

POLITECNICO DI TORINO

Corso di Laurea Magistrale

in Ingegneria Biomedica/Biomeccanica

Tesi di Laurea Magistrale

MODELLAZIONE PARAMETRICA DELLA MANDIBOLA



Relatore/i

Prof. Cristina Bignardi

Corelatore/i

Prof. Alberto Audenino

Prof. Michele Calì

Prof. Elisabetta Zanetti

Candidato

Giulia Lo Cascio

ANNO ACCADEMICO 2018/2019

Indice

INTRODUZIONE	4
CAPITOLO 1	7
Materiali e metodi	7
1.1 Ricostruzione 3D da CT	7
1.1.1 Thresholding.....	8
1.1.2 Esportazione Mesh	15
1.1.3 Semplificazione mesh	17
1.2 Creazione di Mesh ‘congruenti’: programma ANSYS per morphing.....	26
1.2.1 Tipologie di Radial Basis Functions	29
1.2.2. Point Target	30
1.3 Allineamento	33
1.4 Analisi delle componenti principali (PCA) e sua applicazione al Morphing.....	37
1.5 MorphoJ	40
1.5.1 Analisi di Procrustes.....	42
1.5.2 Analisi delle componenti principali PCA.....	45
1.6 Valutazione della bontà di una ricostruzione 3D	48
CAPITOLO 2	52
Risultati	52
2.1 Morphing con punti anatomici	52

2.1.1 Esecuzione del morphing	52
2.1.2 Verifica dell'impatto dell'ordine di morphing	72
2.2 Studio dei modi di deformazione delle mandibole.....	75
2.2.1 Creazione di mesh congruenti su 15 mandibole differenti.....	75
2.2.2 Studio dei modi di deformarsi delle mandibole	79
2.2.3 Utilizzo delle componenti principali	88
2.3 Validazione del metodo.....	89
CONCLUSIONI.....	93
BIBLIOGRAFIA.....	95
RINGRAZIAMENTI	96

INTRODUZIONE

Argomento della presente tesi è la realizzazione di un modello tridimensionale parametrico della mandibola umana.

Attualmente, in campo medico, esiste un forte interesse nelle metodologie atte a pianificare interventi chirurgici personalizzati su ciascun paziente. Con riferimento alla chirurgia assistita da computer (CAS), tali metodologie consentono per esempio di avere una rappresentazione dettagliata dell'anatomia del paziente e di simulare *in silico* l'intervento stesso prima della sua esecuzione materiale, con evidenti benefici quali la riduzione dell'invasività delle procedure così come delle tempistiche di intervento.

Nell'applicazione di tali metodologie al campo ortopedico/ortodontico, la pianificazione di interventi di artroprotesi non può prescindere dalla ricostruzione tridimensionale dell'osso di interesse. A partire da tale modello possono essere eseguite analisi geometriche o più complesse analisi strutturali, avendo assegnato altresì le proprietà meccaniche dei materiali e appropriate condizioni di carico e di vincolo. Uno degli ostacoli che si incontrano nell'applicazione di un approccio di questo tipo è legata alla necessità di avere a disposizione delle scansioni CT (Tomografia Computerizzata) da cui ricavare il modello tridimensionale tramite processi di "reverse engineering". Infatti, con riferimento al campo dentale, le radiografie panoramiche rappresentano attualmente l'approccio standard per la maggior parte delle applicazioni. È dunque in quest'ottica che si inserisce il presente lavoro, il cui obiettivo è la messa a punto di un metodo efficace e affidabile in grado di generare modelli parametrici tridimensionali dell'osso mandibolare, a partire da poche e misure dirette dell'anatomia mandibolare da ricostruire.

Una possibile soluzione, nonché oggetto di questa tesi, è quella di sfruttare la PCA (Principal Component Analysis). Come verrà descritto nei prossimi capitoli, l'applicazione di questo

tipo di analisi consente di determinare alcune morfologie di riferimento ('Principali'), sulla base dell'analisi di un database limitato di geometrie tridimensionali. Come illustrato dettagliatamente nel seguito, tale analisi viene qui utilizzata in maniera congiunta con tecniche di mesh morphing e regressione lineare.

