizar.



En las versiones de anteriores a la 7.09 al usar MLC, la distribución de dosis se calcula en base al shield obtenido y se ajusta el ángulo de colimador para que el MLC ajuste de la mejor forma el shield. En el caso de equipos MLC Varian, se puede utilizar la herramienta del propio linac, llamada Shaper.exe, para obtener automáticamente el ángulo de colimador óptimo para cada campo. Esto fue así a pedido de los usuarios, para no tener que ingresar nuevamente el ángulo del colimador obtenido en el shaper al TPS.

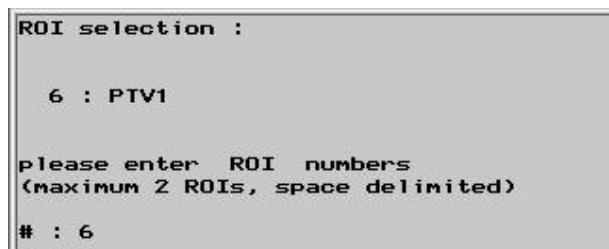
Desde la versión 7.09 la distribución de dosis se calcula con la forma del MLC y sus limitaciones. Es importante advertir que, si no se optimiza la posición del colimador, la apertura de las láminas puede no ajustarse en forma correcta a la apertura deseada. De utilizar el shaper.exe para obtener el ángulo de colimador óptimo, a partir de la versión 7.09 se deberá reingresar el ángulo del colimador en el plan de tratamiento y evaluar de nuevo DVH, um y distribuciones de dosis.

Dibujar una protección automática.

- 1) Para dibujar una protección automática ir al menú de ROI en la barra de herramientas del menú principal y hacer clic sobre Auto SHIELD.



- 2) En la ventana emergente ingresar el número del ROI a contornear.



- 3) Luego la distancia entre la protección (apertura) y el ROI. Esta puede ser isotropita o anisotropica.



- 4) Una vez cerrada la protección se abrirán 2 ventanas. En la primera se puede escribir un comentario sobre la protección y luego presionar ENTER.

```
COMMENT :field:01, gantry angle:  0 <X15_FUMIC>

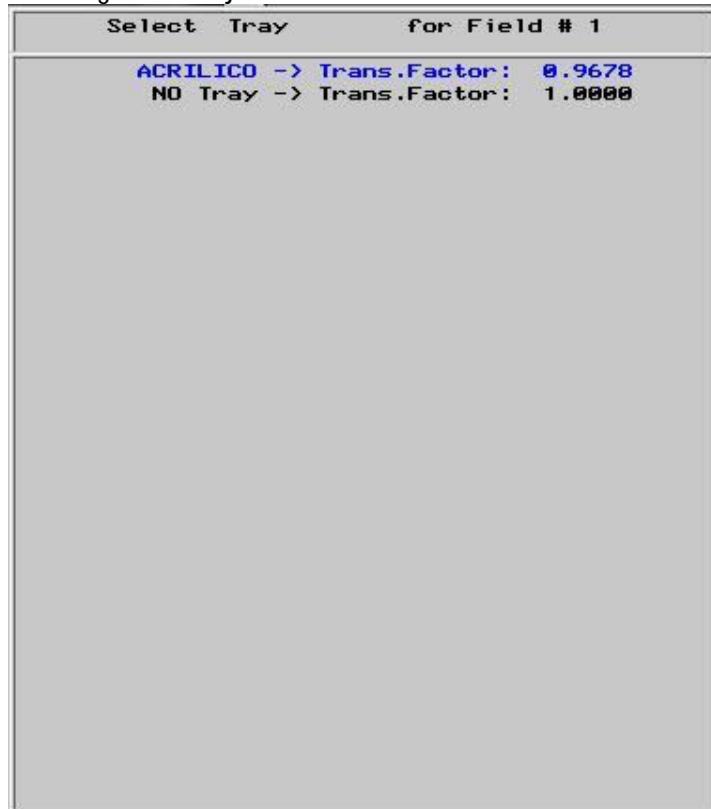
(press ENTER to accept the proposed comment or edit it)
```

Luego en la ventana emergente se escribe el nombre del archivo .pb que figurara en el protocolo para ese campo y ENTER. **Esta es la forma más recomendable para dibujar protecciones con un equipo MLC. Las láminas se ajustan al shield.**

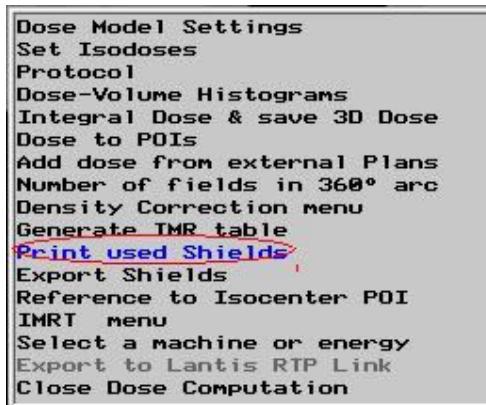
```
FILE NAME (no path, no extension) : PROSTATA2b141

(press ENTER to accept the proposed file name)
```

Finalmente se carga la bandeja a utilizar.



- 5) Para imprimir todas las protecciones ir a *fx* y luego a print used shields



- 6) Luego preguntara si se quieren imprimir todas las protecciones y elegir yes. Ingresar la distancia entre la fuente y el pantógrafo en la primera ventana. NO es necesario hacerlo para las demás impresiones.

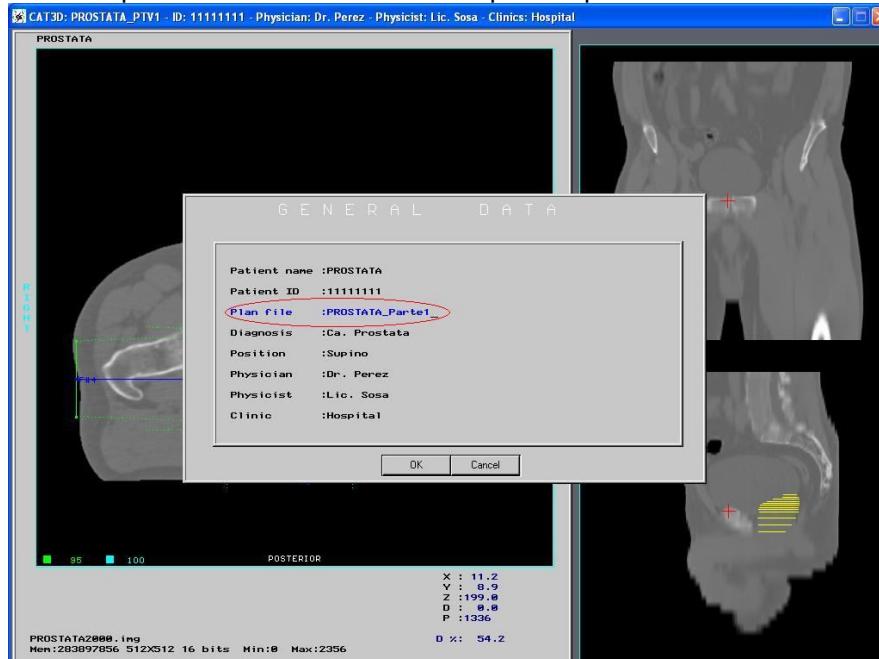


- 7) Luego hacer clic en yes para confirmar la impresión de esa protección. Si no se quiere imprimir la impresión, hacer clic en no y BLUE FRAME pasara automáticamente a la siguiente protección a imprimir.



VII.5. Suma de Planes

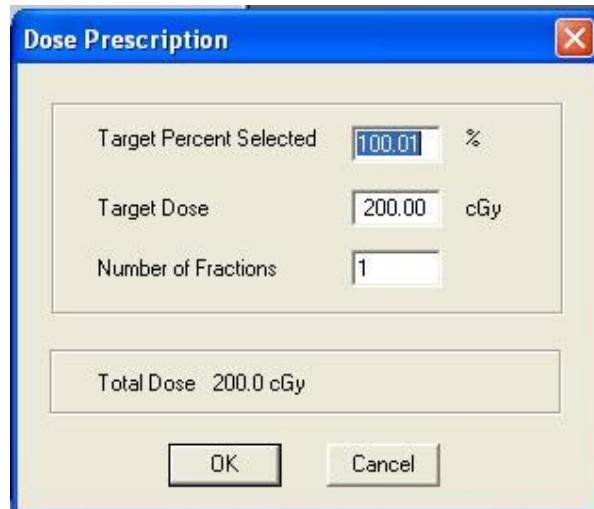
- 1) Para comenzar con la suma de planes, se deben tener abiertas todas las partes del plan. Las diferentes partes del plan se deben haber guardado con diferente nombre en plan file. El nombre del paciente será el mismo para los diferentes planes, pero una parte de la otra se diferenciará por el Plan File. Así tendremos parte 1, parte 2, etc.



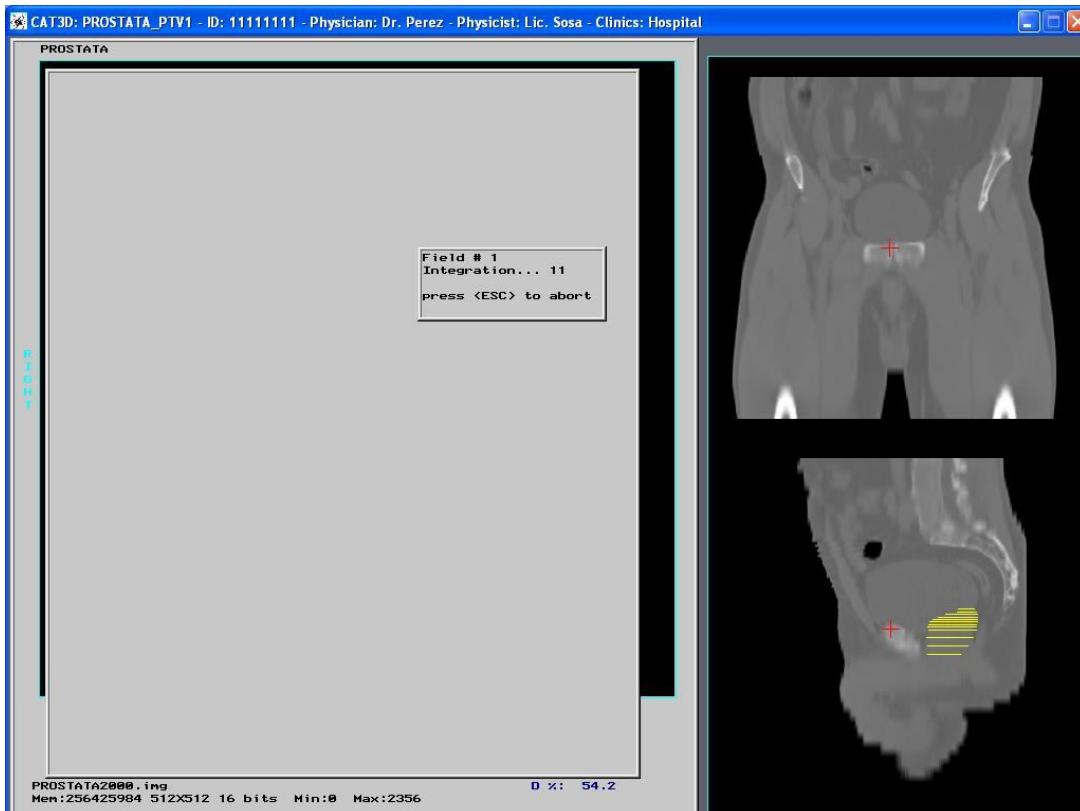
- 2) Lo que primero se hará es definir la dosis de cada parte del plan, para finalmente sumar todo desde la última parte. Para esto, sin modificar nada en el plan, ir a *fx* en la barra de herramienta principal y de allí a *Integral dose & Save 3D dose*.



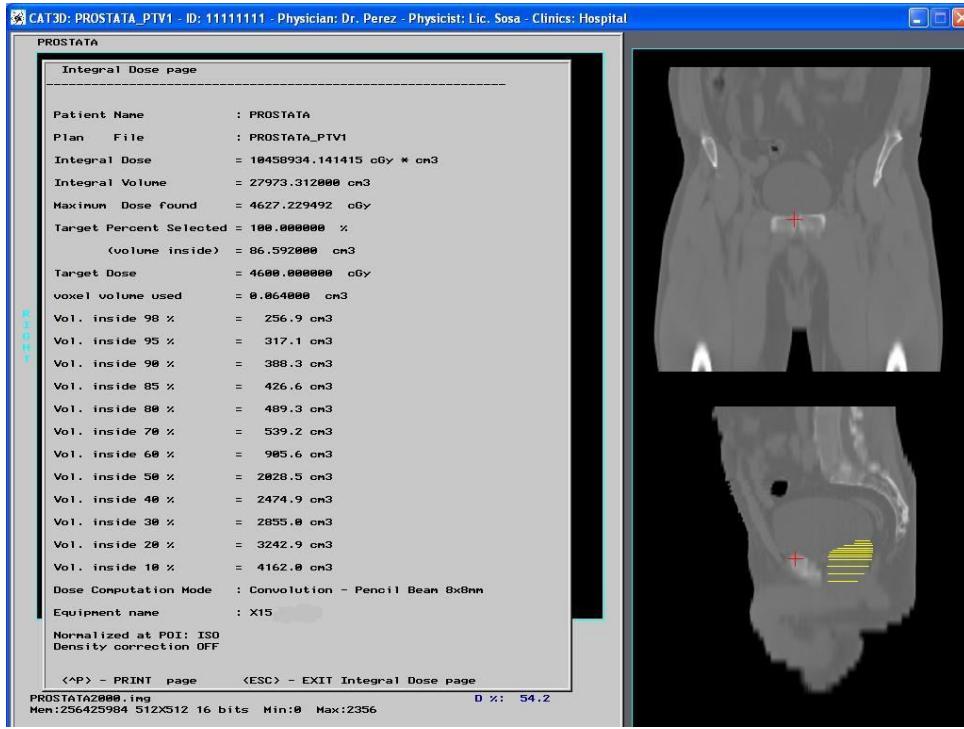
- 3) Luego de esto se abrirá una pantalla en donde definiremos nuestra dosis por aplicación y nuestra dosis total (Número de aplicaciones).



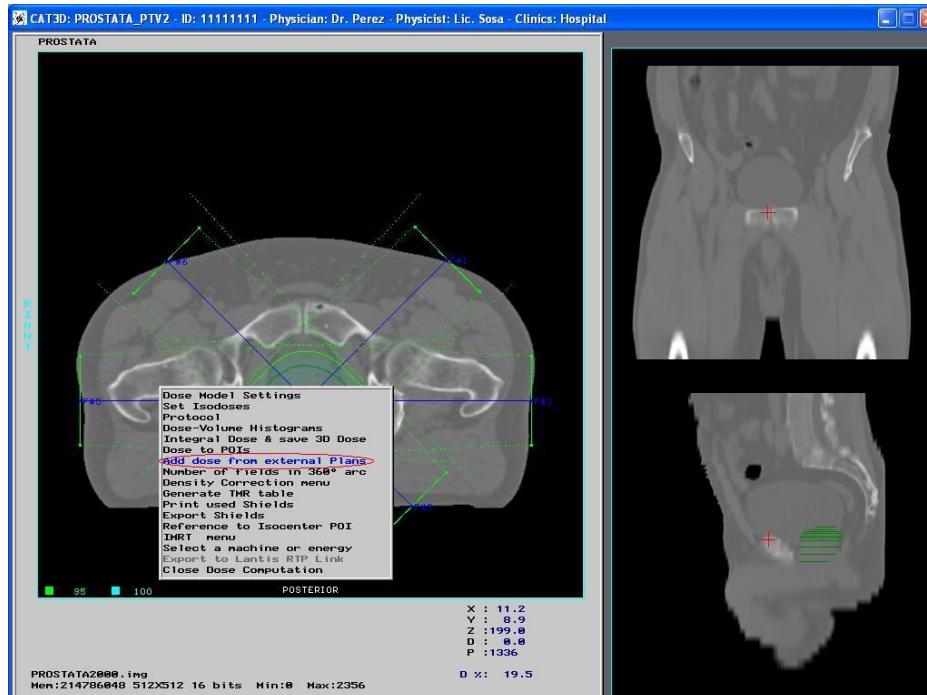
- 4) En esta ventana ingresar los datos solicitados. Porcentaje de normalización, Dosis diaria al Target y Número de fracciones. Luego OK.
El Planificador comenzara a sumar esa parte del plan.



