

HeMoLab: Modelagem Unidimensional do Sistema Cardiovascular Humano

Paulo Ziemer¹, Marcelo Collares², Márcio Pivello³, Pablo Blanco⁴, Raúl Feijóo⁵
^{1, 2, 3, 4, 5} Laboratório Nacional de Computação Científica - LNCC,
Petrópolis, Brasil

Resumo - Entender precisamente a dinâmica do sistema cardiovascular humano é fator chave para a melhoria das técnicas de tratamento médico e planejamento cirúrgico. Com este objetivo, a modelagem e a simulação computacional podem ser utilizadas como ferramentas auxiliares na prática médica, oferecendo a possibilidade de representar, de forma detalhada e confiável, os principais fenômenos físicos que ocorrem com o fluxo sanguíneo. Este trabalho apresenta o *software* de modelagem e simulação computacional HeMoLab focando na descrição do módulo para simulações unidimensionais. Serão apresentadas as principais características deste módulo bem um exemplo de aplicação.

Palavras-chave: hemodinâmica, modelagem computacional, simulação numérica.

Abstract - The fully understanding of the dynamics of the human cardiovascular system is a key factor to improve the medical treatment and surgical planning. The computation modeling and simulation can be used for 1D simulations as an auxiliary tool in order to provide in a detailed fashion the main physicals phenomenons that occur with blood flow. This work presents the modeling and computation simulation software HeMoLab focusing on the description of the module for 1D simulations. The main features from 1D module and an example of application will be presented.

Key-words: hemodynamics, computing modeling, numerical simulation.

Introdução

Atualmente as doenças relacionadas com o Sistema Cardiovascular Humano (SCH) são as principais causadoras de mortes e responsáveis por grande parte das internações hospitalares no Brasil [1]. Assim sendo, entender precisamente o comportamento da dinâmica do fluxo sanguíneo é fator crucial para, por exemplo, o melhoramento das técnicas de tratamento médico e procedimentos cirúrgicos. Para atingir este objetivo, é possível representar de forma confiável e não-invasiva o comportamento da dinâmica do fluxo sanguíneo através de técnicas de modelagem matemática e simulação computacional.

A utilização de modelos matemáticos oferece a possibilidade de obtenção de diversas características do comportamento do fluxo sanguíneo, tais como: velocidade do sangue dentro das artérias, propagação da onda de pressão na árvore arterial, estado de tensões nas paredes arteriais, etc.

O tipo de simulação do SCH irá depender do nível de detalhe desejado. A simulação 1D assume que as artérias são tubos retos e através de uma curva de fluxo associada ao coração, os valores de pressão, área da artéria, fluxo e velocidade do sangue podem ser determinados ao longo do segmentos arteriais para todo o sistema. Já a simulação 3D fornece um maior

nível de detalhe de uma determinada região do sistema arterial. A simulação 3D fornece a velocidade, pressão e deslocamento de cada ponto (interno à estrutura 3D) e assim é possível calcular o nível de tensões na parede arterial com maior detalhe. Este modelo pode ser utilizado de forma separada ou integrada com o modelo 1D. A geometria do modelo 3D pode ser obtida de diversas formas, como por exemplo com o uso de geometrias padrão, parametrizadas, ou até a representação de pacientes específicos, fazendo uso de ferramentas de processamento de imagens e segmentação.

Uma vez que o modelo foi definido, este é submetido a um módulo de resolução para que os resultados da simulação sejam calculados. A simulação do modelo 1D oferece baixo custo computacional podendo ser realizado até mesmo em máquinas *desktop*. A simulação do modelo 3D, por sua vez, oferece um custo computacional elevado, sendo frequentemente necessário computação distribuída para que o processo de resolução seja acelerado e realizado em tempo viável. A simulação numérica é realizada pelo software SolverGP [2] que fornece, de forma aproximada, as soluções do sistema de equações não-lineares que descrevem o modelo.

