



CRIAÇÃO DE UMA METODOLOGIA COM BASE NO MÉTODO DE ELEMENTOS FINITOS PARA ANÁLISE BIOMECÂNICA DE MODELOS ANATÔMICOS VIRTUAIS DO TIPO ESPÉCIME ESPECÍFICO

Artur Lamana Kansa [0000-0002-9012-2989], IFSP, a.kansa@aluno.ifsp.edu.br
Millena Cazuza Silva [0000-0002-5059-3495], UNESP, millena.silva@unesp.br
Silvio Aparecido Verdério Junior [0000-0001-9695-7197], IFSP, silvioverderio@ifsp.edu.br
Edson A. Capello Sousa [0000-0003-0613-1151], UNESP, edson.capello@unesp.br
Bruno Agostinho Hernandez [0000-0002-2716-4262], UNESP, bruno.agostinho@unesp.br

Resumo. Com os avanços nas técnicas de obtenção de imagens e desenvolvimento dos softwares de análise e segmentação, tornou-se possível conceber modelos anatômicos (paciente-específico) virtuais. Conjuntamente, softwares comerciais que analisam a biomecânica de modelos anatômicos virtuais em elementos finitos (EF) baseados em imagens médicas começaram a surgir. Porém, o custo de obtenção destas ferramentas é alto. O objetivo é criar uma metodologia de modelagem de modelos anatômicos utilizando softwares open source, que substituam estes softwares. Partindo da Tomografia Computadorizada de uma vértebra suína, realizou-se a segmentação no 3DSlicer, seguindo à criação do modelo sólido utilizando o MeshMixer e FreeCAD e a concepção da malha de EF com o Ansys, atribuindo propriedades mecânicas com o BoneMat. Resultados mostraram-se satisfatórios, a metodologia gerou um modelo e uma malha de EF de qualidade, porém notou-se um desvio nas propriedades mecânicas. Conclui-se que a metodologia é aplicável, porém requer análises, sendo tema para trabalhos futuros

Palavras chave: Método dos Elementos Finitos. Paciente-específico. Open source. Metodologia. Biomecânica

1. INTRODUÇÃO

Os constantes avanços nas técnicas de obtenção de imagens médicas, como a Ressonância Magnética (RM) e a Tomografia Computadorizada (TC), tornou possível analisar, em forma de imagens, estruturas anatômicas com geometrias extremamente complexas, caracterizando uma fonte rica e precisa de informações médicas e técnicas (Nishida, 2009). Somando a isso, o contínuo desenvolvimento dos softwares de análise e segmentação permitiu também conceber modelos anatômicos (paciente-específico) virtuais tridimensionais de forma não invasiva, resultando em uma poderosa ferramenta de estudo biomecânico computacional (Anderson et al., 2007).

Conjuntamente, à medida que o potencial de processamentos dos computadores aumentava, também crescia a capacidade de lidar com modelos computacionais e numéricos superiores e de maior complexidade e, por coerência, a utilização do método de elementos finitos (MEF) começou a se expandir para diversas áreas de estudo (Henninger et al., 2010).

Desde então, o número de pesquisas que utilizam o MEF com a promessa de fornecer uma visão detalhada sobre o comportamento biomecânico de estruturas anatômica cresceu exponencialmente, sendo amplamente utilizado dentro da medicina para análises de estruturas ósseas complexas (Helgason et al., 2008; Fagan et al., 2002).

Existem inúmeros softwares comerciais capazes de criar modelos anatômicos virtuais em elementos finitos do tipo paciente-específico com base em imagens médicas. No entanto, o custo para se obter a licença de utilização destas ferramentas é alto, limitando sua utilização para apenas uma pequena parcela de pesquisadores.

A crescente escassez de recursos financeiros destinados à pesquisa no mundo, principalmente no Brasil, e, levando em consideração que dentro de um cenário pandêmico a carência econômica tendencialmente se torna ainda mais acentuada, a utilização de ferramentas de pesquisas sem a necessidade de grandes aplicações de recursos financeiros tem se tornado cada vez mais necessário.

