

UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA
FACULTAD DE CIENCIAS
POSTGRADO EN FÍSICA MÉDICA



Uso de polinomios ortogonales de Zernike (3D)
para establecer la conformidad de la dosis

Trabajo de Grado presentado ante la ilustre
Universidad Central de Venezuela
Por el Lic. Omar Antonio León Colmenares
Para optar al Título de
Magister Scientiarum en Física Médica

Caracas, 10 de marzo de 2017



VEREDICTO

Quienes suscriben, miembros del jurado designado por el Consejo de la Facultad de Ciencias de la Universidad Central de Venezuela, para examinar el **Trabajo de Grado** presentado por: **OMAR ANTONIO LEÓN COLMENARES**, Cédula de identidad N°. **17.959.520**, bajo el título "**USO DE POLINOMIOS ORTOGONALES DE ZERNIKE (3D) PARA ESTABLECER LA CONFORMIDAD DE LA DOSIS**", a fin de cumplir con el requisito legal para optar al grado académico de **MAGÍSTER SCIENTIARUM, MENCIÓN FÍSICA MÉDICA**, dejan constancia de lo siguiente:

1.- Leído como fue dicho trabajo por cada uno de los miembros del jurado, se fijó el día **10 de MARZO de 2017** a las **4:00 P.M.**, para que **el autor** lo defendiera en forma pública, lo que éste hizo en la **Sala de Seminario Guillermo Ruggeri**, mediante un resumen oral de su contenido, luego de lo cual **respondió satisfactoriamente** a las preguntas que le fueron formuladas por el jurado, todo ello conforme con lo dispuesto en el Reglamento de Estudios de Postgrado.

2.- Finalizada la defensa del trabajo, el jurado decidió **aprobarlo**, por considerar, sin hacerse solidario con la ideas expuestas por **el autor**, que **se ajusta** a lo dispuesto y exigido en el Reglamento de Estudios de Postgrado

Para dar este veredicto, el jurado estimó que el trabajo examinado propone un método alternativo e innovador para la estimación de la conformidad de dosis en radioterapia.

En fe de lo cual se levanta la presente ACTA, a los **10 días** del mes de **Marzo** del año **2017**, conforme a lo dispuesto en el Reglamento de Estudios de Postgrado, actuó como **Coordinador** del jurado el **Dr. Miguel Martín Landrove (UCV)**.


Dr. Esteban Álvarez
C.I. 9525744
UCV


M.Sc. Jesús Romero
C.I. 13309305
GURVE


Dr. Miguel Martín Landrove
C.I. 3982506
UCV
Tutor



ep. 10/03/2017

Resumen

En el presente trabajo se propone un método para la comparación de la distribución de dosis propuesta por el Sistema de Planificación (SP), Eclipse versión 10.0, del Servicio de Radioterapia La Trinidad C.A., con respecto a la distribución de dosis ideal propuesta para el tratamiento de una determinada lesión tumoral, siendo esta distribución ideal aquella en la cual el Volumen Blanco de Planificación (PTV por sus siglas en ingles), recibe el 100% de la dosis prescrita por el especialista.

Este método se basa en el desarrollo matemático de las funciones *distribución de dosis* a través de los polinomios ortogonales de Zernike en 3D, los valores de los coeficientes obtenidos en cada desarrollo fueron comparados orden a orden, por medio de una nueva definición de Índice de conformidad (IC) de dosis ($I_Z = Z_{SP} / Z_{ideal}$), donde Z viene dada por la sumatoria de todos los coeficientes calculados. Para llevar a cabo este procedimiento fueron exportados del sistema de planificación en formato DICOM (.dcm) las distribuciones de dosis, para luego ser analizadas en la herramienta matemática Matlab versión 2014b.

Fueron analizadas un total de sesenta (60) distribuciones de dosis, correspondientes a veinte (20) lesiones, ya que para cada lesión fueron desarrollados tres (3) planes de tratamiento, sumado a esto se analizaron veinte (20) distribuciones ideales de dosis, una por cada lesión, para un total de ochenta (80) desarrollos de Zernike y por consiguiente sesenta (60) Índices de conformidad fueron obtenidos. Estos valores fueron comparados con los obtenidos a través de la definición de IC de la RTOG.

Los resultados encontrados para el índice de conformidad por coeficientes de Zernike, refieren que este podría ser una herramienta complementaria para la evaluación de planes de tratamiento.

Índice general

Introducción.....	6
Objetivos de la investigación	7
Objetivo General.....	7
Objetivos específicos	7
Capítulo I.....	8
Radioterapia.....	8
1.1 Radioterapia Externa.....	9
1.1.1 Planificación de Tratamiento	9
• Volumen Tumoral Macroscópico (GTV)	10
• Volumen Tumoral Clínico (CTV)	10
• Volumen Tumoral de Planificación (PTV)	10
• Volumen Tratado (VT)	11
• Volumen Irradiado (VI)	11
• Órganos a Riesgo	12
1.1.2 Técnicas de tratamiento.	13
• Radioterapia conformada tridimensional (RTC-3D).....	13
• Radioterapia de Intensidad modulada (IMRT)	13
• Terapia de arco volumétrico modulado (VMAT)	14
1.1.3 Histograma Dosis Volumen e Índice de Conformidad.	15
Capítulo II	20
Polinomios de Zernike	20
Aplicaciones de los polinomios de Zernike	22
Capítulo III	23
Descripción del método	23
3.1 Archivos DICOM.....	23
3.2 Rutina de programación.....	24
3.2.1 Reconstrucción del PTV Ideal	24

3.2.2 Identificación del PTV Irradiado.....	28
3.2.3 Desarrollo de Zernike	31
3.2.4 Índice de conformidad de dosis	35
Capítulo IV	37
Resultados y Análisis	37
4.1 Coeficientes de Zernike.....	38
4.2 Índice de conformidad de dosis por coeficientes de Zernike	40
Capítulo V	46
Conclusiones	46
Recomendaciones	48
Apéndice A.....	49
Apéndice B.....	53
Apéndice C.....	62
Apéndice D.....	68
Apéndice E	78

Introducción

Uno de los tratamientos más comúnmente aplicado a las enfermedades oncológicas es la Radioterapia (RT), pero debido a que el efecto biológico producido por el suministro de una alta cantidad de radiación, afecta no solo al tejido tumoral sino también al tejido sano, se ha convertido entonces en el objetivo principal, la optimización de la conformación de las distribuciones de dosis entregadas durante la radioterapia.

Esta necesidad ha llevado a grandes avances en lo que a este tratamiento se refiere, lo que nos deja hoy en día con una serie de técnicas entre las que se puede elegir, a la hora de suministrar un tratamiento radiante, técnicas tales como: radioterapia conformada tridimensional (RT3D), radioterapia de intensidad modulada (IMRT por sus siglas en ingles) y radioterapia de arco volumétrico modulado (VMAT por sus siglas en ingles).

Debido entonces a que a medida que avanzan las técnicas de tratamiento, también se deben implementar avances en lo que ha control de calidad se refiere, se plantea en este trabajo una revisión de las técnicas de RT existentes, esto a través del análisis de las distribuciones dosimétricas suministradas durante los tratamientos. Para esto hemos empleado los polinomios ortogonales de Zernike como herramienta para representar y desarrollar las funciones de dosis entregadas durante el tratamiento, así como también la distribución de dosis ideal planteada por el especialista.

Objetivos de la investigación

Objetivo General

Establecer un sistema de comparación de técnicas de tratamiento de radioterapia, basado en índices de conformidad de dosis, obtenidos a través del desarrollo en polinomios ortogonales de Zernike de las distribuciones de dosis.

Objetivos específicos

1. Desarrollar el PTV propuesto en la planificación, en polinomios ortogonales de Zernike en 3D.
2. Desarrollar la distribución de dosis propuesta para el tratamiento, en polinomios ortogonales de Zernike en 3D.
3. Realizar la comparación orden a orden de ambos desarrollos.
4. Comparar con índices de conformidad establecidos.
5. Obtener una generalización de índices de conformidad de dosis. .
6. Establecer sistemas de comparación de planes de tratamiento.

Capítulo I

Radioterapia

La Radioterapia es una modalidad de tratamiento aplicada principalmente en enfermedades de tipo oncológicas, esta técnica se lleva a cabo empleando el uso de haces de radiación del tipo ionizante, cuyo origen puede ser tanto natural (Isótopos Radioactivos) como artificial (Aceleradores Lineales). Este tratamiento tiene como objetivo principal el administrar una dosis de radiación al volumen tumoral, que sea lo suficiente como para erradicarlo, pero siempre respetando al máximo el tejido sano circundante y así ocasionar el menor daño posible sobre estas estructuras [1].

La Radioterapia se basa en el efecto biológico que produce la radiación ionizante sobre las células. El daño sobre estas puede ser causado tanto de forma directa como de forma indirecta, siendo daño directo aquel que se da como consecuencia de las ionizaciones que se producen en los átomos que forman la molécula del ADN, mientras que el daño indirecto es aquel que es ocasionado por un fenómeno químico conocido como ***Radiólisis del agua***, en el cual un haz de radiación entra en contacto con una molécula de agua y está como resultado de la colisión es ionizada, produciéndose así radicales libres los cuales son capaces de desestabilizar los enlaces iónicos de las células y producir la muerte de estas [2].

Este tipo de tratamiento se considera que es localizado, es decir, los campos de radiación son aplicados directamente sobre ciertas regiones y será en estas, donde se producirá el efecto biológico antes mencionado, para lograr este objetivo se busca dirigir los haces de radiación solo hacia las zonas donde la proliferación de células es anómala, aun así siempre quedaran células sanas expuestas a la radiación, es por esto que el tratamiento debe optimizarse a tal punto que sea mínima la cantidad de células normales expuestas. Como ventaja se tiene que las células sanas poseen una mayor capacidad de reparación, regeneración y una menor tasa de multiplicación, mientras que las células neoplásicas en general

poseen mecanismos de reparación y regeneración defectuosos que no son capaces de corregir los daños causados.

1.1 Radioterapia Externa

La Teleterapia, cuyo significado es terapia a distancia, es como también se le conoce a la radioterapia externa, y esto es debido a que la fuente utilizada para la irradiación, está situada a cierta distancia del paciente. Para este tipo de tratamiento nos encontramos con que la radiación puede ser generada por equipos de alta tecnología como lo son los aceleradores lineales o también puede provenir de fuentes radioactivas, la cuales se encuentran resguardadas en equipos especializados y son expuestas al exterior solo a la hora de aplicar el tratamiento al paciente, un ejemplo de estos equipos es la llamada *bomba de cobalto*, el cual contiene una fuente de cobalto-60 de uno a dos centímetros de diámetro que se sitúa en una carcasa blindada que impide la salida de la radiación, salvo por un pequeño orificio diafragmado para proporcionar radiación dirigida.

Esta modalidad de tratamiento es la más común, ya que los pacientes acuden diariamente de forma ambulatoria, esto por un período de tiempo variable, dependiendo de la enfermedad que se esté tratando. Un tratamiento con radioterapia es específico para cada paciente, es decir, cada paciente tendrá un tratamiento distinto al de otro paciente.

1.1.1 Planificación de Tratamiento

Durante la planificación se diseñan los campos de tratamiento y se establece la dirección de entrada de estos hacia el paciente; una vez establecido esto se comienza con la dosimetría clínica, que es cuando se estudia el cómo se distribuirá la dosis en los tejidos, siendo esto determinado por medio de las curvas de isodosis - conjunto de líneas que unen puntos de igual dosis en una región de interés-, dichas curvas variaran según el tipo de radiación y la energía con la que se esté planificando la irradiación terapéutica.

Es el radioterapeuta oncólogo quien define los márgenes tanto del volumen que va ser tratado como de los órganos que se encuentran a su alrededor. Por otra parte, el volumen que va a recibir dosis durante el tratamiento se considera como la suma de varios volúmenes, los cuales son:

- **Volumen Tumoral Macroscópico (GTV)**

Conocido como GTV por las siglas en ingles de Gross Tumour Volume, este es el volumen tumoral visible o palpable. Este puede ser detectado tanto por estudios de imágenes como estudios clínicos [3,4].

- **Volumen Tumoral Clínico (CTV)**

Este volumen incluye al GTV y a las zonas que se consideren de riesgo, debido a que se sospeche la extensión células malignas que no puedan ser detectadas por medio de imágenes diagnosticas. A esta extensión de las células malignas se le denomina enfermedad subclínica y es la experiencia clínica la que indica que esta existe alrededor del volumen macroscópico.

El Radioterapeuta Oncólogo delimita el CTV basándose en su experiencia en el área, esto hace de la delimitación del CTV una controversia, debido a que se presentaran diferencias de opiniones entre los radioterapeutas, es por esto que en estos casos es importante conocer la historia natural del tumor y realizar un análisis de las recurrencias locoregionales.

- **Volumen Tumoral de Planificación (PTV)**

El PTV es el volumen que va a recibir la dosis prescrita por el médico. Este se define entonces como el volumen que considera los márgenes de la enfermedad subclínica, más un cierto margen de forma tal de asegurar que el CTV reciba la dosis prescrita.

Este margen toma en cuenta las incertidumbres asociadas a la posición del CTV que son resultado de las imprecisiones que se dan día a día en el posicionamiento del paciente y las que se dan como resultado del movimiento fisiológico de los órganos y los tejidos incluyendo también las variaciones que pueden darse en la anatomía del paciente.

- **Volumen Tratado (VT)**

Es el volumen abarcado por una superficie de isodosis, seleccionada y especificada por el radioterapeuta oncólogo de manera que con ella se alcance el objetivo del tratamiento (por ejemplo: erradicación del tumor o paliación de la enfermedad) [3,4].

- **Volumen Irradiado (VI)**

Es el volumen de tejido el cual recibe una dosis que es considerada significativa en relación a la tolerancia del tejido normal [3,4].

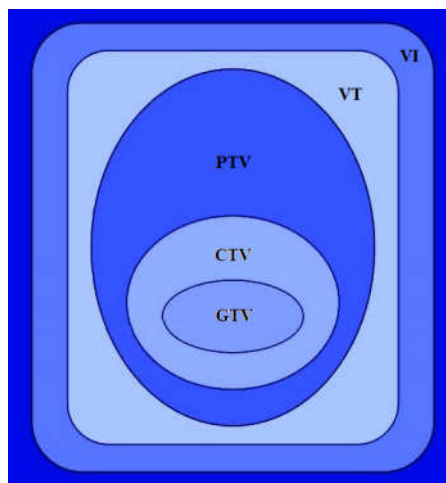


Figura 1. 1 Volúmenes según el ICRU 50.

- **Órganos a Riesgo**

Al realizar la delimitación de los volúmenes tumorales, se debe tomar en cuenta los órganos que estén presentes en las cercanías a dichos volúmenes, ya que estos son tejido sano y como todo tejido son sensibles a la radiación, debido a esto pueden influir significativamente en la planificación del tratamiento y en la dosis prescrita. A estos órganos se les denomina **órganos a riesgo**.

Se pueden definir tres clases de órganos a riesgo, según el ICRU 50:

- **Clase I:** las lesiones por radiación son fatales o dan como resultado una morbilidad severa.
- **Clase II:** las lesiones por radiación resultantes producen una morbilidad moderada.
- **Clase III:** las lesiones por radiación son poco severas, transitorias y reversibles o de una morbilidad insignificante.

En resumen la planificación consiste en dirigir los haces de radiación hacia el PTV teniendo en cuenta su forma, extensión y los órganos a riesgo que se puedan interponer en el haz, cuando se define un haz se definen los parámetros con los que trabajara el acelerador: el giro del gantry, del colimador, el tamaño del campo y la técnica con la que se ejecutara el tratamiento.

1.1.2 Técnicas de tratamiento.

A través de los años ha habido cambios significativos en la entrega de dosis con la radioterapia, esto debido al avance de la tecnología, lo cual ha permitido desarrollar nuevas técnicas tanto para definir el volumen a tratar, como para poder conformar la dosis de radiación a entregar. Estos adelantos han sido impulsados por la necesidad de disminuir la cantidad de tejido sano dentro de los campos de tratamiento.

Mejoras como la inclusión de un dispositivo conocido como Colimador Multiláminas (MLC), el cual posee una cierta cantidad de laminas, que pueden moverse de forma independiente y así ajustarse a la geometría irregular del volumen a tratar, nos permiten clasificar algunas técnicas de tratamiento, tales como:

- **Radioterapia conformada tridimensional (RTC-3D)**

El concepto básico de la RTC-3D es adaptar o conformar la dosis a la forma del volumen destino, esto con la mayor precisión posible [5]. Esto es posible gracias al uso de las imágenes de tomografía computarizada (TC), que permiten obtener una representación digital de la anatomía del paciente en 3D y así una descripción gráfica del volumen blanco.

Son las láminas del MLC las que se ajustaran a la forma del volumen que será irradiado (ver Figura. 1.2).

- **Radioterapia de Intensidad modulada (IMRT)**

La IMRT por sus siglas en ingles, es una técnica en la cual se utilizan haces de intensidad no uniforme, esto permite construir distribuciones altas de dosis, lo cual se logra debido a la división del haz de radiación en pequeños haces, productos del movimiento continuo de las laminas del MLC durante la irradiación,

se obtiene entonces distribuciones de dosis que son más ajustadas a la forma del tumor, mejorando así la preservación de los órganos a riesgo [6].

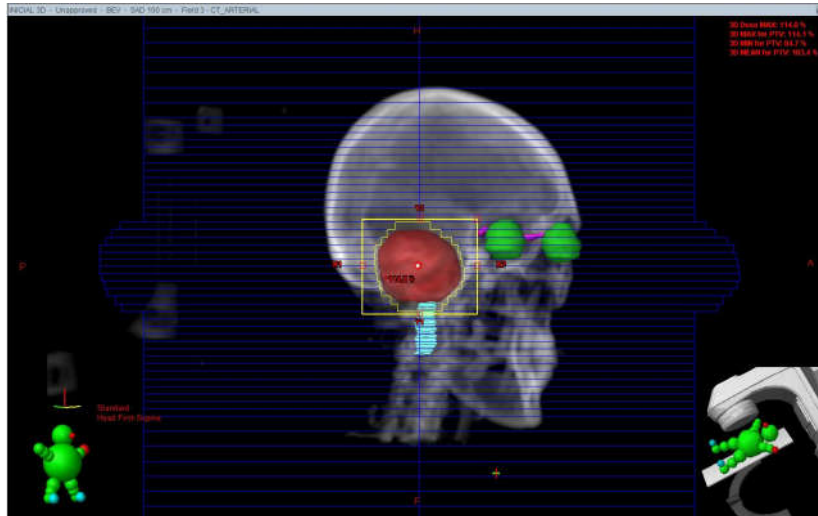


Figura 1. 2 Conformación de las láminas del MLC a la forma del tumor (RTC-3D).

