

UN ALGORITMO PER L'ARTICOLAZIONE DI MODELLI DIGITALI DELL'ORGANISMO UMANO MIRATO ALL'UTILIZZO DI METODI ALLE DIFFERENZE FINITE PER LA DOSIMETRIA NUMERICA DEI CAMPI ELETTROMAGNETICI

Nicola Zoppietti, Daniele Andreuccetti

IFAC-CNR (Istituto di Fisica Applicata "Nello Carrara" del Consiglio Nazionale delle Ricerche), Via Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (FI)

Introduzione

Le tecniche di calcolo alle differenze finite sono diffusamente utilizzate per la soluzione numerica di problemi di dosimetria elettromagnetica in tre dimensioni in regime quasi-statico [1]. Per questo tipo di analisi possono essere utilizzati vari modelli di organismo umano costituiti da voxel cubici. In genere però, tali modelli rappresentano un soggetto in posizione eretta e non possono essere direttamente utilizzati per analizzare posture differenti, come necessario ad esempio per molte esposizioni negli ambienti di lavoro. Nell'ambito della dosimetria numerica dei campi elettromagnetici è dunque importante poter articolare il modello dell'organismo esposto in diverse posture, accertandosi che sia rispettata la continuità dei tessuti. D'altra parte non è invece strettamente necessario ricostruire in modo iper-realistico il processo di articolazione, che risulterebbe molto oneroso in termini di indagini anatomiche e per di più adattato ad un particolare modello. L'algoritmo presentato nel seguito cerca un compromesso tra la corretta modellazione dell'anatomia dell'articolazione e l'applicabilità dello stesso metodo alle diverse articolazioni sia dello stesso modello sia di modelli differenti, senza la necessità di onerose analisi anatomiche [2].

Il modello digitale di riferimento

Il modello digitale del corpo umano a cui ci si è riferiti è quello realizzato nell'ambito del "Visible Human Project" (VHP). Con questo nome viene indicato un progetto dell'istituto statunitense National Library of Medicine, finalizzato alla creazione di un atlante digitale anatomico del corpo umano, maschile e femminile, da utilizzare sia a scopo didattico sia scientifico. L'atlante consiste di varie serie complete di immagini digitalizzate, ottenute da risonanza magnetica nucleare, tomografia computerizzata e fotografie di sezioni dei cadaveri di un uomo e di una donna che hanno donato il proprio corpo alla scienza.

Presso la Brooks Air Force Base a San Antonio, Texas, USA, ed in particolare all'Air Force Research Laboratory, Human Effectiveness Division (AFRL/HED), le immagini delle sezioni VHP sono state utilizzate per sviluppare dei modelli digitali di organismo in tre dimensioni [3]. Ciò ha implicato il riconoscimento del tessuto

corrispondente ad ogni pixel delle sezioni VHP. I modelli di organismo utilizzati presso l'IFAC-CNR sono una elaborazione di quelli sviluppati all' AFRL/HED.

I file utilizzati per la memorizzazione dei dati possono essere considerati come lunghe stringhe di byte, ciascuno dei quali corrisponde a un blocchetto cubico, di lato uguale alla risoluzione. Il valore numerico del byte indica il tipo di tessuto che costituisce il blocchetto corrispondente. La posizione del blocchetto nello spazio si determina in base a quella del corrispondente byte all'interno del file e tenendo conto che i dati sono organizzati per sezioni assiali. In particolare, le sezioni assiali si succedono dall'alto verso il basso; all'interno di ogni sezione assiale, i dati sono disposti in righe coronali, che si succedono dal dorso verso la fronte; all'interno di ogni riga, infine, le celle si succedono da destra verso sinistra (riferite al modello). La composizione delle celle memorizzate nel file costituisce il più piccolo parallelepipedo che contiene il modello dell'organismo. Le celle esterne al modello dell'organismo ma interne al parallelepipedo, sono formate dal cosiddetto *tessuto di riempimento* (a cui in genere si associano le caratteristiche del vuoto).

I modelli AFRL/HED e quelli utilizzati all'IFAC-CNR sono disponibili con le risoluzioni di 1mm, 2mm e 3mm. Per lo sviluppo dell'algoritmo di articolazione ci si è riferiti al modello meno dettagliato per contenere oneri computazionali, tempi di calcolo e occupazione di memoria. Il modello con risoluzione 3 mm a corpo intero è contenuto in un parallelepipedo con spigoli di ampiezza pari a 196 , 114 e 626 celle, per un totale di 13.987.344 celle e quindi altrettanti byte.