Portanto, o objetivo principal desse trabalho é a de criar uma metodologia de modelagem de modelos anatômicos (paciente-específico) utilizando de softwares livres e de código aberto, que seja capaz de substituir de forma eficiente e precisa as etapas de processamento dos softwares comerciais de análise e segmentação.

2. METODOLOGIA

2.1. Modelo DICOM analisado

Tendo em vista questões éticas e estudos que apontam que a biomecânica da vértebra de porco são as que possuem maior similaridade em relação a vértebra humana (Sheng et al., 2016), o projeto será desenvolvido com base na tomografia computadorizada de um suíno, disponibilizada por Hernandez (2020). O corpo vertebral pode ser observado na Fig. (1).

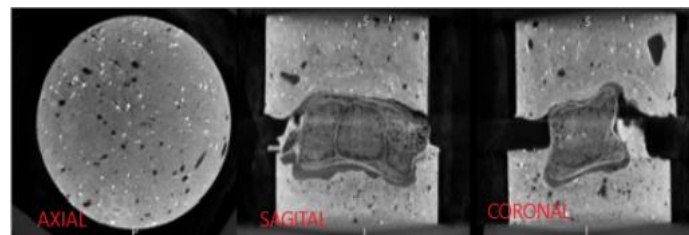


Figura 1. Fatias da tomografia computadorizada do corpo vertebral do suíno. Próprio Autor.

2.2. Validação da metodologia

Para garantir a integridade do modelo computacional em relação ao modelo matemático e a ratificação de que os valores apresentados pelo modelo estão de acordo com a realidade, os resultados obtidos serão comparados com trabalho conduzido por Hernandez (2020).

Em sua pesquisa, Hernandez (2020) construiu o modelo anatômico do tipo espécime específico utilizando o software *Simpleware ScanIP+FE* (Simpleware Synopsys, California, USA) e, posteriormente, comparou os resultados simulados com os experimentais, validando o uso da ferramenta. Considerando que a tomografia computadorizada utilizada por Hernandez (2020) é a mesma utilizada neste trabalho, os valores obtidos neste trabalho devem apresentar um baixo grau de dispersão. Para validação e verificação desses valores, será utilizado o fluxograma apresentado na Fig. (2).

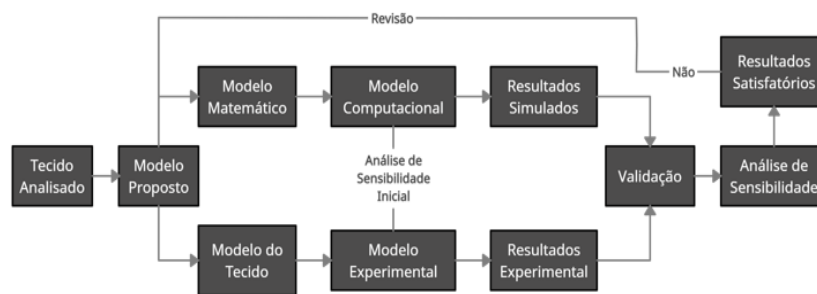


Figura 2. Fluxograma do processo de validação e verificação em estudos de biomecânica computacional. Adaptado de Henninger (2010).

2.3. Segmentação

Segmentação é um processo de análise de imagem que consiste basicamente em isolar a estrutura anatômica de interesse, segregando tudo o que não é relevante para a pesquisa (Zhang, 2010). Para concepção da segmentação da Tomografia Computadorizada do corpo vertebral do suíno, foi utilizado o software livre de análise e segmentação de modelos anatômicos virtuais, 3D Slicer (Federov, 2012).

A princípio, com o intuito de utilizá-lo como um operador lógico (cópia, adição, subtração, intersecção e preenchimento), foi criado a segmentação do corpo vertebral, mostrado na Fig. (3). Com isso, foi possível obter um encaixe praticamente perfeito entre as três partes da estrutura (cimento ósseo inferior, corpo vertebral e cimento ósseo superior), observado na Fig. (4). Diminuindo ao máximo a probabilidade de erros de aproximação na hora de realizar a criação da malha de elementos finitos.