Até então, todas as etapas de modelagem, descritas anteriormente, eram realizadas de forma isolada. Com o objetivo de facilitar o processo de modelagem, foi proposta a

integração das etapas de segmentação, modelagem 1D, modelagem 3D, acoplamento e visualização de resultados em um mesmo ambiente, o qual foi nomeado de HeMoLab (Laboratório de Modelagem em Hemodinâmica) [3].

Para o desenvolvimento do HeMoLab o software de visualização científica ParaView [4] (*Parallel Visualization Application*) foi escolhido pois o mesmo oferece capacidade de extensão (inclusão de novos módulos), código aberto e é amplamente utilizado pela comunidade científica para tarefas de visualização.

A metodologia na realização de simulações é representada na Figura 1 e ocorre da seguinte maneira: o usuário cria o modelo através dos módulos desenvolvidos e os arquivos de simulação são gerados. O SolverGP é executado tendo os arquivos do modelo como entrada. (etapa 1 na Figura 1). Após a simulação for concluída, os resultados são lidos pelo HeMoLab (etapa 2 Figura 1) onde através de técnicas de visualização e computação gráfica o usuário pode ter um melhor entendimento sobre o conjunto de dados produzido.

Na etapa de visualização de resultados é possível verificar a importância da escolha da ferramenta de suporte do HeMoLab, uma vez que o ParaView possui diversos filtros de visualização já implementados e estes são extremamente adequados às tarefas relacionadas a visualização de dados científicos.

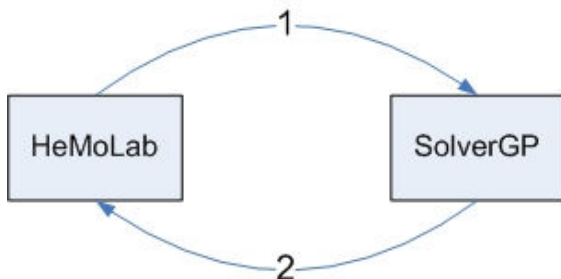


Figura 1 – Metodologia de trabalho

ParaView

O HeMoLab foi desenvolvido como um conjunto de módulos que funcionam integrados com o software de visualização paralela científica ParaView. O ParaView é uma aplicação de código aberto, multi-plataforma que utiliza o VTK (*Visualization Toolkit*) [5] para tarefas relacionadas ao processamento de conjunto de dados e renderização na visualização. O VTK é uma biblioteca de classes desenvolvidas em C++ utilizada na parte de visualização e processamento de imagens de dados 3D e utiliza primitivas em OpenGL [6] para a renderização. Na construção da parte de interface do usuário, o ParaView utiliza a linguagem TCL/Tk [7].

Quatro tipos de módulos básicos são utilizados no funcionamento do ParaView: leitores e gravadores de dados (*readers e writers*), módulos especializados na criação de objetos de dados, chamados de *sources*, e filtros (*filters*) que recebem um objeto e realizam algum tipo de processamento e geram um novo objeto com novas características. A cadeia de processamento de objetos é chamada de *Pipeline* e um exemplo genérico é apresentado na Figura 2.

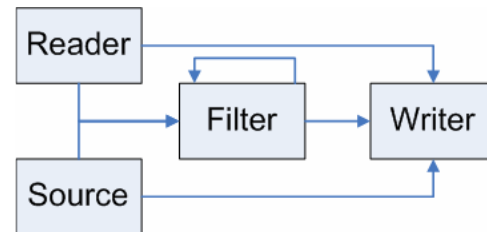


Figura 2 - Interação entre diferentes tipos de módulos no ParaView

Um aspecto introduzido pelo o ParaView é a capacidade de processamento integrado (*stand-alone*) ou distribuído [8]. No processamento integrado, os módulos *cliente*, de *processamento de dados* e *renderização* ficam localizados em um mesmo processo. Para o processamento de grandes conjuntos de dados o modo distribuído é aconselhado, onde é possível definir servidores de dados que ficarão responsáveis pela parte de processamento dos filtros, gerenciamento das estruturas de dados, operações de entrada e saída. A parte de representação gráfica pode ser confiada a um *cluster* de visualização (*Render Servers*) com *hardware* específico de renderização. A comunicação entre servidores ou servidores com módulo *cliente* é feita com auxílio do módulo chamado *Server Manager*.

