

DESENVOLVIMENTO DE UMA INTERFACE INTERATIVA PARA SIMULAÇÕES RADIOTERÁPICAS COM PENELOPE: REESCRITA EM C++ E INTEGRAÇÃO COM PYTHON

Development of an interactive interface for radiotherapy simulations with PENELOPE: rewriting in C++ and integration with Python

Luana Rodrigues dos Santos [driggres@furg.com]

Suzielli Martins Mendonça [suzielli@furg.br]

Aline Barlem Guerra [alinedytz@furg.br]

Everaldo Arashiro [earashiro@furg.br]

Universidade Federal do Rio Grande

Av. Itália, km 8, bairro Carreiros, Rio Grande, RS, Brasil, 96203-900

Recebido: 18/01/26

Aceito: 26/03/26

Resumo

O câncer de pulmão demanda estratégias terapêuticas precisas, sendo a radioterapia uma das principais modalidades curativas. O sucesso deste tratamento depende da delineação precisa de estruturas anatômicas, processo sujeito a variabilidade interobservadora. Este trabalho apresenta um produto educacional consistente em uma interface interativa desenvolvida em Python, que integra segmentação de imagens e simulação dosimétrica. A metodologia foca na transposição didática de conceitos abstratos de transporte de radiação e anatomia radiológica para um ambiente operacional prático. Resultados demonstram que a ferramenta permite aos estudantes visualizar o impacto de erros de delineamento na distribuição de dose. Conclui-se que o sistema favorece a formação de competências computacionais e físicas alinhadas às demandas da Física Médica contemporânea.

Palavras-chave: Ensino de Física Médica; Simulação Monte Carlo; Produto Educacional; Python.

Abstract

Lung cancer demands precise therapeutic strategies, with radiotherapy being one of the primary curative modalities. The success of this treatment depends on the accurate delineation of anatomical structures, a process subject to interobserver variability. This work presents an educational product consisting of an interactive interface developed in Python, which integrates image segmentation and dosimetric simulation. The methodology focuses on the didactic transposition of abstract concepts of radiation transport and radiological anatomy into a practical operational environment. Results demonstrate that the tool allows students to visualize the impact of delineation errors on dose distribution. It is concluded that the system fosters the development of computational and physical competencies aligned with the contemporary demands of Medical Physics.

Keywords: Teaching Medical Physics; Monte Carlo Simulation; Educational Product; Python

1. Introdução

O câncer de pulmão constitui uma das principais causas de mortalidade por câncer em nível mundial, apresentando elevada incidência e taxas de sobrevida ainda limitadas. No Reino Unido, por exemplo, são registrados aproximadamente 37 mil novos casos anuais, com cerca de 33 mil óbitos associados. Para pacientes em estágio inicial, a radioterapia radical pode representar um tratamento potencialmente curativo, sendo administrada na forma de frações diárias ao longo de várias semanas. A definição deste tratamento baseia-se, em grande parte, em exames de imagem como PET e CT, nos quais o contorno da região de interesse e dos órgãos de risco é realizado em cada uma das fatias adquiridas, processo fundamentado tecnicamente por Hoskin e Goh (2010).

Esse processo de delineação anatômica, entretanto, não é simples nem rápido, estando sujeito a uma elevada variabilidade entre diferentes profissionais. No contexto do ensino de física, essa etapa torna-se extremamente importante na formação dos futuros físicos médicos, pois permite atrelar o aprendizado teórico à prática profissional. A baixa consistência interobservadora associada ao contorno manual de estruturas anatômicas é amplamente reconhecida na literatura e representa um desafio central no planejamento radioterápico moderno, como discutido por Hoskin e Goh (2010). Tal variabilidade impacta diretamente a definição geométrica dos volumes-alvo e dos órgãos de risco, evidenciando a necessidade de estratégias educacionais que favoreçam a padronização e a reprodutibilidade dessa etapa por meio de ferramentas tecnológicas.

Uma das abordagens para mitigar essa subjetividade consiste na adoção de configurações de janela padronizadas e, mais recentemente, no uso da inteligência artificial para identificar padrões estatísticos nos dados de imagem. A IA pode fornecer contornos iniciais para estruturas anatômicas críticas, permitindo que o estudante e o profissional concentrem sua análise na validação clínica, contribuindo para a velocidade no planejamento conforme ressaltado por Yang, Sharp e Gooding (2021). Contudo, é essencial ensinar que tanto a delineação manual quanto a segmentação automática estão sujeitas a incertezas; logo, a integração entre IA e validação humana deve ser compreendida como uma abordagem complementar, mantendo-se a responsabilidade da decisão final sob supervisão técnica, conforme descrito por Yang *et al.* (2021).

Em paralelo, avanços em segmentação baseada em *deep learning* têm demonstrado desempenho consistente, como no estudo do framework MONAI por Somasundaram *et al.* (2024), onde modelos ajustados com técnicas de *transfer learning* superaram estratégias locais e otimizaram o tempo de inferência. Apesar desses avanços, persiste uma lacuna no ensino prático sobre a integração entre segmentação automática e a física das interações radiação-matéria. Uma vez estabelecidos os contornos, a precisão das regiões de incidência é avaliada por simulações de Monte Carlo, que modelam estocasticamente as interações das partículas, como mostra Verhaegen and Seco (2021). Nessas simulações, processos como a emissão de raios X característicos associados a transições nas camadas atômicas K e L desempenham papel relevante, exigindo que o código utilizado, como o PENELOPE, incorpore descrições detalhadas de relaxação atômica e alargamento Doppler, conforme analisado pela OECD Nuclear Energy Agency (2019).

A modelagem computacional aplicada a esse ensino tem na linguagem Python seu elemento central, dada a vasta disponibilidade de bibliotecas *open-source* e sua compatibilidade com ferramentas de aprendizado profundo como TensorFlow e PyTorch (Anderson, Wahid e Brock, 2021). Interfaces como a PUFFIn, proposta por Schwarz *et al.* (2024), atuam como camadas amigáveis para o motor físico PENELOPE, permitindo a visualização de mapas de dose e métricas

como a *Dose Uniformity Ratio* (DUR), reduzindo barreiras para não especialistas. Diante desse cenário, este trabalho desenvolve uma abordagem integrada que une IA e simulação Monte Carlo para o planejamento radioterápico. Do ponto de vista educacional, essa proposta permite que estudantes e até mesmo alunos de oficinas de divulgação científica no ensino fundamental tenham contato direto com conceitos tradicionalmente abstratos, como transporte de radiação e deposição de dose, tornando o aprendizado da física mais concreto e aplicado.