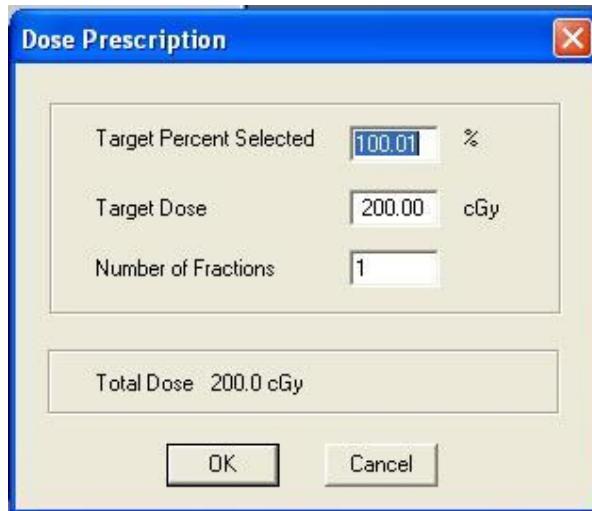
- 5) Una vez finalizada la suma, aparecerá la siguiente pantalla. Solo apretar ESC.



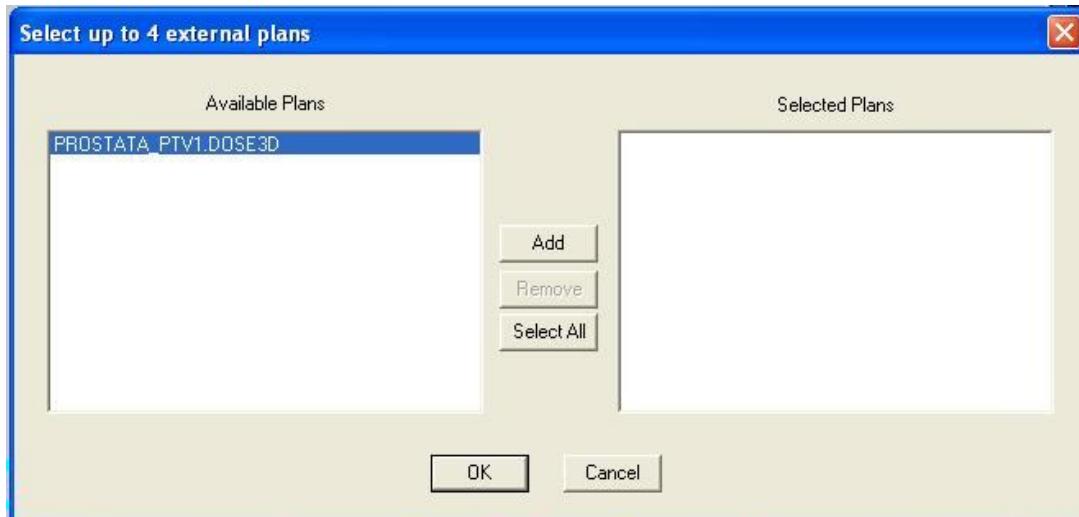
- 6) Una vez terminado de sumar esa parte del plan, se debe proseguir de la misma forma e ingresar todas las partes que restan, excepto la última, desde la cual se sumara todo el plan.
- 7) Ya ingresadas todas las partes, se selecciona la ultima parte. Vamos nuevamente a *fx* y luego a Add dose from external plans para completar al suma del plan.



- 8) Se abrirá nuevamente la ventana de suma y aquí se ingresaran los datos de dosis de este plan solamente (exactamente como se hizo para cada plan en particular).

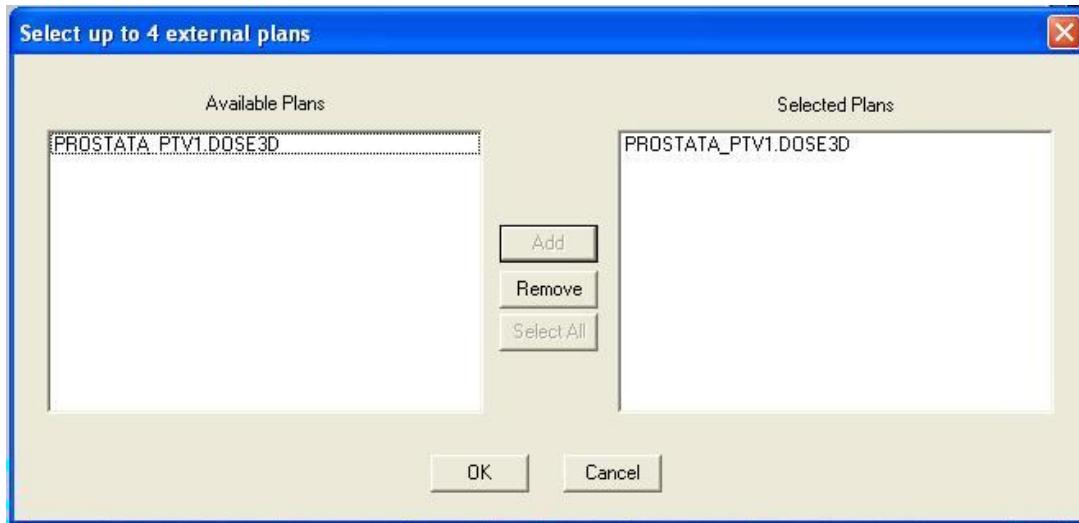


- 9) Luego de llenar el cuadro se abrirá el último cuadro de la suma de planes, en donde se seleccionaran todas las partes que se quieren sumar.
NOTA: La ultima parte ya esta seleccionada, ya que es desde donde estamos sumando.



- 10) En esta ventana, en la parte izquierda se encuentran todas las partes del plan ya exportadas para la suma total. Para obtener la suma total, hay que seleccionar la parte que se desea sumar y hacer clic sobre Add. Así se procederá con todas las partes que se deseen agregar a la suma total.
NOTA: En esta figura solo aparece una parte. Allí aparecerán todas las partes exportadas si son más de una.

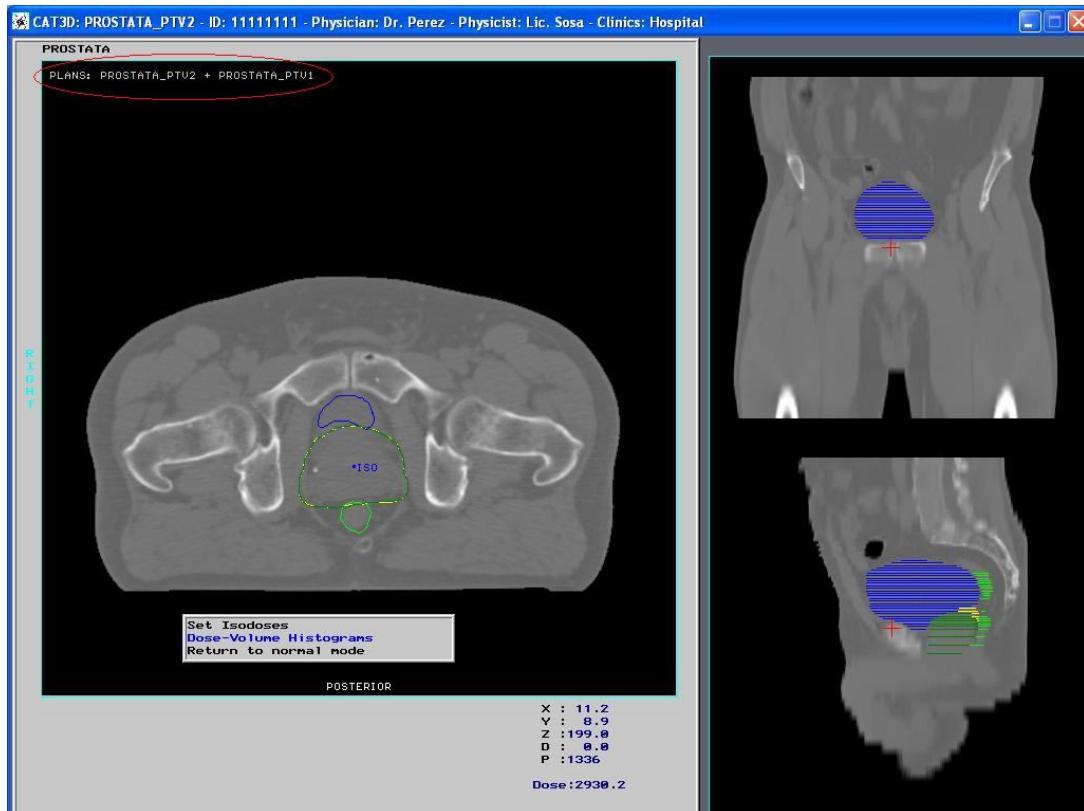
- 11) Una vez seleccionada esta parte y clic sobre Add, esta misma parte aparecerá en el cuadro de la derecha. Eso significa que esta parte ya fue seleccionada.



- 12) Una vez seleccionadas todas las partes, hacer clic OK. Así comenzara la suma final.



- 13) Una vez terminada la suma, el planificador entrara en el menú suma. Desde el menú suma no se podrá realizar ningún cambio en los planes. Solo elegir las curvas de isodosis, ver los HDV y retornar al modo normal (los que sería salir del modo suma).
NOTA: Nótese que en la parte superior de la ventana aparecerán todos los planes que están siendo sumados.
IMPORTANTE: Todos los valores de dosis en el menú suma están en cGy, de la misma forma que fueron ingresados.

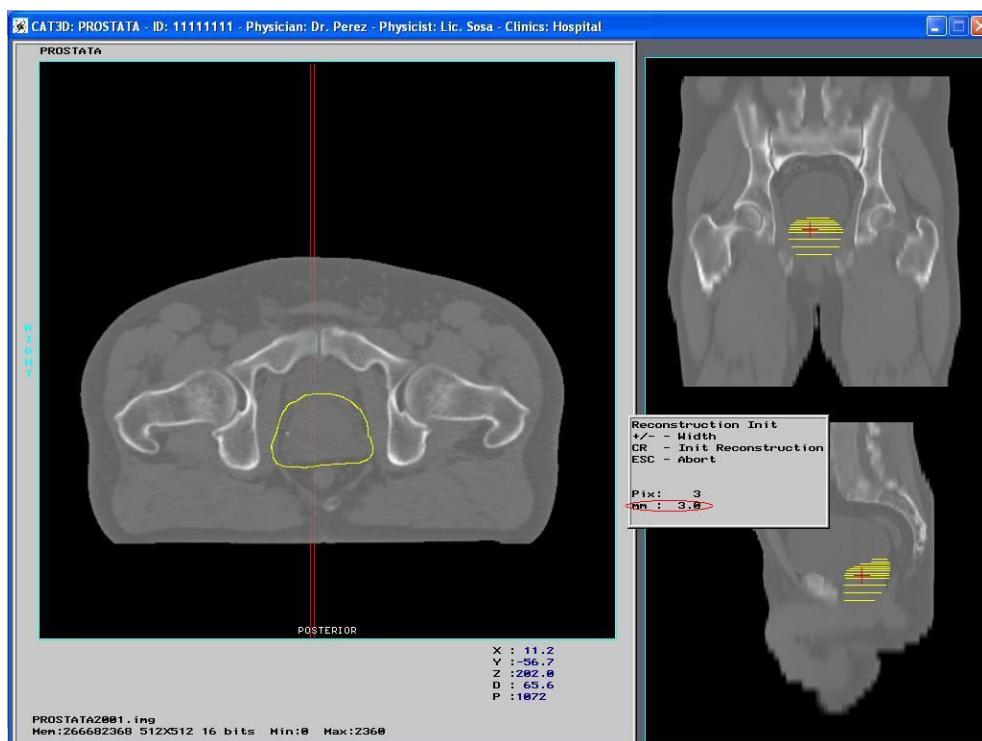


VII.6.Crear diferentes vistas (SAG-COR-Oblicua)

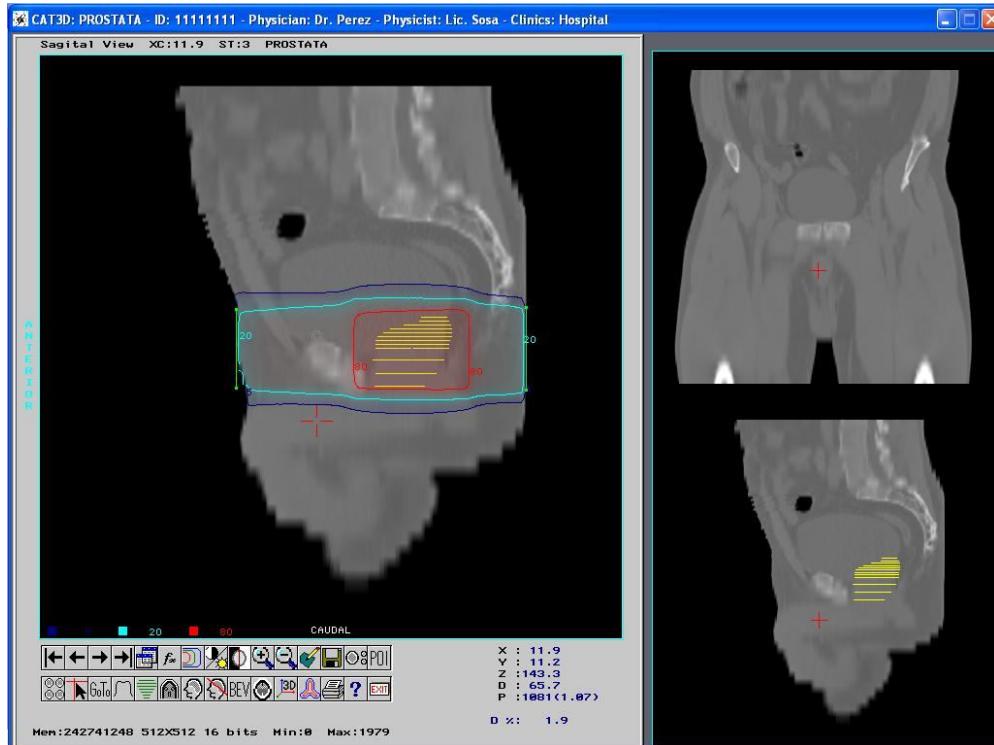
- 1) Para ver una vista sagital en cualquier lugar del paciente, posicionar el cursor donde se quiere obtener la vista y hacer clic sobre el botón sagital en la barra de herramientas del menú principal



- 2) Se abrirá una ventana en donde se verán dos líneas rojas en sentido vertical. Estas líneas delimitarán el espesor del corte sagital que se hará sobre el paciente. Con la tecla + se puede aumentar el espesor y con la – disminuir.



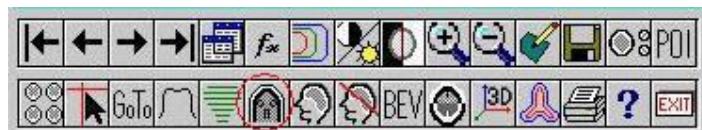
- 3) Así se pueden analizar las distribuciones de isodosis en las diferentes vistas del paciente.