La prima parte del presente lavoro è dedicata quindi all'illustrazione dell'applicazione della tecnica del *mesh morphing* all'osso mandibolare, mettendo in evidenza i passaggi che si sono resi necessari per l'ottenimento di una mesh isotopologica comune a tutte le geometrie analizzate. L'utilizzo di questa tecnica, infatti, è descritto in letteratura per ossa lunghe, quali femore e tibia, come in [1] dove si sfrutta il morphing per predire la configurazione e la misura di uno stem femorale più appropriate per un dato paziente a partire dalle immagini radiografiche standard. Per quanto riguarda la sua applicazione all'osso mandibolare l'uso del morphing non è immediato a causa della maggior complessità che ne caratterizza la geometria. Un esempio di lavoro svolto sulla mandibola è in [2], dove anziché il morphing si utilizza il metodo delle "caratteristiche anatomiche" (Method of Anatomical Features) al fine di creare un modello parametrico del processo coronoideo della mandibola umana. In pratica dato un certo numero di punti di riferimento della mandibola si riesce a calcolare il modello geometrico dell'osso umano in maniera precisa e accurata.

Segue una parte in cui è descritta la tecnica di analisi delle componenti principali, applicata sulle mesh tridimensionali delle mandibole e se ne ricavano la morfologia 'media' o 'standard' e alcune morfologie di riferimento ('componenti principali'). Si definiscono altresì i nodi da utilizzare come riferimento per il 'morphing' ossia per deformare la geometria 'standard' e renderla il più aderente possibile alla morfologia del paziente in studio.

La metodologia messa a punto viene quindi validata utilizzando alcune mandibole per le quali era nota la geometria 'reale' (ottenuta tramite CT).

I risultati ottenuti vengono infine commentati e sono formulate alcune ipotesi per l'ottimizzazione dell'intera procedura.

CAPITOLO 1

Materiali e metodi

1.1 Ricostruzione 3D da CT

Materialise's Interactive Medical Image Control System (MIMICS) è uno strumento software per la visualizzazione e la segmentazione di immagini mediche (come CT e MRI) e rendering di oggetti 3D. Il software è disponibile in due versioni: Medical e Research, quest'ultima, in particolare, è stata utilizzata ai fini del presente lavoro. [3]

Per questo studio erano disponibili 17 CT cranio, appartenenti a soggetti aventi differenti età e sesso. Lo scopo era di isolare la mandibola di ogni paziente dal resto della CT, per poi poterla elaborare in un altro ambiente.

L'interfaccia user di MIMICS mette a disposizione quattro viste delle immagini: le immagini nella vista in alto a destra (riquadro rosso in figura 1.2) sono relative al piano assiale (piano XY in figura 1.2 Top view). La vista in alto a sinistra (riquadro arancione) mostra le immagini associate al piano frontale o coronale (piano XZ in figura 1.2- Front view). La vista in basso a sinistra (riquadro verde) mostra le immagini sul piano sagittale (piano YZ in figura 1.2 - Side view). La vista a destra in basso (circondata da un bordo verde chiaro) mostra la vista 3D (figura 1.2 e figura 1.2bis). [3]