2. Ferramentas computacionais e materiais

2.1 Caracterização da abordagem

Este trabalho apresenta um delineamento aplicado e quantitativo, com caráter desenvolvimental (proposição de um fluxo computacional) e avaliativo (análise de desempenho e consistência). O foco metodológico está na integração, em um ambiente único, de quatro etapas do planejamento radioterápico: (i) segmentação automática baseada em inteligência artificial, (ii) validação clínica humana, (iii) simulação dosimétrica por métodos de Monte Carlo, (iv) implementação em cursos como Física Médica e Medicina. Busca-se, assim, transpor para uma interface prática os conteúdos apresentados em livros e em sala de aula, permitindo que conhecimentos frequentemente tratados de forma teórica sejam explorados de maneira concreta e operacional.

Nesse contexto, a ferramenta proposta reúne, em um único sistema, elementos fundamentais do planejamento e da dosimetria em radioterapia, organizados de forma acessível e coerente com a formação acadêmica do estudante. Ao incorporar simulações rápidas e geometrias simples, o ambiente possibilita a visualização direta dos processos de interação da radiação com a matéria, favorecendo a compreensão dos fenômenos físicos subjacentes sem a necessidade de infraestrutura clínica complexa.

Conforme outras interfaces já criadas, como *pyPEN* por Mendes, Massera e Tomai (2022), o enfoque adotado confere à proposta um caráter eminentemente educacional, com forte potencial para o ensino aplicado e ilustrativo. A integração entre teoria e prática permite que o estudante compreenda não apenas os modelos físicos envolvidos, mas também sua aplicação em cenários realistas, contribuindo para uma aprendizagem mais ativa, intuitiva e alinhada às demandas contemporâneas da formação em Física Médica.

2.2 Ambiente computacional e materiais

A abordagem foi implementada utilizando a linguagem Python como elemento integrador do *pipeline* (sequência linear de módulos especializados), com módulos destinados ao processamento de imagens médicas, segmentação e interface gráfica, apesar dele ser a linguagem principal de desenvolvimento, o núcleo computacional não está todo nele. Parte relevante do *pipeline* é executado em outras linguagens: por exemplo, o motor de simulação do PENELOPE é escrito em *Fortran77*, com versões mais recentes em *Fortran90*, o que pode ser conferido na documentação original fornecida pelo OECD Nuclear Energy Agency (2019). Na prática, a interface em Python funciona como uma camada de integração: ela dispara as simulações, coleta

os artefatos gerados por esse motor de simulação (arquivos de saída/logs/tabelas), faz o *parsing* (processo de ler, interpretar e estruturar dados brutos) e a validação desses dados, e então converte tudo para estruturas que podem ser manipuladas pela linguagem Python para análise e visualização. Ou seja: o Fortran faz o transporte e entrega os resultados brutos; o Python que conecta, interpreta e imprime esses resultados dentro da aplicação, livros como *Python for Beginners: Mastering the Basics of Python*, por Harrison (2024) dão enfoque a versatilidade do Python e a facilidade desse tipo de aplicação, assim como trabalhos anteriormente citados como a segmentação de Anderson *et al.* (2021), que utilizam *deep learning* para soluções de Física Médica. Essa abordagem confere ao objetivo do trabalho um caráter mais prático, ao mesmo tempo em que viabiliza uma implementação mais ágil e direcionada à sua versão final.

2.3 Deep Learning

Para a implementação da segmentação automática de estruturas anatômicas, utilizamos o *Medical Open Network for Artificial intelligence* (MONAI), que como descrito em seu site oficial MONAI Consortium (2025), ele se trata de um *framework open-source* baseado em *PyTorch*, que fornece a base computacional para todo o fluxo de *deep learning*. A documentação oficial do *PyTorch*, criada por Subramanian, Juarez, Breviu, Soshnikov e Bornstein (2024), descreve esse fluxo completo de *machine learning* reproduzível, estabelecendo a base fundamental sobre o qual bibliotecas especializadas, como o MONAI, são desenvolvidas, nesse caso especificamente para aplicações de *deep learning* em imagens médicas. O MONAI foi concebido com foco na padronização de fluxos de treinamento, avaliação e validação de modelos, oferecendo ferramentas adequadas ao tratamento de dados médicos multidimensionais, como volumes de CT (Tomografia Computadorizada) e PET (Tomografia por Emissão de Pósitrons).

Um exemplo da aplicação prática desse fluxo é apresentado na Figura 1, que ilustra o resultado da segmentação automática do baço a partir de um volume de CT. Essa segmentação foi realizada na própria máquina utilizada para o desenvolvimento do presente projeto, empregando as rotinas de pré-processamento, normalização espacial e inferência fornecidas pelo MONAI. A máscara resultante evidencia a capacidade do *framework* em identificar e delimitar estruturas anatômicas de forma consistente, servindo tanto como base para análises quantitativas subsequentes quanto como recurso didático para a visualização do impacto das decisões computacionais no contorno anatômico. Esse exemplo reforça o papel do MONAI como elo entre os conceitos teóricos de segmentação discutidos na literatura e sua materialização em um ambiente computacional acessível, reproduzível e alinhado às demandas do ensino em Física Médica.

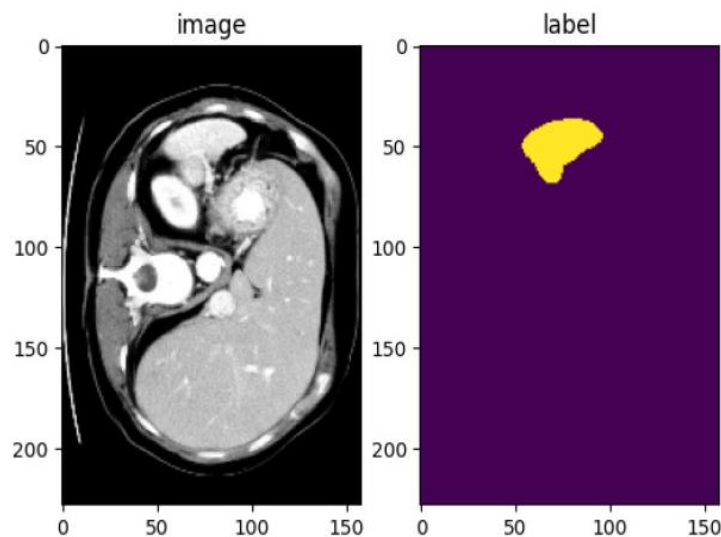
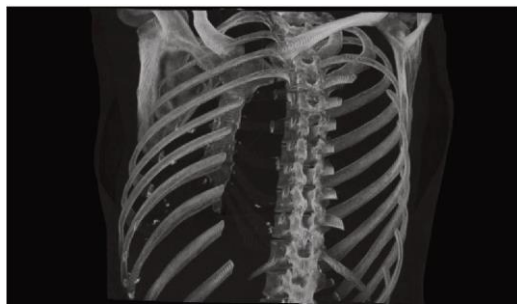


Figura 1: Máscara de segmentação do baço gerada automaticamente pelo MONAI, sobreposta ao corte axial de TC, destacando a delimitação do órgão para fins de análise anatômica e posterior integração em etapas de planejamento/simulação.