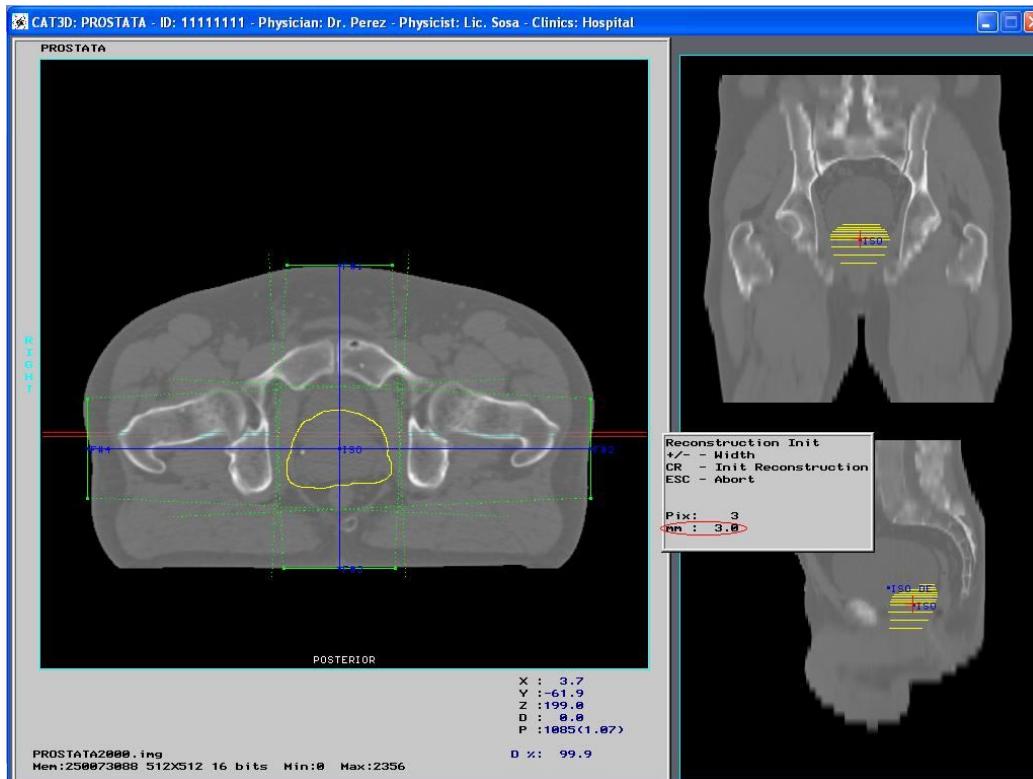
Para regresar a la vista axial utilizar la tecla GOTO a algún POI marcado.

Vista Coronal.

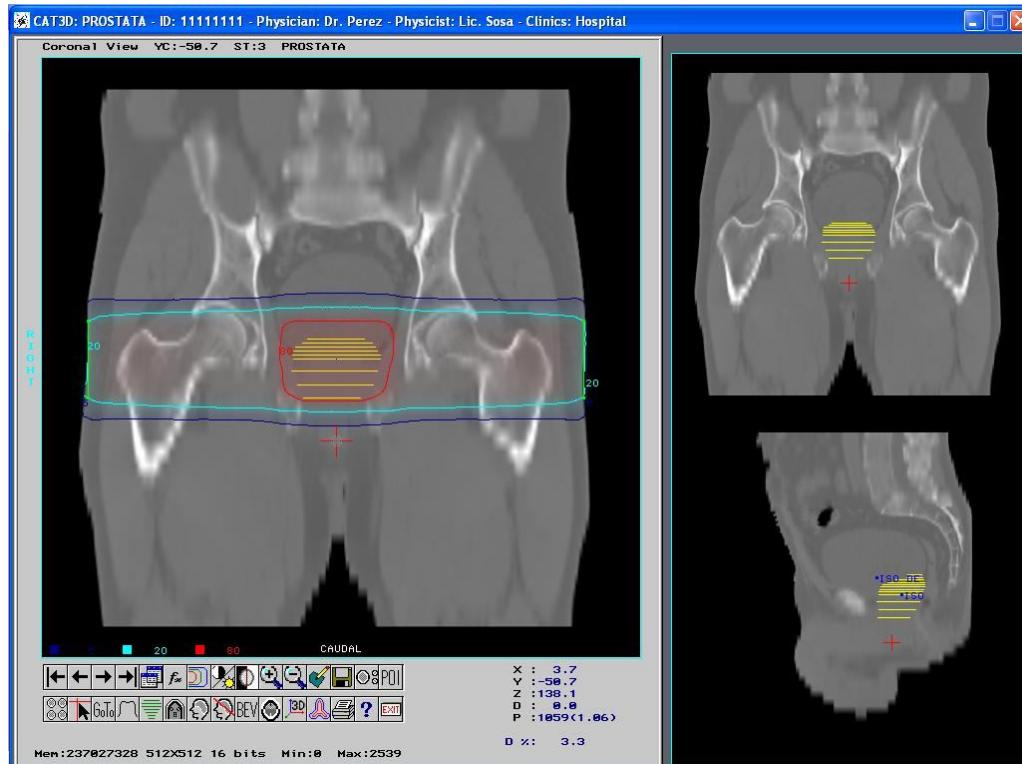
- 1) Para ver una vista coronal en cualquier lugar del paciente, posicionar el cursor donde se quiere obtener la vista y hacer clic sobre el botón coronal en la barra de herramientas del menú principal



- 2) Se abrirá una ventana en donde se verán dos líneas rojas en sentido horizontal. Estas líneas delimitaran el espesor del corte sagital que se hará sobre el paciente. Con la tecla + se puede aumentar el espesor y con la - disminuir.



- 3) Así se pueden analizar las distribuciones de isodosis en las diferentes vistas del paciente.



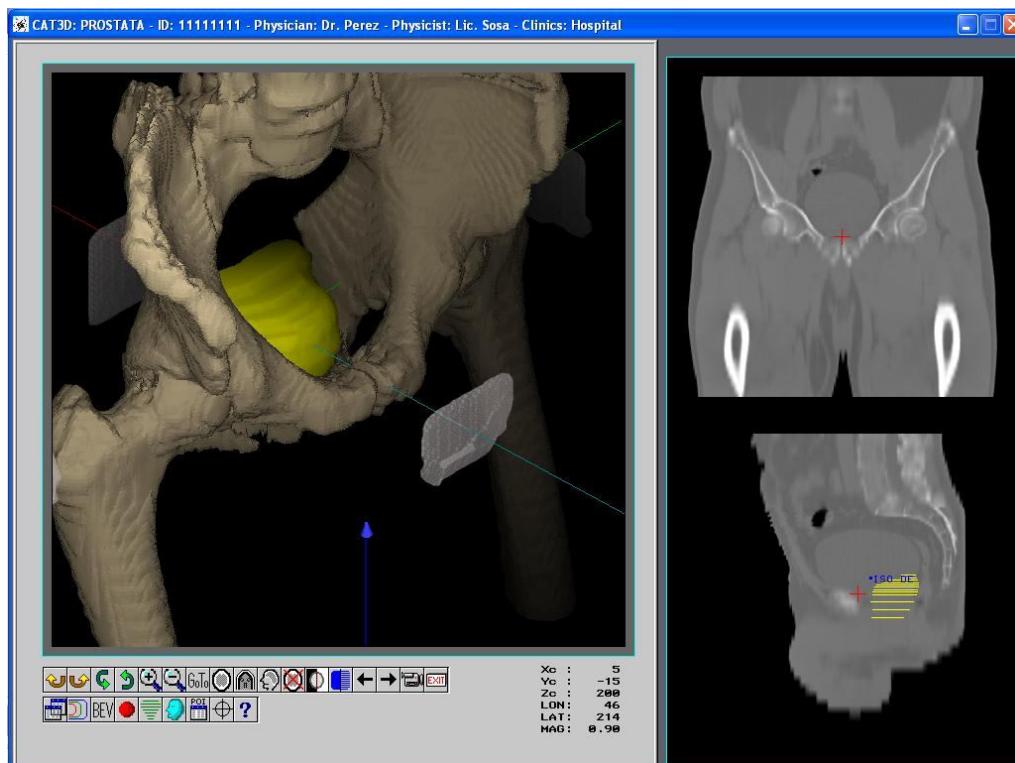
Para regresar a la vista axial utilizar la tecla GOTO a algún POI marcado.

VII.7. Reconstrucción 3D

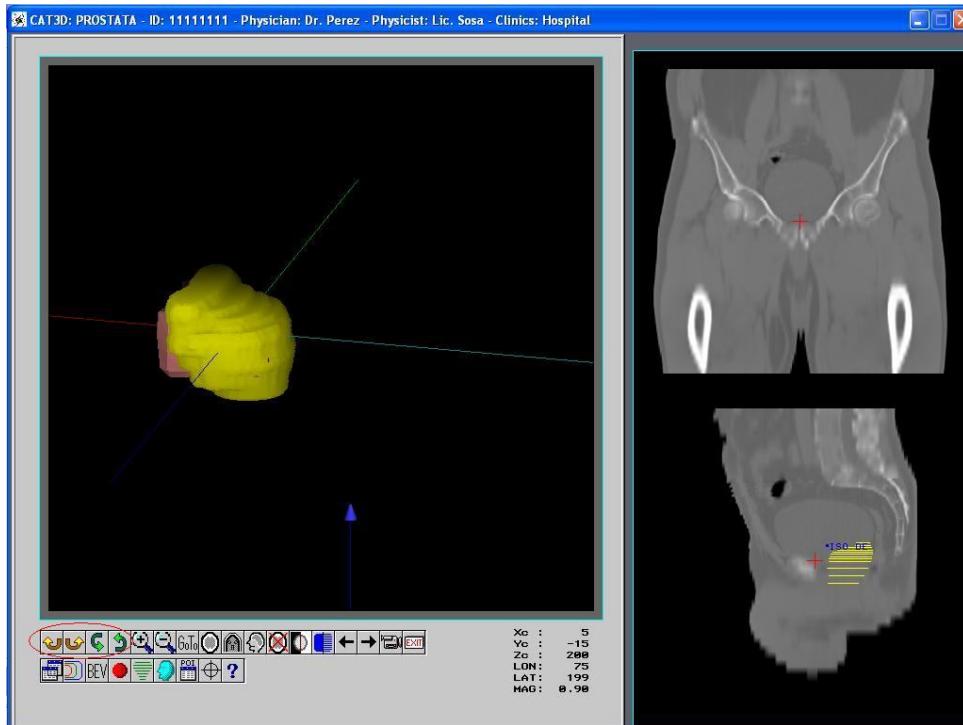
- 1) Para la vista 3D, iniciar haciendo un clic sobre el botón 3D en la barra de herramientas del menú principal.



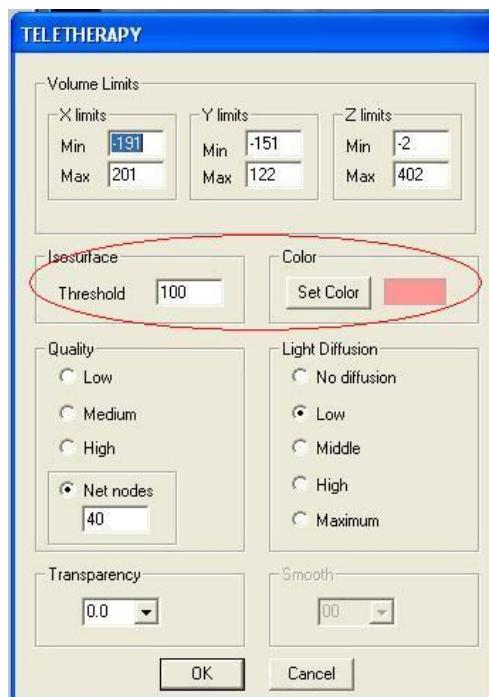
- 2) En la ventana emergente presionar sobre YES
- 3) Presionar las teclas D para encender o esconder la anatomía y la tecla A para mostrar o esconder la dosis en piel de cada campo. Así solo se tendrá una reconstrucción de los ROI.



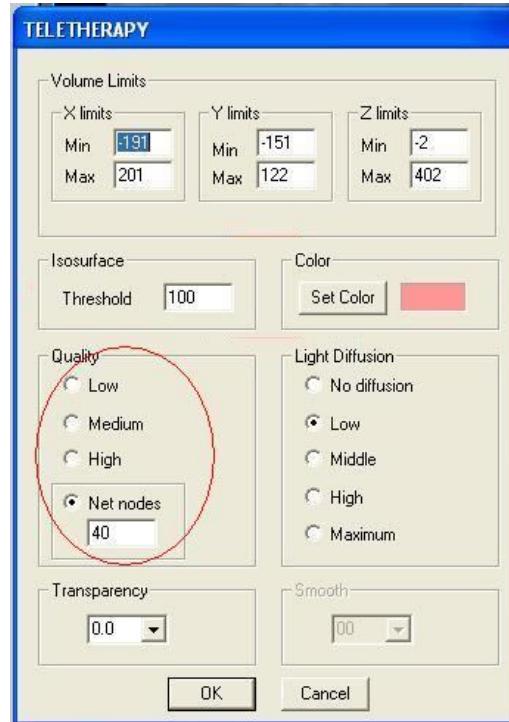
- 4) Manteniendo presionado el botón izquierdo del Mouse y moviéndolo se pueden mover los ejes coordenados para obtener diferentes vistas. También se pueden utilizar las flechas amarillas y verdes de la barra de herramientas.



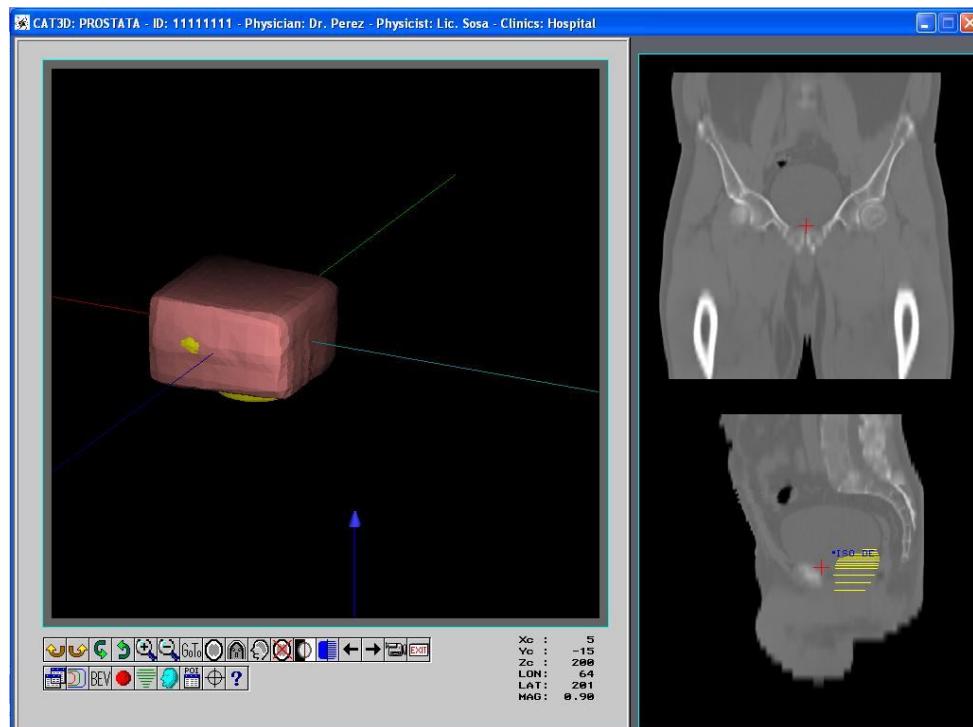
- 5) Para mostrar las curvas de isodosis se debe recordar que solo puede mostrarse 1 sola en esta vista. Para esto presionar ctrl+I para que aparezca el cuadro de menú. Allí se puede ingresar la curva de isodosis que se desea ver y su color



La calidad de la reconstrucción de la isodosis. Se recomienda un máximo de 50 nodos para computadoras con 1 solo núcleo.