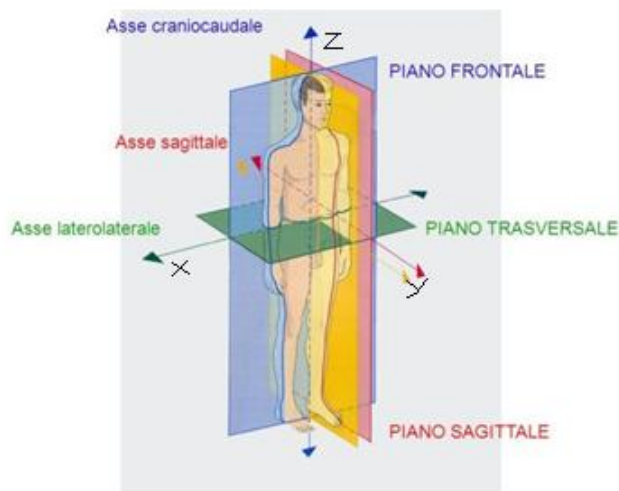


Fig.1.1 – Piani Anatomici

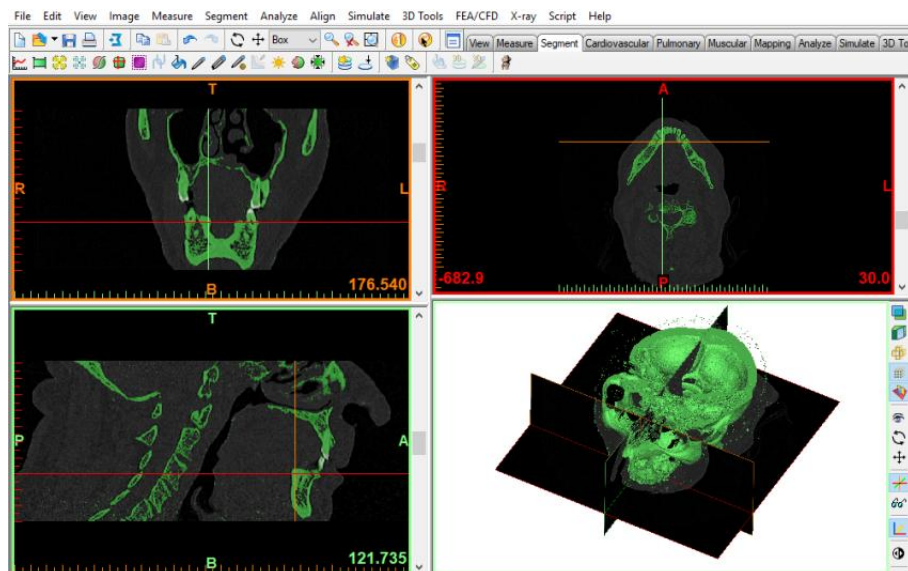


Fig.1.2 – Viste all'interno di MIMICS: in alto a sinistra Front View, in alto a destra Top view, in basso a sinistra Side View e in basso a destra la vista 3D.

1.1.1 Thresholding

Le immagini della CT (circa 600 per ogni caso analizzato) vengono importate all'interno dell'ambiente MIMICS semplicemente cliccando in alto a sinistra "New Project" e selezionando sia il path dove sono collocate le immagini, che quello dove verrà salvato il progetto. Fatto ciò, l'interfaccia mostra l'intero cranio nelle sue viste. Dato che, ai fini della

ricerca, occorreva estrapolare dalle CT solo la mandibola, si è utilizzato il comando “Organize Image” per eliminare le immagini dove non erano presenti parti della mandibola. In tutti i 17 casi, si è passato da 600 immagini a circa 350, semplificando di molto il lavoro di “pulizia” delle stesse. Dopo di che si è proceduto con l’operazione di “thresholding” delle immagini.

Il “thresholding” viene utilizzato per creare una prima definizione dell’oggetto di segmentazione. L’oggetto può essere definito in base a una soglia inferiore, o in base a una soglia inferiore e superiore. Nel primo caso, l’oggetto di segmentazione conterrà tutti i pixel nelle immagini con un valore superiore o uguale al valore di soglia; nel secondo, il valore del pixel deve essere compreso tra entrambi i valori di soglia per essere parte dell’oggetto di segmentazione.

Le immagini CT sono una mappa di pixel del coefficiente di attenuazione lineare dei raggi X del tessuto. I valori dei pixel sono scalati così che il coefficiente di attenuazione lineare dei raggi X dell’aria sia uguale a -1024 e quello dell’acqua sia uguale a 0. Questa scala è chiamata “scala Hounsfield” dal nome di uno dei pionieri della tomografia, Godfrey Hounsfield.