2.4 Banco de Dados

Para a realização deste trabalho, utilizamos como base de dados principal o NSCLC Radiogenomics, disponibilizado por Bakr *et al.* (2018), no repositório público online de dados científicos *The Cancer Imaging Archive* (TCIA) (2017), que reúne exames de imagem e informações clínicas reais de pacientes diagnosticados com câncer de pulmão de células não pequenas (NSCLC). Esse conjunto de dados é composto por 211 indivíduos e integra imagens de tomografia computadorizada (CT), PET/CT, mapas de segmentação tumoral, anotações semânticas, medidas quantitativas extraídas das imagens e dados clínicos de acompanhamento, incluindo desfechos de sobrevida, além de informações genômicas associadas.

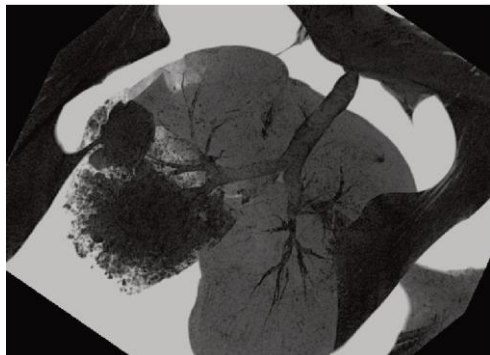
O câncer de pulmão de células não pequenas é uma neoplasia agressiva, de elevada incidência e que demanda investigações contínuas para o aprimoramento de estratégias diagnósticas e terapêuticas. Além disso, o uso de dados provenientes de pacientes reais permite avaliar os métodos desenvolvidos em condições próximas à prática radioterápica cotidiana, conferindo maior realismo e validade aos resultados. Nesse sentido, os dados mostram-se particularmente adequados para fins educacionais e metodológicos, ao possibilitar que médicos e físicos médicos compreendam, de forma aplicada, a relação entre imagens médicas, delineamento anatômico e planejamento radioterápico em um contexto clinicamente representativo. Exemplos representativos dessas imagens DICOM, correspondentes a diferentes orientações em 3D, são apresentados na Figura 2, ilustrando o tipo de patologia utilizada como entrada no fluxo computacional deste trabalho, as manchas escuras representam câncer pulmonar.



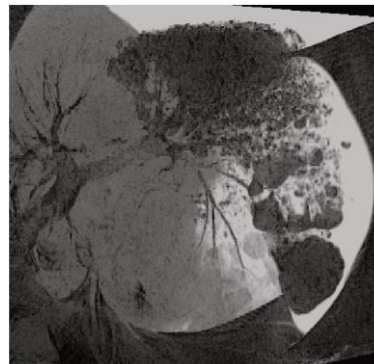
(a) Reconstrução tomográfica da região torácica, com destaque para estruturas ósseas.



(b) Visualização axial de tomografia computadorizada evidenciando os pulmões.



(c) Visualização dos brônquios e bronquíolos, seguida da localização da lesão tumoral.



(d) Detalhamento estrutural do tecido pulmonar, possibilitando a visualização da região de dano tecidual.

Figura 2: Exemplos de imagens DICOM provenientes do *dataset*. As imagens representam diferentes cortes e orientações de um exame de tomografia de um paciente com câncer de pulmão.

2.5 Simulação Física

Aqui, utilizamos o sistema de códigos PENELOPE, o qual emprega o método de Monte Carlo, em conjunto com geometrias e materiais definidos a partir de uma base de dados ou especificados pelo usuário, para simular a interação da radiação com a matéria. Do ponto de vista formal, o método de Monte Carlo pode ser interpretado como um procedimento numérico de integração, no qual grandezas físicas de interesse são estimadas a partir de médias estatísticas sobre amostras aleatórias. Na prática computacional, o valor da integral é estimado pela média aritmética de um conjunto finito de amostras independentes, geradas a partir de um gerador de números pseudo aleatórios, convergindo para o valor exato no limite de um número infinito. A incerteza estatística associada à estimativa é caracterizada pela variância da amostra, decrescendo proporcionalmente a $1/\sqrt{N}$, onde N é o número de histórias simuladas. Essa formulação estabelece a base matemática do método de Monte Carlo empregado neste trabalho, permitindo a quantificação explícita das incertezas estatísticas inerentes às simulações de transporte de radiação.

A definição dos materiais simulados segue a formulação clássica adotada no código, na qual as propriedades macroscópicas do meio são convertidas em grandezas microscópicas relevantes para o transporte de partículas. A composição química de cada material é descrita a partir de seus elementos constituintes, com respectivos pesos atômicos e frações estequiométricas, permitindo o

cálculo da massa molar efetiva. A partir da densidade de massa do material, obtém-se a densidade numérica de centros de interação por meio da Equação 1:

$$N = N_A \frac{\rho}{A_M} \quad (1)$$

onde N_A é o número de Avogadro, ρ a densidade do material e A_M a massa molar efetiva. Essa grandeza constitui a base para o cálculo das seções de choque macroscópicas e do comprimento livre médio, sendo um elemento central do algoritmo de transporte Monte Carlo e correspondendo diretamente à lógica implementada pelo PENELOPE.

Para elétrons e pósitrons, o código simula colisões elásticas e inelásticas com os átomos do material, perdas de energia por ionização e excitação, emissão de bremsstrahlung e, no caso dos pósitrons, o processo de aniquilação. O transporte dessas partículas carregadas é tratado por meio de um esquema misto, no qual interações de grande transferência de energia e ângulo são simuladas explicitamente, enquanto efeitos cumulativos de múltiplos espalhamentos suaves e perdas contínuas de energia são tratados de forma condensada, assegurando eficiência computacional sem perda de acurácia física.

A seleção do tipo de interação, do comprimento livre entre eventos e das variáveis resultantes de cada colisão é realizada de forma probabilística, com base nas seções de choque tabuladas no banco de dados do PENELOPE e na densidade numérica de centros de interação do material. Dessa forma, o transporte de partículas pode ser interpretado como um processo estocástico do tipo Markoviano, no qual o estado futuro da partícula depende apenas de seu estado atual, sendo a evolução global do sistema obtida a partir do acúmulo estatístico de um grande número de histórias independentes, todas essas informações citadas nesta seção são retiradas do documento oficial do PENELOPE fornecido por OECD *Nuclear Energy Agency* (2019).