- **Terapia de arco volumétrico modulado (VMAT)**

En la terapia de arco volumétrico modulado (VMAT, por sus siglas en inglés), el gantry del acelerador gira a medida que se dispara el haz de radiación, esta rotación del gantry es de forma continua y puede ser hasta de 360°. Esta técnica permite alcanzar distribuciones altas de dosis, ya que sumado al giro del gantry, otros tres (3) parámetros pueden variar durante la irradiación, los cuales son: la tasa de dosis, la forma del haz (movimiento del MLC) y la velocidad de rotación [7].

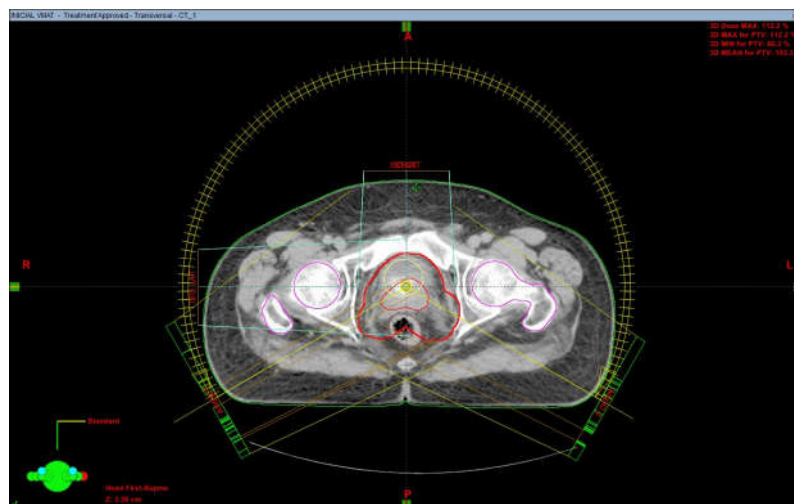


Figura 1. 3 Representación de un plan de tratamiento VMAT.

1.1.3 Histograma Dosis Volumen e Índice de Conformidad.

Al estar definidos los haces y los campos de tratamiento se debe comprobar que el volumen a tratar, está cubierto por la isodosis deseada, según el ICRU REPORT 50-62 [4,8] la dosis que debe recibir dicho volumen ha de estar entre una dosis máxima del 107% y una mínima del 95% de la prescrita por el especialista. Por otra parte, también se ha de comprobar que ningún órgano o tejido sano recibe una dosis excesiva, esto se comprueba con las curvas de isodosis, las cuales pueden ser analizadas a lo largo de cada corte tomográfico.

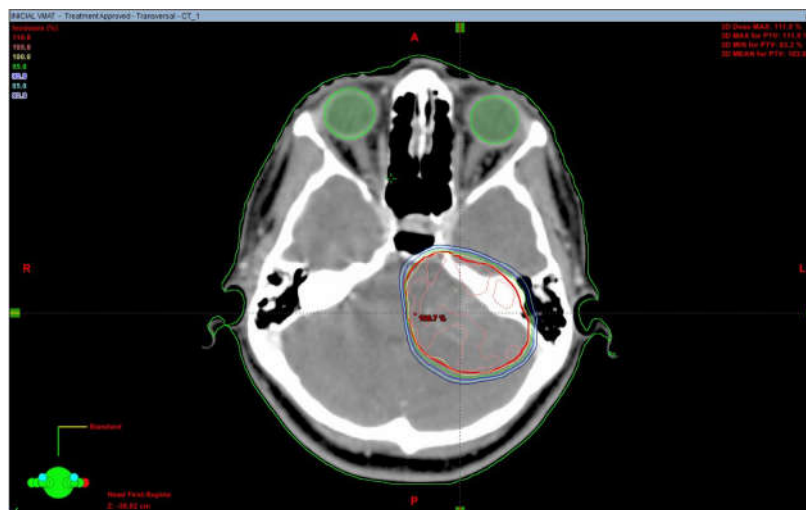


Figura 1. 4 Curvas de isodosis.

Es necesario también comprobar los histogramas dosis volumen (HDV), los cuales son unos gráficos que relacionan el porcentaje (%) de volumen de una estructura y la dosis absoluta administrada, estos gráficos permiten analizar si todo el volumen blanco recibe la dosis prescrita y también monitorear que los órganos en condición de riesgo no se vean comprometidos.

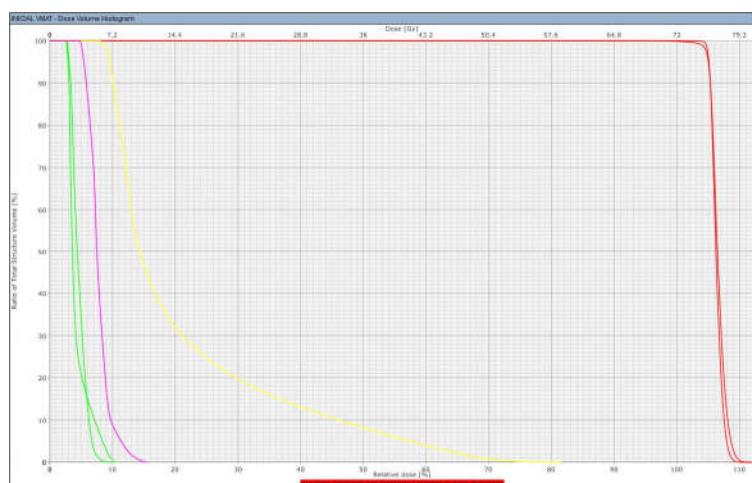


Figura 1. 5 Curvas representativas de Histogramas Dosis Volumen.

Por su parte el Índice de conformidad (IC) de dosis es otro criterio para evaluar planes de tratamiento, cuyo objetivo es medir que tanto o que tan bien se conforma una distribución de dosis al volumen blanco. Este IC se encuentra definido como el valor absoluto, resultado del cociente entre dos magnitudes, tales como: volumen tumoral entre volumen delimitado por una isodosis, isodosis prescrita entre isodosis máxima planificada, entre otros. Se puede ver entonces que el índice de conformidad es una herramienta que facilita la comparación y elección entre planes de tratamiento [9].

Existen en la literatura diferentes definiciones de Índice de conformidad, a continuación se hace una descripción de la definición más elemental de IC [10]:

$$IC_{RTOG} = \frac{V_{PI}}{TV} \quad \text{Ec.1.1}$$

donde V_{PI} es el volumen de la isodosis de prescripción (PI por sus siglas en ingles) y TV se refiere al volumen blanco (TV por sus siglas en ingles).

Al momento de interpretar este Índice de conformidad propuesto por la RTOG (siglas en ingles de Grupo de Radioterapia Oncológica) tenemos que:

- Un IC de valor 1 corresponde a una conformación ideal de la dosis, es decir, el volumen tratado es igual al volumen blanco.
- Un IC mayor a 1 refiere que el volumen que ha sido tratado es mayor que el volumen blanco y por ende se ha irradiado considerablemente un volumen del tejido sano.
- Un IC menor a 1 refiere que el volumen tratado es menor que el volumen blanco, es decir, solo se ha irradiado una fracción del volumen blanco.

Debido a la dificultad de obtener un valor para el IC igual a 1, la RTOG ha definido rangos de valores para establecer la conformidad de la dosis:

- Un valor de IC entre 1 y 2 refiere que el plan propuesto cumplirá con el tratamiento.
- Un IC con valores entre 2 y 2,5 o 0,9 y 1, se considera como que el plan propuesto comete una violación mínima de lo establecido como tratamiento.
- Un IC menor a 0,9 o mayor a 2,5, se considera que el plan propuesta viola completamente lo establecido como tratamiento.

Cabe destacar que este Índice de conformidad propuesto por la RTOG, presenta grandes desventajas, puesto que la expresión no toma en cuenta la posible diferencia a nivel espacial que puede existir entre los volúmenes bajo estudio, es decir, la expresión considera que el centro del volumen tratado coincide con el del volumen blanco. Adicionalmente tampoco considera las diferencias en las formas de los volúmenes [9].

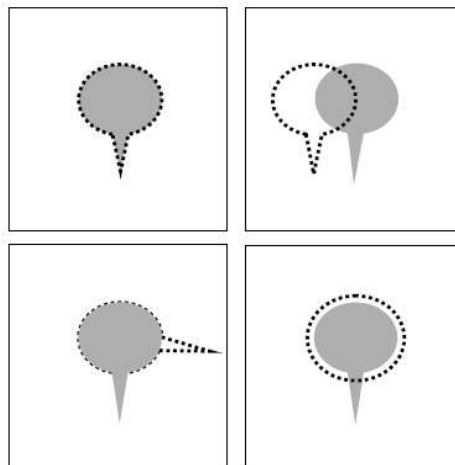


Fig. 1. Four possibilities for which the $V_{R/I}/TV$ ratio is equal to 1 (index proposed by the RTOG) (1) (target volume, shaded; volume of reference isodose, enclosed in black dashes).

Figura 1. 6 Representación de cuatro (4) posibilidades en las que el IC de la RTOG es igual a 1 (tomado de Loic Feuvret [9]).

De lo expresado anteriormente se puede deducir que podría darse el caso en el que el volumen tratado no sea el volumen blanco sino un volumen de tejido sano, o que presenten formas completamente distintas, pero al ser analizados sus volúmenes obtengamos un Índice de conformidad en un rango aceptable (Ver Figura 1.6), llevándonos a una elección errónea del plan de tratamiento. Por tal motivo a la hora de trabajar con esta definición de Índice de conformidad se debe tomar en cuenta en la evaluación del plan de tratamiento los histogramas dosis volumen y revisar las curvas de isodosis sobre las secciones de la tomografía computarizada.

Capítulo II

Polinomios de Zernike

Los polinomios de Zernike son un conjunto de polinomios ortogonales, que se encuentran definidos dentro de una esfera de radio unitario, por tal razón vienen expresados en coordenadas esféricas y se definen de la siguiente manera:

$$Z_{n,l,m}(\rho, \theta, \varphi) \equiv R_n^{(l)}(\rho) Y_l^m(\theta, \varphi) \quad \text{Ec.2.1}$$

donde $n \in [0, Max]$, $l \in [0, n]$ y $m \in [-l, l]$, a su vez R es una función radial de valores reales y Y está representada por los armónicos esféricos [11].

Cualquier función puede ser desarrollada por estos polinomios a través de:

$$f(\rho, \theta, \varphi) = \sum_{n=0}^{\infty} \sum_{l=0}^n \sum_{m=-l}^l \Omega_{n,l,m} Z_{n,l,m}(\rho, \theta, \varphi) \quad \text{Ec.2.2}$$

También es conocida una extensión de estos polinomios al sistema de coordenadas cartesianas y viene dada por la siguiente expresión:

$$Z_{n,l,m}(\vec{r}) = \sum_{v=0}^k Q_{k,l,v} \left| \vec{r} \right|^{2v} e_{l,m}(\vec{r}) \quad \text{Ec.2.3}$$

con $k = \frac{n-l}{2}$, $n-l \geq 0$ y par.

Por otra parte se define que Q es igual a:

$$Q_{k,l,v} = \frac{(-1)^k}{2^{2k}} \sqrt{\frac{2l+4k+3}{3}} \binom{2k}{k} (-1)^v \frac{\binom{k}{v} \binom{2(k+l+v)+1}{2k}}{\binom{k+l+v}{k}} \quad \text{Ec.2.4}$$

y

$$e_{l,m}(\vec{r}) = C_{l,m} |\vec{r}|^l \left(\frac{ix-y}{2} \right)^m (x+iy)^{l-m} \sum_{\mu=0}^{\lfloor (l-m)/2 \rfloor} \binom{l}{\mu} \binom{l-\mu}{m+\mu} \left(-\frac{x^2+y^2}{4z^2} \right)^\mu \quad \text{Ec.2.5}$$

$$C_{l,m} = \frac{\sqrt{(2l+1)(l+m)!(l-m)!}}{l!}$$

En este caso, el desarrollo de la función estará dada por la siguiente expresión:

$$f(\vec{r}) = \sum_{n=0}^{\infty} \sum_{l=0}^n \sum_{m=-l}^l \Omega_{n,l,m} Z_{n,l,m}(\vec{r}) \quad \text{Ec.2.6}$$

donde Ω , se define como el momento de Zernike de un objeto que está definido por f [12], y su expresión viene dada por:

$$\Omega_{n,l,m} = \frac{3}{4\pi} \int_{|\vec{r}| \leq 1} f(\vec{r}) Z_{n,l,m}^*(\vec{r}) d^3 \vec{r} \quad \text{Ec.2.7}$$

Aplicaciones de los polinomios de Zernike

Debido a que los polinomios de Zernike son ortogonales entre sí, se tiene entonces que en la representación de una función a través de estos no existirá redundancia o superposición de la información, por esta razón estos polinomios han sido aplicados en distintas áreas, tales como: Análisis de imágenes para el reconocimiento de patrones y reconstrucción de formas y la que es su aplicación más común, el cálculo de imperfecciones o aberraciones de un frente de onda real respecto a un frente de onda de referencia, esto claro está en el campo de la óptica.

Uno de los sistemas ópticos más desarrollado por polinomios de Zernike ha sido el sistema ocular, donde los coeficientes de Zernike representan las aberraciones del sistema[13]. Debido entonces a lo antes mencionado y al hecho de que las distribuciones de dosis aplicadas sobre una lesión tumoral, pueden ser consideradas por aproximación como una esfera, es que se plantea utilizar los polinomios de Zernike para estimar la diferencia que existe, entre la distribución de dosis aplicada durante el tratamiento y la distribución de dosis propuesta para dicho tratamiento.

Capítulo III

Descripción del método

3.1 Archivos DICOM

Para la realización de este trabajo fueron necesarios dos (2) archivos DICOM, los cuales fueron exportados del Sistema de Planificación del Servicio de Radioterapia La Trinidad C.A., en cada archivo estarían definidos diferentes módulos de información MOD (Ver Apéndice A). Estos módulos serían los siguientes:

- Radiotherapy Structure: Contiene la información de las estructuras delimitadas en el sistema de planificación, estas son delimitadas por el Radioterapeuta y entre dichas estructuras se encuentran el GTV, el CTV, entre otros.
- Radiotherapy Dose: Este modulo contiene toda la información en lo que a dosis se refiere, informaciones tales como: Distribuciones de dosis calculadas por el sistema de planificación, Histogramas Dosis-Volumen, etc.

Para el análisis de los archivos se desarrollo un código de programación en lenguaje M, siendo este el lenguaje propio de la herramienta matemática Matlab (Software), esta rutina de programación hace uso tanto de herramientas ya definidas en el software como de nuevas herramientas escritas, las cuales fueron creadas para lograr los objetivos planteados en este trabajo de investigación. La versión utilizada del software fue Matlab 2014b.

3.2 Rutina de programación

A continuación se presenta una descripción de los algoritmos que comprenden a la rutina desarrollada¹:

3.2.1 Reconstrucción del PTV Ideal

Para efectos de este trabajo se planteo que un PTV ideal sería aquella estructura delimitada por el Radioterapeuta oncólogo como "PTV", es por esto que para esta sección se realizo la lectura del archivo DICOM correspondiente a las estructuras de radioterapia. Esto se llevo a cabo haciendo uso de la función *Dicominfo*, que da acceso a toda la información codificada en el archivo correspondiente.

```
%LECTURA DEL ARCHIVO DE LAS ESTRUCTURAS
carpeta = 'Carpeta donde se encuentra el archivo en el PC';
imag = 'Nombre del archivo.dcm';
archS = fullfile (carpeta, imag);
infoRS = dicominfo(archS);
```

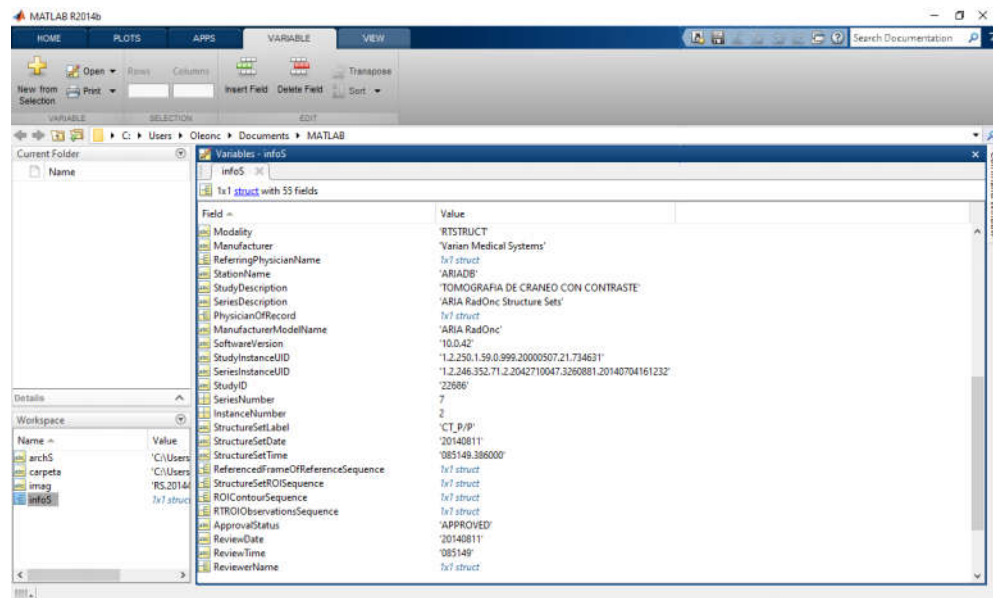


Figura 3.1 Vista de la información del Archivo RS.

¹Para conocer en detalle el código de programación desarrollado véase el Apéndice B.

Una vez leída la información se procedió a identificar cual de todas las estructuras delimitadas era el PTV, para esto se analizo el *Data set*: StructureSetROISequence, que es donde se encuentra registrada la información referente a cada una de las estructuras demarcadas, dichas estructuras son denominadas como *Items* (Figura 3.2).

