

## بهینه سازی زاویه و وزن بیمه‌ها در طراحی درمان رادیوتراپی با استفاده از الگوریتم ژنتیک

رضا فقیهی<sup>۱</sup>، محمد امین مصلح شیرازی<sup>۲</sup>، فاطمه مرادی مکرّم<sup>۳</sup>

۱- استادیار گروه مهندسی هسته ای و مرکز تحقیقات تابش، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

۲- استادیار گروه رادیوتراپی و مرکز تحقیقات فیزیک و مهندسی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران

۳- کارشناس ارشد مهندسی پرتوپزشکی، بخش مهندسی هسته ای، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۸۸/۳/۳

تاریخ دریافت: ۸۷/۱۰/۱۲

### چکیده

**مقدمه:** پرتودرمانی یکی از راهکارهای مهم در درمان تومورها و بافت‌های سرطانی می‌باشد. اما میزان کارآیی این روش به میزان زیادی وابسته به دقت و کیفیت طراحی درمان و چگونگی اجرای درمان می‌باشد. در حال حاضر عموماً انتخاب زاویه بیم مناسب در پرتودرمانی خارجی بر اساس تجربیات طراح برنامه می‌باشد. بنابراین نیاز به برنامه‌ای جهت انتخاب زاویه بیم‌ها در پرتودرمانی طراحی مستقیم مشاهده می‌شود.

**مواد و روشها:** در این پژوهش، یک روش موثر برای بهبود بخشیدن توزیع دز با انتخاب زاویه‌های بیم هم‌صفحه و همچنین با انتخاب وزن مناسب برای هر بیم یا به عبارتی زمان مناسب تابش در هر زاویه در محیط برنامه نویسی MATLAB ارائه شده است. در الگوریتم بهینه‌سازی زاویه‌ها و وزن آنها، مقادیر محاسبه شده متناسب با حداقل مقدار تابع هدف بدست آمده از توزیع دز محاسبه شده بر اساس جمع توزیع دزهای گروه‌های بیم کاندید شده می‌باشد. بهینه نمودن مقدار وزن‌ها و زاویه‌ها بر اساس فرایندهای سعی و خطا تا رسیدن به یک تعادل بین هدفها ایجاد می‌شود. در این پژوهش از الگوریتم ژنتیک با کدبندی اعداد حقیقی برای نمایش زاویه و وزن بیم‌ها با تعداد تکرار مشخص (در صورت همگرا نشدن الگوریتم تا حد مورد نظر) استفاده شده است. برای تکامل این الگوریتم دو روش تک‌فازی و دوفازی مورد استفاده قرار گرفته است. در تکامل تک‌فازی، کروموزوم حاوی زاویه و وزن در یک فاز تکامل می‌یابد، در حالیکه در تکامل دوفازی، کروموزوم در فاز اول با ثابت نگه داشتن مقادیر وزن و بهینه کردن زاویه‌ها و در فاز دوم با ثابت نگه داشتن زاویه‌های بهینه‌ی فاز اول و بهینه کردن وزن‌ها و تکرار تریبی این دو فاز، تکامل می‌یابد. محاسبات دز یا استفاده از تکنیک‌های «بر پایه تصحیح» انجام شده است.

**نتایج:** در نهایت، یک مورد ساده و یک مورد شبیه‌سازی کلینیکی برای نشان دادن کارایی این دو الگوریتم ارائه شده است. طرح دوفازی نسبت به تک‌فازی به زمان محاسبات بیشتری نیاز دارد (حدود ۴۰ دقیقه در مقابل ۲۰ دقیقه)، اما پاسخها بهینه‌تر می‌باشند.

**نتیجه‌گیری:** نتایج بیانگر کارایی الگوریتم و زمان محاسباتی نسبتاً قابل قبول آن می‌باشد. (مجله فیزیک پزشکی ایران، دوره ۶، شماره ۲، پیاپی (۲۳)، تابستان ۸۸: ۵۸-۵۱)

