

Streszczenie

Celem pracy było opracowanie metody wyznaczania dawki pochłoniętej u pacjentów poddawanych badaniom TK (tomografii komputerowej).

W części teoretycznej omówiono konstrukcję i działanie tomografu komputerowego. Podano podstawowe informacje dotyczące wpływu promieniowania jonizującego na zdrowie człowieka oraz wielkości narażenia w badaniach TK. Omówiono wielkości dozymetryczne, przyrządy i metody używane w dozymetrii promieniowania jonizującego w TK, z uwzględnieniem ich zastosowań i ograniczeń. Informacje podane w części teoretycznej stanowią uzasadnienie dla podjęcia tematu. Część teoretyczna pracy może, w zamierzeniu autora, stanowić źródło informacji dla osób zainteresowanych tematyką dawek w badaniach TK.

Pierwszym etapem pracy było stworzenie modelu tomografu komputerowego Siemens Somatom Sensation Open (Zakład Radioterapii I, COI Warszawa), zawierającego dane niezbędne do wykonywania obliczeń dawki pochłoniętej u pacjentów z użyciem metod Monte Carlo. W tym celu przeprowadzono pomiary wielkości charakteryzujących wiązkę promieniowania tomografu. Na podstawie zmierzonych warstw półchłonnych wyznaczono filtrację i widmo promieniowania na osi wiązki tomografu. Kształt filtra *bowtie* wyznaczono na podstawie pomiarów wykonanych z użyciem filmu radiochromowego. Niezbędne obliczenia wykonano z użyciem programu do obliczeń numerycznych Scilab, tworząc w tym celu pakiet funkcji pozwalających na obliczenia związane z osłabianiem promieniowania o zadanym widmie. Ponieważ wykorzystano dwa różne źródła informacji o warstwach półchłonnych (pomiar i dokumentacja aparatu) i dwa różne źródła informacji o widmach (model TASMIP i raport IPEM 78), uzyskano cztery niezależne modele tomografu składające się z danych o widmie i filtracji wiązki promieniowania. Każdy z modeli wprowadzono do programu komputerowego GMctdospp, przeznaczonego do obliczeń dawki związanej z badaniem TK z użyciem Monte Carlo. Przeprowadzono walidację wszystkich czterech modeli tomografu, polegającą na porównaniu wyników obliczeń z wynikami pomiarów dawki komorą jonizacyjną umieszczoną w kilku lokalizacjach dwóch fantomów z PMMA. Dla modelu opartego o zmierzone warstwy półchłonne i widma zgodne z modelem TASMIP uzyskano zgodność w granicach $\pm 5\%$ wyników pomiarów.

W drugim etapie pracy opracowano model tkanek pacjenta, czyli sposób przyporządkowania gęstości i składu tkanek do wartości HU zawartych w obrazach tomograficznych. W tym celu zarejestrowano obrazy tomograficzne fantomu CIRS 062,

zawierającego materiały zbliżone do rzeczywistych tkanek pod względem składu i gęstości. Na podstawie wyników wyznaczono przewidywane wartości HU dla różnych tkanek o składzie zgodnym z danymi literaturowymi. Wskazano sposób przyporządkowania składów i gęstości 24 różnych materiałów do wartości HU. Dla porównania przygotowano także uproszczone modele, uwzględniające jedynie trzy materiały (powietrze, tkanka miękka i tkanka kostna) oraz tylko jeden materiał (tkanka miękka). Wszystkie modele uwzględniały zależność gęstości tkanek od wartości HU.