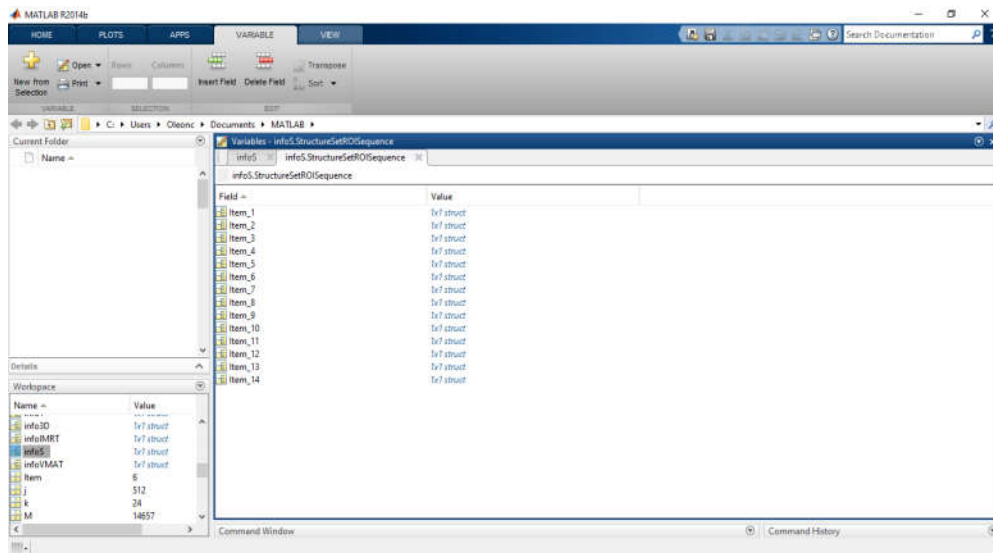


Figura 3.2 Vista del *Data set*: StructureSetROISequence del Archivo RS.

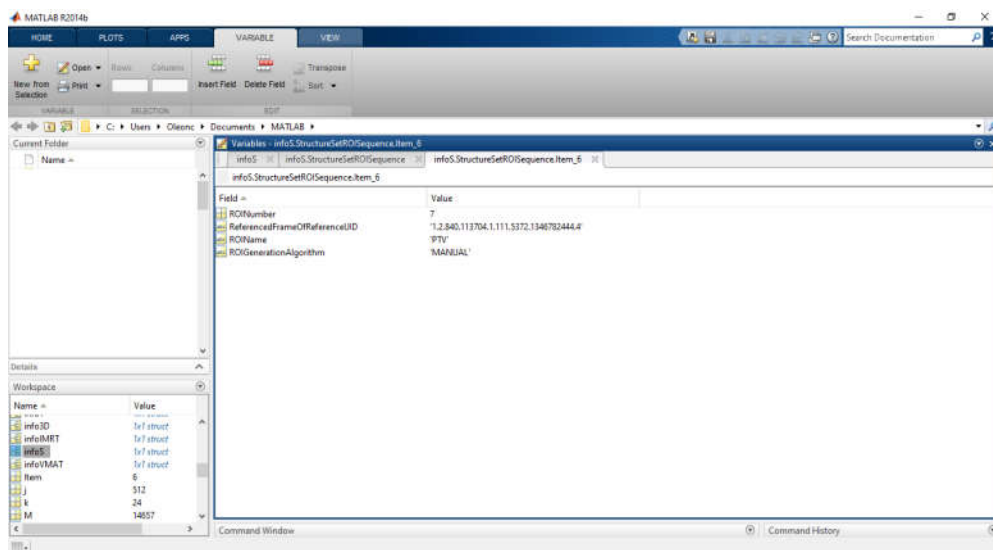


Figura 3.3 Vista de la información registrada en un ítem del *Data set*: StructureSetROISequence del Archivo RS.

Se exploró entonces cuál de estos *Items* o regiones de interés (ROI por sus siglas en inglés), estaba registrada bajo un ROIName igual a PTV. Para esto se reviso la información de cada *Items* (Figura 3.3).

Una vez identificado el ROI, lo siguiente fue procesar el *Data set*: ROIContourSequence, es en este donde están registradas las coordenadas del contorno de la estructura de nuestro interés. Estas coordenadas están organizadas en una matriz de $512 \times 512 \times N$., donde N es el número de cortes de la estructura. El resultado fue el siguiente:

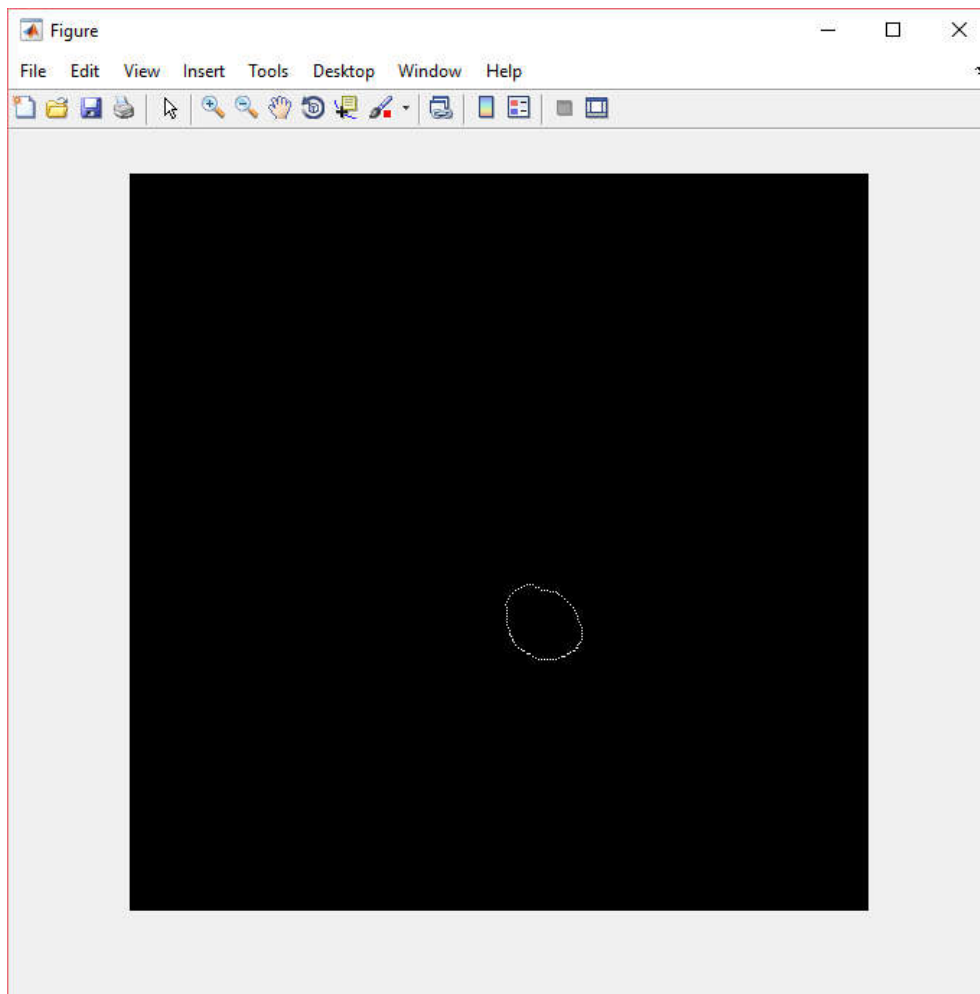


Figura 3.4 Vista de un corte del contorno generado.

Como se puede observar en la Figura 3.4, el resultado es una línea punteada, ya que para efectos de este trabajo necesitamos de una estructura solida, el primer paso a seguir fue completar el contorno. Esto se realizo aplicando a la imagen una operación morfológica conocida como Clausura (Ver Apéndice C). Al obtener el contorno cerrado lo siguiente fue el llenar la región de interés de forma tal de obtener una estructura solida.

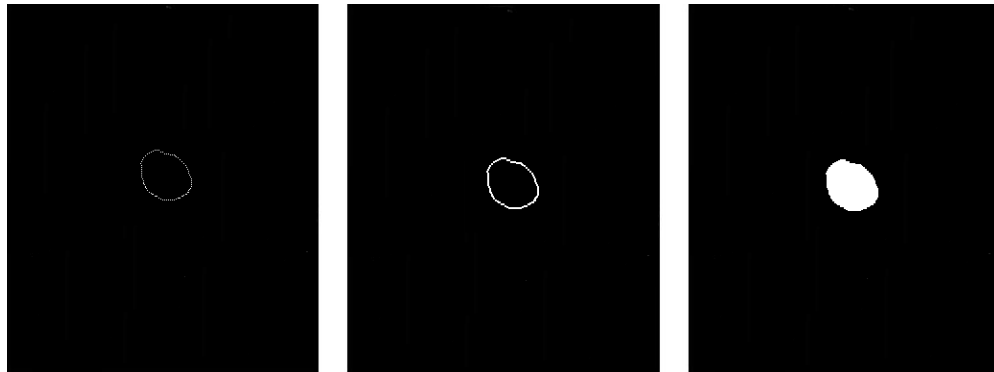


Figura 3.5 Izq. Contorno punteado de la estructura. (Centro) Resultado de la operación morfológica de clausura. (Der.) Estructura solida "PTV".

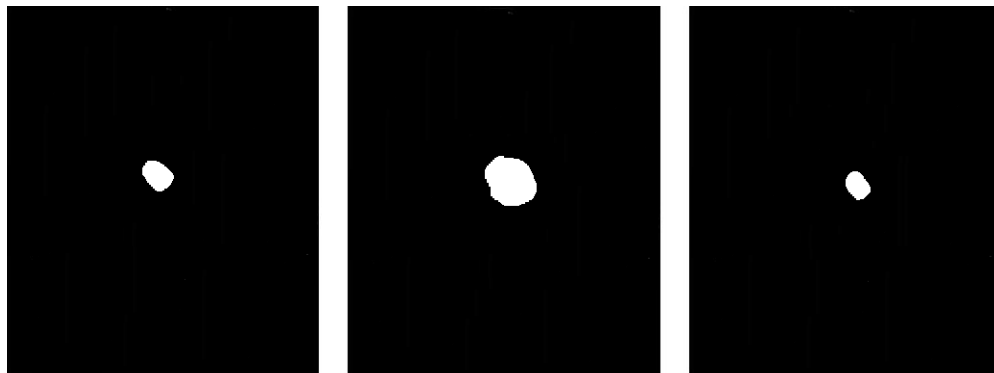


Figura 3.6 Vista de tres (3) cortes de la estructura solida obtenida para el PTV.

3.2.2 Identificación del PTV Irrradiado

En esta sección se realizó la lectura del archivo DICOM correspondiente a la distribución de dosis planificada como tratamiento y se estableció que el PTV Irrradiado sería aquel ROI que según la distribución de dosis recibiera hasta el 95% de la dosis prescrita. Al igual que en la sección anterior la lectura del archivo se hizo con el uso de la función *Dicominfo*.

```
%LECTURA DEL ARCHIVO DE LA DOSIS
carpeta = 'Carpeta donde se encuentra el archivo en el PC';
imag = 'Nombre del archivo.dcm';
archD = fullfile (carpeta, imag);
infoD = dicominfo(archD);
```

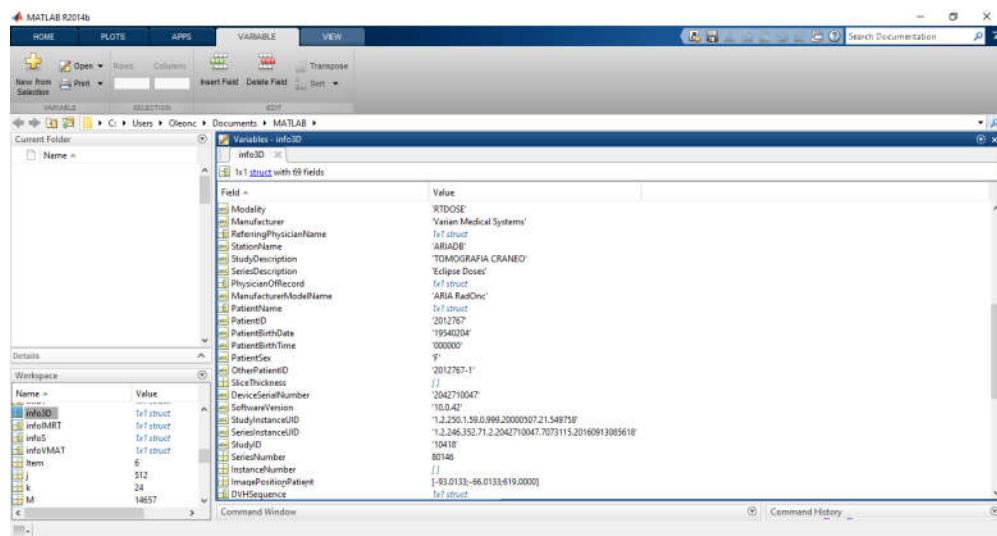


Figura 3.7: Vista de la información del Archivo RD.

En el archivo ".dcm", la distribución de dosis se encontraba registrada como una matriz $L \times M \times N$, donde los valores de L y M dependían del tamaño del paciente y N del número de cortes registrados en el escaneo de la tomografía computarizada, en este caso la información no estaba registrada en una matriz de $512 \times 512 \times N$, como en el caso anterior.

De este modo para visualizar un corte de interés de la distribución de dosis se hace uso de la función *Imshow*:

```
Idosis = dicomread(infoD);  
figure, imshow (Idosis(:, :, #Corte_de_Interes), [])
```

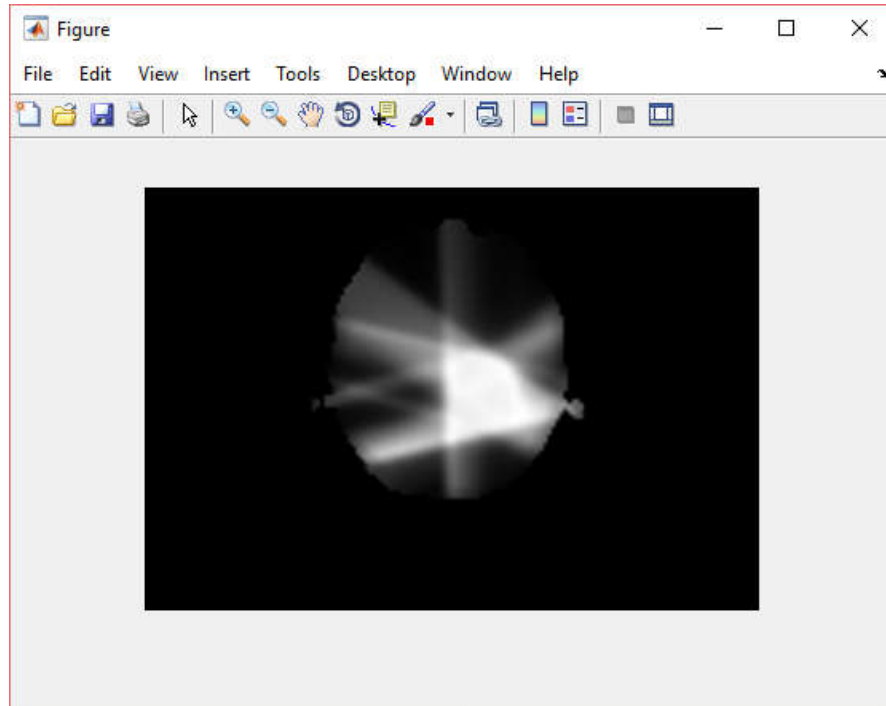


Figura 3.8 Vista de un corte de la distribución de dosis de un plan de tratamiento con técnica IMRT.

Para obtener el PTV irradiado se accedió a la información registrada en el *Data set*: DVHSequence (Ver Figura 3.9), en donde se encuentran especificados los valores máximos y mínimos de dosis recibido por cada estructura, estos están expresados en porcentajes, y se eligió entonces los valores para la estructura registrada con un ROIName igual a PTV. Cabe destacar que solo se utilizó el valor máximo y con este se obtuvo el valor mínimo, el cual para este trabajo se estableció que debía ser 95% de la dosis prescrita, como se mencionó anteriormente.

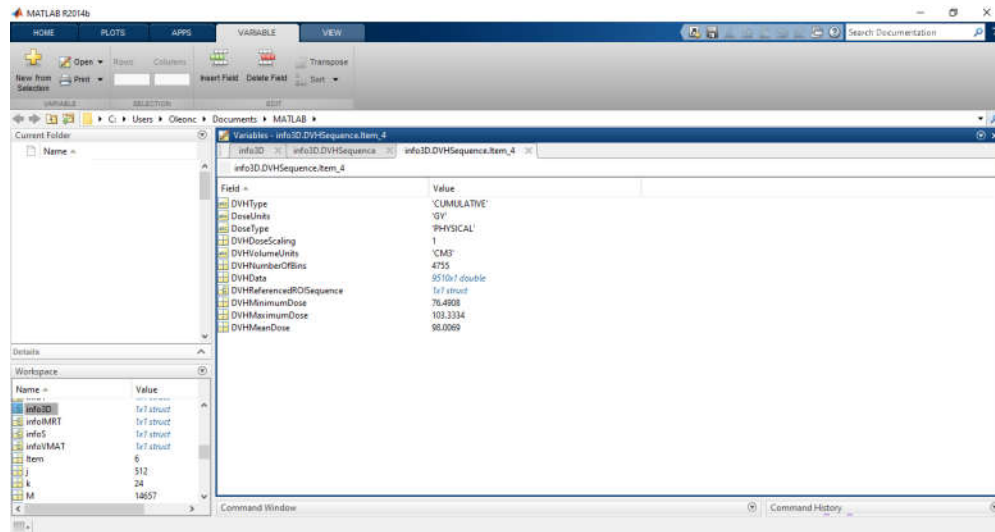


Figura 3.9 Vista de la información registrada en el *Data set: DVHSequence* del Archivo RD.

Al conocer ambos valores lo siguiente fue aislar la región de la distribución de dosis que se encontraba entre estos dos valores (ver Figura 3.9).

