

Titre: «Calcul dosimétrique par simulation Monte-Carlo pour un traceur TEP : comparaison de l'approche personnalisée avec l'approche standard »

D. Villoing^a, L. Ferrer^b, J. Suhard^a, M. Bardiès^a

^aCentre de Recherche en Cancérologie de Toulouse, Université de Toulouse, INSERM UMR 1037

^bService de médecine nucléaire, Institut de Cancérologie de l'Ouest, Saint-Herblain, France

Introduction :

En médecine nucléaire, l'exposition des tissus et organes des patients aux rayonnements ionisants est déterminée par le calcul de la dose absorbée au cours de la procédure clinique. Il existe deux approches basées sur le formalisme du MIRD¹ pour obtenir la dose absorbée. L'approche standard considère des données anatomiques provenant de fantômes anthropomorphiques pour le calcul des facteurs S. L'activité cumulée est calculée à l'échelle de l'organe. La seconde approche, dite « personnalisée », consiste à effectuer le calcul des facteurs S directement à partir des images tomodensitométriques des patients. L'activité cumulée est cette fois considérée à l'échelle du voxel, pour une estimation des gradients de dose absorbée au sein des organes. Cette étude a pour but d'évaluer la faisabilité de la dosimétrie personnalisée en routine clinique.

Matériels & Méthodes :

Des images TEP au ¹⁸F acquises sur six sujets volontaires dans le cadre d'une étude dosimétrique menée par GE Healthcare Angleterre ont été utilisées.

Les temps d'acquisition moyens ont été déterminés grâce aux informations contenues dans les en-têtes DICOM, et les valeurs contenues dans les voxels constituant les volumes d'intérêt ont été converties en activité. Les courbes activité-temps ainsi que l'activité cumulée à l'organe ou au voxel ont été déterminés grâce à des programmes d'ajustement des courbes mis au point dans le laboratoire.

Les calculs de dose absorbée ont été réalisés, respectivement, avec OLINDA² et le code de calcul GRNT pour les approches standards et personnalisées. Le code GRNT, basé sur GEANT⁴³ et développé au sein du laboratoire, utilise une carte d'activité cumulée et une carte de densité obtenue par segmentation de l'image TDM du patient et produit une carte de distribution de dose absorbée. Les simulations ont été effectuées sur un cluster constitué de 20 ordinateurs Mac Pro (AppleTM) (2,66 GHz ; 16 Go RAM) comprenant chacun 24 cœurs.

La validation du code GRNT a été entamée sur la base du fantôme du MIRD sous sa forme voxelisée.

Résultats :

L'activité cumulée a été calculée à l'échelle de l'organe et les écarts avec les calculs effectués par GE Healthcare sont inférieurs à 7% sur l'ensemble des sujets. Les résultats à l'échelle du voxel atteignent parfois jusqu'à un facteur 50 de la valeur d'activité cumulée à l'organe. Les sources d'erreur sont néanmoins identifiées. La validation du code GRNT est en cours. Les résultats de la comparaison avec OLINDA présentent des incohérences et font l'objet d'investigations complémentaires.

Conclusion:

Le calcul de l'activité cumulée à l'échelle du voxel doit être approfondi, notamment en ce qui concerne l'ajustement des courbes activité-temps. Une comparaison de GRNT à d'autres codes Monte-Carlo de référence, comme MCNPX⁴ est prévue. Le code GATE⁵ permet également, dans sa version 6.1, le calcul de la dose absorbée et pourra être utilisé.

1 Loevinger R, Budinger TF, Watson EE. MIRD primer for absorbed dose calculations revised. New York, NY: Society of Nuclear Medicine; 1991.

2 Stabin MG, Sparks RB, and Crowe E. OLINDA/EXM: the second-generation personal computer software for internal dose assessment in nuclear medicine. J Nucl Med. 2005;46(6):1023-1027.

3 Agostinelli S, Allison J, Amako K, et al. Geant4-a simulation toolkit. Nuclear Instruments and Methods in Physics Research A.2003; 506(3):250-303

4 Hendricks JS. MCNPX extensions, version 2.5.0. Los Alamos National Laboratory Report LA-UR-04-0570. Los Alamos, NM: Los Alamos National Laboratory, 2004.

5 Jan S, Benoit D, Becheva E, et al. GATE V6: a major enhancement of the GATE simulation platform enabling modelling of CT and radiotherapy. *Phys. Med. Biol.* 2011; 5:881–901.