2.6 Interface gráfica

A interface gráfica do programa foi desenvolvida utilizando o PyQt, um conjunto de *bindings* em Python para o *framework* Qt, amplamente empregado no desenvolvimento de aplicações científicas multiplataforma. A construção de uso do PyQt permite interfaces gráficas estruturadas, modulares e responsivas, viabilizando a separação clara entre a lógica computacional do método Monte Carlo e a camada de interação com o usuário. Como pode ser visto na Figura 3, o desenvolvimento da interface é intuitivo e prático, uma vez que cada elemento inserido no *Qt Creator* (ferramenta responsável pela montagem da interface) possui um identificador próprio, o qual pode ser diretamente associado ao código das simulações implementadas em Python.

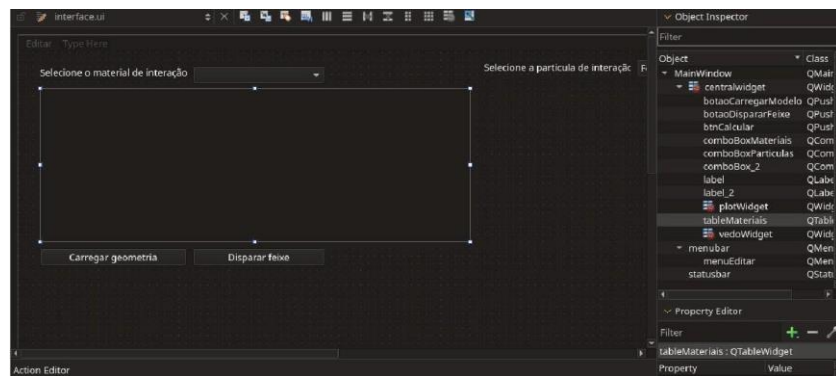


Figura 3: Interface gráfica do Qt Creator, destacando a organização dos elementos visuais.

Essa abordagem facilita a configuração de parâmetros de simulação, o gerenciamento de dados de entrada e a visualização de resultados, mantendo a reprodutibilidade e a extensibilidade do código. Além disso, a integração nativa do *PyQt* com bibliotecas científicas em Python possibilita a incorporação direta de rotinas de análise, visualização e processamento de dados, características relevantes para aplicações em Física Médica que demandam controle preciso de parâmetros físicos e interpretação consistente dos resultados numéricos, essas informações e demais são fornecidas pela documentação oficial do *PyQt*, fornecida por *Riverbank Computing Limited* (2024).

2.7 Napari

O *Napari* consiste em um visualizador de imagens multidimensionais, que possui uma lógica de camadas, ele foi projetado para a exploração de dados volumétricos (2D, 3D e superiores), permitindo a sobreposição e edição de camadas de dados, como as imagens DICOM.

Um exemplo muito útil do visualizador é a capacidade de desenhar automaticamente caixas ao redor das estruturas 3D, mostrado na Figura 4, essa função marca onde começa e termina cada objeto

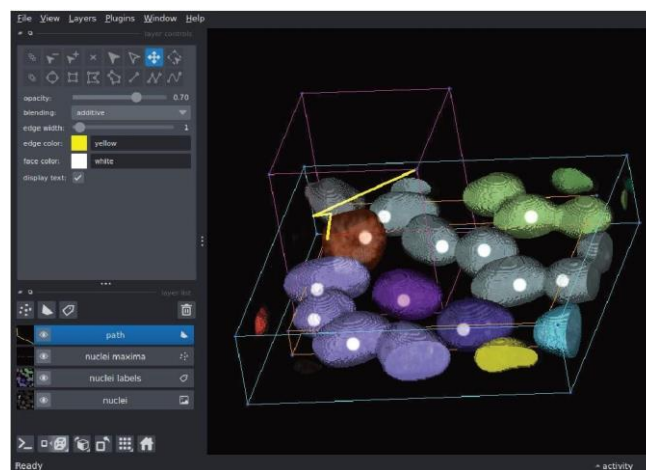


Figura 4: Visualização volumétrica no Napari utilizando o recurso *3D Layer Bounding Box Overlay*. As caixas delimitadoras (linhas coloridas) evidenciam a extensão espacial de cada camada.

3. Metodologia

A metodologia adotada neste trabalho tem como foco principal a aplicação didática de conceitos de Física Médica e simulação computacional, mantendo seu potencial educacional ao longo de todo o desenvolvimento. O código apresentado não tem como objetivo a otimização computacional nem a substituição de sistemas clínicos comerciais; entretanto, sua concepção contempla, como objetivo de longo prazo, a evolução gradual para um nível de maior realismo e aplicabilidade profissional. Dessa forma, o sistema é estruturado como um ambiente educacional no qual estudantes podem compreender, modificar e estender cada etapa do fluxo de simulação, ao mesmo tempo em que se estabelece uma base sólida para futuras expansões em contextos profissionais.

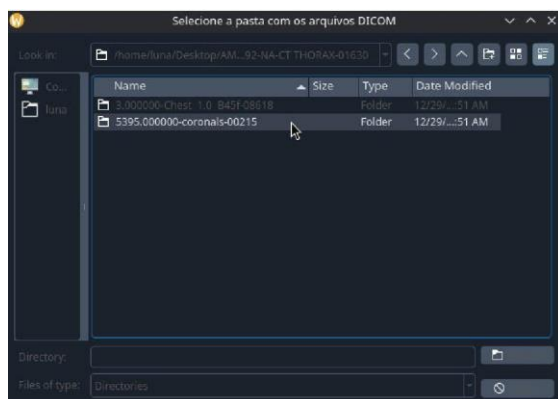
3.1 Fluxo do experimento computacional

O fluxo geral do experimento computacional é estruturado a partir de uma interface gráfica desenvolvida no *Qt Creator*, que permite a organização visual dos elementos de entrada, controle e visualização do sistema. No contexto da linguagem Python, toda a aplicação é construída segundo o paradigma de orientação a objetos, no qual cada componente relevante do sistema é representado como um objeto. De forma simplificada, uma classe pode ser entendida como um agrupamento que define um conjunto de objetos com características e comportamentos comuns.

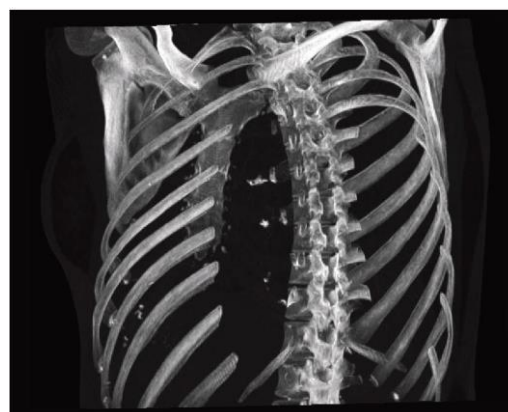
3.2 Leitura e organização dos dados DICOM

A leitura das imagens médicas é realizada a partir de um diretório contendo arquivos DICOM individuais, os quais são ordenados e empilhados para formar um volume tridimensional.