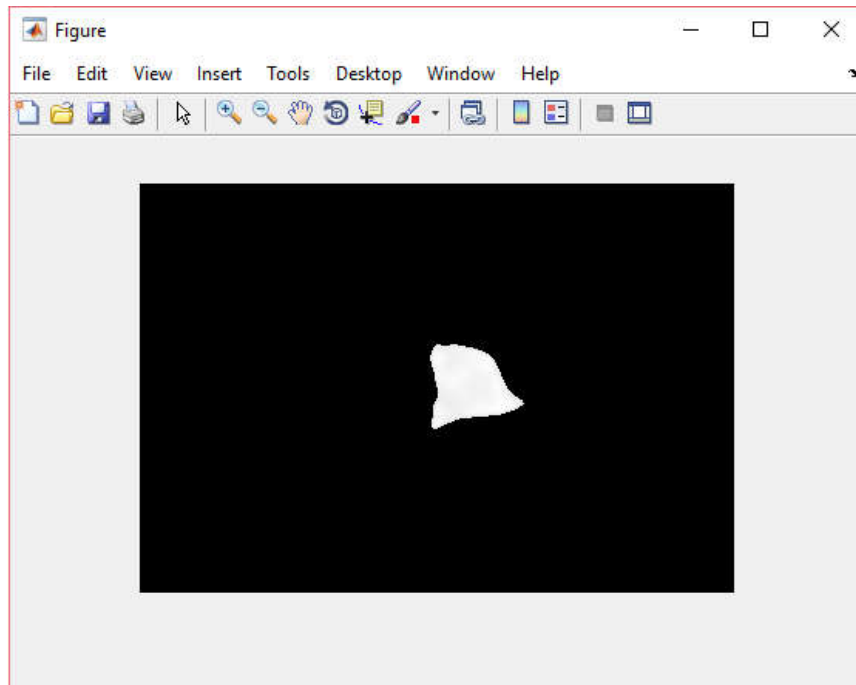


Figura 3.10 Vista de un corte del PTV Irradiado de un plan de tratamiento con técnica IMRT.

3.2.3 Desarrollo de Zernike

Al encontrarse definidos los dos PTV, el paso siguiente fue hacer el desarrollo en polinomios de Zernike para cada función (PTV Ideal y PTV Irradiado). Se procedió entonces a determinar la expresión para cada orden del desarrollo, esto se llevo a cabo asignando los valores correspondientes de n , l y m en las ecuaciones 2.3-2.7.

Por ejemplo para obtener el primer polinomio de Zernike se debe sustituir en la ecuación 2.3, los siguientes valores:

$$n = 0, \quad l = 0, \quad m = 0,$$

ya que $k = \frac{n-l}{2}$, y debido a los valores expresados anteriormente para n , l y m , se tiene que $k = 0$.

Al realizar entonces la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{0,0,0}(\vec{r}) = Q_{0,0,0} \left| \vec{r} \right|^0 e_{0,0}(\vec{r}) \quad \text{Exp.3.1}$$

donde Q - expresión 2.4 - al ser evaluada será:

$$Q_{0,0,0} = \frac{(-1)^0}{2^{2 \cdot 0}} \sqrt{\frac{2 \cdot 0 + 4 \cdot 0 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 0}{0} (-1)^0 \frac{\binom{0}{0} \binom{2(0)+1}{2 \cdot 0}}{\binom{0}{0}} = 1 \quad \text{Exp.3.2}$$

y por su parte e - expresión 2.5 - evaluada es:

$$e_{0,0}(\vec{r}) = C_{0,0} |\vec{r}|^0 \left(\frac{ix-y}{2} \right)^0 (x+iy)^0 \binom{0}{0} \binom{0-0}{0+0} \left(-\frac{x^2+y^2}{4z^2} \right)^0 = 1 \quad \text{Exp.3.3}$$

con

$$C_{0,0} = \frac{\sqrt{(2 \cdot 0 + 1)(0+0)!(0-0)!}}{0!} = 1 \quad \text{Exp.3.4}$$

Se obtiene entonces que el primer polinomio de Zernike es,

$$Z_{0,0,0}(\vec{r}) = 1 \quad \text{Exp.3.5}$$

Junto al resultado anterior y la expresión 2.7, obtendremos que el primer coeficiente del desarrollo de una función en polinomios de Zernike debe ser:

$$\Omega_{0,0,0} = \frac{3}{4\pi} \int_{-x_0}^{x_0} \int_{-y_0}^{y_0} \int_{-z_0}^{z_0} f(x, y, z) dx dy dz \quad \text{Exp.3.6}$$

Debido a que la función desarrollada en este trabajo se encuentra discretizada, la integral de la expresión anterior puede ser reemplazada por una sumatoria [14,15], y la expresión se reescribe de la siguiente manera:

$$\Omega_{0,0,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{x,y,z} f(x, y, z) \quad \text{Exp.3.7}$$

Para el segundo orden del desarrollo, es decir, $n=1$, se obtuvo que la expresión correspondiente para el momento de Zernike, es la siguiente²:

$$\Omega_{1,1,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{x,y,z} \sqrt{5} f(x, y, z) |\vec{r}| z \quad \text{Exp.3.8}$$

² Para conocer en detalle el cálculo de este coeficiente véase el Apéndice D.

Como se menciona al inicio del capítulo 2, los polinomios de Zernike se encuentran definidos dentro de una esfera de radio unitario, mientras que las funciones a ser desarrolladas se encuentran definidas u organizadas en matrices aproximadamente cubicas. Por tal motivo y para poder realizar el análisis mediante los polinomios de Zernike, se tomo en cuenta lo planteado por Khalid M. Hosny [11], donde la matriz está completamente rodeada por la esfera unitaria y su centro coincide con el centro de la esfera (ver Figura 3.11).

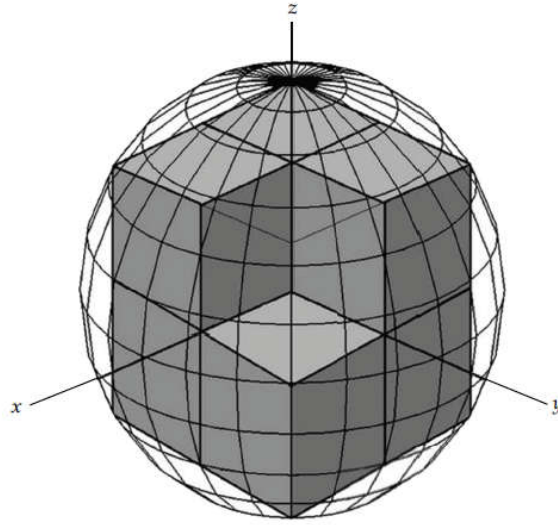


Figura 3.11 Representación de la evaluación de Zernike. La imagen 3D es mapeada dentro de la esfera unitaria (tomado de Khalid M. Hosny [11]).

Adicionalmente el sistema de referencia de las funciones a ser desarrolladas se encuentra en función de (i, j, k) y no en función de (x, y, z) como en las ecuaciones 2.3-2.7, por esta razón las expresiones para los coeficientes de Zernike debieron ser reescritas en función de este sistema de coordenadas (i, j, k) . Para esto nuevamente se utilizo la propuesta de Khalid M. Hosny [11], donde se establecen las siguientes expresiones:

$$x_i = \frac{2i - N - 1}{N\sqrt{3}}, \quad y_j = \frac{2j - N - 1}{N\sqrt{3}}, \quad z_k = \frac{2k - N - 1}{N\sqrt{3}} \quad \text{Exp.3.9}$$

De esta manera las expresiones 3.7 y 3.8, se reescriben de la siguiente manera:

$$\Omega_{0,0,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N f(i,j,k) \quad \text{Exp.3.10}$$

$$\Omega_{1,1,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \sqrt{5} f(i,j,k) \left| \vec{r} \left(\frac{2k-N-1}{N\sqrt{3}} \right) \right|_k \quad \text{Exp.3.11}$$

De las expresiones 3.10 y 3.11, se puede observar que las funciones a ser desarrolladas por los polinomios de Zernike, deben ser matrices cubicas NxNxN y como se menciona anteriormente en las secciones 3.2.1 y 3.2.2, el PTV Ideal es un arreglo matricial 512x512xN₁ y a su vez el PTV Irradiado es un arreglo LxMxN₂, por consiguiente los arreglos de matrices obtenidos anteriormente debieron ser llevados a arreglos cúbicos de 512x512x512 (Figura 3.12).

Una vez organizados los volúmenes en matrices cubicas, se procedió a realizar el cálculo de los coeficientes del desarrollo (momentos de Zernike) de cada volumen (Ver Apéndice B, sección: COEFICIENTES DE ZERNIKE).

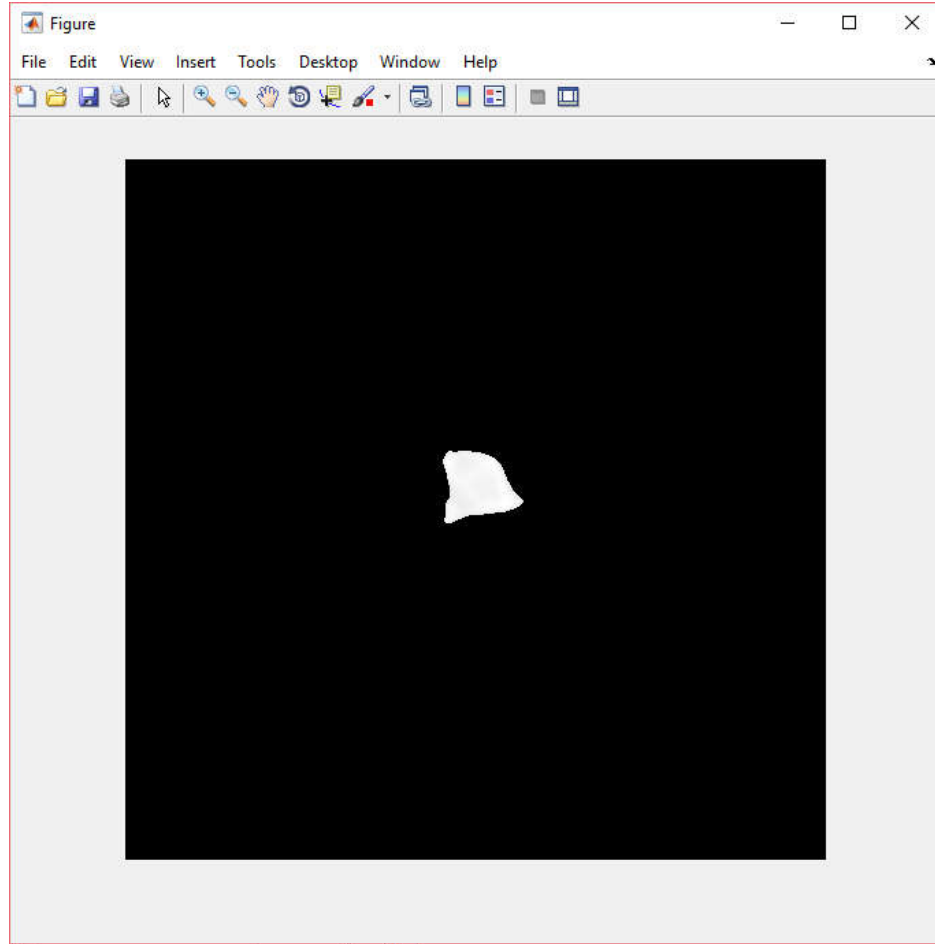


Figura 3.12 Vista de un corte del PTV Irradiado de un plan de tratamiento con técnica IMRT.

3.2.4 Índice de conformidad de dosis

De la ecuación 3.7, podemos inferir que son los coeficientes del desarrollo de Zernike ($\Omega_{n,l,m}$), los que guardan la información del objeto o función, al realizar el desarrollo matemático, es por esto que para realizar la comparación orden a orden de los desarrollos de Zernike se planteo obtener un índice de conformidad de dosis de la siguiente manera:

$$I_{3D} = \frac{Z_{3D}}{Z_{Ideal}} \quad I_{IMRT} = \frac{Z_{IMRT}}{Z_{Ideal}}, \quad I_{VMAT} = \frac{Z_{VMAT}}{Z_{Ideal}} \quad \text{Exp.3.12}$$

donde Z corresponde a la sumatoria de los momentos de Zernike, es decir:

$$Z = \sum_{n,l,m} \Omega_{n,l,m} = \Omega_{0,0,0} + \Omega_{1,1,0} + \dots + \Omega_{n,l,m} \quad \text{Exp.3.13}$$

Cabe destacar que los subíndices de Z en la expresión 3.12, (3D, IMRT, VMAT e Ideal), hacen referencia a las funciones para las cuales han sido calculados los momentos de Zernike, donde 3D, IMRT y VMAT son los PTV Irradiados, obtenidos a través de las distribuciones de dosis extraídas del sistema de planificación, descritos en la sección 3.2.2. Por su parte el subíndice *Ideal*, hace referencia al PTV Ideal descrito en la sección 3.2.1.

Para llevar a cabo lo descrito en las expresiones 3.12 y 3.13, fueron desarrollados en el Sistema de Planificación, tres (3) planes de tratamiento para una misma lesión, utilizando las técnicas Conformada 3D, IMRT y VMAT.

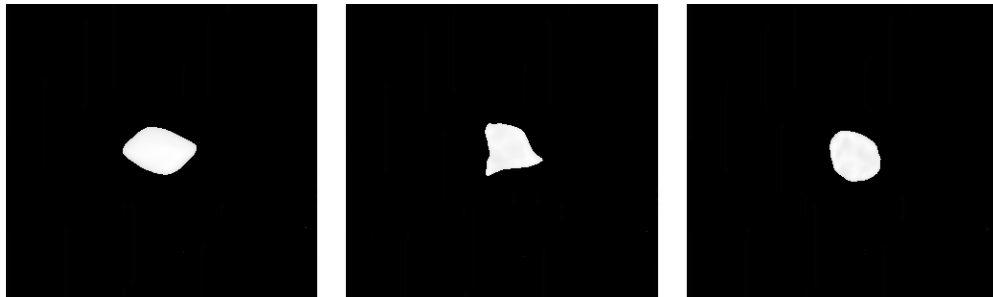


Figura 3.13 De Izquierda a derecha. Vistas de un corte del PTV Irradiado en planes 3D, IMRT y VMAT, respectivamente.

Una vez desarrollados los planes de tratamientos, se procedió a realizar el cálculo de los coeficientes del desarrollo (momentos de Zernike) para cada plan de tratamiento propuesto.

Capítulo IV

Resultados y Análisis

Bajo el procedimiento descrito en el capítulo anterior fueron analizados veinte (20) grupos de datos, cada grupo de datos estaba conformado de: Tres (3) distribuciones de dosis (RT3D, IMRT y VMAT) y un volumen de planificación o PTV, a continuación se presenta en la Tabla 4.1, el diagnostico correspondiente de cada lesión tumoral, para la cual fueron desarrollados los datos antes mencionados.

Tabla 4.1. Tipos de lesiones bajo estudio.

Nº de grupo	Diagnostico	Nº de paciente
1	Glioblastoma Multiforme	3
2	Meningioma	7
3	Ca. de Próstata	10

Los diagnósticos expuestos en la tabla anterior fueron escogidos, por las características que en un principio presentan este tipo de lesiones: Los meningiomas en su mayoría son lesiones cuyo crecimiento es muy próximo a una esfera, por su parte los Glioblastomas multiformes (GBM) presentan un crecimiento más errático y por esto su superficie es más compleja, al igual que los carcinoma de próstata, esta diferencia en la superficie de las lesiones fue escogida por que introducía a nuestro análisis otra variable, como lo es, el volumen de la lesión bajo estudio.

A continuación se presentan los resultados obtenidos, para las diferentes pruebas de análisis realizadas:

4.1 Coeficientes de Zernike

Como se menciona con anterioridad, son los coeficientes $\Omega_{n,l,m}$, donde está registrada la información de la función al ser desarrollada matemáticamente, la incógnita principal es: Cuántos coeficientes deben ser calculados para obtener una aproximación aceptable de la función?. Para efectos de este trabajo se planteo hacer el cálculo hasta $n=3^3$.

Los valores obtenidos para los coeficientes del desarrollo, para un primer paciente⁴, se expresan a continuación en la Tabla 4.2.

Tabla 4.2: Coeficientes del desarrollo de Zernike del Paciente nº 1.

Caso	Coeficiente	Distribución			
		3D	IMRT	VMAT	Ideal
Meningioma #1	$\Omega_{0,0,0}$	$1,59 \times 10^5$	$1,42 \times 10^5$	$1,58 \times 10^5$	$1,45 \times 10^5$
	$\Omega_{1,1,0}$	11,43	20,85	35,07	-8,05
	$\Omega_{1,1,1}$	-6,22	-	-	6,19
	$\Omega_{1,1,-1}$	6,22	-	-	-6,19
	$\Omega_{2,0,0}$	$-3,63 \times 10^5$	$-3,24 \times 10^5$	$-3,60 \times 10^5$	$-3,31 \times 10^5$
	$\Omega_{2,2,0}$	-1,45	-0,87	-0,57	-0,5371
	$\Omega_{3,1,0}$	$-1,00 \times 10^3$	$-1,55 \times 10^3$	$-2,39 \times 10^3$	468,53
	$\Omega_{3,3,0}$	2,43	1,24	1,02	1,72
	Total	$-2,05 \times 10^5$	$-1,83 \times 10^5$	$-2,05 \times 10^5$	$-1,86 \times 10^5$

³ Para conocer la expresión de cada coeficiente calculado véase el Apéndice D.

⁴ Los valores de los coeficientes calculados para el resto de los pacientes se encuentran tabulados en el Apéndice E.

Al realizar el desarrollo de Zernike, encontraremos factores con representación en el espacio complejo, por ejemplo:

$$\Omega_{1,1,1} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x, y, z) \vec{r} \big| (-ix - y)$$

y

$$\Omega_{1,1,-1} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x, y, z) \vec{r} \big| (-ix + y)$$

La propuesta inicial era utilizar dentro del análisis, la parte real de estos coeficientes, pero como se puede ver en las expresiones de $\Omega_{1,1,1}$ y $\Omega_{1,1,-1}$, la parte real de estos coeficientes presentan el mismo valor, pero difieren en el signo, produciendo que se eliminen dentro de la sumatoria. Esto también se muestra en los valores presentados en la Tabla 4.2. Utilizar entonces esta parte de los coeficientes, incrementaría el tiempo de cálculo computacional, sin contribución alguna al cálculo desarrollado.