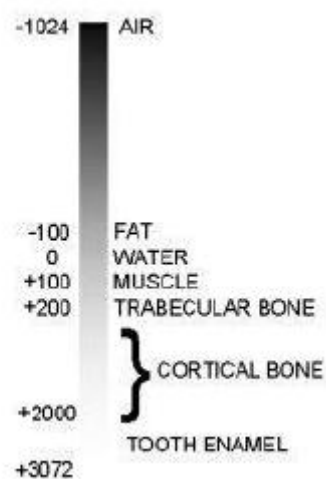


Fig. 1.3 - Scala Hounsfield

I valori dei pixel sono mostrati graficamente tramite un set di livelli di grigio che varia linearmente dal nero al bianco.

Per ogni CT si è partiti dai valori forniti dalla scala Hounsfield, selezionando “Bone” nel menù del thresholding, in seguito, modificandoli manualmente, dato che ogni CT ha le sue caratteristiche [3]. Conseguentemente, una volta impostati il valore minimo e il valore massimo di threshold, viene creata una maschera “Green” che evidenzia parte delle ossa del cranio e, ovviamente, anche la mandibola. Si è proceduto, poi, con la rimozione dei pixel di collegamento tra la mandibola e il resto del cranio; pertanto sono stati rimossi manualmente i pixel di interesse nei piani in cui sono presenti digitando Ctrl+E e abilitando così l’editor che ne permette la cancellazione (figura 1.4 e 1.4bis).

Le figure 1.4 e 1.4bis mostrano il risultato dell’operazione rispettivamente sul piano frontale e sul piano laterale.



Fig. 1.4 - Confronto prima e dopo la cancellazione dei pixel che collegano la mandibola al cranio (piano frontale).

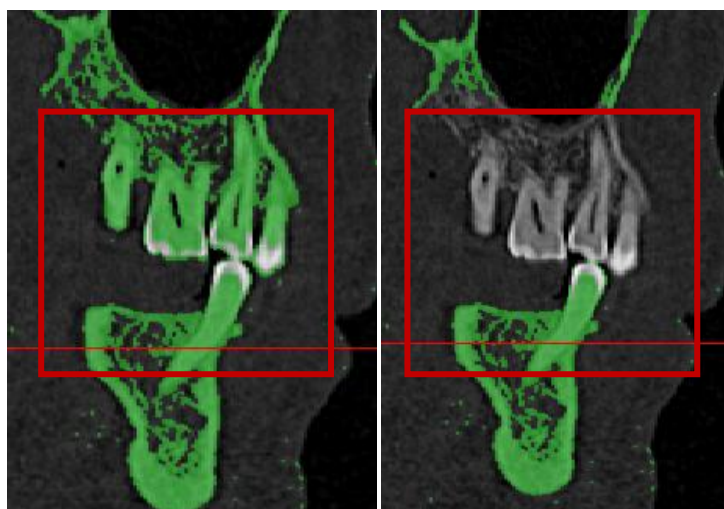


Fig. 1.4bis - Confronto prima e dopo cancellazione dei pixel che collegano la mandibola al cranio (piano laterale).



Fig. 1.5 – EditMask, in questo caso permette di cancellare i pixel, poiché è selezionata l’opzione “Erase”.

Una volta eliminati i pixel si è utilizzato il comando “*Region Growing*”, che consente di dividere la segmentazione in oggetti separati [3].

Selezionando l’icona del “Region Growing” si apre il menù che appare in figura 1.6.

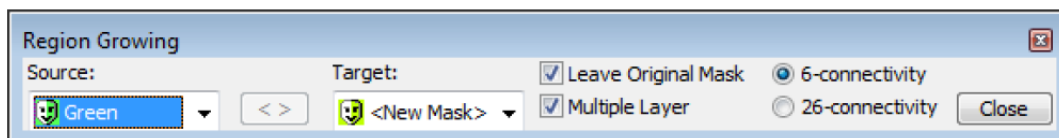


Fig. 1.6- Comando Region Growing.