**واژگان کلیدی:** الگوریتم ژنتیک، رادیوتراپی، طراحی درمان مستقیم، توزیع دز، نرم افزار MATLAB

\* نویسنده مسؤل: دکتر محمد امین مصلح شیرازی

آدرس: بخش رادیوتراپی، بیمارستان نمازی، شیراز

mosleh\_amin@hotmail.com

تلفن: ۶۱۲۵۳۳۷ - (۷۱۱) ۹۸ +، نمابر: ۶۴۷۴۳۲۰ - (۷۱۱) ۹۸ +

## ۱- مقدمه

پرتودرمانی به روش تله‌تراپی از شیوه‌های درمانی است که از دیرباز برای درمان و کنترل تومورهای سرطانی مورد استفاده قرار گرفته است. در این تکنیک منبع تولید پرتوها در خارج از بدن است و پرتو با طراحی مناسبی بر روی ناحیه درمان متمرکز می‌شود. از آنجا که در ضمن درمان سلولهای بدخیم، بافت‌های سالم پیرامون آنها نیز در مسیر باریکه تابش و دچار پرتوگیری ناخواسته می‌باشند، لذا در انجام رادیوتراپی و طراحی درمان<sup>۱</sup> آن، تجمع دز در حجم هدف بصورت یکنواخت و به میزان دز کشنده تعیین شده و از طرف دیگر به حداقل رساندن دز تابشی بافت‌های سالم و همچنین کاهش دز بافت‌های حساس به کمتر از یک میزان آستانه مدنظر است [۲و۱].

طراحی درمان، یکی از کلیدی‌ترین مراحل در یک درمان موثر است. در این مرحله نوع و شدت باریکه‌های تابشی، جهت پرتودهی و ابعاد میدان با توجه به پارامترهای فیزیکی دستگاه، وضعیت آناتومیک بیمار و حد تحمل دز بافت‌های حساس مجاور توده و حد قابل قبول یکنواختی دز تومور، انتخاب می‌شوند [۳].

الگوریتم‌های ژنتیک<sup>۲</sup>، روش‌های جستجوی عملی از راه تجربه و خطا هستند و براساس ایده تکامل طبیعی ایجاد شده‌اند. آنها برای حل مسائل نسبتاً پیچیده موجود در جهان واقعی، با دامنه وسیعی بطور موفقیت‌آمیز بکار می‌روند. الگوریتم‌های ژنتیک یک حل جستجویی یا تکنیک بهینه‌سازی هستند که در ابتدا توسط ایده داروینین توسط هلند<sup>۳</sup> [۴] و روی تکامل با انتخاب اصلح پایه‌گذاری شده است. یک الگوریتم ژنتیک از یک شکل بسیار مختصر از فرآیندهای تکاملی برای پیشرفت و جهت دادن حل‌ها به سمت مسئله مورد نظر استفاده می‌کند. هر الگوریتم ژنتیک روی یک جمعیت از کروموزوم‌های مصنوعی عمل می‌کند. این کروموزوم‌ها رشته‌هایی بصورت الفبایی محدود

(معمولاً به فرم باینری)، یا رشته‌هایی از اعداد هستند. هر کروموزوم یک حل از مسئله را نشان می‌دهد و دارای یک مقدار برازندگی است که بصورت یک عدد حقیقی بیان می‌شود و بیانگر مناسب و خوب بودن حل مورد نظر برای آن مسئله است. شروع الگوریتم با یک جمعیت تصادفی از کروموزوم‌هاست. یک الگوریتم ژنتیک براساس برازندگی تحت فرآیندی از انتخاب، ترکیب، تولید نسل جدید و جمعیت موفق‌تر قرار می‌گیرد. طی ترکیب که شامل دو جزء اصلی عملگرهای ژنتیکی تقاطع<sup>۴</sup> و جهش<sup>۵</sup> می‌باشد، کروموزوم‌های والدین انتخاب شده و مواد ژنتیکی آنها برای تولید کروموزوم فرزند با هم ترکیب می‌شوند. سپس این فرزند به جمعیت موفق انتقال داده می‌شود. تا زمانی که این فرآیند تکرار می‌شود، یک توالی از نسل‌های موفق تکامل می‌یابد و متوسط یا میانگین برازندگی کروموزوم‌ها تا زمانی که به نقطه یا شرایط توقف برسند رو به افزایش می‌باشد. در این روش یک الگوریتم ژنتیک به سمت بهترین حل برای مسئله مورد نظر تکامل می‌یابد [۵].

الگوریتم ژنتیک بعنوان یک تقریب بهینه‌سازی کلی قوی توسط تعدادی از محققان در حل مسائل طراحی درمان رادیوتراپی مورد استفاده قرار گرفته است. ازل<sup>۶</sup> در سال ۱۹۹۶ از الگوریتم ژنتیک برای یافتن یک ترکیب بهینه از بیم‌های خارجی استفاده نمود [۶]. لنگر<sup>۷</sup> در سال ۱۹۹۶ از الگوریتم ژنتیک برای بهینه کردن وزن بیم‌ها در تومور شکم استفاده کرد [۷]. یو<sup>۸</sup> و شل<sup>۹</sup> [۸] در سال ۱۹۹۶ در کاشت چشمه‌های براکی‌تراپی در پروستات از الگوریتم ژنتیک

<sup>۴</sup> Cross-over: تقاطع، ژنها را از کروموزوم‌های والد انتخاب و فرزند جدید تولید میکند و سه نوع پرکاربرد آن، تقاطع یکنواخت، حسابی و هندسی می‌باشند.

