

**Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto**



**FEUP**

**Reconhecimento de tecidos biológicos através de  
imagens médicas e consequente desenvolvimento  
e análise de uma malha numérica**

Nuno Miguel Penaforte Miranda

VERSÃO FINAL

Dissertação realizada no âmbito do Mestrado Integrado em Bioengenharia,  
Major Engenharia Biomédica

Orientador: Prof. Dr. Jorge Américo Oliveira Pinto Belinha  
Co-orientador: Prof. Dr. Renato Manuel Natal Jorge

Julho 2015



# Resumo

Atualmente as técnicas de imagiologia existentes são uma das principais ferramentas para o diagnóstico de lesões nos tecidos biológicos do ser humano. O desenvolvimento computacional, que tem ocorrido a uma velocidade assinalável, permitiu a introdução das imagens médicas numa era digital trazendo inúmeros benefícios, como a hipótese de realização de um processamento para melhorar a visualização e consequente interpretação. Para além desta evolução, dos consequentes benefícios e da experiência e qualificação do médico na elaboração de um diagnóstico, existe uma necessidade real de pormenorizar o estudo das estruturas biológicas por exemplo em situações de inserção de próteses ou de investigar as limitações comportamentais (ex. risco de fratura) das estruturas de modo a prevenir consequências futuras. Exemplo concreto desta necessidade é a análise das estruturas ósseas na área da Ortopedia, uma vez que estas podem variar de paciente para paciente em geometria.

A aplicação do estudo biomecânico para a análise de estruturas biológicas surge como uma das hipóteses mais concretas para a realização de um estudo mais detalhado. Uma melhor obtenção da geometria e forma das estruturas é proporcionada através da criação de modelos tridimensionais com base em imagens médicas. A criação destes modelos permitirá ao médico, através de uma ferramenta computacional, a realização de simulações de forma a prever o comportamento das estruturas melhorando a prestação dos cuidados de saúde. Vários são já os estudos feitos neste sentido. Contudo, a aplicação de métodos numéricos para a criação de modelos fiáveis, uma vez que as estruturas biológicas têm alta complexidade geométrica, faz com que a criação e controlo da malha seja um dos fatores mais importantes a serem considerados.

Desta forma, ao longo deste documento é apresentado a ferramenta computacional desenvolvida, *3Dorthomesh*. Esta permite o processamento de um conjunto de imagens médicas de modo a identificar a estrutura óssea e consequentemente a criação de uma malha representativa da estrutura identificada (podendo representar a estrutura óssea total ou uma estrutura isolada, mais concretamente, fémur e osso pélvico). Esta malha poderá ser utilizada para a análise de problemas biomecânicos através da sua utilização por parte de métodos numéricos (como o Método de Elementos Finitos ou os Métodos sem Malha).

São avaliados dois conjuntos de imagens, em diferentes planos, de forma a testar a funcionalidade da ferramenta. Uma das malhas obtidas é testada através da concretização de uma simulação (através do Método de Elementos Finitos), após inserção dos dados relativos a essa malha obtida no *3Dorthomesh* num programa próprio para o efeito. É também criado um modelo 3D num *software* com idêntica funcionalidade, mas já registado e comercializado, de modo a ser possível uma comparação de resultados através da realização da mesma simulação para ambos os modelos.

Como conclusões, são apresentadas algumas vantagens e desvantagens quando comparados ambos os modelos e o processo de criação destes. Perspetiva-se que o desenvolvimento deste projeto possa ser a etapa inicial de uma contribuição futura nos avanços para a obtenção de uma prestação de cuidados com maior qualidade.



# Abstract

Nowadays the existing imaging techniques are one of the main tools for injury diagnosis on human tissues. The computational development that has occurred at a remarkable speed allowed the introduction of medical images on a digital era, bringing several benefits as the preprocessing stage in order to improve visualization and consequent interpretation. Further to this, the resulting benefits and the experience as well as the qualifications of the doctor in making a diagnosis, there are a real need of enhance the study of biological structures, for example in conditions of insertion of prosthesis or to investigate the behavioral restrictions of structures (e.g. risk of fracture) in order to prevent future consequences. A concrete example of this need is the analysis of bone structures in orthopedic area, since these will vary from patient to patient in terms of bone geometry.

The application of biomechanics for biological structures analysis emerges as the best way to conduct a more detailed study. Obtain a better geometry and shape of the structures is possible through the creation of tridimensional models based on medical images. The development of these models over a computational tool, will allow simulations to predict the behavior of structures improving the providing health care. Several related work has been done in this field. Despite this, the application of numerical methods to create feasible models, once the biological structures have high geometric complexity, causes that the creation and mesh control became one of the most important factors to be considered.

Thereby, throughout this document is presented the developed computational tool, 3Dorthomesh. This tool enables the processing of medical images to identify the bone structure and thus creating an identified mesh structure (which may represent the total bone structure or an isolated structure, more particularly femur and pelvic bone). This mesh may be used for the analysis of biomechanical problems through its use by numerical methods (such as the finite element method or meshless methods).

In order to test the functionality of the tool, two sets of images are used in different planes. One of the meshes is tested through the implementation of a simulation (by FEM), after inserting the data for a mesh obtained in a 3Dorthomesh, the projected tool for this purpose. It is also created a 3D model, in other software with similar functionality but already registered and marketed, in order to be possible for a comparison of results by performing the same simulation for both models.

As conclusions some advantages and disadvantages are present when compared both models and the steps of your creation. It is expected that the development of this project can be the initial step of a future contribution in the advances for obtaining a higher quality health care.



# Agradecimentos

Em primeiro lugar gostaria de agradecer ao Professor Doutor Jorge Belinha, meu orientador, pelo empenho e incentivo, pela disponibilidade, paciência e ensinamentos proporcionados e ainda pela exigência com que me orientou neste percurso pela Dissertação.

Ao professor Doutor R. M. Natal Jorge, um agradecimento profundo pela oportunidade dada de realizar este trabalho e também pela partilha de reflexões que muito contribuíram para a clarificação sobre o foco de interesse.

Ao projeto “*Biomechanics: contributions to the healthcare*”, *reference NORTE-07-0124-FEDER-000035* cofinanciado pelo Programa Operacional Regional do Norte (ON.2 - O Novo Norte), através do Fundo Europeu de Desenvolvimento Regional (FEDER), a possibilidade que proporcionou de enriquecer esta Dissertação.

Ao Engenheiro Marco Marques pela disponibilidade e grande apoio concedidos no desenvolvimento de todo este trabalho.

Ao professor Artur Cardoso por toda a atenção e disponibilidade.

Aos meus pais, que me proporcionaram entrar nesta aventura e chegar até aqui. Embora estando longe, estiveram sempre presentes e tão sabiamente me transmitiram as palavras certas nos bons e maus momentos. Por todo esse esforço, carinho, estabilidade, apoio e atenção, estarei eternamente grato por tudo o que fizeram, fazem e farão por mim. Obrigado por tudo! Sem vocês nada disto seria possível.

À minha tia Helena por toda a preocupação e carinho que me deu. Um grande exemplo para mim.

À minha avó Maria e ao meu avô Zé por todo o carinho e preocupação e também agradecer-lhes tudo o que fazem por mim. À minha avó Isabel, que embora já me tenha deixado há 10 anos, continua a ser um grande suporte na minha vida.

Ao meu grupo de amigos por todo o companheirismo e amizade demonstrados, por-me fazerem esquecer, por momentos, os problemas emergidos durante este percurso pela Dissertação. Ao Luís, ao Bruno, ao Brito e ao Ricardo uns verdadeiros irmãos para mim.

Ao João Luís, o meu grande companheiro nesta “aventura académica”, desde o primeiro ao último dia, figura indissociável do meu percurso académico.

À Ana Laly, um grande apoio durante o meu percurso na FEUP, pelo encorajamento nas alturas mais complicadas.

À Joana. Qualquer palavra de agradecimento será pouco para reconhecer todo o amor, compreensão e apoio oferecido ao longo desta etapa. Sem o teu incentivo este trabalho nem sequer teria começado.

O meu agradecimento muito particular vai para o meu avô Manuel Miranda, que partiu durante a realização desta etapa e não pode ver-me concluir a mesma, como era muito do seu desejo. A ele dedico-lhe todo este trabalho e agradeço os valores e educação que direta ou indiretamente me transmitiu. Foi, é, e sempre será, uma das pessoas mais importantes na minha vida. Obrigado por tudo avô!

A todos, e a quem ingratamente não referi, os meus mais sinceros agradecimentos,  
Nuno Miguel Penaforte Miranda

*“However bad life may seem, there is always something you can do, and succeed at.  
While there’s life, there is hope.”*

**Stephen Hawking**



# Índice

Resumo .....	iii
<i>Abstract</i> .....	v
Agradecimentos .....	vii
Índice.....	ix
Lista de figuras .....	xi
Lista de tabelas .....	xv
Abreviaturas e Símbolos .....	xvii
<b>Capítulo 1 .....</b>	<b>1</b>
Introdução.....	1
1.1 - Motivação .....	2
1.2 - Enquadramento Teórico .....	3
1.3 - Objetivos Específicos.....	4
1.4 - Estrutura do documento .....	5
<b>Capítulo 2 .....</b>	<b>7</b>
Corpo Humano - Tecidos Biológicos .....	7
2.1 - Anatomia do Osso.....	9
<b>Capítulo 3 .....</b>	<b>13</b>
Imagiologia Médica .....	13
3.1- Modalidades para a aquisição .....	15
3.1.1 - Raio-x nas imagens Médicas.....	16
3.1.1.1- Radiografia convencional/Digital.....	19
3.1.1.2- Angiografia .....	19
3.1.1.3- Fluoroscopia .....	20
3.1.1.4- Energia-Dupla ( <i>Dual-Energy</i> ) .....	20
3.1.1.5- Tomografia axial computadorizada .....	21
3.1.1.6- Modalidades híbridas .....	23
<b>Capítulo 4 .....</b>	<b>25</b>
Estado da Arte- Imagens médicas na análise biomecânica .....	25
4.1 - Processamento de Imagens Médicas.....	27
4.1.1- Segmentação .....	28
4.2- Reconstrução do modelo 3D para análise.....	30
4.2.1- Métodos sem Malha ( <i>Meshless Method</i> ).....	31
4.2.2- Método de Elementos Finitos (MEF) .....	32
<b>Capítulo 5 .....</b>	<b>35</b>
Metodologia Desenvolvida.....	35
5.1- Considerações Gerais.....	35
5.2- Compreensão inicial dos dados.....	36
5.3- Construção do Algoritmo .....	39
5.3.1- Processamento das Imagens Médicas .....	41

5.3.2- Verificação da sobreposição dos nós e consequente atribuição dos valores de densidade .....	50
5.3.3- Representação da Malha Tridimensional .....	54
5.3.3.1- Malha da estrutura óssea total.....	55
5.3.3.2- Malha das estruturas ósseas separadas .....	55
5.3.4- Criação do ficheiro *.INP .....	64
5.4- Estruturação do Interface Gráfico .....	65
<b>Capítulo 6 .....</b>	<b>67</b>
Resultados e Discussão .....	67
6.1- Ferramenta computacional desenvolvida .....	67
6.1.1- Apresentação do <i>software</i> .....	67
6.1.2- Resultados obtidos para cada um dos dois conjuntos de imagens .....	73
6.2- Validação dos resultados num <i>software</i> comercial .....	80
<b>Capítulo 7 .....</b>	<b>89</b>
Conclusões e Trabalho Futuro .....	89
<b>Anexo .....</b>	<b>93</b>
Anexo A - Menu de seleção dos pontos para a identificação da cabeça do fémur direito.....	93
Anexo B - Menu de seleção dos pontos para a identificação da cabeça do fémur esquerdo.....	95
<b>Referências .....</b>	<b>97</b>

# Lista de figuras

<b>Figura 1.1</b> - Avaliação da taxa de utilização de técnicas de imagiologia por 1000 inscritos no intervalo de anos de 1996 a 2010. Adaptade de [2].....	3
<b>Figura 2.1</b> - Esqueleto axial e apendicular.. .....	9
<b>Figura 2.2</b> - Classificação morfológica dos ossos: osso plano (omoplata), osso curto (ossos carpais), osso irregular (vértebra) e osso longo (fêmur).. .....	10
<b>Figura 2.3</b> - Tipos de tecido ósseo presente na estrutura do osso [6,7]. .....	11
<b>Figura 3.1</b> - Espectro eletromagnético, com respetivos valores de comprimento de onda e frequência. Adaptado de [15].....	14
<b>Figura 3.2</b> - A) O físico alemão <i>Wilhelm Conrad Röntegen</i> (1845-1943). B) Primeira imagem de raio-x, da mão da esposa de <i>Röntegen</i> , <i>Anna Bertha</i> , onde os raio-x penetraram através da sua pele, músculos e outros tecidos, mas não conseguiu passar por ossos e pelo anel no seu dedo. Adaptado de [22].....	16
<b>Figura 3.3</b> - Esquema e ilustração de uma ampola de raio-x. ....	17
<b>Figura 3.4</b> - Esquema do funcionamento de uma radiografia convencional. Adaptado de [29]. .....	19
<b>Figura 3.5</b> - Angiografia de raio-x [31]. .....	20
<b>Figura 3.6</b> - A) Exemplo de duas imagens obtidas através da técnica Energia-Dupla, uma onde se visualiza melhor a estrutura óssea e na outra os tecidos moles; B) Uma das formas de aplicação da técnica através do uso de vários detetores. Adaptado de [26]. .....	20
<b>Figura 3.7</b> - A) <i>G.Hounsfield</i> e o primeiro equipamento de tomografia; B) Uma das primeiras imagens TC. [32]. .....	21
<b>Figura 3.8</b> - A) TC de 6ª geração; B) TC de 7ª geração [33,34]. .....	22
<b>Figura 3.9</b> - A) Representação de um píxel e de um voxel; B) Valores na escala de cinzentos das estruturas biológicas [35]. .....	23
<b>Figura 4.1</b> - Comportamento mecânico do osso [52]. .....	27
<b>Figura 5.1</b> - Diagrama de casos de uso desenvolvido através da ferramenta de design <i>Visual Paradigm</i> . .....	36
<b>Figura 5.2</b> - Estrutura organizacional da informação de um "header" de um ficheiro <i>DICOM</i> . .....	37
<b>Figura 5.3</b> - A) Vista anterior da seção corporal representada nas imagens; B) Vista posterior da seção corporal representada nas imagens; C) Vista lateral da seção corporal representada nas imagens. Adaptado de [111]. .....	38
<b>Figura 5.4</b> - A) Plano anatómico de referência transversal (Conjunto T); B) Plano anatómico de referência sagital (Conjunto S).....	39
<b>Figura 5.5</b> -Fluxograma da abordagem proposta para a metodologia .....	40

<b>Figura 5.6</b> - Demonstração de uma imagem <i>DICOM</i> de cada conjunto. A) Imagem do conjunto S; B) Imagem do conjunto T. ....	42
<b>Figura 5.7</b> - Distribuição da frequência de ocorrência dos pixels em duas imagens (a da esquerda do conjunto S e a da direita do conjunto T), representado por histograma. ..	43
<b>Figura 5.8</b> - A) Imagem original <i>DICOM</i> ; B) Imagem após transformação linear para HU. ....	45
<b>Figura 5.9</b> - Gráfico demonstrativo do cálculo da densidade aparente óssea por relação direta com o valor de HU do pixel. ....	46
<b>Figura 5.10</b> - Representação do espaçamento entre pixels, em milímetros, ao nível das colunas e das linhas.....	47
<b>Figura 5.11</b> - Esquema representativo para medição dos parâmetros (x,y,z) em decúbito dorsal.....	48
<b>Figura 5.12</b> - Mapeamento dos oito nós criados à volta do nó inicialmente criado, bem como a demonstração do hexaedro <i>Lagrangeana</i> criado que dará origem ao elemento.....	48
<b>Figura 5.13</b> - Demonstração da variável <i>MAT_TOTNOD</i> que armazena o valor das coordenadas de todos os nós, após o processamento de todas as imagens. ....	50
<b>Figura 5.14</b> - Tipo de sobreposição possível. A) Nós criados a partir dos pixels no mesmo <i>slices</i> ; B) Nós criados a partir de pixels criados em <i>slices</i> diferentes.....	51
<b>Figura 5.15</b> - Ilustração do processo de verificação da sobreposição de nós. ....	51
<b>Figura 5.16</b> - Imagem elucidativa da atribuição dos valores de densidade óssea aparente aos nós. ....	52
<b>Figura 5.17</b> - Processo de redução das imagens. ....	54
<b>Figura 5.18</b> - Articulação do fémur na estrutura óssea existente na pélvis (acetábulo). A) Corte transversal da estrutura; B) Vista anterior da estrutura. ....	56
<b>Figura 5.19</b> - Medida lateral do osso pélvio considerada no desenvolvimento da ferramenta. ....	57
<b>Figura 5.20</b> - Medições encontradas na literatura. A) Medidas angulares entre a cabeça do fémur e a Sacro 1. Adaptado de [116]; B) Distância pubococcígea. Adaptado de [117]. ....	57
<b>Figura 5.21</b> - Processo de identificação do fémur. ....	58
<b>Figura 5.22</b> - Projeções obtidas no plano sagital. A) Primeira projeção com seleção de todos os nós com o valor da coordenada x mais próximo do valor padronizado; B) Segunda projeção, com os nós que têm a coordenada x quatro posições distanciadas da anterior. ....	59
<b>Figura 5.23</b> - Imagem criada, com aspecto radiológico, para servir de fundo às projeções. ....	59
<b>Figura 5.24</b> - Figuras das duas projeções disponibilizadas ao utilizador para a seleção dos pontos de forma a identificar a cabeça do fémur. ....	60
<b>Figura 5.25</b> - Projeções obtidas no plano transversal, utilizando a medida padrão delineada para a localização da cabeça do fémur. A) Primeira projeção, com os nós	

com o valor da coordenada x mais próximo do valor padronizado; B) Segunda projeção, com os nós que têm a coordenada x quatro posições distanciadas da anterior..	60
<b>Figura 5.26</b> - Imagens de apoio para seleção dos pontos.	61
<b>Figura 5.27</b> - Ilustração da obtenção dos nós que constituem a diáfise femoral esquerda. A) Segunda a coordenada x. Adaptade de [123]; B) Segundo as coordenadas y e z.	62
<b>Figura 5.28</b> - Esquema do ficheiro *.INP criado pela ferramenta computacional.	65
<b>Figura 6.1</b> - Interface inicial da ferramenta computacional.	68
<b>Figura 6.2</b> - Segundo menu com o intuito de validar a intenção de utilização do programa.	69
<b>Figura 6.3</b> - Procedimento pós-seleção do botão <i>Processing</i> . A) Escolha do plana anatómico; B) Menu exibido após seleção do botão e do plano anatómico.	70
<b>Figura 6.4</b> - Janela para a decisão relativamente ao armazenamento do ficheiro *.INP no final da etapa de processamento.	70
<b>Figura 6.5</b> - Menu que permite a obtenção da malha computacional de uma estrutura óssea isolada.	71
<b>Figura 6.6</b> - Procedimento pós seleção do botão View: A) Menu da escolha da estrutura a visualizar; B) Caso seja uma estrutura óssea individual, menu de opção da estrutura.	72
<b>Figura 6.7</b> - Figura indicativa da conclusão de um procedimento, previamente indicada por um utilizador.	72
<b>Figura 6.8</b> - Imagens representativas da conexão do fémur ao osso pélvico. A) Conjunto S; B) Conjunto T.	74
<b>Figura 6.9</b> - Exemplificação do preenchimento testado nas imagens binárias apresentadas em 6.8. A) Conjunto S; B) Conjunto T.	75
<b>Figura 6.10</b> - Exemplificação da criação dos nós, e conseqüentemente do elemento hexaédrico, representativos da estrutura óssea.	76
<b>Figura 6.11</b> - Malha computacional de toda a estrutura óssea representada pelas imagens dos conjuntos. A) Conjunto S; B) Conjunto T.	77
<b>Figura 6.12</b> - Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao fémur direito do conjunto S.	78
<b>Figura 6.13</b> - Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao fémur esquerdo do conjunto S.	78
<b>Figura 6.14</b> - Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao osso pélvico do conjunto S.	79
<b>Figura 6.15</b> - Modelos reproduzidos no <i>Abaqus</i> <sup>®</sup> após leitura dos ficheiros *.INP. A) Conjunto S; B) Conjunto T; C) Fémur Esquerdo; D) Osso pélvico; E) Fémur Direito.	80
<b>Figura 6.16</b> - Identificação da estrutura óssea no programa <i>MIMICS</i> <sup>®</sup> .A) Conjunto S; B) Conjunto T.	81

<b>Figura 6.17</b> - Processo de separação do fémur da restante estrutura óssea, no <i>MIMICS</i> <sup>®</sup> . A) Identificação da região do osso pélvica; B) Resultado para uma imagem no plano Transversal; C) Resultado para uma do plano Sagital. ....	82
<b>Figura 6.18</b> - Preenchimento da região óssea do fémur esquerdo no <i>MIMICS</i> <sup>®</sup> .....	82
<b>Figura 6.19</b> - Modelo obtido no <i>Abaqus</i> <sup>®</sup> do fémur esquerdo. A) <i>3Dorthomesh</i> ; B) <i>MIMICS</i> <sup>®</sup> . ....	84
<b>Figura 6.20</b> - Condições aplicadas ao modelo para a realização da simulação no <i>Abaqus</i> <sup>®</sup> . A) Aplicação do deslocamento a uns nós pertencentes à cabeça do fémur; B) Encastramento da parte mais distal da diáfise do fémur . ....	85

# Lista de tabelas

<b>Tabela 2.1</b> – Apresentação dos quatro tipos de tecidos biológicos do corpo humano e as suas subdivisões e exemplos. Adaptado de [4].	8
<b>Tabela 3.1</b> – Exemplos de imagens obtidas através do uso de algoritmos multimodais. Adaptado de [36].	23
<b>Tabela 4.1</b> – Estado da Arte do MEF aplicado a diferentes ossos obtidas por imagens médicas (TC).	33
<b>Tabela 5.1</b> – Diferença de valores obtidos no cálculo da densidade para os elementos através de dois métodos.	53
<b>Tabela 5.2</b> – Valor dos coeficientes utilizados para o cálculo do módulo de <i>Young</i> . Adaptado de [113].	64
<b>Tabela 6.1</b> – Exemplo dos resultados obtidos na etapa de segmentação.	73
<b>Tabela 6.2</b> – Resultados do processamento para o conjunto S e T.	76
<b>Tabela 6.3</b> – Informação relativa às malhas obtidas das estruturas ósseas isoladas.	79
<b>Tabela 6.4</b> – Diferenças no procedimento de obtenção de um modelo entre os <i>softwares 3Dorthomesh e MIMICS®</i> .	83
<b>Tabela 6.5</b> – Informação relativa aos modelos do fémur esquerdo criado.	84
<b>Tabela 6.6</b> – Resultados da simulação para o modelo <i>3Dorthomesh</i> .	86
<b>Tabela 6.7</b> – Resultados da simulação para o modelo do <i>MIMICS®</i> .	87





# Abreviaturas e Símbolos

## Lista de abreviaturas

2D	Bidimensional
3D	Tridimensional
Bit	Dígito Binário ( <i>Do inglês Binary digit</i> )
CD	Disco compacto ( <i>Do Inglês Compact Disc</i> )
cm	Centímetro
DICOM	Comunicação de imagens digitais em Medicina ( <i>Do Inglês Digital Imaging and Communications in Medicine</i> )
E	Módulo de <i>Young</i> ou Módulo de Elasticidade
EUA	Estados Unidos da América
FEUP	Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto
G	Módulo de Distorção
g/cm <sup>3</sup>	Grama por centímetro cúbico
GB	Gigabyte
HU	Unidade de <i>Hounsfield</i> ( <i>Do Inglês Hounsfield units</i> )
Hz	<i>Hertz</i>
K	Graus <i>Kelvin</i>
keV	<i>Kiloelectron volt</i>
Km/s	Quilómetros por segundo
m	Metros
Matlab <sup>®</sup>	<i>Matrix Laboratory</i>
MEF	Métodos de Elementos Finitos ( <i>Do Inglês FEM-Finite Element Method</i> )
mm	Milímetro
Pa	Pascal
PACS	Sistema de comunicação e arquivamento de imagens ( <i>Do Inglês Picture Archiving and communication system</i> )
PET	Tomografia por emissões de <i>positrões</i> ( <i>Do Inglês Positron emission tomography</i> )
RAM	Memória de acesso aleatório ( <i>Do Inglês Random Access Memory</i> )
RM	Ressonância Magnética
Rx	Raios-x
SI	Sistema Internacional de unidades
SPECT	Tomografia computadorizada por emissão de fóton único ( <i>Do Inglês Single photon emission computed tomography</i> )
TC	Tomografia computadorizada
US	Ultrassom
VL	Valor de Limiarização

## Lista de símbolos

Co	Velocidade da luz no vácuo
$\Sigma$	Somatório
$\nu$	Coefficiente de <i>Poisson</i>



# Capítulo 1

## Introdução

A Ortopedia-Traumatologia, Ortotraumatologia ou, em linguagem comum a Ortopedia, trata as deformidades, doenças e lesões traumáticas do sistema músculo-esquelético locomotor, onde as estruturas ósseas se inserem. Um médico ortopedista não se move neste vasto departamento médico apenas pelo conhecimento específico adquirido na sua formação acadêmica e por experiência ganha, mas também pela necessidade de manter presente conhecimentos derivados das ciências biomédicas ou de disciplinas periféricas. Entre estas, está a Biomecânica, que foi definida por *Herbert Hatze* em 1974 como “o estudo do movimento dos seres vivos utilizando a ciência da mecânica”. Sendo a mecânica um ramo da física que abrange a descrição do movimento e como as forças criam estes, a biomecânica tem como finalidade o estudo das forças que ao atuar sobre as estruturas biológicas podem criar um movimento. Este movimento criado pode ser um estímulo saudável para o crescimento e desenvolvimento ou pode criar uma sobrecarga nos tecidos provocando lesões.

Assim sendo, a biomecânica proporciona, para inúmeras áreas, uma ferramenta conceptual e matemática que é necessária para a compreensão e análise física de como as estruturas biológicas se movimentam, explicando como os movimentos se processam a partir de parâmetros cinemáticos e dinâmicos. Para isso, a biomecânica necessita de utilizar diferentes conteúdos da mecânica aplicada. Por exemplo, os princípios da estática têm sido aplicados para analisar a magnitude e natureza das forças envolvidas em várias articulações e músculos do sistema músculo-esquelético. Os princípios da dinâmica têm sido usados para a descrição e análise de movimentos. A mecânica dos sólidos fornece as ferramentas necessárias para o desenvolvimento de um campo de equações constitutivas para sistemas biológicos que são usados para avaliar o seu comportamento funcional sob diferentes condições. Os princípios da mecânica dos fluidos permitem a investigação dos fluxos presentes no sistema circulatório ou para estudar a lubrificação das articulações. Globalmente, a pesquisa científica na área da biomecânica, destina-se a aperfeiçoar o conhecimento actual de uma estrutura muito complexa, o corpo humano.

No caso concreto da área ortopédica, a introdução do estudo biomecânico, possibilitou um melhor entendimento das funções dos ossos, permitindo uma maior compreensão dos efeitos mecânicos sobre as propriedades físicas destes. Isto possibilitou avanços muito importantes para, por exemplo, no Desporto, aprimorar a performance dos movimentos ou para realizar movimentos de forma segura, ou no caso da prestação de cuidados de saúde,

## 2 Introdução

analisar o comportamento de uma estrutura óssea de forma a prevenir ou garantir qual o tratamento mais adequado para as lesões.

É então fruto da combinação destas duas áreas, biomecânica e ortopedia, que surge a possibilidade da escolha deste tema de Dissertação. Aliado a isto, está também o grande interesse atual pela materialização de avaliações biomecânicas através de modelos tridimensionais das estruturas ósseas. Este forte interesse resulta pelo facto deste tipo de avaliação permitir uma análise dinâmica que admite, entre muitas outras inúmeras finalidades, o uso destes modelos para a investigação de determinadas situações (aplicação de forças num determinado sitio específico) de forma a estudar a resposta mecânica/limitações da estrutura, ou mesmo para avaliação pré-cirúrgica em situações de implementação de próteses, auxiliando na seleção do melhor local para a inserção do implante, ou até mesmo para a otimização do projeto e fabrico da própria prótese.

Ao longo deste capítulo, será apresentada a motivação, o enquadramento teórico em que se insere o tema, os objetivos específicos propostos a atingir e a estrutura do documento.

### 1.1 - Motivação

A escolha deste tema baseou-se fundamentalmente no seu carácter inovador e na possível envolvimento futura que proporcionará um diagnóstico mais pormenorizado e conseqüentemente mais rápido e eficaz na melhoria da prestação de cuidados de saúde. Outro ponto-chave é o facto da elaboração desta Dissertação englobar duas áreas, que se encontram em constante expansão, e que atualmente têm uma posição bem definida na área da pesquisa Biomédica: o processamento de imagem e a biomecânica. A motivação para a realização desta Dissertação concentra-se na junção das duas áreas referidas, para a formulação de novas soluções que permitam aos profissionais envolvidos obter melhor informação e conseqüentemente aprimorar as formas de tratamento e de prevenção.

A utilização de técnicas de processamento de imagem médica, em sincronia com ferramentas de análise de engenharia, poderá permitir a criação de um sistema que incorpore a criação de um modelo biomecânico tridimensional, que para além de permitir uma melhor observação da geometria e da forma de uma estrutura biológica, possibilita a análise das suas propriedades mecânicas, podendo posteriormente, este modelo ser utilizado para realização de simulações. A obtenção deste modelo, por aproximações matemáticas de um dado sistema real, permite a criação de modelos fiáveis e versáteis para análises comportamentais das estruturas do corpo humano, sendo uma ferramenta poderosa para a melhoria da qualidade da prestação de cuidados de saúde.

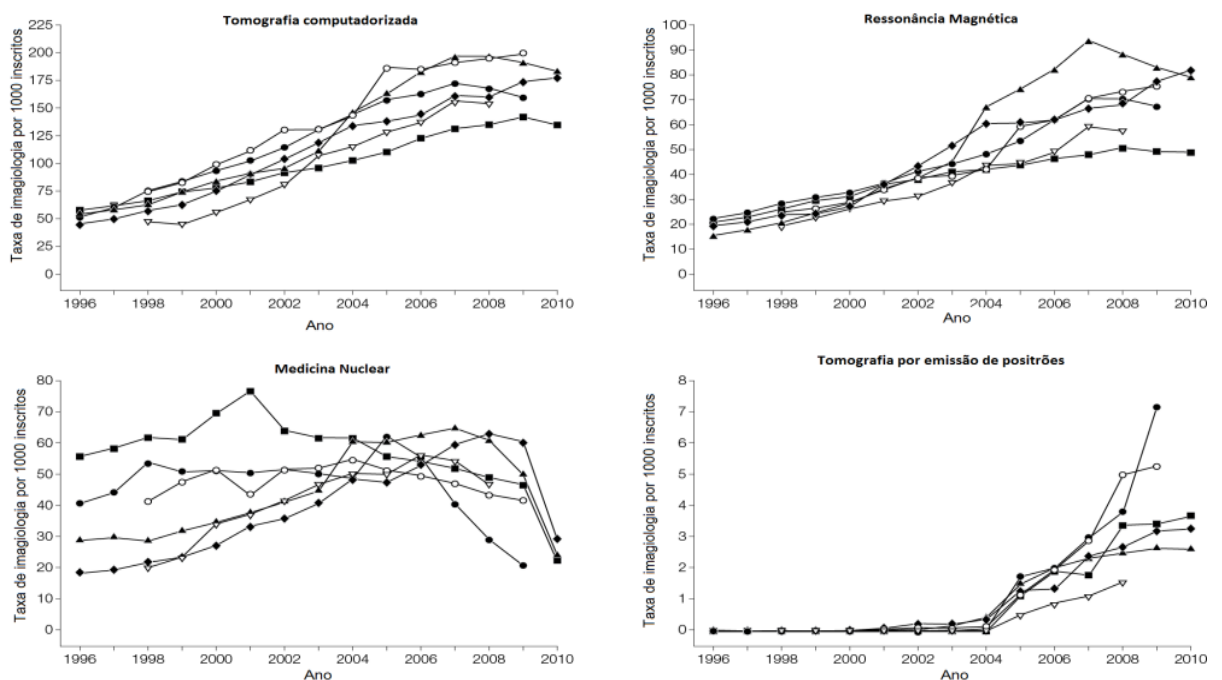
Para além de ser um método não invasivo, a formulação deste sistema experimental, possibilita a realização e a aquisição de dados de uma forma mais rápida e economicamente rentável, quando comparado com a utilização de métodos experimentais convencionais, como é o caso do trabalho apresentado por *G. Bermann* [1], que se baseia na produção de um modelo, com um material semelhante ao da estrutura a analisar, tendo assim maiores custos em termos de tempo gasto na realização da experiência e também a nível económico.

Um outro aspeto que também promove uma motivação relativamente a este tema é o facto das doenças e lesões músculo-esqueléticas estarem a ser muito discutidas atualmente por serem causadas pelo estilo de vida atual das pessoas e pelas ditas principais profissões do século XXI, que promovem um grande esforço do sistema músculo-esquelético.

Tendo em ponderação tudo isto considerou-se esta proposta de tema como um desafio estimulante a desenvolver, de modo a ultrapassar uma necessidade real na melhoria do auxílio da prestação dos cuidados de saúde.

## 1.2 - Enquadramento Teórico

O uso da imagem médica como meio de diagnóstico tem vindo a aumentar. Prova disso mesmo é um estudo realizado por *Rebecca Smith-Bindman* [2], que no período de 1996 a 2010 contabilizou os dados de seis grandes sistemas de saúde nos Estados Unidos da América, com o objetivo de determinar as tendências de utilização da imagem e a exposição à radiação. Os resultados demonstraram um aumento significativo de utilização em algumas das modalidades de imagiologia, como demonstra a figura 1.1 [2].



**Figura 1.1** - Avaliação da taxa de utilização das técnicas de imagiologia usada por 1000 inscritos no intervalo de anos de 1996 a 2010. Adaptado de [2].

Com este aumento significativo do recurso às técnicas de imagiologia médica, e com a constante evolução da tecnologia, as imagens convencionais em filmes e em papel foram sendo gradualmente substituídas pela imagem digital, abrindo caminho a uma era digital. As vantagens foram indiscutíveis e visíveis como a facilidade de operação dos equipamentos, o fácil armazenamento, o baixo preço associado, a rápida transmissão entre prestadores de cuidados de saúde (Telemedicina), consumo ambientalmente mais favorável (não usa processamento químico), entre outras, permitindo que a imagem digital se tornasse numa ferramenta obrigatória no arsenal propedêutico médico. Para isto contribuiu particularmente o desenvolvimento dos computadores, quer em velocidade de execução, quer em capacidade, bem como a vulgarização da sua utilização.

Na prestação de cuidados de saúde, a tecnologia desempenha então um papel central na sua reforma, permitindo em simultâneo uma maior precisão e qualidade na obtenção da informação por parte dos profissionais de saúde, assim como uma maior rentabilidade para as

## 4 Introdução

entidades administrativas. A visão computacional, área que se estabeleceu nos finais da década de 1980, para além de incluir diferentes áreas como a mecânica, física, estatística, matemática e fisiologia, está atualmente sob grande interesse de outras áreas de aplicação como é o caso da Medicina. A sua aplicabilidade tem vindo a aumentar e a revolucionar a área da Saúde, sendo exemplo concreto a visualização de imagens médicas. Foi na década de 1960, vinte anos após o aparecimento dos computadores, que os primeiros artigos científicos surgem relatando a análise por computador de imagens de raio-x.

Embora a visualização das imagens médicas permita a análise de estruturas biológicas, a introdução da biomecânica nos estudos de estruturas biológicas complexas, como por exemplo os ossos, é presentemente tida como uma das soluções mais promissoras, sendo mesmo caracterizada como uma das áreas de maior interesse para a compreensão da saúde humana e hipóteses de tratamento/prevenção. A este facto, junta-se o crescente uso de modelos computacionais nas análises médicas de estruturas “in vivo”, obtidas através da utilização de imagens médicas, que através do processamento destas possibilita a obtenção de melhor qualidade na sua visualização, sendo considerada igualmente uma das fontes de maior interesse de diversas áreas científicas para além da Engenharia Biomédica.

Nos dias de hoje, as simulações numéricas, que poderão resultar da junção das áreas descritas acima, desempenham um papel fundamental em vários ramos científicos. A biomecânica computacional é uma das áreas onde estas simulações ganharam o seu lugar. O aparecimento dos Métodos de Elementos Finitos, na década de 1950, tornou-o no método mais usado para a realização de tais simulações. Contudo, a complexidade e variedade de geometrias que especializam as estruturas do corpo humano (como ossos, tecidos moles, entre outros) e os resultados obtidos tenham demonstrado uma importante relação com a criação da malha, possibilitaram a aplicação com sucesso de outros métodos numéricos, como é o caso dos Métodos sem malha [3]. Estes métodos têm ganho, na última década, bastante importância para a resolução de problemas de engenharia e na aplicação às ciências, uma vez que permite a resolução de equações diferenciais parciais, com a grande vantagem de não ser necessária a construção de uma malha. A simulação numérica é atualmente uma fonte de previsão de resultados, beneficiando também da constante melhoria dos computadores, pois permitem a utilização de métodos cada vez mais poderosos para a obtenção de modelos biomecânicos sem exigir um consumo exagerado. A junção da biomecânica às técnicas de imagiologia médica, permite não só a observação 3D da estrutura a analisar, mas também poderá ser um importante meio de aperfeiçoar a avaliação de parâmetros como deformação, tensão e resistência das estruturas biológicas, ajudando assim a ultrapassar uma necessidade de algumas áreas da Medicina, como é o exemplo da ortopedia, na observação e avaliação/diagnóstico.

### 1.3 - Objetivos Específicos

A elaboração desta Dissertação, teve como objetivo principal o desenvolvimento de um *software* que permitisse a identificação de tecidos biológicos e, simultaneamente, a criação de uma malha de nós. Esta malha permite uma representação tridimensional da geometria e da forma de uma estrutura biológica, podendo ser utilizada através de métodos numéricos, como o método de elementos finitos ou os métodos sem malha, para a análise de problemas biomecânicos. A análise destes problemas poderá ser feita através de simulações, para isso utilizando ferramentas computacionais que têm atualmente cada vez mais um papel

preponderante na comunidade científica atual. O desenvolvimento deste tipo de *software* é algo que tem grande interesse nos dias de hoje para a área da Medicina, por exemplo para os Serviços de Ortopedia, pois fornece excelentes ferramentas de auxílio através da avaliação da gravidade de certas situações, simulação comportamental para certas situações, como por exemplo para a inserção de próteses (ou até na sua produção).

Para este propósito, a preparação da Dissertação foi repartida em duas fases com objetivos específicos distintos. Numa primeira fase, o objetivo consistia na averiguação e apresentação do suporte teórico adjacente ao tema da Dissertação, de forma a proporcionar uma melhor introdução e familiarização com os vários conceitos ligados ao tema. Para além disso, e ainda numa primeira fase, o objetivo englobava um levantamento do Estado da Arte, através de uma ampla pesquisa bibliográfica de trabalhos publicados que relatassem a criação de modelos biomecânicos numéricos ou malhas numéricas através de imagens médicas, mais propriamente utilizando Tomografias Computacionais. Numa segunda fase, o propósito consistiu na parte prática da Dissertação, ou seja no desenvolvimento do *software* com as funcionalidades enunciadas no objetivo principal deste trabalho e a análise dos resultados obtidos.

As principais contribuições deste trabalho são:

- Realização de forma automática do processamento de um conjunto de imagens médicas com a finalidade de fazer a identificação de tecidos biológicos específicos (neste caso o tecido a identificar é o tecido ósseo);
- Criação de uma malha tridimensional que possibilite a obtenção de resultados utilizando diferentes métodos numéricos;
- Criação de um *software* que permita, uma vez que a geometria e forma das estruturas ósseas variam praticamente de indivíduo para indivíduo, individualizar a prestação de cuidados de saúde, tornando-a com maior qualidade;
- Recorrendo à simulação biomecânica computacional, utilizar as malhas criadas no *software* para realizar uma análise do comportamento de determinadas variáveis intrínsecas nas estruturas presentes das imagens médicas.

## 1.4 - Estrutura do documento

O presente documento encontra-se dividido em sete capítulos. Ordenadamente estes seguem a seguinte intitulação: Introdução; Corpo Humano - Tecidos biológicos; Imagiologia Médica; Estado da Arte - Imagens médicas na análise biomecânica; Metodologia Desenvolvida; Resultados e Discussão; e por fim Conclusões e Trabalhos futuros.

O primeiro capítulo tem por objetivo realizar uma introdução ao tema através da explicação da motivação para a escolha deste tema, bem como o enquadramento teórico e os objetivos específicos deste projeto.

No segundo capítulo, serão identificados e apresentados de forma sucinta os tipos de tecidos do corpo humano, e algumas das características principais de certos tecidos (ósseo), para facilitar a compreensão dos diferentes contrastes obtidos em imagens médicas.

No terceiro capítulo, é apresentado o tema da imagiologia médica. Neste capítulo são referidas as várias modalidades de aquisição de imagens médicas, fazendo uma apresentação das diferentes modalidades, com principal destaque para as imagens médicas obtidas através da utilização do raio-X como fonte.

## 6 Introdução

O quarto capítulo foi estruturado contendo duas subdivisões que são no fundo as etapas mais importantes na obtenção de um modelo biomecânico por procedimentos numéricos. Na primeira subdivisão são abordados os métodos de processamento em imagens médicas na identificação e extração de uma estrutura de interesse. No segundo subcapítulo, apresenta-se uma descrição dos métodos numéricos usados para a criação de uma malha de nós, mais concretamente o Método de Elementos Finitos e os Métodos sem Malha. Juntamente com a apresentação de cada método são expostos alguns trabalhos desenvolvidos e publicados, envolvendo a utilização de cada método numérico com Tomografias Computacionais, permitindo a formulação do Estado da Arte.

Ao longo do capítulo cinco são apresentadas todas as etapas compreendidas na metodologia utilizada para o desenvolvimento da ferramenta computacional que irá ser descrita ao longo desta Dissertação.