Si nota che la fonte è la maschera originale, mentre il target è una nuova maschera contenente la regione selezionata, che nel caso in esame è la mandibola. L’operazione viene svolta per tutti gli strati (cioè per tutte le immagini: Multiple Layer è on) e dato che l’opzione “Leave Original Mask” è attiva, tutte le informazioni selezionate sono copiate e incollate nella nuova maschera. Le altre due opzioni “6-connectivity” e “26-connectivity” rappresentano il modo con il quale l’algoritmo del Region Growing seleziona le facce a partire dal voxel selezionato dall’utente. Infatti, se è attiva l’opzione “6-connectivity”, l’algoritmo guarderà solo le facce in prossimità del voxel selezionato, mentre se è attiva l’opzione “26-connectivity”, l’algoritmo guarderà non solo le facce, ma anche i nodi e i vertici vicini al voxel (figura 1.7).[3]

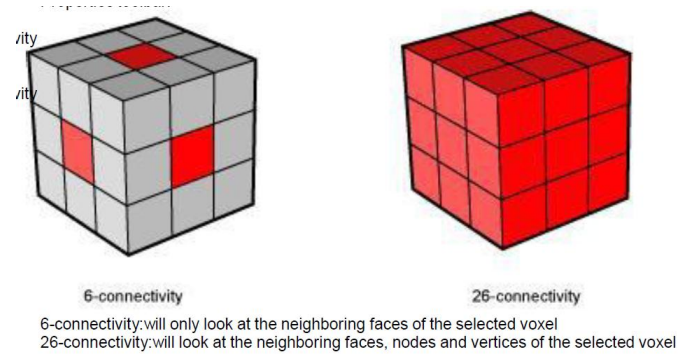


Fig. 1.7 - Confronto opzioni “Region Growing”

Quindi si è proceduto alla selezione di un qualsiasi pixel appartenente alla mandibola e si è ottenuto in automatico una nuova maschera ‘Yellow’ (figura 1.8) contenente la sola mandibola.

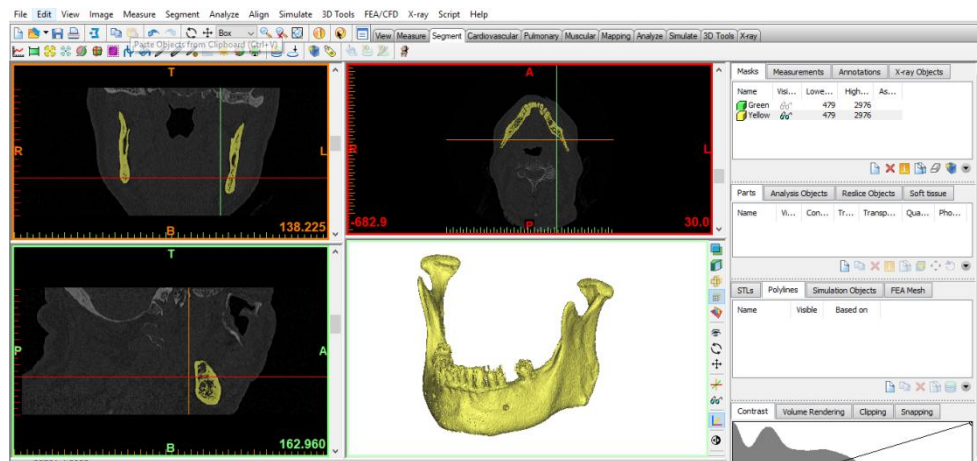


Fig. 1.8- Nella vista 3D si vede l’effetto del Region Growing e la creazione della nuova maschera Yellow.

Una volta che la mandibola è stata isolata dal resto del cranio, si procede con la rimozione dei denti combinando il comando “Split Mask” e l’editor della maschera (opzione Erase).