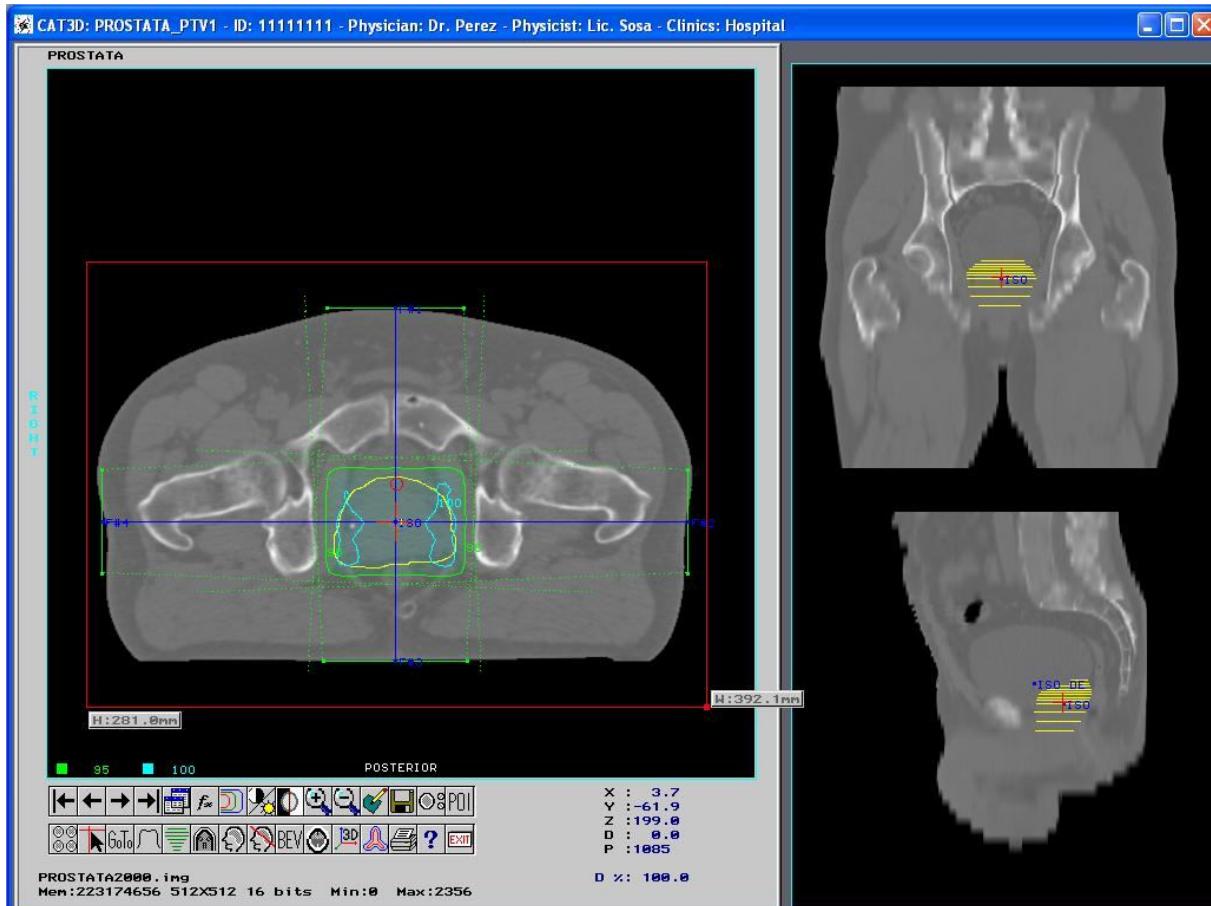
- 6) Finalmente se puede obtener una vista del volumen junto a la curva de isodosis.



Para salir de la vista 3D presionar ESC.

VII.8. Web Report

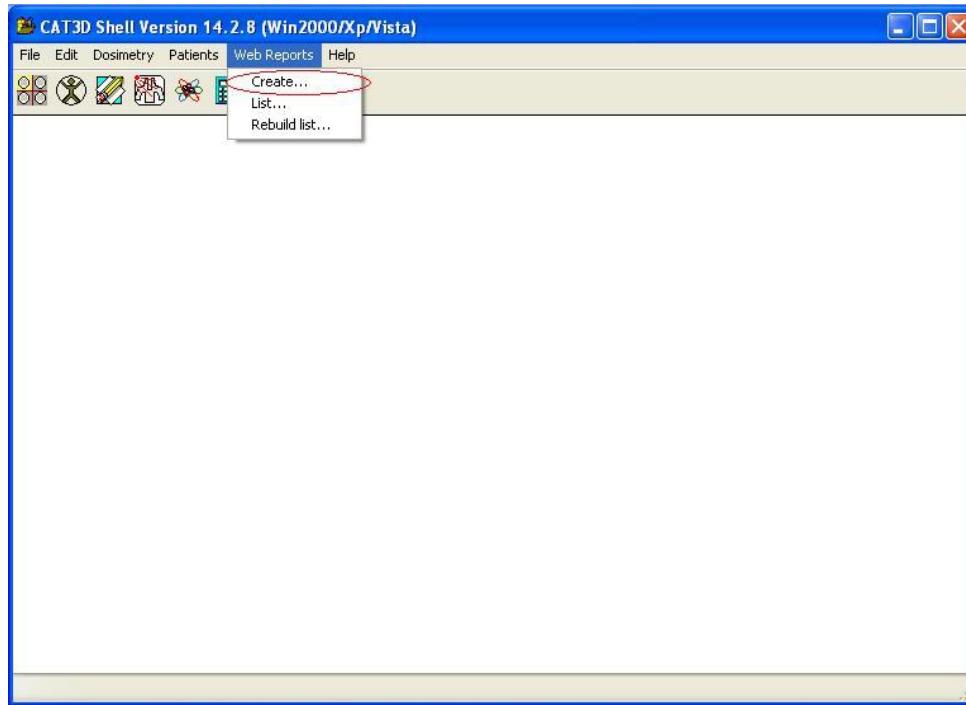
- 1) Para crear un web report, primero hay que exportar las imágenes que se quieren incluir en el reporte. Para esto presione Alt+C. En la pantalla aparecerá un rectángulo que deberá ser utilizado para delimitar el área de captura. En el centro aparece un círculo que permite arrastrar el rectángulo con el mouse y en la esquina inferior derecha, un pequeño cuadrado que permite modificar su tamaño y proporciones, también con ayuda del mouse.



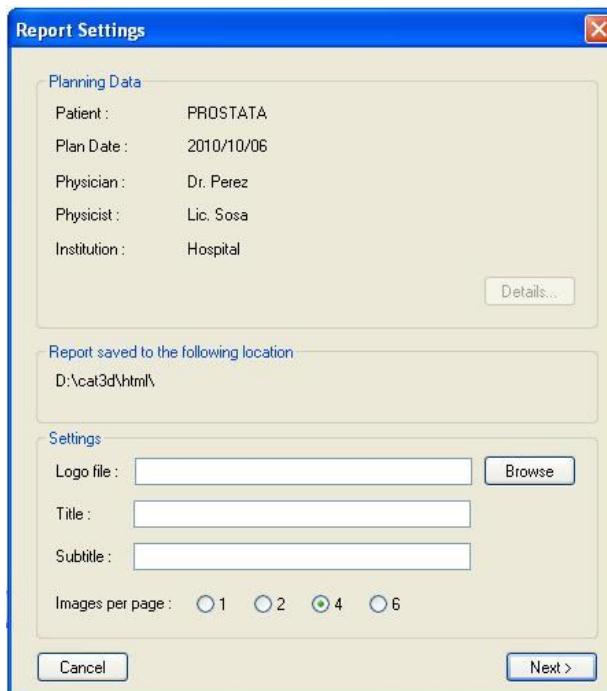
- 2) Usando el mouse, desplace el rectángulo hasta situarlo aproximadamente sobre de la región del display que desea capturar haciendo clic en el centro del mismo.
- 3) Haciendo clic en la esquina inferior derecha del rectángulo, ajústelo hasta abarcar toda el área deseada. Repita las dos últimas operaciones hasta conseguir delimitar el área de interés de manera satisfactoria.
- 4) Cuando toda el área de interés esté dentro del rectángulo, presione F10 o doble click para realizar la captura. La imagen de la región seleccionada será grabada en el directorio del programa, como un archivo BMP.
- 5) Cerrar BLUE FRAME con el paciente así se puede abrir la ventana de Web Reports.



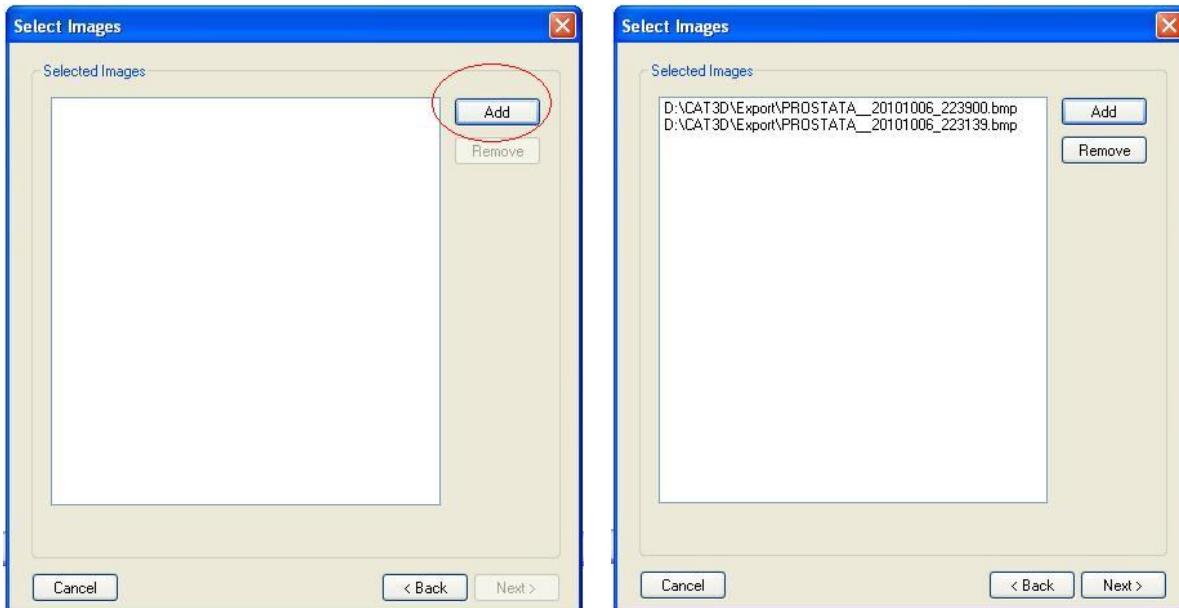
- 6) Una vez exportadas todas las imágenes en formato BMP, ir a BlueShell y en el menú superior ir a Web Reports → create.



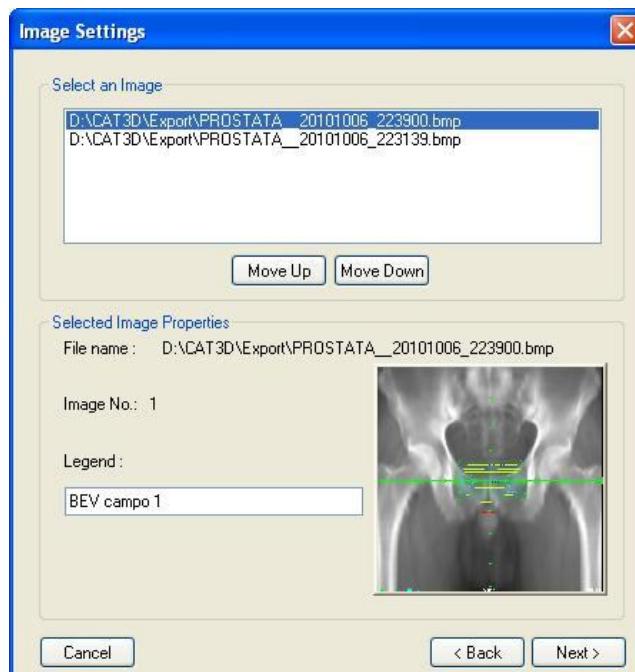
- 7) En la ventana emergente elegir el paciente en el que se esta trabajando. Aparecerá una lista de todas las imágenes exportadas previamente.



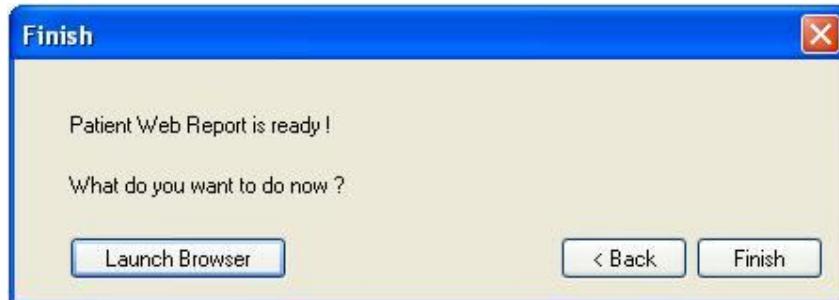
- 8) En Title se ingresa el título del reporte y también hay espacio para un subtítulo que se ingresa en la ventana subtitle. Es importante elegir la cantidad de imágenes por página de reporte (Images per page). 4 es una cantidad aceptable. *Next* para continuar.
- 9) En la ventana presionar sobre Add y cargar las imágenes que se deseen. Con Remove se pueden deseleccionar. Luego *Next*



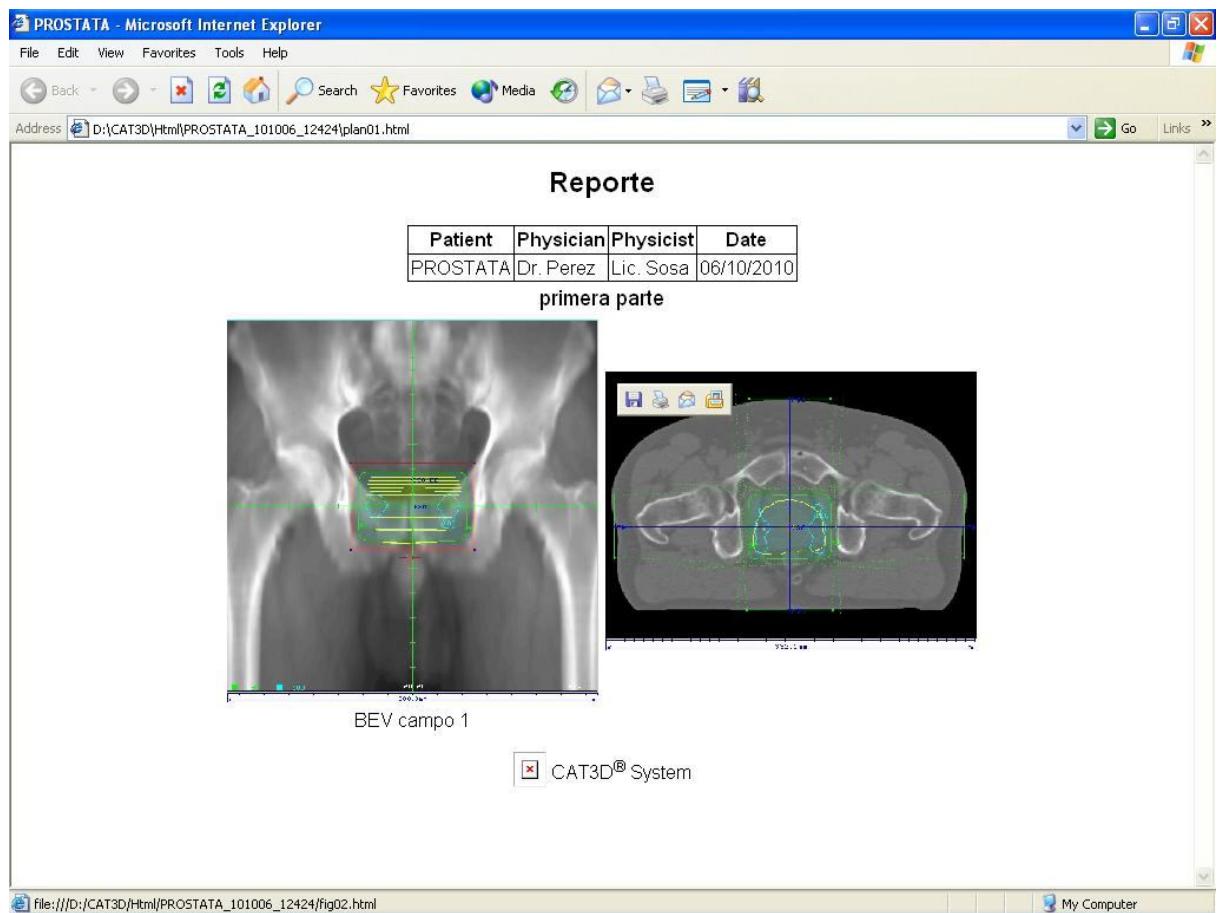
- 10) En la siguiente ventana se pueden elegir las posiciones de cada imagen en el Reporte a través de *Move Down* y *Move up* y poner una legenda en cada imagen escribiéndola en *Legend*. *Next* para continuar.