No sexto capítulo são apresentados os resultados obtidos. Mais concretamente é apresentada, numa primeira parte, a funcionalidade do *software* através da apresentação dos menus criados. Numa segunda parte são apresentados os modelos obtidos pelo processamento dos dados no *software* criado, bem como a comparação com um outro modelo, obtido utilizando os mesmos dados num *software* registado e comercializado com funcionalidade idêntica.

O sétimo e último capítulo reflete as conclusões e perspectivas de desenvolvimentos futuros no âmbito do trabalho aqui apresentado.

No final da Dissertação existe uma secção, Anexos, na qual se encontram alguns menus referentes à funcionalidade da ferramenta computacional, mais precisamente, para o processamento da etapa de separação das estruturas ósseas.

Esta estrutura foi a escolhida de modo a permitir uma compreensão lógica da informação, uma vez que diferentes aspetos vão ser abordados.



## Capítulo 2

# Corpo Humano - Tecidos Biológicos

Como forma introdutória a esta Dissertação, antes de se abordar o tema da imagiologia médica, e uma vez que o representado nas imagens médicas são tecidos ou conjuntos destes no interior do corpo humano, optou-se por tecer uma breve caracterização dos tipos de tecidos existentes.

Do legado na literatura sobre o corpo humano, este é tido como um sistema verdadeiramente complexo. Quando observado do ponto de vista estrutural, a complexidade da sua organização e ao mesmo tempo o equilíbrio e a interdependência das partes que o constituem, constata-se estar-se perante uma “máquina” biológica cativante e ao mesmo tempo complexa, tornando o seu estudo um enorme desafio.

Em termos conceituais, o corpo humano abre hoje um leque diferenciado de posicionamentos teóricos, filosóficos e antropológicos. O corpo na sociedade atual não é só visto pela vertente biológica, mas também como algo que está presente na vida quotidiana, sendo um meio de comunicação social, cultural e mesmo religioso.

Como organismo vivo, o corpo humano pode ser visto como uma organização estrutural de pequenas unidades chamadas células, perfeitamente integradas, tanto ao nível estrutural como funcional. Estas, uma vez integradas, poder-se-ão diferenciar compondo o nível estrutural seguinte que é o tecido. No sistema biológico humano, os tecidos subdividem-se em quatro categorias principais, precisamente: epitelial, conjuntivo ou conectivo, muscular e nervoso. De forma a não realizar uma caracterização muito extensa destes tipos de tecidos, na Tabela 2.1 é sintetizada a informação relativa aos subtipos existentes por tipo de tecido e inerente exemplificação dos mesmos [4].

Os tecidos por sua vez integrados formam o nível de estrutura seguinte, os órgãos. Estes, em conjunto com outros órgãos, formam os sistemas que se combinam para promover o funcionamento do organismo.

O corpo humano é um sistema complexo dotado de vários sistemas que interagem entre si. De entre os diferentes sistemas, e focando o objeto deste estudo, uma vez que as imagens médicas recebidas serão maioritariamente do serviço de Ortopedia, seguidamente far-se-á alusão as estruturas ósseas. O osso é o principal componente do sistema esquelético, diferindo dos restantes tecidos pelas suas características mecânicas, que incluem a rigidez, resistência e baixa deformidade.

8 Corpo Humano - Tecidos Biológicos

Tabela 2.1 - Apresentação dos quatro tipos de tecidos biológicos do corpo humano e as suas subdivisões e exemplos. Adaptado de [4].

Tipo de tecidos		Localização	
<b>Tecido Epitelial</b>	Pavimentoso Simples	Mesotélio; Endotélio; Alvéolos; Rim	
	Cúbico Simples	Epitélio pigmentar da retina; Túbulos Renais; Muitas glândulas	
	Cilíndrico Simples	Tracto Digestivo (da transição esófago-gástrica ao canal anal); Bexiga	
	Pavimentos Estratificado	Epiderme; Boca; Esófago; Útero; Tubas Uterinas; Ductos eferentes dos testículos	
	Cilíndrico Pseudo estratificado	Epidídimo; Ducto Deferente; Ducto excretor da glândula parótida	
	Cilíndrico Pseudo estratificado ciliado	Nasofaringe; traqueia, brônquios	
	Epitélio de Transição	Trato Urinário (da pelve à uretra)	
<b>Tecido Conjuntivo / Tecido Conectivo</b>	Frouxo	Areolar	Tecido fibroelástico entre órgãos e músculos
		Adiposo	Gordura subcutânea; Mama; Medula Óssea Amarela
		Reticular	Arcabouço do Fígado; Medula Óssea
	Denso	Regular	Tendões; Ligamentos
		Irregular	Derme
	Especializado	Cartilagem	Divide-se em 3: Hialina (superfícies articulares dos ossos); Fibrosa (discos intervertebrais) e Elástica (pavilhão auricular)
		Osso	Esqueleto
		Dentina	Dentes
		Hematopoiético	Medula vermelha dos Ossos
	Linfóide	Timo; Baço; Linfo nodos	
<b>Tecido Muscular</b>	Estriado (voluntário)	Músculo-esqueléticos; Língua; Faringe; Laringe; Músculo Extrínseco do Olho	
	Liso (involuntário)	Trato Digestivo; Respiratório; Urinário; Vasos Sanguíneos; Íris; músculos erectores dos pêlos	
	Cardíaco	Coração	
<b>Tecido Nervoso</b>	Tecido Nervoso propriamente dito	Neurónios e fibras nervosas	
	Neurógliã	Tecido de sustentação no Sistema Nervoso Central	

## 2.1 - Anatomia do Osso

O esqueleto humano é constituído por mais de 200 ossos (há autores que defendem que o esqueleto adulto é formado exatamente por 206 ossos [5]), podendo ser divididos em esqueleto axial (conjunto de ossos que englobam o crânio, coluna vertebral, costelas, esterno e clavícula) e esqueleto apendicular (membros superiores e inferiores, omoplata e ossos da anca), como demonstra a figura 2.1.



Figura 2.1 - Esqueleto axial e apendicular.

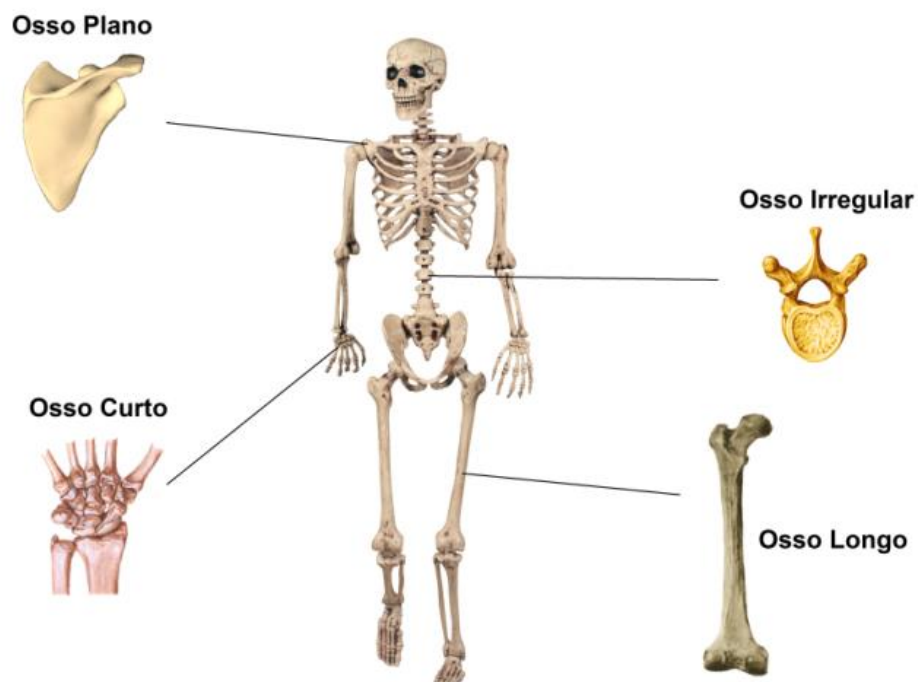
Este desempenha várias funções, todas elas de extrema importância. As funções podem ser divididas em duas classes de acordo com a sua finalidade biológica: mecânicas e metabólicas.

Ao nível das funções mecânicas, o esqueleto em primeiro lugar tem uma função de suporte, já que constitui uma estrutura rígida que serve de sustentação ao organismo, proporcionando-lhe resistência e determinando a sua forma e tamanho; ao mesmo tempo tem a função de proteger os vários órgãos internos, que dada a sua vulnerabilidade a traumatismos e agressões externas poderiam lesionar-se com muita facilidade; por fim conferem a função de movimento, pois é nos ossos que se encontram os locais de inserção dos tecidos moles (tendões, ligamentos, músculos), assumindo-se como os segmentos que proporcionam a mobilidade das distintas partes do corpo, isto é, o movimento é provocado pelo deslocamento dos ossos.

As funções metabólicas desempenhadas pelos ossos são também importantes pelo facto de estes serem reservatórios de minerais (como cálcio e fósforo) e energia, mas também por serem o local onde as células do sangue (eritrócitos, leucócitos e plaquetas) são produzidas, uma vez que contém a medula óssea hematopoiética. Para além do descrito, o osso é caracterizado também por estar em constante remodelação. Isto é, conforme os estímulos

mecânicos, nutricionais e endócrinos recebidos, o osso exibe uma excelente capacidade de resposta através da sua facilidade de adaptação, promovendo a auto-reparação ou a alteração das suas propriedades e configurações [5].

Ao longo do esqueleto, os ossos demonstram diferentes formas e tamanhos, podendo ser classificados morfolologicamente em quatro tipos, demonstrados na figura 2.2: ossos longos (caracterizados por ser longos e terem zona de diáfise e epífise), ossos curtos (caracterizados pelo seu pequeno tamanho), ossos irregulares (forma irregular que é adequada para vários propósitos do organismo como por exemplo proteção do tecido nervoso, âncoras músculo-esqueléticas) e os ossos planos/chatos ou lisos (onde no ser humano adulto maioria das células sanguíneas são formadas) [3].



**Figura 2.2** - Classificação morfológica dos ossos: osso plano (omoplata), osso curto (ossos carpais), osso irregular (vértebra) e osso longo (fêmur).

O osso é um dos tecidos mais duros no corpo humano. Pertence ao grupo especializado dos tecidos conjuntivos/conectivos e a sua composição varia em função da sua localização, idade, metabolismo, entre outros fatores [5]. Do ponto de vista constitucional, o osso é formado por cinco tipos celulares (osteoprogenitores, osteoblastos, osteócitos, osteoclastos e células do revestimento ósseo), por grande irrigação sanguínea, fibras e por substâncias orgânicas (colagénio) e inorgânicas (na forma de minerais como a hidroxiapatite). Em oposição aos outros tecidos conectivos, os componentes extracelulares sofrem calcificação, conferindo ao osso rigidez. As propriedades do material ósseo são uma consequência desta sua estrutura heterogénea, sobretudo devido à combinação da parte orgânica e inorgânica. As fibras de colagénio fazem com que o osso apresente valores altos para o módulo de elasticidade e flexibilidade e como consequência providenciam uma grande capacidade de resistência à tração/tensão. Os componentes minerais promovem rigidez e força conferindo

um alto valor de resistência à compressão [3]. Após esta descrição, pode-se verificar que a disposição microscópica e macroscópica total do osso é única. É esta estrutura composicional que permite ao osso potencializar ao máximo a sua resistência, ter uma diversidade de propriedades mecânicas e ao mesmo tempo minimizar o peso. Contudo a percentagem de minerais aumenta com a idade, mas diminui a quantidade de matriz orgânica, explicando assim a maior resistência nos ossos das pessoas mais jovens e a fragilidade nos mais idosos [5].

Apesar das várias morfologias presentes no esqueleto de um adulto, apresentadas anteriormente, ao nível macroscópico o osso é composto por dois tipos de tecidos ósseos: tecido cortical ou compacto e tecido trabecular ou esponjoso, representados na figura 2.3.

Começando pelo osso cortical este caracteriza-se principalmente pela sua elevada densidade e baixa porosidade (5-10%) comparativamente ao osso trabecular. Forma-se junto à parede do osso e tem uma baixa taxa de renovação anual (3%), bem como alta resistência à flexão e torção, sendo mais rígido suportando maior carga mas menos deformação antes da rutura [3, 5]. O volume total de osso cortical, no esqueleto adulto, é de aproximadamente  $1,4 \times 10^6 \text{ mm}^3$  [5].

O osso trabecular forma-se nas zonas mais interiores, tem uma densidade consideravelmente mais baixa, sendo formado por uma rede trabecular (que providência resistência às forças compressivas), e grande porosidade (75-90%). É mais elástico e menos denso e rígido, podendo isto ser explicado pela sua grande taxa de renovação anual (25%), conferindo-lhe um menor período de maturação. A orientação das trabéculas é afetada pelas cargas mecânicas a que o osso está submetido. O volume deste tecido ósseo, no esqueleto adulto é de  $0,36 \times 10^6 \text{ mm}^3$  [5].

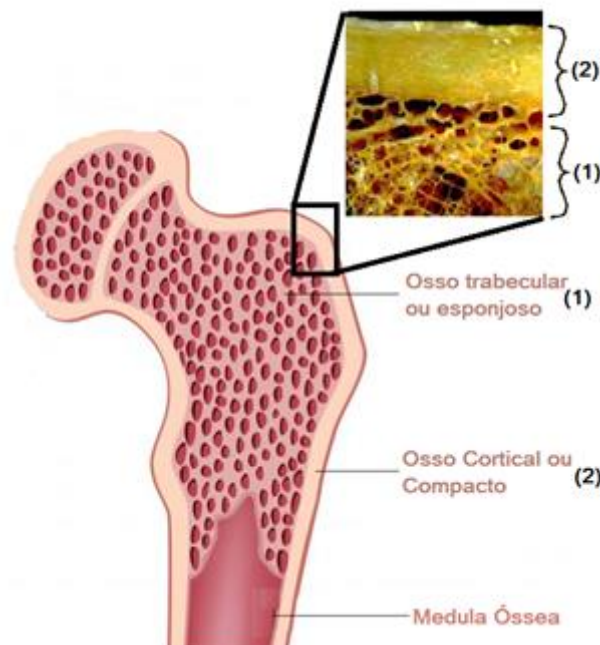


Figura 2.3 - Tipos de tecido ósseo presente na estrutura do osso. Adaptado de [6, 7].

Uma diferença física entre os dois tipos de tecidos ósseos pode-se quantificar em termos de densidade aparente, ou seja, massa numa unidade de volume (medida em  $\text{g/cm}^3$ ). Habitualmente a massa húmida mineralizada a nível do tecido do osso, sobre o volume

ocupado pelo mesmo, define o valor da densidade aparente. A mesma massa mas relativa ao material ósseo sobre o volume ocupado pelo próprio material, define a “real” densidade do osso. A variação da densidade está quase sempre associada à variação da porosidade no tecido [8].

Ao nível dos valores da densidade aparente, alguns são os autores que avançam com valores como por exemplo *António Completo e Fernando Fonseca* [5], que referem que geralmente a densidade aparente do osso cortical é superior a  $1,5 \text{ g/cm}^3$  e em média  $1,8 \text{ g/cm}^3$  e no caso do osso trabecular é em média  $0,62 \text{ g/cm}^3$ ; já os autores *P.Zioupus, RB Cook e JR Hutchinson* referem que a densidade aparente do osso cortical é maior que  $1,3 \text{ g/cm}^3$  e a do osso trabecular é igual ou menor que  $1,3 \text{ g/cm}^3$  [5, 8]. A realização de vários estudos experimentais, mostraram que as propriedades mecânicas do osso têm uma relação direta, e aproximadamente linear, com a composição e a porosidade (que está diretamente relacionada com a densidade aparente) do osso [3]. Contudo, as propriedades mecânicas vão variar também de acordo com o paciente (através de fatores como a idade, ou o seu estado de saúde, entre outros), a localização do osso, e a direção, velocidade e intensidade (força exercida) da carga aplicada.

# Capítulo 3

## Imagiologia Médica

A comunicação visual participa na história da humanidade, mesmo antes da escrita. A imagem possibilita ao observador ter uma melhor percepção, através de um dos cinco sentidos humanos, a visão. Ao observar uma imagem, uma pessoa, absorve a informação/dados representados, podendo-se instruir ou associa-la aos seus conhecimentos já adquiridos, e processar uma opinião acerca do que observa [9].

Perante a sociedade atual, desejosa de mais e melhor informação, e simultaneamente mais exigente, no que respeita aos atos médicos, o papel desempenhado pelos meios complementares de diagnóstico tem vindo a crescer e a exibir um papel cada vez mais importante na medicina. Particularizando o caso da imagiologia médica, esta pode-se definir como uma serie de técnicas e processos não-invasivos, utilizados para criar imagens do interior do corpo humano (ou partes deste), onde através da sua interpretação permite realizar uma documentação objetiva para diversos fins clínicos. Entre esses fins clínicos podemos enunciar alguns tais como: prevenção pela deteção precoce de patologias/problemas, confirmação de diagnóstico, melhor compreensão do processo patológico para tomadas de decisão mais eficazes e precisas e consequente planeamento do tratamento/terapia, bem como o acompanhamento evolutivo dos procedimentos médicos realizados (interações dos agentes terapêuticos), ou em pesquisas e ensino das ciências médicas, como em estudos anatómicos e funcionais sobre órgãos e estruturas específicas [10, 11]. É um campo multidisciplinar que envolve áreas diversificadas como a Matemática, Física, Biologia, Anatomia, Fisiologia e Engenharia, arrogando-se hoje como uma ferramenta vital e indispensável na prática médica. Presentemente não é só considerada insubstituível na rotina da prestação de cuidados de saúde, mas também, para o progresso atual e futuro dos conhecimentos na medicina, pois, favorece novas descobertas na fisiopatologia das doenças/lesões e nas hipóteses de diagnósticos [12].

De acordo com *Martin Hoheisel* [13], a imagiologia necessita de uma fonte de radiação, uma interação com o objeto a ser convertido em imagem e o registo da mesma, que possivelmente num processamento da imagem, aperfeiçoando-a, permita uma melhor interpretação. Para além dos princípios físicos subjacentes, as imagens médicas também podem ser caracterizadas pelas tecnologias e técnicas usadas.

As técnicas de imagiologia utilizam como fonte, radiações ionizantes e não-ionizantes, do espectro eletromagnético (figura 3.1). No espectro, as radiações podem ocupar diferentes

posições de acordo com a sua frequência, nível energético e comprimento de onda, produzindo assim, diferentes efeitos físicos e biológicos. Isto faz com que as imagens obtidas a partir das diferentes modalidades de aquisição tenham semelhanças, embora as tecnologias usadas para a sua obtenção e os parâmetros representados, sejam diferentes, em termos de características exibidas, logo, distinguindo-as na sua utilização médica. Tais particularidades levam a que uma modalidade seja mais adequada para a obtenção de uma determinada parte do corpo. Precisamente, devido aos atributos físicos e índices de absorção dos diferentes tipos de radiação por parte da diversidade dos tecidos do corpo humano, por exemplo o raio-x, é o mais apropriado para a representação de estruturas ósseas e tecidos moles, uma vez que os ossos absorvem grande parte de radiação (razão pela qual aparecem em tons de branco), e os tecidos moles permitem que a radiação atravesse de forma fácil a sua estrutura (aparecendo em diferentes tonalidades de cinza ou preto) [10, 14].

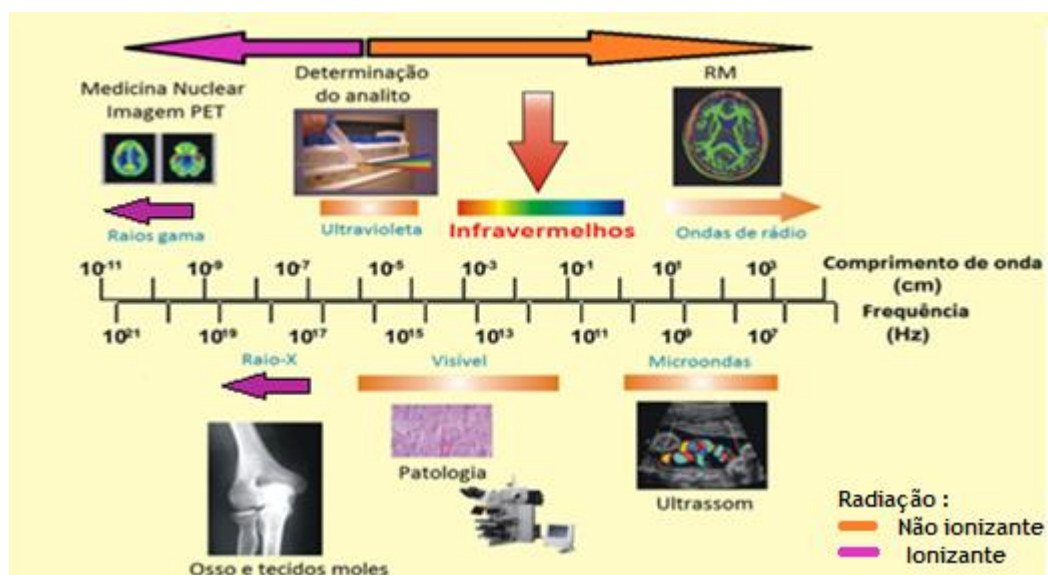


Figura 3.1 - Espectro eletromagnético, com respetivos valores de comprimento de onda e frequência. Adaptado de [15].

Como consequência da importância do uso da imagiologia, tem-se vindo a registar um crescimento explosivo do uso de imagens médicas ao longo dos anos. Contudo, são necessárias precauções com o uso destas, essencialmente nas técnicas que utilizam radiações ionizantes, como as do raio-x e as dos raios gama. As técnicas de imagiologia, ao utilizarem como fonte de energia uma radiação ionizante, sujeitam o paciente e os profissionais de saúde envolvidos, a uma dose de radiação que carrega um pequeno potencial prejudicial. A radiação ionizante ao contrário da não-ionizante possui energia suficiente para ionizar os átomos e moléculas com as quais interagem, provocando efeitos nocivos no organismo, alterando a sua homeostasia. Da literatura sobre efeitos da radiação ionizante, resgata-se de que estes podem ser, somáticos (caso apareçam no indivíduo exposto) e hereditários (caso sejam adquiridos por descendência). Uma outra classificação dos efeitos divide-os em: efeitos estocásticos, onde a radiação induz alterações nas estruturas das células do corpo humano que conduzem a alterações genéticas e até ao aparecimento de neoplasias tais como leucemia e cancro; e efeitos deterministas, que acontecem quando a dose de radiação excede um determinado valor limiar e provoca



mesmo a morte celular. Os órgãos e sistemas mais afetados são os olhos (catarratas), a pele (queimaduras) e os órgãos reprodutores (infertilidade) [16].

Segundo os autores *Daniel Elson e Guang Yang* [14], a imagiologia poder-se-á dividir em três categorias: pré-cirúrgica (estabelece o alvo operacional, bem como a sua vizinhança anatómica para planear a trajetória para o local desejado); intra-operação (promove um guia cirúrgico em tempo-real) e pós-cirúrgicos (verifica a evolução e eficiência da procedimento clínico realizado).

### 3.1- Modalidades para a aquisição

A imagiologia médica é aplicada através de várias modalidades, que no fundo são técnicas particulares ou um sistema que quando usado origina uma imagem médica.

Dada a importância da imagiologia, nesta secção vão ser abordadas algumas das modalidades de aquisição de imagens com especial atenção para as técnicas que utilizam como fonte de radiação os raio-x. A importância dada deve-se sobretudo ao facto das imagens médicas a ser processadas e analisadas no desenvolvimento da Dissertação serem imagens raio-X e TC. Esta secção irá oferecer uma visão histórica, complementada com fundamentos físicos e aplicabilidade clínica, assim como a esquematização do funcionamento das técnicas referidas anteriormente.

Foi com uma descoberta fortuita que a era da imagiologia médica começou. Desde a última década do século XIX, com a descoberta dos raio-x por parte de *Wilhelm Conrad Röntgen*, que permitiu ver o “invisível”, que a imagiologia tem sido uma das áreas na saúde com maior desenvolvimento. Como resultado dos crescentes esforços, levou ao aparecimento de novas modalidades de imagiologia que permitiram uma vasta gama de soluções possibilitando a visualização de estruturas do corpo humano em duas (2D), três (3D) ou mais dimensões, cada vez com maior resolução, qualidade e precisão [11].

Para além das técnicas que utilizam raio-x que serão descritas mais à frente, também são normalmente referidas as técnicas de ressonância magnética (RM) que utilizam um campo magnético, o ultrassom (US) que assenta no uso de ondas sonoras e na medição da sua reflexão, e a medicina nuclear, com técnicas como o SPECT (Tomografia computadorizada por emissão de um único fotão) e o PET (Tomografia por emissão de positrões), que obtém imagens através da deteção da distribuição espacial da absorção de um radiofármaco adequado previamente administrado.

Os requisitos para o uso de uma determinada modalidade de imagiologia dependem sobretudo do problema clínico, isto é, do tipo de estrutura/órgão a observar, dos detalhes a analisar que têm de ser bem visíveis e das dificuldades que poderão ser encontradas, por exemplo a possibilidade de haver movimento [13].

Com a variedade de modalidades de aquisição de imagens médicas, várias foram as divisões feitas dentro destas, sendo apresentadas de seguidas algumas divisões encontradas. Segundo *Maintz e Viergever* [17], as modalidades de imagiologia empregadas podem ser divididas em duas categorias globais: anatómicas e funcionais. As modalidades anatómicas, ou seja, as que retratam principalmente morfologia, incluem a TC, RM, US e a laparoscopia. Modalidades funcionais, as que descrevem informações sobre o metabolismo subjacente à anatomia, incluem SPECT e PET. Os autores consideram ainda que técnicas de medição e gravação, como o eletrocardiograma (EEG) e a magneto encefalografia (MEG), embora não sejam projetadas para produzirem uma imagem, produzem dados suscetíveis de serem

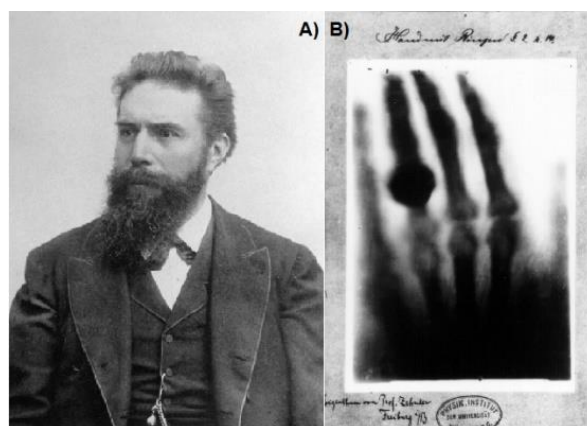
representados como mapas, podendo ser vistas como uma modalidade funcional da imagiologia médica. Outro autor, *João Lima* [18], considerou as técnicas de imagem médicas repartidas em duas outras subdivisões: as passivas e ativas. As técnicas passivas só usam sinais endógenos gerados espontaneamente pelo corpo humano como é exemplo o EEG e a visualização da atividade elétrica do cérebro. As técnicas de imagem ativas são as que resultam de propriedades de várias formas de energia radiante, provenientes de fontes exógenas, capazes de se propagarem através da matéria e fornecerem informações quer anatómica quer fisiológica, como é exemplo as técnicas de radiologia. Por fim, o autor *Jean-Pierre Moy* [19] caracteriza as diferentes modalidades e técnicas em dinâmicas e estáticas.

Para comprovar a importância destas técnicas na prática médica, um estudo publicado no jornal *Health Affairs*, desafiou 255 médicos a fazer um ranking de uma lista de 30 inovações médicas, em termos do seu impacto na melhoria dos cuidados de saúde. De forma esmagadora, duas técnicas de imagiologia (TC e RM), foram escolhidas como as inovações com mais valor, provando assim a importância da imagiologia médica [20].

De seguida serão apresentadas as técnicas de imagiologia que utilizam como fonte de radiação o raio-x.

### 3.1.1 - Raio-x nas imagens Médicas

A imagem obtida recorrendo ao raio-x é considerada a primeira modalidade de imagiologia médica. Os raio-x surgiram enquanto o físico alemão *Wilhelm Conrad Röntgen* (figura 3.2 A)) fazia experiências com tubos catódicos no seu laboratório na Universidade de *Würzburg*, Alemanha. Nestas experiências, usou ecrãs fluorescentes, que começam o processo de incandescência quando atingidos pela luz emitida a partir do tubo. Para surpresa de *Röntgen*, este efeito persistiu, mesmo quando o tubo foi coberto por uma cartolina, emitindo uma luz fraca. Logo se apercebeu que o tubo estava não só a emitir luz, mas também um novo tipo de radiação, ao qual ele chamou “X” devido à sua natureza misteriosa [21]. Com isto, surge a primeira radiografia utilizando o novo tipo de radiação X. Decorria o ano de 1895, mais propriamente o dia 8 de Novembro, quando fez a sua primeira radiografia, onde *Röntgen* obteve uma imagem da estrutura óssea da mão de sua esposa, representada na figura 3.2 B).



**Figura 3.2** - A) O físico alemão *Wilhelm Conrad Röntgen* (1845-1943). B) Primeira imagem de raio-x da mão da esposa de *Röntgen*, *Anna Bertha*, onde os raios-x penetraram através da sua pele, músculos e outros tecidos, mas não conseguiu passar por ossos e pelo anel no seu dedo. Adaptado de [22].

Após isto, vários foram os testes e observações realizados para definir as propriedades dos novos raios por parte de *Röntgen*, até submeter o seu artigo para publicação no dia 28 de Dezembro de 1895. Este, não só foi aceite sem qualquer revisão, como publicado de imediato. Esta descoberta valeu a *Röntgen* o primeiro Prémio Nobel da Física no ano de 1901 [22]. O uso da radiação X em ambiente hospitalar é mencionado pela primeira vez em 1896, no *British Medical Journal*, na descrição de um caso onde um doente ficou com ferimentos graves num cotovelo após uma queda enquanto andava a cavalo [23].

Hoje os raio-x são já conhecidos como ondas eletromagnéticas de alta energia (KeV), e por isso com comprimento de onda muito curto (entre  $10^{-9}$  e  $10^{-12}$ m) e com uma frequência que varia entre  $3 \times 10^{16}$  e  $3 \times 10^{19}$  Hz [24]. Os raio-x são então uma forma de radiação eletromagnética (fotões), viajando à velocidade da luz ( $c \approx 300000$  Km/s). O facto de terem um comprimento de onda muito curto fornece a capacidade de penetrar na matéria, possibilitando a sua utilização no estudo do corpo humano [25]. Em aplicações médicas, a energia do raio-x varia normalmente entre os 5 e os 150 KeV, com a energia a ser ajustada conforme a profundidade e tipo de tecido a analisar [24].

Quando se recorre a este tipo de radiação para a obtenção de imagens médicas, é usada uma ampola de raio-x, figura 3.3. Esta consiste num tubo de vidro em vácuo com dois eléctrodos de tungsténio (usado porque este apresenta um elevado ponto de fusão (3653 K) e cria uma densidade de corrente emitida superior á conseguida com qualquer outro metal), um ânodo (polo positivo) e um cátodo (polo negativo). O cátodo tem um revestimento de óleo para realizar o seu arrefecimento. O filamento que constitui o cátodo aquece, devido à passagem da corrente eléctrica de alta voltagem, fazendo os electrões do tungsténio adquirirem energia térmica suficiente para abandonar o cátodo. Com a alta voltagem, cria-se em simultâneo uma diferença de potencial entre os eléctrodos, fazendo com que os electrões emitidos pelo filamento passem para o ânodo. O choque dos electrões com o ânodo (que também é revestido por tungsténio) transforma uma pequena parte da energia cinética em raio-x através de três fenómenos: radiação caraterística, desaceleração (*Bremsstrahlung*) e choque nuclear. Os fotões resultantes destes três fenómenos são produzidos em todas as direcções pelo que é necessária a protecção de chumbo com um só orifício, para limitar e direccionar a saída destes [18, 26].

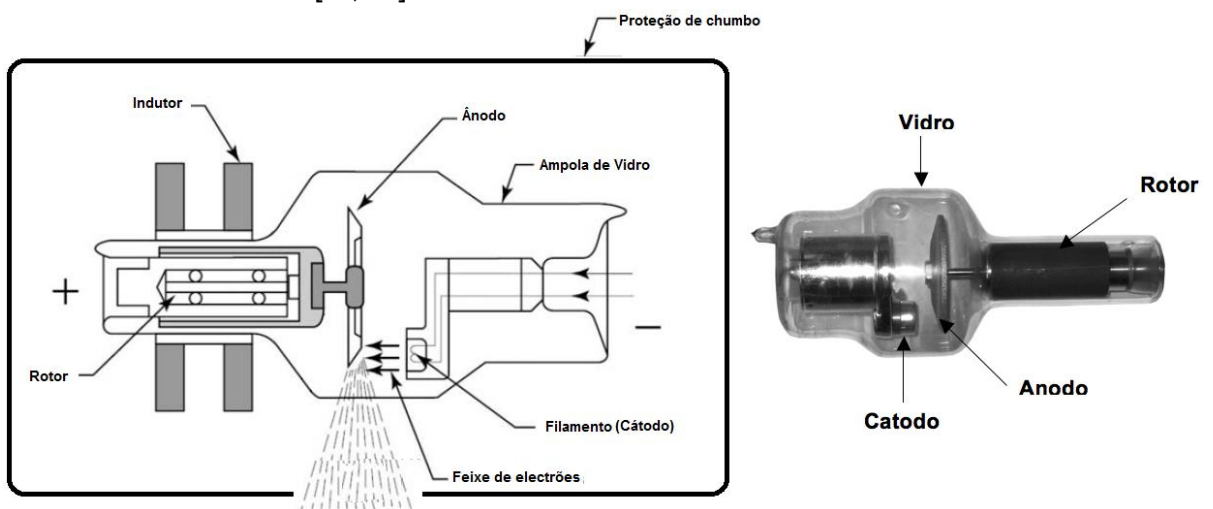


Figura 3.3 - Esquema e ilustração de uma ampola de raio-x.

As ondas eletromagnéticas do espectro do raio-X, conforme o seu comprimento de onda, têm a particularidade de penetrarem mais ou menos facilmente a matéria e, por consequência, nos tecidos. A sua interação das ondas eletromagnéticas com a matéria pode-se dividir em quatro tipos principais de interação:

- Efeito Fotoelétrico- um fóton interage com um elétron de um átomo. Quando um fóton possui uma energia igual ou superior à energia de ligação do elétron, ao colidir com ele, o fóton transfere para o elétron toda a sua energia, libertando-o do átomo, resultando assim na ionização do mesmo. É o responsável primário pelo contraste na imagem radiológica;
- Dispersão de *Compton*- ocorre quando um fóton, com energia superior à energia de ligação de um elétron, colide com um elétron libertando-o do átomo, sendo este fóton defletido e perdendo alguma da sua energia inicial. Esta radiação dispersa contribui para o ruído que pode ser aparecer na imagem. É o mecanismo primário que limita a resolução das imagens adquiridas;
- Dispersão de *Rayleigh*- envolve uma dispersão de fótons pelos elétrons do átomo. Nesta interação não ocorre ionização do átomo e a energia do fóton disperso é idêntica à energia do fóton incidente, logo é mais provável ocorrer em fótons de baixa energia e em materiais com número atômico elevado;
- Produção de Pares- A produção de pares envolve a interação de um fóton com o campo elétrico do núcleo do átomo. Um fóton incidente é absorvido pelo núcleo, sendo produzido um positrão e um elétron [23, 24, 26, 27].

O que forma os contrastes na imagem por raio-x, como consequência da interação referida acima é a atenuação da radiação através dos tecidos. Os raio-x ao interagirem com a estrutura atômica de um tecido sofrem atenuação, que é definida como o processo que descreve a perda de força do feixe de ondas eletromagnéticas [28]. O coeficiente de atenuação (ou absorção) é definido pela mudança proporcional na intensidade da radiação, uma vez que diferentes tecidos têm diferentes valores de atenuação. Por isso, e como dito anteriormente, a energia deve ser escolhida de acordo com a estrutura de interesse. A atenuação é obtida pelo cálculo da diferença entre a energia emitida e a recebida. Um parâmetro usado para caracterizar a atenuação num tecido é definido pela sua espessura. Dando novamente o exemplo do osso e de um tecido mole (por exemplo um músculo), uma vez que o osso é mais espesso, vai ter um valor menor de absorção de radiação, enquanto que o tecido mole irá ter maior valor fruto da sua menor espessura comparativamente ao osso. São estes coeficientes de atenuação que formam os contrastes nas imagens médicas obtidas por raio-x e permitem discriminar os tecidos biológicos [26]. Tem sido atualmente utilizadas nanopartículas, como por exemplo ouro, de forma a obter-se melhor contraste [27].

Feito um percurso pelas propriedades mais importantes entre o raio-x e as imagens médicas, de seguida serão apresentadas as principais técnicas de imagiologia que utilizam como fonte o raio-x.

### 3.1.1.1- Radiografia convencional/Digital

A radiografia convencional (também conhecida como radiografia planar) é uma técnica de imagiologia que resulta diretamente da aplicação do raio-x sobre a região cujo interior se pretende visualizar. Após a interação do raio-x com os tecidos biológicos, a imagem é captada através de um detetor, figura 3.4. Ao nível do detetor podemos classificar a radiografia como sendo convencional ou digital. Na radiografia convencional, o detetor é constituído por uma película fotossensível (ou filme radiográfico) que após revelado dá origem à imagem. Durante os últimos anos, a película convencional tem sido gradualmente substituída por equipamentos mais modernos, em que os detetores usados são semelhantes às técnicas das máquinas digitais, sendo os detetores por exemplo um intensificador de imagem ou uma placa plana [28]. Assim, a imagem é diretamente convertida para o formato digital, facilitando o seu pós-processamento de forma a melhorar a qualidade da imagem.

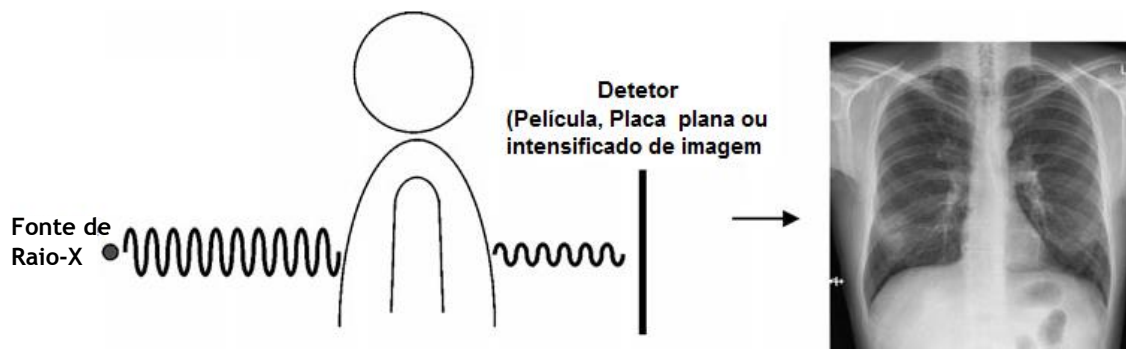


Figura 3.4 - Esquema do funcionamento de uma radiografia convencional. Adaptado de [29].

O sistema típico desta técnica compreende um colimador (que restringe o feixe de raio-x às dimensões da imagem desejada), uma grade anti-espalhamento (para reduzir a contribuição da dispersão de raio-x pela imagem] e um detetor para gravar a imagem [26].

No processo de digitalização, a imagem digital pode ser vista como uma matriz 2D de níveis de cinza. Cada elemento da matriz, o pixel (*picture element*), representa exatamente um ponto da imagem captado, onde este codifica o nível de cinza de acordo com a densidade do tecido, densidade esta resultante da quantidade de energia transmitida para a área do pixel [30].

Os exemplos mais conhecidos da aplicação desta técnica são a mamografia (embora neste caso específico seja usada uma menor dose de radiação do que o normal) e o raio-x ao tórax (representado na figura 3.4).

### 3.1.1.2- Angiografia

As técnicas de angiografia produzem imagens que mostram seletivamente os vasos sanguíneos dos corpo humano. São baseadas nos raio-x e a principal diferença consiste na injeção de um agente de contraste à base de iodo na corrente sanguínea do paciente para aumentar o contraste. Ao efetuar-se o procedimento usando a radiação X, a imagem mostra um aumento da atenuação dos vasos sanguíneos em comparação com os tecidos vizinhos dos vasos, como demonstra a figura 3.5 [26]. Sem a aplicação do contraste, as diferenças entre os

tons de cinzento dos vasos sanguíneos e dos restantes tecidos iam ser muito ténues. Há autores que incluem esta técnica dentro da Fluoroscopia, que vai ser apresentada em seguida [29].

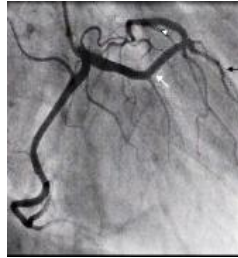


Figura 3.5 - Angiografia de raio-x [31].

### 3.1.1.3- Fluoroscopia

A fluoroscopia é um tipo específico de imagiologia de raio-x para visualizar movimento ou mudanças em estruturas no interior do corpo humano, ou seja, refere-se a uma aquisição contínua em tempo-real das estruturas “*in vivo*” de um paciente num monitor, através de raio-x de baixa energia [27]. Recebeu este nome devido ao raio-x ser transformado em luz visível, usando para isso uma tela fluorescente [29].

### 3.1.1.4- Energia-Dupla (*Dual-Energy*)

Nesta técnica são produzidas duas imagens separadas, por exemplo como demonstra a figura 3.6 A). É uma técnica muito procurada atualmente, devido às várias sobreposições de tecidos existentes no interior do corpo humano. O uso desta técnica poderá permitir uma visualização, e conseqüente análise/estudo, mais clara do que o que acontece na técnica de radiografia convencional apresentada anteriormente. Há duas formas de proceder: 1º) consiste em duas exposições de raio-x, uma imediatamente seguida à outra, mas com energia diferentes; 2º) utilização de uma única exposição, mas com vários detetores colocados por baixo do paciente (o mais próximo deteta a menor energia com alto contraste, a mais afastada deteta a maior energia, com baixo contraste), como demonstra a figura 3.6 B) [21, 26].