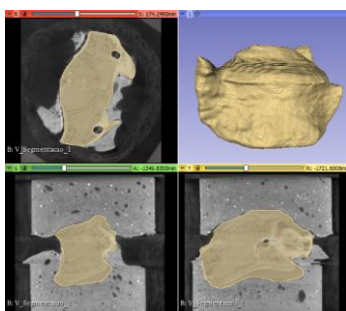


Figura 3. Parte central do corpo vertebral utilizada como operador lógico, Próprio Autor.

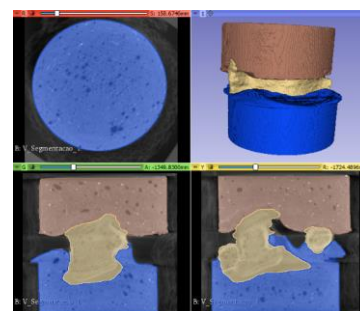


Figura 4. Segmentação final (inferior, central e superior), Próprio Autor.

Por fim, com a segmentação pronta, foi realizado a exportação de todas as partes do modelo em três dimensões. A única opção de exportação disposta pelo software foi como arquivo *.STL*, ou seja, um modelo de casca, sem a presença de um volume sólido. Para contornar este problema, posteriormente será realizado a conversão do modelo de casca para modelo sólido (*.STL* para *.IGS/IGES* ou *.STEP*).

2.4. Criação da malha de elementos finitos

Levando em consideração que a estrutura óssea analisada dispõe de uma arquitetura anatômica extremamente complexa, o modelo tridimensional fornecido pelo 3D Slicer representou uma densidade de malha excessivamente alta, como observado na Fig. (5).

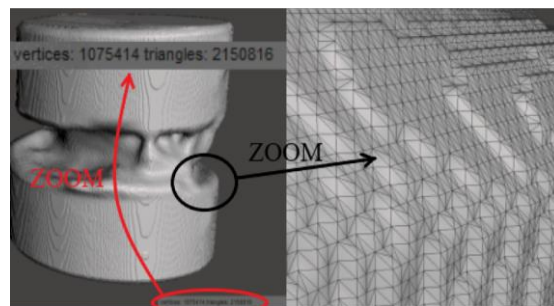


Figura 5. Quantidade de triângulo e vértices presentes na estrutura, Próprio Autor.

A fim de reduzir a quantidade de triângulos e vértices presentes na superfície e, por consequência, diminuir o volume de processamento de dados necessários para a criação da malha de elementos finitos, foi utilizado o software livre Autodesk MeshMixer (Autodesk Inc., Estados Unidos) para realizar a suavização, ou *smooth*, da superfície do modelo.

Para determinar qual seria o melhor comprimento de aresta (C.A.) para os triângulos, foi realizado uma série de análises de malha, demonstrados na Tab. (1). Para elaborar os testes de malha, foi utilizado como amostra o modelo segmentado da vértebra inteira. Caso o resultado do estudo fosse satisfatório, as etapas seriam realizadas de forma análoga para as demais subdivisões da estrutura.

Tabela 1. Análise comparativa entre os testes de malha, Próprio autor.

Teste	Vantagens	Desvantagens
Teste 01 (0,7 mm < C.A ≤ 0,9 mm)	Modelo estruturalmente semelhante ao real e alta similaridade entre os triângulos.	Alta densidade de malha
Teste 02 (0,9 mm < C.A ≤ 1,1 mm)	Modelo estruturalmente semelhante ao real e similaridade aceitável entre os triângulos.	-
Teste 03 (1,1 mm < C.A ≤ 1,3 mm)	Baixa densidade de malha.	Modelo estruturalmente dessemelhante ao real e baixa similaridade entre os triângulos.

Chegando à conclusão, através de todos os pontos analisados, que a utilização do Teste 02 (0,9 mm < C.A ≤ 1,1 mm) seria a melhor opção. Como o resultado do estudo foi satisfatório, o método foi aplicado de forma análoga para o cimento ósseo inferior, corpo vertebral e cimento ósseo superior, expressos na Fig. (6).