<sup>۵</sup> Mutation: جهش با ضربه زدن به یکی یا بیشتر از مقادیر آل روی یک کروموزوم خاص عمل کرده و باعث جابجایی بازهای آلی روی ژن می‌گردد و دو نوع پرکاربرد آن، جهش یکنواخت توده ای و جهش گوسی می‌باشند.

<sup>۶</sup> Ezzell

<sup>۷</sup> Langer

<sup>۸</sup> Yu

<sup>۹</sup> Schell

<sup>۱</sup> Treatment Planning

<sup>۲</sup> Genetic algorithms (GAs)

<sup>۳</sup> Holland

صرف نظر شده است، تغییرات دز ناشی از گوه است که درمورد بهینه سازی فعلی روی آن کار نشده است.

## ۲-۲ تابع برازندگی وزن و جهت بیمها در طراحی درمان

الگوریتم ژنتیک با تابع هدف زیر تحت نرم افزار مطلب و به کمک جعبه ابزار مربوط به همین روش نوشته شده است. فرض کنید که  $N_t$  و  $N_s$  به ترتیب نقاط دارای شرط در حجم طرحی هدف<sup>۶</sup> (PTV) و اندام واقع در خطر<sup>۷</sup> (OAR) بوده و  $N_b$  تعداد بیمهای تابش است که باید برای داشتن توزیع دز مورد نظر زاویه و وزن آنها تعیین شوند. برای هر نقطه در بافت های حساس، دز محاسبه شده نهایی می بایست کمتر از مقدار ماکزیمم  $T_{max}^l$  باشد ( $l=1,2,\dots,M$ ) که M تعداد OAR ها می باشد. بنابراین شرط نامساوی برای همه نقاط واقع در OAR ها با نامساوی زیر داده می شود:

$$r_j(x, g) = \left( \sum_{k=1}^{N_b} g_{j,k} x_k \right) - T_{max}^l \leq 0 \quad (1)$$

$$j=1,2,\dots,N_s, l=1,2,\dots,M$$

که  $g_{j,k}$  دز بر واحد وزن بیم K در نقطه j ام از OAR است. این نامساوی با وزن نهایی بیم  $x_k$  در رابطه می باشد. ( $k=1,2,\dots,N_b$ ).

تابع اختلاف  $D(x)$  بعنوان مجموع مربعات انحراف دز محاسبه شده از دز مطلوب تعریف شده و بصورت زیر نوشته می شود:

$$D(x, g) = \sum_{i=1}^{N_t} \left[ \left( \sum_{k=1}^{N_b} g_{i,k} x_k \right) - \bar{D} \right]^2 \quad (2)$$

که  $g_{j,k}$  دز بر واحد وزن بیم k در نقطه j، واقع در PTV است،  $\bar{D}$  دز مطلوب در PTV می باشد. جمع روی  $N_t$  نقطه واقع در PTV انجام می گیرد. فرض کنیم

استفاده کردند [۹,۱۰]. ژو<sup>۱</sup> و وو<sup>۲</sup> در سال ۲۰۰۰ تکنیکی تکنیکی برای بهینه کردن جهات بیمها با استفاده از الگوریتم ژنتیک با کدبندی مخلوط استفاده کردند [۱۱].

در این تحقیق، بهینه سازی همزمان دو پارامتر زاویه و وزن مربوطه بصورت همزمان مد نظر می باشد. همچنین، توانایی الگوریتم ژنتیک برای بهینه سازی همزمان زاویه و وزن مربوطه در طراحی درمان به روش مستقیم به دو صورت تک مرحله ای و دومرحله ای ارزیابی شده است.

## ۲- مواد و روشها

### ۲-۱ نرم افزار محاسبه دز

بر اساس روش تکنیکهای بر پایه تصحیح یک برنامه تحت نرم افزار مطلب نوشته شده است که با کمک داده های جداول منحنی های ایزودز اندازه گیری شده در فانتوم آب مربوط به سیستم های کبالت ۶۰ و شتابدهنده های خطی با انرژیهای مختلف ۴، ۶ و ۸ مگاولت مقادیر دز را در جهت های مختلف با مقادیر فاصله چشمه تا سطح<sup>۳</sup> یا SSD، اندازه میدان و عمقهای مختلف محاسبه می کند. داده های مربوط به بیمار از تصاویر برش نگاری رایانه ای<sup>۴</sup> یا CT گرفته شده و اندازه های میدان، اختلاف SSD، میزان ناهمواریهای سطوح در میدان، محل تومور و بافتهای حساس و همچنین مشخصات بافتهای ناهمگن تعیین می شوند. سپس در مورد دز هر میدان، تصحیحات مربوط به ناهمواری و ناهمگنیها با روشهای نسبت بافت به هوا<sup>۵</sup> یا TAR اعمال می شوند. چنانچه در حین محاسبات بهینه سازی نیاز به محاسبه دز حاصل از اعمال دز از جهات گوناگون باشد، محاسبات جمع دز نیز توسط همین برنامه انجام شده و در ماتریس حجم سه بعدی درمان و محاسبات دز اعمال می شود. نکته ای که در نرم افزار محاسبه دز از آن