L'algoritmo di articolazione

Durante lo sviluppo dell'algoritmo di articolazione si è cercato di rispettare alcuni prerequisiti considerati particolarmente importanti:

- (R1) l'applicabilità dello stesso algoritmo ad articolazioni diverse;
- (R2) la possibilità di tenere conto delle diverse caratteristiche dei tessuti ed in particolare di distinguere almeno tra scheletro e parti molli;
- (R3) il rispetto della continuità dei tessuti con particolare riferimento ai vasi ed ai tessuti del sistema nervoso;
- (R4) il contenimento entro limiti ragionevoli dell'onerosità del calcolo, per non rendere proibitiva l'articolazione di modelli di organismo ad alta risoluzione. In particolare, si considerano sia i tempi di calcolo sia le risorse di memoria necessarie per la soluzione del problema.

Per tenere conto dei primi tre requisiti elencati, si è pensato di partire dalla modellazione della elasticità dei tessuti. In particolare, si è considerato ciascun elemento del modello dell'organismo legato a quelli circostanti attraverso forze con intensità dipendente dalle mutue distanze tra gli elementi stessi, che risultano nulle nel caso dell'organismo non articolato. In pratica, si riconduce lo studio dell'articolazione a quello di una griglia tridimensionale di celle cubiche (dette "voxel"), in cui le forze di interazione tra i vari elementi del modello hanno per direzione quella dei segmenti che uniscono i centri.

La griglia tridimensionale subisce delle deformazioni durante il processo di articolazione, ma la mutua disposizione delle celle ed in particolare le relazioni di vicinanza tra i tessuti, tendono ad essere mantenute per effetto dell'imposizione dei vincoli elastici. L'utilizzo di un modello di questo tipo, permette di assegnare ad

ogni tessuto le opportune proprietà elastiche, in linea di principio differenti da quelle di altri tessuti.

Modello elastico completo in due dimensioni

Per descrivere le basi dell'algoritmo di articolazione, evitando di appesantire troppo la trattazione, si farà riferimento al caso bidimensionale. L'introduzione della terza dimensione è comunque una immediata estensione.

Per scrivere l'espressione che regola la posizione del generico punto $P0$ si consideri la figura 1.

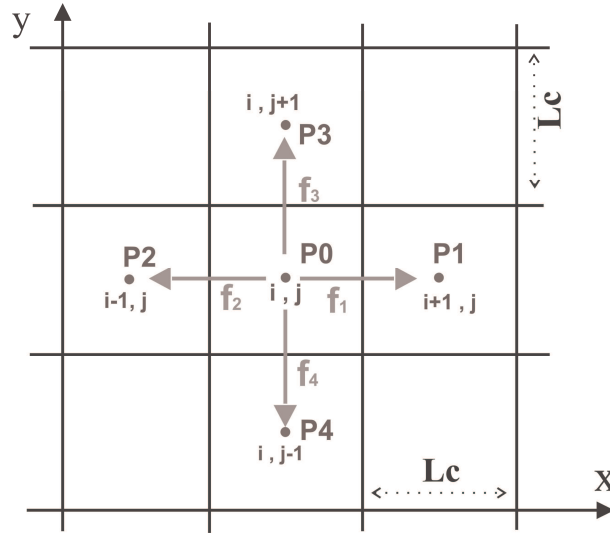


figura 1: schema di applicazione del modello elastico in 2 dimensioni.