Para facilitar a aplicação em oficinas, o fluxo de trabalho foi desenhado de modo que os arquivos possam ser organizados em pastas de fácil acesso. Após clicarmos em 'carregar geometria' na interface, abrimos um menu intuitivo para seleção do diretório, como mostra a Figura 5. Isso reduz a curva de aprendizado no manuseio de arquivos DICOM, permitindo que o foco da aula permaneça nos conceitos físicos e anatômicos.



(a) Seleção da geometria utilizada na simulação.

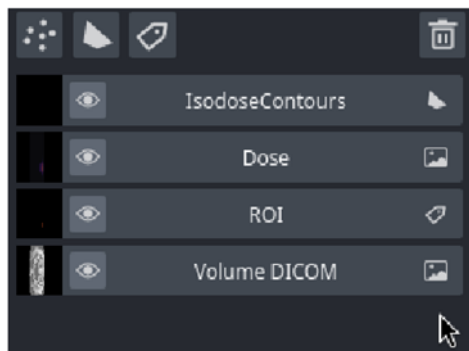


(b) Demonstração de como a geometria aparece inicialmente na interface.

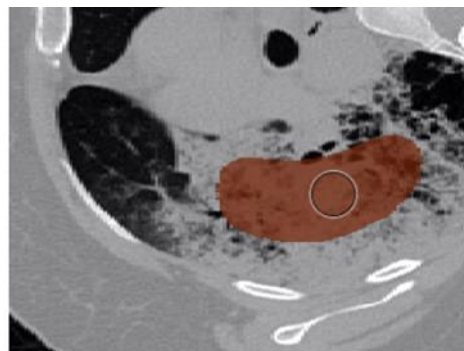
Figura 5: Exemplos da interface gráfica desenvolvida, ilustrando a seleção da geometria e o menu principal de interação

3.3 Definição das regiões de interesse (ROI)

A demarcação das regiões de interesse (*Regions of Interest* ou ROI) permite identificar as estruturas anatômicas relevantes para a análise, sendo realizada de maneira interativa por meio da interface gráfica integrada ao visualizador Napari. Após o carregamento do volume DICOM, é criada automaticamente uma camada do tipo *labels*, denominada ROI, como mostra a Figura 6a, na qual o usuário pode marcar manualmente as estruturas conforme ilustrado na Figura 6b, cada voxel pertencente à delimitação recebe um valor inteiro diferente de zero, enquanto os voxels localizados fora da região de interesse permanecem com valor nulo, ou seja o sistema recebe explicitamente a informação espacial da localização da lesão tumoral por meio da distinção entre $ROI > 0$ e $ROI = 0$ à região marcada.



(a) As camadas, onde Dose representa o feixe de *IsodoseContours* os contornos, base para futura implementação.



(b) Demonstração de como uma demarcação pode ser feita parcialmente atingindo o tumor na interface.

Figura 6: Demarcação feita pelo usuário utilizando ROI.

Além disso, a ROI desempenha papel central na definição automática de parâmetros geométricos do feixe, como o posicionamento do isocentro e a dimensão do campo irradiado. No momento não há feixes previamente definidos no sistema, então utiliza-se a ROI como referência para estimar o centro geométrico da região marcada e ajustar o campo de irradiação com uma margem adicional.

Em contexto educacional, a demarcação realizada pelo aluno deve ser feita com cautela e avaliada por um docente com conhecimento técnico adequado sobre o delineamento anatômico correto.

3.4 Prescrição de dose e configuração dos feixes

A prescrição de dose em radioterapia tem como objetivo estabelecer uma distribuição de dose capaz de promover o controle tumoral, ao mesmo tempo em que limita a probabilidade de complicações nos tecidos saudáveis. Em tratamentos clínicos, a dose prescrita é fortemente influenciada tanto pelas características do tumor quanto pelas restrições impostas pelos tecidos saudáveis circundantes, especialmente em situações de distribuição de dose não uniforme e esquemas fracionados. Modelos radiobiológicos têm sido amplamente utilizados para descrever essas respostas e orientar a definição da dose, considerando a sensibilidade celular e a dependência volumétrica das estruturas irradiadas, como demonstrado pela International Atomic Energy Agency (1996). No contexto educacional deste trabalho, a prescrição de dose é representada de forma

simplificada na interface gráfica, permitindo ao usuário ajustar parâmetros como energia do feixe e unidades monitoras (MU). O sistema não possui a complexidade dos planejadores clínicos; entretanto, as informações descritas em Khan (2014) serviram como base conceitual para a construção da barra lateral. Nessa interface, o usuário define parâmetros mínimos para reproduzir um fluxo típico de planejamento, incluindo prescrição de dose, configuração de feixes, energia, colimador e MU. Quando o cálculo de dose é solicitado, o programa gera um conjunto padrão de feixes a partir dos dados inseridos no painel lateral e, sempre que disponível, usa a ROI para definir o isocentro e o tamanho de campo (com margem), as informações principais que podem ser inseridas se encontram na Figura 7.

(a) Área destinada à inserção da prescrição de dose definida pelo médico e à configuração do plano de feixes.

(b) Área destinada à definição do nível de consumo computacional, à seleção do algoritmo (com futura integração do método de PENELOPE) e à configuração dos níveis de isodose.

Figura 7: Painel lateral da interface gráfica

3.5 Isodoses: extração de contornos a partir da dose

Após o cálculo, as curvas de isodose são apresentadas como contornos no corte atual (z). O algoritmo obtém o maior valor de dose calculado em todo o volume 3D, o D_{max} e, para cada fração ($level$), calcula o limiar mostrado na Equação 2:

$$D_{iso} = level \times D_{max} \quad (2)$$

Assim, os contornos são extraídos no *slice* com *findcontours*, uma função interna no código.

Essa estratégia reforça o caráter educacional do sistema: a ROI (definida pelo usuário) condiciona a geometria de feixe e, consequentemente, altera a distribuição de dose e o traçado das isodoses, tornando explícita a relação entre delineamento anatômico e resultado da simulação.

3.6 Base de materiais e seções de choque

A interface desenvolvida incorpora um módulo de consulta de materiais baseado na base de dados do código PENELOPE. No estágio atual do projeto, este módulo tem finalidade predominantemente exploratória e didática, permitindo a visualização das propriedades físicas dos materiais disponíveis e de suas respectivas seções de choque em função da energia da partícula incidente.

Em etapas subsequentes, esses dados serão utilizados para associar materiais físicos aos órgãos segmentados por *Deep Learning*, possibilitando a simulação explícita das interações da radiação com a matéria por meio do método de Monte Carlo. Dessa forma, a estrutura atualmente implementada antecipa a integração entre segmentação anatômica, definição de materiais e transporte de partículas, sem comprometer o caráter educacional da aplicação nesta fase.