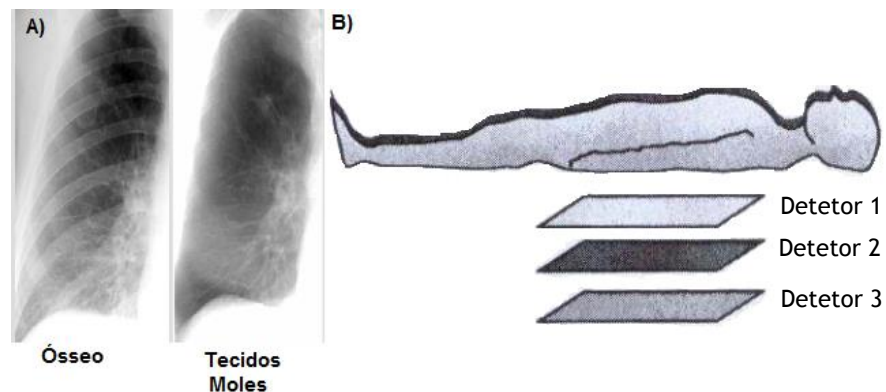


Figura 3.6 - A) Exemplo de duas imagens obtidas através desta técnica, uma onde se visualiza melhor a estrutura óssea e na outra os tecidos moles; B) Uma das formas de aplicação da técnica através do uso de vários detetores. Adaptado de [26].

### 3.1.1.5- Tomografia axial computadorizada

A crescente necessidade na obtenção de resultados cada vez mais claros, que permitam uma ótima compreensão da anatomia e fisiologia do corpo humano, levou a que a simples representação 2D das imagens médicas fosse incompleta para o efeito. Para ultrapassar esta limitação, foram aplicados métodos tomográficos [23]. Deste modo, os estudos começaram por um método que permitisse realizar a projeção do corpo humano em vários ângulos para representar as estruturas biológicas tridimensionalmente a partir de imagens 2D.

É em 1972 que a técnica de tomografia computacional com raio-x é implementada, quando *Godfrey Hounsfield* (figura 3.7 A)) inventou o primeiro equipamento capaz de reproduzir a imagem de uma secção axial de um objeto de interesse, batizando o equipamento de *EMI SCANNER*. Este demorou várias horas a adquirir as primeiras imagens tomográficas de secções do cérebro, (figura 3.7 B)) [32]. Esta descoberta valeu em 1979 a atribuição do Prémio Nobel da Medicina e Fisiologia, a *Hounsfield* e a *Allan Cormack*, que realizou trabalhos independentes sobre a matemática desta técnica [26].

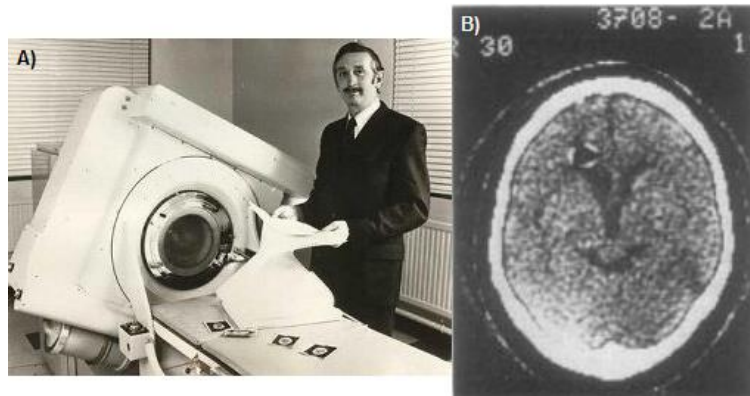


Figura 3.7 - A) *G. Hounsfield* e o primeiro equipamento de tomografia; B) Uma das primeiras imagens TC [32].

A tomografia computadorizada (TC) é então um método complementar de diagnóstico por imagem que consiste numa técnica radiológica na qual um feixe de raio-x atravessa um paciente em várias direções. Os dados referentes às imagens produzidas por TC são obtidos através do uso de um suporte circular chamado *gantry*. Este suporte encontra-se à volta de um orifício em forma de túnel, onde é colocado o paciente. O *gantry* é constituído por uma ampola de raio-x e no lado oposto por um detetor que vai captar os resultados obtidos da interação radiação/paciente e transmiti-los para um computador. Para se definir a espessura de corte desejada são usados colimadores. São então obtidos vários dados (projeções) à medida que a fonte se movimenta em redor do paciente [18, 26].

Sendo este o princípio para a obtenção de imagens por TC, com a evolução do tempo, foram sete as gerações de instrumentação apresentadas na procura de melhores imagens e de um rápido procedimento. Fruto destas melhorias, conseguiram-se obter máquinas designadas helicoidais (6ª geração). Estas descrevem uma hélice em torno do corpo do paciente à medida que a mesa onde este se encontra é movimentada para o interior do túnel, em oposição à sucessão de círculos completos que se verificavam nas gerações anteriores (figura 3.8 A)). Isto possibilitou a obtenção de dados de uma forma contínua, permitindo dentro de um certo limite, a reconstrução mais precisa de uma determinada secção a analisar. Atualmente



(7ª geração) as máquinas são designadas de multicorte (figura 3.8 B)), e caracterizam-se pelo uso de uma série bidimensional de detetores, permitindo adquirir múltiplos cortes ou secções em simultâneo [27].

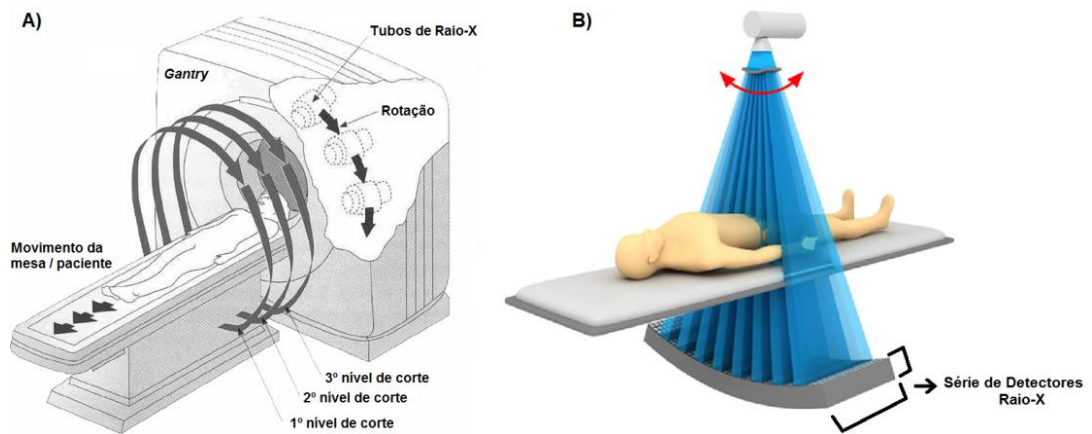


Figura 3.8 - A) TC de 6ª geração; B) TC de 7ª Geração [33, 34].

As imagens obtidas em TC têm características próprias que foram padronizadas para facilitar a sua leitura diagnóstica. Numa imagem TC, a mais pequena unidade calculada é pontual e é designada de pixel. Os valores do pixel estão diretamente relacionados com o coeficiente de atenuação do corte. Com base na espessura do corte, o pixel representa também parte de um volume designado de voxel (*volume element*), figura 3.9 A). A dimensão do pixel é igual ao quociente entre o campo de visão e a dimensão da matriz. A atenuação local de cada secção é calculada por um processo de reconstrução matemática de imagens chamado de transformada inversa de *Radon*. Estes coeficientes de atenuação local dos tecidos são traduzidos em valores numéricos, que por sua vez, são convertidos em níveis de cinzento que irão formar a imagem. A escala de cinzentos é originada por um grande espetro de representações de tonalidades entre branco, cinzento e preto. Esta é a responsável pelo brilho da imagem característico para cada estrutura e uma vez que foi criada especialmente para a TC, a sua unidade foi chamada de unidade de *Hounsfield* (HU) em homenagem ao cientista que a desenvolveu. Os coeficientes de atenuação podem ser normalizados para que os valores de HU sejam independentes dos parâmetros da imagem (como por exemplo a energia do feixe utilizado). A normalização é baseada na atenuação da água e do ar e pode ser dada pela equação 3.1:

$$HU(\mu) = 1000 \times \frac{\mu - \mu_{\text{água}}}{\mu_{\text{água}} - \mu_{\text{ar}}} \quad (3.1)$$

Onde,  $\mu_{\text{água}} = 0$  HU e  $\mu_{\text{ar}} = -1000$  HU.

A figura 3.9 B), demonstra os valores normais característicos das estruturas biológicas quando representadas por TC [29].

A reconstrução da imagem de TC poderá ser afetada por ruído, efeito do volume parcial e artefactos como o uso de metal ou o movimento do paciente.



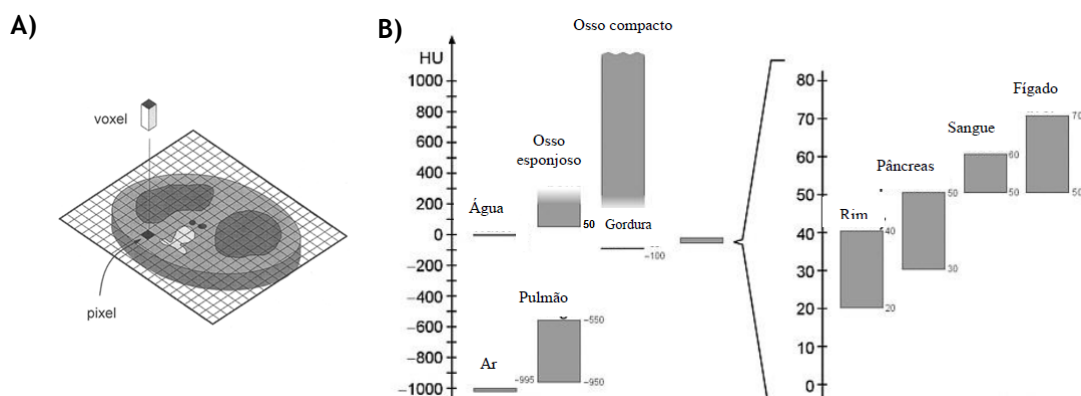


Figura 3.9 - A) Representação de um Píxel e de um Voxel; B) Valores na escala de cinzentos das estruturas biológicas [35].

### 3.1.1.6- Modalidades híbridas

De forma a melhorar qualidade, com o objetivo bem definido de aumentar a aplicabilidade das imagens médicas para diagnóstico e avaliação de problemas médicos, têm sido desenvolvidos sistemas que integram imagem por raio-x e imagem por radionuclídeos (modalidades de medicina nuclear). A estes sistemas são atribuídos o nome de híbridos e combinam um sistema SPECT ou PET com um sistema TC, usando para isso o mesmo equipamento para a aquisição dos dados. São assim obtidas imagens anatómicas e funcionais do mesmo paciente na realização do mesmo procedimento, significando que é feita uma reconstrução, alinhamento e fusão das imagens [36].

O primeiro sistema PET/CT surgiu em 1998, sendo precedido por apenas um outro sistema híbrido o SPECT/CT. Para além dos sistemas híbridos, atualmente, e com a vantagem do início da era digital da imagiologia médica, são também aplicadas várias técnicas de processamento de alinhamento de imagens médicas de diferentes modalidades. Esta técnica é designada de multimodal e são já vários os algoritmos aplicados. No caso das de raio-x, esta “fusão” de imagens é mais aplicada em conjunto com as de RM e PET, como são exemplos demonstrados na Tabela 3.1. Contudo podem ser aplicadas mais do que duas modalidades [37].

Tabela 3.1 - Exemplos de imagens obtidas através do uso de algoritmos multimodais. Adaptado de [36].

Modalidade1/Modalidade2	Modalidade 1	Modalidade 2	Alinhamento
RM/TC			
PET/TC			



## Capítulo 4

# Estado da Arte- Imagens médicas na análise biomecânica

A definição de biomecânica é muito abstrata. Diversos são os pontos de vista propostos por autores quanto ao seu papel no domínio da investigação na área do corpo humano. Começando por uma análise morfológica, a palavra biomecânica pode-se decompor em dois termos. No prefixo “bio”, de biológico, significa que é relativo aos seres vivos, e o outro termo “mecânica” significa o ramo da física que estuda e analisa as situações de movimento e repouso de objetos. Portanto podemos definir biomecânica como sendo a aplicação de conhecimentos e métodos mecânicos a estruturas e funções do sistema biológico dos seres vivos. A biomecânica do corpo humano é algo complexa, uma vez que varia de acordo com a região anatômica e é influenciada por diversos fatores como: idade, estado físico, direção da carga aplicada (longitudinal, transversal), velocidade de aplicação da força e tipo de carregamento (compressão, tração ou corte) [5]. A compreensão do corpo humano do ponto de vista biomecânico é extremamente importante para as várias áreas do conhecimento, desde a realidade virtual até ao desporto, passando pela medicina e ergonomia.

Atualmente, uma das formas mais utilizadas para o estudo biomecânico de estruturas biológicas são as simulações biomecânicas computacionais. Ao facto da vulgar utilização dos computadores, alia-se a evolução constante das suas características, como o facto de terem cada vez mais capacidade de armazenamento e velocidade de processamento, tornando-os quase como uma ferramenta obrigatória para todas as áreas, não sendo a biomecânica uma exceção. Estas melhorias nas características dos computadores possibilitam a criação de modelos cada vez mais potentes e fiáveis para análise biomecânica. Modelos biomecânicos de estruturas anatômicas, órgãos, tecidos e até células podem ser uma ferramenta extremamente útil em várias situações médicas complexas, referindo-se a aquisição de conhecimento, diagnóstico e até mesmo ao tratamento de doenças relacionadas [38].

Hoje em dia, embora seja uma área de estudos recente, a biomecânica computacional é uma das áreas onde as simulações desempenham um papel fundamental para o estudo biomecânico de estruturas biológicas devido à necessidade de investigar os tecidos biológicos quando submetidos a solicitações mecânicas. Esta área começou a sua expansão sobretudo desde o aparecimento dos métodos numéricos na década de 1950. O uso de métodos numéricos tem sido comum na biomecânica sobretudo nas últimas três décadas. Embora o método de elementos finitos (MEF) seja o método numérico mais utilizado, muito devido ao seu prévio aparecimento, a complexa geometria que envolve as estruturas biológicas e a sua

deformação, faz com que estejam relacionados com a criação da malha que é característica destes métodos. Esta relação é um importante fator a ser considerado, surgindo por isso a utilização de outros métodos numéricos para a realização destes estudos, como é o exemplo dos Métodos sem Malha [3].

Comparando com os métodos experimentais, os métodos numéricos normalmente provam ser a escolha mais económica, para além de oferecerem a possibilidade de investigação de locais que não são acessíveis por técnicas/dispositivos experimentais convencionais [39].

Antigamente, a geometria das estruturas era obtida de uma forma que dificultava a aplicação dos métodos numéricos, mais propriamente o MEF. Exemplo disso são os trabalhos relatados por [40] e [41] que usaram cortes transversais de moldes de plástico termofixo e um digitalizador ótico para descrever a geometria do fémur; os apresentados por [42] e [43] que usaram fotografias de raio-x para criar a geometria das estruturas de ossos longos “in vivo”; por [44] que usou planigrafia não invasiva para obter propriedades das secções ósseas; e ainda [45-48], que combinavam ossos obtidos por cadáveres ou moldes, fotografia raio-x e técnicas de digitalização para determinar a geometria dos ossos longos. Para o estudo das propriedades das estruturas biológicas usavam-se métodos mecânicos e de ultrassons para por exemplo a obtenção de informação das regiões trabecular e cortical do osso, como relatam [49,50].

Atualmente, para a criação de modelos mais pormenorizados e fiáveis para a realização de simulações, o uso de imagens médicas é apresentado como uma das mais importantes formas de extração da forma e geometria das estruturas biológicas. Através da utilização de princípios físicos, estas permitem obter modelos que simulam de forma bastante satisfatória o comportamento de estruturas reais. Mais concretamente na área ortopédica, a previsão numérica de forças mecânicas através de dados obtidos em imagens médicas, pode ser uma ferramenta na previsão do risco de fratura, adaptação da melhor terapia de reabilitação, e avaliação de estabilidade mecânica de próteses entre outras [51]. Uma vez que nesta área as estruturas ósseas têm grande importância e estão suscetíveis a diversos comportamentos mecânicos pela variedade de forças aplicadas (figura 4.1), a modalidade de aquisição mais apropriada é a Tomografia Computacional. Este método torna-se de excelência para este propósito devido a vários fatores. Primeiro, há muito pouca distorção entre a secção óssea e a imagem. Em segundo porque a informação da densidade radiográfica (HU) pode estar relacionada com as propriedades mecânicas do osso (sendo ótimo para a criação mais precisa do modelo biomecânico e consequente análise). E por fim os equipamentos para a obtenção de TC estão geralmente disponíveis em todas as unidades hospitalares e é hoje em dia usado como um método de rotina e por ser uma forma viável para determinar a geometria dos ossos *in vivo* [10]. O tempo necessário para que o modelo seja construído, efetuada a simulação, e obtidas as previsões, deve ser compatível com a necessidade clínica [51].

Ao longo deste capítulo é efetuada uma revisão bibliográfica das etapas mais importantes para a obtenção dos modelos biomecânicos. Numa primeira fase é apresentada a segmentação de imagens para a extração da geometria de interesse. Numa segunda fase é feito uma revisão sobre as formas de reconstrução das imagens médicas, bem como a aplicação específica destas para os métodos numéricos dos elementos finitos e dos métodos sem malha.

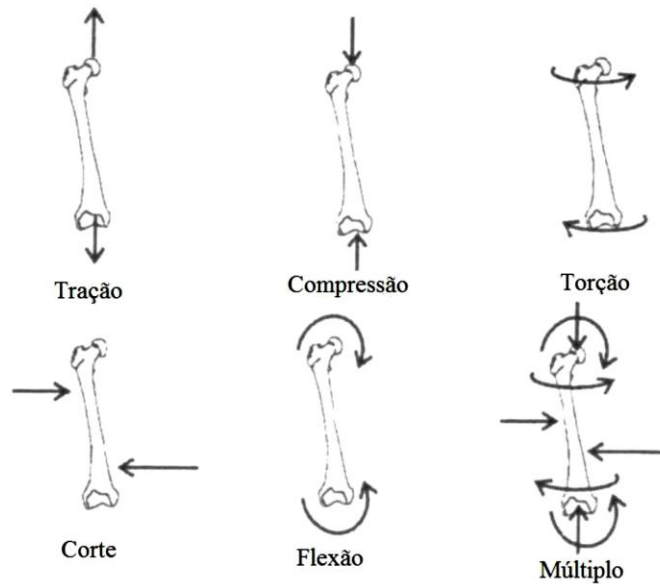


Figura 4.1 - Comportamento mecânico do osso [52].

## 4.1 - Processamento de Imagens Médicas

Modelos 3D com alta precisão de estruturas biológicas são requeridos para diversas aplicações como desenho de implantes, para o auxílio de cirurgias ou para previsões comportamentais através da realização de simulações numéricas. Atualmente as imagens médicas são o padrão para a aquisição de dados das estruturas biológicas do interior do corpo humano. A estrutura do objeto é normalmente obtida a partir de dois tipos de imagem médica, as 2D (matriz de elementos da imagem - pixel) ou 3D (matriz de elementos de volume - voxel) [53].

Na área da imagem médica é cada vez mais usual a reconstrução 3D de estruturas representadas nas imagens, sendo esta reconstrução computacional uma ferramenta muito importante para o apoio do diagnóstico clínico, pois aumenta a sensibilidade, especificidade e a visualização 3D da geometria e forma da estrutura sem tecidos sobrepostos, reduzindo custos (na realização de exames auxiliares). Portanto, os métodos de reconstrução passam pelo desenvolvimento de uma ferramenta de segmentação fiável e automática, de forma a otimizar o modelo 3D, beneficiando assim a prestação de cuidados médicos.

Apesar do uso de películas convencionais terem uma longa história na interpretação radiológica, a digitalização das imagens, foi sem dúvida uma grande evolução adotada pela área da imagiologia médica. Para além de poderem ser arquivadas e transferidas de uma forma rápida e eficaz, podem ser aplicadas nestas etapas de processamento usando algoritmos ou filtros, de forma a efetuar melhorias na sua visualização e consequente interpretação [26].

### 4.1.1- Segmentação

Embora a qualidade da imagem digital seja determinada pelo método utilizado, são três as características importantes que a tornam uma mais-valia: resolução espacial, razão sinal/ruído e o nível de contraste. Contudo, o processamento de imagens envolve alguns problemas como a existência de artefactos (refere-se a qualquer sinal na imagem que cause distorção ou introduza uma característica aparente, por exemplo no caso das TC o metal dos implantes, que induz artefactos na produção da imagem médica), a existência de ruído (altera intensidade dos pixéis podendo levar à difícil ou errada interpretação) e média de volume parcial dos pixéis (pois o pixel tem um tamanho limitado que poderá conter misturas de intensidades, por exemplo de diferentes tipos de tecidos, e a intensidade do pixel não ser consistente com uma única classe de tecido) [26, 53].

Devido a este facto das diferentes intensidades obtidas numa imagem médica por raio-x, vários são os estudos e autores, que no caso das estruturas ósseas, tentam estabelecer a atribuição automática de propriedades dos materiais ósseos de acordo com os valores HU da imagem digital para a realização de estudos biomecânicos mais precisos. Uma vez que a distribuição das propriedades do material não é homogénea e a propriedade/densidade do material afeta diretamente o comportamento mecânico, desde sempre que um grande esforço tem sido realizado para melhorar a atribuição das propriedades nas estratégias de modelação [54]. Desde experiências realizadas antes da utilização de imagens médicas, algumas relatadas em [55-57], permitiram uma associação positiva entre a densidade aparente e as suas propriedades mecânicas, até aos trabalhos mais recentes, já com imagens médicas, que relatam um grande esforço na tentativa de uma atribuição automática das propriedades dos materiais ósseos pela relação direta com os valores HU, como relatam os trabalhos [54, 58-61].

Uma das formas de realizar o processamento da imagem médica é através da segmentação. A segmentação é um passo crucial para a reprodução de modelos 3D, permitindo a representação mais precisa da geometria da estrutura biológica. A segmentação consiste na divisão das imagens em regiões ou sub-regiões homogéneas, consoante um determinado critério, de forma a extrair informação útil; isto é, identificar uma ou mais estruturas presentes nas imagens originais, separando-as das demais [62]. De forma a melhorar a imagem a segmentar, poderá ser feita uma etapa de pré-processamento de forma a reduzir ou eliminar o ruído e os artefactos produzidos pelos equipamentos de aquisição. É uma etapa que poderá ser usada para normalizar a escala de intensidades para a obtenção de melhor contraste e visibilidade das características. A aplicação de filtros de suavização (normalmente filtros passa-baixo, como exemplo o filtro Gaussiano) é característica desta fase. Também nesta fase para a obtenção de concordância entre a posição, a orientação e a escala espacial das estruturas, pode ser feito um alinhamento das imagens médicas a segmentar.

A segmentação é então um passo crítico, uma vez que é a principal etapa de demarcação da região de interesse, tendo um efeito importante na precisão geométrica do modelo 3D [63]. Vários estudos têm sido realizados para desenvolver técnicas de segmentação auxiliadas por computadores para a produção de modelos com alta precisão geométrica. Caso disso é o estudo de comparação de técnicas como o realizado em [63], para o estudo do efeito da segmentação da imagem nos métodos de reconstrução 3D de ossos longos. Como resultado,

muitos métodos de segmentação de imagem estão disponíveis variando entre técnicas manuais, semi ou totalmente automáticas. Um estudo proposto em [64] realiza a comparação entre um método manual e um outro automático. A segmentação manual é até agora o método mais simples, contudo tem a ela associadas desvantagens como o facto de ser demorada e sofrer a variabilidade de visualização entre diferentes observadores que poderão levar à diferenciação de processos. Um exemplo desta é o apresentado no trabalho [65]. Técnicas de segmentação totalmente automatizadas, usam a lógica de *Fuzzy* e redes neurais artificiais, como têm sido relatados na literatura [63, 66-68]. A vantagem destas é a mínima intervenção do usuário, e portanto menos imprecisões dependentes do usuário. No entanto estas têm sido mais usadas em estruturas ósseas pequenas, sendo que para ossos longos necessitam de mais estudos de validação [63]. De seguida serão abordadas de uma forma muito sucinta alguns algoritmos semiautomáticos utilizados para a realização da segmentação em imagens médicas.

- Baseados em Limiarização (*Thresholding*) - é uma etapa de fácil implementação, fazendo com que a imagem de em escala cinzentos se torne numa imagem binária (preto e branco). Através da definição de um valor de limiar (*threshold*),  $T$ , a imagem é dividida em grupos de pixéis que estão abaixo e acima de  $T$ . Quando apenas há um local de divisão, denomina-se de limiarização global; quando há divisão em várias sub-regiões e é determinado um valor de limiar para cada é denominado limiarização local [63].
- Baseado em deteção de contorno (*edge*) - os contornos são formados pela interseção entre duas regiões onde há mudança brusca nos valores de intensidade. Para este processo é necessário a utilização de operadores que sejam sensíveis à mudança. A deteção de contornos requer uma operação de filtragem que dê realce a mudanças de valores, sendo os operadores derivativos adequados para esta função. Os operadores mais utilizados são: *Sobel*, *Prewitt*, *Robert*, *Canny*, Transformada de *Hough* e o *Laplaciano* [69]. Contudo o *Canny* é o mais utilizado uma vez que assegura erros mínimos associados e é pouco afetado pelo ruído [63, 70].
- Baseado em regiões - estas técnicas baseiam-se em técnicas como o crescimento de regiões (*region growing*) que consistem num processo que tem início num conjunto de pixéis chamados de “sementes”, e é a partir deste grupo que crescem as regiões através da incorporação de pixéis vizinhos aos pixéis “semente”, com características semelhantes. A incorporação é então feita de acordo com o nível de intensidade dos pixéis [71].
- Baseados em aglomeração (*Clustering*) - consiste numa técnica de classificação. A segmentação é feita através da definição de atributos (nome que se dá a uma medida feita na imagem), onde cada ponto na imagem é representado por um vetor de atributos. Um algoritmo que exemplifica este tipo de técnicas é o *k*-médias (*k-means*). Este classifica ou agrupa  $n$  pixéis baseados em atributos ou característica em  $k$  números de grupos, *clusters*, atribuindo cada pixel na imagem ao grupo cujo valor médio está mais perto de si [71].

- Baseado em Modelos deformáveis - são também conhecidos como modelos de contorno ativo [72]. Os modelos deformáveis são curvas, superfícies ou sólidos numa imagem ou volume, definidos analítica ou parametricamente. Estes movem-se sob a influência de forças internas ou externas. Kass [73] apresentou o primeiro modelo deformável, chamado de *Snakes*, como um contorno ativo reagindo às características da imagem. Outro método que é baseado nos modelos geométricos deformáveis é o método do conjunto de nível (*level set method*) [74]. A ideia principal deste método é incorporar implicitamente o contorno que se move para uma função de alta dimensão e ver o contorno com valor 0. Assim em vez seguir os pontos de contorno discretos, acompanha o conjunto de nível 0 da função. A vantagem dos modelos deformáveis é a sua habilidade para gerar curvas ou superfícies paramétricas a partir da imagem e a incorporação de suavização, tornando-os menos sensíveis ao ruído e falsos bordos. A necessidade de interação manual para iniciar o modelo e escolher os parâmetros apropriados é a sua maior limitação [74]

Após esta breve apresentação, é ainda de referir que são também implementados métodos híbridos, ou seja, métodos que combinam diferentes características da imagem para completar a segmentação. Para combinar diferentes características, a etapa de segmentação necessita do uso de vários algoritmos. Um exemplo é o *watershed* (bacia hidrográfica), que combina a intensidade da imagem com a informação do gradiente [70].

## 4.2- Reconstrução do modelo 3D para análise

Frequentemente, para se obter a reconstrução 3D de uma estrutura a partir de um conjunto de imagens alinhadas (*slices*), começa-se por segmentar a mesma estrutura em cada uma dessas imagens e depois realiza-se a interpolação dos contornos segmentados obtendo-se assim a respetiva modelação 3D. Assim, a segmentação e a reconstrução 3D de estruturas a partir de imagens são duas tarefas que aparecem frequentemente associadas de forma sequencial [63].

Embora sejam apresentados diversos critérios para a reconstrução de modelos 3D, as metodologias são essencialmente baseadas na localização de características geométricas ou de intensidade. Deste modo, a correspondência entre os píxeis (imagens 2D) ou vóxeis (imagens 3D) de uma imagem modelo/referência ficam indexados aos *píxeis/vóxeis* da imagem que se pretende sobrepor. A precisão geométrica decresce com o aumento do espaçamento entre a aquisição das fatias.

O desenvolvimento computacional já descrito na introdução deste capítulo permitiu alcançar um avanço significativo na análise numérica. Assim, têm aparecido nos últimos anos métodos cada vez mais poderosos, que têm permitido a criação de modelos mais fiáveis de estruturas com geometrias complexas, sem que tal venha a trazer a desvantagem de um consumo exagerado ou largos tempos de espera para a execução de análises comportamentais. Estes métodos numéricos são importantes para a obtenção de uma estrutura volumétrica, permitindo posteriormente a realização de simulações para o estudo biomecânico.



### 4.2.1- Métodos sem Malha (*Meshless Method*)

Para ultrapassar dificuldades na geração de um modelo para análise biomecânica, a comunidade científica focou-se no desenvolvimento de técnicas de discretização sem malha. Estas técnicas têm sido amplamente investigadas nas duas últimas décadas, apesar de terem origem na década de 1970 [75, 76]. Métodos sem malha também denominados métodos de reconstrução, podem ter por base a extração da isosuperfície, através de técnicas de extração de contorno para separar diferentes intensidades em diferentes regiões. A partir dos contornos obtidos através da etapa de segmentação, é aplicado um método de interpolação para reconstruir a superfície da estrutura. Este método assenta no emparelhamento entre as estruturas extraídas das imagens. Muitos dos algoritmos de emparelhamento baseiam-se na localização de pontos de referência nas imagens de forma a realizar a sua correspondência, manual ou automática. Desta forma, os métodos sem malha surgiram com o objetivo de eliminar o processo de geração da malha. Tal como o método de elementos finitos, são um método de aproximação numérica para a resolução de equações diferenciais, embora nos métodos sem malha seja pressuposto a discretização do domínio em nós colocados de forma aleatória, sem que exista qualquer tipo de interligação entre eles (domínio de influência em vez da criação). Assim esta metodologia permite definir as funções de aproximação unicamente em termos dos nós [77]. Em oposição à regra de não sobreposição entre elementos do método de elementos finitos, nos métodos sem malha os domínios de influência podem e devem sobrepor-se entre si [3]. Estes métodos evitam problemas com a distorção da malha e faz com que não seja necessária refazer a malha (*re-meshing*).

Segundo o autor *Idelsohn* [78] “ um método sem malha é um algoritmo no qual a definição de função de forma depende apenas da posição do nó e na avaliação da conectividade do nó (se é delimitado no tempo e linear com o número total de nós no domínio) ”. Aplicações deste método a partir de imagens médicas para a análise de *stress*/tensão de um fémur associada quer a superfícies não convexas, a descontinuidades na interface do osso ou ao comportamento mecânico de osso esponjoso (compressão), encontram-se descritas nos trabalhos desenvolvidos por [39] e [51]. No trabalho desenvolvido por *James Lee e outros* [79], foi criado um modelo para analisar o processo de osteoporose relacionando a fratura com a densidade e força do osso.

Adicionalmente, trabalhos recentes [80-82] mostraram que na combinação de técnicas de imagiologia, como RM e TC, a aplicação de métodos sem malhas apresentou maior eficiência quando comparada com o método MEF.

Outro trabalho que trata da reconstrução 3D por isosuperfícies é o trabalho apresentado por *G. Barequet e outros* [83], onde o algoritmo consiste em dois passos principais. Primeiro os contornos de cada fatia (*slice*) consecutiva são sobrepostos e preenchidos, fazendo com que forme polígonos 3D, denominados por fissuras (*clefts*), em segundo os *clefts* são consistentemente interpolados com as camadas vizinhas.

Comparações com o MEF mostram que os métodos sem malha são uma ferramenta numérica eficaz para a simulação biomecânica [3, 39, 80].

Algumas vantagens da aplicação de métodos sem malha referidas em [39], são que este método permite ultrapassar as dificuldades associadas à distorção dos elementos, como no caso de inclinações e distorção de ângulo, evita o *re-meshing* (refazer a malha) assim como o facto de serem mais apropriados para lidar com problemas de grande deformação e de

geometria complexa. Outras vantagens foram também referidas por [80], como o facto de poder beneficiar a análise de imagem cardíaca na medida em que permite uma distribuição mais flexível dos nós para adaptar à qualidade da imagem local (condição que não pode ser imposta diretamente nos valores dos nós) e também a menor complexidade computacional associada aos métodos sem malha, quando comparados ao MEF em termos de eficácia.

#### 4.2.2- Método de Elementos Finitos (MEF)

O método de elementos finitos (MEF) teve origem na década de 1950, e a sua prática corrente tornou-se possível com o aparecimento dos computadores, facilitando, desta forma, a resolução de equações algébricas complexas e em número elevado. É uma técnica numérica computacional que permite avaliar soluções aproximadas para problemas comuns encontrados em ambientes de engenharia. Desta forma surge como um método matemático de aproximação que consiste na discretização (subdivisão) de um meio contínuo em pequenos subdomínios (elementos finitos), mantendo as mesmas propriedades do meio original [84]. A quantidade de elementos e a consequente qualidade da malha vai ser um fator primordial para a obtenção de uma solução mais fiável da estrutura real. O método dos elementos finitos permite estabelecer a matriz de rigidez da estrutura discretizada, que por sua vez irá permitir determinar o campo dos deslocamentos.

Com isto, os principais passos para gerar um modelo biomecânico, pelo MEF, passam por reconstrução da geometria, geração da malha de elementos, definição das propriedades dos materiais, construção da matriz de rigidez e por último a obtenção dos campos de variáveis (deslocamentos, deformações e tensões) e interpretação de resultados [5].

Nos dias de hoje, muitas ferramentas incorporam as características necessárias para a aplicação do MEF como exemplo o *Abaqus*® e o *Ansys*®, entre outros [85].

A aplicação do MEF à biomecânica ortopédica tem sido uma ferramenta poderosa para a resolução de problemas complexos, sendo já descrita desde 1972 [86]. Um grande desafio nesta área continua a ser a atribuição automática de propriedades dos materiais ósseos das HU no MEF. Em [54] é proposta uma nova abordagem que divide o procedimento em 2 passos: gerar um ficheiro de dados de intensidade da imagem do osso no *MATLAB*® e leitura do ficheiro no *Abaqus*® para construção do modelo. Grandes esforços têm sido feitos pela comunidade científica a fim de investigar a correlação entre a densidade dos tecidos ósseos com os resultados de previsão do comportamento mecânico obtidos pelo método de MEF [59-61, 87].

Vários estudos aplicam técnicas de reconstrução de modelo através de malhas com elementos finitos na área da ortopedia [88-90]. Estes estudos demonstram ter grande importância e viabilidade na medida em que são efetuados já a algumas décadas. Um resumo do estado da arte no que diz respeito à trabalhos com o objetivo de modelação por elementos finitos para a análise de forças/tensão e risco de fratura, aplicados a ossos longos, ossos planos, osso irregulares e dentes é apresentado na seguinte tabela (Tabela 4.1).

**Tabela 4.1** - Estado da Arte do MEF aplicado a diferentes ossos obtidos por imagens médicas (TC).

Tipo do Osso	Autores
Ossos Longos (Fémur/Tíbia)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Shlomo A. Marom e Martin J. Linden</i> (1990) [10];</li> <li>• <i>Marco Viceconti e outros</i> (1998) [91];</li> <li>• <i>Z. Yosibach e outros</i> (2007) [92];</li> <li>• <i>Bino Varghese e outros</i> (2011) [93];</li> <li>• <i>J. Zhang e outros</i> (2012) [94];</li> <li>• <i>T. Gross e D.H. Pahr</i> (2013) [95].</li> </ul>
Ossos planos (Ossos da anca)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Radhakrishna Suppanee e outros</i> (2013) [96];</li> <li>• <i>Ilaria Campioni e outros</i> (2013) [97];</li> <li>• <i>Jérôme Thevenot e outros</i> (2014) [98].</li> </ul>
Ossos irregulares (Espinha dorsal)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>W. Wolanski e outros</i> (2013) [99]</li> </ul>
Dentes	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pascal Magne</i> (2007) [100];</li> <li>• <i>A. Correia e outros</i> (2013) [101].</li> </ul>

No trabalho [102], os autores fazem um modelo de reconstrução através de TC para prever força e tensão na anca e no fémur, onde as análises demonstraram o local da fratura em ambos os modelos. Mais recentemente, novas interpretações particulares do MEF com o uso de “*Cartesian Grid (CG)*” foram implementadas por [84, 103, 104]. Esta implementação chama-se CG-FEM, e consiste numa malha de elementos quadriláteros (cubos em 3D) que não obedece necessariamente à geometria, o que leva a que seja implementado com sucesso em 2D e apresentem resultados promissores para a aplicação 3D. [84]

Através da revisão dos estudos apresentados, podemos afirmar que o MEF é uma ferramenta numérica muito usada para a análise de implantes ósseos permitindo estimar mudanças no campo das tensões no domínio do osso por inserção de um sistema de implante [3, 105]. Através do uso da análise combinada de MEF com um algoritmo de remodelação do tecido ósseo leva-nos a uma melhor previsão a longo prazo da influência da substituição protética na massa do osso de um fémur, por exemplo [106] e [107].

Para a resolução de problemas que envolvam grandes deformações, em que existam geometrias complexas, descontinuidades do domínio ou propagação de fraturas, o método de elementos finitos, por recorrer a uma malha, não é adequado para simular a realidade, na medida em que não se adequa ao tratamento de descontinuidades [108].

Em conclusão o MEF desde sempre que é o método mais utilizado, contudo cada vez mais a necessidade de melhores modelos para um consequente melhor estudo, levam a que seja necessário a procura de melhores métodos numéricos. Por isso, os métodos sem malha começam a ganhar importância no campo da biomecânica Ortopédica por apresentarem várias vantagens, como serem um processo fiável na previsão de processos de remodelação, rutura ou dano das estruturas biológicas.



# Capítulo 5

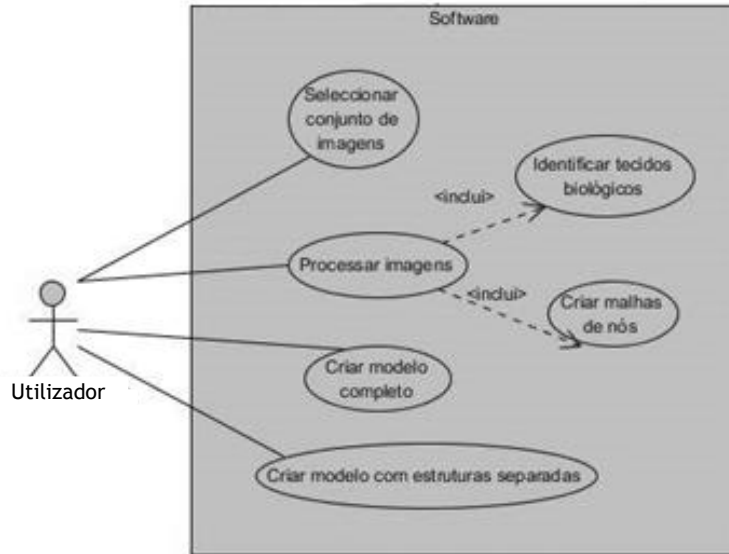
## Metodologia Desenvolvida

### 5.1- Considerações Gerais

De forma a criar uma ferramenta computacional que permita a distinção dos tecidos biológicos (neste caso o tecido de interesse é o tecido ósseo) e simultaneamente possibilite a criação de uma malha de nós, são neste capítulo apresentadas, de forma detalhada, as etapas e os métodos utilizados para que seja possível atingir o objetivo inicialmente proposto desta Dissertação.

Tendo em conta o nível de complexidade, a apresentação da metodologia para o desenvolvimento desta ferramenta encontra-se descrita por etapas. Primeiramente foi feita uma compreensão inicial dos dados utilizados ao longo deste trabalho. De seguida, e uma vez que esta ferramenta proporciona a obtenção de dois tipos de modelos (malhas) diferentes, serão apresentadas as etapas que permitem o processamento das imagens, passo este que é indispensável à obtenção de qualquer um dos modelos. Posteriormente serão apresentadas as fases pós-processamento específicas para a construção de cada malha. Este *software* possibilitará, por um lado a representação de toda a estrutura óssea presente nas imagens, e por outro lado, apenas a reprodução isolada de um osso, neste caso em específico da articulação da anca.

Na figura 5.1, é apresentado um diagrama de casos de uso, que tem por finalidade a descrição das principais funcionalidades propostas para a ferramenta computacional, através da demonstração do conjunto de eventos que um ator/utilizador terá que fazer para completar o processo de utilização. Isto é, escolhendo um conjunto de imagens correspondente a um exame imagiológico de um paciente, a finalidade do sistema será possibilitar a identificação da estrutura óssea e conseqüente criação de nós que representarão tais estruturas. Para além disso, terá duas possibilidades de obtenção de uma malha 3D, como acima referido, podendo depois utilizar essas malha para a realização de simulações. Estas simulações terão por base a aplicação de um método numérico, como Método de Elementos Finitos ou Métodos sem malha, permitindo prever o comportamento das estruturas de interesse em determinadas situações, individualizando e melhorando a prestação de cuidados de saúde.



**Figura 5.1** - Diagrama de casos de uso, desenvolvido através da ferramenta de *design Visual Paradigm*<sup>®</sup>.

De forma a implementar as etapas até aqui referidas, a plataforma utilizada foi o *software MATLAB*<sup>®</sup> (versão *R2013a*). Este consiste numa linguagem de computação de alto nível, com um ambiente de desenvolvimento de algoritmos, de computação numérica, de análise e visualização de dados. As suas utilizações mais frequentes englobam as áreas de computação e cálculo numérico, teoria de controlo automático, estatística e técnicas de processamento de imagens e sinais.

Para além disso, é também de importante realce que o computador utilizado para a concretização quer da programação, quer da obtenção de resultados apresenta as seguintes características:

Sistema Operativo: *Windows 8.1 64 bits*;  
 Processador: *Intel Quad-Core i7-4700HQ @ 2.4 GHz*;  
 Memória instalada (RAM): *8.00 Gb*.