Il punto $P0$ è soggetto alle quattro forze $\vec{f}_1$, $\vec{f}_2$, $\vec{f}_3$ e $\vec{f}_4$ ed all'equilibrio si ha:

$$\vec{f}_1 + \vec{f}_2 + \vec{f}_3 + \vec{f}_4 = 0 \quad (1)$$

Si consideri dunque l'espressione della generica forza di richiamo $\vec{f}_i$ che la cella con centro P_i esercita sulla cella con centro $P0$:

$$\vec{f}_i = -k_i \cdot (|P_i - P_0| - L_c) \cdot \frac{(P_i - P_0)}{|P_i - P_0|} \quad (2)$$

dove L_c è il lato delle celle della griglia. Esplicitando la dipendenza dalle singole coordinate si ottiene:

$$\vec{f}_i = -k_i \cdot \left(1 - \frac{L_c}{\sqrt{(x_i - x_0)^2 + (y_i - y_0)^2}} \right) \cdot [(x_i - x_0) \cdot \hat{i}_x + (y_i - y_0) \cdot \hat{i}_y] \quad (3)$$

Considerando un grigliato di $N \times M$ celle, si ottiene un sistema di $N \times M$ equazioni vettoriali analoghe alla (1) e quindi, passando alle proiezioni sugli assi di riferimento, $2 \times N \times M$ equazioni scalari in altrettante incognite ($x_{i,j}$ e $y_{i,j}$ con i e j che vanno da 0 a $N-1$ e a $M-1$ rispettivamente).

Algoritmo semplificato in due dimensioni

Risolvere numericamente un sistema di equazioni non lineari come quello appena descritto, può risultare molto oneroso al crescere delle dimensioni del problema. Si è dunque scelto di considerare, almeno in prima analisi, un modello più semplice, che si ispirasse comunque a quello del precedente paragrafo.

Ci si è voluti ricondurre in particolare alla soluzione di sistemi lineari, anche perché ciò comporta l'utilizzo di procedure numeriche molto più semplici e rapide di quelle necessarie per la soluzione di problemi non lineari. Si è inoltre cercato di fare in modo che la coordinata x_0 del punto PO dipendesse dalle coordinate x dei punti vicini ma non dalle relative coordinate y e viceversa. Ciò comporta la soluzione di due problemi indipendenti di $N \times M$ equazioni, uno per determinare x e l'altro per y , piuttosto che la soluzione di un unico problema di $2 \times N \times M$ equazioni. Questo può risultare vantaggioso in termini di risorse di memoria necessarie. Inoltre, lavorando in tre dimensioni, nel caso di movimenti delle articolazioni paralleli ad un piano ortogonale ad uno degli assi del sistema di riferimento (piano a x , y o z costante), per effetto del disaccoppiamento, una coordinata rimane invariata e quindi non è necessario risolvere il relativo sistemi di equazioni.

Con riferimento alla figura 1, un possibile modo per ottenere la linearizzazione del sistema di equazioni ed il disaccoppiamento delle variabili consiste nel sostituire nella (1) le seguenti:

$$\begin{aligned}\vec{f}_1 &= -k_1 [(x_1 - x_0 - L_c) \cdot \hat{i}_x + (y_1 - y_0) \cdot \hat{i}_y] \\ \vec{f}_2 &= -k_2 [(x_2 - x_0 + L_c) \cdot \hat{i}_x + (y_2 - y_0) \cdot \hat{i}_y] \\ \vec{f}_3 &= -k_3 [(x_3 - x_0) \cdot \hat{i}_x + (y_3 - y_0 - L_c) \cdot \hat{i}_y] \\ \vec{f}_4 &= -k_4 [(x_4 - x_0) \cdot \hat{i}_x + (y_4 - y_0 + L_c) \cdot \hat{i}_y]\end{aligned}\tag{4}$$

Applicando la (1) le espressioni delle coordinate (x_0, y_0) del punto PO diventano:

$$\begin{aligned}x_0 &= \frac{k_1 \cdot x_1 + k_2 \cdot x_2 + k_3 \cdot x_3 + k_4 \cdot x_4}{\sum_i k_i} + (k_2 - k_1) \cdot L_c \\ y_0 &= \frac{k_1 \cdot y_1 + k_2 \cdot y_2 + k_3 \cdot y_3 + k_4 \cdot y_4}{\sum_i k_i} + (k_4 - k_3) \cdot L_c\end{aligned}\tag{5}$$

dove l'assegnazione del valore ai parametri k_i può essere effettuata seguendo vari approcci, alcuni dei quali verranno presentati nei prossimi paragrafi. Il primo

termine del secondo membro delle espressioni (5) rappresenta una media pesata delle coordinate dei punti circostanti.