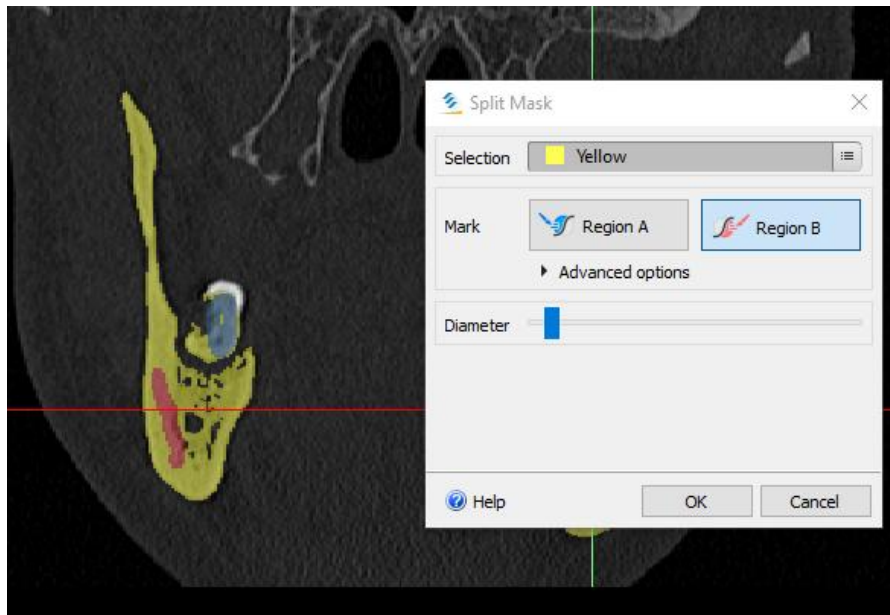


Fig. 1.9 – Comando “Split Mask”.

Lo strumento “Split Mask” consente di dividere una maschera in due, separate tra loro, utilizzando due aree marcate come input per dividerla (la maschera gialla in figura 1.9). Inizialmente si marca la regione A (blu) e poi la regione B (rossa) e il risultato della divisione è visibile nella figura 1.9bis.

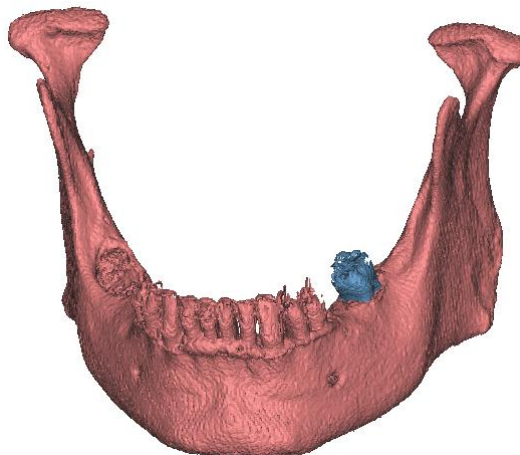


Fig. 1.9bis – Effetto “Split Mask”.

Delle due nuove maschere create si cancellerà quella blu (rimuovendo così il dente), mentre quella rossa verrà mantenuta. È stato utile ricorrere al comando “Split Mask” più volte nel corso dell’operazione di “pulizia”. In figura 1.10 è possibile osservare il risultato della rimozione dei denti.

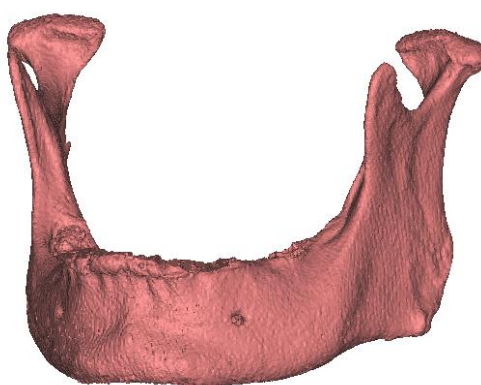


Fig. 1.10 – Risultato rimozione dei denti.

A questo punto si effettua il calcolo delle polilinee, cliccando tasto destro del mouse sul nome della maschera e selezionando “Calculate Polylines”.

