

Modelagem e parametrização de geometrias de estruturas biológicas e dispositivos biomédicos

Anna Luiza M. C. Lima, Alan M. P. Losano, Leonardo M. R. Machado, Izaque A. Maia, Pedro Y. Noritomi

anna.lima@cti.gov.br, alan.losano@cti.gov.br leonardo.machado@cti.gov.br,
izaque.maia@cti.gov.br

¹ Divisão de Tecnologias para Produção e Saúde– Campinas/SP

² Faculdade de Engenharia Civil, Arquitetura e Urbanismo (FEC-FAU)

Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP) – Campinas/SP

Abstract. *The process of representing anatomical structures through advanced CAD (Computer - Aided Design) tools is limited in view of the geometric/volumetric complexity of these models. However, the parameterization of these structures is presented as a technique that can contribute to the optimization of this process.*

In order to speed up this process and improve the interaction with the researcher, this article proposes a methodology for parameterization of an anatomical model of the mandible, within the BioCAD protocol, using the Rhinoceros ® Software (version 7.0) and its Grasshopper plugin.

This work show impressive time reduction in digital modification of a same anatomic structural - from one day to 1 minute - when parametrical model substitutes CAD one.

Resumo. *O processo de representação de estruturas anatômicas por meio de ferramentas avançadas de CAD (Computer – Aided Design) é limitado tendo em vista a complexidade geométrica/volumétrica desses modelos. No entanto, a parametrização dessas estruturas se apresenta como uma técnica que pode contribuir para a otimização desse processo.*

Com a finalidade de agilizá-lo e aprimorar a interação com pesquisador, o presente artigo propõe uma metodologia de parametrização de um modelo anatômico de mandíbula, dentro do protocolo BioCAD, utilizando o Software Rhinoceros ® (versão 7.0) e seu plugin Grasshopper.

Este trabalho mostrou impressionante redução de tempo em modificação de estruturas biológicas digitais - de um dia para um minuto - quando o modelo paramétrico substitui o modelo CAD.

1. Introdução

O protocolo BioCAD consiste na execução de uma série de procedimentos para construção de biomodelos a partir de marcos na estrutura anatômica, tornando a reprodução da anatomia de cada paciente um processo mais controlado e preciso. Esse protocolo é constituído de uma série de etapas a serem realizadas em diversos programas de computador. A partir do arquivo STL, derivado da tomografia computadorizada ou da ressonância magnética, é possível tratar a malha no programa InVesalius® 3.0 e transferir o arquivo já “limpo” para o software Rhinoceros®; por fim, utiliza-se programas de simulação MEF, como o Hypermesh® 13.0, para realizar as análises mecânicas [1].

O conceito de Modelagem Paramétrica (MP), por sua vez, é abordado de diferentes maneiras por diversos autores. Segundo Flavia Polonini [2], alguns teóricos a compreendem como “a utilização de parâmetros para definir e controlar a forma de um objeto”; outros, como uma subárea da computação ou como uma ferramenta capaz de construir geometrias de maneira semiautomática, entre outras. No entanto, apesar das inúmeras abordagens, a essência do conceito de MP não se altera: consiste em uma ferramenta computacional de modelagem que auxilia na construção e alteração de geometrias complexas de maneira automatizada.

Como uma das grandes vantagens desse método é a possibilidade de gerar alternativas de projeto de forma mais dinâmica, a modelagem paramétrica é muito utilizada em diversos setores. A popularização dessa ferramenta, entretanto, está diretamente relacionada à área da arquitetura [3]. Na área biomédica e odontológica é importante na fabricação de próteses, órteses e na construção de biomodelos para auxílio em cirurgias.