Suddivisione del modello di organismo in porzioni

Nel caso del fantoccio VHP ad alta risoluzione (lato della cella pari ad 1 mm) si hanno oltre 370 milioni di celle e dunque il problema dell'articolazione a corpo intero sarebbe caratterizzato da oltre 1 miliardo di incognite (3 coordinate per cella). Si è quindi pensato di applicare il processo di articolazione a porzioni del modello di organismo piuttosto che al corpo intero. Prima di poter modificare ciascuna porzione è necessario isolarla dalle altre; ciò può non risultare immediato nel caso in cui non sia possibile individuare un confine netto tra porzioni adiacenti. La struttura del modello di organismo permette infatti di distinguere i diversi tessuti, ma non di stabilire se il singolo voxel appartenga ad una specifica parte del corpo. Riferendosi alla figura 2, è risultato problematico l'isolamento delle braccia dal resto del corpo, caso che ha richiesto lo sviluppo di un approccio "ad hoc".

Le porzioni hanno sempre la forma di un parallelepipedo, in modo da utilizzare le stesse tecniche di rappresentazione e memorizzazione messe a punto per il corpo intero.

In figura 2 è rappresentata una possibile suddivisione in porzioni che permette di modellare alcune tra le posture di maggior interesse per applicazioni di dosimetria numerica in ambito occupazionale. Tale suddivisione potrebbe non risultare adeguata per altre applicazioni.

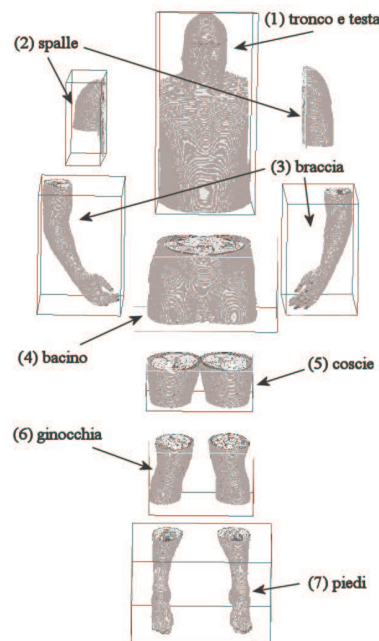


figura 2: suddivisione del modello in porzioni.

Applicazione dell'algoritmo semplificato a porzioni di modello

Per applicare l'algoritmo di articolazione semplificato è necessario classificare i voxel della porzione individuata secondo le seguenti categorie:

- (C1) i **voxel fissi**, cioè quelli la cui posizione non viene modificata durante il processo di articolazione;
- (C2) i **voxel vincolati**, cioè quelli la cui posizione viene determinata a priori;
- (C3) i **voxel soggetti a deformazione**, cioè quelli le cui coordinate sono calcolate risolvendo i sistemi di equazioni descritti in precedenza;
- (C4) i **voxel vuoti**, cioè quelli per cui non si ha interesse a determinare la posizione.

I sistemi di equazioni lineari del modello semplificato sono risolti solo per i voxel soggetti a deformazione, utilizzando come condizioni al contorno le coordinate degli elementi fissi e di quelli vincolati. I voxel vuoti non vengono invece presi in considerazione.

Nel caso dell'articolazione del ginocchio, la porzione di modello considerata è quella rappresentata in figura 3.

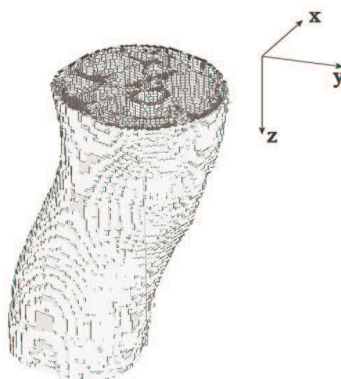


figura 3: porzione di modello VHP considerata per l'articolazione del ginocchio.

La porzione si raccorda a quelle confinanti (coscia e piede) presso quelle che chiameremo *sezioni di riferimento*, che, a riposo, sono ortogonali all'asse z (figura 4).