<sup>1</sup> Zhu

<sup>2</sup> Wu

<sup>3</sup> Source-to-Surface Distance

<sup>4</sup> Computed Tomography

<sup>5</sup> Tissue-Air Ratio

<sup>6</sup> Planning Target Volume

<sup>7</sup> Organ At Risk

تصور براین است که انتخاب این  $W_{max}$  بر اساس تجربیات کلینیکی می‌باشد. برای مثال، اگر دز مطلوب برای هدف ۶۰ گری باشد، میتوان حد نهایی برای اثر هر بیم را ۳۰ گری فرض کرد. در اینجا وزن‌ها بین [۱، ۰] در نظر گرفته شده است و مجموع آنها بایست یک باشد.

اولین پارامتر مهم در عملکرد الگوریتم، سایز جمعیت یا  $no-p$  می‌باشد. سایز جمعیت نشان می‌دهد که چه تعداد کروموزوم در یک نسل می‌باشند، اگر سایز جمعیت کوچک باشد،  $GA$  بخش کوچکی از فضای جستجو را مورد ارزیابی قرار می‌دهد و احتمالات کمی برای اجرای تقاطع و جهش وجود دارد. از طرف دیگر اگر سایز جمعیت خیلی بزرگ باشد، سرعت تکامل بسیار کند بوده و کارایی پایین می‌باشد. دو پارامتر پایه‌ای بعدی احتمال تقاطع و احتمال جهش می‌باشند. احتمال تقاطع اغلب بین ۰/۹۵ - ۰/۵۰ است و احتمال جهش اغلب بین ۰/۰۲ - ۰/۰۰۱ است [۱۲]. پارامترهای الگوریتم طی برنامه از کاربر سوال گردیده و مقادیر پیش فرض آنها را به صورت  $no-p = 200$ ، احتمال تقاطع برابر ۰/۷ و احتمال جهش برابر ۰/۰۱ در نظر می‌گیریم.

پارامترهای موثر در روند بهینه‌سازی، مقدار حداکثر دز  $OAR$ ، حداقل دز  $PTV$ ، میزان رزولوشن مورد نظر با توجه به زمان محاسبات دز، شرایط کالیبراسیون دستگاه درمانی، انرژی تابش، نوع روش محاسبه دز که  $SSD$  یا فاصله چشمه تا محور<sup>۲</sup> یا  $SAD$  باشد.

#### ۴-۲ فرآیند تکامل الگوریتم ژنتیک

در فرآیند تکامل الگوریتم ژنتیک از دو طرح تک‌فازی و دوفازی استفاده شده است. در طرح دوفازی ابتدا بهینه‌سازی روی زاویه‌ها انجام می‌شود. سپس با داشتن زوایای بهینه اولیه، بهینه‌سازی روی وزن آنها انجام می‌گیرد. سپس مجدداً این روند تکرار می‌شود تا به میزان پارامتر بهینه مورد نظر یا شرط همگرایی نظیر ثابت ماندن کروموزوم بهینه، حداقل طی ۵ نسل متوالی و یا شرط توقف زمانی

که نواحی حل ممکن که شرط (۱) را برآورده می‌کند با  $\phi$  نشان داده می‌شود. اضافه کردن شرط نامساوی (۱) به

$$D(x) \text{ با استفاده از تابع زیر محقق می‌شود:} \\ R(X, G) = \sum_{j=1}^{N_g} \max(0, r_j(X, G)) \quad (3)$$

که  $R(x, g) = 0$  برای  $x \in \phi$  و  $R(x, g) > 0$  برای  $x \notin \phi$  می‌باشد.

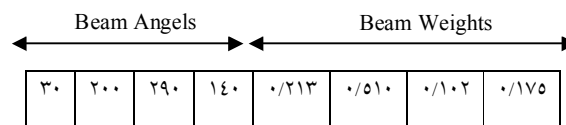
با استفاده از معادله‌های (۲) و (۳) تابع برازندگی برای بهینه‌سازی طراحی درمان رادیوتراپی<sup>۱</sup> یا  $RTP$  بدست می‌آید:

$$F(x, g) = D(x, g) + \beta R(x, g) \quad (4)$$

که  $\beta > 0$  می‌باشد و فاکتور اهمیت  $OAR$  است. در این تحقیق یک اهمیت مساوی برای همه نقاط دارای شرط  $PTV$  و  $OAR$  در نظر گرفته شده است.