Como foi ressaltado na seção 2.3, o modelo exportado do software 3D Slicer é um arquivo do tipo casca (*.STL*), ou seja, sem volume sólido. Este fato acaba se tornando um grande empecilho para realizar as análises de elementos finitos, uma vez que a arquitetura óssea presente no interior do corpo vertebral, formada por osso trabecular, representa uma estrutura sólida com características mecânicas de anisotropia e heterogeneidade substancial, sofrendo com uma grande variedade em suas propriedades mecânicas.

Para resolver este problema, foi utilizado uma ferramenta de criação de volume sólido através de uma malha, presente no software livre e de código aberto FreeCAD (Jürgen Riegel, Werner Mayer e Yorik van Havre). O resultado pode ser observado na Fig. (7).

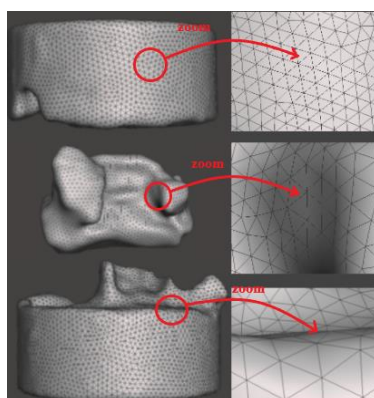


Figura 6. Redução da densidade de malha para os modelos segmentados, Próprio Autor.

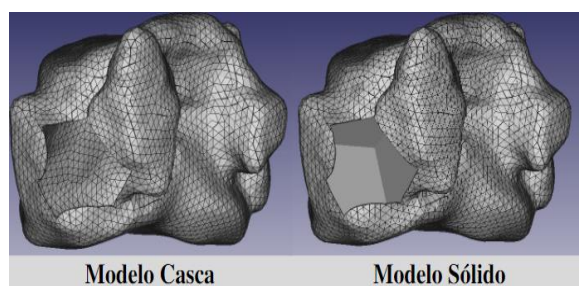


Figura 7. Validação do modelo sólido, Próprio Autor.

A partir da estrutura anatômica como um modelo sólido, foi possível criar a malha de elementos finitos, observada na Fig. (8). Para isso foi utilizado o software de simulação Ansys (ANSYS Inc., Estados Unidos).

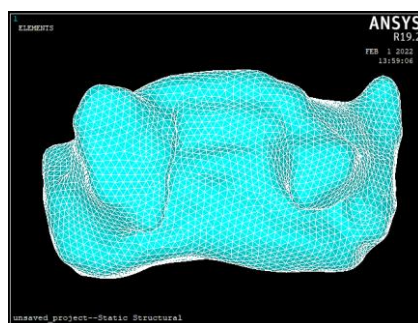


Figura 8. Malha de elementos finitos do corpo vertebral, Próprio Autor.

2.5. Atribuindo propriedades mecânica para a malha de elementos finitos

A equação de calibração densitométrica é capaz de fornecer os valores reais de densidade proveniente das variações das tonalidades cinzas da Tomografia Computadorizada. Para dar origem a essa equação, foi relacionado os valores de densidade, em unidade de Hounsfield (HU), da tomografia computadorizada de três discos composto por materiais distintos (Polietileno, Hidroxiapatita e Acrílico), como demonstrado na Tab. (2).

Tabela 2. Dados necessário para determinar a equação de calibração densitométrica, Próprio autor.

Material	Densidade (g/cm ³)	Unidade de Hounsfield (HU)
Polietileno	0,89279224	84,227
Hidroxiapatita	2,628846154	225,554
Acrílico	1,175296484	92,9386



Ao plotar os valores de densidade e HU e projetar a linha de tendência, foi obtido a equação de calibração apresentada no gráfico da Fig. (9).