La classificazione dei voxel secondo le categorie descritte in precedenza è effettuata nel seguente modo:

- (C1) i **voxel fissi** sono quelli appartenenti alla sezione di riferimento fissa e tutti quelli dello scheletro che, a riposo, si trovano a monte dello snodo (più in alto in figura 4).
- (C2) i **voxel vincolati** sono:

- a. quelli della sezione di riferimento mobile, la cui posizione viene ricavata a partire da quella a riposo, applicando una rotazione rispetto allo snodo.
 - b. quelli dello scheletro che, a riposo, si trovano a valle dello snodo (più in basso in figura 4), la cui posizione viene ricavata a partire da quella a riposo, applicando una rotazione rispetto allo snodo.
 - c. quelli delle facce laterali, la cui posizione viene calcolata in base ad un algoritmo che mira ad ottenere una densità di celle uniforme su ciascuna faccia.
- (C3) i **voxel soggetti a deformazione** sono tutti gli altri, compresi quelli composti da tessuto di riempimento.
- (C4) non ci sono **voxel vuoti**.

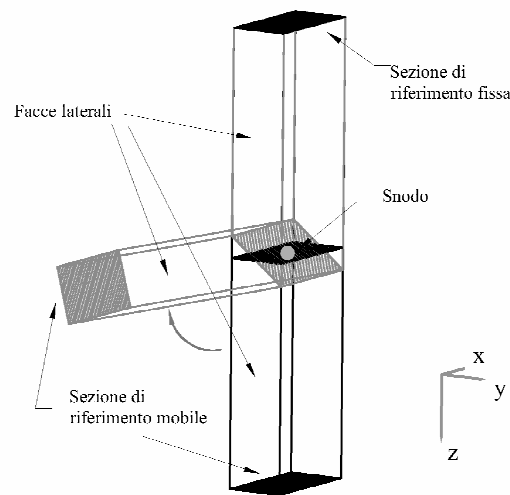


figura 4: schema utilizzato per l'articolazione del ginocchio.

Nel caso del ginocchio tutti i voxel sono caratterizzati dallo stesso coefficiente k . In questo caso, nelle espressioni (5), qualsiasi valore si adotti per k , scompare il secondo termine del secondo membro e le medie pesate diventano medie algebriche. Per evitare sovrapposizioni tra elementi fissi, si è ritenuto opportuno classificare come soggette a deformazione le celle appartenenti allo scheletro che si trovano nelle immediate vicinanze dello snodo.

Come evidenziato dallo schema in figura 4, l'articolazione del ginocchio è caratterizzata da una rotazione intorno all'asse x e dunque ciascun voxel si muove su un piano con x costante. Per effetto del disaccoppiamento delle coordinate, è necessario risolvere i sistemi lineari di equazioni solo per y e z , mentre la coordinata x risulta non alterata dal processo di articolazione.

Le caratteristiche dell'algoritmo descritto per il ginocchio risultano evidenziate se lo si applica alla rappresentazione schematizzata illustrata in figura 5.

Come si può notare su ciascuna delle facce laterali del solido articolato (b) la densità di celle è uniforme. In particolare, il numero di voxel sulle facce laterali è lo stesso prima e dopo l'articolazione ma, variando l'estensione delle facce, varia anche la densità di elementi su di esse.

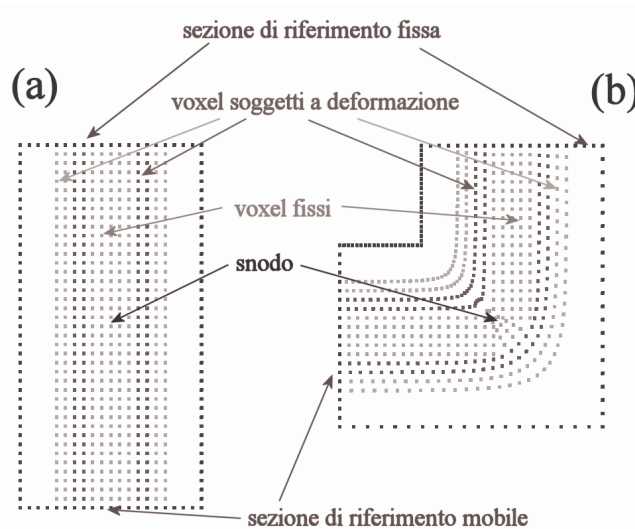


figura 5: rappresentazione schematizzata del ginocchio: (a) a riposo, (b) articolato con angolo pari a 90°.