- 11) Finalmente clic en Launch Browser para ver en una ventana de Explorer el web report.

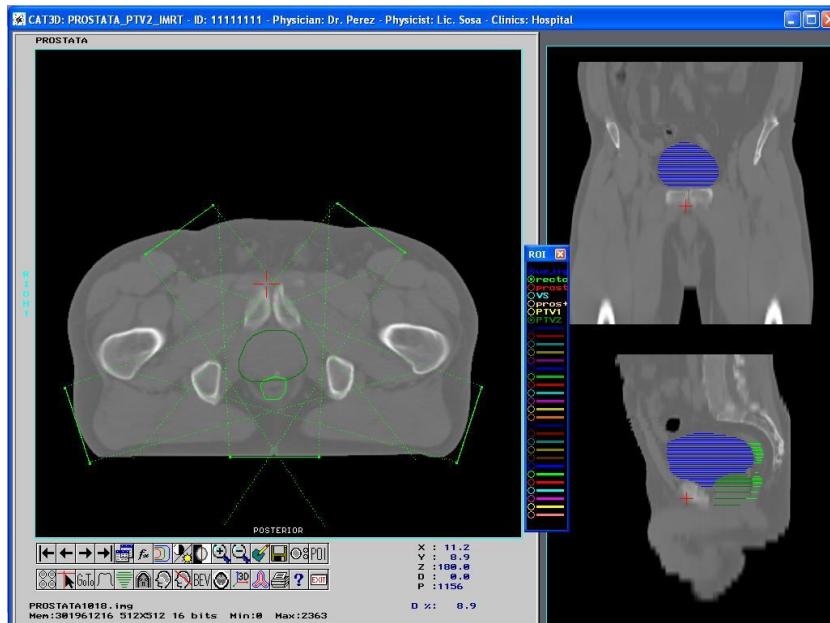


- 12) Una vista del Reporte

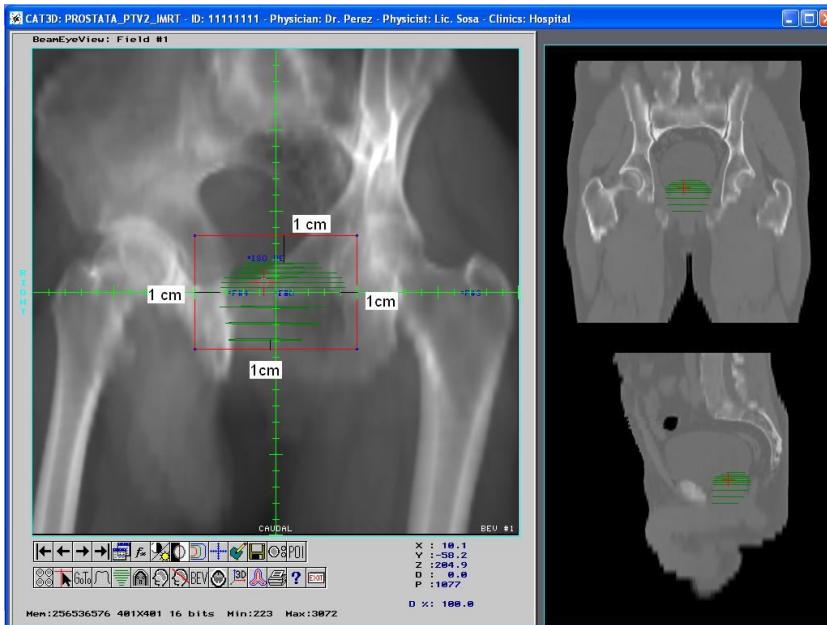


VIII. Planificación IMRT

- 1) Para comenzar una planificación de IMRT, primero se debe tener definido el isocentro de tratamiento. Luego cargar la cantidad de campos que se consideren necesarios para la planificación. A modo de ejemplo seguiremos una planificación de una próstata con 5 campos.

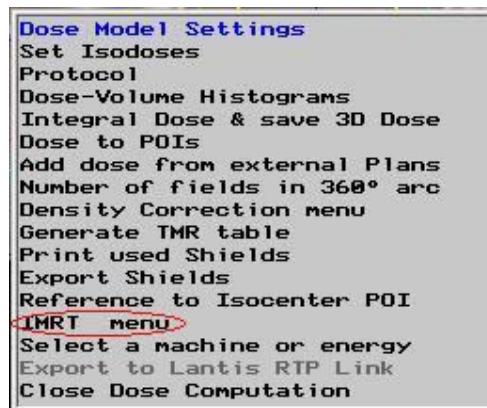


- 2) Una vez definido el isocentro, crear los campos de tratamiento eligiendo un tamaño de campo que cubra todo el volumen blanco (*target*) con un margen de 1 cm. aproximadamente alrededor del mismo (es bueno utilizar un volumen auxiliar expandiendo el Target 1 cm. para poder definir el tamaño de campo). Hasta la versión 7.09.2 del BLUE FRAME no se deben emplear campos asimétricos para IMRT.



NOTA: Es importante tener en cuenta elegir campos opuestos paralelos para el tratamiento de IMRT, como se hacia en 3D Conformado pues se pierden posibilidades de modulación. El algoritmo de BLUE FRAME acepta esta clase de disposición de los campos.

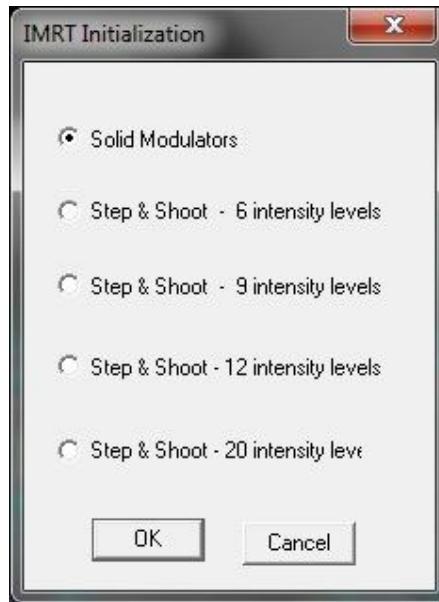
- 3) Todos los campos estarán asignados al iso. Poner en todos los campos peso 1.0. BLUE FRAME se encargara de encontrar el peso de cada campo en la optimización.
- 4) Una vez designado el set up, hacer click en el botón fx (o pulsar CTRL+F11) y luego a IMRT menú.



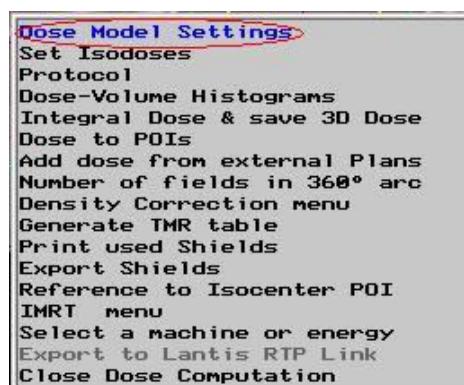
- 5) Seleccionar la opción *init IMRT* para que BLUE FRAME prepare los parámetros internos necesarios.



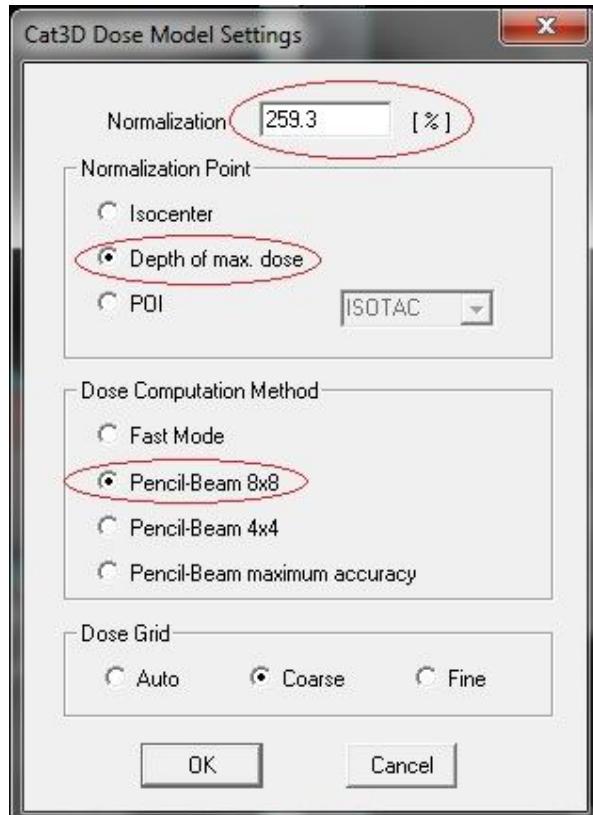
- 6) El Init IMRT también define el tipo de IMRT que se va a utilizar, siendo posible trabajar con moduladores sólidos o con diversos niveles de intensidad en la modalidad Step & Shoot.



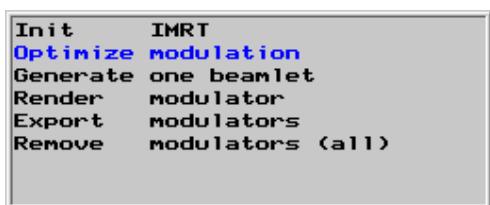
- 7) Hacer un GOTO al ISO. Luego ir a *Dose Model Settings*, normalizar en iso (esto se hace como paso inicial, ya que BLUE FRAME normalizara luego en depth of max dose al realizar la optimización, como así también cambiara los pesos de cada campo).



Para elegir un valor de **normalización**, poner 100% en la ventana normalization de *Dose Model Settings*, luego ok e ir con GOTO y ver el valor de dosis en iso. Luego ingresar en la ventana normalization nuevamente y poner ese valor. Hacer un GOTO y verificar que la dosis en ISO sea 100%. Es muy importante que la dosis en el isocentro sea 100% antes de comenzar la optimización. Observe también que Normalization Point esta ahora como *Depth of max. Dose*. No debe alterarse ese estado.



- 8) Luego, ingresar nuevamente al menú de IMRT e iniciar la optimización seleccionando *Optimize modulation*.



- 9) Algunos comentarios sobre la función optimización en moduladores:
Sea la dosis prescripta $D_0(n)$, donde n es el voxel correspondiente de N voxels en que fue dividido el volumen 3D a planificar, la proximidad entre la prescripción y la dosis calculada $D_c(n)$ para un conjunto de intensidades de fluencia de energía es

$$F = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N r_\sigma [D_c(n) - D_0(n)]^2$$

donde r_σ es un factor que pondera la importancia de cumplir con la condición impuesta a los voxels de la estructura. F es la función objetivo.

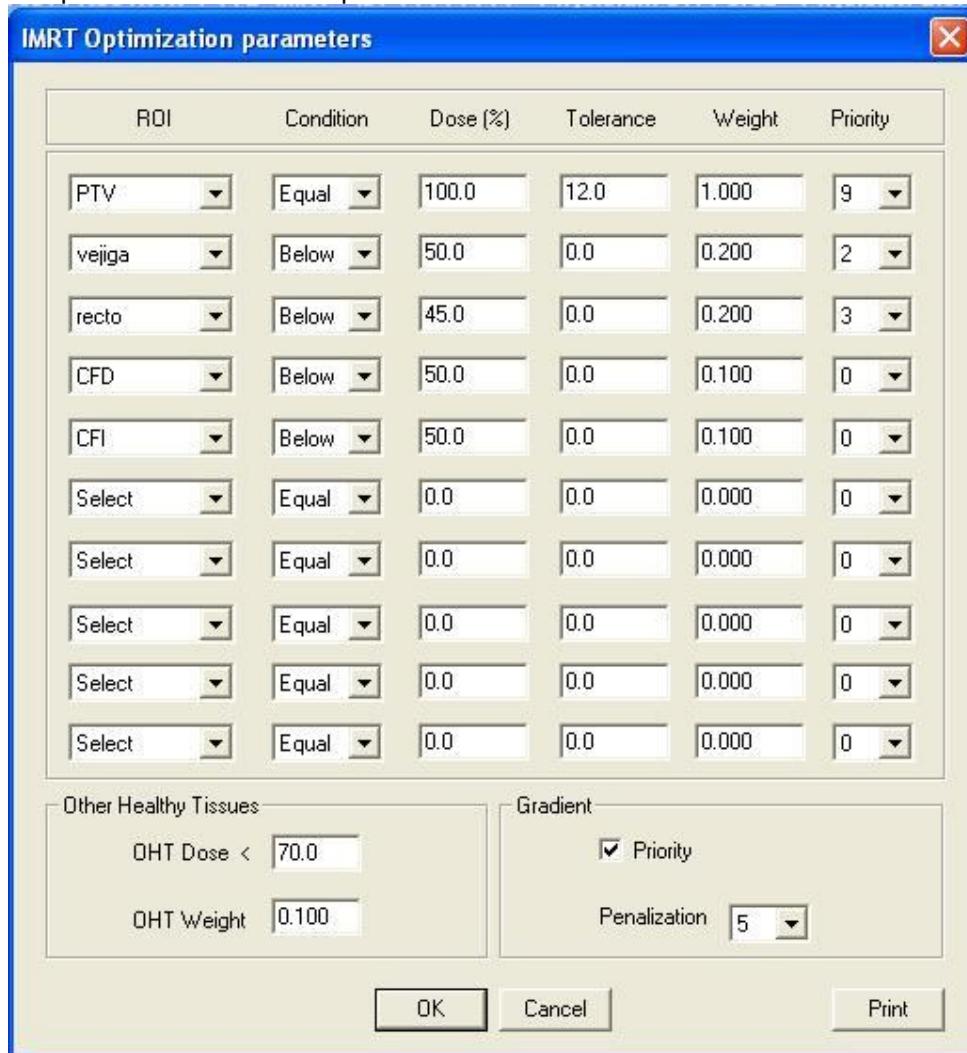
$$F = r_\alpha E_{PTV} + r_\beta E_{OAR} + r_\mu E_{OHT} + r_\pi E_{GRA}$$

donde $E_{PTV} = \frac{1}{N} \sum (D_{ci} - D_{pi})_i^2$

$$E_{OAR} = \frac{1}{N} \sum [(D_{ci} > D_{pi})? (D_{ci} - D_{pi})^2 : 0.0]$$

Lo que significa que para todos los voxels del PTV el cálculo de la fluencia de energía es una minimización cuadrática, mientras que para los OAR tiene dos imposiciones, si el voxel cumple con la condición impuesta no entra en el cálculo de minimización, mientras que si no cumple si lo hace. También es bueno destacar que dentro de la función optimización también es tenido en cuenta el gradiente del modelizado de los filtros para que estos sean 'mecánicamente realizables' y la herramienta OHT (other healthy tissue).