#### ۳-۲ ساختار الگوریتم ژنتیک و کروموزوم‌های کد شده

از بردارهای ترکیب شده از اعداد صحیح برای نمایش زاویه‌ها و اعداد حقیقی برای نمایش وزن‌ها در کروموزوم‌ها در مساله طراحی درمان رادیوتراپی استفاده شده است. هر کروموزوم دارای دو بخش است: بخش اول شامل متغیرهای زاویه بیم‌ها (ژنها) و بخش دوم شامل متغیرهای وزن بیم‌ها است (شکل ۱).

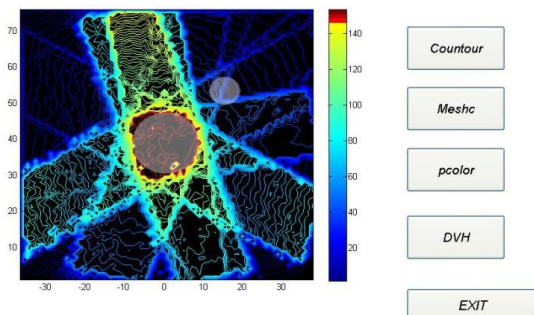


شکل ۱- نمایش کدگذاری یک کروموزوم نمونه

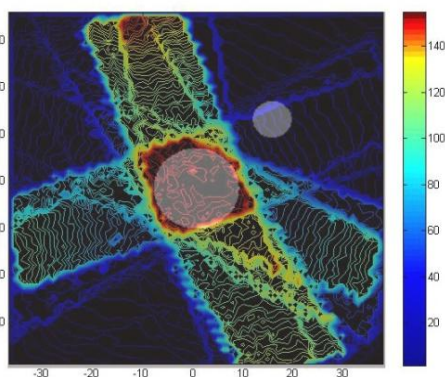
پس هر کروموزوم بصورتی کدگذاری می‌شود که به تعداد  $AN$  ژن اول زاویه بیم‌ها و  $AN$  ژن باقی مانده وزن‌ها هستند مانند کروموزوم  $C$  بصورت  $C = (x_1, x_2, \dots, x_{AN}, w_1, w_2, \dots, w_{AN})$  یک عدد صحیح در بازه [۰-۳۶۰] با گامهای تعریف شده (اغلب ۱۰ درجه) با  $i = 1, \dots, AN$  می‌باشد. برای مساله طراحی درمان ما همیشه محدودیت‌هایی برای هر وزن بیمی پیدا می‌کنیم و

<sup>2</sup> Source-Axis Distance

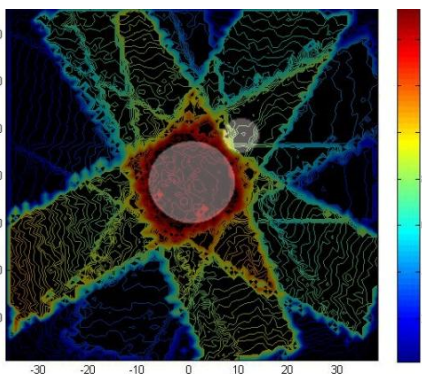
<sup>1</sup> Radiotherapy Treatment Planning



شکل ۳- توزیع دز مثال اول (الف) با طرح تک‌فازی



شکل ۴- توزیع دز مثال اول (الف) با طرح دو فازی

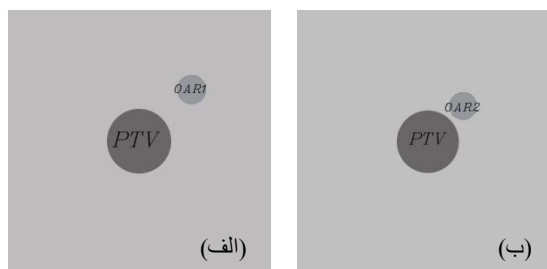


شکل ۵- توزیع دز مثال اول (ب) با طرح تک فازی

نظیر حداکثر تعداد توالی نسلها برسیم. اما در طرح تک-فازی، فاز زاویه و وزن مجزا نبوده و بهینه‌سازی آنها به موازات هم انجام میشود.

### ۳- نتایج

مثال ساده‌ای از یک اسلایس شامل PTV و OAR در شکل ۲ نشان داده شده است. در این فانتوم PTV با قطر تقریبی ۷ سانتی متر و OAR با قطر تقریبی ۳ سانتیمتر می‌باشند.