L'articolazione della spalla rappresenta un caso diverso da quello del ginocchio. Riferendosi alla figura 6 ed alla figura 7, a riposo, le sezioni di riferimento fissa e mobile giacciono su piani diversi. Inoltre, mentre nel caso del ginocchio era facile determinare come le facce laterali si deformassero in seguito all'articolazione, nel caso della spalla ciò è meno immediato. In tal caso si è dunque deciso di utilizzare le sole sezioni di riferimento, svincolandosi dalle altre facce del solido che delimita la porzione di modello considerata. Ciò viene fatto attribuendo valori opportuni ai coefficienti k_i nella espressione (5) e classificando i voxel come segue:

- (C1) i **voxel fissi** sono quelli appartenenti alla sezione di riferimento fissa e tutti quelli dello scheletro che si trovano tra questa e lo snodo.
- (C2) i **voxel vincolati** sono:
 - a. quelli della sezione di riferimento mobile, la cui posizione viene ricavata a partire da quella a riposo, applicando una rotazione rispetto allo snodo.
 - b. quelli dello scheletro che si trovano a valle (procedendo lungo lo scheletro partendo dalla sezione di riferimento fissa verso quella mobile) dello snodo, la cui posizione viene ricavata a partire da quella a riposo, applicando una rotazione rispetto allo snodo.
- (C3) i **voxel soggetti a deformazione** sono tutti gli altri, esclusi quelli composti da tessuto di riempimento.
- (C4) i **voxel vuoti** sono tutti quelli composti da tessuto di riempimento.

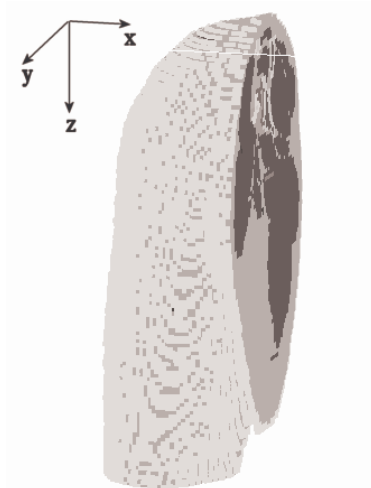


figura 6: porzione di modello considerata per l'articolazione della spalla.

I voxel vuoti sono caratterizzati nella espressione (5) da un coefficiente k nullo; ciò implica che le coordinate di un generico voxel soggetto a deformazione non dipendono da quelle di eventuali voxel vuoti adiacenti. Inoltre, quando le procedure numeriche iterano sulla porzione di modello da articolare, i voxel vuoti non vengono computati.

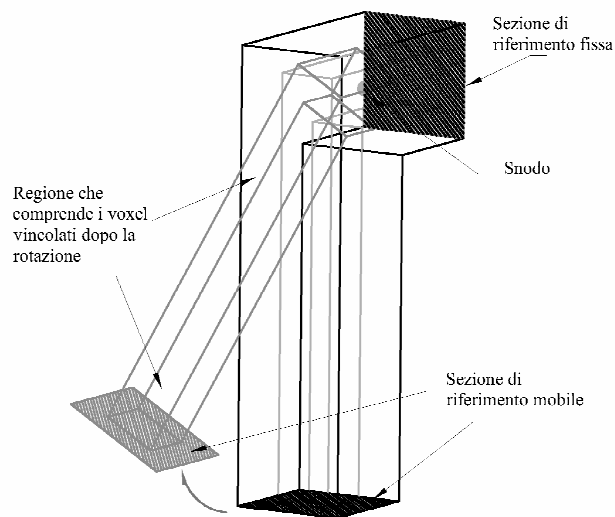


figura 7: schema utilizzato per l'articolazione della spalla.

In figura 8 sono riportati i risultati dell'applicazione dell'algoritmo descritto ad un modello di spalla schematizzato in 3 dimensioni.

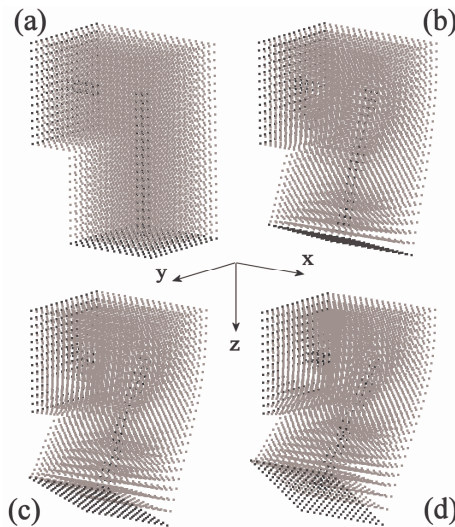


figura 8: rappresentazione schematizzata della spalla: (a) a riposo, (b) articolata con angolo pari a 20° , (c) articolato con angolo pari a 30° , (d) articolato con angolo pari a 40° .