O ParaView foi projetado para que os usuários tivessem facilidade na adição de novos módulos e funcionalidades. Estes são especificados através da criação de filtros, leitores ou escritores (implementados em C++) e são incorporados no ParaView através da definição de arquivos XML, os quais habilitam os novos módulos no ParaView.

Modelo unidimensional (1D)

Neste modelo o sistema cardiovascular é basicamente representado através de Segmentos e Terminais. Os Segmentos representam artérias e são subdivididos em Elementos onde cada elemento possui diversas características mecânicas como, por exemplo: elastina e colágeno. Delimitando os Elementos, estão os Nós que são pontos de controle que definem as características geométricas do segmento, tais como: largura da parede arterial, raio do

segmento e coordenadas do ponto. Os Nós são os pontos onde os valores de pressão, velocidade, área e intensidade do fluxo de sangue, são calculados. Nas extremidades do sistema arterial colocam-se Terminais do tipo *Windkessel* [9] para determinar a influência dos vasos periféricos na topologia usada. O coração é um tipo de terminal especial e possui uma curva de ejeção cardíaca a qual é imposta como curva de fluxo dependente do tempo.

As propriedades (curva de ejeção cardíaca, propriedades mecânicas, etc.) da árvore 1D devem ser calibradas para aumentar a fidelidade da simulação. O modelo 1D pode ser utilizado para a realização de diversos tipos de testes, como por exemplo, estudo da velocidade de propagação da onda de pressão, simulação de procedimentos cirúrgicos como a inserção de *clips* e *stents*, criação de *bypass*, dentre outros. É possível realizar a simulação de patologias como estenoses, aneurismas e processo de envelhecimento das artérias (enrijecimento).

O modelo do SCH utilizado (apresentado na Figura 3) é uma simplificação da árvore proposta em [10] e é composta de 169 segmentos arteriais. Os Segmentos são representados através das linhas brancas, os Terminais “comuns” são os pontos amarelos e o Terminal “coração” é representado pela esfera vermelha.

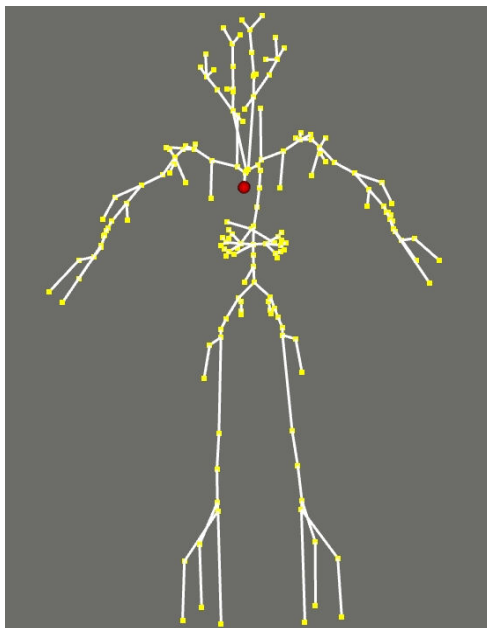


Figura 3 – Modelo do SCH utilizado.

Aplicação

A utilização da aplicação começa basicamente com a leitura de um modelo salvo em disco. A árvore pode ser uma árvore completa

(com propriedades e número de segmentos já definidos) ou uma árvore com apenas um coração e um segmento (no caso em que se deseja criar uma nova árvore).

Após a árvore ter sido lida, a mesma é representada na área de visualização do HeMoLab e na medida em que o usuário seleciona algum Terminal ou Segmento as propriedades do elemento selecionado aparecem em uma área de visualização / edição propriedades. O módulo 1D do *software* oferece basicamente cinco modos de operação:

Visualização de propriedades: o sistema permite ao usuário selecionar algum dos elementos da árvore e visualizar na interface as propriedades deste. No Terminal coração, é possível visualizar a curva de ejeção. O módulo 1D oferece a possibilidade de visualização de modo global dos valores das propriedades dos elementos, através da representação da intensidade das propriedades por cores. Como por exemplo, na Figura 4, observar-se a distribuição da elastina na árvore arterial.