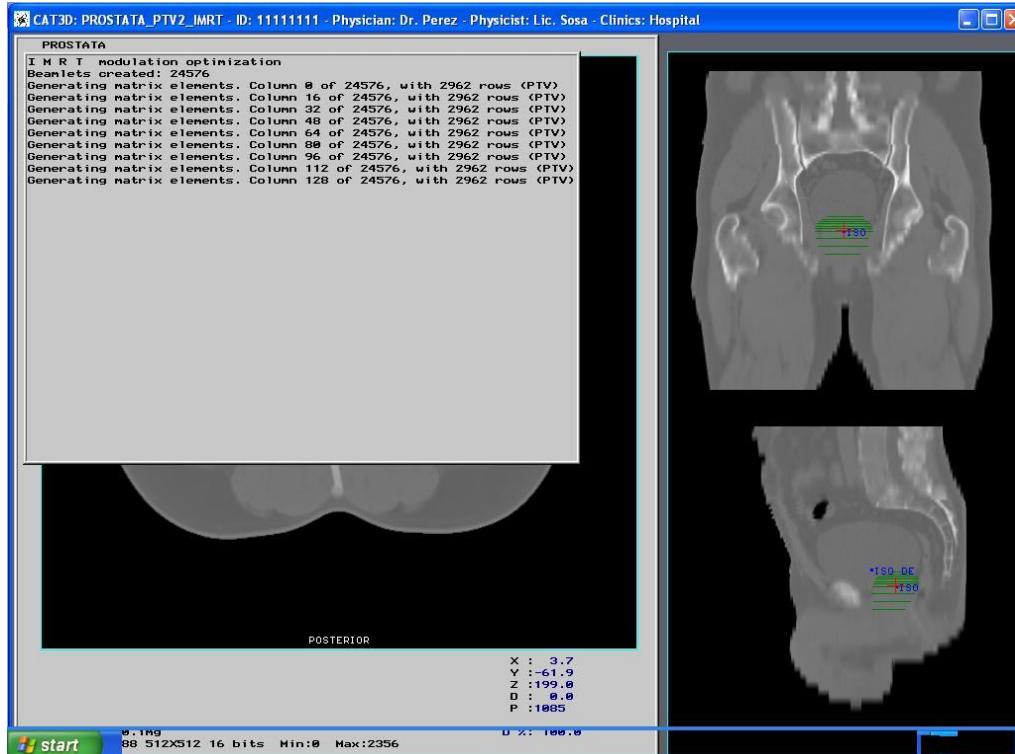
10) Allí aparecerá la ventana de optimización.



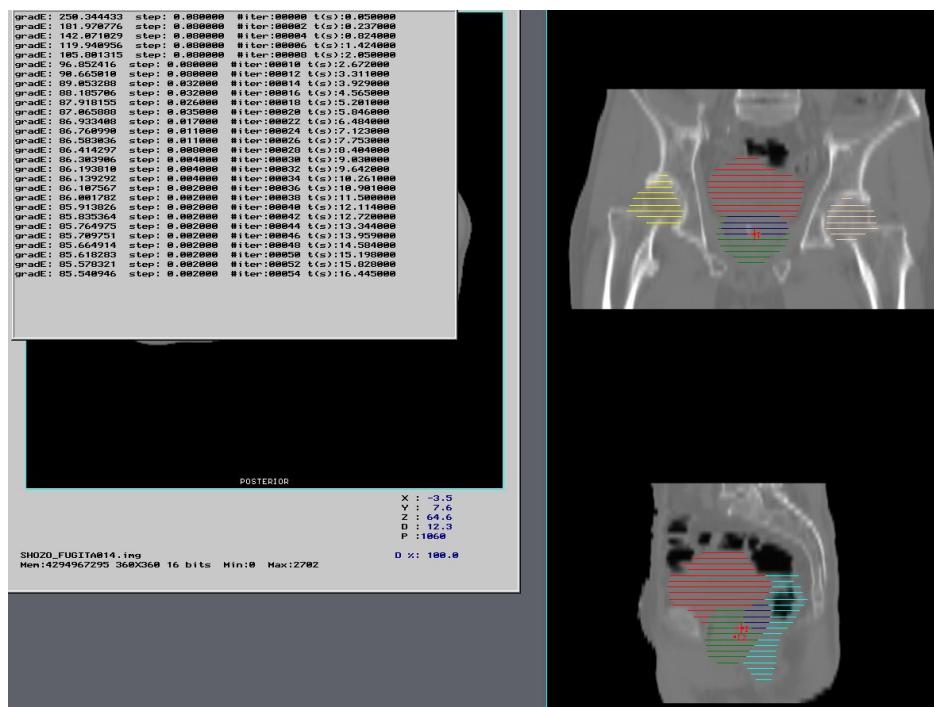
11)

ROI	Nombre del target u OAR a optimizar	
Condition	Equal para PTV's	Below para OAR
Dose (%)	Porcentaje de dosis con respecto al 100% asignado al PTV a la cual se quiere llegar. Para PTV la optimización será Equal (igual a) 100%, mientras que para OAR será Below (debajo de) el porcentaje de dosis asignado.	
Tolerance	Tolerancia en el límite de aceptación de desvío de la dosis en el PTV. Cuando la dosis de un PTV se desvía más allá de la prescripción + o - la tolerancia, aumenta la penalización de la función objetivo. No tiene utilidad en los OAR.	
Weight	El peso esta asociado a la importancia de esa dosis en ese ROI en la función optimización. Para una correcta planificación, designar al PTV principal un peso de 1, mientras que se puede comenzar con un peso de 0.01 para los OAR. Este parámetro Weight se puede interpretar como el peso con que se penaliza el desvío de la dosis prescripta. Si el weight de los OAR aumenta, protegemos más los OAR, pero la uniformidad de la dosis en el PTV disminuye.	
Priority	La prioridad esta asociada al hecho de que haya ROI que se superpongan (todo el ROI o parte de el). En el caso de un voxel que pertenece a dos o más ROIs, si la prioridad de ambos ROIs es diferente ese voxel solo será considerado parte de la ROI de más alta prioridad. Es usual asignar prioridad alta al PTV y prioridad baja a los OARs.	
Other healthy tissue	Este parámetro de optimización se utiliza para disminuir en lo posible la dosis del resto de los tejidos que no están comprometidos en la planificación. Esta función de BLUE FRAME permite limitar la dosis en los tejidos que no sean ROI. Ayuda a evitar puntos calientes fuera del PTV y los OARs. OHT menor de 70% y weight de 0.01 son valores generalmente buenos. Si el peso del OHT es muy alto se enfria el borde el PTV.	
Gradient	Esta función permite a BLUE FRAME disminuir el gradiente de valles y picos en la construcción de los mapas de flujo. Picos y valles muy agudos generan moduladores de difícil o imposible fabricación o campos de Step&Shoot irrealizables. Para esto tiene que estar con asterisco la ventana Priority y una penalización de 5 es óptima. En el caso de step & shoot aparecerá una penalización igual a 10. No modificar esto.	

- 12) Una vez elegidos los parámetros clic sobre OK para comenzar la optimización. Primero se construye el modelo matricial que dice cuanto cada beamlet imparte dosis a da cada voxel, sean estos de los PTVs, OARs o simplemente del resto del tejido, es decir OHT.

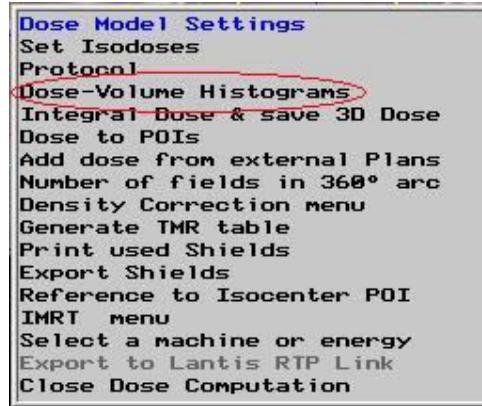


Luego se ejecuta la minimización, no lineal, de la función objetivo, como se muestra en la captura que sigue:



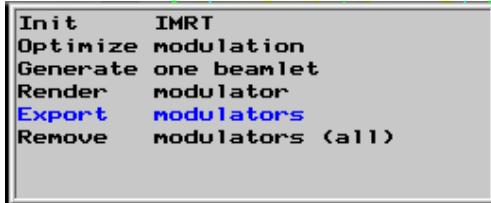
La optimización se detiene cuando el BLUE FRAME no puede disminuir más el valor de la función objetivo para una variación mínima, prefijada, de la modulación de todos los beamlets. La optimización también se detiene si el usuario pulsa la tecla <ESC>, en ese caso se guarda el mejor resultado alcanzado hasta el momento.

- 13) Una vez finalizada la optimización, BLUE FRAME pedirá presionar cualquier tecla (si la optimización es step & shoot, BLUE FRAME optimizará luego la cantidad de segmentos de cada campo). Allí se verá en la ventana principal la distribución de dosis y se puede calcular el histograma con Dose-Volume Histogram en el menú *fx*.



- 14) Allí se calcula el histograma de 1 solo plan siguiendo los pasos del capítulo VIII.2.
- 15) En el caso de que el histograma muestre que no cumplimos con la prescripción en el PTV o excedemos las restricciones de los OAR, regresamos al punto 4 y repetimos el proceso alterando uno o más de los parámetros de la ventana de optimización.

- 16) Para exportar los moduladores y enviarlos Despues que el plan está optimizado y aprobado por el médico responsable puede exportar los moduladores. Usando el boton fx o pulsando CTRL-F11, selecciones el “IMRT Menu” . A continuación seleccione “Export Modulators” :



A seguir debe seleccionar el formato, de acuerdo con su fabricante.



El archivo que contiene la geometría de todos los moduladores de guarda en la misma carpeta en que está el plan y tiene el nombre del plan seguido de la extensión .7Z . Generalmente debe Ud. enviar este archivo a su fabricante de moduladores mediante un e-mail.

En el caso de usar MLC y modalidad de Step&Shoot, no existe necesidad de exportar moduladores.

- 17) Como se generan las secuencias de Step & Shoot :

Si en la ventana de “Init IMRT” se seleccionó alguna forma de Step&Shoot el BLUE FRAME inicia una optimización de métrica variable que conduce a un número reducido de niveles de intensidad de flujo. Cuando termina la optimización de los mapas de flujo BLUE FRAME pasa a una etapa de segmentación de cada mapa, como se muestra:

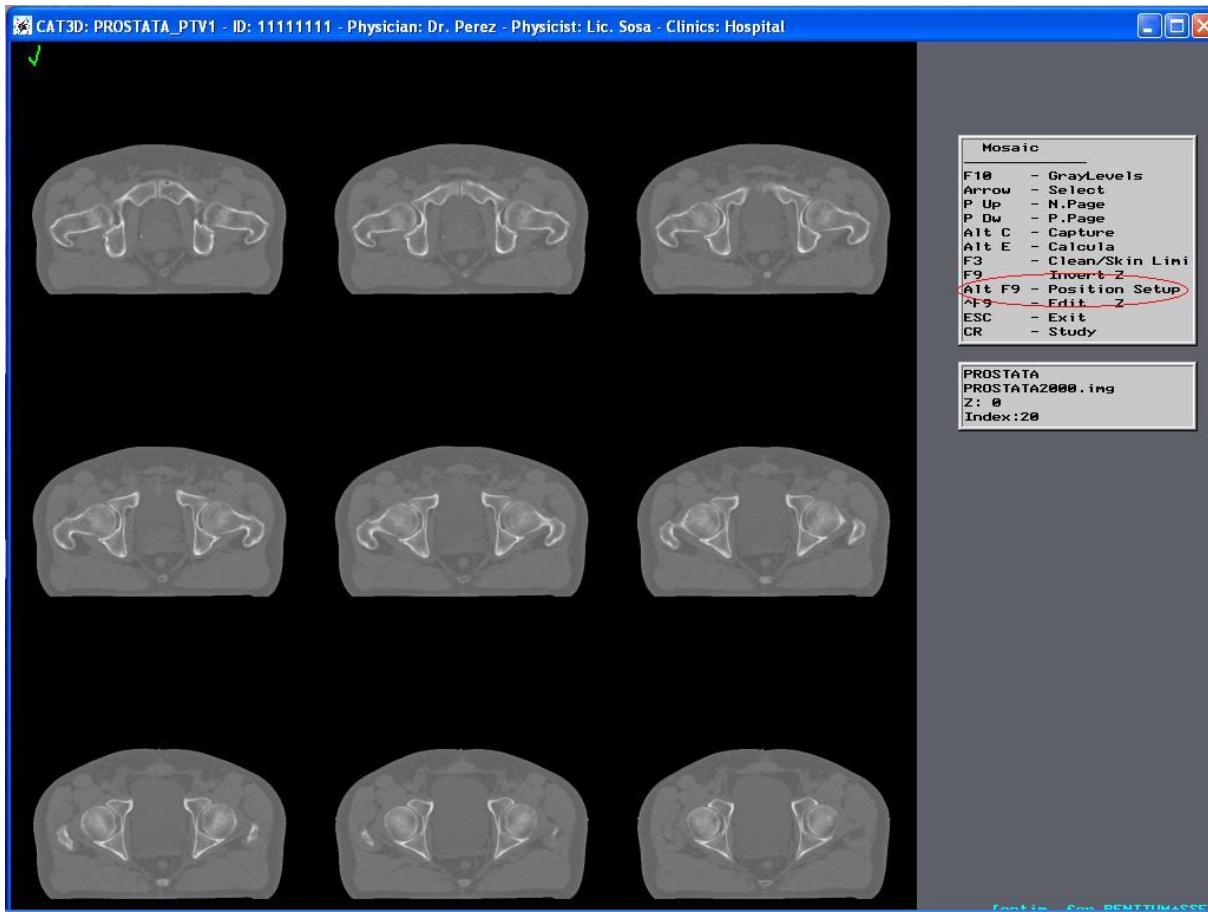
```
Segmentation of field 1
Intensity levels found: 11
opt(2),      0, error:  1.20026 best:  1.20026 seg:23
opt(2),     512, error:  1.23479 best:  0.69447 seg:21
opt(1),     512, error:  1.18227 best:  0.55863 seg:19
opt(2),    1024, error:  1.21890 best:  0.62571 seg:21
opt(1),    1024, error:  1.18260 best:  0.55201 seg:19
opt(2),   1536, error:  1.16517 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   1536, error:  0.69179 best:  0.55201 seg:19
opt(2),   2048, error:  1.21241 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   2048, error:  1.06599 best:  0.54755 seg:19
opt(2),   2560, error:  1.26670 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   2560, error:  0.93548 best:  0.54755 seg:19
opt(2),   3072, error:  1.21526 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   3072, error:  0.71487 best:  0.53416 seg:19
opt(2),   3584, error:  1.09621 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   3584, error:  1.11441 best:  0.53416 seg:19
opt(2),   4096, error:  1.24566 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   4096, error:  0.83181 best:  0.52173 seg:18
opt(2),   4608, error:  1.15088 best:  0.62571 seg:21
opt(1),   4608, error:  1.16238 best:  0.52173 seg:18
```

Para cada campo se tarda algunos segundos para encontrar una segmentación óptima. A partir de la mejor segmentación se crea la secuencia de sub-campos (segmentos) formados por el MLC y se guardan en la misma carpeta del plan.