Il ricampionamento

Le procedure che implementano il processo di articolazione permettono di ricavare le nuove coordinate dei centri dei voxel. In generale ciò implica che, per il modello articolato, non sia più rispettato il vincolo di voxel cubici di uguali dimensioni che caratterizzava il modello a riposo.

D'altra parte, per poter risolvere problemi di dosimetria elettromagnetica utilizzando algoritmi di calcolo alle differenze finite, è vantaggioso utilizzare modelli di organismo composti da voxel cubici, tutti di uguali dimensioni. A tal fine è necessario il riallineamento del modello articolato alla struttura a voxel cubici del modello a riposo. A tale fase ci si riferisce con il nome di *ricampionamento*.

Il ricampionamento delle porzioni di modello articolato viene effettuato in due passi, che possono essere spiegati prendendo come riferimento la situazione illustrata in figura 9, che a sua volta riprende quanto è illustrato in figura 5.

Si può notare come i voxel del modello articolato non ricampionato (b) siano caratterizzati da mutue distanze non uniformi. Il primo passo del ricampionamento consiste nella scelta di un grigliato regolare di riferimento a cui riallinearsi e nell'approssimazione delle coordinate di ciascun voxel del modello articolato con quelle del punto del grigliato più vicino. Ciò che si ottiene (c) è un modello ricampionato ma caratterizzato in generale da numerosi "buchi"; questi sono causati dal fatto che le mutue distanze tra i voxel del modello articolato possono essere maggiori di quelle che caratterizzano il modello a riposo. La seconda fase consiste

quindi nell'attribuzione del tessuto corretto ai voxel corrispondenti a ciascuno dei "buchi" (d).

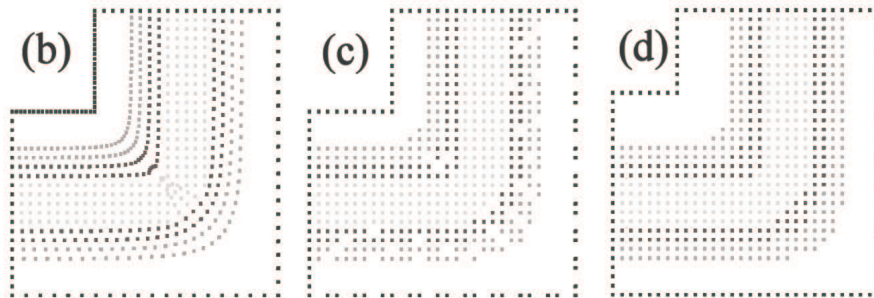


figura 9: processo di ricampionamento applicato alla rappresentazione schematizzata del ginocchio: (b) modello articolato ma non ricampionato, (c) modello articolato alla fine della prima fase del ricampionamento, (d) modello articolato alla fine della seconda fase del ricampionamento.

Procedura per la generazione di modelli di organismo utilizzabili per valutazioni dosimetriche

Una volta illustrate le singole fasi che compongono l'algoritmo di articolazione, si descrive infine la procedura secondo la quale è possibile articolare un modello di organismo in posture diverse da quella di origine, in modo da rappresentare, ad esempio, posture di interesse nell'ambito della dosimetria numerica dei campi elettromagnetici.

La prima operazione consiste nello stabilire una suddivisione del modello in porzioni che sia il più possibile generale e che permetta di rappresentare le posture di interesse senza introdurre un'eccessiva e non necessaria frammentazione. Un esempio di suddivisione è già stato illustrato in figura 2.

In base alla postura che si vuole modellare, si decide quindi quali porzioni sono soggette ad articolazione, quali vengono ruotate o traslate rigidamente e quali vengono eventualmente lasciate ferme. Si eseguono quindi le elaborazioni separatamente su ogni porzione ed, in particolare, si calcolano le coordinate dei voxel appartenenti alle porzioni di modello articolate; si procede quindi al ricampionamento, laddove richiesto: in genere è necessario ricampionare sia le porzioni deformate, sia quelle ruotate o traslate.