W trzecim etapie przeprowadzono obliczenia rozkładu dawki pochłoniętej dla dziesięciu pacjentów poddanych badaniu TK (pięć badań mężczyzn obejmujących obszar miednicy, pięć badań kobiet obejmujących obszar klatki piersiowej). Do programu GMctdospp wprowadzono anonimizowane obrazy tomograficzne zapisane w formacie DICOM, uzyskane w badaniach wykonanych na potrzeby planowania radioterapii. Sprawdzone, jaki wpływ na obliczone wartości dawek w całym badanym obszarze i w wybranych obszarach anatomicznych mają liczba historii fotonów użytych w symulacji Monte Carlo, siatka obliczeniowa i model tkanek pacjenta. Właściwe obliczenia rozkładów dawki wykonano dla siatki obliczeniowej $3 \times 3 \times 3 \text{ mm}^3$ i 16 milionów historii fotonów. Czas obliczeń wykonywanych na komputerze przenośnym z procesorem Intel Core i5 nie przekraczał 10 minut dla jednego pacjenta.

Analizując wyniki obliczeń zaobserwowano, że dla większości pacjentów średnie obliczone dawki w całym obszarze badania były bliższe SSDE (*size-specific dose estimate*), niż CTDI (*computed tomography dose index*). Średnia dawka w całym badanym obszarze słabo zależy od liczby różnych składów tkanek uwzględnionych w modelu pacjenta; dla większości pacjentów różnice nie przekraczały $\pm 10\%$ wartości wyznaczonych dla modelu zawierającego 24 materiały. Nieuwzględnienie w modelu odmiennego składu tkanki tłuszczowej lub kostnej ma znaczny wpływ na dokładność obliczenia dawki w obszarach zawierających te tkanki (różnice do $\pm 40\%$). Zmiana położenia pacjenta na stole lub zmiana wysokości stołu o $\pm 10 \text{ cm}$ nie ma znaczącego wpływu na średnią dawkę w całym badanym obszarze (różnice do $\pm 10\%$ dawki wyznaczonej dla położenia centralnego), natomiast ma znaczny wpływ na dawki dla obszarów anatomicznych położonych niecentralnie (wzrost lub obniżenie dawki nawet o $\pm 30\%$).

Opracowana metoda pozwala na wyznaczenie dawki pochłoniętej w tkankach konkretnego pacjenta poddawanego badaniu konkretnym aparatem TK. W pomiarach i obliczeniach wykorzystano jedynie materiały i przyrządy używane rutynowo przez fizyków medycznych z Zakładu Fizyki Medycznej COI w Warszawie i korzystano jedynie z danych dostępnych dla użytkownika tomografu. Zaprezentowana metodyka posiada jednak pewne

ograniczenia. Oparcie modelu tomografu na pomiarach pozwala na uniezależnienie od producenta i zapewnia dobrą zgodność modelu tomografu z wartościami rzeczywistymi w zakresie wybranych parametrów, ale nie gwarantuje pełnej zgodności modelu z rzeczywistością. Model pacjenta oparty na jego własnej tomografii obejmuje jedynie te tkanki, które zostały zobrazowane w badaniu i nie zapewnia możliwości obliczenia dawki w obszarach sąsiadujących. Dokładność modelu jest ograniczona rozdzielczością przestrzenną tomografii. Niestety nie istnieje możliwość w pełni jednoznacznego przypisania składu i gęstości tkanki do wartości HU. Po pierwsze, liniowy współczynnik osłabienia promieniowania może być identyczny dla dwóch tkanek różniących się składem i gęstością. Po drugie, wartość HU dla tkanki o zadanym składzie i gęstości może nie być identyczna w różnych obrazach TK m.in. ze względu na utwardzanie wiązki promieniowania i różnego rodzaju artefakty. Zastosowana metoda obliczeń dawki nie pozwala na uwzględnienie modulacji natężenia promieniowania w trakcie badania. Wynika to przede wszystkim z faktu, że nagłówek obrazów TK zapisanych w formacie DICOM nie zawiera pełnej informacji o modulacji natężenia promieniowania podczas badania.

Słowa kluczowe: rentgenowska tomografia komputerowa; dawka pochłonięta; metoda Monte Carlo; DICOM.