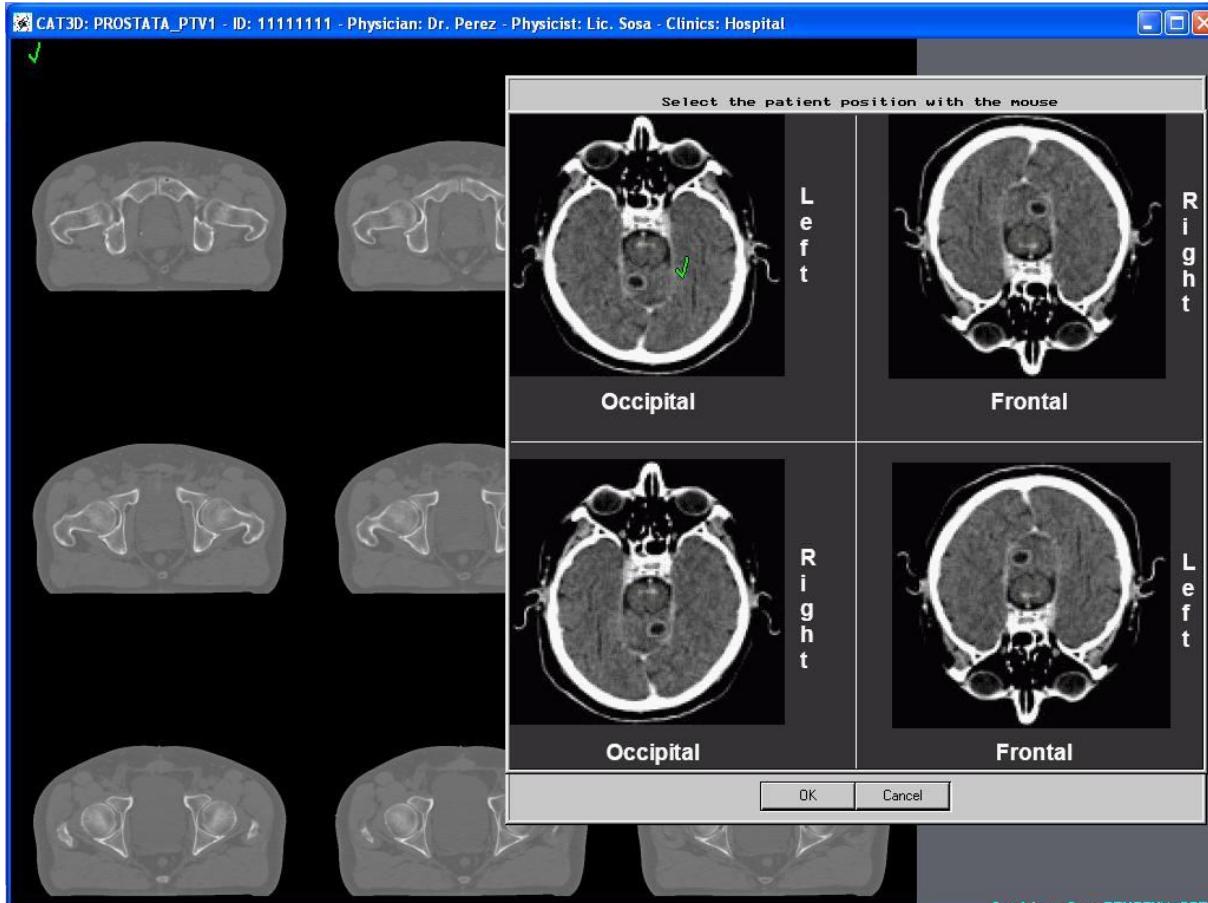
APENDICE A.

Invertir o manipular la posición de un paciente.

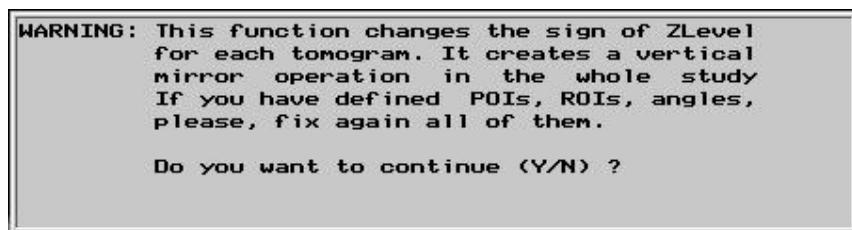
- 1) Para manipular la posición de un paciente en BLUE FRAME, primero debemos tener bien demarcada la derecha o la izquierda en la TAC. Para esto se recomienda poner un fiducial extra.
- 2) Una vez determinado este parámetro, se procede llenando al mosaico y presionando Alt+F9 *Position setup*.



- 3) aparecerá la ventana de position setup. Ahora se debe elegir la nueva posición del paciente haciendo clic sobre la que se desea y luego presionando OK.

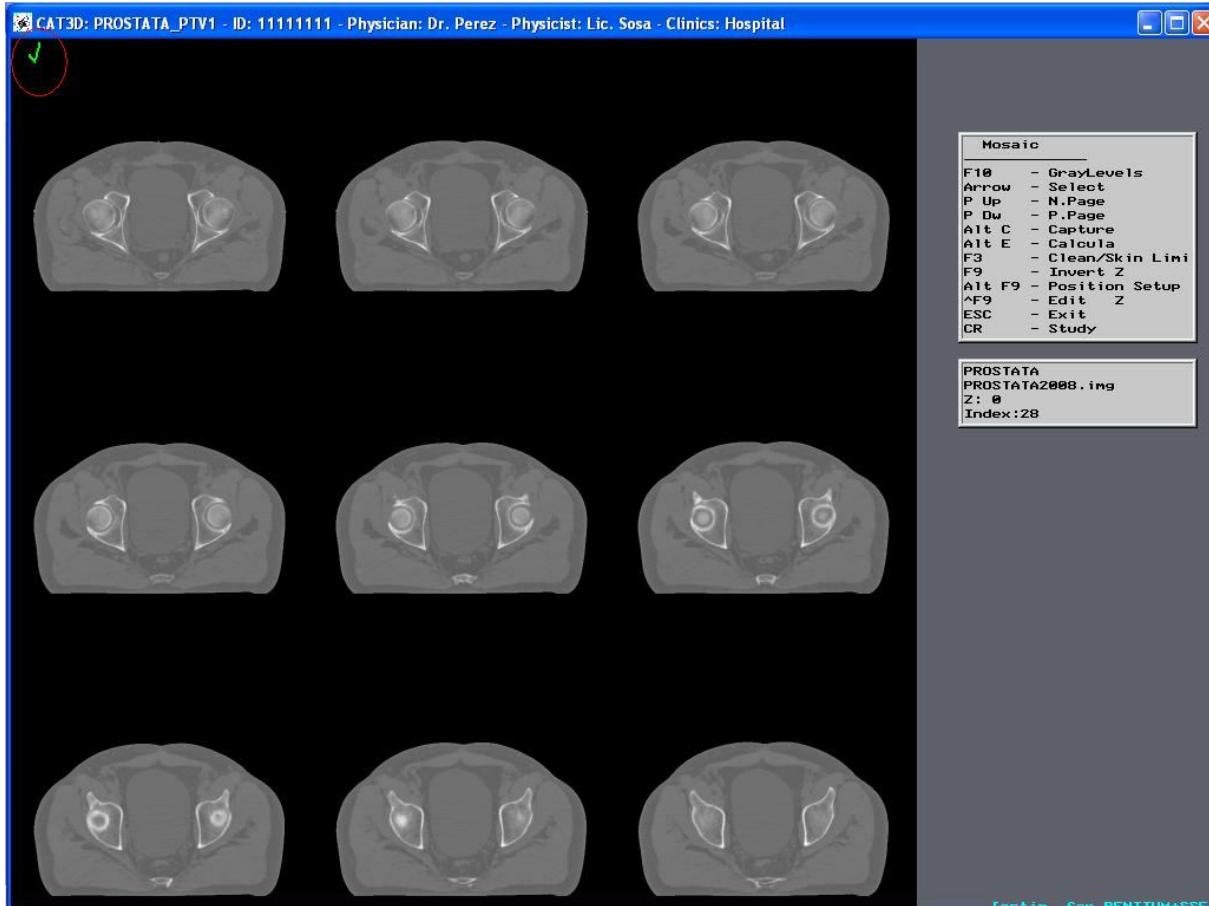


- 4) Para poder invertir el paciente en la dirección cefalo-caudal, se debe presionar en el mosaico F9. aparecerá un aviso de que se va a invertir la coordenada z de todas las imágenes del paciente. Presionar Y para proseguir.



Luego de finalizado el proceso BLUE FRAME abrirá la ventana para guardar los cambios.

- 5) También es posible, a través de ctrl.+F9, de editar el valor de z de una sola imagen. Para esto procedemos primero señalando la imagen que se desea editar (aparecerá en el mosaico señalada con un asterisco verde)



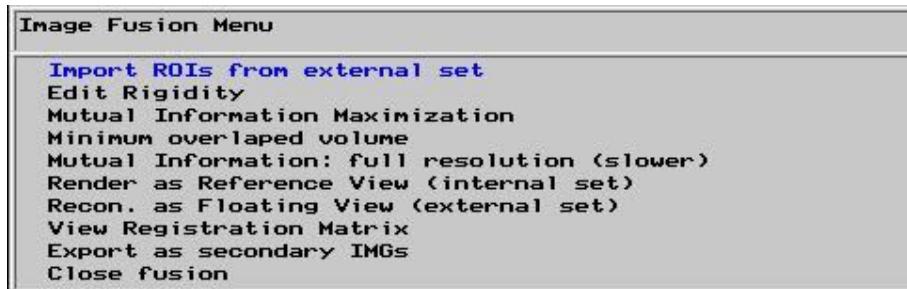
Luego de presionar F9 aparecerá la ventana en donde se muestra el valor de z (old) y donde se tiene que ingresar el nuevo valor (new). Luego presionar Enter.



APENDICE B.

Menú de fusión.

Para acceder al menú de fusión, dentro de la pantalla de fusión (esto es cuando la fusión ya se realizo) presionar alt+F5.



Import ROIs from external set.

Esta herramienta se utiliza para importar ROIs de un set de imágenes a otro. Es útil para llevar los ROIs marcados en la RM a la TAC. Es importante tener en cuenta que el ROI importado sobrescribirá cualquier ROI previamente dibujado. Se recomienda hacer esto primero y luego dibujar cualquier otro ROI.

Edit Rigidity

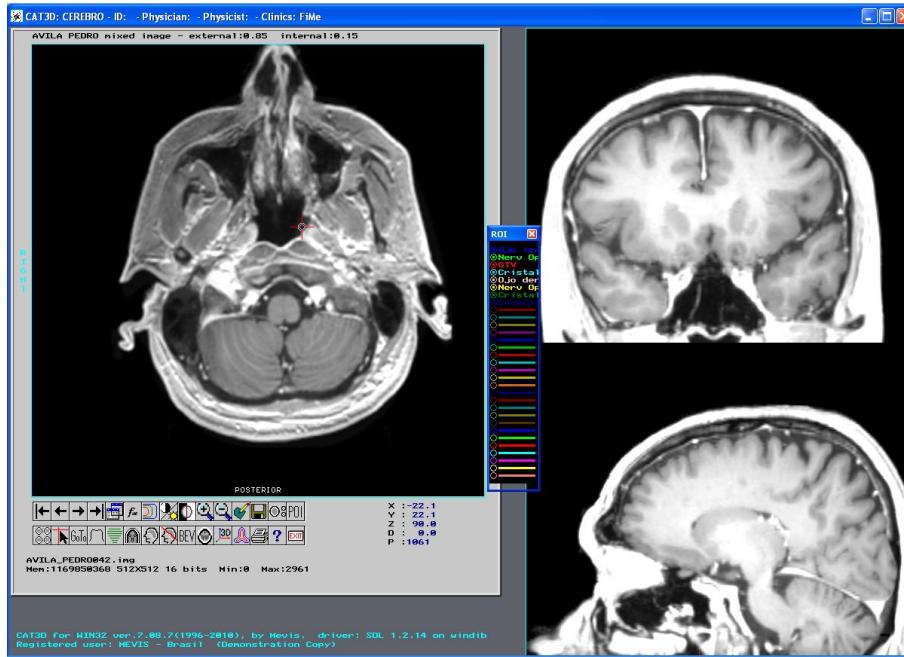
Esta herramienta se utiliza para permitirle al set de imágenes de RM que se deformen para adaptarse a las imágenes de TAC. Esta herramienta no es necesaria en una fusión. Solo en casos particulares en donde alguna de las tiras de imágenes este deformada. Un valor de 50 en rigidity significa que puede deformar mucho las imágenes para adaptarlas, mientras que un valor alto cercano a 1000, que no puede deformarla mucho y tomara las dos tiras de imágenes como rígidas para la fusión. Por default BLUE FRAME toma el set de las imágenes de RM como algo totalmente rígido e indeformable.

Mutual Information Maximization

Esta herramienta se utiliza para volver a fusionar los set de imágenes.

Render as Reference view (internal set)

Para que los ROIs dibujados en la Fusión, utilizando la vista de RM, no se visualicen deformados en la ventana de TAC, se puede utilizar la opción "Render as internal set" que se encuentra en el menú de Fusión , y una vez en esta opción , se puede presionar la tecla M y ctrl.+M, para visualizar un mix de imagen de TAC y RM. Esta opción permite ver la imagen con diferentes porcentajes de imagen de TAC o RM, es decir, la imagen de fusión se podrá ver en mayor o menor porcentaje como imagen de TAC o como RM, presionando M o ctrl.+M. En el borde superior izquierdo de la ventana principal de imagen se muestra el porcentaje de imagen de TAC y de RM.
Esta herramienta es muy útil si se quiere dibujar en la RM y obtener la misma reconstrucción en la TAC.



Recon. As Floating view (internal set)

Esta herramienta se utiliza para regresar a la vista normal de fusión después de aplicar *Render as Reference view*.

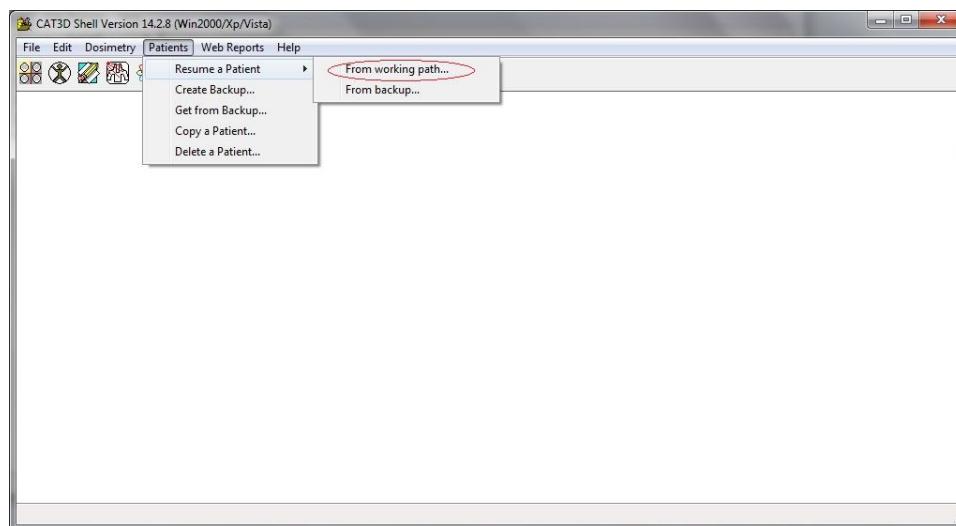
APENDICE C.

Menu Patient.

Aquí se describirán todas las herramientas en el menú Patient dentro del BlueShell.