## 5.2- Compreensão inicial dos dados

Para a concretização deste projeto foram utilizados dois conjuntos de imagens resultantes de um exame feito através da modalidade de TC. Os dois conjuntos contêm imagens 2D no formato *DICOM*, representantes da mesma secção corporal mas em diferente plano anatómico.

Este formato *DICOM* é atualmente definido como o padrão internacional que define o tratamento, o processo de armazenamento e a transmissão da imagem médica digital. Consiste essencialmente numa série de normas, que permitem a troca de imagens médicas e da informação associada, entre equipamentos e computadores de fabricantes diferentes e até mesmo entre Hospitais [109]. Estes ficheiros são armazenados utilizando a tecnologia *PACS* (*Picture Archiving and Communication System*) que possibilita um armazenamento mais rentável e seguro de dados médicos num local centralizado. Estes dados são guardados

através da utilização de uma computação em nuvem (usualmente denominado de sistema *cloud*). A vantagem deste tipo de armazenamento passa pelo facto de oferecer um acesso mais rápido e conveniente aos dados médicos de um paciente por parte de um médico especialista, sempre que necessário, uma vez que consiste num conjunto de servidores compartilhados e interligados por meio da internet [110].

É então num primeiro momento, que os conjuntos de imagens são visualizados e que através da análise do cabeçalho do ficheiro *DICOM* são examinadas as informações relevantes quer em relação à imagem quer em relação ao paciente. Existem várias etiquetas (*ID's*) dentro do mesmo ficheiro *DICOM*, onde cada uma contém uma lista de propriedades ou valores (medidas normalmente apresentadas na unidade de milímetro). Quanto à ordem em que aparece a informação no ficheiro, esta encontra-se descrita na figura 5.2, tendo por objetivo esquematizar e organizar de uma forma lógica e perceptível os dados. Este planeamento da informação mostra que o paciente é o “objeto” de estudo e cada exame a si associado vai ter uma identificação (série), independentemente da modalidade de imagem utilizada. Cada série contém um determinado número de ficheiros *DICOM* (normalmente, um único ficheiro *DICOM* reproduz apenas uma imagem de um conjunto de imagens que constitui o exame imagiológico, sendo designada de “fatia”, em inglês *slice*), sendo possível através da informação presente no “cabeçalho”, extrair os dados suficientes acerca do paciente.

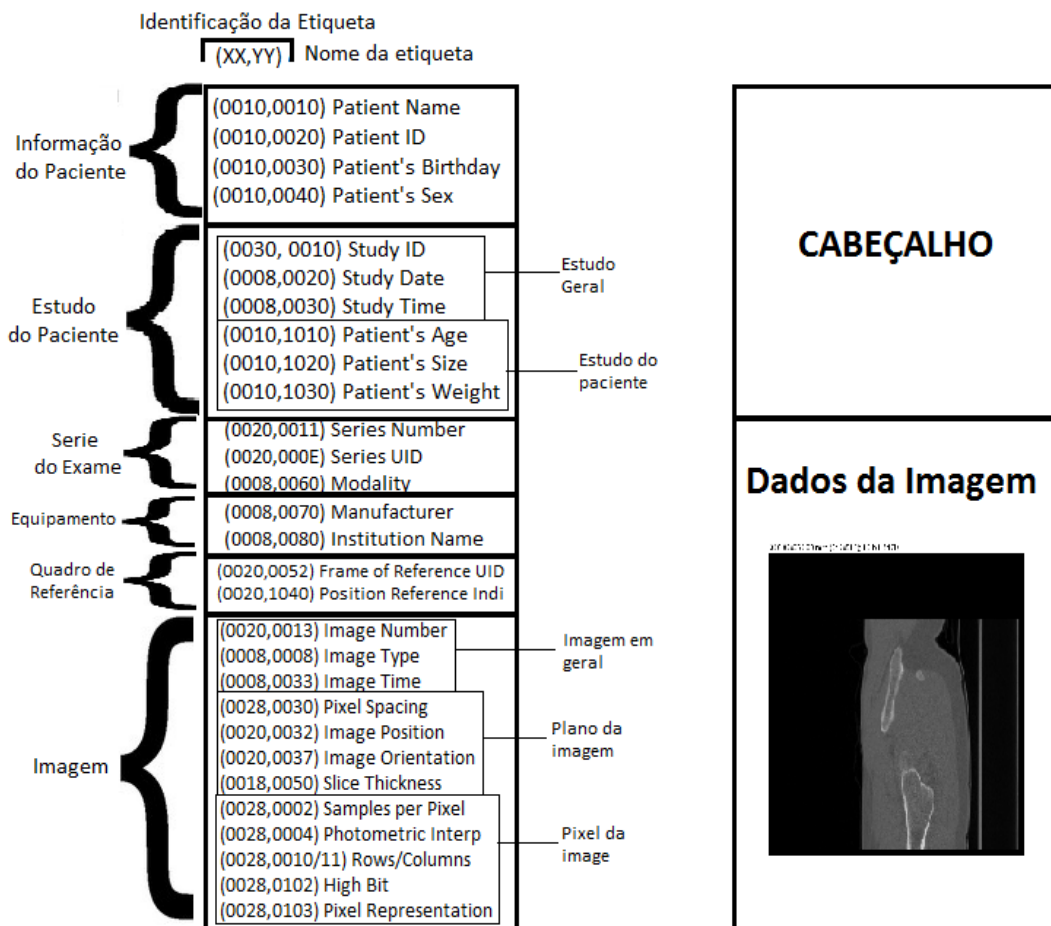
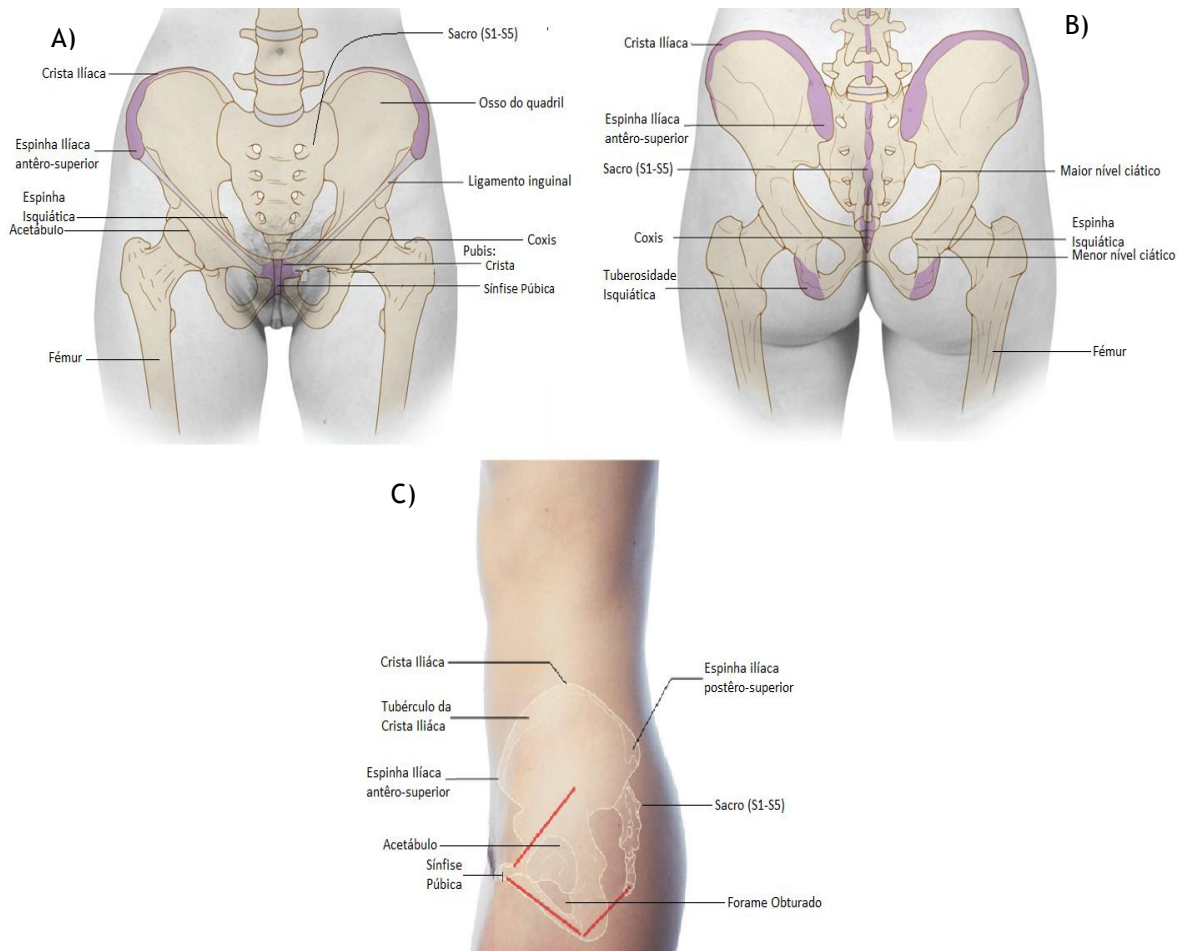


Figura 5.2 - Estrutura organizacional da informação de um “header” do ficheiro *DICOM*.

Através da visualização dos dois conjuntos acima mencionados, foram de imediato perceptíveis alguns aspetos importantes que os distinguem.

Primeiro, e como referido, ambos os conjuntos correspondem à mesma secção corporal. A secção representada pelas imagens da figura 5.3 consiste na articulação da anca de um ser humano, neste caso concreto de um adulto do sexo feminino. Ao nível das estruturas ósseas, este conjunto de imagens permite a identificação dos dois fémures (esquerdo e direito), do osso pélvico e de algumas vértebras (da região Sacro e Cóccix).



**Figura 5.3** - A) Vista anterior da secção corporal representada nas imagens; B) Vista posterior da secção corporal representada nas imagens; C) Vista lateral da secção corporal representada nas imagens.

Adaptado de [111].

Na elaboração desta Dissertação foi utilizado um CD anonimizado disponibilizado pelo Hospital Central do Porto (HCP), contendo dois conjuntos de imagens médicas: um conjunto contém 93 imagens e o outro contém 137 imagens. Ao nível dos planos anatómicos de referência um dos conjuntos de imagens (93 imagens) foi obtido no plano transversal (também chamado por alguns autores plano axial) (Figura 5.4 A) e o outro (137 imagens) foi obtido no plano sagital (Figura 5.4 B)). De forma a facilitar referências futuras aos conjuntos, o conjunto obtido no plano transversal será designado de conjunto T e o conjunto obtido pelo plano sagital será chamado de conjunto S.



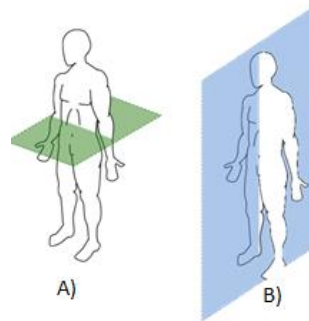


Figura 5.4 - A) Plano anatômico de referência transversal (Conjunto T); B) Plano anatômico de referência sagital (Conjunto S).

### 5.3- Construção do Algoritmo

A metodologia para a formulação da ferramenta computacional foi baseada em sete etapas principais. Resumidamente as etapas são: seleção de um conjunto de imagens, indicação do plano anatômico de referência, processamento das imagens (que engloba três processos: distinção de tecidos biológicos, cálculo da densidade óssea e criação dos nós), verificação da sobreposição de nós, atribuição da densidade aparente óssea a cada nó, construção e representação da malha 3D (total ou por partes) e por fim a criação de um ficheiro de *input* do tipo \*.INP. Adicionalmente, caso os dados já tenham sido processados e o utilizador apenas os queira visualizar, esta ferramenta permite essa opção sem ser necessária a repetição das etapas referentes ao processamento dos dados.

A sequência de passos da abordagem adotada é esquematizada pelo fluxograma da figura 5.5.

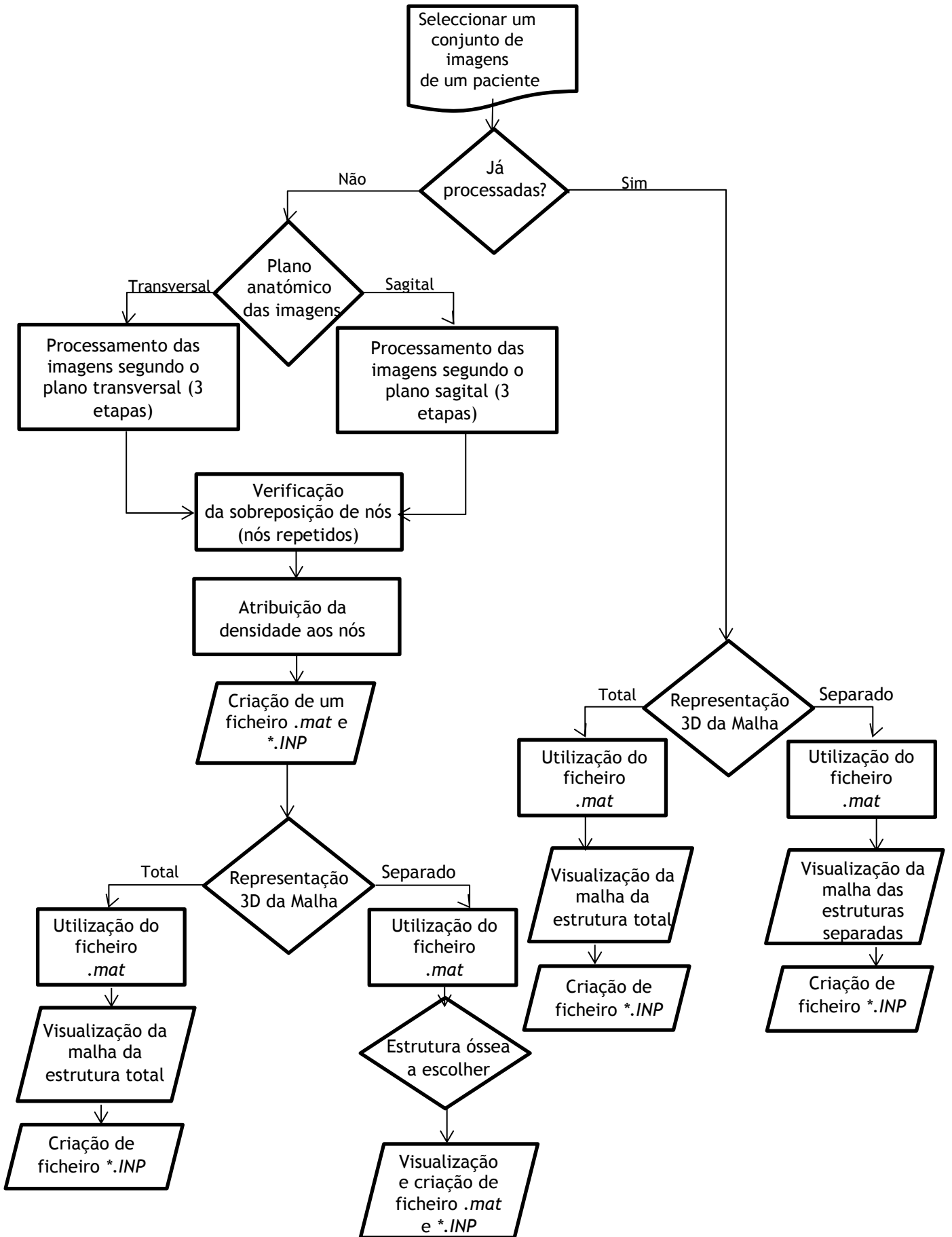


Figura 5.5- Fluxograma da abordagem proposta para a metodologia.

Então, para dar início à execução da ferramenta computacional, é primeiro necessário a introdução de dados. Os dados consistem num conjunto de imagens médicas de um determinado paciente. Estas terão de ser selecionados pelo utilizador através da escolha do diretório da pasta onde se encontram arquivadas as imagens num computador. Após selecionado o diretório, todas as imagens presentes tem que ser processadas pelo menos uma vez, para que, de acordo com o apresentado na figura 5.5, haja a opção de visualização dos dados extraídos de um diretório definido. Desta forma evita-se o reprocessamento dos dados presentes num diretório, permitindo uma visualização direta dos dados, sem passar novamente pelas etapas de processamento.

As etapas consequentes serão apresentadas nos seguintes subcapítulos.

### 5.3.1- Processamento das Imagens Médicas

Para dar início ao processamento das imagens, por intermédio da opção do utilizador, é necessário selecionar-se o plano anatómico em que os conjuntos de imagens foram adquiridos. Esta etapa é fundamental, na medida em que a escolha do plano é determinante como condição para algumas etapas seguintes. Uma vez escolhido o conjunto de imagens e selecionado o plano, segue-se a etapa de processamento das mesmas, que é indispensável para a concretização de todas as etapas seguintes.

Para isto, foi feita a contagem do número total de ficheiros do tipo *DICOM* presentes na localização selecionada. Através da utilização do comando “*dir*” no *MATLAB*<sup>®</sup>, foi possível a listagem e contagem de ficheiros de um determinado tipo (neste caso tipo *\*.dcm*), armazenados num diretório.

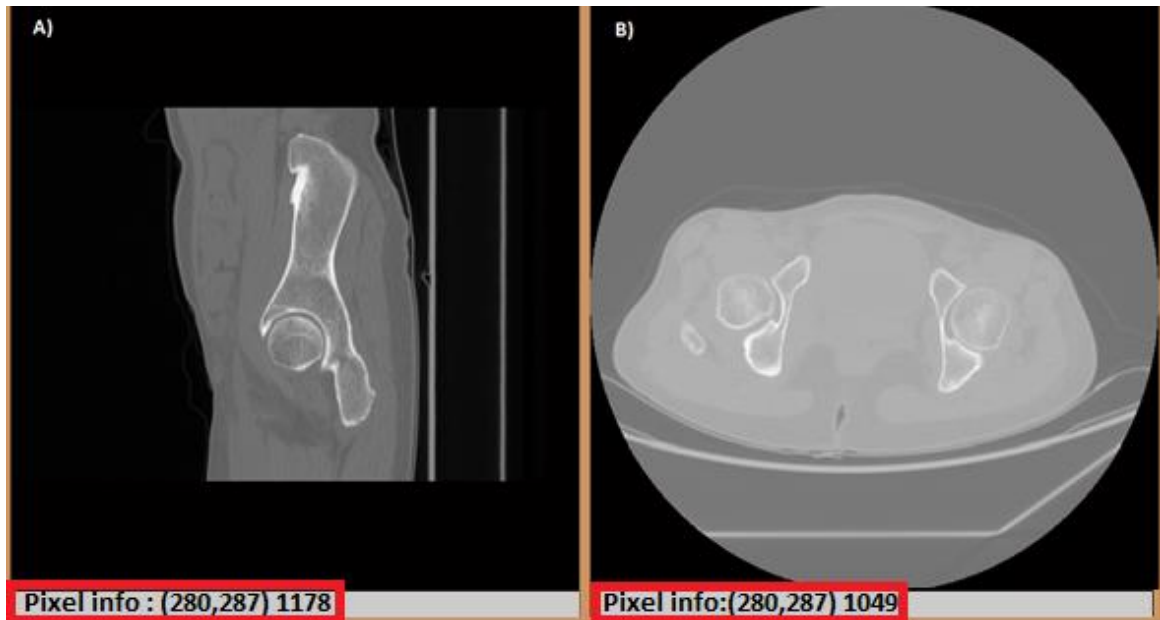
Para o desenvolvimento desta ferramenta, a contagem dos ficheiros *DICOM* no diretório é guardada numa variável que servirá de condição para a execução de um ciclo de repetições (chamado em linguagem de programação *loop*). Ao servir de condição significa que o ciclo será repetido obrigatoriamente até a condição ser atingida, ou seja, o ciclo de repetições só está concluído depois de ser repetido o número de vezes correspondente ao total de imagens existentes no diretório selecionado.

No interior deste ciclo foram arquitetadas três processos principais que serão expostos de uma forma detalhada mais à frente neste subcapítulo. Devido ao ciclo ser executado para todas as imagens, todos os processos são realizados individualmente, ou seja por imagem, sendo possível conservar os dados de uma imagem até ao início de nova repetição do ciclo através de uma variável que grava o nome do ficheiro.

Utilizando a variável com o nome do ficheiro, através das funções específicas existentes no *MATLAB*<sup>®</sup> para dados *DICOM*, é possível ler os dados da imagem e obter a informação presente no cabeçalho dos ficheiros. Através da função “*dicomread*” o *MATLAB*<sup>®</sup> consegue ler a imagem definindo-a como uma matriz bidimensional, *Imagem(x,y)*, onde *x* e *y* são as coordenadas espaciais dos elementos que formam a matriz. Cada elemento da matriz corresponde a um único pixel e o valor apresentado nessa posição representa os coeficientes de atenuação de uma secção no corpo do paciente, traduzidos numa escala linear de cinzentos (resultando numa imagem *grayscale*), designado de intensidade. No caso destas imagens, independentemente do conjunto em que a imagem se insere, o tamanho da matriz é de 512x512, dando um total de 262144 píxéis por imagem. A Figura 5.6 exemplifica uma

imagem de cada conjunto e demonstra o valor da intensidade de um pixel que se encontra na posição (280,287).

Outra função utilizada foi a “*dicominfo*” que permite aceder a toda a informação presente no “cabeçalho” do ficheiro *DICOM*, como indicado no esquema apresentado anteriormente da figura 5.2. Parte desta informação será necessária para a realização de algumas etapas ao longo do desenvolvimento do *software*, ficando a informação guardada numa outra variável denominada de *info*.



**Figura 5.6** - Demonstração de uma imagem *DICOM* de cada conjunto. A) Imagem do conjunto S; B) Imagem do conjunto T.

Após a leitura da imagem, o primeiro dos três processos presentes dentro do ciclo tem por objetivo a distinção dos tecidos biológicos e consiste numa etapa de segmentação das imagens. Esta etapa, de extrema importância para a reprodução de modelos 3D, traduz-se na decomposição da imagem em regiões ou objetos que a constituem, onde os pixels em cada região possuem um conjunto idêntico de propriedades ou atributos. Uma vez que o objetivo principal passa pela distinção de tecidos biológicos, esta etapa proporciona a identificação do tecido de interesse, neste caso o tecido ósseo. Para tal, procedeu-se à análise do histograma das imagens, que consiste numa função discreta do tipo:

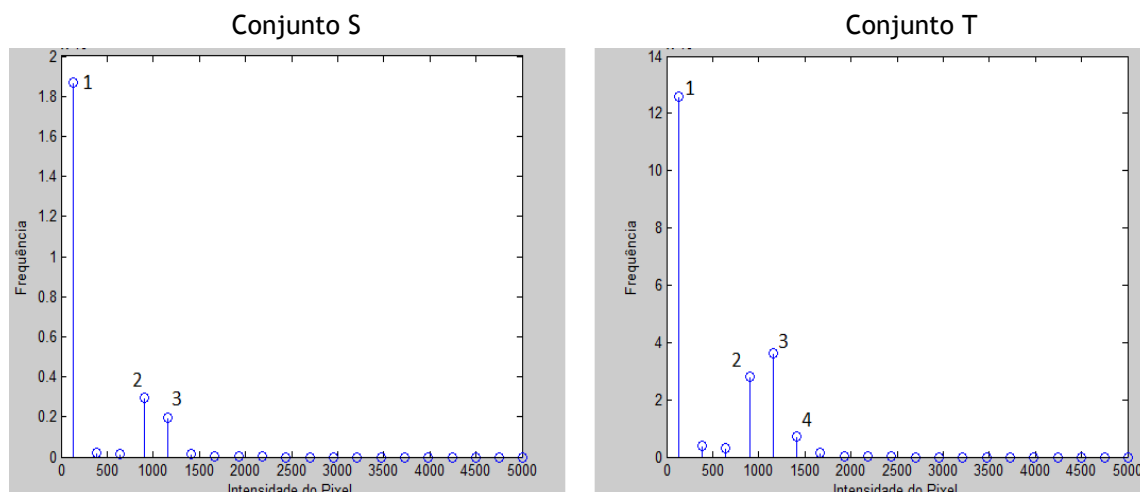
$$h(r^k) = n^k \quad (5.1)$$

Onde:

$r^k$  - é a intensidade do pixel

$n^k$  - é o número total de pixels na imagem com esse valor de intensidade

Com a análise do histograma, verificou-se que este subdividia a imagem, independente do plano anatómico, em mais do que uma região, como se pode ver pelos picos dos histogramas apresentados na figura 5.7. A apresentação de apenas um histograma por conjunto, deve-se ao fato destes serem praticamente idênticos para todas as imagens do mesmo conjunto a que pertencem.



**Figura 5.7-** Distribuição da frequência de ocorrência dos pixels em duas imagens (a da esquerda do conjunto S e a da direita do conjunto T), representado por histograma.

Esta subdivisão em várias regiões é explicada pelo alto contraste existente nas imagens médicas, fruto dos diferentes graus de interação entre os raios-x e os tecidos, como já referido anteriormente no capítulo 3. Observando o histograma das imagens do conjunto S, verificamos que o pico 1 corresponde ao fundo da imagem devido ao seu valor de intensidade estar perto de 0. Portanto, a região representada entre o pico 1 e o pico 2 corresponde à transição entre fundo (ar) e o corpo do paciente. Já a zona representada entre o pico 2 e o pico 3 é correspondente à transição entre o corpo do paciente e a estrutura óssea. Esta última aparece representada na imagem com valores de intensidade mais altos (intensidade mais perto dos tons brancos). É portanto, nesta transição, que será calculado o valor de limiarização (*threshold*) para as imagens do conjunto S. Por outro lado, nas imagens do conjunto T, o procedimento é exatamente o mesmo, embora aqui apareça representado mais um pico no histograma. Como se pode observar no exemplo demonstrado na figura 5.7 do conjunto T, a região entre o pico 1 e pico 2 representa a passagem do fundo negro para o círculo em tons de cinza que corresponde ao ar do interior da *gantry*, como se pode reconhecer visualizando a figura 5.6 B). A zona entre o pico 2 e o pico 3 corresponde à mudança de tons de cinza do interior da *gantry* para os tons de cinza do corpo do paciente, enquanto a passagem da região 3 para 4 é a região onde há a separação entre os pixels que correspondem ao tom de cinza do corpo humano e os pixels que representam a estrutura óssea. É com base nestes dois últimos tons de cinza (referentes à região 3 e 4) que será calculado *threshold* para as imagens do conjunto T.

Assim, uma vez que as imagens de um conjunto apresentam todas um histograma com aspeto semelhante aos representados na figura 5.7, foi estabelecido de forma automática o cálculo do valor de limiarização. Uma vez que o cálculo é efetuado entre picos com numeração diferente, em cada um dos conjuntos de imagens (conjunto S: 2-3; conjunto T: 3-4), a informação do plano anatómico dada pelo utilizador será aqui importante na escolha da fórmula de cálculo. Ao exibir o histograma de uma imagem, são guardados automaticamente na variável *x*, o valor da intensidade dos picos, e noutra variável (*counts*) com a mesma forma, a contagem dos pixels em que essa intensidade aparece.

Com estas duas variáveis, o valor de limiarização (VL) é calculado de forma semelhante para ambos os conjuntos, sendo a equação 5.2 para o conjunto S e a 5.3 para o conjunto T:

$$VL_S = \left( x(\text{Pico2}) \times \frac{\text{counts}(\text{Pico2})}{\text{counts}(\text{Pico2}) + \text{counts}(\text{Pico3})} \right) \times \left( x(\text{Pico3}) \times \frac{\text{counts}(\text{Pico3})}{\text{counts}(\text{Pico2}) + \text{counts}(\text{Pico3})} \right) \quad (5.2)$$

$$VL_T = \left( x(\text{Pico3}) \times \frac{\text{counts}(\text{Pico3})}{\text{counts}(\text{Pico4}) + \text{counts}(\text{Pico3})} \right) \times \left( x(\text{Pico4}) \times \frac{\text{counts}(\text{Pico4})}{\text{counts}(\text{Pico4}) + \text{counts}(\text{Pico3})} \right) \quad (5.3)$$

Após o cálculo do VL, é feita uma binarização da imagem inicial, ou seja, a imagem inicial que está em tons de cinzentos é transformada em uma imagem binária (que só tem pixels com valores de 0 e 1, respectivamente preto e branco). A transformação é feita mapeando a imagem pixel a pixel segundo a seguinte analogia:

$$\text{Imagem}(x,y) \begin{cases} 1 & \text{se Imagem}(x,y) > VL \\ 0 & \text{se Imagem}(x,y) \leq VL \end{cases} \quad (5.4)$$

Isto permitirá considerar como fundo todos os pixels que contém intensidade abaixo ou igual a VL (atribuindo valor 0 - cor preta) e considerar estrutura de interesse todos os pixels que contém intensidade acima de VL (atribuindo valor 1 - cor branca), provocando assim a identificação da estrutura de interesse nas imagens.

Com a binarização concluída, é aplicado um filtro próprio para imagens binárias que possibilita a remoção de pixels que não são considerados estrutura de interesse. Usando o comando (*bwareaopen*), este viabiliza a remoção de pixels com valor 1 que estavam completamente isolados na imagem, identificados como não sendo estrutura de interesse, utilizando para isso dois parâmetros: a área do pixel e o número de conexões com pixels vizinhos.

Uma vez que os pixels com valor igual a 1 são aqueles que representam a estrutura óssea na imagem, é apenas sobre estes pixels que são aplicados os seguintes dois processos presentes no interior do ciclo.

O primeiro desses processos efetua o cálculo da densidade óssea através de uma correlação feita com o valor de intensidade do pixel. Vários autores [3] e [8] defendem a ideia de que a densidade aparente do tecido ósseo é uma propriedade muito relevante, influenciando significativamente as propriedades mecânicas e consequente comportamento do tecido ósseo. Pela interpretação do trabalho de *P.Zioupos* [8], pode-se inferir que a densidade conferida aos *vóxeis* que formarão o modelo 3D pode ser obtida pelos valores da escala de unidades de *Hounsfield* atribuída a cada pixel que forma a imagem. Como referido no capítulo 3 aquando da apresentação da unidade de *Hounsfield*, verificou-se que é normalmente atribuído o valor de -1000 HU ao ar. Assim, tendo esse valor em consideração, ao analisar as imagens *DICOM*, verificou-se também que o valor de intensidade atribuído pela escala de tons de cinzentos à região correspondente ao ar é 0 (ou perto de 0). A grande diferença entre estas escalas é que a escala de HU é uma medida quantitativa da radio-densidade, enquanto a escala de tons de cinza exhibe uma medida relativa da radio-densidade. Neste caso, para converter os valores de intensidade encontrados em imagens de TC

(normalmente variam entre 0 e 4000) para HU, é necessário a aplicação de uma transformação linear segundo a equação 5.5.

$$\text{Valor de HU} = (\text{Intensidade do Pixel} \times \text{Inclinação}) + \text{Interceção} \quad (5.5)$$

Os valores de inclinação e interceção estão normalmente armazenados no cabeçalho do ficheiro *DICOM*. A identificação no ficheiro da inclinação é (0028,1053) *Slope Rescale* e a da interceção é (0028,1052) *Rescale Intercept*. A obtenção destes valores para a aplicação desta transformação só é possível através da variável *info*, referida anteriormente. A aplicação desta transformação linear é feita pixel a pixel e provoca a alteração dos valores de intensidade dos pixéis, alterando, naturalmente, o intervalo de intensidades como exemplificado na figura 5.8. A transformação dos valores da escala de cinzento para unidade de *Hounsfield* deveu-se ao facto de padronizar o mais possível o cálculo da densidade óssea, pois a escala de cinzentos poderá variar de equipamento para equipamento, e até segundo a quantidade de energia utilizada [112]. O algoritmo permite identificar se o conjunto de imagens está em HU ou não, verificando então se é necessário processar a transformação ou não.

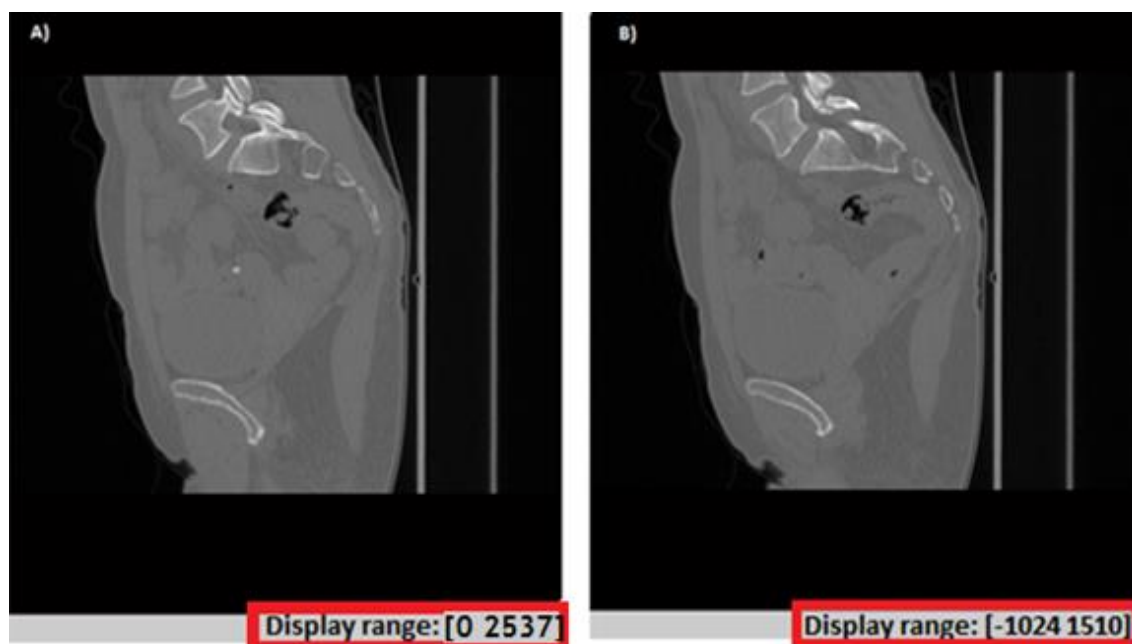


Figura 5.8 - A) Imagem original *DICOM*; B) Imagem após transformação linear para HU.

Após concluída a transformação, verificou-se na matriz da imagem binária a localização da posição dos pixéis que representam a estrutura, pois independentemente das transformações feitas, as imagens mantêm o mesmo tamanho. Isto significa que a localização de um determinado pixel na matriz bidimensional da imagem binária corresponde à mesma localização desse pixel na matriz da imagem com os valores de HU e na imagem original. Para além disso, de forma a ser possível o cálculo da densidade aparente, é necessário considerar ainda dois valores de limite de densidade: o limite mínimo  $0.1 \text{ g/cm}^3$  e o máximo  $2.1 \text{ g/cm}^3$ . Este intervalo de valores de densidade foi adotado, uma vez que maior parte das leis fenomenológicas para análise de tecidos ósseos consideram estes valores como verificado nos trabalhos publicados por *P.Zioupos* [8], por *J. Belinha* [113] e por *J.C. Lotz* [114].

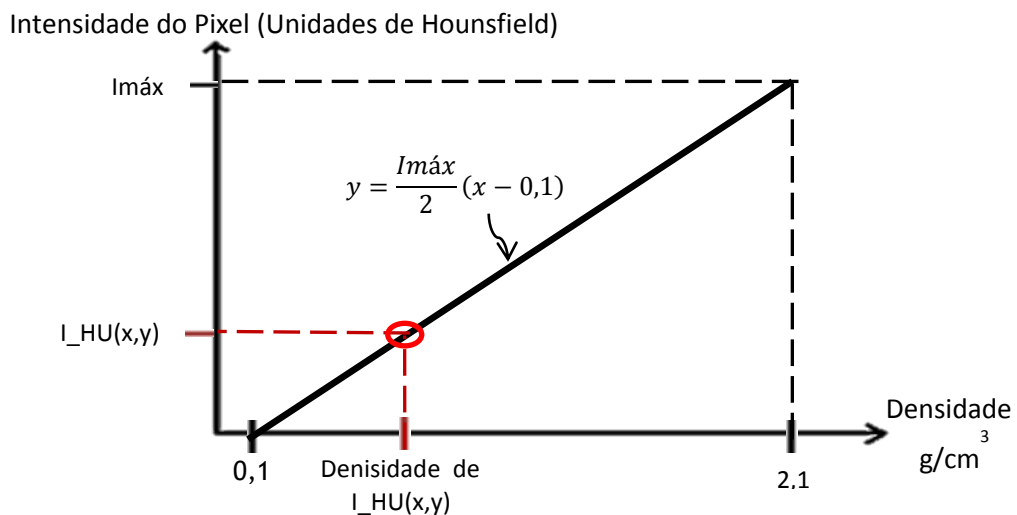
Tendo em conta tudo isto, o cálculo da densidade aparente consistiu numa relação direta, feita através da equação descrita em 5.6.

$$y = \frac{Imáx}{2}(x - 0,1) \quad (5.6)$$

Onde:

- y - valor de intensidade do píxel;
- Imáx - valor máximo de intensidade da imagem;
- x- valor de densidade a calcular;

A equação resulta de uma adaptação do intervalo de intensidades, depois de transformadas em HU, verificado na imagem com o intervalo de densidades referido anteriormente. Assim sendo, através da equação 5.6 foi possível fazer a relação direta entre o valor de intensidade dos píxéis que representam a estrutura óssea e o seu valor de densidade aparente, como demonstra o gráfico da figura 5.9.



**Figura 5.9** - Gráfico demonstrativo do cálculo da densidade aparente óssea por relação directa com o valor de HU do píxel.

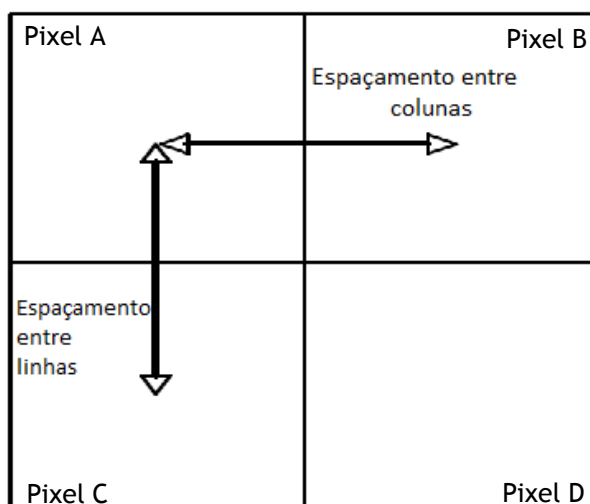
Os valores de densidade calculados para cada píxel são conservados numa variável chamada *MAT\_DEN*, para serem utilizados numa fase posterior do algoritmo. Após terminar o processamento de todas as imagens, ou seja, assim que o ciclo terminar, esta variável irá ter um número de elementos igual ao número total de píxéis que representam a estrutura óssea no conjunto total das imagens.

Por fim, como último processo realizado dentro do ciclo, são criados os nós, sendo este o outro processo acima referida que terá em atenção apenas os píxéis que revelam a estrutura óssea.

Um conjunto total de nós representa a geometria e a forma da estrutura desejada. Um nó é representado computacionalmente por um vetor contendo as suas coordenadas no espaço. A cada nó pode estar associado um determinado parâmetro e um conjunto de graus de liberdade. Os graus de liberdade representam a possibilidade de movimento do nó, estando dependentes da construção da sua estrutura. No caso específico deste trabalho, o parâmetro associado a cada nó é a densidade óssea. Para a obtenção das coordenadas tridimensionais de



um nó (x,y e z), utilizou-se a variável *info*. A partir da informação guardada nesta variável, é possível a obtenção do espaçamento (em milímetros) entre colunas e linhas da matriz bidimensional da imagem que está armazenada no cabeçalho do *DICOM* em (0028,0030) *Pixel Spacing*. A obtenção do espaçamento entre colunas será importante para o cálculo da coordenada x, enquanto a obtenção do espaçamento entre linhas é importante para o cálculo da coordenada y. O espaçamento entre pixéis representa a distância entre os centros dos pixéis, como representa a figura 5.10.



**Figura 5.10** - Representação do espaçamento entre pixéis, em milímetros, ao nível das colunas e das linhas.

Assim, o cálculo da coordenada x é feito pela multiplicação da coordenada espacial x de um pixel na matriz bidimensional da imagem com o valor da distância entre colunas. Para a coordenada y o processo é repetido, mas o cálculo aqui envolve a multiplicação entre a coordenada espacial y de um pixel e o espaçamento entre linhas. Para a coordenada z, o processo de cálculo consiste também numa multiplicação, mas neste caso usando o número de série da imagem no conjunto total e o espaçamento entre *slices* das imagens (permitindo uma perspectiva real da dimensão dessa secção do corpo). O número da imagem no conjunto é diretamente obtido pelo número de repetição do ciclo. A distância entre imagens (espaçamento entre *slices*) é obtida através da informação presente no cabeçalho do ficheiro *DICOM*, sendo dependente do plano anatómico de referência, que é facultado pelo utilizador na etapa inicial. Estando o paciente em decúbito dorsal, a posição da obtenção da imagem vai sendo alterada conforme o exame é realizado. Acompanhando o esquema da figura 5.11, se as imagens forem obtidas segundo o plano transversal, a posição irá sendo alterada ao longo do eixo Z, se forem obtidas segundo o plano sagital a posição irá sendo alterada ao longo do eixo X. Com isto, segundo o parâmetro (0020,0032) *Image Position (Patient)*, pode-se obter a distância entre imagens. Este parâmetro consiste em três valores, respetivamente eixo do x, y e z, sendo utilizado o valor do x (plano sagital) ou z (plano transversal), segundo a informação dada pelo utilizador quanto ao plano anatómico. A distância é calculada fazendo a subtração da posição associada à imagem que está a ser processada no ciclo com o valor da posição associada à imagem processada na repetição anterior (sendo este valor guardado numa variável para a realização desta avaliação). A utilização destes parâmetros para a criação dos nós, uma vez que as distancias se encontram na unidade de medida milímetro,

permite uma representação fidedigna (e à escala) da estrutura óssea a analisar.