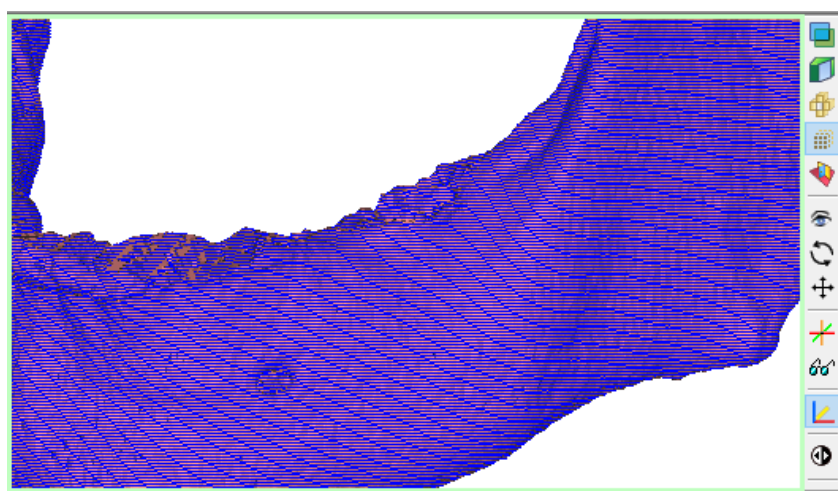


Fig. 1.11 - Dettaglio polilinee

Le polilinee vengono calcolate come contorni dei pixel presenti nella vista assiale, pertanto sono costruite in automatico anche per le cavità presenti all'interno della maschera derivanti dalla precedente operazione di growing. Al fine di eliminare tali cavità, dato l'interesse finale ad estrapolare il modello tridimensionale della sola geometria esterna della mandibola, si è utilizzato il comando “Cavity Fill From Polylines”, ottenendo così una nuova maschera (figura 1.12).

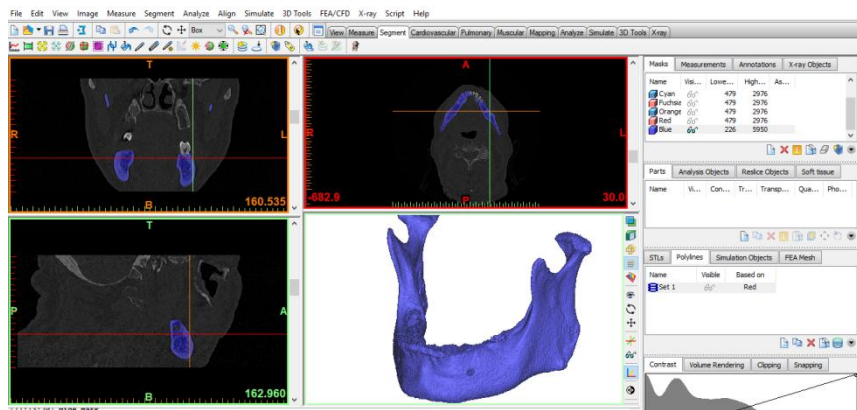


Fig. 1.12 - Nuova maschera “Blue” dopo il comando Cavity Fill from Polyline

Nonostante questa operazione elimini la maggior parte delle cavità presenti nella maschera originale, si rende comunque necessario eseguire una ulteriore operazione di revisione del risultato. Attivando, infatti, l’editor di disegno della maschera, è stato possibile riempire alcune cavità ancora presenti. A seguito di queste operazioni di revisione della maschera, si sono aggiornate le polilinee ad essa associate e precedentemente generate (figure 1.13 e 1.14).

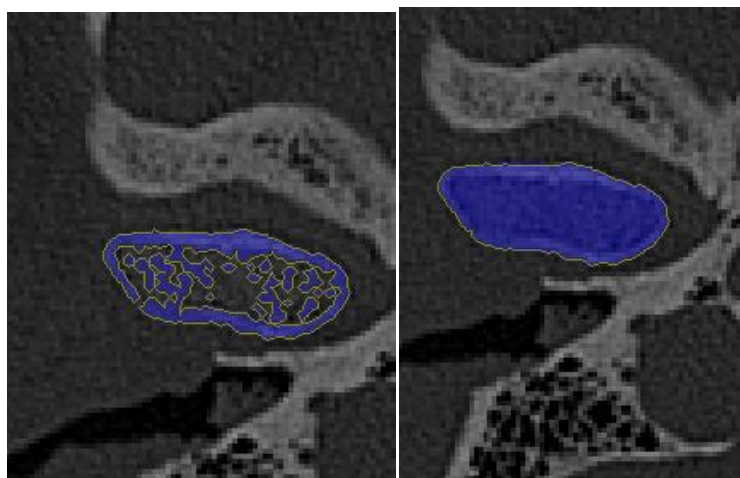


Fig. 1.13 e 1.14 - Confronto tra prima e dopo l’edit.