No entanto, diferentemente das edificações, os componentes anatômicos não possuem um padrão capaz de ser facilmente reproduzido graficamente. Além das variações presentes em cada indivíduo, essas estruturas possuem uma organização extremamente irregular e com um caráter orgânico que dificulta a reconstrução precisa desses elementos [4,5]

Além da exatidão, questões como a edição da geometria e a interação com o pesquisador, são dificultadas com o modelo em CAD. O tempo necessário para realizar pequenas alterações, como espessura e movimentações de anatomia, é muito grande, o que torna o processo pouco dinâmico e intuitivo.

Assim, a elaboração de um método que facilite a construção de modelos anatômicos pode ser uma forma de otimizar o processo de digitalização dessas estruturas, agilizando, consequentemente, o uso em casos clínicos e ensaios médicos. Uma alternativa para essa

questão é a sistematização e parametrização de geometrias orgânicas, utilizando como base o protocolo BioCAD [1]

Através do Software Rhinoceros®, que consiste em uma ferramenta de modelagem tridimensional e desenho CAD que também pode trabalhar com "Meshes", é possível parametrizar as estruturas anatômicas, utilizando ferramentas como o Grasshopper, um plugin capaz de desenvolver modelos virtuais por meio de algoritmos e parâmetros, além de controlar e possibilitar a edição dessas geometrias sem, necessariamente, um vínculo com a área de trabalho do Rhino, simplificando o processo de edição e torna o modelo mais preciso.

Uma das principais aplicações do protocolo BioCAD no laboratório LAPRINT ocorre na área de odontologia e ortopedia da região de buco-maxila. Esses casos baseiam-se na reconstrução da anatomia do paciente para uso em simulações mecânicas. Assim, o presente trabalho busca desenvolver um sistema de parametrização para a anatomia de uma mandíbula baseando-se no protocolo BioCAD.

2. Materiais e Métodos

As ferramentas utilizadas para a parametrização concentram-se no Software Rhinoceros® (versão 7.0) e no Grasshopper. Além disso, foi necessário utilizar alguns plugins do Grasshopper, por exemplo, o “Pufferfish” que possui comandos para a criação de “Network Surfaces” de forma automática, e o “Peacock”, que possui comando para a realização de “offsets” de sólidos.

A partir dessas ferramentas, a metodologia utilizada para o desenvolvimento da parametrização da mandíbula, estrutura-se, resumidamente, da seguinte forma: configuração das linhas principais e dos marcos anatômicos no Grasshopper, a criação das superfícies, segmentação da anatomia e união das estruturas.

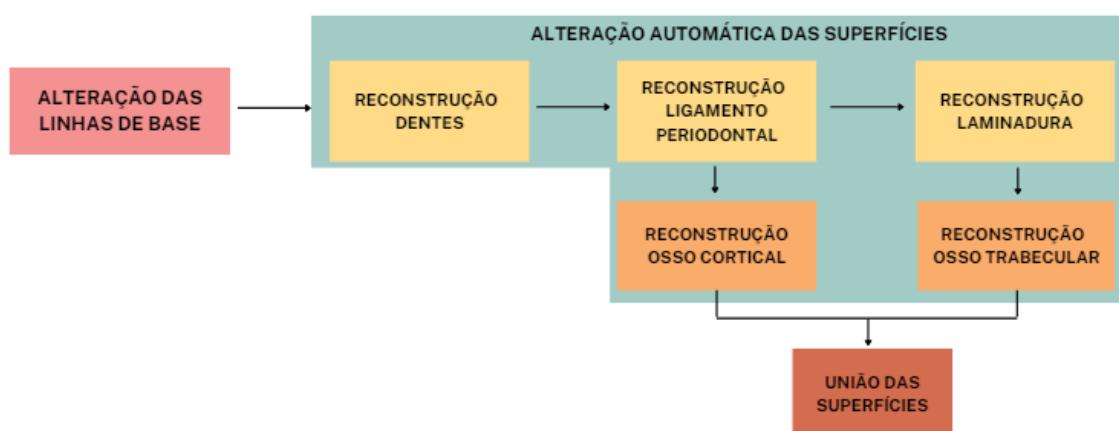


Figura 2. Lógica utilizada para automatização do modelo no Grasshopper.