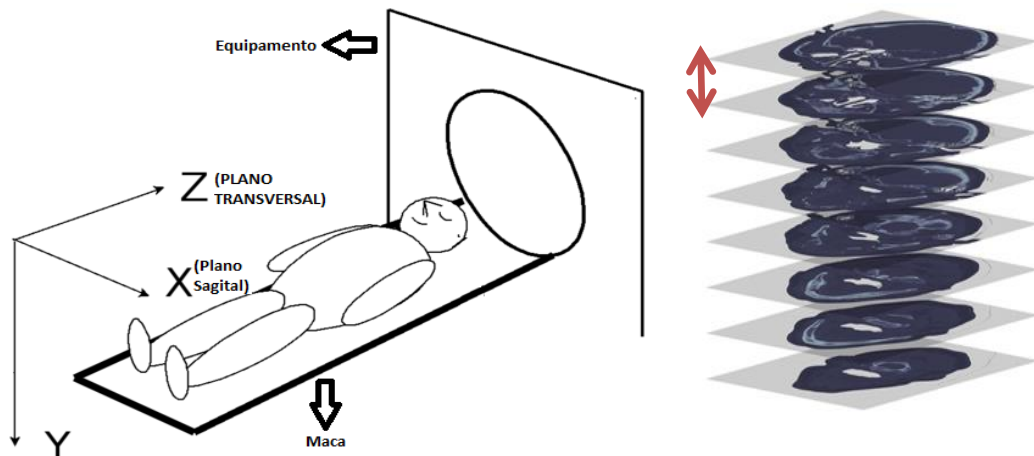


Figura 5.11- Esquema representativo para medição dos parâmetros (x, y e z) em decúbito dorsal.

Calculadas as três coordenadas para cada nó, a partir destas serão gerados oito novos nós à volta do nó anteriormente criado, que serão daqui em diante, os nós utilizados. O cálculo das coordenadas para cada um dos oito nós criados estão apresentadas nas equações 5.8 à 5.14. A razão para a criação exata de oito nós à volta deve-se ao facto de facilitar a criação de elementos, que irão constituir a malha, na forma de hexaedros, como demonstra a figura 5.13. Cada elemento hexaédrico é então formado por oito nós, e a numeração (1 a 8) destes é efetuada como indica a figura 5.12, ou seja, segundo a orientação dos ponteiros do relógio para cada quatro nós em diferentes valores no eixo ZZ. O tipo, forma e a posição de elemento, bem como o número total de elementos usados na malha (malha mais ou menos refinada) afetam os resultados obtidos e o tempo de processamento de cada análise. A criação de um número maior de nós permitirá discretizar mais a malha, permitindo um maior grau de detalhe para a obtenção de resultados coerentes. Note-se que os métodos de discretização que utilizam a forma fraca de *Galerkin* (como é o caso do MEF e de alguns métodos sem malha) são geralmente convergentes, i.e., o aumento da discretização conduz à estabilização da solução obtida (a solução convergente). No entanto o aumento da discretização leva a uma natural aumento do custo computacional.

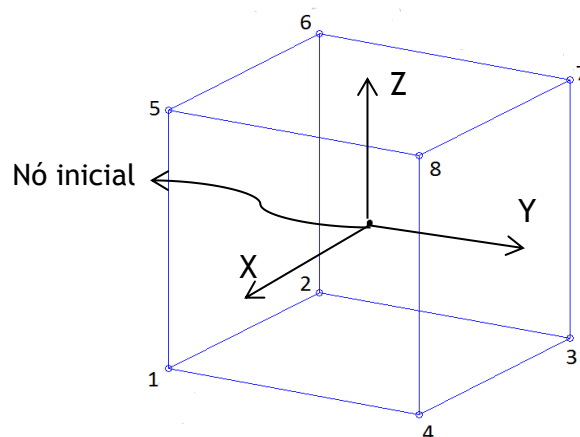


Figura 5.12 - Mapeamento dos oito nós criados à volta do nó inicialmente criado, bem como a demonstração do hexaedro *Lagrangeano* criado que dará origem ao elemento.

$$\text{Nó 1} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.7)$$

$$\text{Nó 2} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.8)$$

$$\text{Nó 3} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.9)$$

$$\text{Nó 4} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.10)$$

$$\text{Nó 5} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.11)$$

$$\text{Nó 6} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.12)$$

$$\text{Nó 7} \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \textit{Coordenada X do nó inicial} - \frac{\textit{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \textit{Coordenada Y do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \textit{Coordenada Z do nó inicial} + \frac{\textit{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.13)$$

$$\text{Nó } 8 \left\{ \begin{array}{l} \text{Coordenada X : } \text{Coordenada X do nó inicial} + \frac{\text{Espaçamento entre colunas}}{2} \\ \text{Coordenada Y : } \text{Coordenada Y do nó inicial} + \frac{\text{Espaçamento entre linhas}}{2} \\ \text{Coordenada Z : } \text{Coordenada Z do nó inicial} + \frac{\text{Espaçamento entre slices}}{2} \end{array} \right. \quad (5.14)$$

Como já referido anteriormente, este processo da criação dos nós é indicado como o último processo presente no interior do ciclo, o que significa que no fim deste ciclo todas as imagens foram analisadas e conseqüentemente todos os nós estão criados. Assim, o valor das três coordenadas de cada nó criado é guardado numa variável chamada *MAT\_TOTNOD*, como é explicado na figura 5.13.

		MAT_TOTNOD						
Coordenadas:		1	2	3	4	5	6	
x	←	1	195.1172	193.0078	193.0078	195.1172	195.1172	193.0078
y	←	2	235.1953	235.1953	237.3047	237.3047	235.1953	235.1953
z	←	3	21	21	21	21	23	23

Figura 5.13 - Demonstração da variável *MAT\_TOTNOD* que armazena o valor das coordenadas de todos os nós, após o processamento de todas as imagens.

### 5.3.2- Verificação da sobreposição dos nós e conseqüente atribuição dos valores de densidade

Concluída a etapa de processamento que percorre todas as imagens, foram ainda projetadas duas atividades para o ajuste da informação resultante desse ciclo. Uma tem a finalidade de verificar a sobreposição dos nós e a outra, tem como objetivo fazer a atribuição da densidade calculada em cada nó.

Explicando primeiramente a etapa da verificação da sobreposição de nós, esta foi idealizada com o propósito de evitar a repetição de nós. Esta etapa baseia-se numa comparação entre nós, feita através das suas coordenadas de modo a permitir a identificação de repetições. Inicialmente é feita uma numeração (índice) de todos os nós (numerados de 1 até ao número equivalente ao número total de nós). De seguida são fixados os valores das coordenadas x, y e z de um nó para ser feita a comparação individual com as três coordenadas de cada um dos restantes nós. Normalmente, a sobreposição de nós verifica-se naqueles que são criados a partir de píxeis, da mesma *slice*, que estão localizados lado a lado (figura 5.14 A)) ou têm a mesma localização na matriz bidimensional entre diferentes *slices* que estão consecutivamente seguidos quer para cima, quer para baixo. (figura 5.14 B)).

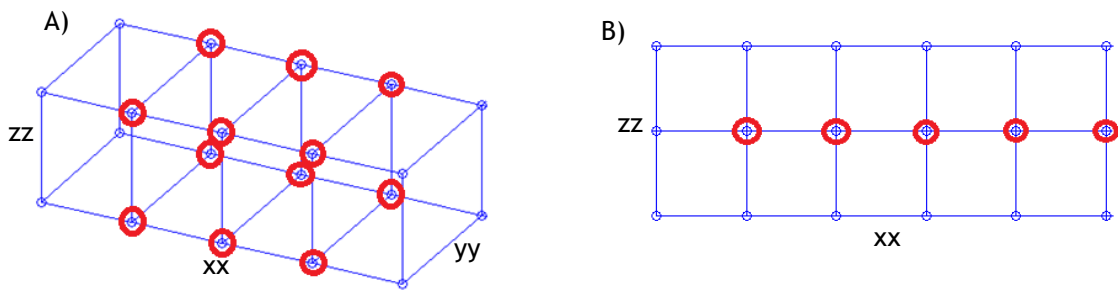


Figura 5.14 - Tipo de sobreposição possível: A) Nós criados a partir de pixéis no mesmo *slice*; B) Nós criados a partir de pixéis criados em *slices* diferentes.

Deste modo, quando no processo de comparação é verificado o mesmo valor para as três coordenadas de dois nós diferentes, ao nó encontrado com as mesmas coordenadas é atribuído o número identificativo do nó que aparece primeiro com esses valor de coordenadas, como demonstra o exemplo da figura 5.15. Como consequência desta verificação, devido às várias repetições de nós existentes, a numeração inicialmente atribuída é retificada.

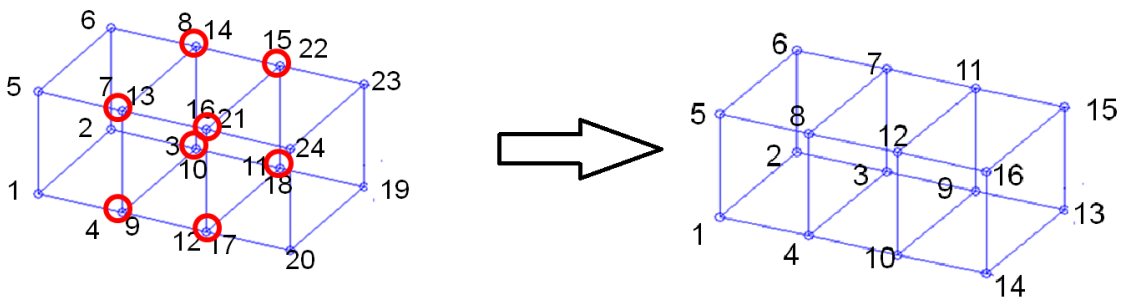


Figura 5.15 - Ilustração do processo de verificação da sobreposição de nós.

Com o propósito de permitir a execução desta atividade despendendo o menor tempo e custo computacional possível, verificou-se que não existe repetição de nós a partir do momento em que a diferença entre valores da coordenada Z é igual ou maior que duas vezes o espaçamento entre *slices*. Isto significa que a partir do momento em que a comparação começa a ser feita entre nós de *slices* que não são consecutivos, o processo deve terminar e passar para o nó seguinte uma vez que não existirá mais a possibilidade de repetição das coordenadas.

Após concluído o processo de comparação, procedeu-se a uma substituição da variável *MAT\_TOTNOD* que continha os nós com repetições por uma nova variável, *NEW\_MAT\_TOTNOD*, que continua a conter o mesmo padrão apresentado na figura 5.13, mas contendo agora apenas as coordenadas dos nós, sem a existência de repetições.

Também para cada elemento, como já referido anteriormente na forma de hexaedro e constituído por 8 nós, foi guardado na variável *HEXA\_NEW*, a identificação dos nós que os formam.

Posto isto, foi feita a atribuição de densidades a cada nó. Uma vez que a variável *MAT\_DEN* guarda o valor de densidade para os pixéis que deram origem, cada um, a

oitos nós, como forma inicial desta etapa atribuiu-se o valor de densidade desse pixel a cada um dos oito nós formados a partir dele. Este processo dá origem a nova variável *NEW\_MAT\_DEN*, com oito vezes o tamanho da variável *MAT\_DEN*. A partir daqui, a atribuição do valor é feita segundo a equação 5.15, tendo como principal parâmetro o número de vezes que um nó aparece repetido.

$$\text{Densidade do nó} = \frac{\sum x_i}{n} \quad (5.15)$$

Onde:

$X_i$  - Valor de densidade, obtido usando a posição do nó na variável *NEW\_MAT\_DEN*;  
 $n$  - número de vezes que o nó aparece

Percorrendo a variável *HEXA\_NEW* com o comando do MATLAB® *find*, foram conseguidas as posições onde um determinado nó aparece, e conseqüentemente o número total de vezes que isso acontece. Caso o nó apareça apenas uma vez, pode-se afirmar que a atribuição do valor de densidade é feita diretamente, isto é, divisível por um. Caso o nó apareça repetido, isto significa que a sua criação foi feita simultaneamente em dois ou mais pixels. Como demonstra a figura 5.16, um nó ao aparecer sobreposto, a densidade é calculada concebendo o somatório das densidades calculadas para os pixels que estão envolvidos na sua criação, sendo no fim esse somatório dividido pelo número de vezes que o nó aparece.

Obtendo todos os valores de densidade equivalentes às posições em que um determinado nó aparece, possibilita a realização do somatório de densidades que após divisão pelo número de vezes em que aparece, dá o valor de densidade correspondente a esse nó.

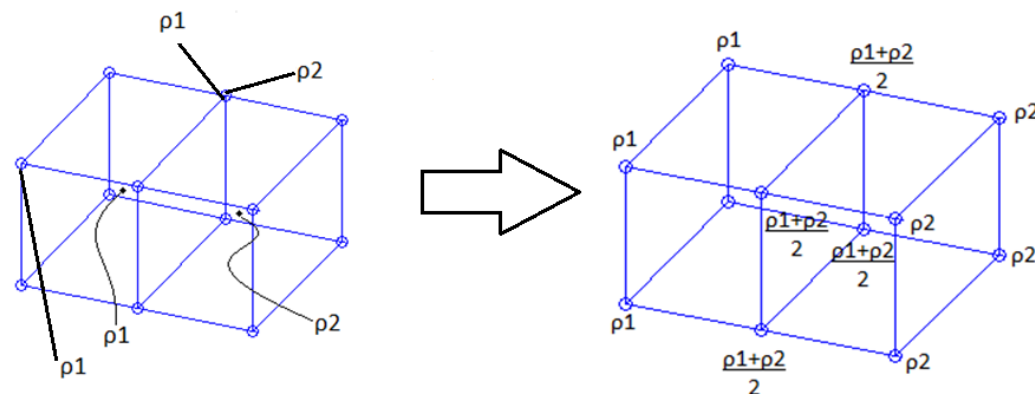


Figura 5.16 - Imagem elucidativa da atribuição dos valores de densidade óssea aparente aos nós.

A densidade atribuída a cada nó é guardada numa outra variável, *DENS\_NODE*, que terá logicamente o tamanho correspondente ao número total de nós (sem repetições).

É ainda atribuído o valor de densidade a cada elemento formado, onde para cada nó central são formados os oito nós que facilitam a formação do elemento hexaédrico. Uma vez que a variável *MAT\_DEN\_CP* contém os valores de densidades para cada nó "central", foi considerado cada valor desse nó como sendo o valor do elemento, uma vez que o número final de elementos equivale ao número de nós "centrais". Estes valores são guardados numa variável chamada *DENS\_HEXAEDROS*. A densidade poderia ser calculada fazendo um somatório da densidade dos oito nós constituintes do elemento, e para conclusão do cálculo realizada uma divisão pelo número total de nós constituintes, oito. Contudo, o intervalo de valores obtido seria muito diferente entre ambos, como demonstra o exemplo da tabela 5.1.

Tabela 5.1 - Diferença de valores obtidos no cálculo da densidade para os elementos através de dois métodos.

Método de cálculo	Valor mínimo de densidade (g/cm <sup>3</sup> )		Valor máximo de densidade (g/cm <sup>3</sup> )	
	Conjunto S	Conjunto T	Conjunto S	Conjunto T
Método 1 (Atribuição direta)	0.1646	0.1554	2.0428	2.0661
Método 2 (Somatório da densidade dos nós constituintes)	0.1801	0.1741	1.7652	1.8935

A escolha do método de cálculo nesta etapa é fundamental na medida em que a diferença de valores obtidos implicaria uma grande alteração nos resultados e conclusões, como por exemplo, ao analisar os valores correspondentes a cada valor, mínimo e máximo, nas curvas de correlação para estudo da elasticidade ou de outros parâmetros. A escolha pelo método 1 (caracterizado por atribuição direta) deveu-se ao facto de os resultados apresentarem uma gama mais ampla de valores, em contraste com os valores que se mostram “suavizados” no método 2, uma vez que o intervalo de densidades é menor.

Após todo este processamento de informação envolvendo o ciclo do processamento das imagens e estas duas etapas, o utilizador poderá proceder à gravação da informação, transportada pelas variáveis, num ficheiro do tipo *.mat*, que poderá por exemplo ser intitulado com o número de série do paciente (embora seja um parâmetro deixado ao critério do utilizador). A informação presente nesse ficheiro é importante para a concretização das etapas seguintes que englobam a obtenção da malha 3D e também possibilita aceder a esta informação sempre que desejado sem ter que passar novamente por todas as etapas de processamento.

Está então concluída a apresentação da metodologia desta fase que permite, no fundo, a obtenção de informação fruto do processamento de um conjunto de imagens *DICOM*. A informação importante que resulta desta etapa, para além da identificação do tecido biológico de interesse e da criação de nós, e que é necessária para a realização das etapas seguintes ou para uma futura observação, é:

- Coordenadas x, y e z de todos os nós, sem repetição, guardadas na variável *NEW\_MAT\_TOTNOD*, ordenados segundo o índice do nó;
- Identificação do índice dos nós que formam cada elemento, *HEXA\_NEW*;
- Densidade atribuída a cada nó, guardada na variável *DENS\_NOD*;
- Densidade de cada elemento, guardada na variável *DENS\_HEXAEEDROS*.

Para além do ficheiro *.mat*, no final desta etapa, também será possível a criação de um ficheiro *\*.INP*, sendo escolha do utilizador a criação do ficheiro ou não. Este ficheiro permitirá transportar a informação acerca dos nós e dos elementos para um *software* comercial onde seja possível a realização de simulações. A sua criação será explicada mais à frente, no subcapítulo 5.3.4.

No final da apresentação da metodologia para o processamento das imagens médicas, é necessário referir, que o computador utilizado para a realização deste trabalho não conseguiu suportar a leitura dos conjuntos das imagens originais. Então, de forma a ser possível a reduzir o custo computacional, foi feita uma redução do tamanho de cada imagem (512x512) para um terço do seu tamanho original (170x170-28900 pixels). O procedimento está resumido na figura 5.17, sendo utilizada para o efeito a equação 5.16 (onde o número 9 é referente à área da redução feita, ou seja, 3 x 3 pixels). Também, e de modo a manter uma avaliação precisa, em mm, da geometria das estruturas a reproduzir pela criação de nós, uma vez que a leitura da imagem passou a ser feita de três em três pixels, foi feita uma multiplicação dos valores do espaçamento entre pixels (quer ao nível de colunas, quer ao nível de linhas) por três.

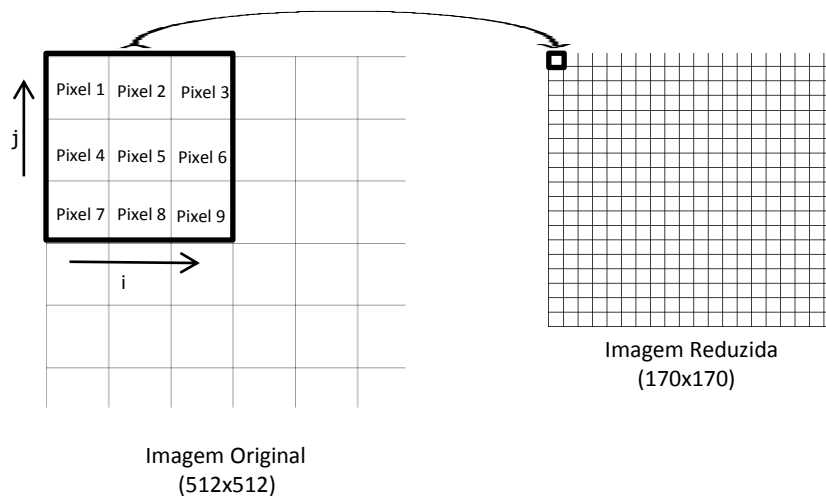


Figura 5.17 - Processo de redução das imagens.

$$\text{Valor da intensidade do pixel} = \frac{\sum \text{Pixel}(i,j)}{9} \quad (5.16)$$

### 5.3.3- Representação da Malha Tridimensional

As etapas de pós-processamento das imagens pretendem obter o modelo computacional tridimensional da estrutura óssea real. No fundo, o modelo tridimensional final consiste numa malha, formada por um conjunto de elementos e consequentemente pelo conjunto de nós. A arquitetura desta ferramenta computacional proporcionou a estruturação de dois tipos de modelos: a estrutura óssea total presente nas imagens médicas ou as estruturas ósseas individualizadas que formam a estrutura total óssea.

Atendendo ao facto de que os dados podem ser obtidos segundo diferentes planos anatómicos, mais concretamente o plano sagital e o transversal, em termos de representação, a única alteração fruto da diferença entre ambos prende-se com a exibição dos parâmetros da altura e comprimento da estrutura óssea. No plano sagital, o eixo YY corresponde à altura da estrutura óssea e o eixo ZZ ao comprimento, enquanto no plano transversal, o eixo ZZ corresponderá à altura e o eixo YY ao comprimento. Assim sendo, de forma a facilitar a construção do algoritmo para estas etapas, em vez de indicar para o caso específico de cada plano qual a coordenada correspondente a cada parâmetro, procedeu-se a



uma padronização dos parâmetros para ambos os casos. Isto é, independentemente do plano anatómico de aquisição das imagens, e sabendo a que parâmetro corresponde cada coordenada para os dois planos anatómicos, optou-se por identificar o parâmetro da altura como sendo a coordenada  $y$  e o parâmetro do comprimento como sendo a coordenada  $z$  (utilizando a ordem presente no plano sagital).

Assim, neste subcapítulo são apresentadas as formas como foram processadas e observadas as malhas, segundo as duas possibilidades referidas anteriormente. Para a construção de qualquer um dos modelos, são necessários os dados presentes no ficheiro *.mat* guardado após a conclusão da etapa descrita em 5.3.2. É então necessário proceder à escolha de um ficheiro *.mat* com a informação dos nós e elementos de um conjunto de imagens.

### 5.3.3.1- Malha da estrutura óssea total

Para a representação da estrutura óssea total presente nas imagens médicas é necessário fazer uma representação tridimensional de todos os nós obtidos na etapa anterior.

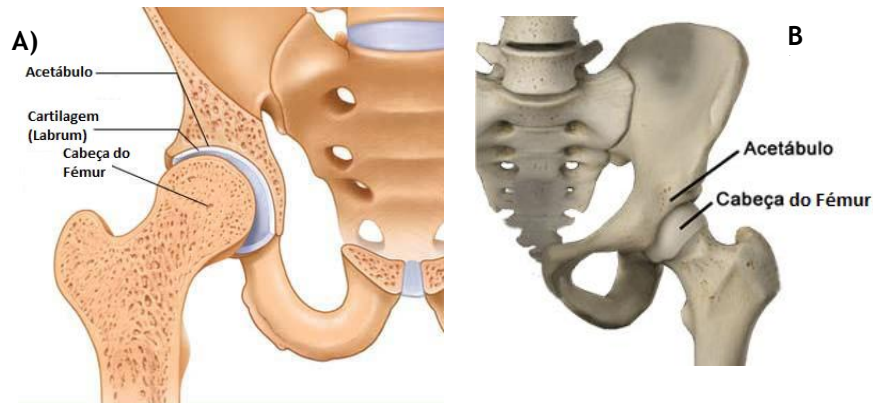
Pela utilização do comando *plot3 do MATLAB®*, foi possível concretizar a visualização tridimensional da malha representativa de toda a estrutura óssea. Uma vez que este comando necessita de três condições de entrada, todas com o mesmo tamanho, as coordenadas  $x$ ,  $y$  e  $z$  dos nós, presentes na variável do ficheiro *.mat* *NEW\_MAT\_TOTNOD*, foram indicadas como tal. O resultado obtido será apresentado no capítulo seguinte deste documento.

Uma vez que esta representação utiliza todos os nós criados, não há necessidade de criação de um outro ficheiro *.mat*, na medida em que iria conter exatamente a mesma informação. Quanto ao ficheiro *\*.INP*, a sua criação será uma opção nesta etapa, uma vez que, como referido anteriormente, o utilizador pode ter escolhido não o criar no final da etapa de processamento dos dados.

### 5.3.3.2- Malha das estruturas ósseas separadas

Apesar da linearidade da representação da malha computacional (nós e elementos hexaédricos), a obtenção do modelo das estruturas isoladas verificou-se uma tarefa mais complexa.

Explicando primeiramente a obtenção do fémur, o procedimento para a obtenção automática da forma da cabeça mostrou ter alto grau de dificuldade, uma vez que esta tem parte da sua estrutura inserida no interior do osso pélvico, mais concretamente no acetábulo, como podemos ver através da figura 5.18 A) e B). Desta forma, e após algumas tentativas concluiu-se que não era possível a extração do fémur de forma linear do restante modelo.



**Figura 5.18** - Articulação do fémur na estrutura óssea existente na Pélvis (acetábulo).

A) Corte Transversal da estrutura; B) Vista anterior da estrutura.

Conseqüentemente foi necessário reformular como seria possível a obtenção da cabeça do fémur. Uma vez que a obtenção de forma completamente automática não seria viável, foi desenvolvido um algoritmo para o conseguir envolvendo um processo semiautomático, ou seja, através da combinação de processos automáticos com outros que necessitam da intervenção do utilizador.

Com isto, a planificação da primeira etapa no processo de obtenção do fémur consistiu no reconhecimento dos nós que formam a sua cabeça, que poderá ser entendido como uma forma geométrica aproximadamente esférica. Assim sendo, a sua identificação passou pela escolha manual de quatro pontos pertencentes ao limite da cabeça do fémur. As coordenadas (x, y e z) dos pontos seleccionados pelo utilizador são inseridas num sistema de quatro equações (presentes na equação 5.17) para determinar as coordenadas do centro (x0, y0 e z0) e o raio (r) da cabeça do fémur.

$$\left\{ \begin{array}{l} (x_0 - x_1)^2 + (y_0 - y_1)^2 + (z_0 - z_1)^2 = r^2 \\ (x_0 - x_2)^2 + (y_0 - y_2)^2 + (z_0 - z_2)^2 = r^2 \\ (x_0 - x_3)^2 + (y_0 - y_3)^2 + (z_0 - z_3)^2 = r^2 \\ (x_0 - x_4)^2 + (y_0 - y_4)^2 + (z_0 - z_4)^2 = r^2 \end{array} \right. \quad (5.17)$$

Onde,

x1-x4; y1-y4; z1-z4 - coordenadas x, y e z dos pontos (1 a 4) seleccionados pelo utilizador, respectivamente;

x0; y0; z0 - coordenadas x, y e z do centro da cabeça do fémur a calcular, respectivamente;

r - raio da cabeça do fémur a calcular.

De forma a permitir a escolha dos pontos, são mostradas ao utilizador quatro figuras (para seleccionar cada ponto), de modo a criar as condições necessárias para a seleção manual de quatro pontos limitativos da cabeça do fémur, ou seja, um ponto por imagem. De forma a possibilitar uma figura o mais perceptível possível e que ao mesmo tempo simplifique a seleção dos pontos, foi investigada uma posição padrão para a localização da cabeça do

fémur, nomeadamente quando o osso pélvico é visto lateralmente, como demonstrado na figura 5.19 A). Então, para ser possível o reconhecimento com rigor da localização da cabeça do fémur aquando da visualização lateral da articulação da anca, primeiro foi feita uma pesquisa na literatura de medidas aplicáveis à parte lateral do mesmo. Isto é, lateralmente qual seria a distância padrão entre a cabeça do fémur e uma outra estrutura óssea pélvica que fosse automaticamente identificável. Os valores teóricos encontrados, no caso da padronização do local da cabeça do fémur envolvem a medição de ângulos entre esta e a vértebra S1 (figura 5.20 A)) [115,116], para o caso de medições laterais consiste na distância pubococcígea (distância linear entre ponta do cóccix e a borda inferior da sínfise púbica, figura 5.20 B)) [117]. Visto que as medidas são de difícil reprodução automática, de maneira a permitir tal padronização, foi feito o cálculo automático da medida representada na figura 5.19 A) e B). Esta medida comporta o cálculo da medida lateral do osso, desde a espinha ilíaca ântero-superior até ao local mais distanciado, do osso pélvico, das vértebras. Esta medição poderá ser feita de forma automática uma vez que os dois pontos referidos anteriormente poderão ser diretamente calculados através do valor máximo e mínimo da coordenada x de todos os nós.

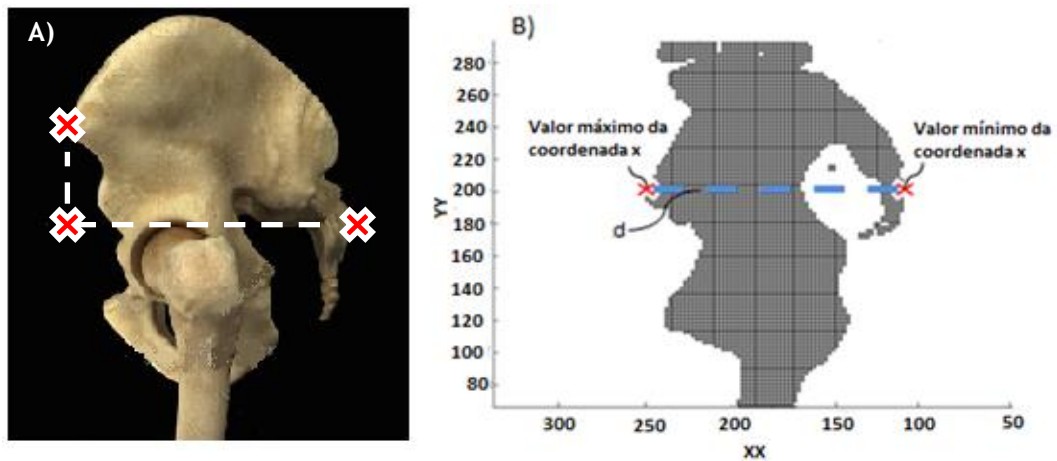


Figura 5.19 - Medida lateral do osso pélvico considerada no desenvolvimento da ferramenta.

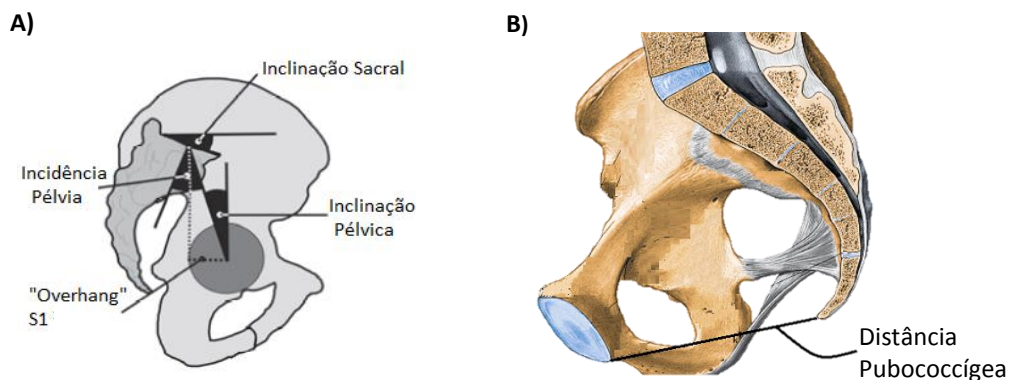


Figura 5.20 - Medições encontradas na literatura. A) Medidas angulares entre a cabeça do fémur e a Sacro 1. Adaptado de [116]; B) Distância pubococcígea. Adaptado de [117].

Efetuada o cálculo da medida lateral da estrutura óssea representada, de forma a verificar onde se poderia localizar o osso do fémur nesta projeção lateral, foi tido em conta

o trabalho publicado por *Sulaiman Alazzawi* [118]. Uma das conclusões deste trabalho foi que a distância média entre a sínfise púbica, que é uma articulação semimóvel que une os dois ossos ilíacos que formam o osso pélvico, e o centro da cabeça do fémur é de 89.2 milímetros (desvio padrão de 5.7 mm). Assim, foi aplicada esta medida manualmente no modelo da estrutura óssea total referente ao plano sagital. Através da verificação da posição no modelo da sínfise púbica, foi somado e subtraído o valor referido da distância. Assim, através da projeção no plano YZ do modelo da estrutura óssea obtido, procedeu-se à coloração do modelo com duas cores distintas: azul, que representa os nós que têm posição inferior à medida calculada desde a sínfise púbica até ao centro da cabeça do fémur e a preto os nós que estão posicionados acima da medida calculada, como demonstrado na figura 5.21 A). Fazendo a rotação do modelo para o plano XY, através da diferente coloração, como se verifica na figura 5.21 B), foi possível identificar uma posição para cabeça do fémur. Então foi declarado que o ponto que se encontra a 59,32 % da medida lateral total do osso acima calculada, permite a localização da cabeça do fémur, padronizando este valor na ferramenta computacional aqui apresentada.

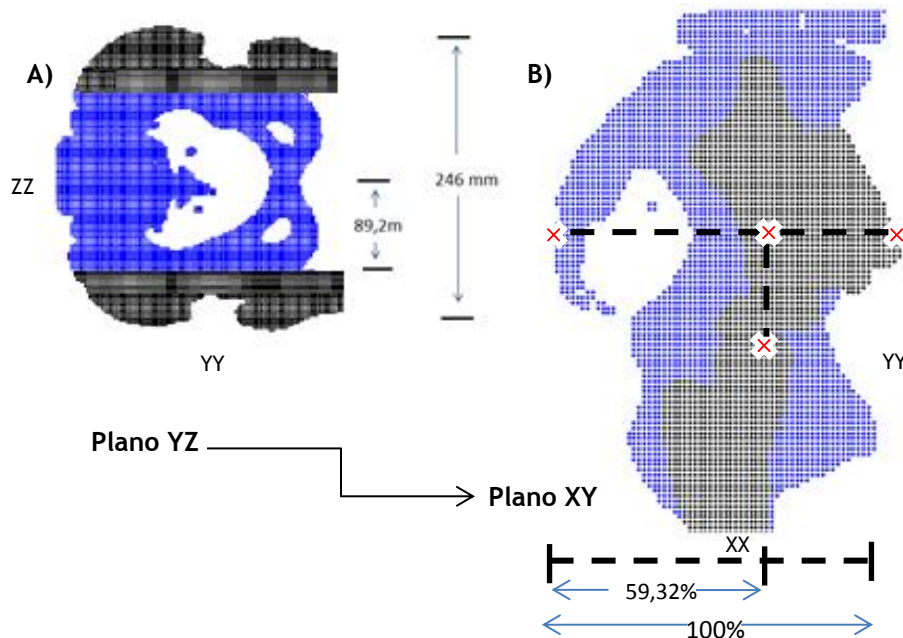


Figura 5.21 - Processo de identificação do fémur.

Feita esta identificação, foi averiguado qual o valor da coordenada x dos nós mais próximo do valor do local da cabeça do fémur. Deste modo, são seleccionados todos os nós com o valor dessa coordenada x de modo a fazer uma projecção estrutural, no plano YZ, para permitir a seleção dos dois primeiros pontos (figura 5.22 A)). Esta seleção de pontos baseia-se na primeira eleição de pontos para identificar um dos fémures. Os outros dois pontos são seleccionados numa outra projecção, mas sempre para o fémur anteriormente seleccionado, e a seleção é feita através de quatro nós distanciados. Neste caso ao valor da coordenada x escolhida anteriormente é feita a soma de quatro vezes o valor da distância horizontal entre pixéis, referida anteriormente no passo da criação dos nós, resultando num novo valor de x para nova projecção (figura 5.22 B)).

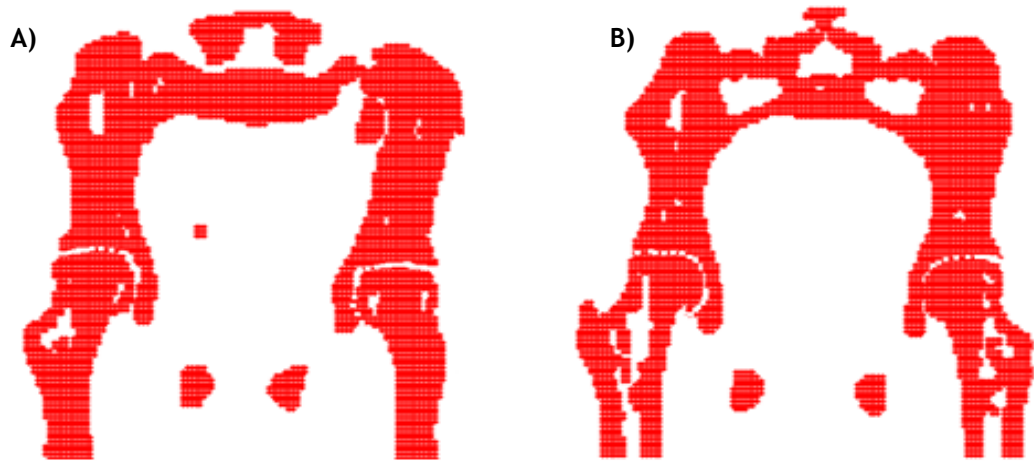


Figura 5.22- Projeções obtidas no plano sagital A) Primeira projeção com selecção de todos os nós com o valor da coordenada x mais próxima do valor padronizado. B) Segunda projeção, com os nós que têm a coordenada x quatro posições distanciadas da anterior.

Com o intuito de tornar mais perceptível estas projeções, foi desenvolvido para o programa um algoritmo que permite recriar o conjunto das imagens em modo de radiografia. Esta “radiografia” serve para ser aplicada como fundo de ambas as projeções apresentadas em 5.22. Uma vez que estas são apresentadas no plano YZ, foi feita uma identificação das combinações possíveis entre os valores das coordenadas Y e Z dos nós. Assim, na variável que contém a informação espacial de todos os nós, *NEW\_MAT\_TOTNOD*, foram pesquisadas as posições em que surge cada combinação. Usando essas posições na variável *NOD\_DENS*, foram obtidos os valores de densidade correspondentes, sendo todos somados e obtida uma densidade para cada combinação. Feito isto para todas as combinações, através da função *colormap* do tipo *bone*, o resultado obtido é demonstrado na figura 5.23 que se aplica como fundo com o objetivo de facilitar a selecção dos pontos.

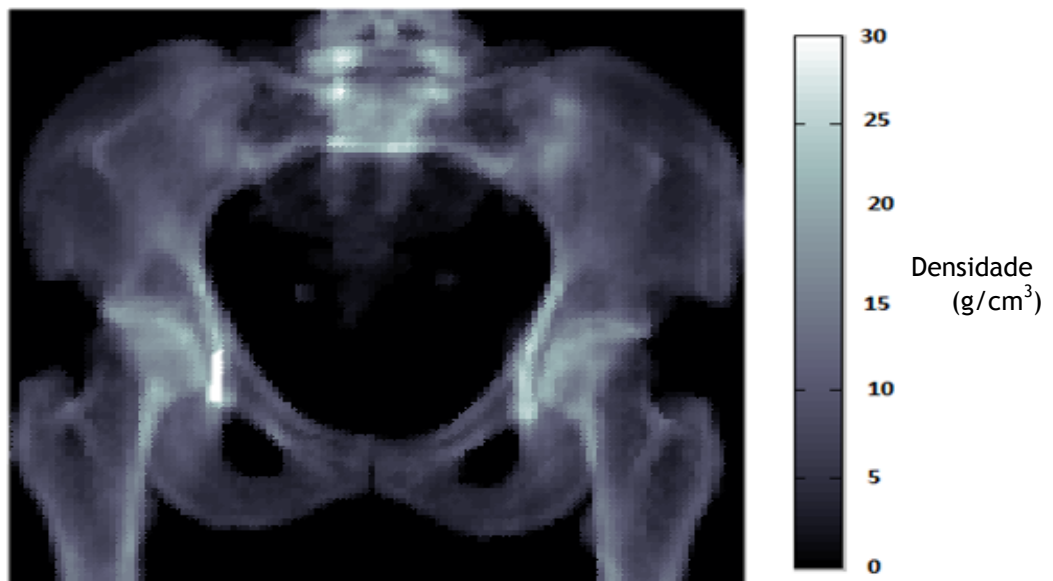
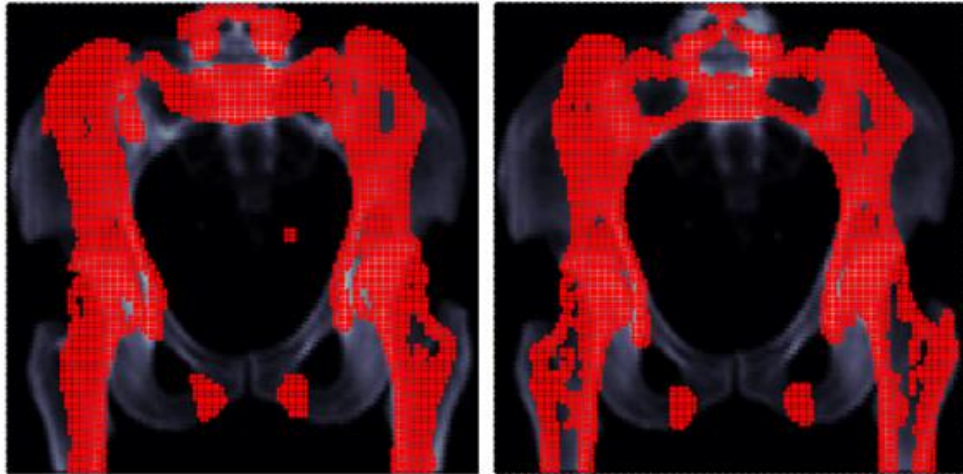


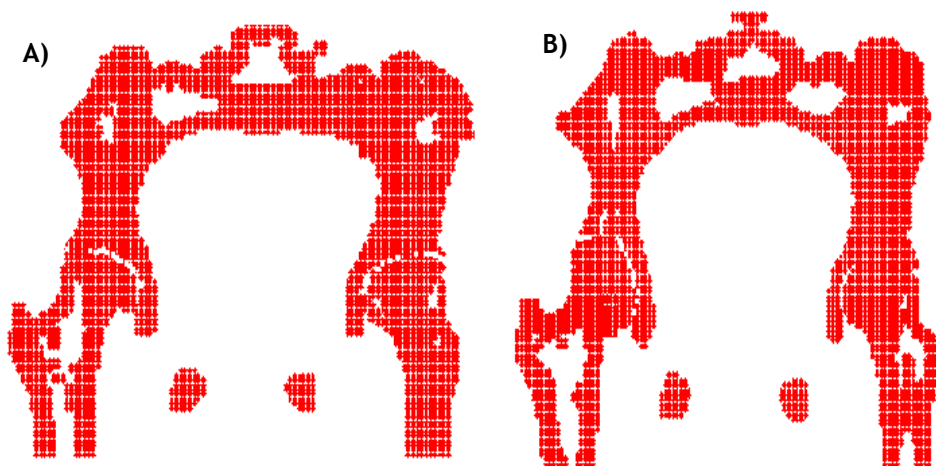
Figura 5.23 - Imagem criada, com aspecto radiológico, para servir de fundo às projeções.