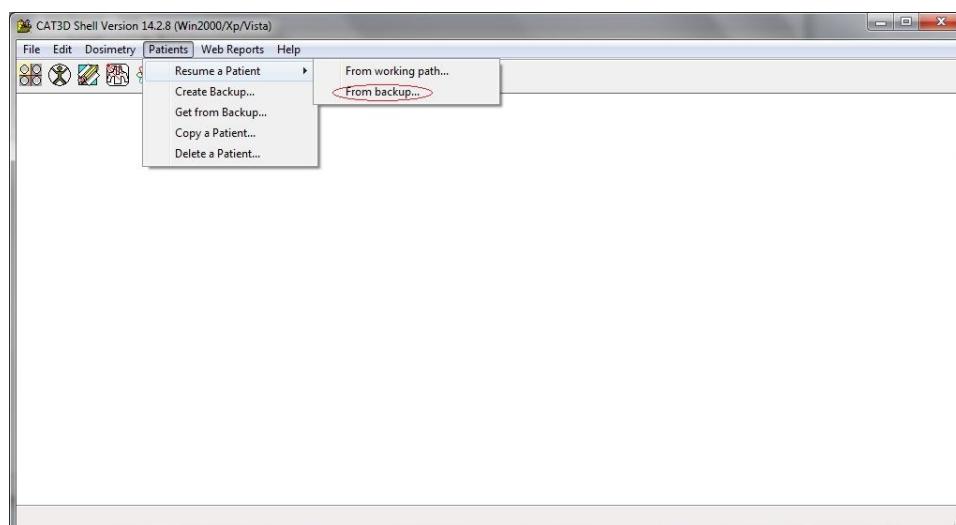
Resume Patient → From working Path

Esta herramienta se utiliza para abrir un paciente previamente ingresado en BLUE FRAME. Para esto clic sobre la opción y luego elegir el paciente de la lista desplegable. Luego OK.



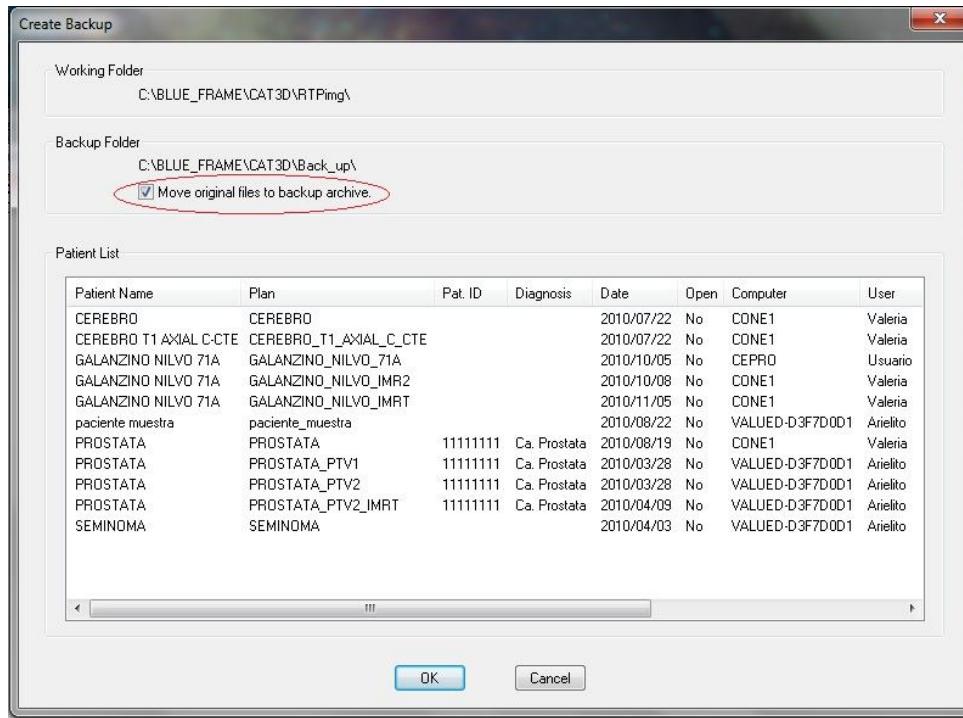
Resume Patient → From backup

Se utiliza para abrir un paciente que fue previamente almacenado en el back up.



Create Backup

Esta opción se utiliza cuando, ya finalizado una planificación, se quiere crear un backup del paciente. BLUE FRAME comprimirá y mandara el paciente a la carpeta Backup. Es importante que se haga clic en la ventana de backup sobre la sentencia *move original files to backup archive*. Luego elegir el paciente y presionar OK.



Get from Backup

Esta opción se utiliza para recuperar un paciente del backup. Elegir la opción y en la ventana emergente hacer clic sobre el paciente a recuperar.

Copy a Patient

Esta opción es para copiar un paciente previamente ingresado.

Delete a Patient

Se utiliza para borrar un paciente y todos los archivos del plan.

APENDICE D.

Conformación de un archivo .rsd

Lo primero antes de comenzar a cargar y luego modelizar la maquina en el rsd es comenzar con el base.rsd que viene con BLUE FRAME.

Una vez cargado ese archivo, se lo edita como archivo de texto con el block de nota de Windows (es importante esto para que otro programa de escritura no cambie el formato del archivo).

NOTA: La declaración de _ en este manual corresponde a un espacio en el rsd. No así en el rsd, donde un espacio corresponde a un presión de la barra espaciadora y un _ corresponde a guion bajo. Es importante tener en cuenta la diferencia en el rsd para respetar su estructura.

Líneas del rsd:

1. Nombre de la maquina (X6_Hospital)
2. Tipo de radiación (se anota solo el número correspondiente)
0 = Cobalto 60, 1 = Fotones, 2 = Electrones
3. Numero de profundidades de los PDD (se anota solo el número correspondiente. Si este número no corresponde con el numero de profundidades declarados en el PDD, el rsd arrojara un error) **MAXIMO 128**.

IMPORTANTE: Se debe extrapolar el PDD a la profundidad de 400 mm para todos los Tamaños de Campo. Es conveniente usar el d80 y BJR supl 17 para que esta extrapolación sea razonable, ya que la extrapolación de los últimos puntos de PDD medidos podría llevar a errores muy grandes en el PDD de 400mm de prof.

4. Numero de Tamaños de Campo de los PDD (se anota solo el número correspondiente. Si este número no corresponde con el número de Tamaños de Campo declarados en el PDD, el .rsd arrojara un error). **MAXIMO 64**.

IMPORTANTE: Se debe extrapolar el PDD al Tamaño de Campo de 600 mm para todas las profundidades, e incluir este campo en la tabla de PDD y OF. Esta extrapolación a campo 600x600mm es conveniente para el cálculo del pencil beam a grandes profundidades y campo máximo del linac.

5. Distancia Fuente Isocentro DFI (se anota solo el número correspondiente en mm).
6. Profundidad del máximo de dosis para el TC de 100x100 mm² para DFI de referencia.
7. Valores de los Tamaños de campo de los PDD del equipo en mm espaciados (se anota solo el número correspondiente en mm). Es importante que la cantidad de Tamaños de Campo aquí involucrados coincida con el número declarado en la línea 4.
8. NPSF (nominal Peak Scatter Factors) para los Tamaños de Campos declarados. BLUE FRAME utiliza los NPSF declarados en el BJ25.
9. Valores de las profundidades en mm del PDD para cada Tamaño de Campo espaciadas. Es importante que la cantidad de profundidades aquí involucradas coincida con el número declarado en la línea 3 (se anota solo el número correspondiente en mm).
10. A partir de aquí se anota el valor de PDD para cada profundidad (fila) debajo de cada valor de Tamaño de Campo (columna). Esto resultara en una matriz #de profundidades x #de Tamaños de Campo con cada elemento de la matriz igual al valor de PDD para ese valor de profundidad (fila) y ese valor de Tamaño de Campo (columna).
11. Luego de terminada la matriz de PDD, esta línea declara el rendimiento del equipo para distancia Fuente superficie de referencia en la profundidad de máximo de dosis para un Tamaño de Campo de 100x100 mm² (se anota solo el número correspondiente en cGy/UM).

-
12. Aquí se ingresa el dia_mes_año en que se realizó la calibración (se anotan solo los números correspondientes).
 13. Valores, separados por un espacio, de los OF medidos en agua en la profundidad del máximo de dosis para cada uno de los Tamaños de Campo declarados en la línea 7. Es importante que la cantidad de OF aquí involucrados coincida con el número declarado en la línea 4 (se anotan solo los números correspondientes).
 14. Distancia fuente isocentro (se anota solo el número correspondiente en mm).
 15. Distancia de la fuente al promedio de la parte más baja de los colimadores. Este número puede tener que ser cambiado para que coincida el TC en el isocentro a efectos de la modelización en BLUE FRAME (se anota solo el número correspondiente en mm)
 16. **SourceDiameter_alpha1_alpha2_transparency** NO SE UTILIZA si están los AIR_COLIMATOR.
 17. Numero de filtros cuña (se anota solo el número correspondiente)
 18. Número de puntos del perfil de esa cuña **MAXIMO 32**_nombre de la cuña tal como aparecerá en BLUE FRAME_WOF_Número de factores de cuña declarados (se pueden declarar factores de cuña para varios Tamaños de Campo)_BHF_Número de Beam Hardening factors.
 19. Puntos del perfil correspondientes a la distancia al eje espaciados(se anota solo el número correspondiente en mm).
 20. Factor de atenuación de la cuña correspondiente a esa distancia que figura inmediatamente arriba espaciados. Estos valores se deben modelizar (se anota solo el número correspondiente)
 21. Valores espaciados de los Tamaños de Campo a los cuales pertenece cada factor de cuña (se anota solo el número correspondiente).
 22. Valores del factor de cuña para los tamaños de campo de la línea anterior espaciados (se anota solo el número correspondiente).
 23. Valores espaciados de las profundidades de los BHF (se anota solo el número correspondiente en mm).
 24. Valores de los BHF para el tamaño de campo 100x100 mm² correspondientes a las profundidades de la línea anterior (se anota solo el número correspondiente)
 25. RSD_OK. Esta línea finaliza con la data del rsd. Es indispensable que esta línea aparezca en el rsd. (todas las sentencias que aparezcan en mayúsculas en este manual se corresponden con esa oración escrita en el rsd. Anuncian, a modo de título, de que se trata lo que viene más abajo)
 26. Valor de BHFvsFielSize, lo cual describe la variación del BHF con el Tamaño de campo.
 27. Valor y nombre de todas las bandejas que se utilizarán. El formato de la línea es:
 TRAY Factor de la bandeja = Nombre de la bandeja.
 28. ShieldFactor: Factor de atenuación del cerrobend utilizado en las protecciones.
 29. ShieldPenumbra: Factor de penumbra del cerrobend.
 30. AIR_PROFILE (valor de la parte central del perfil de tamaño campo máximo a 10 cm)
 31. Numero de perfiles a ingresar
 32. SSD del perfil en mm_Profundidad del perfil_Numero de puntos del perfil
 33. Distancias espaciadas al centro del haz. Solo se involucra el hemi-perfil del campo. Utilizar el campo más grande que arroja el equipo (se anota solo el número correspondiente en mm)
 34. Valores espaciados de set up del perfil correspondientes a las distancias de la línea anterior. Estos valores deben cambiarse para modelar el haz (se anota solo el número correspondiente).
 35. AIR_OUTPUT_FACTORS (Valor de los OF de tamaños de campos variados inplane y crossplane. Esto se agrega para hacer la distinción en el cálculo de UM de que las mordazas Y están más arriba que las X y por lo tanto arrojan resultados diferentes)

-
- 36. Numero de Tamaños de campo declarados debajo (se anota solo el número correspondiente)
 - 37. Valor Tamaño de campo inplane en mm_Valor Tamaño de campo crossplane en mm_Valor OF. *Todos separados por un espacio uno al lado del otro en el mismo renglón*
 - 38. AIR_COLLMATOR_Numero de Tamaños de campo a modelizar (se anota solo el número correspondiente). Modelización de la penumbra del perfil para los tamaños de campo declarados. **Aquí el guion bajo en la oración Air collimator es un guion bajo en el rsd, mientras que el guion bajo que separa esta oración del numero de TC es un espacio en el rsd.**
 - 39. Valor en mm Tamaño de campo_Value diámetro de la fuente_Value Alfa 1 (hombro del perfil)_Valor alfa 2 (caída del perfil)_Transparencia (valor de la altura de la radiación de fondo del perfil. *Todos separados por espacios y escritos en el mismo renglón.*
 - 40. WATER_PROFILE (perfil medido del tamaño de campo máximo. Se utiliza para el modo FAST)
 - 41. Numero de perfiles (se anota solo el número correspondiente)
 - 42. SSD en mm_profundidad del perfil_numero de puntos del perfil. *Todos separados por espacios y escritos en el mismo renglón.*
 - 43. WATER_PENUMBRA (perfiles medidos de otros tamaños de campo que el máximo. Se utiliza para el modo FAST)
 - 44. Numero de perfiles (se anota solo el número correspondiente)
 - 45. Tamaño de campo del perfil_SSD en mm_profundidad del perfil_numero de puntos del perfil. *Todos separados por espacios y escritos en el mismo renglón.*

Mediciones para la conformación de un archivo .rsd

- 1. Profundidad de máxima dosis para el Tamaño de campo de 100x100 mm²
- 2. PDD para los Tamaños de campos abiertos a diferentes profundidades, normalizados a la profundidad del máximo declarada en ítem 1.
- 3. Tasa de dosis de referencia a SSD de referencia en profundidad de máximo para un Tamaño de campo de 100x100 mm².
- 4. Perfiles a dmax, 5, 10 y 20cm de profundidad para todos los Tamaños de Campo. involucrados en el PDD.
- 5. Perfiles con cuña a dmax, 5, 10 y 20cm de profundidad para todas las cuñas existentes para el Tamaño de campo máximo.
- 6. Factores de cuña (para diferentes TC) y factor bandeja, definidos en dmax.
- 7. Factor de atenuación del cerrobend utilizado para protecciones.
- 8. Factor de transmisión de las láminas para un equipo con MLC.
- 9. Factor de penumbra (valor 80%-20%) en un campo típico conformado con cerrobend
- 10. PDD con cuña para los Tamaños de campo que se utilizaran. El BHF se calcula con los valores del Tamaño de campo con cuña y abierto de 100x100 mm². El BHFvsFieldSize se utilizan también los PDD de campos 50x50mm y 200x200mm.
- 11. Output Factors para todos los tamaños de campo involucrados, en el máximo en agua. Penumbras para los Tamaños de campos de 300x300 mm², 100x100 mm², 50x50 mm² para equipos con MLC, en ambos sentidos (inplane y crossplane).
- 12. La mejor medida de los OF para campos pequeños para equipos con MLC.
- 13. Output Factos en aire para campos rectangulares en ambas direcciones.
- 14. Datos del equipo: distancia fuete parte baja de los colimadores, distancia fuente bandeja, energía nominal, máximo TC, etc.

OF: Output Factors

PDD: percent depth dose.

MLC: multi leaf collimator.

SSD: Skin source distance.

TC: tamaño de campo

DFI: Distancia fuente isocentro.

APENDICE E.

Instalación Segura de una versión Beta.

FiMe ofrece a algunos usuarios la posibilidad de evaluar versiones beta del soft. Para ejecutar las versiones beta en paralelo a la versión oficial, en forma segura y sin confusiones, se deben seguir los siguientes pasos:

- a.- Copiar la carpeta BLUE a otra que se llame BLUE_Beta,
- b.- Hacer un acceso directo al BlueShell de esta carpeta y llamarlo ShellDemo
- c.- Hacer doble clic en ese nuevo acceso directo y modificar los directorios (File-working directories) para que apunten a C:/BLUE_beta en vez de c:/BLUE.
- d.- Cada vez que llegue una versión beta, sobrescribir los archivos enviados en el directorio correspondiente.

De esta forma se podrá utilizar la versión beta o la oficial se acuerde al acceso directo mediante el cual se acceda. Recordar que puede verificar en cual versión se realizó un plan, leyendo en la impresión del protocolo, el número de versión utilizada.