No caso desenvolvido, as estruturas separam-se em quatro grupos principais: o osso cortical, o osso trabecular, o ligamento periodontal e os dentes. Cada um desses grupos possui divisões internas que auxiliam a setorização das estruturas que serão, posteriormente, conectadas. No final do processo, os quatro grupos iniciais são retomados nas seguintes estruturas: a união entre os ossos, ligamentos e marcos anatômicos, e a estrutura individual de cada dente, com a coroa e raiz. Na figura abaixo está representada a anatomia de um periodonto contendo esquematicamente as regiões de interesse.

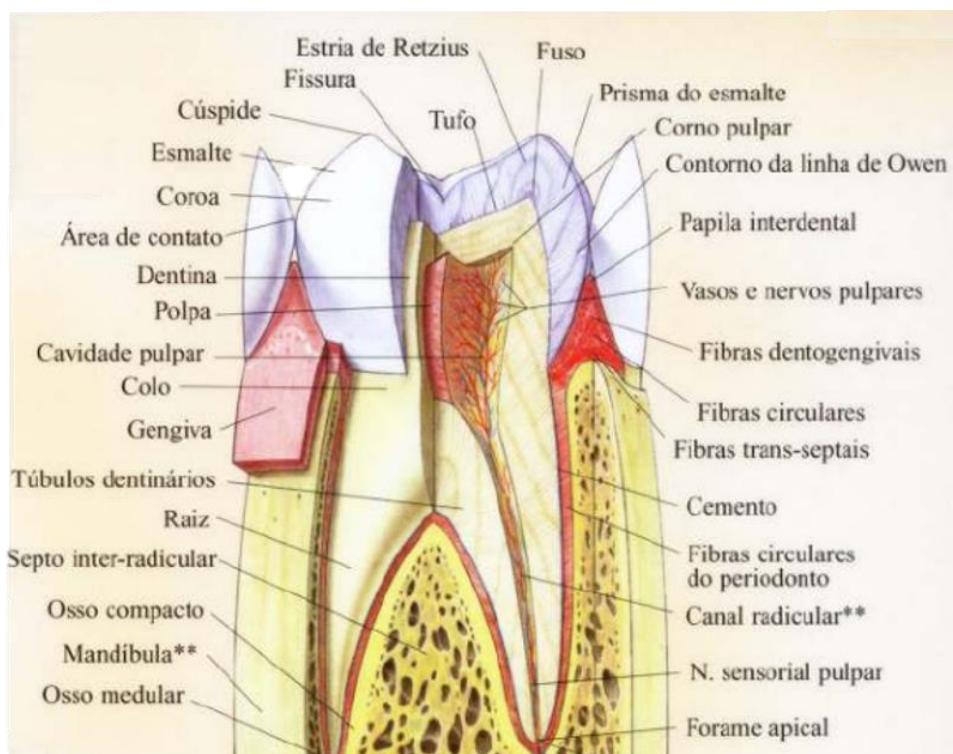


Figura 3. Diagrama representando as estruturas presentes na mandíbula.

O processo de automatização da estrutura da mandíbula teve como base o projeto desenvolvido anteriormente no Núcleo de Tecnologias Tridimensionais do Centro de Tecnologia da Informação (NT3D- CTI) [6]. Esse projeto buscou a parametrização do Protocolo BioCAD, gerando um método de “automatização de remodelagem”. Algumas linhas de referência e marcos anatômicos foram extraídas do projeto citado acima.

A partir do arquivo desenvolvido previamente, organizou-se as curvas de acordo com a segmentação da anatomia e com a direção predominante (U ou V). Com essas curvas devidamente configuradas, foi possível gerar as superfícies.