Na figura seguinte (5.24) é apresentado o efeito resultante da sobreposição das duas figuras descritas anteriormente, criando a condição semiautomática pensada previamente para permitir ao utilizador a selecção de quatro pontos para a obtenção dos nós que formam a cabeça do fémur.



**Figura 5.24** - Figuras das duas projeções disponibilizadas ao utilizador para a selecção dos pontos de forma a identificar a cabeça do fémur.

A medida padronizada para a localização da cabeça do fémur, que permite posteriormente a execução dos cortes apresentados na figura 5.22, mostrou-se também adequada ao plano transversal, como demonstram as projeções da figura 5.25. Estas projeções são então depois sobrepostas a uma imagem originando as duas projeções finais disponibilizadas ao utilizador para a selecção dos pontos.



**Figura 5.25**- Projeções obtidas no plano transversal, utilizando a medida padrão delineada para a localização da cabeça do fémur. A) Primeiro projeção, com os nós com o valor da coordenada x mais próxima do valor padronizado. B) Segunda projeção, com os nós que têm a coordenada x quatro posições distanciadas da anterior.

De forma a induzir que a selecção de pontos seja feita corretamente e com o menor erro associado possível, isto é, não variando muito de utilizador para utilizador, foram utilizadas quatro imagens, duas coligadas a cada fémur, (figura 5.26) juntamente com a respetiva



projeção, com a intenção de esclarecer o utilizador relativamente ao local onde deve seleccionar os pontos.

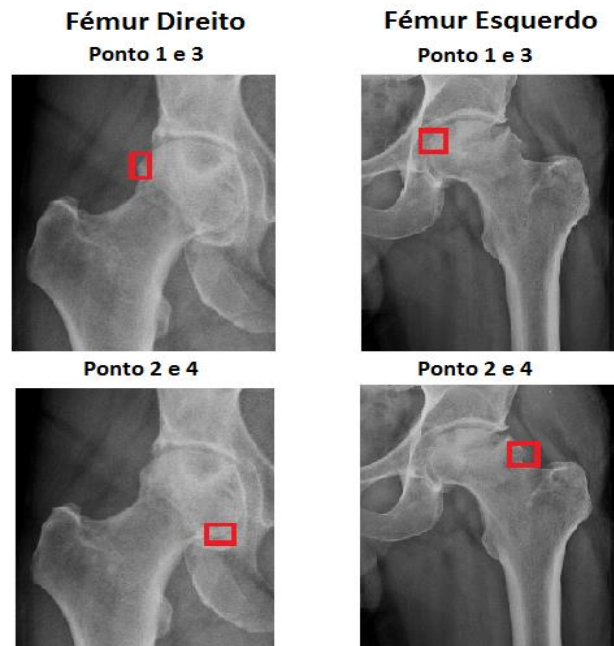


Figura 5.26 - Imagens de apoio para a seleção dos pontos.

Após seleccionados os quatro pontos pelo utilizador, as suas coordenadas são inseridas no sistema de quatro equações apresentado em 5.17 e é então feito automaticamente, o cálculo da coordenada do centro da cabeça do fémur ( $x_0, y_0$  e  $z_0$ ) e do raio ( $r$ ). Resolvido o sistema de equações, para a identificação dos nós que formam a cabeça do fémur, as coordenadas de todos os nós são introduzidos na equação apresentada em 5.18, de forma a fazer tal identificação.

$$(x - x_0)^2 + (y - y_0)^2 + (z - z_0)^2 \leq r^2 \quad (5.18)$$

Onde,

$x, y, z$  - coordenadas do nó a analisar;

Aqueles valores que satisfazem a condição descrita em 5.18 são considerados nós representativos da cabeça do fémur. Assim, e feita a identificação de todos os nós que formam a cabeça do fémur, a tarefa seguinte passa pela identificação dos restantes nós que formam o corpo/diáfise do fémur. A padronização dos valores das coordenadas  $y$  e  $z$  para ambos os planos, como o referido anteriormente, assumiu-se de grande importância para a facilitar a algoritmização desta tarefa de uma forma independente do plano anatómico.

Partindo do ponto indicativo do centro do fémur, no caso do fémur direito, todos os nós com valores de coordenadas  $y$  e  $z$  acima de  $(y_0 - r)$  e  $z_0$  respetivamente e coordenada  $x$  entre  $(x_0 + r)$  e  $(x_0 - r)$ , são pertencentes ao corpo do fémur. No caso do fémur esquerdo, o procedimento é exatamente o mesmo, modificando apenas a obtenção dos nós relativamente à coordenada  $z$ , na medida em que todos os nós com a coordenada  $z$  abaixo de  $z_0$  fazem parte. De modo a tornar estas condições mais claras, em 5.19, são apresentadas as

condições referentes à obtenção da diáfise do fémur direito e em 5.20 as referentes à diáfise do fémur esquerdo.

$$\text{Diáfise do Fémur Direito} \left\{ \begin{array}{l} x \text{ se } (x_0 + r) \geq x \leq (x_0 - r) \\ y \text{ se } y > (y_0 - r) \\ z \text{ se } z > z_0 \end{array} \right. \quad (5.19)$$

$$\text{Diáfise do Fémur Esquerdo} \left\{ \begin{array}{l} x \text{ se } (x_0 + r) \geq x \leq (x_0 - r) \\ y \text{ se } y > (y_0 - r) \\ z \text{ se } z < z_0 \end{array} \right. \quad (5.20)$$

A utilização deste método para a obtenção dos nós que formam a diáfise, deve-se ao facto de, como observado nos trabalhos publicados por *Harva Talay Calis* [119], por *Meuru Athapattu* [120,121], por *P.J. Rubin* [122] e por *Shoufeng Wang* [123], o diâmetro da cabeça do fémur, independentemente do género da pessoa, ser maior que a largura da diáfise e da região do trocânter maior do fémur (figura 5.27 A)), permitindo assim validar este método para a obtenção dos nós segundo a coordenada  $x$ . Para as restantes coordenadas, uma vez que o trocânter maior está, em termos de altura, abaixo da cabeça do fémur, a sua localização permite a validação da obtenção dos nós segundo estas duas coordenadas, como é exemplificado na figura 5.27 B), que representa mais concretamente o caso do fémur esquerdo.

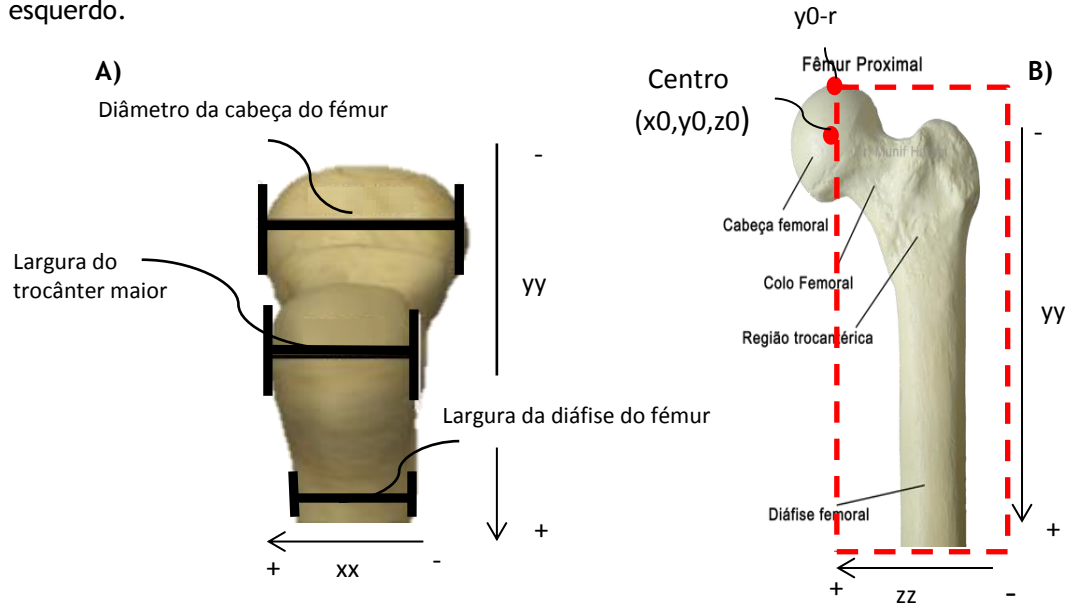


Figura 5.27 - Ilustração da obtenção dos nós que constituem a diáfise femoral esquerda. A) Segundo a coordenada  $x$ . Adaptado de [123]; B) Segundo as coordenadas  $y$  e  $z$ .

Uma vez obtidos os nós que formam o fémur, procedeu-se à verificação dos elementos integrantes desta estrutura. Para isso, foram apenas seleccionados os elementos que pertenciam na totalidade ao fémur (todos os oito nós), ou seja, bastava haver num único nó



num elemento que não pertencesse à estrutura do fémur, para esse elemento ser descartado. Através da variável *HEXA\_NEW*, que contém todos os elementos da estrutura óssea total, foram então vistos quais os elementos constituídos por oito nós que representassem o fémur. No final desta verificação é ainda feita uma averiguação quanto à existência de nós que estão isolados, isto é, que não pertencem a nenhum dos elementos que formam a estrutura. Caso existam, são eliminados, uma vez que a leitura de um nó isolado irá ser traduzido em erro, aquando da introdução da informação relativa à malha num *software*, por exemplo para a realização de simulações.

Para a visualização tridimensional da malha obtida, utilizando os dados da variável onde estão guardadas as três coordenadas dos nós, *MAT\_TOTRIGHTFEMUR* para o fémur direito e *MAT\_TOTLEFTFEMUR* para o fémur esquerdo, através do comando *plot3* do *MATLAB*<sup>®</sup>, é possível proceder a visualização. As malhas obtidas serão apresentadas no capítulo seguinte.

Explicada a obtenção dos fémures, para a obtenção do osso pélvico, será necessário realizar a extração dos fémures. Assim sendo, o procedimento para a identificação dos nós que formam um fémur é feito como explicado anteriormente, sendo necessário para este caso a seleção de quatro pontos para o fémur direito combinada com a seleção de mais quatro pontos para o fémur esquerdo. Identificados os nós que formam cada um dos fémures, estes são retirados, sobrando apenas os restantes nós que formam a estrutura pélvica. Após a identificação dos nós, o reconhecimento dos elementos pertencentes a esta estrutura, são feitos segundo o mesmo procedimento realizado no caso do fémur. Também a visualização é feita exatamente da mesma forma, utilizando a variável *MAT\_TOTHIP*, que contém todos os nós que formam o osso pélvico.

Escolhida a estrutura óssea isolada a visualizar tridimensionalmente, e conforme a escolha, fémures ou osso pélvico, será possível a visualização e a gravação de um ficheiro *.mat*. A gravação deste ficheiro permitirá ao utilizador, como já referido anteriormente, visualizar a malha de uma estrutura óssea sempre que possível, evitando passar por todos estes processos de formação e seleção da estrutura. Neste ficheiro ficará guardada a seguinte informação de cada estrutura:

- Variável com informação espacial dos nós que formam a estrutura: *MAT\_TOTRIGHTFEMUR* no caso de escolhido o fémur direito, *MAT\_TOTLEFTFEMUR* para o fémur esquerdo e *MAT\_TOTHIP* no caso do osso pélvico;
- Variável com a informação dos nós que formam cada elemento: *HEXA\_NEW\_RIGHTFEMUR*, *HEXA\_NEW\_LEFTFEMUR* e *HEXA\_NEW\_HIP* para a mesma ordem apresentada anteriormente;
- Densidade dos nós: *Dens\_node\_femurright*, *Dens\_node\_femurleft* e *Dens\_node\_hip*;
- Densidade de cada elemento: *Dens\_elem\_femurright*, *Dens\_elem\_femurleft* e *Dens\_elem\_hip*.

Ainda no final deste processo de separação e visualização da estrutura isolada, há a possibilidade de criação de um ficheiro do tipo *\*.INP*. Caso o utilizador decida não realizar a criação deste ficheiro, uma vez guardada a informação no ficheiro *.mat*, o *software* sempre que o utilizador voltar a introduzir a informação presente nesse ficheiro com a intenção de visualizar a malha da estrutura isolada, irá propor ao utilizador a criação do ficheiro *\*.INP*.

### 5.3.4- Criação do ficheiro \*.INP

A criação do ficheiro \*.INP das estruturas obtidas, é de extrema importância uma vez que permite a introdução dos dados relativos aos nós (número identificativo e coordenadas), aos elementos (número identificativo e nós que o formam) e aos parâmetros mecânicos destes (Módulo de *Young*/Elasticidade, Coeficiente de *Poisson* e Módulo de distorção), num *software* comercial próprio para a realização de simulações. A arquitetura desta ferramenta computacional, possibilitou a criação do ficheiro \*.INP quer quando os dados acabam de ser processados, quer quando as estruturas são novamente visualizadas.

A criação deste ficheiro foi programada para ser executado de forma automática, utilizando a informação presente nas variáveis que contém a informação relativa aos nós e aos elementos.

Quanto às propriedades mecânicas, a obtenção destas partiu da nomeação do material como sendo do tipo isotrópico, ou seja, as propriedades do material são idênticas em todas as direções, com orientação *S0*. Assim sendo, o cálculo do módulo de *Young* (*E*), isto é, avaliação da rigidez de um material sólido, foi efetuado segundo os coeficientes para o modelo ósseo propostos no trabalho publicado por *Jorge Belinha* [113]. A fórmula utilizada para o cálculo deste parâmetro está descrito na equação 5.23, e os coeficientes apresentados na tabela 5.2. O módulo de *Young* apresenta-se na unidade do Sistema Internacional (*SI*) pascal (*Pa*).

$$\left\{ \begin{array}{l} E = \sum_{j=0}^3 a_j \cdot (\rho_{app})^j \text{ cm}^3 \quad \text{se} \quad \rho_{app} \leq 1.3\text{g/cm}^3 \\ E = \sum_{j=0}^3 b_j \cdot (\rho_{app})^j \text{ cm}^3 \quad \text{se} \quad \rho_{app} > 1.3\text{g/cm}^3 \end{array} \right. \quad (5.23)$$

Tabela 5.2 - Valor dos coeficientes utilizados para o cálculo do módulo de *Young*. Adaptado de [113].

Coeficientes	<i>j=0</i>	<i>j=1</i>	<i>j=2</i>	<i>j=3</i>
<i>a<sub>j</sub></i>	0.000E+00	7.216E+02	8.059E+02	0.000E+00
<i>b<sub>j</sub></i>	-1.770E+05	3.861E+05	-2.798E+05	6.836E+04

Relativamente ao coeficiente de *Poisson* (*ν*), que permite correlacionar a deformação axial e a deformação transversal de um material isotrópico e homogêneo, foi assumido o valor de 0.3, uma vez que na literatura é o valor mais utilizado. Por último, e uma vez que o material tem como condição ser do tipo isotrópico, o módulo de distorção (*G*), que se define como a razão entre a tensão de corte e a deformação de corte, o seu cálculo está relacionado com as duas propriedades acima descritas através da seguinte equação (5.24):

$$G = \frac{E}{2(1+\nu)}, \quad (Pa) \quad (5.24)$$

É igualmente importante referir, que foi atribuída e calculada uma propriedade do material a cada elemento, ou seja, com base no seu valor de densidade, um elemento terá a sua própria propriedade (quer de secção/orientação, quer de critérios mecânicos). No final, um determinado número de elementos corresponderá a um número igual de propriedades do material.

Tendo tudo isto em conta para a criação do ficheiro *\*.INP*, o ficheiro resultante da criação automática, apresenta o esquema exposto na figura 5.28.

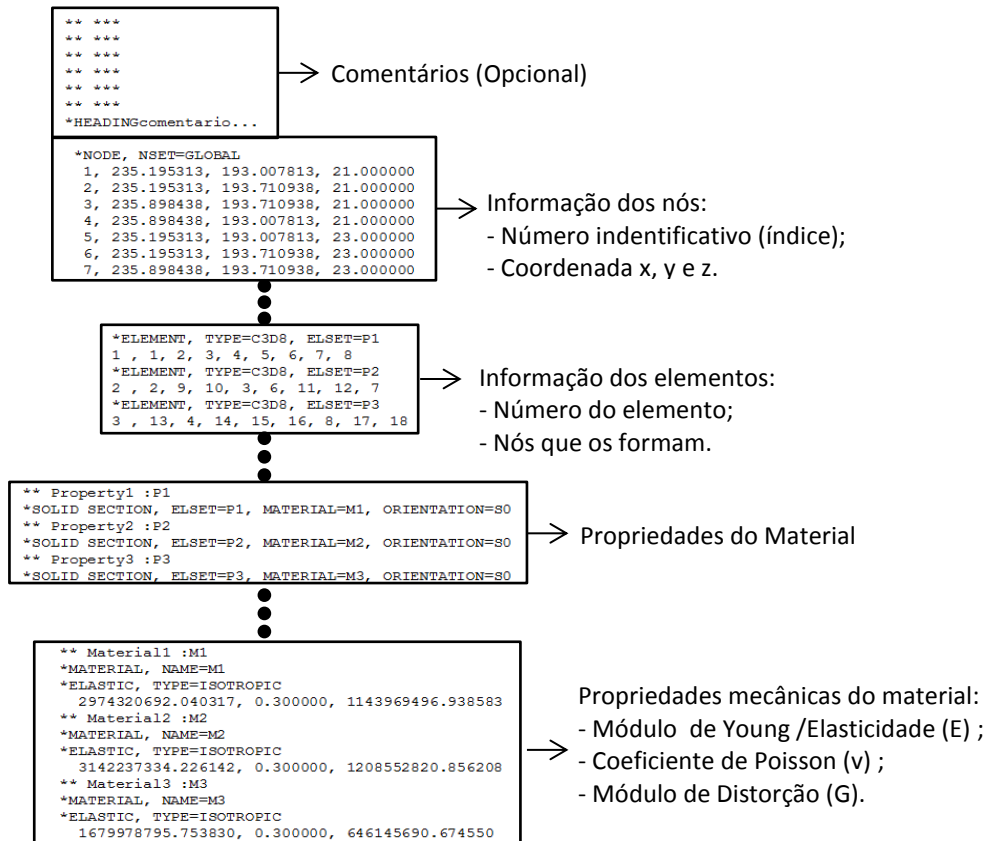


Figura 5.28 - Esquema do ficheiro *\*.INP* criado pela ferramenta computacional.

## 5.4- Estruturação do Interface Gráfico

Com todas as funcionalidades da ferramenta computacional, arquitetadas e operacionais, o último passo consistiu na formulação de uma interface gráfica. Em qualquer interface, gráfico ou não, o utilizador valoriza a facilidade com que consegue interpretar os processos pretendidos e a comodidade com que os executa. As escolhas e decisões a tomar ao longo do desenvolvimento de uma interface devem ser feitas com base na compreensão dos seus utilizadores, envolvendo aquilo que poderá ajudar os utilizadores no modo como concretizam as suas tarefas [124]. Assim sendo, a base da construção desta interface gráfica consistiu na potencialização máxima da ferramenta computacional, ou seja, numa fácil e rápida compreensão e consecutiva utilização do programa. Para este efeito foi criada através do *GUIDE* do *MATLAB*<sup>®</sup>, uma exposição gráfica através de vários menus que permitem ao utilizador a realização das tarefas explicadas nos subcapítulos anteriores.



# Capítulo 6

## Resultados e Discussão

Neste capítulo, apresentam-se os resultados obtidos no desenvolvimento deste trabalho.

Numa primeira fase é apresentada a ferramenta computacional descrita no capítulo anterior. Aqui, para além da interface e funcionalidade geral, são também expostos os resultados específicos obtidos na concretização das principais etapas, de forma a permitir uma interpretação mais pormenorizada e também uma distinção do processamento entre conjuntos de diferentes planos anatómicos.

Numa segunda fase, de forma a testar as malhas tridimensionais obtidas, são também introduzidos os ficheiros \*.INP criados, num *software* comercial próprio para o efeito, *Abaqus*<sup>®</sup>. Neste, foi testado um dos modelos obtidos (fémur esquerdo), escolhido de forma aleatória, com o propósito de garantir que a malha obtida através do *software* desenvolvido serve para a realização de simulações (neste caso utilizando o Método de Elementos Finitos).

Por fim, com a finalidade de realizar uma comparação, são também apresentados os resultados quer ao nível do modelo, quer ao nível de realização da simulação, após o processamento do mesmo conjunto de dados por um *software* com idêntica funcionalidade, mas já patenteado e comercializado.

Juntamente com a apresentação de cada resultado é também feita a respetiva análise, de forma a tentar estabelecer relações entre os diversos resultados e as suas implicações gerais para os problemas em questão.

### 6.1-Ferramenta computacional desenvolvida

#### 6.1.1- Apresentação do *software*

De forma a dar uma revisão geral sobre a operabilidade da ferramenta desenvolvida ao longo deste trabalho, vão ser apresentadas os menus criados, bem como a funcionalidade que está por detrás de cada botão.

Ao *software* desenvolvido foi atribuído o nome “*3Dorthomesh*”, resultante da sua funcionalidade, na medida em que permite o processamento de imagens de forma a identificar as estruturas ósseas (parte *ortho* de *orthopedics*) e possibilita a criação e visualização tridimensional (parte 3D) de uma malha computacional (parte *mesh*).

Executando a ferramenta, a primeira interface que surge (figura 6.1) permite ao utilizador escolher uma de duas opções: dar início ao programa, clicando no botão *Start*, ou fechar o programa através da seleção do botão *Exit*.

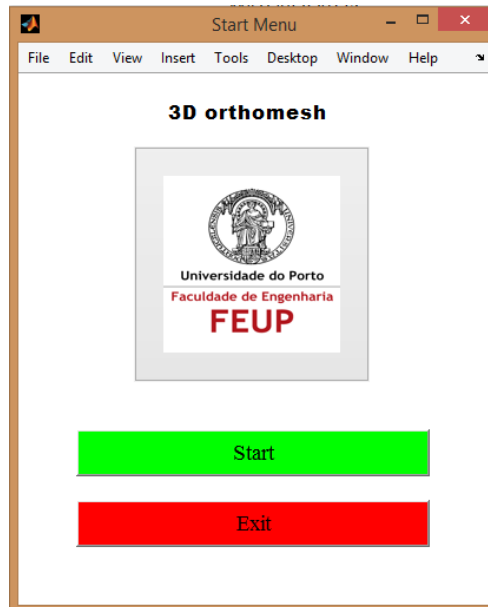


Figura 6.1 - Interface inicial da ferramenta computacional.

Após a escolha de iniciar o programa, aparecerá uma janela para que seja feita a escolha do diretório onde se encontram os dados a analisar, neste caso, o conjunto de imagens do tipo *DICOM* resultantes de um exame imagiológico.

Após a seleção do local onde se encontram as imagens, surgirá o menu presente na figura 6.2 que também permite outra escolha, esta relativa à finalidade do *software* entre processamento (botão *Processing*) ou visualização (botão *View*) dos dados. Estas duas hipóteses foram ponderadas de forma a evitar que sempre que seja usado o *software* para os mesmos dados, haja uma repetição desnecessária de todas as etapas de processamento, pois para além do elevado tempo gasto, tem elevado custo computacional. Assim sendo, os dados só necessitam de ser processados pelo menos uma vez, desde que guardados.

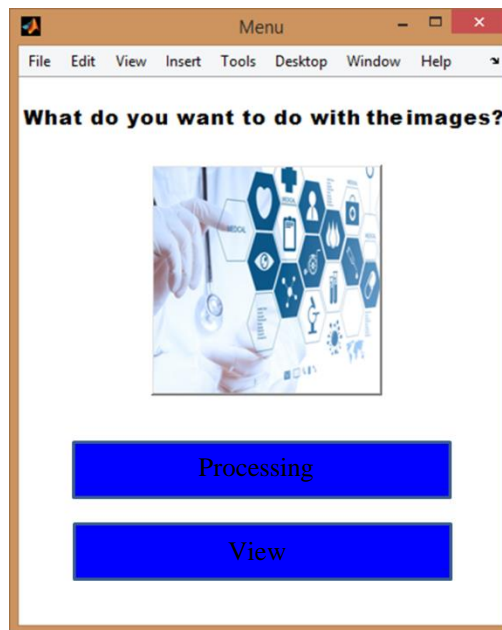


Figura 6.2 - Segundo menu com o intuito de validar a intenção de utilização do programa.

Na circunstância de os dados nunca terem sido processados, o utilizador deve escolher o botão *Processing* de forma a dar início ao processamento destes. Uma vez escolhido este botão, a primeira etapa será seleccionar o plano anatómico em que as imagens foram obtidas (figura 6.3 A)). Dado ao algoritmo esta informação, irá aparecer um menu (figura 6.3 B)) com quatro hipóteses de escolha. A hipótese representada pelo botão *Data Processing*, permite a realização do processamento dos dados, concretizando duas das etapas principais deste *software*: a distinção dos tecidos biológicos (mais concretamente a identificação do tecido ósseo) e a criação de uma malha de nós. No caso das hipóteses representadas a azul neste menu pelos botões *View Total 3D* e *Structure Build Separate Bony Structures*, a sua realização só é possível uma vez concluído e guardado o processamento dos dados, ou seja após a execução da primeira hipótese. É devido a este facto que o botão *Data Processing* aparece com uma cor diferente (verde) dos restantes (azuis), excluindo o botão *Back* (vermelho), que apenas permitir retroceder ao menu inicial.

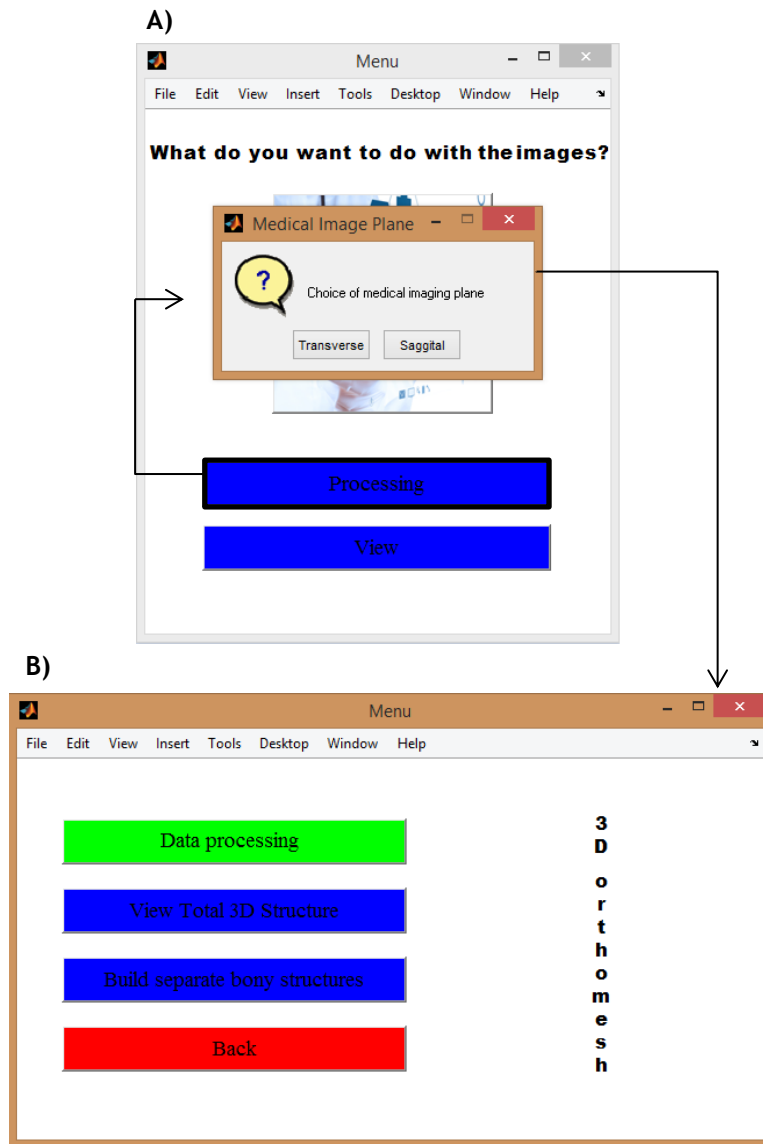


Figura 6.3 - Procedimento pós-seleção do botão *Processing*. A) Escolha do plano anatómico; B) Menu exibido após selecção do botão e do plano anatómico.

No final do processamento dos dados, estes poderão ser gravados em dois tipos de ficheiros, como referido no capítulo anterior, *.mat* e *\*.INP*. A criação deste último, por sua vez é opcional e deixado ao critério do utilizador, através da janela da figura 6.4.

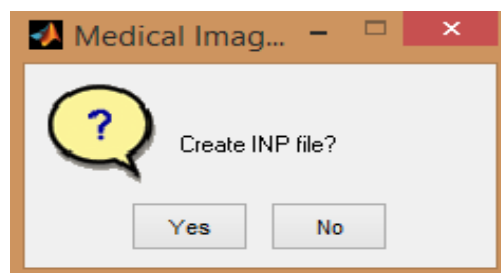


Figura 6.4 - Janela para a decisão relativamente ao armazenamento do ficheiro *\*.INP* no final da etapa de processamento.



O armazenamento do ficheiro *.mat* possibilitará a execução das tarefas delineadas para os dois botões a azul da figura 6.3 B). Um dos botões, *View Total 3D Structure*, permite através do carregamento de um destes ficheiros do tipo *.mat* a visualização tridimensional da malha representativa de toda a estrutura óssea. Simultaneamente à visualização será proposto ao utilizador a criação do ficheiro *\*.INP* (imagem semelhante à figura 6.4 B)), uma vez que este pode não ter sido criado aquando do processamento dos dados.

Por último, o botão *Build Separate Bony Structures*, permite aceder a outro menu apresentado na figura 6.5. Este menu permitirá ao utilizador escolher a estrutura óssea a isolar e conseqüentemente a representar. Uma vez que os dados processados foram da zona da articulação da anca, existem três hipóteses, correspondentes aos três botões presentes nesse menu: fémur direito, fémur esquerdo e osso pélvico. Clicando em qualquer um dos três botões, será necessário, como no caso descrito anteriormente, primeiramente a escolha de um ficheiro *.mat* para iniciar o processo de separação e obtenção das informação dos nós, elementos e densidade óssea aparente de cada estrutura óssea isolada. Esse ficheiro terá a informação resultante do processamento da imagem, ou seja, da estrutura óssea total.

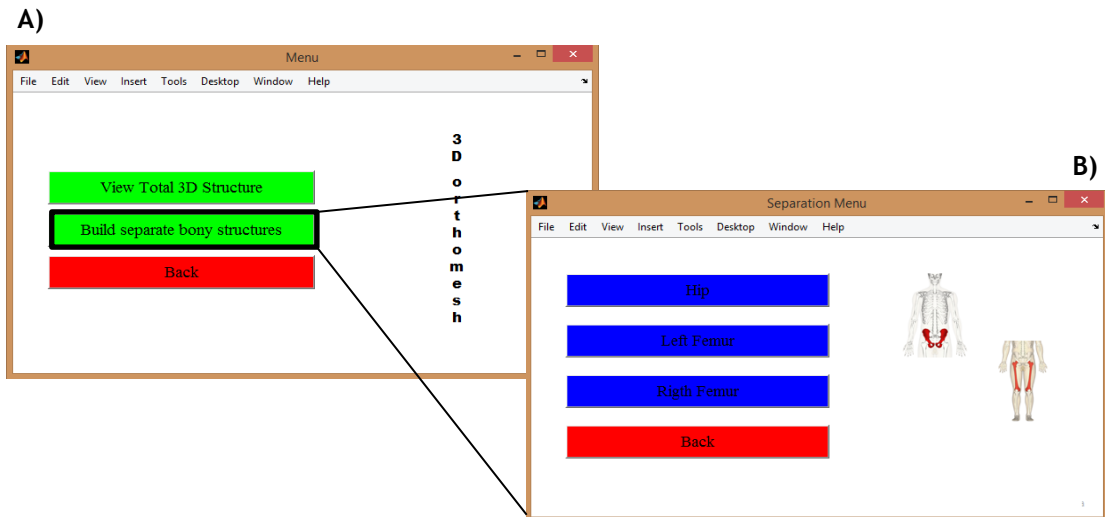


Figura 6.5 - Menu que permite a obtenção da malha computacional de uma estrutura óssea isolada.

Considerando a hipótese de que o objetivo seja a obtenção do fémur direito, o botão a selecionar deverá ser o *Right Femur*. Assim, aparecerão ao utilizador quatro menus/figuras para a escolha dos quatro pontos, que como já explicado anteriormente, permitirão a identificação da cabeça femoral e conseqüentemente a restante porção do fémur. Estes quatro menus encontram-se representados no Anexo A. Para o homólogo esquerdo o procedimento é exatamente igual (botão *Left Femur*). Os quatro menus referentes à separação deste osso são apresentados no Anexo B. Relativamente ao outro botão, *Hip*, este permite a obtenção apenas da informação relativa ao osso pélvico. Aqui, uma vez que é necessário a extração dos dois fémures será necessário a seleção dos quatro pontos relativos a cada um dos fémures.

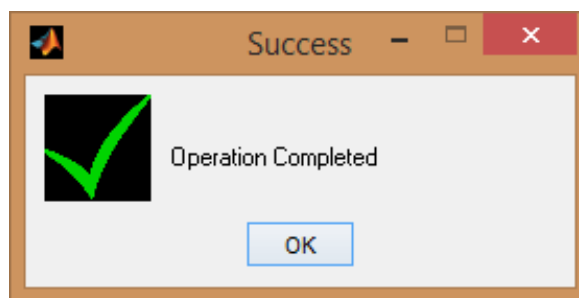
No final, independentemente da escolha relativa à estrutura, o *software* questionará o utilizador se pretende a criação do ficheiro *.mat* e do *\*.INP*, de forma a evitar passar por todo este processo novamente.

No caso de os dados estarem já processados e guardados, e sendo a necessidade do utilizador de apenas verificar as malhas computacionais da estrutura óssea, total ou individualmente, o botão *View*, no menu representado pela figura 6.2, deve ser selecionado. Uma vez feita esta opção, irá aparecer um outro menu (figura 6.6 A)), que permitirá ao utilizador escolher o que deseja visualizar. Caso a sua opção seja a de verificar uma estrutura óssea isolada, uma nova janela surgirá, idêntica à apresentada na figura 6.5, que apresentará as três hipóteses referidas também anteriormente.



**Figura 6.6** - Procedimento pós-seleção do botão *View*: A) Menu da escolha da estrutura a visualizar; B) Caso seja uma estrutura óssea individual, menu de opção da estrutura.

O final de cada um dos procedimentos, é caracterizado pelo aparecimento de uma mensagem que indica ao utilizador a conclusão do processo pedido para ser executado. A caixa de mensagem é apresentada na figura 6.7.



**Figura 6.7** - Figura indicativa da conclusão de um procedimento, previamente indicada por um utilizador.

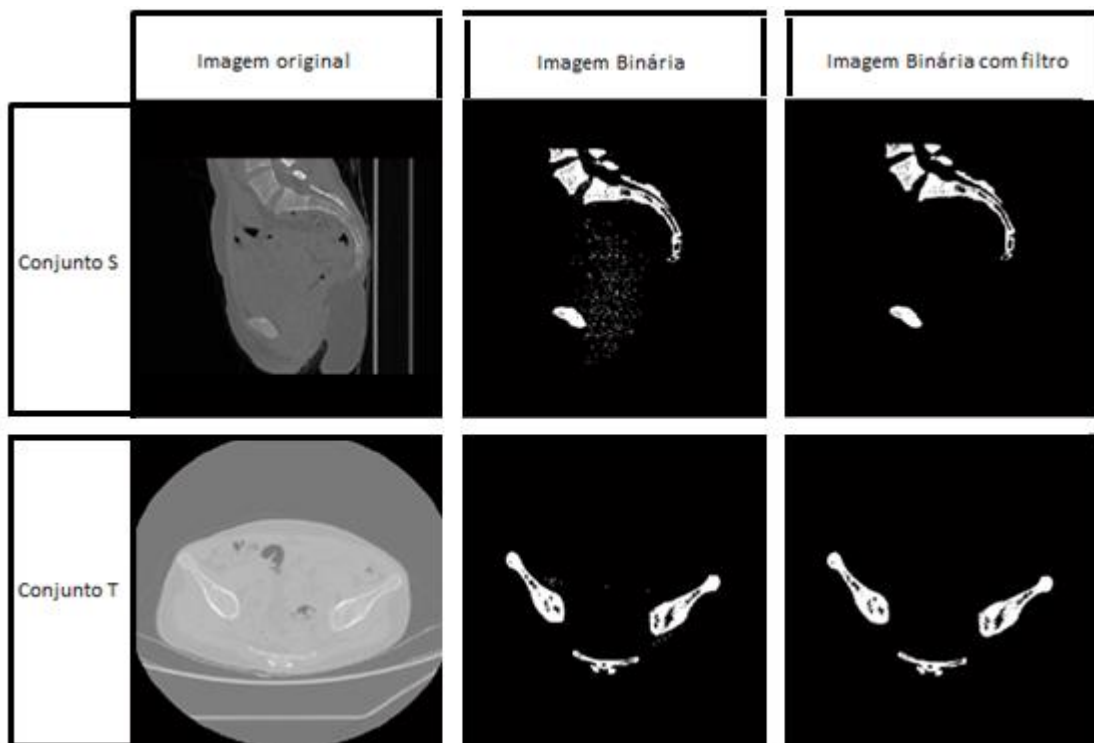
### 6.1.2- Resultados obtidos para cada um dos dois conjuntos de imagens

De forma a testar o algoritmo criado, foram utilizadas as imagens dos dois conjuntos, S e T. Assim sendo, os resultados obtidos serão apresentados quer nas etapas específicas do processamento, quer na visualização das malhas computacionais conseguidas.

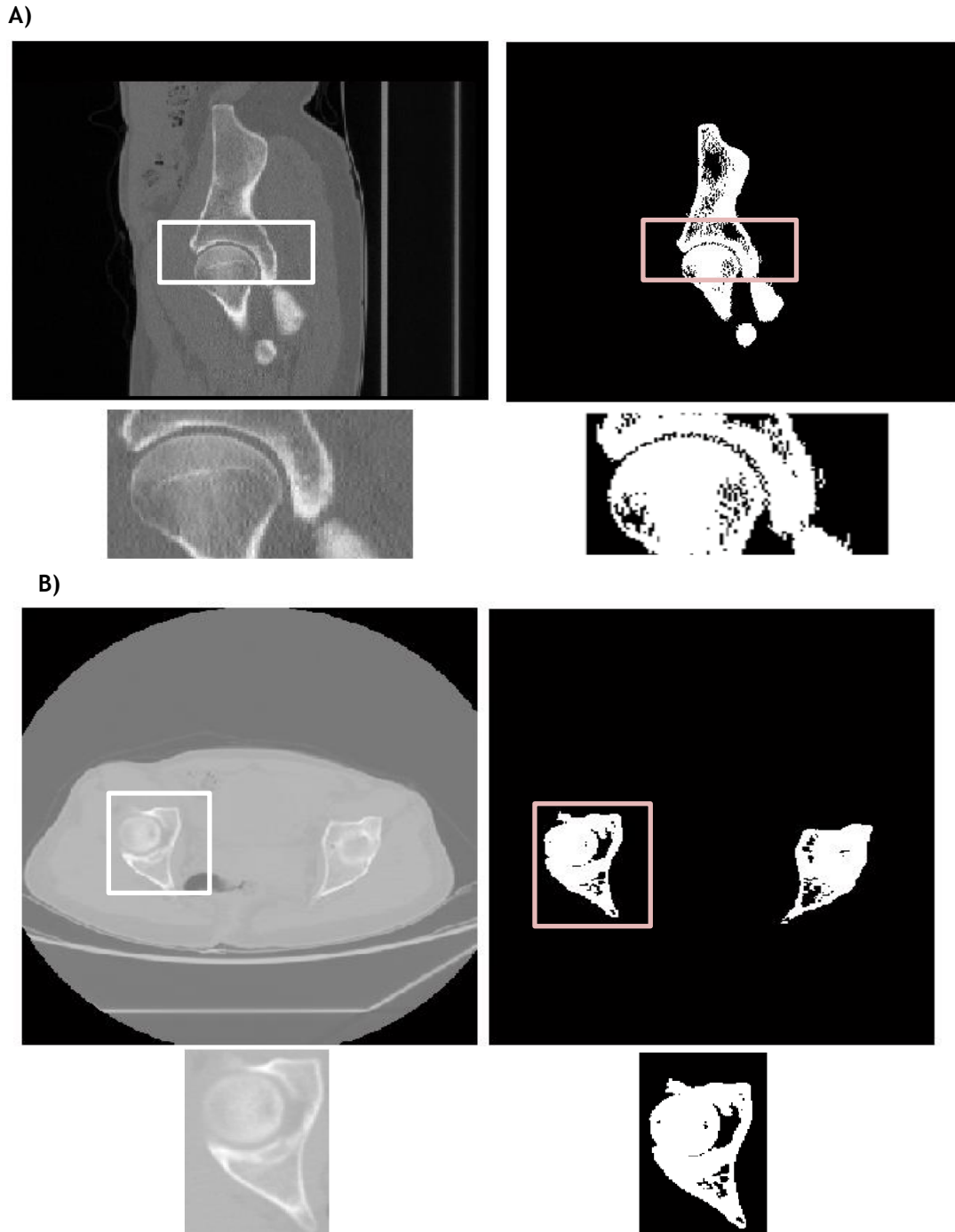
Introduzido no *software* o diretório das imagens e dando a informação ao programa relativamente ao seu plano anatómico de aquisição, foi indicado como primeiro passo, quer para o conjunto S quer para o conjunto T, a realização do processamento dos dados.

Então como já explicado no capítulo 5, o primeiro processo consistiu numa etapa de segmentação. Na tabela 6.1 estão representadas uma imagem escolhida aleatoriamente de cada conjunto, de forma a verificar o processo de segmentação e de aplicação do filtro pós-binarização.

Tabela 6.1 - Exemplo dos resultados obtidos na etapa de segmentação.



Apesar desta etapa de segmentação permitir identificar de forma clara as estruturas ósseas presentes em cada uma das imagens de ambos os conjuntos, nas regiões entre duas estruturas ósseas diferentes verifica-se alguma imperfeição na concretização desta etapa. Mais concretamente, esta situação verifica-se nas imagens que representam a conexão da cabeça do fémur ao osso pélvico, como reportado pela figura 6.8.