Como ilustração desse módulo, a Figura 8 apresenta a interface de consulta de materiais, destacando a tabela de propriedades físicas e o gráfico correspondente à seção de choque do material selecionado.



Figura 8: Interface de consulta de materiais e visualização das seções de choque a partir da base de dados do PENELOPE.

Além disso, são disponibilizadas ao estudante ou profissional descrições informativas interativas, acionadas pelo posicionamento do cursor sobre os elementos, conforme ilustrado na Figura 9. Estes recursos gráficos foram estrategicamente integrados para servir como um guia imediato sobre a funcionalidade de cada componente. Dessa forma, o sistema oferece uma fonte de consulta rápida e contextualizada, permitindo que o estudante fixe os conceitos e esclareça dúvidas operacionais instantaneamente, sem a necessidade de interromper seu fluxo de aprendizado dentro da interface.

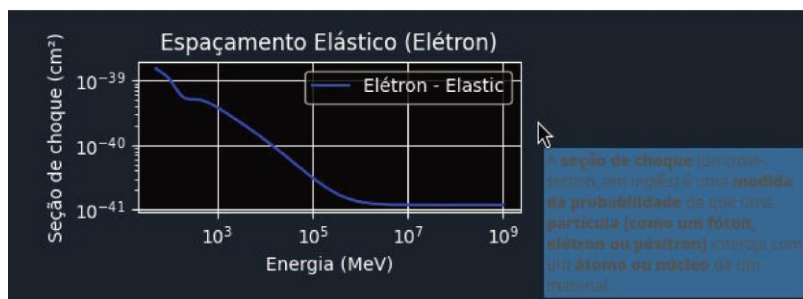


Figura 9: Pequena caixa de texto destinada à descrição conceitual das seções de choque, dentro dessa caixa consta a descrição: A seção de choque (ou *cross-section*, em inglês) é uma medida de probabilidade de que uma partícula (como um fóton, elétron ou pósitron) interagir com um átomo ou núcleo de um material.

4. Proposta de Roteiro para Oficina Didática

Visando a aplicação desta ferramenta em atividades de ensino e divulgação científica, propomos uma abordagem baseada na aprendizagem ativa, onde o estudante assume o papel de planejador. A estrutura pedagógica da oficina segue o fluxo de dados do *software*, conforme sistematizado na Figura 10, que organiza as atividades em três momentos interconectados.

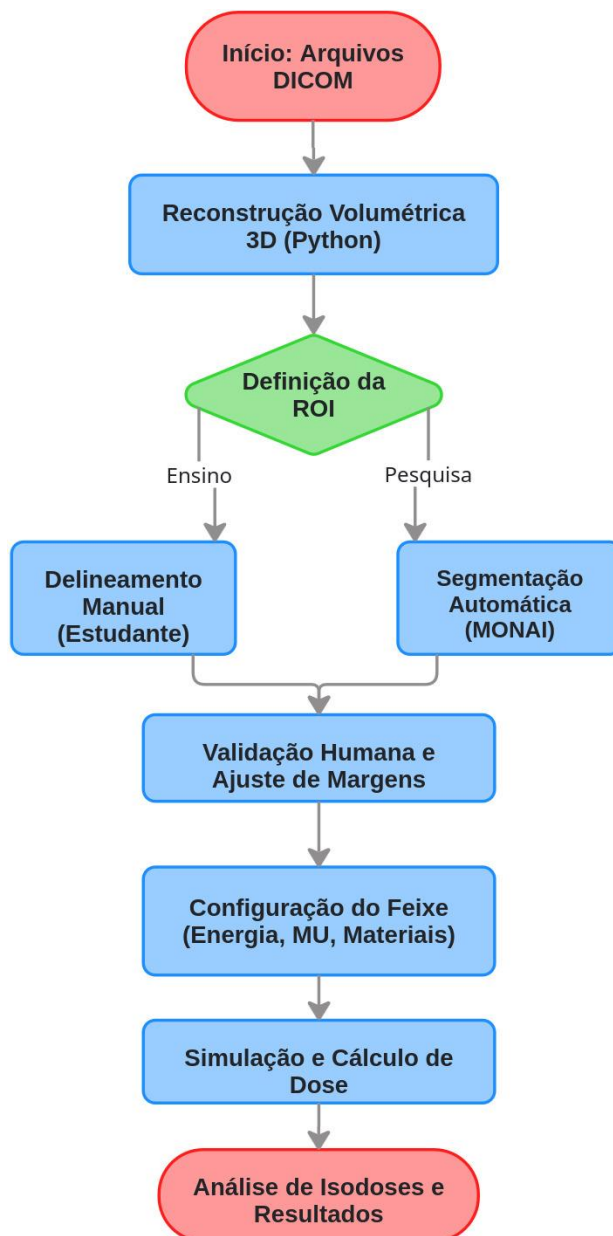


Figura 10: Fluxograma metodológico da oficina didática. O diagrama relaciona as etapas computacionais (blocos azuis) aos objetivos de aprendizagem, partindo da aquisição de imagem até a análise dosimétrica.

O percurso didático inicia-se no topo do diagrama, onde a etapa de leitura e reconstrução dos arquivos DICOM serve como base para discutir a anatomia radiológica. Nesta fase, o docente utiliza

a visualização volumétrica gerada pelo software para introduzir conceitos como a Escala Hounsfield e a relação entre densidades físicas e a visualização em tela.

Na sequência, a bifurcação central da Figura 10 ilustra o desafio da delimitação. Aqui, a distinção entre a segmentação automática e o delineamento manual é explorada pedagogicamente: solicita-se que os estudantes desenhem manualmente a ROI tumoral. A comparação dos diferentes contornos gerados pela turma irá evidenciar visualmente a variabilidade de cada aluno.

Por fim, o fluxo converge para os blocos inferiores de simulação e cálculo, compondo o impacto dosimétrico, o estudante define a prescrição e avalia as isodoses resultantes de sua própria demarcação.

Para consolidar o aprendizado, propõe-se um ciclo iterativo de erro e acerto (retorno no fluxograma), onde o aluno altera propositalmente a ROI para observar, na prática, como falhas geométricas na etapa anterior acarretam erros graves na cobertura tumoral, fechando o ciclo de compreensão.

5. Resultados e Discussão

5.1 Impacto da demarcação da ROI na distribuição de dose

Os resultados apresentados nesta subseção evidenciam a influência direta da definição da região de interesse (ROI) sobre a distribuição de dose calculada pelo sistema. Para fins de comparação didática, foram analisados dois cenários distintos: um caso em que a ROI foi demarcada de forma inadequada, não abrangendo completamente o volume tumoral, e um segundo caso em que a demarcação foi realizada de maneira adequada, cobrindo integralmente a lesão. Ambas as simulações foram realizadas sob a mesma prescrição de tratamento, definida como 2 Gy por fração (dose diária), utilizando feixes de 6 MV, com 100 MU por feixe, configuração de quatro campos coplanares e margem de 15 mm entre a região de interesse (ROI e o campo de irradiação. Dessa forma, as diferenças observadas na distribuição de dose decorrem exclusivamente da qualidade da demarcação da ROI, e não de variações nos parâmetros físicos de prescrição.