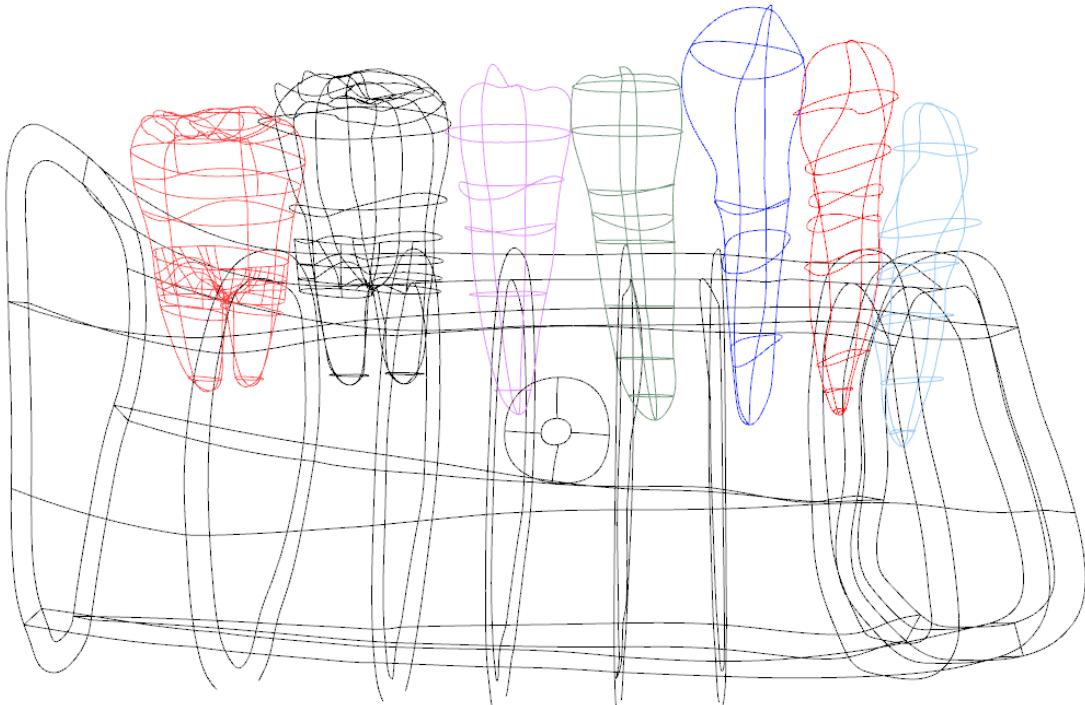


Figura 4. Divisão das áreas entre osso cortical + osso trabecular e dentes

Para criação da geometria do osso cortical foi utilizado o mesmo método, acima citado, da mandíbula. O osso trabecular, por sua vez, foi modelado a partir dos limites do osso cortical, formando superfícies que têm como origem as superfícies do osso cortical. Dessa forma, a partir da união das geometrias, qualquer alteração nas linhas de referências, resultará na reconstrução automática do modelo.

A geometria de todos os dentes, com exceção dos molares, foi construída através da lógica descrita anteriormente. Assim, utilizou-se como base as linhas de referências nas direções U e V e criou-se as superfícies da raiz e da coroa. No caso dos molares, a presença de duas raízes impossibilita a criação de uma única superfície que contemple a geometria de união entre ambas. Assim, a geometria de interface entre as duas raízes, no entanto, foi segmentada em diversas superfícies, a fim de manter a precisão anatômica, e construída a partir dos limites dessa segmentação.

No caso do ligamento periodontal, foi utilizado como base a superfície externa da raiz dos dentes. Para manter a precisão do elemento e possibilitar uma fácil alteração em sua espessura, foi adotada uma metodologia que permite rápida alteração da profundidade.