Por otra parte, para incluir la componente imaginaria se debía plantear el procesar los momentos de Zernike como un vector, una vez más se estaría incrementando el tiempo de cálculo computacional, por lo que, para efectos de este trabajo, se propuso utilizar solo los coeficientes cuyo valor fuese real.

4.2 Índice de conformidad de dosis por coeficientes de Zernike

Antes de definir el Índice de conformidad por coeficientes de Zernike como lo establecido en las expresiones 3.12 y 3.13 de la sección 3.2.4, es decir:

$$I_{3D} = \frac{Z_{3D}}{Z_{Ideal}} \quad I_{IMRT} = \frac{Z_{IMRT}}{Z_{Ideal}}, \quad I_{VMAT} = \frac{Z_{VMAT}}{Z_{Ideal}} \quad \text{Exp.3.12}$$

con Z igual a la sumatoria de los momentos de Zernike, es decir:

$$Z = \sum_{n,l,m} \Omega_{n,l,m} = \Omega_{0,0,0} + \Omega_{1,1,0} + \dots + \Omega_{n,l,m} \quad \text{Exp.3.13}$$

Se planteo hacer el análisis de forma individual para cada coeficiente, tal que el índice de conformidad podía verse como un vector n-dimensional:

$$I_{DPT} = \left[\frac{\Omega_{0,0,0}^{DPT}}{\Omega_{0,0,0}^{Dideal}}, \frac{\Omega_{1,1,0}^{DPT}}{\Omega_{1,1,0}^{Dideal}}, \dots, \frac{\Omega_{n,l,m}^{DPT}}{\Omega_{n,l,m}^{Dideal}} \right] \quad \text{Exp.4.1}$$

donde el superíndice DPT, se refiere a la distribución de plan de tratamiento bajo estudio, es decir, 3D, IMRT o VMAT y el superíndice Dideal, se refiere a la distribución ideal, definida para este trabajo como el PTV delimitado por el radioterapeuta oncólogo.

Los valores obtenidos para los índices de conformidad calculados de forma individual para un grupo de pacientes, se expresan a continuación:

Tabla 4.3. Índices de conformidad por coeficientes de Zernike para Meningiomas (cálculo individual).

Índice De Conformidad	Meningioma #1			Meningioma #2			Meningioma #3		
	Distribución de dosis								
	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT
$I_{0,0,0}$	1,10	0,98	1,09	0,75	1,65	1,31	1,03	1,41	1,20
$I_{1,1,0}$	-1,42	-2,59	-4,36	-0,49	-7,74	-13,42	0,95	-7,32	-3,88
$I_{2,0,0}$	1,10	0,98	1,09	0,75	1,65	1,31	1,03	1,41	1,20
$I_{2,2,0}$	2,69	1,61	1,05	0,79	4,49	4,02	1,91	3,70	2,45
$I_{3,1,0}$	-2,14	-3,31	-5,11	-1,28	-12,86	-22,36	1,20	-10,72	-6,79
$I_{3,3,0}$	1,40	0,72	0,59	0,11	0,72	-1,00	0,82	0,25	1,17

Tabla 4.3 (Continuación). Índices de conformidad por coeficientes de Zernike para Meningiomas (cálculo individual).

Índice De Conformidad	Meningioma #4			Meningioma #5			Meningioma #6		
	Distribución de dosis								
	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT
$I_{0,0,0}$	1,40	0,96	1,15	1,01	0,66	1,02	0,89	0,77	0,59
$I_{1,1,0}$	-1,77	2,78	6,03	4,15	7,97	24,13	3,48	-7,03	-5,16
$I_{2,0,0}$	1,39	0,96	1,14	1,01	0,66	1,02	0,89	0,77	0,59
$I_{2,2,0}$	-17,18	-0,01	-0,05	1,18	0,99	1,00	1,30	3,50	27,93
$I_{3,1,0}$	-1,28	2,38	4,81	4,35	11,72	31,53	3,31	-6,12	-3,17
$I_{3,3,0}$	-0,45	0,94	1,75	6,35	13,76	25,28	0,03	2,22	3,70

Como se puede ver en la tabla 4.3, los valores obtenidos para índices de conformidad calculados de forma individual para cada coeficiente de Zernike, presentan una distribución bastante amplia, tal que para una misma distribución podemos encontrar un intervalo de valores igual a $[-12.86, 4.49]$ u otro igual a $[-5.16, 27.93]$, tomando en cuenta entonces el rango de valores aceptables para un índice de conformidad $[0.9, 2.5]$ expresado en la sección 1.1.3 y que a su vez estos

valores no parecieran seguir ningún tipo de patrón específico que nos arrojara alguna información directa sobre la función desarrollada, se decidió no hacer el análisis de forma individual.

Por lo encontrado en el análisis individual de los coeficientes de Zernike y lo expresado por Marcin Novotni y Reinhard Klein [12], de que es posible encontrar una aproximación de la función original a través de un número finito de momentos de Zernike $(\Omega_{n,l,m})$, mediante la Ec. 2.6, es que se plantea que el Índice de conformidad sea obtenido como resultado, del cociente de las sumas de coeficientes obtenidos para cada distribución analizada, es decir, como lo establecido en las expresiones 3.12 y 3.13 de la sección 3.2.4

Los valores obtenidos para los índices de conformidad según las expresiones 3.12 y 3.13, se presentan a continuación:

Tabla 4.4. Índices de conformidad por coeficientes de Zernike para Glioblastomas multiforme (GBM).

N° de Caso	Índice de Zernike			Índice RTOG		
	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT
1	1,06	0,97	1,22	1,16	1,06	1,31
2	1,18	1,13	1,15	1,33	1,25	1,27
3	0,43	0,58	0,78	1,17	1,08	0,84

En la tabla 4.4 se presentan los valores encontrados para las lesiones tipo GBM estudiadas, esta población no es la mínima representativa para un análisis estadístico, la razón por la cual no pudo ser procesada una población mayor, fue por la dificultad de encontrar pacientes que cumplieran los estándares médicos para ser tratados con técnicas de intensidad modulada.

Por su parte, de los valores presentados en las tablas siguientes (4.5 y 4.6) se puede ver que de todos los grupos de IC obtenidos, bien sea por análisis de Zernike o RTOG, los que presentan mayor desviación estándar, en su mayoría son los calculados a través del desarrollo Zernike, esto se puede deber tanto a que el número de coeficientes calculados para el desarrollo de Zernike, no es el mínimo necesario para representar a una función, como a que las poblaciones analizadas no son una muestra estadística representativa.

Tabla 4.5. Índices de conformidad por coeficientes de Zernike para Meningiomas.

N° de Caso	Índice de Zernike			Índice RTOG		
	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT
1	1,10	0,99	1,10	1,25	1,15	1,24
2	0,75	1,66	1,33	0,86	1,83	1,52
3	1,03	1,44	1,22	1,12	1,56	1,32
4	1,38	0,97	1,16	1,71	1,19	1,30
5	1,01	0,66	1,04	1,11	1,14	1,12
6	0,89	0,78	0,59	1,01	1,62	1,42
7	1,00	1,23	1,21	1,11	1,57	1,33
Promedio	1,02	1,17	1,02	1,17	1,44	1,32
σ	0,19	0,35	0,24	0,27	0,27	0,13

Aun así los valores obtenidos a través de Zernike, presentan un valor promedio, menor que el obtenido por la definición de la RTOG, es decir, según los coeficientes de Zernike la distribución de dosis tuvo una mejor conformación que lo expresado por el RTOG, estos resultados pueden deberse a lo estricto del análisis por polinomios de Zernike, el cual procesa pixel a pixel las funciones *distribución de dosis*.

También cabe destacar que la desviación estándar de los índices encontrados es ligeramente mayor en el grupo de los meningiomas, los cuales presentan un volumen de lesión menor que el caso de los tumores de próstata, de lo que podemos deducir que es más difícil conformar la dosis a entregar cuando la lesión presenta un tamaño reducido, claro está esto se puede deber en mayor proporción a las limitaciones físicas del equipo para conformar un volumen tumoral, es decir, el grosor de las laminas del MLC.

Tabla 4.6. Índices de conformidad por coeficientes de Zernike para Ca. De Próstata.

N° de Caso	Índice de Zernike			Índice RTOG		
	3D	IMRT	VMAT	3D	IMRT	VMAT
1	1,25	0,92	0,92	1,38	1,42	1,24
2	1,04	1,26	1,11	1,15	1,38	1,22
3	0,86	0,97	0,99	0,95	1,07	1,08
4	0,81	1,19	0,93	0,88	1,33	1,12
5	0,57	1,01	1,01	1,11	1,09	1,11
6	0,97	1,10	0,99	1,06	1,18	1,13
7	0,96	1,41	1,08	1,12	0,99	1,20
8	0,93	0,99	0,98	1,03	1,22	1,12
9	2,65	1,10	0,93	1,02	1,17	1,07
10	1,20	1,32	1,07	1,28	1,38	1,12
Promedio	1,13	1,13	1,00	1,10	1,22	1,14
σ	0,57	0,16	0,07	0,15	0,15	0,06

Una vez mas tomando en cuenta el rango de valores aceptables para un índice de conformidad [0.9 , 2.5] expresado en la sección 1.1.3 y haciendo un análisis detallado de los valores presentados en las tablas 4.4-4.6, encontramos que un total de ocho (8) planes de tratamiento que según el índice de la RTOG se encontraban dentro de los limites de tolerancia, no se encuentran dentro de tolerancia según el análisis por coeficientes de Zernike.

Estos ocho (8) planes de tratamiento representan un 13,3% del total de planes expresados en las tablas. Cada uno de estos planes de tratamiento presenta un IC por coeficientes de Zernike menor a 0.9, es decir, la sumatoria de los momentos de Zernike de la distribución irradiada es menor que la sumatoria de los momentos de Zernike del PTV propuesto por el Radioterapeuta oncólogo. Debido al análisis estricto pixel a pixel que realiza IC por polinomios de Zernike, estos resultados refieren que la región irradiada es menor al volumen que debía ser irradiado.

Aun así deben ser procesados un número mayor de planes de tratamiento, de forma tal de establecer si existe una diferencia estadísticamente significativa entre el análisis por polinomios de Zernike y el Índice planteado por la RTOG.

Capítulo V

Conclusiones

El análisis de las distribuciones de dosis por medio de polinomios de Zernike, se debe realizar a través de la sumatoria de los momentos de Zernike calculados para las distribuciones de dosis y no a través de un análisis individual de estos momentos calculados.

El Índice de conformidad por coeficientes de Zernike, propuesto en este trabajo, realiza un análisis pixel a pixel de las funciones *distribución de dosis*, lo que nos permite un estudio estricto, tanto de la geometría, como de los valores de estas funciones, por tal motivo, este IC podría establecerse como una herramienta complementaria para la evaluación y/o control de calidad de planes tratamientos de radioterapia.

Los índices de conformidad obtenidos por el desarrollo de Zernike presentan un valor alto de desviación estándar, lo cual puede estar relacionado con el hecho de que la población analizada no es una muestra estadística representativa.

Para validar los resultados obtenidos por el desarrollo de Zernike, se debe calcular el valor mínimo de coeficientes necesarios para representar una función como las utilizadas en este trabajo, para esto se debe llevar a cabo la reconstrucción de la función a través de los polinomios de Zernike.

Al realizar una comparación entre las técnicas de tratamiento a través de los resultados obtenidos, es de notar que la Radioterapia de intensidad modulada, es la técnica con menor conformidad de dosis al volumen de tratamiento, aun así esta comparación entre planes de tratamiento puede verse afectada por factor humano, debido a que los planes de tratamientos no fueron realizados por un único Físico planificador, es decir, los criterios bajo los cuales fueron realizados los planes no fueron siempre los mismos.

Recomendaciones

Realizar el análisis descrito en este trabajo, a un número superior de planes de tratamiento, esto con el fin de obtener una muestra estadística, que nos permita establecer si los resultados del Índice de conformidad de Zernike y el Índice de conformidad de RTOG presentan una diferencia estadísticamente significativa.

Llevar a cabo la reconstrucción tridimensional, de las funciones *distribución de dosis*, a través de los polinomios de Zernike según la ecuación 3.6, de forma tal de estimar el mínimo de coeficientes necesarios para representar dicha función.

Apéndice A

Estándar DICOM

El desarrollo continuo de la tecnología produjo consigo avances en el campo de las imágenes, tales como mejoría en la calidad de las mismas y mayor almacenamiento de información, pero a su vez se produjeron problemas como la incompatibilidad entre sistemas manufacturados por compañías diferentes, lo que hizo imposible la transferencia de la información. Por este tipo de inconvenientes y para asegurar una mejor manipulación, interpretación, así como también una transferencia inmediata de la información entre distintos puntos y/o servicios clínicos, el ACR (American College of Radiology) y la NEMA (National Electrical Manufacturers Association), crearon un estándar para la transferencia de imágenes y la información asociada a ellas, conocido como formato DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine), el cual hoy día es el formato aceptado universalmente por la comunidad médica.

A.1 Conceptos del DICOM

El estándar DICOM interpreta al mundo real y lo categoriza creando estructuras de datos empleando un lenguaje basado en la *Programación Orientada a Objetos*, encontramos entonces dentro del lenguaje DICOM conceptos tales como:

Objetos o Entidades: Estos son los elementos del mundo real que quieren ser codificadas en el estándar para luego ser procesadas como información, ejemplo: el paciente, el estudio de imagen, parámetros de la adquisición, el equipo diagnóstico, etc. Estos se transportan agrupados en estructuras conocidas como *Data Set*.

Atributos: Estas son las características que describen a un objeto, por ejemplo: Objeto = Paciente, Atributos = Datos demográficos.

Al asignar un valor al atributo dentro de la estructura del objeto, se crea lo que se conoce como "*Instancia*". Estas se encuentran agrupadas en estructuras conocidas como *Data Element*.

Definiciones de Objetos de Información: Los IODs, siglas del término en inglés Information Objects Definitions, son una colección de informaciones relacionadas entre sí, las cuales se encuentran agrupadas en *Entidades* o *atributos*.

Existen IODs normalizados que son aquellos que presentan una serie de información única y existen los IODs compuestos, los cuales presentan una combinación de series de informaciones.

Módulos de Información de Objeto: Es como se conoce a la agrupación de atributos que se encuentran relacionados entre sí y que hacen referencia a un determinado Objeto. Una serie de MODs constituyen a un Objeto, una serie de Objetos constituyen a un IODs.

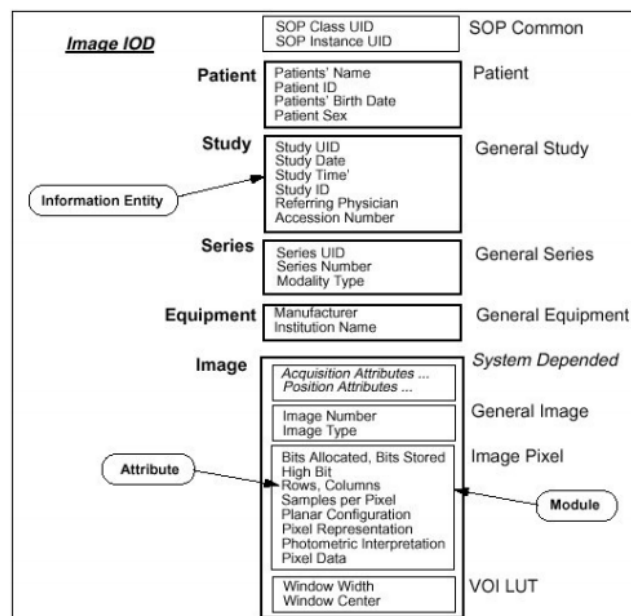


Figura A. 1: Representación de un IOD compuesto.

A.2 Estructura DICOM

Los archivos DICOM poseen una estructura característica, que consta de dos partes:

HEADER o cabecera: Este a su vez está formado por dos partes, el preámbulo, el cual tiene un tamaño fijo de 128 bytes, en esta sección puede estar contenida información acerca de la creación del archivo. La otra sección que conforma al HEADER es, el prefijo, esta tiene un tamaño fijo de 4 bytes y acá están registrados los caracteres DICM, el propósito del prefijo es establecer si el archivo es en realidad de formato DICOM o no.

Cuerpo del archivo: Este se encuentra constituido por una secuencia de *Data Sets*, cada uno de estos representan a un objeto.

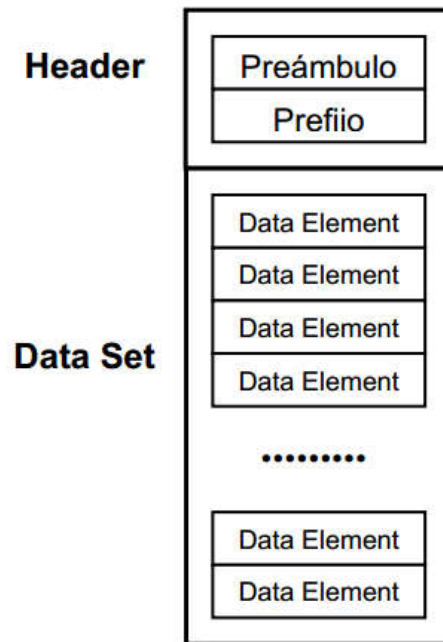


Figura A. 2: Representación de la estructura de un archivo DICOM

Como se menciono anteriormente los *Objetos* representados en cada *Data sets*, son descritos por *atributos*, representados a su vez por *Data Elements*. Estos *Data Elements* presentan una estructura constituida por cuatro (4) valores, definidos como:

Etiqueta o TAG: Este es el valor utilizado para identificar unívocamente al atributo, esta se suele representar como un vector de dos (2) coordenadas, ya que está formada por dos números, la primera coordenada hace referencia al Número de Grupo (Group Number) y la segunda coordenada al Número de Elemento (Element Number), tendremos entonces que la Etiqueta de un cierto Data Elements estará dada por (gggg,eeee).

Por ejemplo el Nombre del Paciente, viene dado por (0010,0010) y la fecha de nacimiento está dada por (0010,0030), mismo número de grupo diferente elemento.