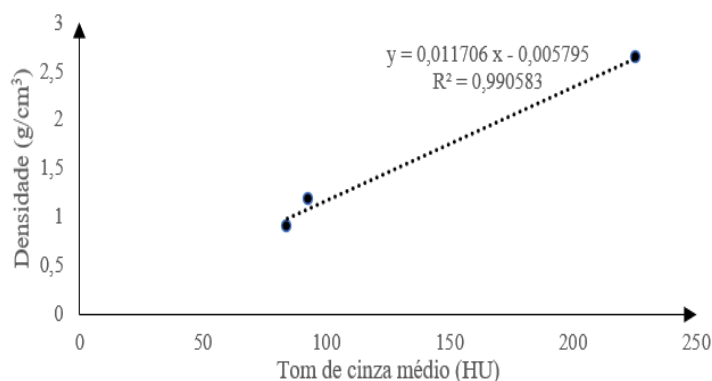


Figura 9. Equação de calibração densitométrica, Próprio Autor.

Inteirando-se dos valores de densidade óssea (ρ), é possível gerar as relações matemáticas correlacionadas com o módulo de elasticidade (E) (Hernandez, 2020; Fleps, 2020; Goldstein, 1987). Para o modelo anatômico em questão, a equação relação densidade-elasticidade foi retirada da literatura de Hernandez (2020), apresentado na Eq. (1). Sendo $K_{GSStatic} = 0,04$ e ρ_{app} apresentado em g/cm^3 .

$$E_{zz} = K_{GSStatic} \times (-34,7 + 3230 \cdot \rho_{app}) \quad (1)$$

Para atribuir essas relações matemáticas diretamente para a malha de elementos finitos do modelo do suíno, foi utilizado o software BoneMat (*Bioengineering and Computing Laboratory (BIC) of the Rizzoli Orthopaedic Institute, Bologna, Italy*).

3. RESULTADOS

Os resultados obtidos até o presente momento foram satisfatórios, visto que o modelo anatômico gerado pelos softwares formou uma estrutura análoga à criada por Hernandez (2020). Ao analisar a distribuição de elementos na malha de elementos finitos, o presente trabalho contou com 68016 elementos, enquanto no trabalho disposto por Hernandez (2020), 58300, representando uma diferença aceitável de 16,66%, observados na Tab (3). Além disso, notou-se uma grande similaridade em relação a distribuição de elementos em torno dos materiais, como observado no gráfico da Fig. (10). Em relação as propriedades mecânicas, como visto na Tab. (3), houve uma variação considerável entre os módulos de elasticidade de 116,24%, sendo em Hernandez (2020) um modulo de elasticidade médio igual a 156,2767 MPa e o presente trabalho, 72,2693 MPa. O motivo desta diferença está sendo avaliada, mas estipula-se que possa haver erros presentes na tomografia, que precisou ser convertida do formato original para se adaptar com o Slicer 3D. Até o presente momento, o estudo utilizando simulações em elementos finitos para averiguar se a biomecânica do modelo está de acordo com a de Hernandez (2020) ainda não foram aferidos, portanto ficará como tema para trabalhos futuros.

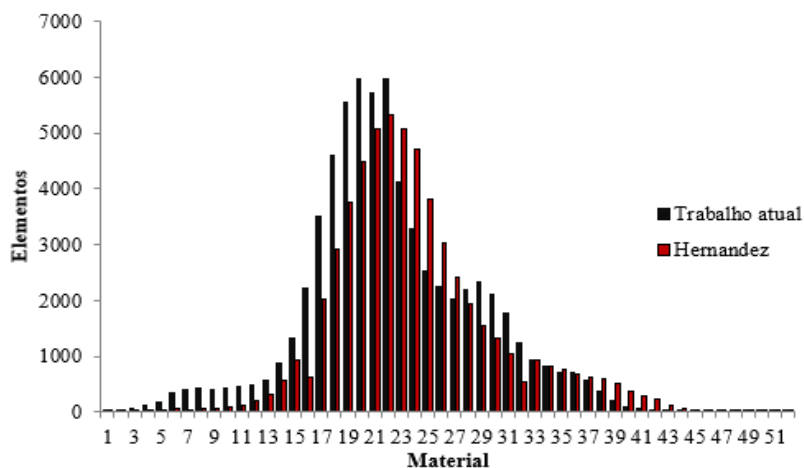


Figura 10. Análise comparativa em relação a distribuição de elementos, Próprio Autor.