Infine si ricompongono le porzioni di modello elaborate, a formare il modello articolato nella postura desiderata.

In figura 10 e figura 11 sono rappresentati i risultati dell'articolazione del modello di riferimento in due posture tipiche negli ambienti di lavoro. Nelle figure vengono indicate le operazioni eseguite sulle porzioni elaborate.

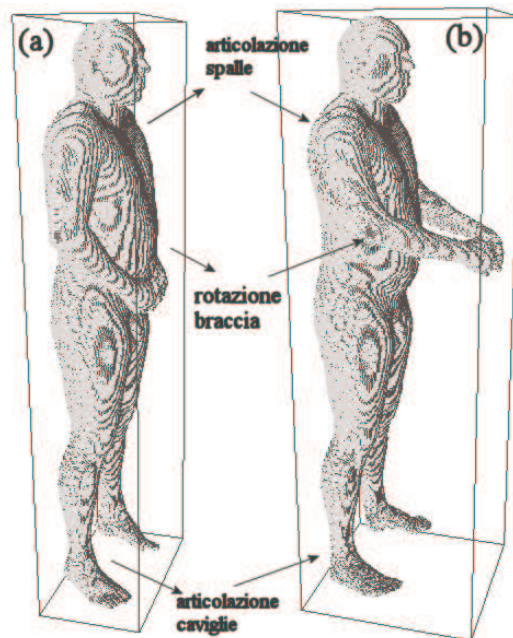


figura 10: (a) modello a riposo, (b) in postura eretta con braccia articolate.

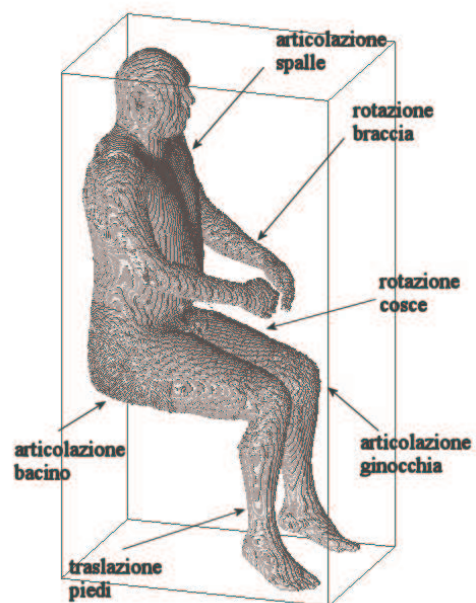


figura 11: modello in postura seduta.

Conclusioni

L'algoritmo di modelli digitali dell'organismo in via di sviluppo presso l'IFAC-CNR è specificatamente pensato per essere abbinato a tecniche di calcolo alle differenze finite ed ha tra i suoi punti di forza la adattabilità a differenti modelli di partenza. Particolare attenzione è stata posta nel contenimento dell'onerosità del calcolo. A tal fine le procedure di articolazione sono applicate a porzioni di modello, piuttosto che al corpo intero; inoltre ciascun problema è affrontato in modo da ricondursi alla soluzione di più sistemi lineari di equazioni.

L'algoritmo si sta dimostrando in grado di poter generare modelli con posture abbastanza realistiche, adatte a rappresentare alcune tipologie di esposizioni a campi elettromagnetici in ambienti di lavoro.

Bibliografia

- [1] *Quasi-static electromagnetic dosimetry: from basic principles to examples of applications*, D. Andreuccetti, N. Zoppetti, International Journal of Occupational Safety and Ergonomics (JOSE), Vol. 12, No. 2, 2006, pp. 201-215.
- [2] *Development of flexible human voxel models for near-field SAR evaluation in different posture conditions*, R.Pontalti, A.Vaccari, C.Malacarne, L.Cristoforetti, Proceedings of the international workshop "Electromagnetic fields in workplaces", Warsaw, 5-7 sept. 2005, session 5, pp. 39-42.
- [3] <http://www.brooks.af.mil/AFRL/HED/hedr/> pagina web dell'AFRL/HED con link al sito FTP da cui scaricare i modelli digitali dell'organismo.