Valor de representación: Es el que indica la forma en la que se ha codificado el valor del elemento, ya que este puede estar registrado como un número entero, una cadena de caracteres, entre otros.

Longitud del Valor: Este valor indica el tamaño que ocupa el *Data Element*.

Valor: Es el valor del elemento.

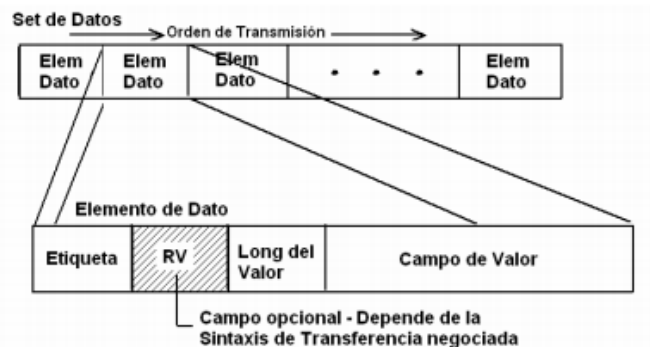


Figura A. 3: Representación de la estructura de un *Data Elements*.

Apéndice B

```
clear all
close all

%LECTURA DEL ARCHIVO DE LAS ESTRUCTURAS
carpeta = 'Dirección donde se encuentra el archivo en el PC';
imag = 'Nombre del archivo';
archS = fullfile (carpeta, imag);
infoS = dicominfo(archS);

%LECTURA DE UNA IMAGEN CT (Utilizada para ajustar el tamaño del
archivo de dosis)
imag = 'Nombre del archivo';
arch1 = fullfile (carpeta, imag);
info1 = dicominfo(arch1);

%LECTURA DEL ARCHIVO DE LA DOSIS
carpeta = ' Dirección donde se encuentra el archivo en el PC';
imag = 'Nombre del archivo';
arch_Dosis = fullfile (carpeta, imag);
info_Dosis = dicominfo(arch_Dosis);

%% RECONSTRUCCION DE LAS ESTRUCTURAS (en esta sección se puede
reconstruir cualquier estructura, pero es de nuestro interés el
PTV delimitado por el Radioterapeuta oncólogo)

Estructuras = struct2cell(infoS.StructureSetROISequence);
Num_estructuras = numel(Estructuras);

for p = 1:Num_estructuras;
    if strcmp(Estructuras{p,1}.ROIName, 'PTV');
        Item = p
        ROINumber_Item = Estructuras{p,1}.ROINumber
    end
end

Contornos_estructutras = struct2cell(infoS.ROIContourSequence);

Data_PTV =
struct2cell(Contornos_estructutras{Item,1}.ContourSequence);

Num_cortesPTV = numel(Data_PTV);
Contorno_PTV = zeros(512,512);

for k = 1:Num_cortesPTV;
    for u = 1:Data_PTV{k,1}.NumberOfContourPoints;
        y_PTV=fix((Data_PTV{k,1}.ContourData(((3*u)-
2),1))/info1.PixelSpacing(1));
        x_PTV=fix((Data_PTV{k,1}.ContourData((((3*u)-
2)+1),1))/info1.PixelSpacing(1));
        Contorno_PTV(256+x_PTV,256+y_PTV,k)=1;
    end
end
```

```

%DEBIDO A QUE EL CONTORNO DE LAS ESTRUCTURAS ES UNA LINEA NO
CONTINUA SE HACE UN PROCESO DE CLAUSURA (OPERACION MORFOLOGICA)

se = strel('shape',R);
%Se escoge la forma del elemento estructurante (square, diamond,
disk) y su radio. Revisar Help de Matlab
Contorno_PTV = imdilate(Contorno_PTV,se);
se = strel('shape',R);
Contorno_PTV = imerode(Contorno_PTV,se);

Contorno_PTVc=1-Contorno_PTV; %Obtiene imagen complemento

%FUNCION DE RELLENO
%Se Busca el primer punto al interior del borde
i=512;
j=512;
X=zeros(512,512,k);
for k = 1:Num_cortesPTV;
f=1;
while f<i
    c=1;
    while c<j
        if Contorno_PTV(f,c,k)==1 % Si encuentra un punto termina
            ff=f;cc=c;                los ciclos
            X(ff,cc,k)=1;
            f=i;c=j;
        end;
        c=c+1;
    end;
    f=f+1;
end;
end

%Elemento Estructurante
B=[0 1 0;1 1 1;0 1 0];

Xold=X;
while (1)
    X=double(imdilate(X,B));
    X=X.*Contorno_PTVc;
    pause(0.05)
    if Xold==X, break;end; %Detecta si no hay cambios!
    Xold=X;
end

PTV = 1 - Xold;

```

```

%CALCULO DEL CENTRO DE MASA (Se realiza para centrar el volumen
en una matriz cubica de 512x512x512)

X=0;
Y=0;
Z=0;
M = sum(PTV(:));
for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:Num_cortesPTV;
            if PTV(i,j,k) == 1;
                Y = Y + i;
                X = X + j;
                Z = Z + k;
            end
        end
    end
end

XCM = X/M;
YCM = Y/M;
ZCM = Z/M;

PTV_ideal = zeros (512,512,512);

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:Num_cortesPTV;
            if PTV(i,j,k)==1;
                PTV_ideal(i+(fix(256)-fix(YCM)),j+(fix(256)-
                    fix(XCM)),k+(fix(256)-fix(ZCM)))= PTV(i,j,k);
            end
        end
    end
end

save PTV_ideal

%% PTV IRRADIADO (Este código funciona para archivos de dosis
exportados de planes de RT3D e IMRT)

[Id] = dicomread(info_Dosis);
Id_grande = imresize(Id, info_Dosis.PixelSpacing(1));

%Selección del PTV

Dmax = max(Id_grande(:))
D = struct2cell(info_Dosis.DVHSequence);

Num_estructuras_dosis = numel(D);

```

```

for p = 1:Num_estructuras_dosis;
    D_estructuras = struct2cell(D{p,1}.DVHReferencedROISequence);
    Num = numel(D_estructuras);
    for l = 1:Num;
        if D_estructuras{l,1}.ReferencedROINumber ==
ROIINumber_Item
            Dmin_PTV = (95/(D{p,1}.DVHMaximumDose))*Dmax;
        end
    end
end

[NC,NF] = size(Id_grande(:, :, 1));

Tamano_PTV = zeros(NC,NF,info_Dosis.NumberOfFrames);

for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:info_Dosis.NumberOfFrames;
            if Id_grande(i,j,k)>= Dmin_PTV;
                Tamano_PTV(i,j,k) = Id_grande(i,j,k);
            else
                Tamano_PTV(i,j,k) = 0;
            end
        end
    end
end

%CALCULO DEL CENTRO DE MASA
%Para calculo de CM se debe llevar cada pixel a valor 1
Tamano_PTVcm = zeros(NC,NF,info_Dosis.NumberOfFrames);
for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:info_Dosis.NumberOfFrames;
            if Tamano_PTV(i,j,k) > 0;
                Tamano_PTVcm(i,j,k)=1;
            end
        end
    end
end

X=0;
Y=0;
Z=0;
M_D = sum(Tamano_PTVcm(:));
for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:info_Dosis.NumberOfFrames;
            if Tamano_PTVcm(i,j,k) == 1;
                Y = Y + i;
                X = X + j;
                Z = Z + k;
            end
        end
    end
end
end

```

```

XCM_D = X/M_D;
YCM_D = Y/M_D;
ZCM_D = Z/M_D;

PTV_D = zeros (512,512,512);

for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:info_Dosis.NumberOfFrames;
            if Tamano_PTV(i,j,k) > 0;
                PTV_D(i+(fix(256)-fix(YCM_D)),j+(fix(256)-
fix(XCM_D)),k+(fix(256)-fix(ZCM_D)))= Tamano_PTV(i,j,k);
            end
        end
    end
end

save PTV_D

%% PTV IRRADIADO VMAT (Este código funciona para archivos de dosis
exportados de planes VMAT)

fileFolder = fullfile('Dirección donde se encuentra el archivo en
el PC');
dirOutput = dir(fullfile(fileFolder, '*.dcm'));
fileNames = {dirOutput.name};
numFrames = numel(fileNames);
name=fileNames{2};
fullname = [fileFolder, '\', name];
info_Dosis=dicominfo(fullname);
I=dicomread(info_Dosis);
sequencePTV = zeros([size(I) (numFrames-1)],class(I));

for k=1:numFrames-1;
    text='Nombre del archivo';
    textMedio=num2str(k); %Numero del archivo
    textFinal='.dcm';
    IMAGENES{k}=strcat(text,textMedio,textFinal);
end

for k=1:numFrames-1;
    name1=IMAGENES{k};
    fullname1 = [fileFolder, '\', name1];
    sequencePTV(:, :, k) = dicomread(fullname1);
end

Id_grande = imresize(sequencePTV, info_Dosis.PixelSpacing(1));

%Selección del PTV

Dmax_VMAT = max(Id_grande(:))
D = struct2cell(info_Dosis.DVHSequence);

```

```

Num_estructuras_dosis = numel(D);

for p = 1:Num_estructuras_dosis;
    D_estructuras = struct2cell(D{p,1}.DVHReferencedROISequence);
    Num = numel(D_estructuras);
    for l = 1:Num;
        if D_estructuras{l,1}.ReferencedROINumber ==
ROINumber_Item
            Dmin_PTV = (100/(D{p,1}.DVHMaximumDose))*Dmax_VMAT;
        end
    end
end

[NC,NF] = size(Id_grande(:, :, 1));

Tamano_PTV = zeros(NC,NF,numFrames-1);

for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:numFrames-1;
            if Id_grande(i,j,k) >= Dmin_PTV;
                Tamano_PTV(i,j,k) = Id_grande(i,j,k);
            else
                Tamano_PTV(i,j,k) = 0;
            end
        end
    end
end

%CALCULO DEL CENTRO DE MASA
%Para calculo de CM se debe llevar cada pixel a valor 1
Tamano_PTVcm = zeros(NC,NF,numFrames-1);
for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:numFrames-1;
            if Tamano_PTV(i,j,k) > 0;
                Tamano_PTVcm(i,j,k)=1;
            end
        end
    end
end

X=0;
Y=0;
Z=0;
M_D = sum(Tamano_PTVcm(:));
for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:numFrames-1;
            if Tamano_PTVcm(i,j,k) == 1;
                Y = Y + i;
                X = X + j;
                Z = Z + k;
            end
        end
    end
end
end

```

```

XCM_D = X/M_D;
YCM_D = Y/M_D;
ZCM_D = Z/M_D;

PTV_D = zeros (512,512,512);

for i = 1:NC;
    for j = 1:NF;
        for k = 1:numFrames-1;
            if Tamano_PTV(i,j,k) > 0;
                PTV_D(i+(fix(256)-fix(YCM_D))+1,j+(fix(256)-
fix(XCM_D))+1,k+(fix(256)-fix(ZCM_D))+1)= Tamano_PTV(i,j,k);
            end
        end
    end
end

save PTV_D

%% CALCULO DE LOS COEFICIENTES DE ZERNIKE

F=PTV_D;

%Si se va a calcular los coeficientes para una distribución de
dosis F=PTV_D. Si se va a calcular para el PTV delimitado por el
Radioterapeuta oncólogo se utiliza F=PTV_ideal

%% 1er orden
Z000 = ones(512,512,512);

omega_000_ideal = (3/4*pi)*F.*Z000;
coef_000_ideal = sum(omega_000_ideal(:));

%% 2do orden 1

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:512;
            X=(2*i-512-1)/(512*sqrt(3));
            Y=(2*j-512-1)/(512*sqrt(3));
            Z=(2*k-512-1)/(512*sqrt(3));
            R=sqrt((X^2) + (Y^2) + (Z^2));
            Z110(i,j,k)= (5^(1/2))*(R)*Z;
        end
    end
end

omega_110_ideal = (3/4*pi)*F.*Z110;

coef_110_ideal = sum(omega_110_ideal(:));

```

```

%% 3er orden 1

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:512;
            X=(2*i-512-1)/(512*sqrt(3));
            Y=(2*j-512-1)/(512*sqrt(3));
            Z=(2*k-512-1)/(512*sqrt(3));
            R=((X^2) + (Y^2) + (Z^2));
            Z200(i,j,k)= (1/6)*(21^(1/2))*(5*R - 3);
        end
    end
end

omega_200_ideal = (3/4*pi)*F.*Z200;

coef_200_ideal = sum(omega_200_ideal(:));

% 3er orden 2

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:512;
            X=(2*i-512-1)/(512*sqrt(3));
            Y=(2*j-512-1)/(512*sqrt(3));
            Z=(2*k-512-1)/(512*sqrt(3));
            R=((X^2) + (Y^2) + (Z^2));
            Z220(i,j,k)= -(1/6)*(105^(1/2))*R*((X^2) + (Y^2) -
2*(Z^2));
        end
    end
end

omega_220_ideal = (3/4*pi)*F.*Z220;
coef_220_ideal = sum(omega_220_ideal(:));

%% 4to orden 1

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:512;
            X=(2*i-512-1)/(512*sqrt(3));
            Y=(2*j-512-1)/(512*sqrt(3));
            Z=(2*k-512-1)/(512*sqrt(3));
            R=((X^2) + (Y^2) + (Z^2));
            Z310(i,j,k)= (3/2)*Z*(7*R-5);
        end
    end
end

omega_310_ideal = (3/4*pi)*F.*Z310;
coef_310_ideal = sum(omega_310_ideal(:));

```

```

% 4to orden 2

for i = 1:512;
    for j = 1:512;
        for k = 1:512;
            X=(2*i-512-1)/(512*sqrt(3));
            Y=(2*j-512-1)/(512*sqrt(3));
            Z=(2*k-512-1)/(512*sqrt(3));
            R=((X^2) + (Y^2) + (Z^2));
            Z330(i,j,k)= -(1/2)*(21^(1/2))*Z*(3*(X^2)+3*(Y^2)-
2*(Z^2));
        end
    end
end

omega_330_ideal = (3/4*pi)*F.*Z330;
coef_330_ideal = sum(omega_330_ideal(:));

```

Apéndice C

Morfología matemática

La Morfología Matemática es una técnica de procesamiento digital de imágenes, la cual tiene sus bases establecidas exclusivamente en la “Teoría de Conjuntos”, los fundamentos teóricos que dieron origen a la Morfología Matemática se basan en los trabajos realizados por Hermann Minkowski [1903] y Hadwiger [1957], los cuales fueron continuados por Georges Matheron [1967] y J. Serra [1982]. Siendo la mayor parte de esta teoría desarrollada en el *Centre de Morphologie Mathématique* (CMM) de *l'Ecole des Mines de Paris*.

Esta es una técnica de procesamiento no lineal que se centra en el estudio de la geometría que poseen las estructuras presentes en las imágenes, donde las operaciones morfológicas dan como resultado la simplificación de los datos, conservando así las principales características de las formas de los objetos y eliminando los aspectos que sean irrelevantes, es decir, este sistema de operadores permite que las formas subyacentes sean identificadas y reconstruidas de forma óptima a partir de sus formas distorsionadas. Esto convierte a la Morfología Matemática en una gran herramienta, la cual puede ser usada con los siguientes propósitos:

- Pre-procesamiento de imágenes (supresión de ruido, simplificación de formas)
- Destacar la estructura de los objetos (marcar objetos, ampliar, reducir)
- Segmentación de Imágenes
- Descripción cualitativa de objetos (área, perímetro, etc.)

Transformaciones morfológicas

El objetivo de las transformaciones morfológicas no es más que extraer las estructuras referentes de la imagen sobre la que se esté operando, la cual es considerada como un conjunto, esto se logra por medio de la exploración de dicha imagen utilizando otro conjunto, cuya forma es conocida. A este otro conjunto se le denomina Elemento Estructurante (EE).

Elemento Estructurante

El elemento estructurante no es más que un conjunto de dimensiones pequeñas, en este caso algunos pixeles y este servirá como el objeto de referencia utilizado para explorar las imágenes sometidas a estudio. La forma del elemento estructurante es geoméricamente sencilla y se elige de acuerdo al conocimiento que se tenga sobre las estructuras relevantes e irrelevantes presentes en la imagen, ya que su forma debe estar asociada a la topología predominante en los elementos de la imagen [16].

En la Figura C.1, se presentan algunas geometrías características de elementos estructurantes.

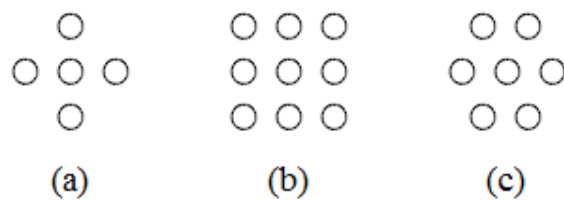


Figura C.1: Geometrías características de elementos estructurantes.

Los operadores morfológicos fundamentales requieren que el origen del EE sea definido, ya que esta definición permitirá que se coloque el EE en cualquier punto o píxel, esto quiere decir, que si un elemento estructurante se encuentra en la posición x su origen coincide con x .

La morfología matemática fundamenta todas sus operaciones en dos operadores asociados con el elemento estructurante: la erosión y la dilatación.

Erosión

La erosión de una imagen f por un elemento estructurante B se denota por $\varepsilon_B(f)$ y se define como el mínimo de las traslaciones de f por los elementos b de B . Por lo tanto, el valor erosionado en un píxel dado x , es el valor mínimo de la imagen en la ventana definida por el elemento estructurante cuando su origen está en x [16].

La expresión que define la erosión de una imagen f por un elemento estructurante B se presenta de la siguiente manera:

$$\varepsilon_B(f)(x) = \min_{b \in B} f(x + b) \quad \text{Exp. C.1}$$

En las imágenes en escala de grises, para obtener la erosión se desplaza el EE sobre toda la imagen y se reemplaza el píxel central por el mínimo de los niveles digitales que se encuentren dentro de los márgenes impuestos por el EE, para una posición específica. La erosión como resultado permite destacar las zonas oscuras presentes en la imagen (ver Figura C.4 a).

En la Figura C.2, se representa el resultado de la aplicación del operador erosión sobre una cierta imagen.