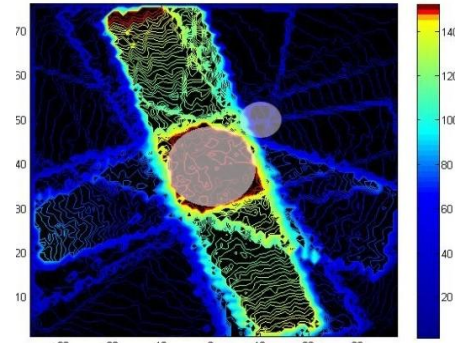


شکل ۲- اسلایس مورد نظر با فواصل مختلف PTV و OAR ، الف- فاصله بیشتر ب- فاصله کمتر

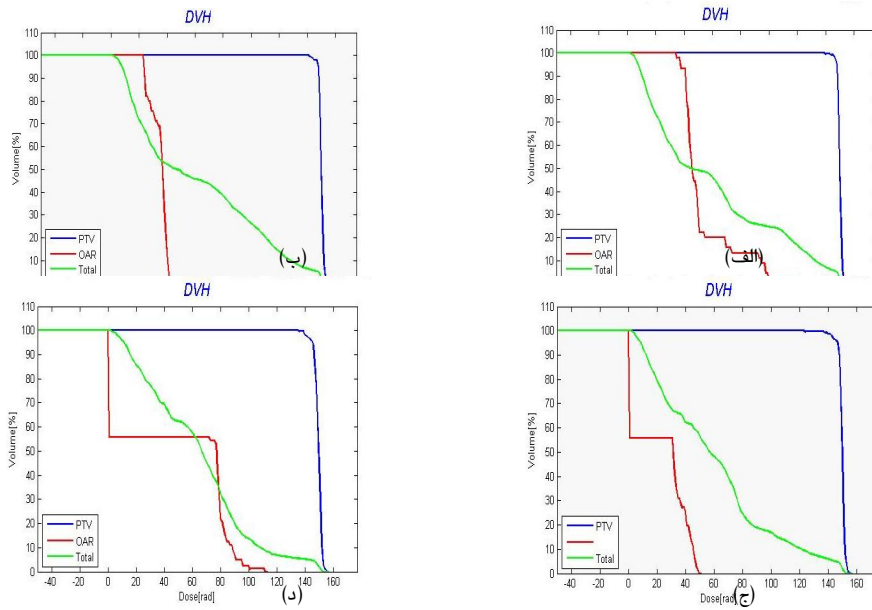
در مثال مورد نظر، حداکثر دز PTV و OAR به ترتیب ۵۰ سانتی‌گری و ۱۵۰ سانتی‌گری در نظر گرفته شده‌اند. روش محاسباتی SAD، فاصله بین زاویه‌های فضای اولیه ۱۰ درجه و تعداد زاویه‌ها (باریکه‌ها) ۱۰ انتخاب شده‌اند. باید توجه داشت که سایز میدان در هر زاویه، بطور اتوماتیک و با توجه به مساله دید چشمه به PTV، تعیین می‌شود. پس از وارد کردن اطلاعات، برنامه‌ی GA با مشخصات داده شده اجرا می‌شود و در نهایت پس از رسیدن به مقادیر بهینه، صفحه‌ای شامل کانتور طراحی، سطح طراحی، هیستوگرام حجم-دز<sup>۱</sup> یا DVH، زاویه میدان و اندازه آن در مرکز PTV (نقطه کالیبراسیون یا نرمالیزاسیون) و زمان تابش در هر زاویه محاسبه و نمایش داده می‌شوند.

<sup>1</sup> Dose Volume Histogramme

در شکل‌های ۳ تا ۶ این پارامترها برای مثال فوق مشاهده میشوند. منحنی‌های DVH مطابق شکل ۷ قابل قبول بوده و شرایط مورد نظر را در بر دارد (حدود ۹۵٪ حجم PTV دزی برابر یا بیشتر از مقدار تعیین شده دریافت می‌کند و حجمی از OAR که دزی بیش‌تر از حجم مجاز تعریف شده دریافت می‌کند بیش از ۵۰٪ نیست).