Após a construção das geometrias dos dentes de maneira individual é necessário vincular esses elementos ao osso cortical e trabecular, uma vez que movimentações ou rotações nas estruturas dos dentes, implicariam em modificações na geometria dos ossos. Para

automatizar esse processo foi utilizado o seguinte sistema: a partir da superfície do ligamento periodontal, criou-se a abertura no osso cortical; para o osso trabecular adotou-se como referência a região externa da laminadura. O mesmo sistema foi aplicado na geometria de cada dente, com exceção dos molares. Esse método é uma maneira de vincular os diferentes elementos que compõem a mandíbula e, assim, tornar o modelo automatizado.

3. Resultados e Discussão

A imagem abaixo mostra o modelo base desenvolvido no Grasshopper, no qual as alterações devem ser realizadas. Esse modelo serviu como base para a realização dos testes, no qual algumas alterações nas espessuras, rotações e deslocamentos foram realizados com o objetivo de comprovar a reconstrução automática do modelo parametrizado.



Figura 5. Modelo desenvolvido no Grasshopper.

A imagem abaixo ilustra o resultado dos testes. Percebe-se que ao realizar alterações nas linhas de construção na área de trabalho do Rhino, o modelo automaticamente reconstrói as superfícies sem perdas na precisão da anatomia, levando em média 1 minuto para atualizar.

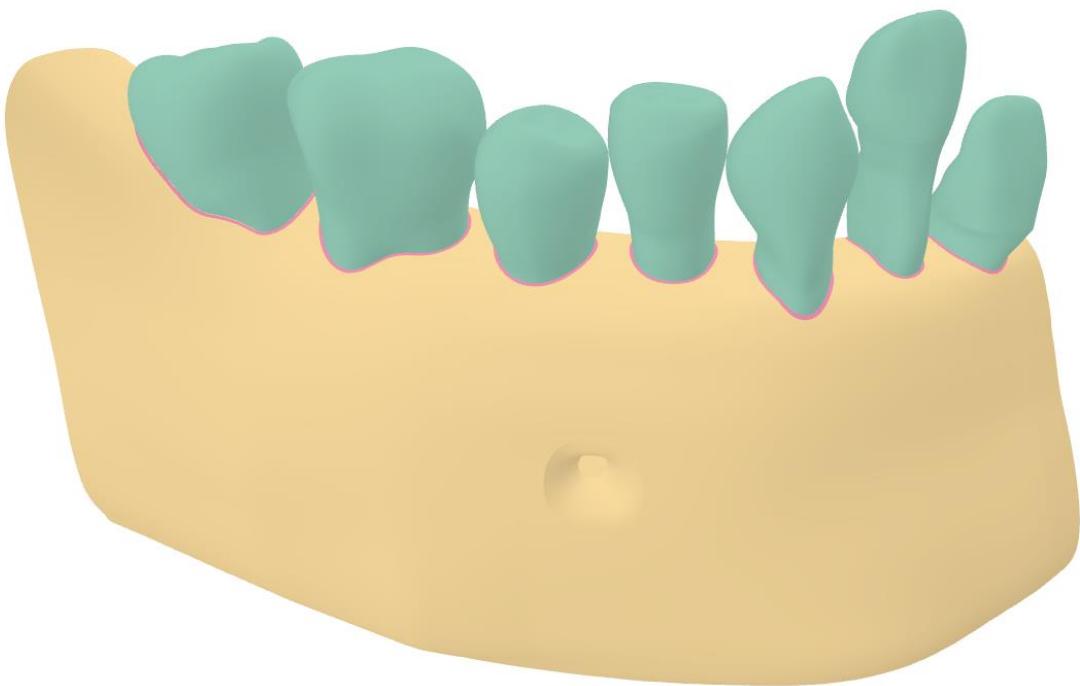


Figura 6. Alterações realizadas no modelo.