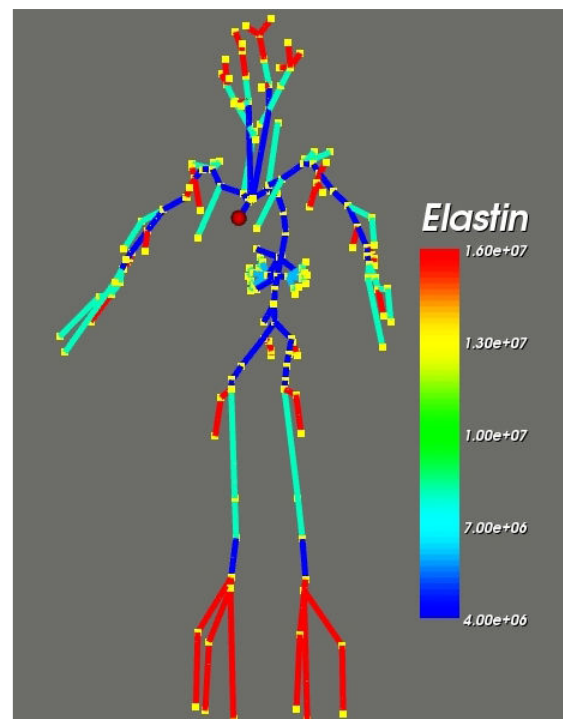


Figura 4 – Visualização de propriedades dos segmentos.

Edição de propriedades (mecânicas e geométricas) e geometria da árvore 1D: neste modo de operação o HeMoLab oferece ao usuário a possibilidade de alterar as propriedades de um elemento de árvore selecionado. Permite a adição ou remoção de segmentos/terminais da árvore ou editar o número de elementos de um segmento. Pode-se editar a curva de ejeção do coração, estas curvas podem ser lidas de

arquivos formatados dentro do padrão definido pelo HeMoLab geradas automaticamente ou criadas pelo usuário.

Geração de arquivos de entrada do SolverGP: o usuário do sistema pode especificar os parâmetros que serão considerados na geração dos arquivos de simulação, como por exemplo, tempo de simulação, critérios de convergência e outros parâmetros próprios da execução do SolverGP.

Visualização de resultados: depois de submetida à simulação, os dados calculados pelo SolverGP devem ser carregados para fase de visualização. Esse modo de operação permite ao usuário selecionar a variável a ser visualizada (pressão, área, fluxo, velocidade). A visualização dos gráficos é feita através da seleção de elementos da árvore.

Simulação de patologias e procedimentos cirúrgicos: este módulo oferece a possibilidade da realização de simulação de procedimentos cirúrgicos como a inserção de *clips* e *bypass* e adição de *stents*. É possível realizar a simulação de patologias como o processo de envelhecimento das artérias, inserção de estenoses e aneurismas.

Exemplos de aplicação

Apresentaremos nesta seção um exemplo de aplicação das estruturas de dados descritas anteriormente ao estudo da conformação do pulso cardíaco em um modelo de árvore arterial em desenvolvimento no grupo de pesquisa HeMoLab. Para isto realiza-se a simulação computacional do problema resolvendo de forma aproximada as equações associadas. A Figura 5 mostra as regiões onde se analisam algumas das quantidades de interesse no problema como serem vazão e pressão. As Figuras 6 e 7 mostram as curvas de pressão média e vazão média em função do tempo durante os cinco batimentos cardíacos simulados (Figura 6) e no último destes (Figura 7).

Na Figura 5, note que a esfera vermelha representa o coração, e seu histórico temporal não está apresentado nas figuras subsequentes. As esferas verde, cinza e marrom localizam-se, respectivamente, na artéria carótida comum esquerda, na artéria braquial direita e na artéria braquial esquerda (lembre-se de que o modelo está em posição frontal ao observador, por isso as posições estão aparentemente invertidas).