**Figura 6.8** - Imagens representativas da conexão do fêmur ao osso pélvico. A) Conjunto S; B) Conjunto T.

Embora se tenha pensado e testado outras técnicas, com vista a clarificar a segmentação destas regiões, mais concretamente as técnicas baseadas em modelos deformáveis e em contornos, ambas referenciadas no capítulo 4, verificou-se que o problema estava no valor da intensidade dos pixéis. Isto é, os pixéis que após a binarização passam a ter o valor 1 mas não são estrutura óssea, tem um valor de intensidade semelhante ao encontrado naqueles pixéis que representam mesmo a estrutura óssea. Assim sendo, seja qual for a técnica utilizada com vista a uma segmentação de forma completamente automática, o problema irá ser sempre o

mesmo: o valor dos pixels irá ser sempre igual, não dando para manipular o valor de uns sem provocar a alteração nos outros.

Ainda relativamente à etapa de segmentação, verificam-se alguns defeitos na região das estruturas ósseas. Testada a possibilidade de preenchimento desses “buracos”, verificou-se que no mesmo local referido acima, e também devido ao problema reportado pela figura 6.8, o preenchimento faria a identificação de regiões não ósseas como sendo estrutura óssea (figura 6.9), alterando a limitação das estruturas ósseas, mais concretamente da cabeça do fémur.



**Figura 6.9** - Exemplificação do preenchimento testado nas imagens binárias apresentadas em 6.8. A) Conjunto S; B) Conjunto T.

Tendo tudo isto em conta, optou-se por não se proceder ao preenchimento das zonas ósseas, continuando para as etapas seguintes do processamento com os resultados originários obtidos pela técnica de segmentação utilizada, *thresholding*.

Concluída a explicação e discussão dos resultados obtidos na identificação das estruturas ósseas, passa-se para as etapas seguintes (cálculo da densidade óssea aparente e criação dos nós), onde para estas apenas são utilizados os pixels correspondentes aos tecidos ósseos.

Feito o cálculo da densidade óssea aparente, já explicado anteriormente, procedeu-se à criação dos nós. Assim sendo, serão originados para cada pixel da imagem binária com valor de 1, oito nós, como demonstra a figura 6.10. Isto permitirá que cada pixel, que está projetado espacialmente em 2D, formará um componente 3D (voxel) que constituirá o elemento, na forma exata de hexaedro, que compõem uma malha computacional.

Processadas todas as imagens e criados os nós para cada um dos conjuntos, são apresentados na tabela 6.2, o número de nós resultantes (pré e pós verificação da repetição/sobreposição) para cada conjunto, o número de elementos, o intervalo de densidade quer dos nós, quer dos elementos, e o tempo gasto para a realização desta etapa (em segundos).

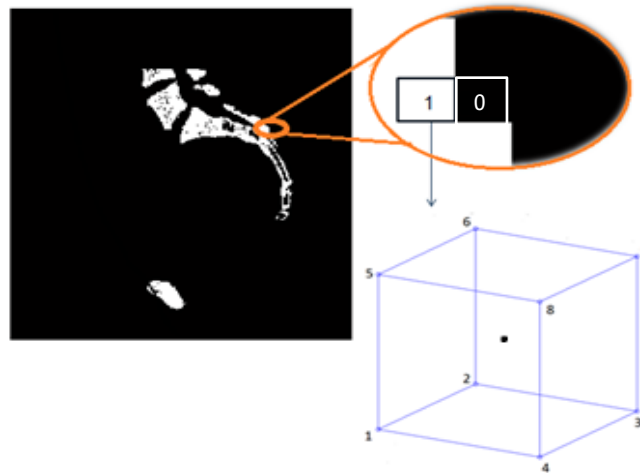


Figura 6.10 - Exemplificação da criação dos nós, e consequentemente do elemento hexaédrico, representativos da estrutura óssea.

Tabela 6.2 - Resultados do processamento para o conjunto S e T.

	Conjunto S	Conjunto T
Total de Imagens	137	93
Nº de nós (com repetição)	642456	536712
Nº de nós (sem os repetidos)	122021	100573
Nº de elementos	80307	67089
Intervalo de densidade dos nós ( $\text{g}/\text{cm}^3$ )	0.1646-1.9025	0.1554-1.9891
Intervalo de densidade dos elementos ( $\text{g}/\text{cm}^3$ )	0.1646-2.0428	0.1554-2.0661
Tempo (segundos)	8373	5580

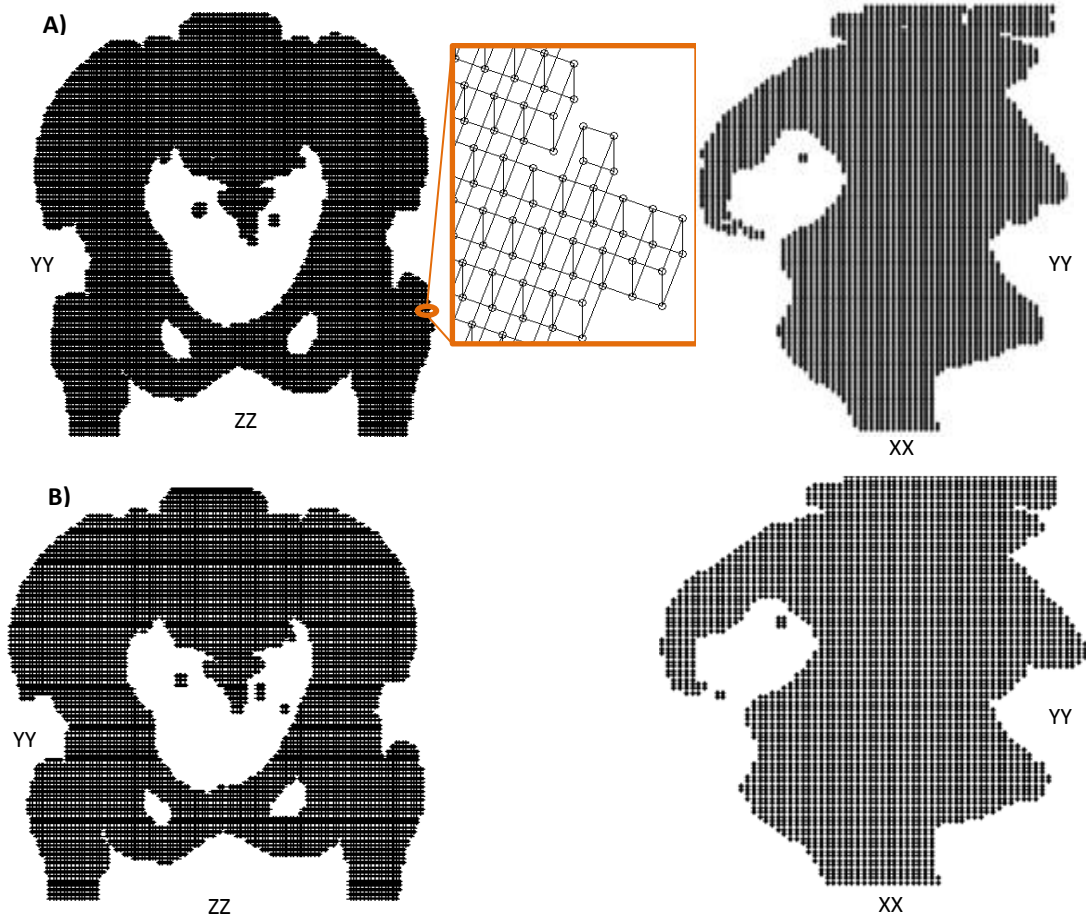
Pela análise dos dados da tabela 6.2, é possível identificar a diferença no número de nós pós e pré verificação da sobreposição/repetição (descrito em 5.3.2) em ambos os conjuntos. Relativamente ao número de nós e de elementos para cada conjunto, verifica-se um número proporcionalmente maior no conjunto S, em detrimento de ser o conjunto com maior número de imagens iniciais. Outra razão que fundamenta esta desigualdade encontra-se na diferença no valor do espaçamento entre *slices*, sendo no conjunto S de 2mm e no T de 2,5mm.

Quanto ao intervalo de valores de densidade de nós e elementos, este está dentro do valor máximo e mínimo de densidades estipulados na etapa de cálculo da densidade aparente óssea do pixel. Por fim, quanto ao tempo que demorou etapa de processamento, uma vez que o conjunto S é constituído por mais imagens, é coerente que tenha demorado mais do que o processamento das imagens relativas ao conjunto T.

Passando à apresentação das malhas computacionais das estruturas obtidas, e começando pela malha tridimensional da estrutura óssea total, esta encontra-se representada na figura 6.11 A) e B) referente ao conjunto S e T respetivamente.

Analisando cada uma destas malhas, em termos de estrutura/imagem, não se verifica grande diferença entre os conjuntos, apesar do plano anatómico ser diferente. Na mesma

perspetiva, e vendo a gama de valores de cada coordenada, ou seja, pela diferença entre o valor máximo e mínimo, as malhas também não apresentam grande variação. Para o conjunto S, no mesmo intervalo, o valor da coordenada x foi de 141, enquanto para o conjunto T foi de 145,5. Relativamente à coordenada y os valores obtidos para o conjunto S e T foram de 244,6 e 246 respetivamente. Por último, para a coordenada z do conjunto S e do conjunto T, a diferença foi de 232 e 236.

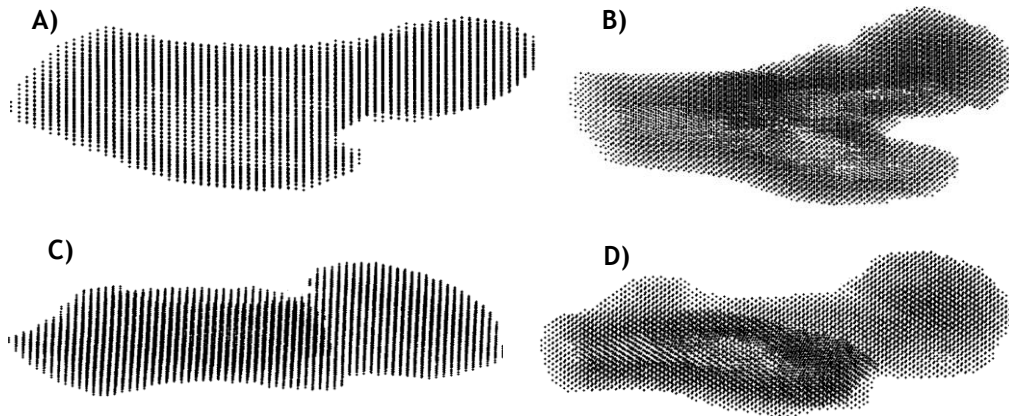


**Figura 6.11-** Malha computacional de toda a estrutura óssea representada pelas imagens dos conjuntos. A) Conjunto S; B) Conjunto T.

Expostas as malhas relativas à estrutura total para cada conjunto, em seguida serão apresentadas as malhas obtidas efetuando o processo de separação das três estruturas ósseas presentes: fémur direito, fémur esquerdo e osso pélvico.

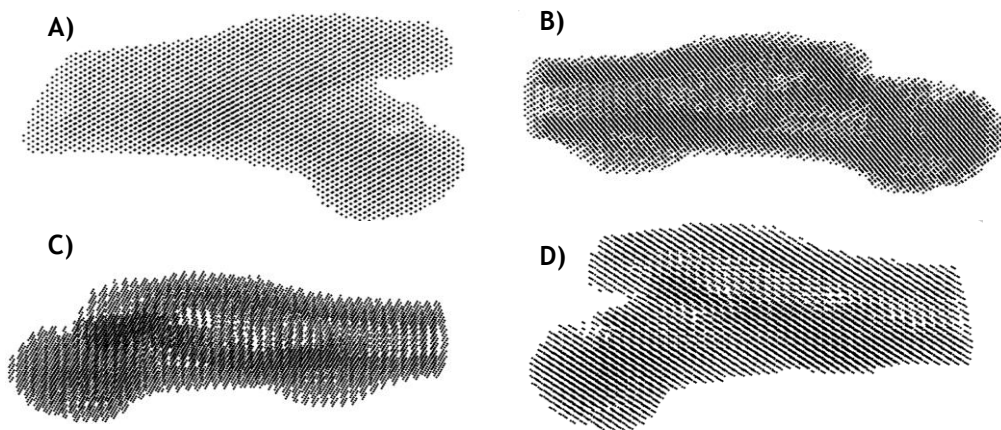
Uma vez que o procedimento de obtenção é igual para os dois conjuntos, de modo a expor um resultado para cada uma das estruturas isoladas, optou-se pela representação dos dados do conjunto S, uma vez que funcionando para um, funciona para o outro.

Começando pelo fémur direito proximal, após o algoritmo fazer a identificação automática de todos os nós constituintes deste fémur, foi obtido um fémur com cabeça de raio 21.75 mm, sendo a malha 3D correspondente apresentada, em várias projeções, na figura 6.12.



**Figura 6.12-** Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao fêmur direito do conjunto S.

Relativamente ao fêmur esquerdo proximal, e uma vez que o procedimento é exatamente igual, o resultado obtido é um fêmur com 21.54 mm de raio da cabeça. A malha tridimensional obtida está representada na figura 6.13, também em várias projeções, como o homólogo direito anteriormente apresentado.



**Figura 6.13 -** Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao fêmur esquerdo do conjunto S.

Por último, é apresentada a malha do osso pélvico, construída pela remoção das malhas dos dois fêmures. Feita a identificação dos nós constituintes de cada fêmur de forma automática pelo *software*, o resultado é apresentado na figura 6.14.

O número de nós, de elementos e o intervalo de densidade óssea aparente relativamente à malha do fêmur direito, esquerdo e osso pélvico serão apresentados na tabela 6.3.



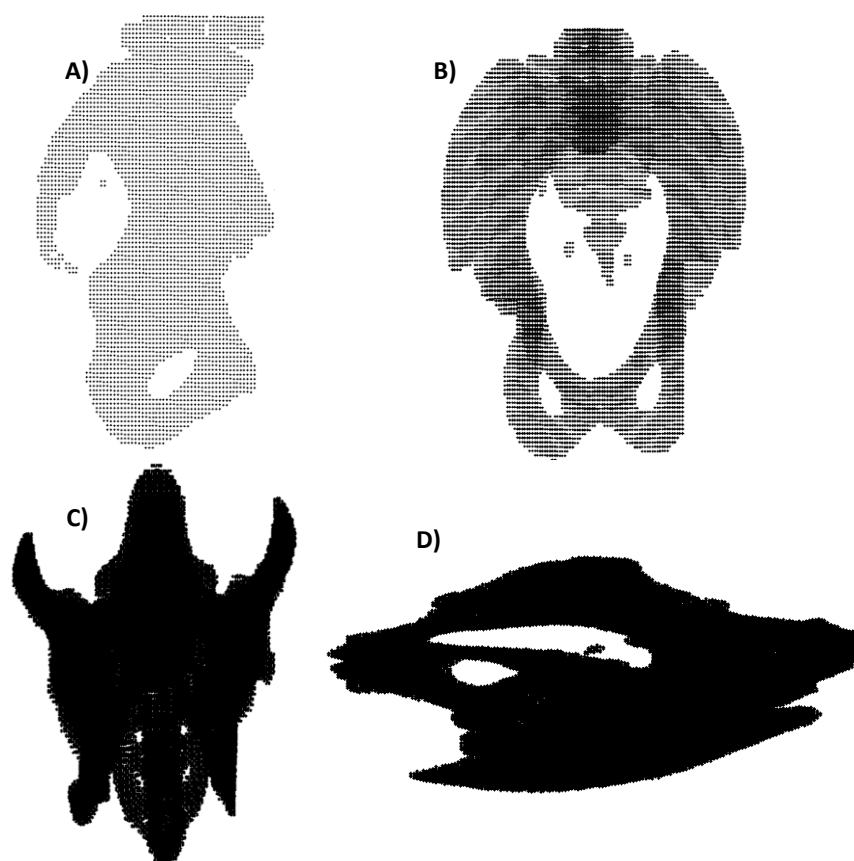


Figura 6.14 - Quatro projeções (A,B,C e D) diferentes da malha 3D visualizada correspondente ao osso pélvico do conjunto S.

Tabela 6.3 - Informação relativa às malhas obtidas das estruturas ósseas isoladas.

	Nº de nós	Nº de elementos	Intervalo de densidade dos nós (g/cm <sup>3</sup> )	Intervalo de densidade dos elementos (g/cm <sup>3</sup> )
<b>Fémur Direito</b>	10043	6011	0.1677-1.8883	0.1677-2.0316
<b>Fémur Esquerdo</b>	13125	8423	0.1646-1.8767	0.1646-2.0428
<b>Ossó Pélvico</b>	93557	63425	0.1676-1.9025	0.1676-2.0127

Analisando as malhas obtidas de cada estrutura óssea, verificou-se que para cada uma, a geometria é semelhante à comumente conhecida quer para o fémur quer para o osso pélvico. Relativamente ao número de nós e elementos, como seria de esperar, verifica-se um maior número destes para osso pélvico quando comparado com os dois fémures. Porém, entre a malha do fémur direito e a malha do fémur esquerdo, nota-se uma diferença considerável quanto ao número de nós (23,5%) e elementos (28,6%) que os constituem. Isto poderá ser explicado pelo processo de separação conter um passo manual, que está sempre associado a alguma margem de erro. Contudo, também a redução do tamanho original das imagens, alterando a distribuição de pixels original, poderá ser uma das causas para a obtenção de tais

resultados. É ainda de salientar que o corpo humano apresenta uma natural assimetria entre o lado esquerdo e o direito, e que pode contribuir para a diferença referida [125]. Para além de todos estes fatores, e não menos importante é o facto de o exame pertencer a um adulto do sexo feminino, sem ficha clínica adjacente onde constem dados de idade e informações importantes (número de filhos, desgaste ósseo/articulações).

Por último, referir que o diâmetro obtido para a cabeça dos dois fémures, está concordante com as medidas encontradas na literatura [120,121,126-128]

## 6.2- Validação dos resultados num *software* comercial

De forma a validar as malhas obtidas, optou-se pela introdução dos dados relativos às malhas criadas num *software* comercial com o intuito de verificar se seria possível a sua leitura. Para tal, procedeu-se à gravação em ficheiros \*.INP, dos dados relativo às cinco malhas criadas: estrutura óssea total do conjunto S e T, fémur direito, fémur esquerdo e osso pélvico. Assim sendo, para a concretização foi utilizado o *software* Abaqus® (versão 6.14), que consiste num programa para análise numérica de malhas 3D por meio do MEF. É muito conhecido pelo seu alto desempenho, qualidade e capacidade de resolver inúmeros tipos de simulações.

Foram então introduzidos os ficheiros \*.INP no Abaqus®, e o resultado da leitura destes é apresentado na figura 6.15.

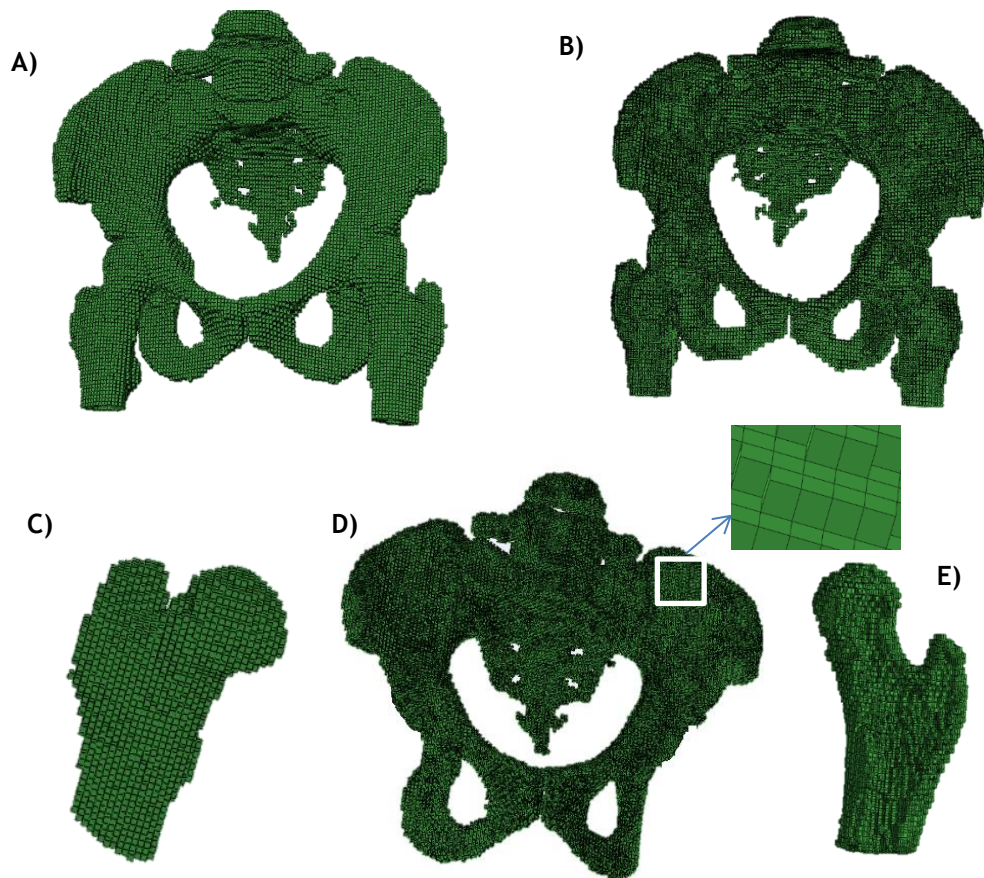


Figura 6.15 - Modelos reproduzidos no Abaqus® após leitura dos ficheiros \*.INP.  
A) Conjunto S; B) Conjunto T; C) Fémur Direito; D) Osso pélvico; E) Fémur Esquerdo.

Neste processo de validação da malha computacional, procedeu-se ainda à realização de uma simulação sobre um modelo, de forma a verificar o comportamento deste. De todas as malhas, a escolhida foi a correspondente ao fémur esquerdo, aleatoriamente. Aqui, e de maneira a ser possível uma comparação dos resultados obtidos, procedeu-se à criação de um modelo utilizando um outro *software* (*MIMICS*®), com funcionalidade idêntica à do *3D orthomesh*, mas já patenteado e comercializado. A utilização do *MIMICS*® só foi possível com a colaboração com o projeto “*Biomechanics: contributions to the healthcare*”, *reference NORTE-07-0124-FEDER-000035* cofinanciado pelo Programa Operacional Regional do Norte (ON.2 - O Novo Norte), através do Fundo Europeu de Desenvolvimento Regional (FEDER).

Numa primeira fase, antes da apresentação do modelo obtido e dos resultados da simulação efetuada, serão apresentadas algumas observações acerca do processo efetuado no *MIMICS*®, de modo a ser possível também uma comparação dos processos de obtenção do modelo entre o *software* comercial e o descrito ao longo deste documento, tendo por base o mesmo conjunto de dados.

Começando pela etapa de segmentação, o *MIMICS*® possibilita a realização de uma etapa de segmentação, visualizando e manipulando em simultâneo as imagens dos dois planos. Para além disso possibilita a utilização de duas técnicas diferentes: *Thresholding* e baseada em regiões (*Region Growing*). A figura 6.16 demonstra a identificação da estrutura óssea (com coloração a verde), após ensaiar e atribuir manualmente o valor de *threshold* mais adequado.

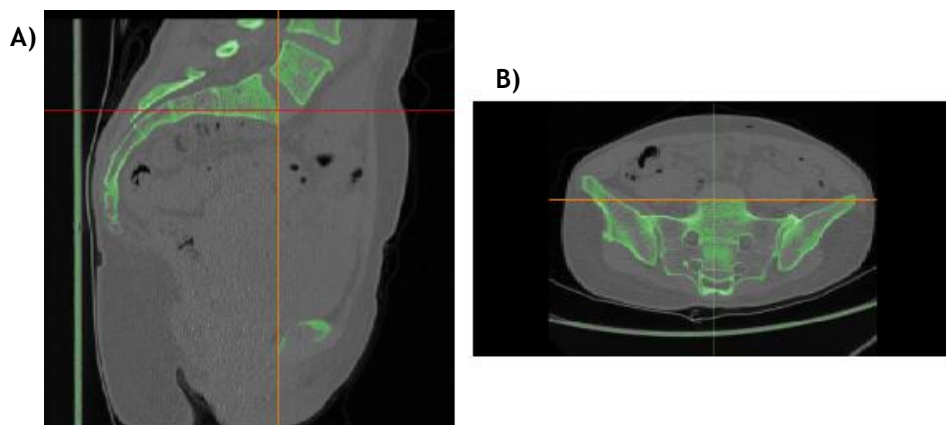
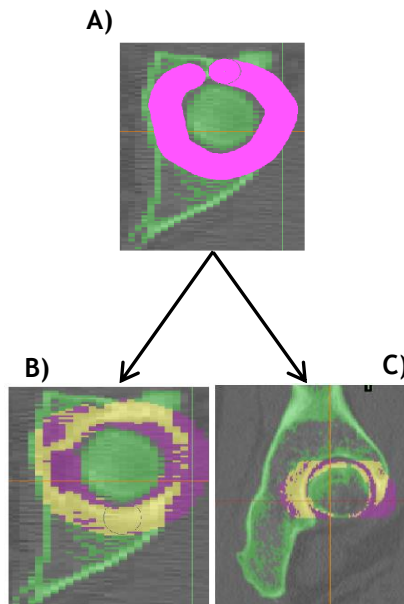


Figura 6.16 - Identificação da estrutura óssea no programa *MIMICS*®. A) Conjunto S; B) Conjunto T.

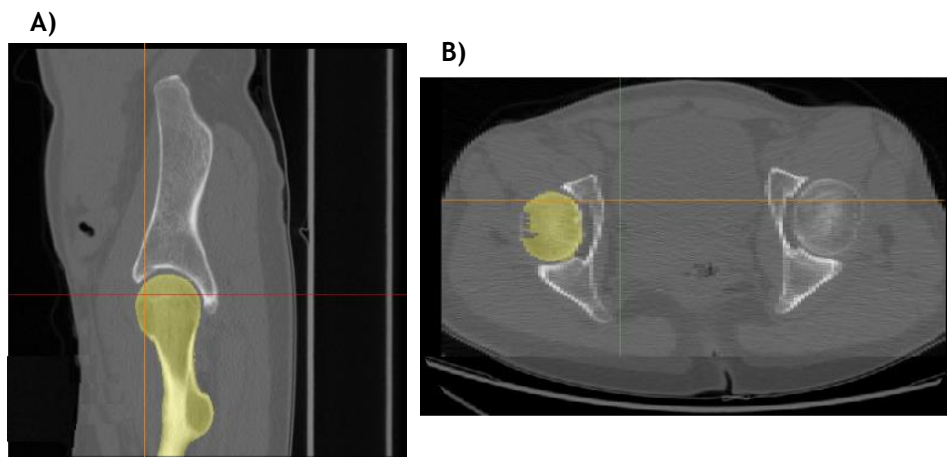
Feita a identificação, a fase seguinte compreende a extração do fémur esquerdo da restante estrutura óssea. Para isso, procedeu-se, também de forma manual, à delimitação da zona da cabeça deste. Este passo consiste num reconhecimento da região do osso pélvico que envolve a cabeça do fémur. Posto isto, é feita manualmente a seleção da distinção entre o fémur e o osso pélvico, marcando o local a ser ignorado como observado na figura 6.17 A). Sobre o local marcado é feita uma erosão, onde cada pixel que não faça parte do local é eliminado. Caso isso aconteça esse mesmo pixel é transformado em fundo.

Feito esse reconhecimento numa imagem do conjunto, ele perdurará para as restantes imagens, quer do plano sagital, quer do plano transversal, como demonstra a figura 6.17 B) e C).



**Figura 6.17** - Processo de separação do fêmur da restante estrutura óssea, no *MIMICS*<sup>®</sup>. A) Identificação da região do osso pélvico; B) Resultado para uma imagem do plano Transversal; C) Resultado para uma imagem do plano Sagital.

A etapa seguinte para a construção do modelo do fêmur esquerdo no *MIMICS*<sup>®</sup> consistiu num preenchimento onde se verificou um resultado muito mais adequado (figura 6.18 A)), comparativamente à solução aqui desenvolvida, apesar de mesmo assim conter algumas falhas como o demonstrado na figura 6.18 B).



**Figura 6.18** - Preenchimento da região óssea do fêmur esquerdo no *MIMICS*<sup>®</sup>.

Concluindo a criação do modelo do fêmur esquerdo no *MIMICS*<sup>®</sup>, foi escolhida a forma dos elementos a criar, uma vez que este possibilita a criação de elementos na forma de hexaedros ou tetraedros. Foi ainda escolhida a forma de calcular a densidade, uma vez que também este permite a escolha entre o cálculo a partir das unidades HU ou através da escala de cinzentos dos pixéis. Uma vez que no *software* desenvolvido, os elementos têm a forma de hexaedros e a densidade foi obtida segundo as unidades de HU, foi escolhido o mesmo procedimento na criação do modelo do programa *MIMICS*<sup>®</sup>.

Para as propriedades mecânicas, o cálculo do módulo de *Young* foi feito da mesma maneira utilizando a densidade do elemento, ao coeficiente de Poisson foi atribuído o valor de 0.3, enquanto para o módulo de distorção foi utilizado mesmo método do descrito anteriormente no Subcapítulo 5.3.4. Foram também definidas 400 propriedades de material (máximo permitido pelo *MIMICS*<sup>®</sup>), enquanto no modelo obtido pelo *3Dorthomesh* é atribuído o número de propriedades do material equivalente ao número de elementos.

Em forma de resumo, na tabela 6.4 encontra-se uma comparação das capacidades de cada *software* na criação de um modelo isolado do fémur esquerdo.

Tabela 6.4 - Diferenças no procedimento de obtenção de um modelo entre os *softwares* *3Dorthomesh* e *MIMICS*<sup>®</sup>

	<i>3Dorthomesh</i>	<i>MIMICS</i> <sup>®</sup>
Técnica de Segmentação usada	<i>Threshold</i> (Limiarização)	<i>Threshold</i> (Limiarização) ou Baseado em regiões ( <i>Region Growing</i> )
Preenchimento ósseo	Não	Sim
Método de separação	Seleção manual de quatro pontos da cabeça do fémur	Seleção manual da região a fazer erosão entre a cabeça do fémur e o osso pélvico
Forma do elemento	Hexaedro	Hexaedro ou Tetraedro
Cálculo da densidade	Através do HU	Através do HU ou através da escala de cinzentos
Nº máximo de propriedades do material	Equivalente ao nº de elementos	400
Nº de conjuntos de plano diferentes processados simultaneamente	1	Todos

Feita a criação do material, é criado um ficheiro para introduzir a informação relativa ao modelo no *Abaqus*<sup>®</sup> de modo a realizar a simulação. Ambos os modelos obtidos pelo algoritmo *3Dorthomesh* e *MIMICS*<sup>®</sup> apresentam-se representados na figura 6.19 A) e B) respetivamente.

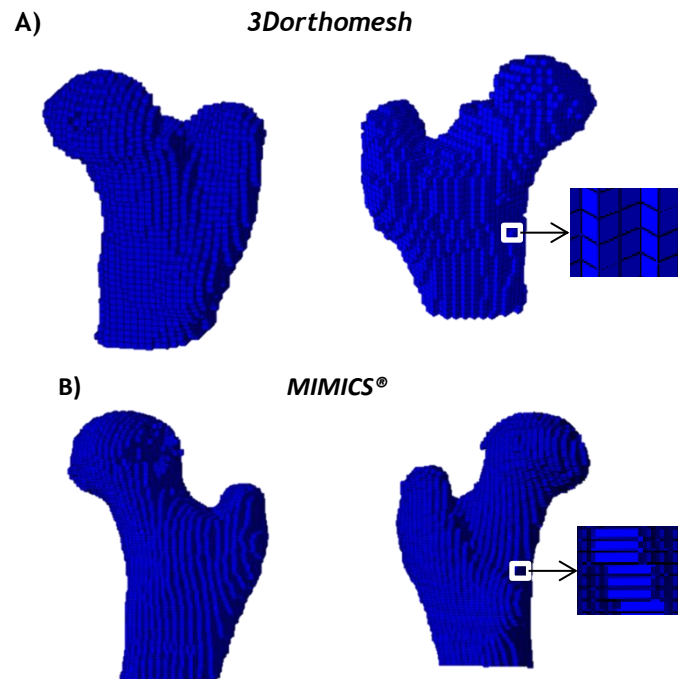


Figura 6.19- Modelo obtido no *Abaqus*<sup>®</sup> do fêmur esquerdo. A) *3Dorthomesh*; B) *MIMICS*<sup>®</sup>.

Na tabela 6.5 estão descritos ambos os modelos do fêmur esquerdo em termos de número de nós, elementos (nº e forma) e do intervalo de densidade destes últimos.

Tabela 6.5 - Informação relativa aos modelos do fêmur esquerdo criado.

	Modelo <i>3Dorthomesh</i>	Modelo <i>MIMICS</i> <sup>®</sup>
Nº de nós	13125	101139
Nº de elementos	8423	89075
Geometria dos nós	Hexaedro	Hexaedro
Intervalo de densidade dos elementos (g/cm <sup>3</sup> )	0.1646-2.0428	0.2027-1.9998

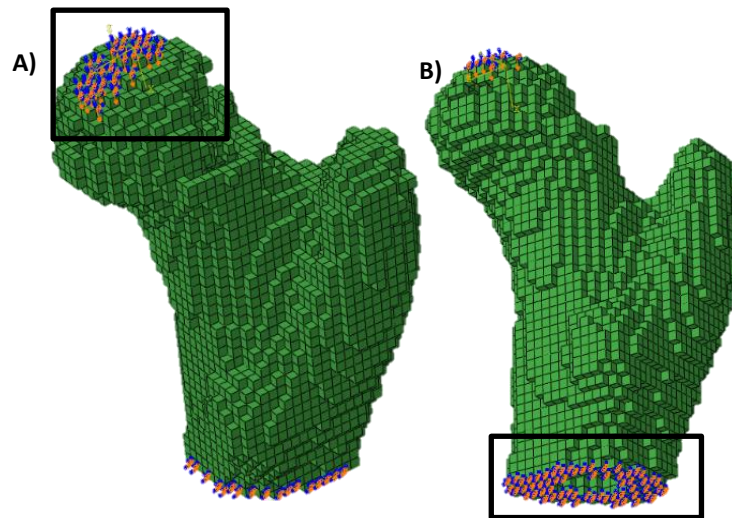
Analisando os dois modelos, é de rápida percepção que o modelo obtido pelo *MIMICS*<sup>®</sup> apresenta uma geometria mais perfeita do fêmur. Apesar disso, a geometria dos elementos aparece mais regular no modelo criado pelo *3Dorthomesh*, pois os do modelo criado pelo programa comercial formam um hexaedro muito planar, ou seja, mais retangular. Ainda relativamente ao número de nós e de elementos, o modelo processado no *MIMICS*<sup>®</sup> apresenta um número elevado destes quando comparado ao outro modelo. Isto é justificável na medida em que para um modelo é feita uma etapa de preenchimento ósseo manual que não altera a geometria óssea, enquanto para o outro modelo (*3Dorthomesh*) não é feito esse preenchimento, como já explicado acima. A existência de um número maior de nós permitirá obter um modelo com maior precisão, tendo como benefício a obtenção de resultados mais coerentes.

Esta disparidade no número de nós pode também ser um reflexo da necessidade de redução do tamanho original das imagens para ser possível a utilização da ferramenta aqui



proposta. Este fator apenas é um reflexo do custo computacional da ferramenta desenvolvida. Por último, relativamente ao intervalo de densidade, este encontra-se dentro dos valores limitantes utilizados (0.1 e 2.1 g/cm<sup>3</sup>) para o cálculo do mesmo.

Por fim, foi feita a mesma simulação para os dois modelos no *Abaqus*<sup>®</sup>, que teve por base o trabalho publicado por *J.H. Keyak* [129], uma vez que tem ainda grande importância para o estudo do fémur proximal [130]. Esta consistiu no encastramento (restrição em termos de deslocamento e de rotação) dos nós constituintes da parte mais distal do fémur, ou seja, no término da diáfise, e na aplicação de um deslocamento de 10 mm de alguns nós da cabeça do fémur. Este deslocamento foi aplicado e direcionado 20° para a diáfise do fémur no plano coronal. Ambas as condições estão representadas na figura 6.20.



**Figura 6.20** - Condições aplicadas ao modelo para a realização da simulação no *Abaqus*<sup>®</sup>.

A) Aplicação do deslocamento a uns nós pertencentes à cabeça do fémur;

B) Encastramento da parte mais distal da diáfise do fémur.

Para a análise do comportamento dos modelos, foram determinadas duas características: deslocamento (através da magnitude e representado pela letra U) e o campo de tensões efetivas (S) de von Mises (Mises) para todos os elementos de cada malha. O resultado de tais parâmetros está representado para o modelo obtido no *3Dorthomesh* na tabela 6.6 e para o modelo obtido no *MIMICS*<sup>®</sup> na tabela 6.7. A análise dos resultados pode ser feita de acordo com os valores da escala de cores, juntamente apresentada para cada caso.

Tabela 6.6 - Resultados da simulação para o modelo do 3Dorthomesh.

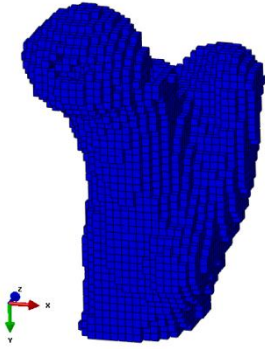
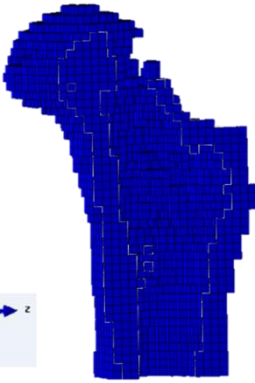
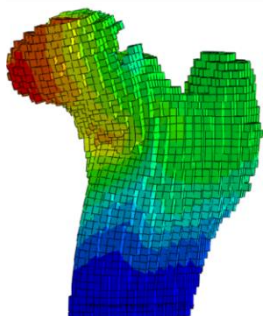
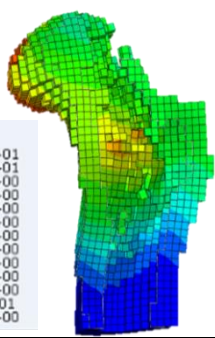
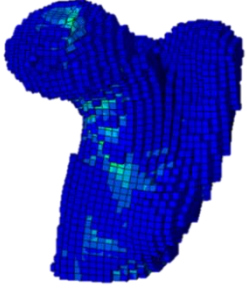
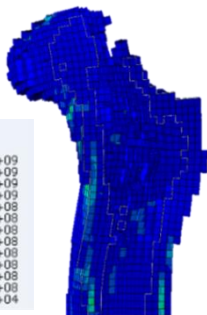
	Modelo Completo	Corte Transversal
Início		
Deslocamento (U)	<p>U, Magnitude</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>+1.151e+01</li> <li>+1.055e+01</li> <li>+9.588e+00</li> <li>+8.629e+00</li> <li>+7.670e+00</li> <li>+6.712e+00</li> <li>+5.753e+00</li> <li>+4.794e+00</li> <li>+3.835e+00</li> <li>+2.876e+00</li> <li>+1.918e+00</li> <li>+9.588e-01</li> <li>+0.000e+00</li> </ul> 	<p>U, Magnitude</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>+1.151e+01</li> <li>+1.055e+01</li> <li>+9.588e+00</li> <li>+8.629e+00</li> <li>+7.670e+00</li> <li>+6.712e+00</li> <li>+5.753e+00</li> <li>+4.794e+00</li> <li>+3.835e+00</li> <li>+2.876e+00</li> <li>+1.918e+00</li> <li>+9.588e-01</li> <li>+0.000e+00</li> </ul> 
Tensão (S)	<p>S, Mises (Avg: 75%)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>+1.423e+09</li> <li>+1.304e+09</li> <li>+1.186e+09</li> <li>+1.067e+09</li> <li>+9.486e+08</li> <li>+8.301e+08</li> <li>+7.115e+08</li> <li>+5.929e+08</li> <li>+4.744e+08</li> <li>+3.558e+08</li> <li>+2.372e+08</li> <li>+1.186e+08</li> <li>+5.351e+04</li> </ul> 	<p>S, Mises (Avg: 75%)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>+1.423e+09</li> <li>+1.304e+09</li> <li>+1.186e+09</li> <li>+1.067e+09</li> <li>+9.486e+08</li> <li>+8.301e+08</li> <li>+7.115e+08</li> <li>+5.929e+08</li> <li>+4.744e+08</li> <li>+3.558e+08</li> <li>+2.372e+08</li> <li>+1.186e+08</li> <li>+5.351e+04</li> </ul> 



Tabela 6.7 - Resultados da simulação para o modelo do *MIMICS*<sup>®</sup>.

	Modelo Completo	Corte Transversal
Início		
Deslocamento (U)		
Tensão (S)		

Analisando os resultados das simulações, verificou-se que ao nível do deslocamento, para ambos os modelos, este é maior para os outros locais que não o que sofreu encastramento, ou seja aqueles que não têm restrições ao nível do deslocamento e da rotação. Comparando os dois modelos entre si, quanto à magnitude do deslocamento, o modelo obtido no *3Dorthomesh* aparece com maiores valores de deslocamento associado na zona frontal da cabeça (apresenta maior deformação que no local de aplicação do deslocamento) e na zona da diáfise abaixo da cabeça do fêmur, enquanto no modelo do *MIMICS*<sup>®</sup> os maiores valores de

deslocamento apenas estão inseridos na cabeça do fêmur, com maior incidência na zona de atuação do deslocamento. Com a averiguação do corte transversal realizado em ambos os modelos, estas diferenças poderão ser justificadas pela existência, ou não, de elementos no interior do modelo, pois o corte transversal do modelo obtido no *MIMICS*<sup>®</sup> apresenta uma distribuição mais coerente no seu interior.