Apesar do modelo ser capaz de reconstruir automaticamente movimentações relacionadas à rotação e, deslocamento, entre outras, alterações como a remoção de alguns dentes não foram possíveis de serem realizadas. Isso ocorre devido a maneira como o código foi desenvolvido. Foi adotada uma metodologia sequencial, na qual cada dente está interligado às estruturas anteriores.

4. Conclusão

Significativa redução de tempo foi obtida para a realização de alterações em estruturas biológicas ao utilizar o modelo parametrizado ao invés do modelo CAD. A redução foi de um dia para apenas 1 minuto. Esse resultado, demonstra que sua utilização dinamiza a rotina do laboratório e durante as reuniões com pesquisadores. Uma vez que, em comparação com o modelo em CAD, o processo de reconstrução é mais dinâmico.

Além disso, devido a rápida reconstrução da anatomia, questões de imprecisão do modelo serão evitadas, uma vez que será possível desenvolvê-lo em conjunto com o pesquisador durante as reuniões de projeto.

Para trabalhos futuros, além de desenvolver a parametrização de outras estruturas anatômicas, pode ser interessante desenvolver a independência entre as diferentes partes da anatomia em um mesmo código.

Finalmente, os resultados obtidos agregam valor ao protocolo BioCAD.

5. Referências

- [1] PERESTRELO, Pedro Fábio Mendonça *et al.* Comparação de técnicas de modelagem: biocad versus stl. In: ENCONTRO NACIONAL DE ENGENHARIA BIOMECÂNICA, 1. 2015, Uberlândia. **Comparação de técnicas de modelagem: biocad versus stl.** Uberlândia: Enebi, 2015. p. 1-5. Disponível em: <https://abcm.org.br/anais/enebi/2015/PDFS/EEB-2015-0109.PDF>. Acesso em: 25 ago. 2022.
- [2] POLONINI, Flavia Biccas da Silva. **A Modelagem Paramétrica na concepção de formas curvilíneas da Arquitetura Contemporânea.** 2014. 195 f. Tese (Doutorado) - Curso de Arquitetura e Urbanismo, Urbanismo, Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2014.
- | [3] FLORIO, Wilson. MODELAGEM PARAMÉTRICA, CRIATIVIDADE E PROJETO: duas experiências com estudantes de arquitetura. **Gestão e Tecnologia de Projetos**, São Carlos, v. 6, n. 2, p. 43-66, dez. 2011. Disponível em: <https://www.revistas.usp.br/gestaodeprojetos/article/view/51010/55077>. Acesso em: 25 ago. 2022.
- [4] SILVA, Luciano Santos da. **Design paramétrico a partir da digitalização 3D de geometrias da natureza com padrão de crescimento espiral.** 2017. 114 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Arquitetura e Urbanismo, Escola de Engenharia Faculdade de Arquitetura, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2014. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/158341/001021480.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 25 ago. 2022.
- [5] SILVA, Patricia Lidiane Carneiro. **Aplicação da impressão 3D e reconstrução digital no desenvolvimento de próteses maxilofaciais.** 2019. 98 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Produção, Eng - Departamento de Engenharia Produção, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2019. Disponível em: https://repositorio.ufmg.br/bitstream/1843/30202/1/Disserta%a7%a3o%20PLC_S.pdf. Acesso em: 25 ago. 2022.
- [6] MACHADO, Leonardo M. R.; NORITOMI, Pedro Yoshito; GUIMARÃES, Ana Luiza; SILVA, Jorge Vicente Lopes da. Parametrização do Protocolo BioCAD com aplicação em simulação biomecânica. In: SEMINÁRIO EM TI DO PCI/CTI, 5. 2021, Campinas. **Parametrização do Protocolo BioCAD com aplicação em simulação biomecânica.** Campinas: Cti, 2021. p. 1-1. Disponível em: https://www.gov.br/cti/pt-br/publicacoes/producao-cientifica/seminario-pci/xi_seminario_pci-2021/pdf/seminario-2021_paper_18.pdf. Acesso em: 25 ago. 2022.