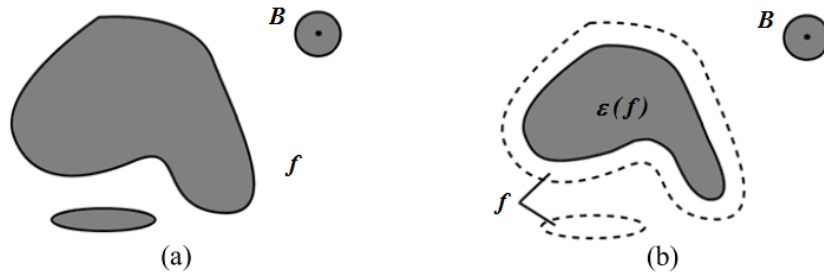


Figura C.2: Erosión de f por el elemento estructurante B .

Dilatación

De forma contraria a la erosión se define que la dilatación de una imagen f por un elemento estructurante B , corresponde al máximo de las traslaciones de f por los elementos b de B , y se denota por $\delta_B(f)$. Por lo tanto, el valor dilatado en un píxel dado x , es el que corresponde al valor máximo de la imagen en la zona definida por el elemento estructurante cuando su origen se encuentra posicionado en x [16].

La expresión que define la dilatación de una imagen f por un elemento estructurante B se presenta de la siguiente manera:

$$\delta_B(f)(x) = \max_{b \in B} f(x + b) \quad \text{Exp.C.2}$$

En las imágenes en escala de grises, se obtiene la dilatación desplazando al EE por toda la imagen y reemplazando el píxel central por el máximo de los niveles digitales que se encuentren dentro de los márgenes impuestos por el EE, para una posición específica. La dilatación es la operación dual de la erosión, es por esto que como resultado destaca las zonas claras presentes en la imagen (ver Figura C.4 c).

Una representación del resultado del proceso de dilatación sobre una imagen f , se muestra a continuación en la Figura C.3.

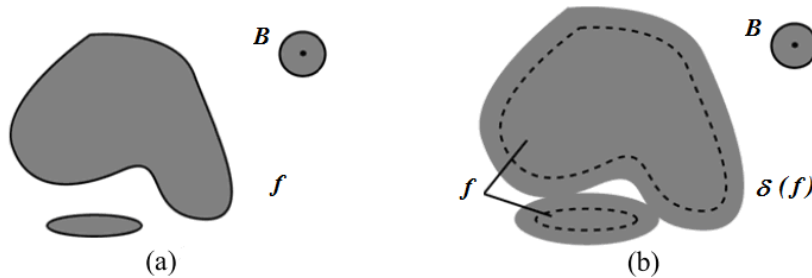


Figura C.3: Dilatación de f por el elemento estructurante B .

A continuación presentamos una imagen en la cual puede observarse, el resultado de aplicar tanto el operador erosión como el operador dilatación a una imagen de resonancia magnética nuclear.

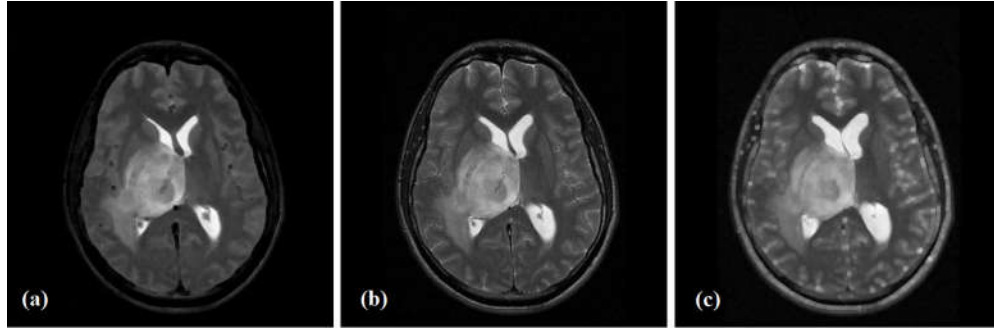


Figura C.4: (a) Imagen resultado de una erosión. (b) Imagen original. (c) Imagen resultado de una dilatación

A partir de los operadores descritos anteriormente se pueden definir dos (2) operaciones morfológicas conocidas como: Apertura y Clausura.

Apertura

Esta operación se denota por $\gamma_B(f)$ y se define de la siguiente manera:

$$\gamma_B(f) = \delta_B(\varepsilon_B(f)) \quad \text{Exp. C.3}$$

, es decir, la apertura de f por un elemento estructurante B , no es más que la erosión de f por B , seguido de la dilatación a este resultado por el mismo elemento estructurante.

El resultado de aplicar la apertura a una función imagen es suavizar los contornos y eliminar pequeñas estructuras sobrantes en la imagen.

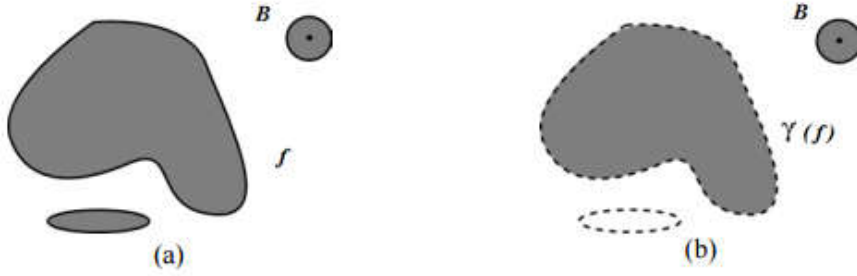


Figura C.5: Apertura de f por el elemento estructurante B .

Clausura

En esta ocasión la operación se denota por $\varphi_B(f)$ y se define de la siguiente manera:

$$\varphi_B(f) = \varepsilon_B(\delta_B(f)) \quad \text{Exp.C.4}$$

, esto quiere decir que, la clausura de f por un elemento estructurante B , no es más que la dilatación de f por B , seguido de la erosión a este resultado por el mismo elemento estructurante.

El resultado de aplicar la operación de clausura a una función imagen es eliminar pequeños huecos (relleno) y unir regiones en la imagen.

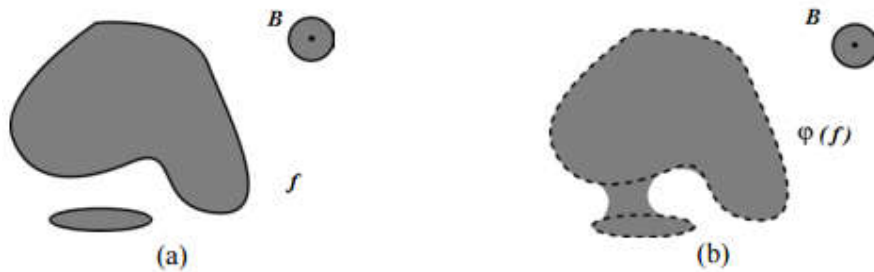


Figura C.6: Clausura de f por el elemento estructurante B .

Apéndice D

1^{er} Orden de un desarrollo con polinomios Zernike

Para obtener el primer polinomio de Zernike se debe sustituir en la ecuación 3.3, los siguientes valores:

$$n = 0, \quad l = 0, \quad m = 0,$$

Recordando que $k = \frac{n-l}{2}$, entonces para el primer orden del polinomio y debido a los valores expresados anteriormente para n , l y m , se tiene que $k = 0$.

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{0,0,0}(\vec{r}) = Q_{0,0,0} \left| \vec{r} \right|^0 e_{0,0}(\vec{r})$$

donde Q - expresión 3.4 - al ser evaluada será:

$$Q_{0,0,0} = \frac{(-1)^0}{2^{2 \cdot 0}} \sqrt{\frac{2 \cdot 0 + 4 \cdot 0 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 0}{0} (-1)^0 \frac{\binom{0}{0} \binom{2(0)+1}{2 \cdot 0}}{\binom{0}{0}} = 1$$

y por su parte e - expresión 3.5 - evaluada es:

$$e_{0,0}(\vec{r}) = C_{0,0} \left| \vec{r} \right|^0 \left(\frac{ix - y}{2} \right)^0 (x + iy)^0 \binom{0}{0} \binom{0-0}{0+0} \left(-\frac{x^2 + y^2}{4z^2} \right)^0 = 1$$

con

$$C_{0,0} = \frac{\sqrt{(2 \cdot 0 + 1)(0 + 0)!(0 - 0)!}}{0!} = 1$$

Se obtiene entonces que el primer polinomio de Zernike es,

$$Z_{0,0,0}(\vec{r}) = 1$$

Junto al resultado anterior y la expresión 3.7, obtendremos que el primer coeficiente del desarrollo de una función en polinomios de Zernike debe ser:

$$\Omega_{0,0,0} = \frac{3}{4\pi} \int_{-x_0}^{x_0} \int_{-y_0}^{y_0} \int_{-z_0}^{z_0} f(x, y, z) dx dy dz$$

Debido a que la función desarrollada en este trabajo se encuentra discretizada, la integral de la expresión anterior puede ser reemplazada por una sumatoria [14,15], y la expresión se reescribe de la siguiente manera:

$$\Omega_{0,0,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N f(x, y, z)$$

De esta manera se encuentra que el primer factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{0,0,0}(x, y, z) = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N f(x, y, z)$$

2^{do} Orden de un desarrollo con polinomios Zernike

Primer caso

$$n = 1, \quad l = 0, \quad m = 0,$$

Sabiendo que $k = \frac{n-l}{2}$, donde $n-l \geq 0$ y par. En esta ocasión tenemos

que $k = \frac{1}{2}$ y el polinomio no se encuentra definido.

Segundo caso

$$n = 1, \quad l = 1, \quad m = 0,$$

En esta ocasión $k = 0$

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{1,1,0}(\vec{r}) = Q_{0,1,0} \left| \vec{r} \right|^0 e_{1,0}(\vec{r})$$

donde Q y e son iguales a:

$$Q_{0,1,0} = \frac{(-1)^0}{2^{2 \cdot 0}} \sqrt{\frac{2 \cdot 1 + 4 \cdot 0 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 0}{0} (-1)^0 \frac{\binom{0}{0} \binom{2(1)+1}{2 \cdot 0}}{\binom{1}{0}} = \sqrt{\frac{5}{3}}$$

$$e_{1,0}(\vec{r}) = C_{1,0} \left| \vec{r} \right|^1 \left(\frac{ix - y}{2} \right)^0 (x + iy)^{1-0} \binom{1}{0} \binom{1-0}{0+0} \left(-\frac{x^2 + y^2}{4z^2} \right)^0 = \sqrt{3} \left| \vec{r} \right| (x + iy)$$

con

$$C_{1,0} = \frac{\sqrt{(2 \cdot 1 + 1)(1 + 0)!(1 - 0)!}}{1!} = \sqrt{3}$$

Obteniendo entonces que el primer factor del segundo polinomio de Zernike es:

$$Z_{1,1,0}(\vec{r}) = \sqrt{5}|\vec{r}|(x + iy) = \sqrt{5}|\vec{r}|z$$

Para este caso, el coeficiente del desarrollo de Zernike será:

$$\Omega_{1,1,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \sqrt{5}f(x, y, z)|\vec{r}|z$$

De esta manera se encuentra que el segundo factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{1,1,0}(x, y, z) = \left(\frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \sqrt{5}f(x, y, z)|\vec{r}|z \right) \sqrt{5}|\vec{r}|z$$

Tercer caso

$$n = 1, \quad l = 1, \quad m = 1,$$

y $k = 0$

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{1,1,1}(\vec{r}) = Q_{0,1,0}|\vec{r}|^0 e_{1,1}(\vec{r})$$

donde Q y e son iguales a:

$$Q_{0,1,0} = \sqrt{\frac{5}{3}}$$

$$e_{1,1}(\vec{r}) = C_{1,1} |\vec{r}|^1 \left(\frac{ix - y}{2} \right)^1 (x + iy)^0 \binom{1}{0} \binom{1-0}{1+0} \left(-\frac{x^2 + y^2}{4z^2} \right)^0 = \sqrt{3 \cdot 2} |\vec{r}| \left(\frac{ix - y}{2} \right)$$

con

$$C_{1,1} = \frac{\sqrt{(2 \cdot 1 + 1)(1 + 1)!(1 - 1)!}}{1!} = \sqrt{3 \cdot 2}$$

Obteniendo entonces que el segundo factor del segundo polinomio de Zernike es,

$$Z_{1,1,1}(\vec{r}) = \frac{\sqrt{10}}{2} |\vec{r}| (ix - y)$$

En este caso, el coeficiente del desarrollo de Zernike será:

$$\Omega_{1,1,1} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x, y, z) |\vec{r}| (-ix - y)$$

De esta manera se encuentra que el tercer factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{1,1,1}(x, y, z) = \frac{3}{4\pi} \left(\sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x, y, z) |\vec{r}| (-ix - y) \right) \frac{\sqrt{10}}{2} |\vec{r}| (ix - y)$$

Cuarto caso

$$n = 1, \quad l = 1, \quad m = -1,$$

$$\text{y } k = 0$$

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{1,1,-1}(\vec{r}) = Q_{0,1,0} \left| \vec{r} \right|^0 e_{1,-1}(\vec{r})$$

donde Q es igual a:

$$Q_{0,1,0} = \sqrt{\frac{5}{3}}$$

y por su parte para e se tiene que:

$$e_{l,-m}(\vec{r}) = (-1)^m e_{l,m}^*(\vec{r})$$

entonces

$$e_{1,-1}(\vec{r}) = (-1)^1 \sqrt{3 \cdot 2} \left| \vec{r} \right| \left(\frac{-ix - y}{2} \right) = \sqrt{3 \cdot 2} \left| \vec{r} \right| \left(\frac{ix + y}{2} \right)$$

Obteniendo entonces que el tercer factor del segundo polinomio de Zernike es,

$$Z_{1,1,-1}(\vec{r}) = \frac{\sqrt{10}}{2} \left| \vec{r} \right| (ix + y)$$

En este caso, el coeficiente del desarrollo de Zernike será:

$$\Omega_{1,1,-1} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x,y,z) \left| \vec{r} \right| (-ix + y)$$

De esta manera se encuentra que el cuarto factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{1,1,-1}(x,y,z) = \frac{3}{4\pi} \left(\sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{10}}{2} f(x,y,z) \left| \vec{r} \right| (-ix + y) \right) \frac{\sqrt{10}}{2} \left| \vec{r} \right| (ix + y)$$

3^{er} Orden de un desarrollo con polinomios Zernike

Primer caso

$$n = 2, \quad l = 0, \quad m = 0,$$

En esta ocasión $k = 1$

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$\begin{aligned} Z_{2,0,0}(\vec{r}) &= \sum_{v=0}^1 Q_{1,0,v} \left| \vec{r} \right|^{2v} e_{0,0}(\vec{r}) \\ Z_{2,0,0}(\vec{r}) &= \sum_{v=0}^1 Q_{1,0,0} \left| \vec{r} \right|^{2 \cdot 0} e_{0,0}(\vec{r}) + Q_{1,0,1} \left| \vec{r} \right|^{2 \cdot 1} e_{0,0}(\vec{r}) \\ Z_{2,0,0}(\vec{r}) &= \left(Q_{1,0,0} + Q_{1,0,1} \left| \vec{r} \right|^2 \right) e_{0,0}(\vec{r}) \end{aligned}$$

donde Q y e son iguales a:

$$Q_{1,0,0} = \frac{(-1)^1}{2^{2 \cdot 1}} \sqrt{\frac{2 \cdot 0 + 4 \cdot 1 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 1}{1} (-1)^0 \frac{\binom{1}{0} \binom{2(1)+1}{2 \cdot 1}}{\binom{1}{1}} = -\frac{3}{6} \sqrt{21}$$

$$Q_{1,0,1} = \frac{(-1)^1}{2^{2 \cdot 1}} \sqrt{\frac{2 \cdot 0 + 4 \cdot 1 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 1}{1} (-1)^1 \frac{\binom{1}{1} \binom{2(2)+1}{2 \cdot 1}}{\binom{2}{1}} = \frac{5}{6} \sqrt{21}$$

$$e_{0,0}(\vec{r}) = C_{0,0} |\vec{r}|^0 \left(\frac{ix-y}{2} \right)^0 (x+iy)^0 \binom{0}{0} \binom{0-0}{0+0} \left(-\frac{x^2+y^2}{4z^2} \right)^0 = 1$$

con

$$C_{0,0} = \frac{\sqrt{(2 \cdot 0 + 1)(0+0)!(0-0)!}}{0!} = 1$$

Obteniendo entonces que el primer factor del tercer polinomio de Zernike es,

$$Z_{2,0,0}(\vec{r}) = \frac{\sqrt{21}}{6} (5(x^2 + y^2 + z^2) - 3)$$

Para este caso, el coeficiente del desarrollo de Zernike será:

$$\Omega_{2,0,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{21}}{6} f(x, y, z) (5(x^2 + y^2 + z^2) - 3)$$

De esta manera se encuentra que el quinto factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{2,0,0}(x,y,z) = \frac{3}{4\pi} \left(\sum_{i,j,k=1}^N \frac{\sqrt{21}}{6} f(x,y,z) (5(x^2 + y^2 + z^2) - 3) \right) Z_{2,0,0}(\vec{r})$$

Segundo caso

$$n = 2, \quad l = 2, \quad m = 0,$$

En esta ocasión $k = 0$

Al realizar la sustitución de los valores antes mencionados se obtiene que:

$$Z_{2,2,0}(\vec{r}) = Q_{0,2,0} \left| \vec{r} \right|^{2 \cdot 0} e_{2,0}(\vec{r})$$

donde Q y e son iguales a:

$$Q_{0,2,0} = \frac{(-1)^0}{2^{2 \cdot 0}} \sqrt{\frac{2 \cdot 2 + 4 \cdot 0 + 3}{3}} \binom{2 \cdot 0}{0} (-1)^0 \frac{\binom{0}{0} \binom{2(2)+1}{2 \cdot 0}}{\binom{2}{0}} = \sqrt{\frac{7}{3}}$$

$$e_{2,0}(\vec{r}) = C_{2,0} \left| \vec{r} \right|^2 \left(\frac{ix - y}{2} \right)^0 (x + iy)^2 \left(1 + \binom{2}{1} \binom{1}{1} \left(-\frac{\mathbf{x}^2 + \mathbf{y}^2}{4z^2} \right)^1 \right)$$

$$e_{2,0}(\vec{r}) = C_{2,0} \left| \vec{r} \right|^2 (x + iy)^2 \left(1 + 2 \left(-\frac{\mathbf{x}^2 + \mathbf{y}^2}{4z^2} \right) \right)$$

con

$$C_{2,0} = \frac{\sqrt{(5)(2)(2)}}{2} = \sqrt{5}$$

Obteniendo entonces que el primer factor del segundo polinomio de Zernike es,

$$Z_{2,2,0}(\vec{r}) = \sqrt{\frac{35}{3}}(x^2 + y^2 + z^2) \left(z^2 - \frac{1}{2}(x^2 + y^2) \right)$$

a su vez puede reescribirse como:

$$Z_{2,2,0}(\vec{r}) = -\frac{\sqrt{105}}{6}(x^2 + y^2 + z^2) \left(-2z^2 + (x^2 + y^2) \right)$$

Para este caso, el coeficiente del desarrollo de Zernike será:

$$\Omega_{2,2,0} = \frac{3}{4\pi} \sum_{i,j,k=1}^N -\frac{\sqrt{105}}{6} f(x, y, z) (x^2 + y^2 + z^2) (x^2 + y^2 - 2z^2)$$

De esta manera se encuentra que el sexto factor en la representación de la función estará dado por:

$$f_{2,2,0} = \frac{3}{4\pi} \left(\sum_{i,j,k=1}^N -\frac{\sqrt{105}}{6} f(x, y, z) (x^2 + y^2 + z^2) (x^2 + y^2 - 2z^2) \right) Z_{2,2,0}(\vec{r})$$

Apéndice E

A continuación se presentan los valores obtenidos en los desarrollos de Zernike.