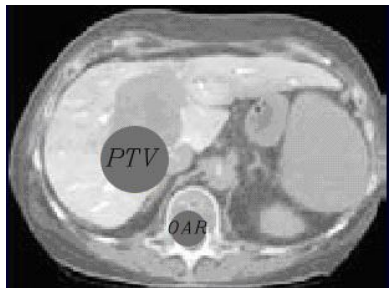


شکل ۶- توزیع دز مثال اول (ب) با طرح دوفازی



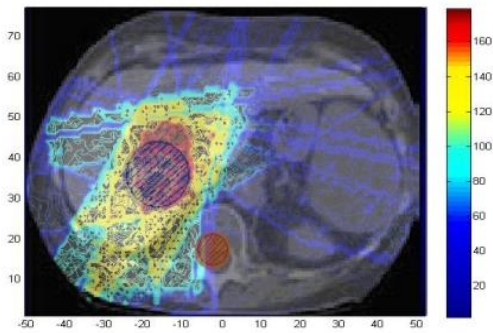
شکل ۷- DVH حاصل از هر ۴ مورد الف-OAR1 و طرح تک‌فازی، ب-OAR1 و طرح دوفازی، ج-OAR2 و طرح تک‌فازی، د-OAR2 و طرح دوفازی

گری قرار داده‌ایم. روش محاسباتی را ایزوستریک، فاصله بین زاویه‌های فضای اولیه را ۱۰ درجه و تعداد زاویه‌ها را ۱۰ در نظر گرفته‌ایم.

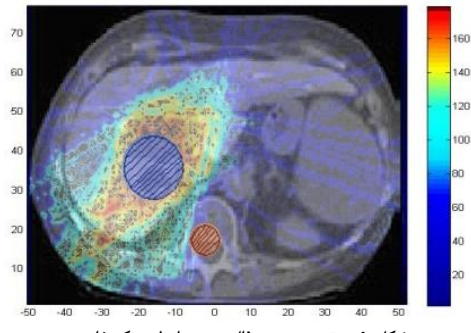


شکل ۸- تصویر مثال دوم

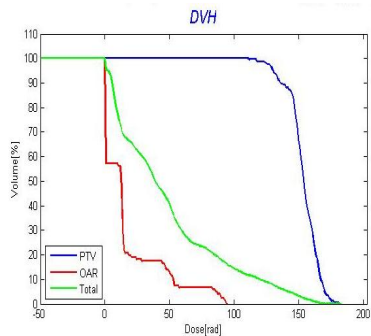
همانگونه که منحنی‌ها بیان می‌کنند در موردهای مشابه با در نظر گرفتن تعداد نسل‌های برابر، طرح دوفازی با بکارگیری زمان جستجوی بیشتر در مقایسه با طرح تک‌فازی (در این مثال ۴۰ دقیقه در مقابل ۲۰ دقیقه) پاسخگوی بهتری برای حل مسئله می‌باشد. پاسخهای حاصل از دو-فازی توزیع یکنواخت‌تری برای OAR می‌باشد. در مثال دوم تصویر دیگری را مطابق شکل ۸ ملاحظه می‌کنید. در این تصویر PTV (توموری واقع در کبد)، با قطر تقریبی ۵/۵ سانتی‌متر و OAR (نخاع)، با قطر تقریبی ۲/۵ سانتی‌متر را در نظر گرفته‌ایم. در مثال مورد نظر، حداکثر دز OAR را ۵۰ سانتی‌گری و دز PTV را ۱۵۰ سانتی-



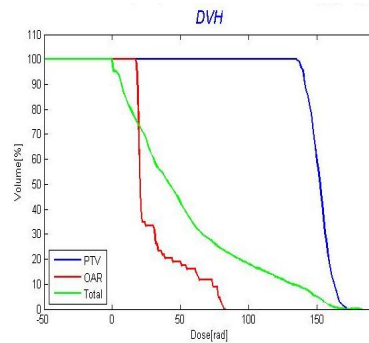
شکل ۱۰- توزیع دز مثال دوم با طرح دوفازی



شکل ۹- توزیع دز مثال دوم با طرح تک فازی



(الف)



(ب)

شکل ۱۱- DVH حاصل از هر دو طرح اعمالی بر مثال دوم، الف- تکفاز و ب-دو فازی

زاویه و وزن مربوطه در طراحی درمان به روش مستقیم به دو صورت تک مرحله‌ای و دو مرحله‌ای نشان داده شد. در رابطه با مقایسه نتایج این مقاله با سایر مقالات مشابه بایست به این نکته اشاره نمود که نتایج آن مقالات بر پایه اعمال بهینه‌سازی روی تصاویر CT و پلان‌های کلینیکی از اندام و بکارگیری محاسبات دز با لحاظ نمودن گونه<sup>۲</sup> ومولتی لیف کالیماتور<sup>۳</sup> می‌باشد. به دلیل عدم وجود محاسبات دز برای گونه و مولتی لیف کالیماتور در نرم افزار فعلی، مقایسه مستقیم این مقاله با سایر مقالات روی یک مثال مشابه امکان‌پذیر نمی‌باشد، اما مقایسه منحنی‌های DVH با حدود مجاز بیانگر کارایی الگوریتم می‌باشد، زیرا حدود ۹۵٪ حجم PTV دزی برابر یا بیشتر از مقدار تعیین شده دریافت می‌نماید و حجمی از OAR که دزی بیش تر از حد مجاز تعریف شده دریافت می‌کند بیش از

<sup>2</sup> Wedge

<sup>3</sup> Multi-leaf Collimator

نتایج مربوط به این مثال در شکل‌های ۸ تا ۱۱ ملاحظه می‌شود. باید به این نکته نیز اشاره کرد که زمان محاسبات دز مربوط به SSD ثابت، کوتاهتر از زمان لازم برای روش ایزوسنتریک است.