Com relação à simulação, foi empregada uma curva de ejeção cardíaca tal que a vazão média ejetada é de 5 litros de sangue por minuto, e com um batimento cardíaco cujo período é de 0.8 s.

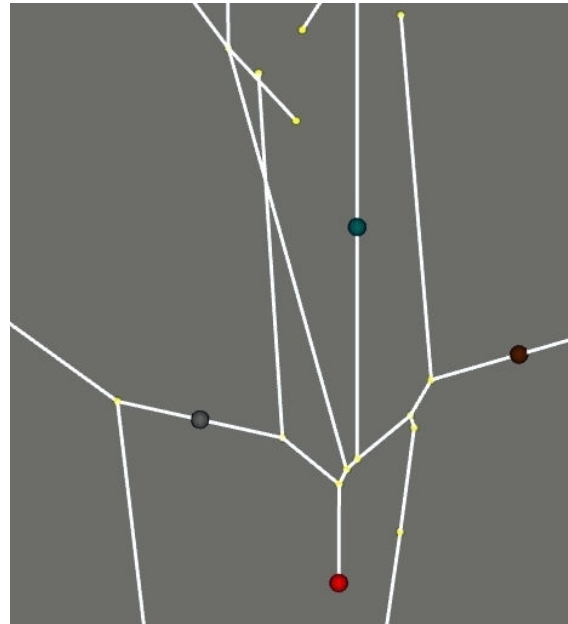


Figura 5 - Pontos de interesse (vermelho representa o coração)

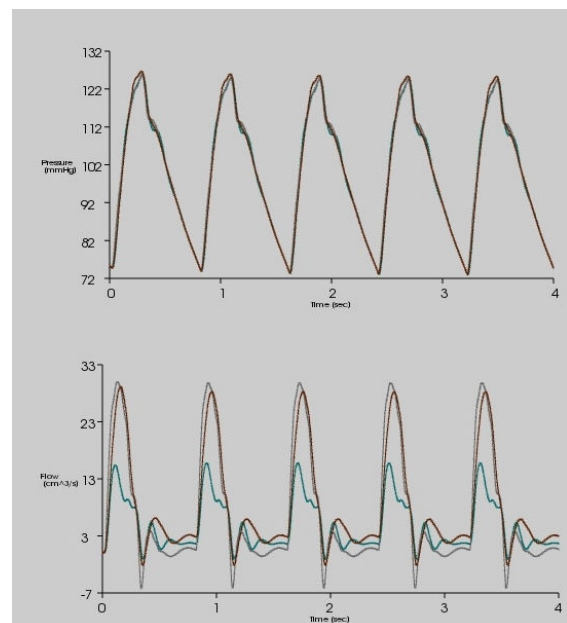


Figura 6 - Acima: curvas de pressão. Abaixo, curvas de vazão. Verde: carótida comum esquerda. Cinza: braquial direita. Marrom: braquial esquerda.

É possível notar que a partir da manipulação eficiente de complexas estruturas de dados como as apresentadas no presente trabalho é possível construir modelos com características bem definidas, segundo o caso de interesse, levando em conta, por exemplo, fenômenos como os seguintes:

- Vasoconstrição e vasodilatação de

regiões do sistema arterial (ou de um local específico),

- Enrijecimento das paredes arteriais de uma dada região (ou de um local específico),
- Mudança na forma da ejeção cardíaca,
- Alterações na relação entre a pressão arterial e a área dos vasos
- Qualquer outro efeito de mudanças nas propriedades mecânicas e/ou geométricas dos segmentos arteriais.