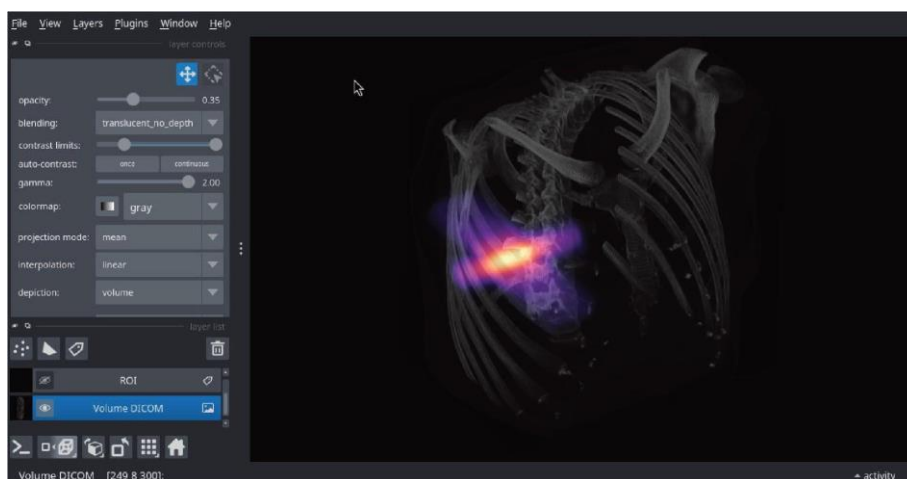


Figura 11: A escala de cores evidencia a concentração de energia depositada. As áreas em tons mais quentes indicam maior deposição de dose, correspondendo ao volume alvo irradiado, permitindo a avaliação espacial da conformidade entre o feixe de radiação e a lesão.

Nos cenários subsequentes, ilustrados nas Figuras 12 e 13, onde a primeira representa o ROI erroneamente demarcado e a segunda o devidamente demarcado, observa-se o efeito da demarcação da ROI sobre a geometria do feixe e a distribuição de dose. No caso da ROI mal delimitada, parte significativa do volume tumoral permanece fora da região marcada, resultando em uma distribuição de dose que não atinge de forma adequada toda a área de interesse. Esse comportamento evidencia uma subdosagem do tumor, mesmo quando parâmetros globais de prescrição, como dose total e unidades monitoras, permanecem inalterados.

Em contraste, quando a ROI é corretamente demarcada, abrangendo todo o volume tumoral, o feixe é ajustado de modo a incidir de forma mais eficiente sobre a região de interesse. Nesse caso, a distribuição de dose mostra maior conformidade com o alvo, com as isodoses englobando o tumor de maneira consistente. Esse resultado reforça a relação direta entre a qualidade do delineamento anatômico e a efetividade da simulação de dose.

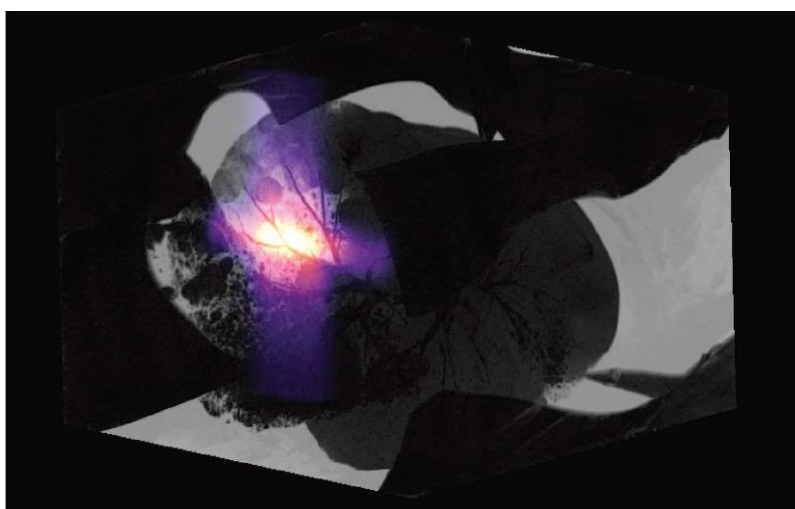


Figura 12: Dose simulada para uma ROI erroneamente demarcada, na qual parte do volume tumoral permanece fora da área irradiada, resultando em cobertura incompleta do alvo.

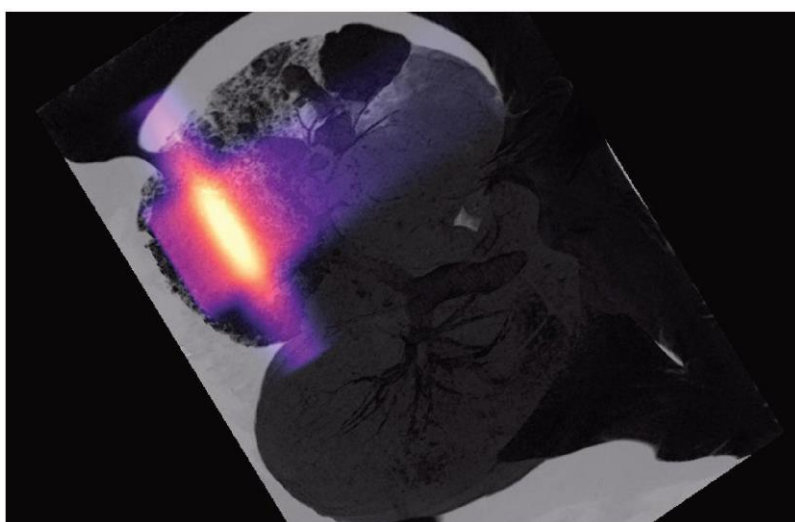


Figura 13: Dose simulada para uma ROI adequadamente demarcada, abrangendo integralmente o volume tumoral e proporcionando cobertura consistente da lesão pelas isodoses.

Do ponto de vista educacional, essa comparação torna explícito que a definição da ROI é um elemento crítico do planejamento radioterápico. Mesmo em um ambiente computacional simplificado, pequenas variações na demarcação do volume alvo produzem diferenças significativas nos resultados, permitindo ao estudante compreender, de forma visual e intuitiva, a importância do delineamento correto para a entrega adequada da dose ao tumor.