#### ۴- بحث و نتیجه‌گیری

کارکرد الگوریتم‌های بهینه‌سازی در طراحی درمان توسط پژوهشگران بررسی شده است که البته اغلب آنها مانند تحقیق وانگ<sup>۱</sup> [13]، از روشهایی غیر از الگوریتم ژنتیک استفاده نموده اند. در همه مقالات نام برده شده در بخش مقدمه، الگوریتم ژنتیک کارکرد موفق‌تری در بهینه‌سازی مسائل با یک پارامتر بهینه‌سازی داشته است ولی در این تحقیق، بهینه‌سازی همزمان دو پارامتر زاویه و وزن مربوطه بصورت همزمان مد نظر بوده است. همچنین در این تحقیق توانایی الگوریتم ژنتیک برای بهینه‌سازی همزمان

<sup>1</sup> Wang

دارد تا حداقل دز OAR، پس بهتر است از روش تک-فازی استفاده کنیم. اما اگر فاصله ارگانها بسیار کم باشد باید زمان بیشتری را صرف کرده و تعداد زاویه‌های بیشتری را برای فضای جستجوی اولیه وارد نماییم. مرحله بعدی این کار، افزودن گزینه‌های مربوط به میدان (به عنوان مثال گوه) خواهد بود.

۴۵٪ نمی‌باشد. اما می‌توان نتایج دو طرح استفاده شده در الگوریتم را با یکدیگر مقایسه نمود. نتایج به دست آمده بر این مطلب دلالت دارد که طرح دو-فازی نسبت به تک‌فازی به زمان محاسبات بیشتری نیاز دارد، اما پاسخ بهینه‌تری ارائه می‌دهد. اگر زمان برای کاربر حایز اهمیت باشد، باید بین دو روش و زمان محاسبات توازن ایجاد کرده و یکی را انتخاب کند. بعنوان مثال هرگاه OAR ها از PTV فاصله زیادی داشته باشند، طراحی ساده‌تر است و هدف بیشتر تمایل به حداکثر دز PTV

### منابع

1. Khan FM: The Physics of Radiation Therapy, Third Edition, New York: Williams & Wilkins, 2003; 199-259.
2. Hunt, Burman: A Practical Guide to IMRT, Medical Physics 2003, 30(9): 2565-2566.
3. Khan FM, Potish RA: Treatment planning in Radiation Oncology, New York: Williams & Wilkins, 1998;1-10.
4. Holland JH: Genetic algorithms. Sci Am 1992; 66-72.
5. Randy L, Haupt Sue Ellen: Practical Genetic Algorithms, New York: Wiley & Sons, Inc, 2004; 50-62.
6. Ezzell GA: Genetic and geometric optimization of three-dimensional radiation therapy treatment planning. Med Phys 1996; 23: 293-305
7. Langer M et al: A generic genetic algorithm for generating beam weights. Med Phys 1996; 23: 965-971.
8. Yu Y, Schell MC: A genetic algorithm for the optimization prostate implants. Med Phys 1996; 23: 2085-2091.
9. Lova Carlsson, Lena Krantz, Optimization of Beam Orientation in IMRT using a Genetic Algorithm, Thesis of master, Department of Mathematics, Chalmers University Of Technology Goteborg University, 2005; 6-14.
10. Engel K, Tabbert E: Fast Simultaneous Angle, Wedge and Beam Intensity Optimization in Inverse Radiotherapy Planning. Optimization and Engineering 2003, 6(4): 393-419.
11. Wu X, Zhu Y: A mixed-encoding genetic algorithm with beam constraint for conformal radiotherapy treatment Planning. Med Phys 2000; 27: 2508-2516.
12. Back T, Fogel D B, Michalewicz Z, Handbook of Evolutionary Computation. Institute of Physics, 1997; 26-40.
13. Wang C, Dai J, Hu Y. Optimization of beam orientations and beam weights for conformal radiotherapy using mixed integer programming. Phys Med Biol. 2003 Dec 21;48(24):4065-76