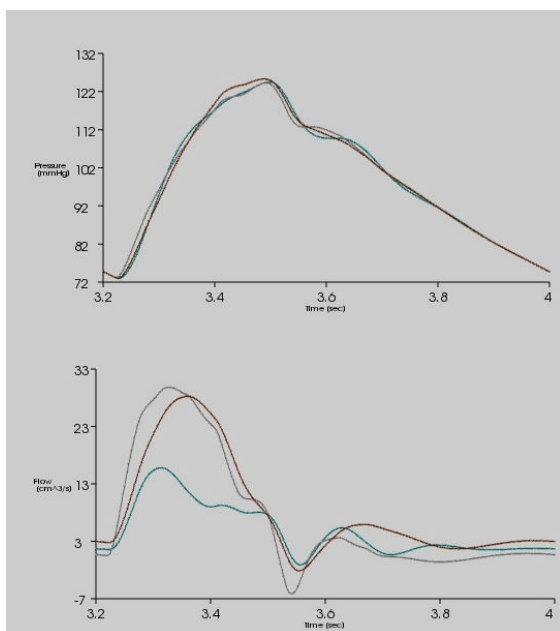


Figura 7 - Acima: curvas de pressão. Abaixo, curvas de vazão. Verde: carótida comum esquerda. Cinza: braquial direita. Marrom: braquial esquerda.

Conclusões

A simulação e a modelagem computacional do sistema cardiovascular permitem conhecer e entender melhor a dinâmica do fluxo sanguíneo. O nível de detalhe obtido na simulação depende do tipo de modelagem realizada. A modelagem 1D assume que artérias são tubos retos e através de uma curva de pressão associada ao coração, os valores de pressão, área da artéria, fluxo e velocidade do sangue podem ser determinados ao longo do segmentos arteriais para todo o sistema.

No presente trabalho, foi descrito a forma em que o software HeMoLab oferece diversas funcionalidades referentes ao processo de modelagem e simulação por meio de modelos simplificados 1D. O módulo de simulação 1D do HeMoLab permite ao usuário a criação de árvores arteriais personalizadas onde é possível customizar os valores de propriedades mecânicas e geométricas, segundo o caso de interesse. A

simulação do modelo 1D é feita pelo software SolverGP e resultados podem ser lidos pelo HeMoLab para o processo de visualização de resultados.

Foi apresentado um caso de uso do módulo 1D onde resultados de pressão e vazão podem ser visualizados nas artérias carótida comum esquerda, braquial direita e esquerda aos efeitos de mostrar algumas das características do ambiente HeMoLab.

Referências

- [1] Doenças Cardiovasculares no Brasil (Dados Estatísticos) <http://www.unifesp.br/denf/NIE/CARDIOSITE/dados.htm>
- [2] S. A. Urquiza and M. J. Vénere, An application framework architecture for FEM and other related solvers, In S.R.Idelsohn, V.E.Sonzogni, and A.Cardona, editors, *Mecânica Computacional*, Volume 22, Pages 3099–3109, Santa Fé - Paraná, Argentina, October 2002.
- [3] HeMoLab: Laboratório de Modelagem em Hemodinâmica, <http://www.lncc.br/prjhemolab>.
- [4] ParaView. <http://www.paraview.org>
- [5] VTK - Visualization ToolKit. <http://www.vtk.org>
- [6] Open Graphics Library (OpenGL). <http://www.opengl.org>
- [7] Ousterhout, K. J., Tcl and the Tk Toolkit, Addison Wesley, 1994.
- [8] Henderson, A. 2004. The ParaView Guide: A Parallel Visualization Application. Kitware.
- [9] Urquiza S.A., Blanco P.J., Venere M.J., Feijóo R.A., Multidimensional modelling for the carotid artery blood flow, In *Comput. Methods Appl. Mech. Engrg.* 195 (2006) 4002–4017.
- [10] R.Pivello, M., Larrabide, I., Feijóo, R. A.; 'AN ALGORITHM FOR GENERATING THE CENTERLINE OF A BRANCHED TUBULAR GEOMETRY'; 19th International Congress of Mechanical Engineering; Brasília - DF; Publicação: Proceedings of COBEM 2007; Pg: 5-9

Contato

A/C Prof. Raúl Feijóo,
HeMoLab - Laboratório Nacional de Computação Científica.
Telefone: (24) 233 6129
Av. Getúlio Vargas, 333, Quitandinha,
Petrópolis - RJ, CEP 25651- 075.