Relativamente à análise dos resultados da tensão, observou-se uma grande diversidade para os dois modelos. Para o modelo do fêmur criado pelo *3Dorthomesh*, verifica-se uma maior alteração comportamental. As regiões onde é aplicado o deslocamento e a zona da diáfise posterior à cabeça do fêmur são locais onde se verificam as principais variações, sendo a última, a zona da diáfise posterior à cabeça do fêmur, aquela que apresenta os maiores valores de alteração. Para o outro modelo, verifica-se uma pequena modificação na diáfise, sendo a maior modificação na zona de aplicação do deslocamento (apresentando mesmo maiores valores para esta zona quando comparado com o modelo obtido pelo software desenvolvido). Também junto à zona onde foi colocada a condição fronteira sem movimento, verificou-se uma maior transformação para o modelo do *3Dorthomesh*. Observando novamente os cortes transversais, mas desta vez para os valores de tensão, conclui-se, que o fator do preenchimento do interior do modelo com elementos tem também grande influência na obtenção de resultados. Sobretudo nas zonas da diáfise, quer por baixo da cabeça do fêmur quer na zona do encastramento, o facto de existir o preenchimento possibilita uma atenuação do movimento do modelo, que no modelo onde não se verifica o preenchimento se refletirá na obtenção de maior alteração na zona do deslocamento, quer abaixo da cabeça do fêmur, quer na parte distal onde foi aplicado o encastramento.

Feita a comparação entre os dois modelos, podemos verificar que o modelo obtido pelo *software* registado *MIMICS*<sup>®</sup> apresenta globalmente melhores resultados após a realização da simulação. Avaliando o intervalo de valores apresentados quer para os resultados do deslocamento, quer para os da tensão, não se verifica uma grande diferença entre modelos. O preenchimento do interior do modelo mostra ser um dos parâmetros muito importante. Mais concretamente, a possibilidade de preenchimento traduz-se um maior número de nós e de elementos, permitindo ir ao encontro do já pronunciado anteriormente, permite uma melhor discretização da malha e naturalmente uma obtenção de resultados mais coerentes. Contudo, na geometria dos elementos, o modelo obtido pelo *software* desenvolvido, ao apresentar uma geometria mais regular, possibilita uma melhor visualização do mapeamento de cores para cada elemento, no caso, por exemplo, de uma análise individual ou mais detalhada.

# Capítulo 7

## Conclusões e Trabalho Futuro

A realização do estudo de investigação que está na base desta Dissertação permitiu a identificação de algumas soluções para a realização de simulações biomecânicas, que foram desenvolvidas e implementadas, permitindo formular uma ideia bastante clara acerca desta área de investigação. Para a enunciação do Estado da Arte (capítulo 4), foram revistos estudos cujo desenvolvimento foi efetuado há alguns anos, assim como outros que se desenvolveram mais recentemente. Isto permitiu compreender que o estudo biomecânico aplicado à área da ortopedia tem sido um campo alvo de grande interesse, onde são efetuados muitos esforços como demonstra o grande número de trabalhos publicados. É neste sentido que a ideia por detrás desta Dissertação se insere, contribuir para os avanços científicos desta área.

Também o levantamento de conceitos adjacentes ao tema da Dissertação permitiu uma maior aprendizagem possibilitando paralelamente retirar algumas conclusões. No campo da imagiologia médica, embora este tradicionalmente seja visto como uma ferramenta para o mapeamento não invasivo da anatomia do corpo humano, o forte interesse de que é alvo poderá no futuro trazer uma mudança de paradigma. Com isto conjetura-se, que com o constante avanço e potencial demonstrado, as técnicas de imagiologia poderão também ser introduzidas na aplicação de outras áreas como a bioquímica, biologia molecular e a genética. Isto demonstra que apesar de terem “ganho” um lugar indispensável no diagnóstico e tratamento, as suas potencialidades estão longe de serem esgotadas.

Como referido anteriormente, o principal objetivo deste projeto consistiu na criação de um *software* que possibilitasse simultaneamente a identificação de tecidos biológicos (neste caso o tecido ósseo) e a criação de uma malha de nós relativa as estruturas desses tecidos. Assim e, tendo em conta, os resultados apresentados no Capítulo 6, conclui-se que através do algoritmo desenvolvido, juntamente com as interfaces gráficas estruturas foi possível a obtenção de uma ferramenta computacional que permite simultaneamente alcançar os objetivos inicialmente nomeados. A ferramenta criada foi designada de *3Dorthomesh* e durante todo seu desenvolvimento, houve a preocupação de proporcionar um rápido processamento de dados e conseqüente obtenção de malhas computacionais. Aliado a isto, está também o cuidado de proporcionar ao utilizador um sistema de fácil operabilidade, de modo a que se possa tirar o máximo de benefícios funcionais do algoritmo desenvolvido.

Auxiliado pela visão global de toda a funcionalidade do *software* desenvolvido, é possível a identificação de algumas vantagens na sua utilização. Começando pela interpretação dos dados, o facto de conseguir realizar a leitura de ficheiros do tipo *DICOM*, que é o formato padrão utilizado para o armazenamento de imagens médicas, aliado ao facto de processar os dados em diferentes plano anatómicos (obtendo-se resultados consistentes quando relacionados) considera-se uma vantagem deste *software*. Passando para a identificação automática de uma estrutura óssea, independente do local do corpo humano representado, esta ferramenta permite a identificação da estrutura óssea, bem como do cálculo da densidade óssea aparente (utilizando um parâmetro não influenciável pelo tipo de equipamento utilizado). Para além disto, e no domínio da criação da malha de nós, é utilizado um procedimento de criação e representação espacial dos nós que permite a mimetização da secção corporal a ser representada a uma escala real (em milímetros). A informação da malha tridimensional criada poderá ser introduzida, por exemplo, num *software* próprio para a realização de simulações biomecânicas, através de um ficheiro *\*.INP*, também criado de forma automática por este *software*.

É nesta etapa da criação da malha, e do ficheiro *\*.INP* que, quando comparado com o *MIMICS*<sup>®</sup>, um *software* registado e comercializado com idêntica funcionalidade, se torna perceptível a identificação de mais duas vantagens do algoritmo desenvolvido no âmbito desta Dissertação. A primeira vantagem engloba a geometria do elemento criado, uma vez que quando comparados os elementos hexaédricos de ambos os *softwares*, é observável que o elemento criado pelo *MIMICS*<sup>®</sup> apresenta uma aparência mais irregular do que o elemento na mesma forma geométrica, criado pelo algoritmo da ferramenta computacional descrita ao longo deste documento. A outra vantagem abrange a criação de propriedades do material. O *MIMICS*<sup>®</sup> possibilita uma criação máxima de quatrocentas propriedades do material, enquanto o algoritmo desenvolvido permite a criação de uma propriedade do material por elemento constituinte da malha, o que poderá ser benéfico para um aumento da precisão da malha computacional a ser analisada.

Apesar de todas as vantagens apresentadas, a ferramenta aqui apresentada demonstra igualmente algumas limitações, desde logo a capacidade de apenas processar a separação e obtenção de malhas para três estruturas ósseas da região da articulação da anca (adicionalmente, uma vez feita manualmente, a variabilidade na solução de utilizador para utilizador pode ser uma importante fonte de erros), enquanto o *MIMICS*<sup>®</sup> permite tal procedimento para qualquer secção corporal do ser humano. Também, e ainda comparado com o *MIMICS*<sup>®</sup>, este apresenta várias limitações desde logo a com maior grau de importância, a etapa de segmentação/preenchimento da estrutura óssea.

Neste sentido, algumas melhorias devem ser consideradas para o projeto aqui descrito. Assim, tendo em conta o tempo disponível para a realização da presente Dissertação e os procedimentos experimentais realizados para a construção do algoritmo, alguns aspetos não foram passíveis de ser abordados. Assim sendo, nos pontos seguintes destacam-se alguns desenvolvimentos futuros possíveis:

- Aplicadas e validadas as malhas computacionais obtidas para um *software* que permite a realização de simulações biomecânicas segundo o método de elementos finitos (utilizando por exemplo o *Abaqus*<sup>®</sup>), uma vez que nos objetivos iniciais são referidos os métodos sem malha como outros métodos numéricos para

- aplicação da malha computacional obtida, verificar a leitura e comportamento desta para um método sem malha de forma a analisar problemas biomecânicos;
- Melhoria de algumas etapas no processamento dos dados, tal como a etapa de segmentação. Embora seja uma tarefa de muito difícil realização, melhorar o algoritmo de forma permitir uma identificação o mais precisa possível das estruturas ósseas de forma a posteriormente realizar o seu preenchimento. A melhoria desta etapa permitira um aumento muito significativo da qualidade das malhas criadas;
  - Testar um novo conjunto de imagens da mesma secção corporal utilizada, a região da articulação da anca, de forma a verificar se permite a obtenção da malha das estruturas isoladas;
  - Adicionar ao algoritmo os parâmetros necessários para o processamento de imagens no plano coronal;
  - Consideração das propriedades mecânicas anisotrópicas para cada pixel, pois o tecido ósseo apresenta um comportamento anisotrópico (resiste de maneira diferente às cargas aplicadas em diferentes direcções);
  - Reavaliar a criação do ficheiro do tipo \*.INP, podendo ser consideradas as propriedades do material por regiões da estrutura óssea de forma a permitir uma leitura com menos gasto computacional;
  - Apesar de, previsivelmente identificar num conjunto de imagens de qualquer secção óssea do corpo humano, o *software* aqui desenvolvido só está especificado para a obtenção da separação para a secção corporal da articulação da anca, que era a secção representada por ambos os conjuntos de dados utilizados. De forma a completar o algoritmo, realizar uma especificação para outras secções corporais como, ombro ou joelho, de forma a ser possível a separação e obtenção da malha de estruturas ósseas isoladas.

Embora sejam enunciados alguns aspetos da ferramenta computacional desenvolvida que poderão ser aperfeiçoado e afinados, os objetivos propostos inicialmente foram cumpridas e, para além disso, foram proporcionadas boas perspectivas para desenvolvimento futuro deste algoritmo.

Como nota final, apraz ainda salientar que a aplicação da biomecânica no estudo do corpo humano perspectiva-se como indispensável para uma melhor compreensão estrutural e comportamental, bem como das suas limitações. O campo da biomecânica computacional demonstrou já estudos importantes na área da modelação, simulação e análise de sistemas biológicos obtidos a partir de imagens médicas, abrindo novas oportunidades desafiantes. Com a realização desta Dissertação, de carácter inovador, pretende-se que esta possa ser o início de uma contribuição futura para uma melhoria na obtenção de um diagnóstico mais preciso e ao mesmo tempo um tratamento ou prevenção mais rápido de forma individualizada para cada paciente, devido à diversidade de estruturas ósseas características de cada ser humano.

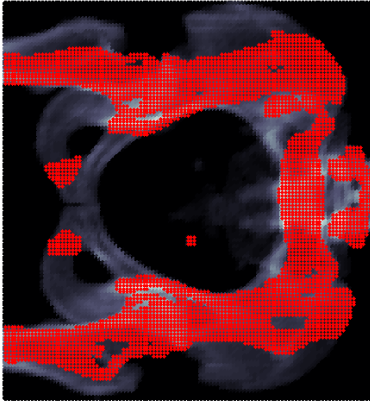



# Anexo

## Anexo A - Menu de seleção dos pontos para a identificação da cabeça do fémur direito

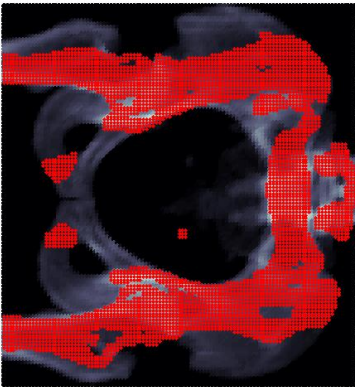

Ponto 1

Select a point as represented in this image --->



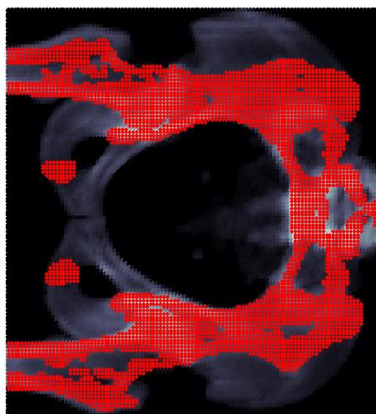
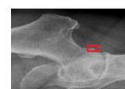
Ponto 2

Select a point as represented in this image --->



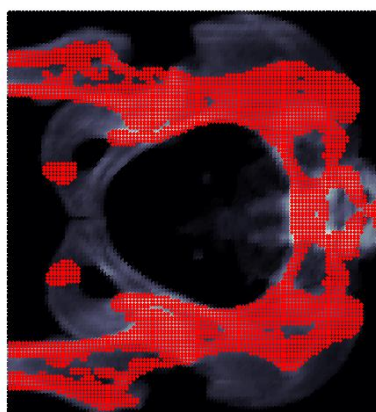
**Ponto 3**

Select a point as represented in this image --->



**Ponto 4**

Select a point as represented in this image --->

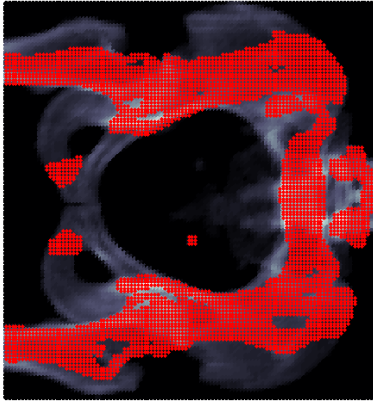





## Anexo B - Menu de seleção dos pontos para a identificação da cabeça do fêmur esquerdo

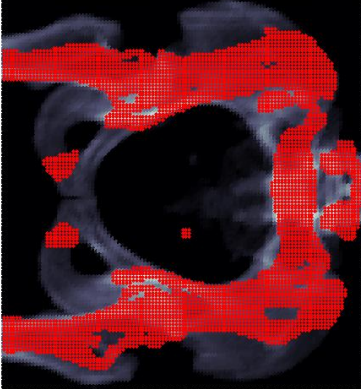

Ponto 1

Select a point as represented in this image --->



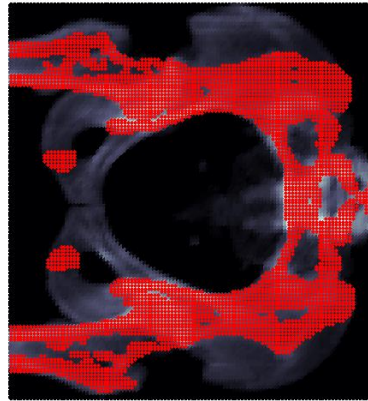
Ponto 2

Select a point as represented in this image --->



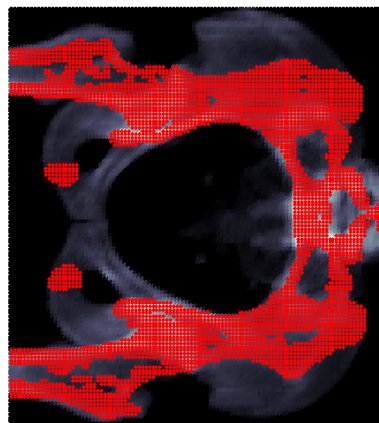
**Ponto 3**

Select a point as represented in this image --->



**Ponto 4**

Select a point as represented in this image --->



## Referências

- [1] G. Bergmann, G. Deuretzbacher, M. Heller, F. Graichen, A. Rohlmann, J. Strauss, *et al.*, "Hip contact forces and gait patterns from routine activities," *Journal of biomechanics*, vol. 34, pp. 859-871, 2001.
- [2] R. Smith-Bindman, D. L. Miglioretti, E. Johnson, C. Lee, H. S. Feigelson, M. Flynn, *et al.*, "Use of diagnostic imaging studies and associated radiation exposure for patients enrolled in large integrated health care systems, 1996-2010," *Jama*, vol. 307, pp. 2400-2409, 2012.
- [3] J. Belinha, *Meshless Methods in Biomechanics*: Springer, 2014.
- [4] S. W. Jacob, C. A. Francone, and W. J. Lossow, *Anatomia e fisiologia humana*: Guanabara, 1990.
- [5] A. Completo and F. Fonseca, "Fundamentos de biomecânica músculo-esquelética e ortopédica," *Portugal: Porto*, 2011.
- [6] C. Corporation. (2015, 20/12/2014). *wiseGEEK clear answers for common questions*. Available: <http://www.wisegeek.org/what-is-compact-bone.htm#diagram-of-bone-anatomy>
- [7] J. D. Barros, J. J. d. Oliveira Júnior, S. G. d. Silva, and R. F. d. Farias, "Characterization of bone Tissue by microwaves using wavelets and KNN," *Journal of Microwaves, Optoelectronics and Electromagnetic Applications*, vol. 10, pp. 217-231, 2011.
- [8] P. Zioupos, R. B. Cook, and J. R. Hutchinson, "Some basic relationships between density values in cancellous and cortical bone," *Journal of biomechanics*, vol. 41, pp. 1961-1968, 2008.
- [9] A. Techy, "A importância da fotografia na medicina," *Rev. Bras. Reumatol*, vol. 46, pp. 207-209, 2006.
- [10] S. A. Marom and M. J. Linden, "Computer aided stress analysis of long bones utilizing computed tomography," *Journal of biomechanics*, vol. 23, pp. 399-404, 1990.
- [11] M. Analoui, J. D. Bronzino, and D. R. Peterson, *Medical imaging: principles and practices*: CRC Press, 2012.
- [12] Y.-H. D. Fang, "Biomedical Imaging: Role and Opportunities of Medical Imaging in the "Omics" Era," 2014.
- [13] M. Hoheisel, "Review of medical imaging with emphasis on X-ray detectors," *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment*, vol. 563, pp. 215-224, 2006.

- [14] D. Elson and G.-Z. Yang, "The Principles and Role of Medical Imaging in Surgery," in *Key Topics in Surgical Research and Methodology*, ed: Springer, 2010, pp. 529-543.
- [15] A. Hynes, D. A. Scott, A. Man, D. L. Singer, M. G. Sowa, and K.-Z. Liu, "Molecular mapping of periodontal tissues using infrared microspectroscopy," *BMC medical imaging*, vol. 5, p. 2, 2005.
- [16] J. Medeiros, "Qualidade de imagem versus dose em tomografia computadorizada: otimização dos protocolos de crânio," 2009.
- [17] J. A. Maintz and M. A. Viergever, "A survey of medical image registration," *Medical image analysis*, vol. 2, pp. 1-36, 1998.
- [18] J. J. P. d. Lima, *Técnicas de diagnóstico com raios X: aspectos físicos e biofísicos*: Imprensa da Universidade de Coimbra, 2009.
- [19] J.-P. Moy, "Recent developments in X-ray imaging detectors," *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment*, vol. 442, pp. 26-37, 2000.
- [20] V. R. Fuchs and H. C. Sox, "Physicians' views of the relative importance of thirty medical innovations," *Health Affairs*, vol. 20, pp. 30-42, 2001.
- [21] P. Suetens, *Fundamentals of medical imaging*: Cambridge university press, 2009.
- [22] V. I. M. Milka, Victor V., "1- Advances in Imaging from the First X-ray Images," in *Medical Imaging Technology*, Elsevier, Ed., ed Oxford, 2014, pp. 1-22.
- [23] J. B. M. Pisco, *Noções fundamentais de imagiologia*, 1999.
- [24] R. Shoy, "X-Ray Equipment," in *Medical Imaging C. Press*, Ed., ed, 2004.
- [25] C. I. Rodrigues, "Sistemas CAD em Patologia Mamária," *Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto, Setembro*, 2008.
- [26] A. Webb and G. C. Kagadis, *Introduction to biomedical imaging*: Wiley Hoboken, 2003.
- [27] J. T. Bushberg and J. M. Boone, *The essential physics of medical imaging*: Lippincott Williams & Wilkins, 2011.
- [28] J. L. Prince and J. M. Links, *Medical imaging signals and systems*: Pearson Prentice Hall Upper Saddle River, NJ, 2006.
- [29] K. Toennies, "Digital Image Acquisition," in *Guide to Medical Image Analysis*, ed: Springer London, 2012, pp. 21-82.
- [30] C. A. A. Vinhais, "Medical x-ray images of the human thorax: segmentation, decomposition and reconstruction," 2007.
- [31] E. D. Nicol, J. Lyne, M. B. Rubens, S. P. Padley, and S. Yen Ho, "Left main coronary atresia: A more commonly identified condition after the advent of 64-slice CT coronary angiography?," *Journal of nuclear cardiology*, vol. 14, pp. 715-718, 2007.
- [32] E. Seeram, *Computed tomography: physical principles, clinical applications, and quality control*: Elsevier Health Sciences, 2013.
- [33] E. S. d. Santos and M. S. Nacif, "Manual de técnicas em tomografia computadorizada," *Rio de Janeiro: Rubio*, 2009.
- [34] S. Cho, T. Lee, J. Min, and H. Chung, "Feasibility study on many-view under-sampling technique for low-dose computed tomography," *Optical Engineering*, vol. 51, pp. 080501-1-080501-3, 2012.
- [35] W. A. Kalender, *Computed tomography: fundamentals, system technology, image quality, applications*: John Wiley & Sons, 2011.

- [36] A. P. James and B. V. Dasarathy, "Medical image fusion: A survey of the state of the art," *Information Fusion*, vol. 19, pp. 4-19, 2014.
- [37] G. Sakas, "Trends in medical imaging: from 2D to 3D," *Computers & Graphics*, vol. 26, pp. 577-587, 2002.
- [38] S. Pimenta, J. Tavares, R. N. Jorge, F. Alexandre, T. Mascarenhas, and R. El Sayed, "Reconstruction of 3d models from medical images: Application to female pelvic organs," *cal*, vol. 1, p. 3, 2006.
- [39] K. Liew, H. Wu, and T. Ng, "Meshless method for modeling of human proximal femur: treatment of nonconvex boundaries and stress analysis," *Computational Mechanics*, vol. 28, pp. 390-400, 2002.
- [40] R. L. Piziali, T. K. Hight, and D. A. Nagel, "An extended structural analysis of long bones—application to the human tibia," *Journal of Biomechanics*, vol. 9, pp. 695-701, 1976.
- [41] R. L. Piziali, "Geometric Properties of human long bones," *Journal of Biomechanics*, vol. 13, pp. 881-885, 1980.
- [42] K. C. Murase, R.D., D. R. Pederson, and T. S. Chang, "An analysis of tibial component design in total knww arthroplasty," *Journal of Biomechanics*, vol. 16, pp. 13-22, 1982.
- [43] T. D. Brown and A. M. DiGioia, "A contact-coupled finite element analysis of the natural adult hip," *Journal of biomechanics*, vol. 17, pp. 437-448, 1984.
- [44] C. O. Lovejoy and A. H. Burstein, "Geometrical properties of bone sections determined by laminography and physical section," *Journal of biomechanics*, vol. 10, pp. 527-528, 1977.
- [45] W. Hayes, L. Swenson, and D. Schurman, "Axisymmetric finite element analysis of the lateral tibial plateau," *Journal of biomechanics*, vol. 11, pp. 21-33, 1978.
- [46] J. Lewis, D. Jaycox, and O. Wang, "Stress analysis of some features of knee prostheses by finite element," *Trans. Orthop. Res. Soc.*, vol. 2, p. 55, 1977.
- [47] M. Askew and J. Lewis, "Analysis of model variables and fixation post length effects on stresses around a prosthesis in the proximal tibia," *Journal of biomechanical engineering*, vol. 103, pp. 239-245, 1981.
- [48] R. Little, H. Wevers, D. Siu, and T. Cooke, "A three-dimensional finite element analysis of the upper...," *J Biomech Eng*, vol. 108, pp. 111-9, 1986.
- [49] J. Katz, "The structure and biomechanics of bone," in *Symposia of the Society for Experimental Biology*, 1979, pp. 137-168.
- [50] L. J. Gibson, "The mechanical behaviour of cancellous bone," *Journal of biomechanics*, vol. 18, pp. 317-328, 1985.
- [51] F. Taddei, M. Pani, L. Zovatto, E. Tonti, and M. Viceconti, "A new meshless approach for subject-specific strain prediction in long bones: Evaluation of accuracy," *Clinical Biomechanics*, vol. 23, pp. 1192-1199, 2008.
- [52] S. S. Trostle and M. D. Markel, "Fracture biology, biomechanics, and internal fixation," *The Veterinary clinics of North America. Food animal practice*, vol. 12, pp. 19-46, 1996.
- [53] D. Withey and Z. Koles, "A review of medical image segmentation: methods and available software," *International Journal of Bioelectromagnetism*, vol. 10, pp. 125-148, 2008.

- [54] G. Chen, B. Schmutz, D. Epari, K. Rathnayaka, S. Ibrahim, M. Schuetz, *et al.*, "A new approach for assigning bone material properties from CT images into finite element models," *Journal of biomechanics*, vol. 43, pp. 1011-1015, 2010.
- [55] D. R. Carter and W. C. Hayes, "The compressive behavior of bone as a two-phase porous structure," *The Journal of Bone & Joint Surgery*, vol. 59, pp. 954-962, 1977.
- [56] D. Carter, G. Schwab, and D. Spengler, "The effect of apparent density on the tensile and compressive properties of cancellous bone," *Trans. Orthop. Res. Soc.*, vol. 4, p. 87, 1979.
- [57] T. Harrigan, D. Carter, R. Mann, and W. Harris, "The influence of apparent density and trabecular orientation on the elastic modulus of cancellous bone," *Trans. ORS*, vol. 6, p. 277, 1981.
- [58] R. Stoico, S. Tassani, L. Mecozzi, S. Falcioni, C. Fersini, and F. Baruffaldi, "Challenges for bone mineral density calibration on micro-CT," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 419, 2013.
- [59] F. Taddei, A. Pancanti, and M. Viceconti, "An improved method for the automatic mapping of computed tomography numbers onto finite element models," *Medical engineering & physics*, vol. 26, pp. 61-69, 2004.
- [60] B. Helgason, E. Perilli, E. Schileo, F. Taddei, S. Brynjólfsson, and M. Viceconti, "Mathematical relationships between bone density and mechanical properties: a literature review," *Clinical Biomechanics*, vol. 23, pp. 135-146, 2008.
- [61] E. Schileo, E. Dall'Ara, F. Taddei, A. Malandrino, T. Schotkamp, M. Baleani, *et al.*, "An accurate estimation of bone density improves the accuracy of subject-specific finite element models," *Journal of biomechanics*, vol. 41, pp. 2483-2491, 2008.
- [62] F. L. Jacob, J. M. R. Tavares, and A. M. Reis, "Algoritmos para alinhamento de imagens médicas: princípios e aplicação em imagens de esclerose múltipla," in *3º Congresso Nacional de Biomecânica*, 2009.
- [63] K. Rathnayaka, T. Sahama, M. A. Schuetz, and B. Schmutz, "Effects of CT image segmentation methods on the accuracy of long bone 3D reconstructions," *Medical engineering & physics*, vol. 33, pp. 226-233, 2011.
- [64] F. Alexandre, R. N. Jorge, J. M. Tavares, T. Mascarenhas, R. F. El Sayed, A. Fernandes, *et al.*, "Segmentação e reconstrução 3D de estruturas em imagens médicas: comparação entre uma metodologia quot; automática e uma outra quot; manual," *Métodos Numéricos e Computacionais em Engenharia CMNE CILAMCE 2007*, 2007.
- [65] N. A. DeVries, E. E. Gassman, N. A. Kallemeyn, K. H. Shivanna, V. A. Magnotta, and N. M. Grosland, "Validation of phalanx bone three-dimensional surface segmentation from computed tomography images using laser scanning," *Skeletal radiology*, vol. 37, pp. 35-42, 2008.
- [66] E. E. Gassman, S. M. Powell, N. A. Kallemeyn, N. A. DeVries, K. H. Shivanna, V. A. Magnotta, *et al.*, "Automated bony region identification using artificial neural networks: reliability and validation measurements," *Skeletal radiology*, vol. 37, pp. 313-319, 2008.
- [67] S. Hirano and Y. Hata, "Fuzzy expert system for foot CT image segmentation," *Image and Vision Computing*, vol. 19, pp. 207-216, 2001.
- [68] D. Almeida, J. Folgado, P. Fernandes, and R. Ruben, "Histogram based threshold segmentation of the human femur body for patient specific acquired CT scan images,"

- Computational Modelling of Objects Represented in Images III: Fundamentals, Methods and Applications*, p. 281, 2012.
- [69] D. Shubhangi, S. Raghavendra, and P. Hiremath, "Edge Detection of Femur Bones in X-ray images,-A comparative study of Edge Detectors," *International Journal of Computer Applications (0975-8887)*, vol. 42, pp. 13-16, 2012.
- [70] Z. Ma, J. M. R. Tavares, R. N. Jorge, and T. Mascarenhas, "A review of algorithms for medical image segmentation and their applications to the female pelvic cavity," *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering*, vol. 13, pp. 235-246, 2010.
- [71] R. C. Gonzalez, R. E. Woods, and S. L. Eddins, *Digital image processing using MATLAB*: Pearson Education India, 2004.
- [72] K.-P. Wong, "Medical image segmentation: methods and applications in functional imaging," in *Handbook of Biomedical Image Analysis*, ed: Springer, 2005, pp. 111-182.
- [73] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, "Snakes: Active contour models," *International journal of computer vision*, vol. 1, pp. 321-331, 1988.
- [74] Z. Ma, J. M. R. Tavares, and R. M. N. Jorge, "A Review on the Current Segmentation Algorithms for Medical Images," in *IMAGAPP 2009-Proceedings of the First International Conference on Computer Imaging Theory and Applications, Lisboa, Portugal, February 5-8, 2009*, 2009, pp. 135-140.
- [75] L. B. Lucy, "A numerical approach to the testing of the fission hypothesis," *The astronomical journal*, vol. 82, pp. 1013-1024, 1977.
- [76] J. Belinha, L. Dinis, and R. N. Jorge, "The bone tissue remodelling analysis in dentistry using a meshless method," *Biodental Engineering III*, p. 213, 2014.
- [77] C. Guedes, "Métodos sem malha em problemas de mecânica computacional: aplicação a processos de enformação plástica.," Tese de Doutoramento, Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto, 2006.
- [78] S. R. Idelsohn and E. Onate, "To mesh or not to mesh. That is the question...," *Computer methods in applied mechanics and engineering*, vol. 195, pp. 4681-4696, 2006.
- [79] J. D. Lee, Y. Chen, X. Zeng, A. Eskandarian, and M. Oskard, "Modeling and simulation of osteoporosis and fracture of trabecular bone by meshless method," *International journal of engineering science*, vol. 45, pp. 329-338, 2007.
- [80] K. C. Wong, L. Wang, H. Zhang, H. Liu, and P. Shi, "Meshfree implementation of individualized active cardiac dynamics," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 34, pp. 91-103, 2010.
- [81] T. Chen, S. Kim, S. Goyal, S. Jabbour, J. Zhou, G. Rajagopal, *et al.*, "Object-constrained meshless deformable algorithm for high speed 3D nonrigid registration between CT and CBCT," *Medical physics*, vol. 37, pp. 197-210, 2010.
- [82] C. Yang, D. Tang, and S. Atluri, "Three-dimensional carotid plaque progression simulation using meshless generalized finite difference method based on multi-year MRI patient-tracking data," *Computer modeling in engineering & sciences: CMES*, vol. 57, p. 51, 2010.
- [83] G. Barequet, D. Shapiro, and A. Tal, "Multilevel sensitive reconstruction of polyhedral surfaces from parallel slices," *The Visual Computer*, vol. 16, pp. 116-133, 2000.
- [84] J. Ródenas, L. Giovannelli, E. Nadal, J. Navarro, and M. Tur, "Creation of patient specific finite element models of bone-prosthesis—simulation of the effect of future

- implants," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 161, 2013.
- [85] Z. Sawacha and B. Schrefler, "22 - Finite Element Modelling in Musculoskeletal Biomechanics," in *Modelling Methodology for Physiology and Medicine (Second Edition)*, E. C. Cobelli, Ed., ed Oxford: Elsevier, 2014, pp. 527-544.
- [86] W. Brekelmans, H. Poort, and T. Slooff, "A new method to analyse the mechanical behaviour of skeletal parts," *Acta Orthopaedica*, vol. 43, pp. 301-317, 1972.
- [87] F. Taddei, S. Martelli, B. Reggiani, L. Cristofolini, and M. Viceconti, "Finite-element modeling of bones from CT data: sensitivity to geometry and material uncertainties," *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, vol. 53, pp. 2194-2200, 2006.
- [88] R. Huiskes and E. Chao, "A survey of finite element analysis in orthopedic biomechanics: the first decade," *Journal of biomechanics*, vol. 16, pp. 385-409, 1983.
- [89] M. Viceconti, M. Davinelli, F. Taddei, and A. Cappello, "Automatic generation of accurate subject-specific bone finite element models to be used in clinical studies," *Journal of biomechanics*, vol. 37, pp. 1597-1605, 2004.
- [90] E. Schileo, F. Taddei, A. Malandrino, L. Cristofolini, and M. Viceconti, "Subject-specific finite element models can accurately predict strain levels in long bones," *Journal of biomechanics*, vol. 40, pp. 2982-2989, 2007.
- [91] M. Viceconti, L. Bellingeri, L. Cristofolini, and A. Toni, "A comparative study on different methods of automatic mesh generation of human femurs," *Medical engineering & physics*, vol. 20, pp. 1-10, 1998.
- [92] Z. Yosibash, N. Trabelsi, and C. Milgrom, "Reliable simulations of the human proximal femur by high-order finite element analysis validated by experimental observations," *Journal of biomechanics*, vol. 40, pp. 3688-3699, 2007.
- [93] B. Varghese, D. Short, R. Penmetsa, T. Goswami, and T. Hangartner, "Computed-tomography-based finite-element models of long bones can accurately capture strain response to bending and torsion," *Journal of biomechanics*, vol. 44, pp. 1374-1379, 2011.
- [94] J. Zhang, D. Malcolm, J. Hislop-Jambrich, C. D. L. Thomas, and P. Nielsen, "Automatic meshing of femur cortical surfaces from clinical CT images," in *Mesh Processing in Medical Image Analysis 2012*, ed: Springer, 2012, pp. 40-48.
- [95] T. Gross and D. Pahr, "Influence of mesh size and element type on apparent yield properties of microCT based finite element models of human trabecular bone," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 415, 2013.
- [96] R. Suppanee, P. Wong, I. Esat, M. Chizari, K. Rajakulendran, N. V. Bardakos, et al., "The Kinematics of the Hip Joint with Femoroacetabular Impingement May Be Affected by the Thickness of the Articular Cartilage," in *Biomedical Imaging and Computational Modeling in Biomechanics*, ed: Springer, 2013, pp. 39-54.
- [97] I. Campioni, G. Notarangelo, U. Andreaus, A. Ventura, and C. Giacomozzi, "Hip Prostheses Computational Modeling: FEM simulations integrated with fatigue mechanical tests," in *Biomedical Imaging and Computational Modeling in Biomechanics*, ed: Springer, 2013, pp. 81-108.
- [98] J. Thevenot, J. Koivumäki, V. Kuhn, F. Eckstein, and T. Jämsä, "A novel methodology for generating 3D finite element models of the hip from 2D radiographs," *Journal of biomechanics*, vol. 47, pp. 438-444, 2014.



- [99] W. Wolański, M. Gzik, E. Kawlewska, E. Stachowiak, D. Larysz, A. Rudnik, *et al.*, "Preoperative planning the lumbar spine stabilization with posterior intervertebral systems," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 345, 2013.
- [100] P. Magne, "Efficient 3D finite element analysis of dental restorative procedures using micro-CT data," *Dental Materials*, vol. 23, pp. 539-548, 2007.
- [101] A. Correia, J. R. Campos, N. Ramos, M. Vaz, J. C. Viana, and Z. Kovacs, "3D finite element analysis of an all-zirconia dental implant rehabilitation," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 361, 2013.
- [102] M. Bessho, I. Ohnishi, J. Matsuyama, T. Matsumoto, K. Imai, and K. Nakamura, "Prediction of strength and strain of the proximal femur by a CT-based finite element method," *Journal of biomechanics*, vol. 40, pp. 1745-1753, 2007.
- [103] L. Giovannelli, O. Marco, J. Navarro, E. Giner, and J. Ródenas, "Direct creation of finite element models from medical images using Cartesian grids," *Computational Vision and Medical Image Processing IV: VIPIMAGE 2013*, p. 167, 2013.
- [104] E. Nadal, J. Ródenas, J. Albelda, M. Tur, J. Tarancón, and F. Fuenmayor, "Efficient finite element methodology based on cartesian grids: Application to structural shape optimization," in *Abstract and applied analysis*, 2013.
- [105] D. Kluess, R. Souffrant, W. Mittelmeier, A. Wree, K.-P. Schmitz, and R. Bader, "A convenient approach for finite-element-analyses of orthopaedic implants in bone contact: modeling and experimental validation," *Computer methods and programs in biomedicine*, vol. 95, pp. 23-30, 2009.
- [106] A. Herrera, J. J. Panisello, E. Ibarz, J. Cegoñino, J. A. Puértolas, and L. Gracia, "Long-term study of bone remodelling after femoral stem: a comparison between dexa and finite element simulation," *Journal of biomechanics*, vol. 40, pp. 3615-3625, 2007.
- [107] H. Gong, L. Kong, R. Zhang, J. Fang, and M. Zhao, "A Femur-Implant Model for the Prediction of Bone Remodeling Behavior Induced by Cementless Stem," *Journal of Bionic Engineering*, vol. 10, pp. 350-358, 2013.
- [108] T. Belytschko, Y. Krongauz, D. Organ, M. Fleming, and P. Krysl, "Meshless methods: an overview and recent developments," *Computer methods in applied mechanics and engineering*, vol. 139, pp. 3-47, 1996.
- [109] N. E. M. Association. (2015, 10/05/2015). Disponível em: < <http://www.nema.org> >.
- [110] B. A. Chandra, "Medical Image Modality Classification using Feature Weighted Clustering Approach," USM, 2010.
- [111] D. U. M. School. (2014, 28/05/2015). Anatomy Learning Resources. Available: [https://web.duke.edu/anatomy/Lab09/Lab10\\_preLab.html](https://web.duke.edu/anatomy/Lab09/Lab10_preLab.html).
- [112] M. J. da Silva Campos, T. S. de Souza, S. L. M. Júnior, M. R. Fraga, and R. W. F. Vitral, "Bone mineral density in cone beam computed tomography: Only a few shades of gray," *World journal of radiology*, vol. 6, p. 607, 2014.
- [113] J. Belinha, R. M. N. Jorge, and L. M. Dinis, "A meshless microscale bone tissue trabecular remodelling analysis considering a new anisotropic bone tissue material law," *Computer methods in biomechanics and biomedical engineering*, vol. 16, pp. 1170-1184, 2013.

- [114] J. C. Lotz, T. N. Gerhart, and W. C. Hayes, "Mechanical properties of metaphyseal bone in the proximal femur," *Journal of biomechanics*, vol. 24, pp. 317-329, 1991.
- [115] G. Vaz, P. Roussouly, E. Berthounaud, and J. Dimnet, "Sagittal morphology and equilibrium of pelvis and spine," *European spine journal*, vol. 11, pp. 80-87, 2002.
- [116] L. Jean, "The Sagittal Pelvic Thickness: A Determining Parameter for the Regulation of the Sagittal Spinopelvic Balance," *ISRN anatomy*, vol. 2013, 2013.
- [117] R. Putz, R. Pabst, *Sobotta Atlas de anatomia humana: tronco, vísceras e extremidades inferiores: Guanabara Koogan, 2006, 22ª Edição.*
- [118] S. Alazzawi, M. H. Field, N. V. Bardakos, M. A. Freeman, and R. E. Field, "The position of the centre of the femoral head relative to the midline of the pelvis: A consistent landmark in total knee replacement surgery," *The Knee*, vol. 19, pp. 827-831, 2012.
- [119] H. T. Calis, M. Eryavuz, and M. Calis, "Comparison of femoral geometry among cases with and without hip fractures," *Yonsei medical journal*, vol. 45, pp. 901-907, 2004.
- [120] M. Athapattu, A. H. Saveh, S. M. Kazemi, B. Wang, and M. Chizari, "Measurement of the Femoral Head Diameter at Hemiarthroplasty of the Hip," *Procedia Technology*, vol. 17, pp. 217-222, 2014.
- [121] M. Athapattu, A. H. Saveh, J. Mahmud, M. Alrashidi, B. Wang, and M. Chizari, "Accuracy of Measuring Methods on the Femoral Head," *Procedia Engineering*, vol. 68, pp. 83-87, 2013.
- [122] P. Rubin, P. Leyvraz, J. Aubaniac, J. Argenson, P. Esteve, and B. De Roguin, "The morphology of the proximal femur. A three-dimensional radiographic analysis," *Journal of Bone & Joint Surgery, British Volume*, vol. 74, pp. 28-32, 1992.
- [123] S. Wang, J. Xiong, C. Zhan, A. Wang, Y. Chen, Q. Jiang, et al., "The anatomy of proximal femoral autografts for pelvic reconstruction: a cadaveric study," *Surgical and radiologic anatomy*, vol. 34, pp. 305-309, 2012.
- [124] J. Preece, H. Sharp, and Y. Rogers, *Interaction Design-beyond human-computer interaction: John Wiley & Sons, 2015.*
- [125] T. H. S. de Farias, V. Q. Borges, E. S. de Souza, N. Miki, and F. Abdala, "Estudo radiográfico dos aspectos anatômicos do fêmur proximal dos adultos brasileiros," *Revista Brasileira de Ortopedia*, vol. 50, pp. 16-21, 2015.
- [126] G. R. Milner and J. L. Boldsen, "Humeral and femoral head diameters in recent white American skeletons," *Journal of forensic sciences*, vol. 57, pp. 35-40, 2012.
- [127] A. Afroze and M. D. Huda, "Femoral Head Diameters and Sex Differentiation in the Northern Zone (Rajshahi) of Bangladesh," *TAJ: Journal of Teachers Association*, vol. 18, pp. 84-88, 2005.
- [128] L. Linda and R. Klepinger, "Fundamentals of forensic anthropology," ed: Hoboken New jersey: John Wiley & Sons, Inc, 2006, p. 34.
- [129] J. Keyak, "Improved prediction of proximal femoral fracture load using nonlinear finite element models," *Medical engineering & physics*, vol. 23, pp. 165-173, 2001.
- [130] R. Hambli, "A quasi-brittle continuum damage finite element model of the human proximal femur based on element deletion," *Medical & biological engineering & computing*, vol. 51, pp. 219-231, 2013.