Tabela 3. Valores de “número de elementos” e “módulo de elasticidade” comparado à Hernandez (2020), Próprio autor.

Trabalho	Números de elementos	Módulo de elasticidade médio (MPa)
Atual	68016	72,2693
Hernandez (2020)	58300	156,2767
Variação (%)	16,66	216,24

4. CONCLUSÃO

Os resultados obtidos neste trabalho indicam que a metodologia desenvolvida para criar um modelo em elementos finitos do tipo paciente-específico a partir de softwares do tipo open-source está se mostrando efetiva. Um modelo com malha de elementos finitos com distribuição de elementos e propriedades mecânicas semelhantes a Hernandez (2020) foi gerada a partir de uma geometria sólida obtida de uma tomografia. As próximas etapas incluem a simulação do modelo, obtenção de resultados e comparação com os resultados obtidos por Hernandez (2020).

5. REFERÊNCIAS

- AGOSTINHO HERNANDEZ, B. **A study of impact loading of the spine**. 2020. Tese de Doutorado - University of Bath.
- ANDERSON, A.; ELLIS, B. J.; WEISS, J. A. Verification, validation, and sensitivity studies in computational biomechanics. **Computer methods in biomechanics and biomedical engineering**, v. 10, n. 3, p. 171-184, 2007.
- FAGAN, M. J.; JULIAN, S.; MOHSEN, A. M. Finite element analysis in spine research. Proceedings of the institution of mechanical engineers, part h: **journal of engineering in medicine**, v. 216, n. 5, p. 281-298, 2002.
- FEDOROV A., BEICHEL R., KALPATHY-CRAMER J., FINET J., FILLION-ROBIN J-C., PUJOL S., BAUER C., JENNINGS D., FENNESSY F.M., SONKA M., BUATTI J., AYLWARD S.R., MILLER J.V., PIEPER S., KIKINIS R. 3D Slicer as an Image Computing Platform for the Quantitative Imaging Network. *Magnetic Resonance Imaging*. 2012 Nov;30(9):1323-41. PMID: 22770690. PMCID: PMC3466397.
- FLEPS, Ingmar et al. Empirical relationships between bone density and ultimate strength: A literature review. **Journal of the mechanical behavior of biomedical materials**, v. 110, p. 103866, 2020.
- GOLDSTEIN, S. A. The mechanical properties of trabecular bone: dependence on anatomic location and function. **Journal of biomechanics**, v. 20, n. 11-12, p. 1055-1061, 1987.
- HELGASON, B. et al. Mathematical relationships between bone density and mechanical properties: a literature review. **Clinical biomechanics**, v. 23, n. 2, p. 135-146, 2008.
- HENNINGER, Heath B. et al. Validation of computational models in biomechanics. **Proceedings of the Institution of Mechanical Engineers, Part H: Journal of Engineering in Medicine**, v. 224, n. 7, p. 801-812, 2010.
- NISHIDA, M. Biomechanics. **The Japanese Society of Artificial Organs**, v. 12, n. 1, p. 23-26, 2009
- PETTERSEN, F.; HØGETVEIT, J. From 3D tissue data to impedance using Simpleware ScanFE+ IP and COMSOL Multiphysics—a tutorial. **Journal of Electrical Bioimpedance**, v. 2, n. 1, p. 13-32, 2011.
- SHENG, Sun-Ren et al. Comparison of cervical spine anatomy in calves, pigs and humans. **PLoS One**, v. 11, n. 2, p. e0148610, 2016.
- ZHANG, J. et al. Fast segmentation of bone in CT images using 3D adaptive thresholding. **Computers in biology and medicine**, v. 40, n. 2, p. 231-236, 2010.

6. RESPONSABILIDADE PELAS INFORMAÇÕES

Os autores se responsabilizam pelas informações apresentadas neste trabalho.