Tabla E.1: Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Meningioma #1				Meningioma #2				Meningioma #3			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	1,59x10 ⁵	1,42x10 ⁵	1,58x10 ⁵	1,45x10 ⁵	2,59x10 ⁴	5,69x10 ⁴	4,51x10 ⁴	3,45x10 ⁴	2,46x10 ⁵	3,36x10 ⁵	2,86x10 ⁵	2,38x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	11,43	20,85	35,07	-8,05	0,33	5,21	9,04	-0,67	-22,48	173,80	92,13	-23,73
$\Omega_{1,1,1}$	-6,22	-	-	6,19	-	-	-	-	-	-	-	-
$\Omega_{1,1,-1}$	6,22	-	-	-6,19	-	-	-	-	-	-	-	-
$\Omega_{2,0,0}$	-3,63x10 ⁵	-3,24 x10 ⁵	-3,60x10 ⁵	-3,31 x10 ⁵	-5,92x10 ⁴	-1,30x10 ⁵	-1,03x10 ⁵	-7,90x10 ⁴	-5,60x10 ⁵	-7,65x10 ⁵	-6,53x10 ⁵	-5,43x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-1,45	-0,87	-0,57	-0,54	-0,01	-0,07	-6,43 ⁻²	-0,02	-1,24	-2,40	-1,59	-0,65
$\Omega_{3,1,0}$	-1,00x10 ³	-1,55x10 ³	-2,39x10 ³	468,53	-5,17x10 ¹	-5,19x10 ²	-9,02x10 ²	4,03x10 ¹	9,16x10 ²	-8,16x10 ³	-5,17x10 ³	7,61x10 ²
$\Omega_{3,3,0}$	2,43	1,24	1,02	1,72	0,01	0,10	-0,13	0,13	9,91	3,02	0,14	12,05
Total	-2,05x10 ⁵	-1,83 x10 ⁵	-2,05x10 ⁵	-1,86 x10 ⁵	-3,34x10 ⁴	-7,37x10 ⁴	-5,89x10 ⁴	-4,45x10 ⁴	-3,14x10 ⁵	-4,37x10 ⁵	-3,71x10 ⁵	-3,04x10 ⁵

Recordando que las distribuciones de dosis (3D, IMRT, VMAT e Ideal) son las funciones para las cuales han sido calculados los momentos de Zernike, donde 3D, IMRT y VMAT son los PTV Irradiados, obtenidos a través de las distribuciones de dosis extraídas del sistema de planificación, descritos en la sección 4.2.2. y por su parte la distribución *Ideal*, hace referencia al PTV Ideal descrito en la sección 4.2.1 (PTV delimitado por el Radioterapeuta oncólogo).

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente n° 1-20.

Coeficiente	Meningioma #4				Meningioma #5				Meningioma #6			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	3,82x10 ⁵	2,63x10 ⁵	3,13x10 ⁵	2,735x10 ⁵	4,31x10 ⁵	2,79x10 ⁵	4,36x10 ⁵	4,26x10 ⁵	1,04x10 ⁵	8,99x10 ⁴	6,91x10 ⁴	1,17x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	-40,53	63,45	137,76	22,84	34,43	66,09	200,04	8,29	-9,16	18,51	13,60	-2,63
$\Omega_{2,0,0}$	-8,67x10 ⁵	-6,00x10 ⁵	-7,13x10 ⁵	-6,22 x10 ⁵	-9,78x10 ⁵	-6,34x10 ⁵	-9,90x10 ⁵	-9,68x10 ⁵	-2,38x10 ⁵	-2,05x10 ⁵	-1,57x10 ⁵	-2,67x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-27,29	-0,01	-0,09	1,59	-17,80	-14,95	-15,05	-15,07	-0,22	-0,58	-4,63	-0,17
$\Omega_{3,1,0}$	1,59x10 ³	-2,97x10 ³	-5,99x10 ³	-1,25x10 ³	-1,18x10 ³	-3,17x10 ³	-8,52x10 ³	-2,70x10 ²	7,53x10 ²	-1,39x10 ³	-7,21x10 ²	2,27x10 ²
$\Omega_{3,3,0}$	5,23	-1,09x10 ¹	-2,04x10 ¹	-11,66	-5,70	-12,34	-22,68	-0,90	-0,02	-1,65	-2,76	-0,75
Total	-4,83x10 ⁵	-3,40 x10 ⁵	-2,05x10 ⁵	-3,51 x10 ⁵	-5,49x10 ⁵	-3,58x10 ⁵	-5,63x10 ⁵	-5,42x10 ⁵	-1,33x10 ⁵	-1,17x10 ⁵	-8,86x10 ⁴	-1,50x10 ⁵

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Meningioma #7				Meningioma #8				Meningioma #9			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	2,22x10 ⁵	2,68x10 ⁵	2,63x10 ⁵	2,20x10 ⁵	3,24x10 ⁵	2,94x10 ⁵	3,69x10 ⁵	3,07x10 ⁵	1,77x10 ⁵	1,66x10 ⁵	1,71x10 ⁵	1,50x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	-10,74	95,34	116,81	0,98	-53,85	72,62	96,72	-35,02	-7,88	57,99	40,96	2,07
$\Omega_{2,0,0}$	-5,06 x10 ⁵	-6,10x10 ⁵	-6,00x10 ⁵	-5,02x10 ⁵	-7,38x10 ⁵	-6,70x10 ⁵	-8,40x10 ⁵	-6,99 x10 ⁵	-4,04x10 ⁵	-3,80x10 ⁵	-3,90x10 ⁵	-3,42x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-0,60	-2,48	-0,73	-0,42	-2,89	-1,77	-2,64	-1,34	-0,16	-0,17	-0,06	0,04
$\Omega_{3,1,0}$	5,39 x10 ²	-4,39x10 ³	-6,15x10 ³	-96,85	1,02x10 ³	-4,62 x10 ³	-5,81x10 ³	7,16 x10 ²	5,87x10 ²	-3,34x10 ³	-2,22x10 ³	17,42
$\Omega_{3,3,0}$	2,01	8,51	2,14	-0,07	37,56	26,52	54,29	33,52	4,80	3,92	6,05	4,12
Total	-2,84x10 ⁵	-3,47x10 ⁵	-3,43x10 ⁵	-2,82 x10 ⁵	-4,13x10 ⁵	-3,80x10 ⁵	-4,77x10 ⁵	-3,92x10 ⁵	-2,27x10 ⁵	-2,17x10 ⁵	-2,21x10 ⁵	-1,92x10 ⁵

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Meningioma #10				Glioblastoma Multiforme #11				Glioblastoma Multiforme #12			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	4,84x10 ⁵	6,48x10 ⁵	8,85x10 ⁵	1,15x10 ⁶	1,02x10 ⁶	7,43x10 ⁵	7,33x10 ⁵	8,11x10 ⁵	2,28x10 ⁵	2,70x10 ⁵	2,37x10 ⁵	2,19x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	-14,65	2,08x10 ²	239,19	-645,02	-122,96	2,30x10 ²	335,00	200,11	31,80	200,96	172,60	26,94
$\Omega_{2,0,0}$	-1,10x10 ⁶	-1,47x10 ⁶	-2,01x10 ⁶	-2,60x10 ⁶	-2,30x10 ⁶	-1,67x10 ⁶	-1,66x10 ⁶	-1,83x10 ⁶	-5,19x10 ⁵	-6,13x10 ⁵	-5,39x10 ⁵	-4,98x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	7,61	12,54	31,55	68,29	-440,85	-2,78x10 ²	-81,26	-145,24	-16,23	-26,05	-16,05	-12,47
$\Omega_{3,1,0}$	-1,40x10 ³	-9,29x10 ³	-7,97x10 ³	9,18x10 ³	4,02x10 ³	-7,07x10 ³	-8,54x10 ³	-1,22x10 ³	154,97	-6,24x10 ³	-5,93x10 ³	963,42
$\Omega_{3,3,0}$	3,15	-4,34	76,90	33,76	85,34	11,24	-29,01	-5,35	-16,46	-62,97	-48,63	-17,34
Total	-6,19x10 ⁵	-8,33x10 ⁵	-1,13x10 ⁶	-1,44x10 ⁶	-1,27x10 ⁶	-9,35x10 ⁵	-9,34x10 ⁵	-1,02x10 ⁶	-2,90x10 ⁵	-3,49x10 ⁵	-3,07x10 ⁵	-2,78x10 ⁵

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Glioblastoma Multiforme #13				Ca. De Próstata #14				Ca. De Próstata #15			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	1,88x10 ⁵	2,09x10 ⁵	2,11x10 ⁵	2,17x10 ⁵	3,68x10 ⁵	5,39x10 ⁵	4,22x10 ⁵	4,58x10 ⁵	2,04x10 ⁵	3,56x10 ⁵	3,54x10 ⁵	3,57x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	16,59	90,67	124,21	30,47	199,95	521,21	280,13	222,52	-5,89	186,93	236,83	61,24
$\Omega_{2,0,0}$	-4,27x10 ⁵	-4,75x10 ⁵	-4,80x10 ⁵	-4,95x10 ⁵	-8,34x10 ⁵	-1,22 x10 ⁶	-9,56 x10 ⁵	-1,04x10 ⁶	-4,65x10 ⁵	-8,08x10 ⁵	-8,04x10 ⁵	-8,12x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-7,89	-9,53	-9,64	-9,92	-50,59	-111,96	-44,04	-58,23	-8,30	-29,36	-22,65	-24,51
$\Omega_{3,1,0}$	132,31	-2,75x10 ³	-3,99x10 ³	733,20	-1,84x10 ³	-1,03 x10 ⁴	-5,82 x10 ³	-1,09x10 ³	894,61	-3,86x10 ³	-6,82x10 ³	1,15x10 ³
$\Omega_{3,3,0}$	-8,71	-25,62	-33,51	-18,04	-1,03x10 ²	-232,45	-112,49	-1,28x10 ²	-2,01	-69,21	-68,59	-42,29
Total	-2,39x10 ⁵	-2,69x10 ⁵	-2,73x10 ⁵	-2,76x10 ⁵	-4,67x10 ⁵	-6,88 x10 ⁵	-5,40 x10 ⁵	-5,80x10 ⁵	-2,60x10 ⁵	-4,56x10 ⁵	-4,57x10 ⁵	-4,53x10 ⁵

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Ca. De Próstata #16				Ca. De Próstata #17				Ca. De Próstata #18			
	Distribución											
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	3,60x10 ⁵	4,02x10 ⁵	3,62x10 ⁵	3,69x10 ⁵	2,44x10 ⁵	3,57x10 ⁵	2,72x10 ⁵	2,55x10 ⁵	3,02x10 ⁵	3,17x10 ⁵	3,13x10 ⁵	3,20x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	126,69	342,65	230,38	136,71	30,87	171,49	113,93	21,81	-2,67	175,65	179,42	137,81
$\Omega_{2,0,0}$	-8,15x10 ⁵	-9,10x10 ⁵	-8,21x10 ⁵	-8,37x10 ⁵	-5,55x10 ⁵	-8,10x10 ⁵	-6,19x10 ⁵	-5,80x10 ⁵	-6,85x10 ⁵	-7,17x10 ⁵	-7,10x10 ⁵	-7,27x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-48,76	-49,99	-28,61	-35,98	-12,40	-23,39	-13,01	-10,63	-26,94	-43,66	-25,45	-27,40
$\Omega_{3,1,0}$	-643,14	-8,93x10 ³	-6,00x10 ³	-1,09x10 ³	-593,52	-6,14x10 ³	-3,96x10 ³	309,68	1,97x10 ³	-3,81x10 ³	-4,23x10 ³	-2,42x10 ³
$\Omega_{3,3,0}$	-69,13	-124,15	80,44	69,38	-11,36	-44,26	-29,50	-12,15	-13,69	-70,07	-63,26	-53,45
Total	-4,56x10⁵	-5,17x10⁵	-4,65x10⁵	-4,69x10⁵	-3,11x10⁵	-4,59x10⁵	-3,51x10⁵	-3,24x10⁵	-3,81x10⁵	-4,04x10⁵	-4,01x10⁵	-5,34x10⁵

Tabla E.1 (continuación): Coeficientes del desarrollo de Zernike Paciente nº 1-20.

Coeficiente	Ca. De Próstata #19				Ca. De Próstata #20			
	Distribución							
	3D	IMRT	VMAT	Ideal	3D	IMRT	VMAT	Ideal
$\Omega_{0,0,0}$	1,28x10 ⁶	5,09x10 ⁵	4,28x10 ⁵	-4,65x10 ⁵	2,69x10 ⁵	2,89x10 ⁵	2,34x10 ⁵	2,23x10 ⁵
$\Omega_{1,1,0}$	-414,55	445,46	210,08	204,59	3,32	198,02	142,68	8,98
$\Omega_{2,0,0}$	-2,85x10 ⁶	-1,15x10 ⁶	-9,70x10 ⁵	-1,05x10 ⁶	-6,10x10 ⁵	-6,56x10 ⁵	-5,30x10 ⁵	-5,07x10 ⁵
$\Omega_{2,2,0}$	-758,09	-154,99	-35,19	-53,55	-29,18	-24,93	-18,09	-15,05
$\Omega_{3,1,0}$	1,03x10 ⁴	-1,15x10 ⁴	-5,61x10 ³	-3,53x10 ³	1,57x10 ³	-6,37x10 ³	-4,24x10 ³	1,88x10 ³
$\Omega_{3,3,0}$	170,8	-168,23	-75,46	-96,29	-10,52	-59,05	-44,10	-13,92
Total	-1,56x10 ⁶	-6,52x10 ⁵	-5,48x10 ⁵	-5,91x10 ⁵	-3,39x10 ⁵	-3,73x10 ⁵	-3,01x10 ⁵	-2,82x10 ⁵

Referencias

- [1]. Rajamanickam Baskar, Kuo Ann Lee, Richard Yeo and Kheng-Wei Yeoh, Cancer and Radiation Therapy: Current Advances and Future Directions, International Journal of Medical Sciences 2012; 9(3):193-199.
- [2]. De Vita V., Hellman S. & Rosenberg S., Cancer: Principles & Practice of Oncology, Vol I, 7ma Edición, 2005.
- [3]. Urdaneta N., Vera A., Peschel R. & Wilson L., RADIOTERAPIA ONCOLÓGICA: ENFOQUE MULTIDISCIPLINARIO, 2da Edición, 2009.
- [4]. ICRU Report 50. Prescribing, Recording, and Reporting Photon Beam Therapy. Bethesda, MD. International Commission on Radiation Units and Measurements. 1993.
- [5]. Burnet Neil, Thomas Simon, Burton Kate and Jefferies Sarah, Defining the tumour and target volumes for radiotherapy, Cancer Imaging 2004; 4:153–161.
- [6]. M Teoh, C H Clark, K Wood, S Whitaker, and A Nisbet, Volumetric modulated arc therapy: a review of current literature and clinical use in practice. British Journal of Radiology 2011 Nov; 84(1007): 967–996.
- [7]. Palma D., Verbakel W., Otto K., Senan S., New developments in arc radiation therapy: a review. Cancer treatment reviews 2010; 36 (5): 393-399.
- [8]. ICRU Report 62. Prescripción, Registro y elaboración de informes en la terapia con haces de fotones (suplemento a ICRU Report 50). International Commission on Radiation Units and Measurements. 1999.

- [9].Loic Feuvret, Georges Noel, Jean-Jacques Mazeron, and Pierre Bey, Conformity index: A review, International Journal of Radiation Oncology Biology Physics Vol. 64, No. 2, pp. 333– 342, 2006.
- [10]. Shaw E., Kline R., Gillin M., et al. Radiation Therapy Oncology Group: radiosurgery quality assurance guidelines, International Journal of Radiation Oncology Biology Physics Vol. 27, pp. 1231– 1239, 1993.
- [11]. Khalid M. Hosny, Mohamed A. Hafez, An Algorithm for Fast Computation of 3D Zernike Moments for Volumetric Images, Mathematical Problems in Engineering, Volume 2012, Article ID 353406, 2012.
- [12]. Novotni M., Klein R., 3D Zernike Descriptors for Content Based Shape Retrieval, SM '03 Proceedings of the eighth ACM symposium on Solid modeling and applications, 216-225, 2003.
- [13]. Mejía Y., El frente de onda y su representación con polinomios de Zernike, Ciencia y Tecnología para la Salud Visual y Ocular, Vol. 9, N° 2, julio-diciembre 2011, pp. 145-166.
- [14]. Hwang S.K., Kim W.Y., A novel approach to the fast computation of Zernike moments, Pattern Recognition 39(2006) 2065-2076.
- [15]. Tahmasbi A., Saki F., Shokouhi S., Classification of benign and malignant masses based on Zernike moments, Computers in Biology and Medicine 41(2011) 726-735.
- [16]. Soille P., Morphological Image Analysis, principles and applications. Springer 1999 2da Edición, 2003.