5.2 Comparação com ferramentas educacionais baseadas no PENELOPE

O presente trabalho compartilha motivações conceituais semelhantes às que orientaram o desenvolvimento do *PUFFin* (*Penelope User Friendly Fast Interface*), descrito por Schwarz *et al.* (2024), cujo objetivo central é reduzir a complexidade de ferramentas de simulação baseadas no método de Monte Carlo, tornando-as acessíveis a usuários não especialistas. Assim como o *PUFFin*, a proposta apresentada neste estudo busca preencher lacunas educacionais ao oferecer uma interface gráfica intuitiva que permita a visualização e compreensão da distribuição de dose a partir da variação de parâmetros físicos fundamentais.

Entretanto, existem diferenças estruturais importantes entre as duas abordagens. O *PUFFin* apresenta uma integração direta e madura com o código PENELOPE, sendo capaz de gerar automaticamente arquivos de entrada, executar simulações de transporte de partículas e importar os resultados de forma transparente ao usuário.

Em contraste, o sistema desenvolvido neste trabalho encontra-se em uma fase inicial e deliberadamente simplificada. A interface gráfica e os módulos computacionais foram concebidos com foco prioritário no ensino de conceitos fundamentais de Física Médica, tais como definição de regiões de interesse, prescrição de dose, parametrização de feixes e interpretação de distribuições de dose e curvas de isodose. A integração com o PENELOPE, embora prevista como etapa futura do projeto, ainda não está implementada de forma direta, sendo atualmente representada por estruturas preparatórias, como a consulta à base de materiais e à visualização de seções de choque.

Dessa forma, o presente sistema pode ser entendido como complementar a ferramentas mais maduras como o *PUFFin*, atuando como um ambiente introdutório que prepara o usuário para o uso consciente e fundamentado de códigos Monte Carlo completos. A evolução natural do projeto inclui a incorporação progressiva do transporte de partículas via PENELOPE, aproximando-se de ferramentas consolidadas, sem perder o foco educacional que fundamenta sua concepção inicial.

6. Conclusões

De modo geral, os resultados obtidos ao longo desta fase inicial de desenvolvimento mostram-se consistentes e satisfatórios, evidenciando a viabilidade técnica da proposta e a adequação da abordagem adotada aos objetivos educacionais estabelecidos. Esses avanços demonstram que o trabalho encontra-se em uma trajetória sólida de desenvolvimento, com potencial significativo para consolidação como uma ferramenta de apoio ao ensino e à pesquisa em Física Médica.

Por fim, ressaltamos que etapas futuras serão direcionadas a integrações mais precisas com o PENELOPE, de modo a tornar o transporte de partículas explicitamente evidenciado, com

trajetórias fisicamente mais rigorosas e compatíveis com o formalismo Monte Carlo. Além disso, a segmentação automática de órgãos baseada em inteligência artificial, prevista como componente central do projeto, será incorporada em etapas subsequentes e ainda não foi explorada nos resultados apresentados neste trabalho.

7. Agradecimentos

Agradecimento ao PIBIC/CNPq 2025 pelo apoio financeiro.

8. Referências

Anderson, B. M., Wahid, K. A., & Brock, K. K. (2021). Simple python module for conversions between dicom images and radiation therapy structures, masks, and prediction arrays. *Practical Radiation Oncology*, 11(3), 226-229.

Bakr, S., Gevaert, O., Echegaray, S., Ayers, K., Zhou, M., Shafiq, M., Kothari, N. (2018). A radiogenomic dataset of non-small cell lung cancer. *Scientific Data*, 5, 180202. doi: 10.1038/s-data.2018.202

Harrison, A. (2024). *Python for beginners: Mastering the basics of python -part 1*. New York, NY: NewYork Courses.

Hoskin, P., & Goh, V. (2010). *Radiotherapy in practice: Imaging*. Oxford University Press. doi: 10.1093/med/9780199231324.001.0001

International Atomic Energy Agency. (1996). *Radiation dose in radiotherapy: From prescription to delivery* (Tech. Rep. No. IAEA-TECDOC-896). Vienna, Austria: International Atomic Energy Agency. (Dosimetry Section)

Khan, F. M. (2014). *The physics of radiation therapy* (5th ed.). Philadelphia, PA: Lippincott Williams & Wilkins.

Mendes, H. R., Massera, R. T., & Tomal, A. (2022). pypen: uma interface gráfica user-friendly para simulação monte carlo em física médica. *Revista Brasileira de Ensino de Física*, 44, e20220006.

MONAI Consortium. (2025). *Monai: Medical open network for artificial intelligence*. Acervo em: <https://pypi.org/project/monai/>. (Framework open-source baseado em PyTorch para deep learning em imagens médicas)

OECD Nuclear Energy Agency. (2019). *Penelope 2018: A code system for monte carlo simulation of electron and photon transport: Workshop proceedings, barcelona, spain, 28 january - 1 february 2019*. Paris: OECD Publishing. doi: 10.1787/32da5043-en

Riverbank Computing Limited. (2024). *Pyqt documentation*. Acervo em: <https://www.riverbankcomputing.com/software/pyqt/>. (Acesso em: 2025-01) Schwarz, R., Salvat, F., Sunderland, D., Azuma, M., Boutros, C., Pillai, S., Wootan, D. (2024).

Puffin: A user-friendly fast interface for calculating and visualizing the dose distribution in materials. *Radiation Physics and Chemistry*, 222, 111774.

Somasundaram, E., Taylor, Z., Alves, V. V., Qiu, L., Fortson, B. L., Mahalingam, N., . . . Trout, A. T. (2024). Deep learning models for abdominal ct organ segmentation in children: development and validation in internal and heterogeneous public datasets. *American Journal of Roentgenology*, 223(1), e2430931.

Subramanian, S., Juarez, S., Breviu, C., Soshnikov, D., & Bornstein, A. (2024). *Pytorch tutorials: Learn the basics*. Acervo em: <https://docs.pytorch.org/tutorials/beginner/basics/intro.html>. (Tutorial oficial apresentando o fluxo básico de machine learning em PyTorch)

The Cancer Imaging Archive (TCIA). (2017). *Nsclc radiogenomics*. Acervo em: <https://www.cancerimagingarchive.net/collection/nsclc-radiogenomics/>. The Cancer Imaging Archive. (CT e PET/CT, segmentações tumorais, radiônica, genômica e dados clínicos de 211 pacientes) doi: 10.7937/K9/TCIA.2017.7hs46erv

Verhaegen, F., & Seco, J. (Eds.). (2021). *Monte Carlo techniques in radiation therapy: Introduction, source modelling and patient dose calculations* (2nd ed.). Boca Raton, FL: CRC Press.

Yang, J., Sharp, G. C., & Gooding, M. J. (Eds.). (2021). *Auto-segmentation for radiation oncology: State of the art*. Boca Raton, FL: CRC Press.