1.1.2 Esportazione Mesh

Una volta che la mandibola è stata “pulita”, si è calcolata la parte associata alla maschera (operazione “Calculate Part”). Tale parte rappresenta una prima mesh della mandibola in formato STL (figura 1.15). Questa parte è stata esportata nel programma 3-Matic per poter eseguire i passaggi successivi sul modello tridimensionale ottenuto. Innanzitutto, da MIMICS

si esegue File>Export>3-Matic e si seleziona l'oggetto da esportare (in questo caso la parte associata alla mandibola).

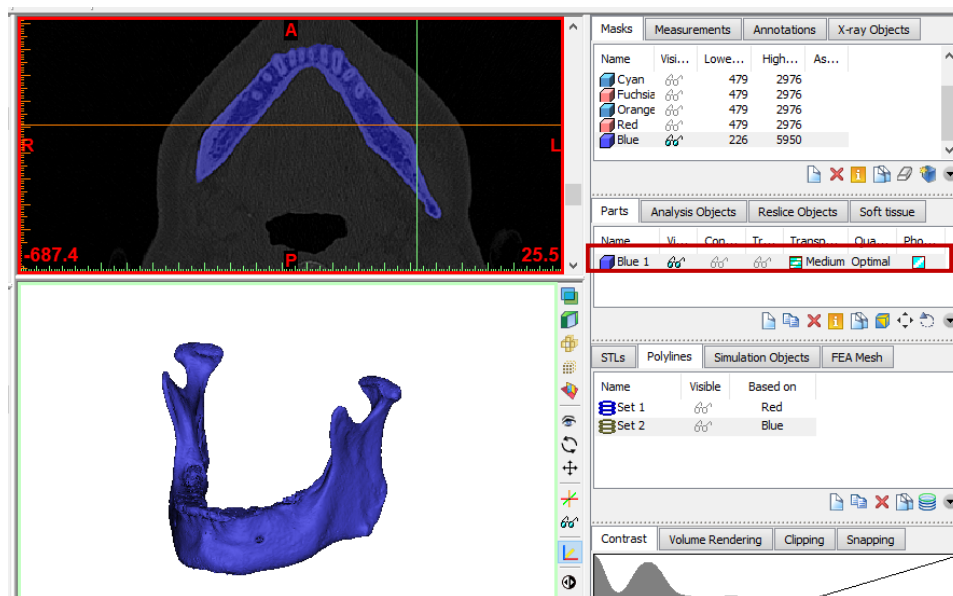


Fig.1.15 - Mandibola dopo le operazioni di pulizia e dopo aver calcolato la parte che è evidenziata dal rettangolo rosso.

3-Matic di Materialise è un software che combina strumenti CAD con capacità di pre-processing (meshing). Per farlo, esso lavora su file in formato STL, il che lo rende adatto per l'analisi di dati 3D, come quelli che derivano dalla segmentazione delle immagini mediche di MIMICS. [4]

3-Matic può essere usato per importare dati anatomici e altri oggetti 3D nel formato STL o in altri formati CAD come: "CATIA", "IGES", "STEP", etc. Una volta che gli oggetti sono stati importati, possono essere usati per varie applicazioni di "Engineering on Anatomy" incluse misurazioni, progettazione, modellazione e preparazione del modello per stampa 3D [4].

In questo caso, il software è stato utile per effettuare il remeshing del modello, poiché, data la complessità della geometria, la mesh iniziale risultava troppo fitta e irregolare. Pertanto si è cercato di ridurre il più possibile il numero di nodi senza però perdere informazioni sulla geometria, al fine di rendere l'analisi successiva più semplice.

1.1.3 Semplificazione mesh

Con l'obiettivo di ridurre il numero dei triangoli della mesh e di migliorarne la topologia si è utilizzato il comando Remesh di 3-Matic. La figura 1.16 mostra la mandibola dopo l'esportazione da MIMICS prima di effettuare il Remesh.

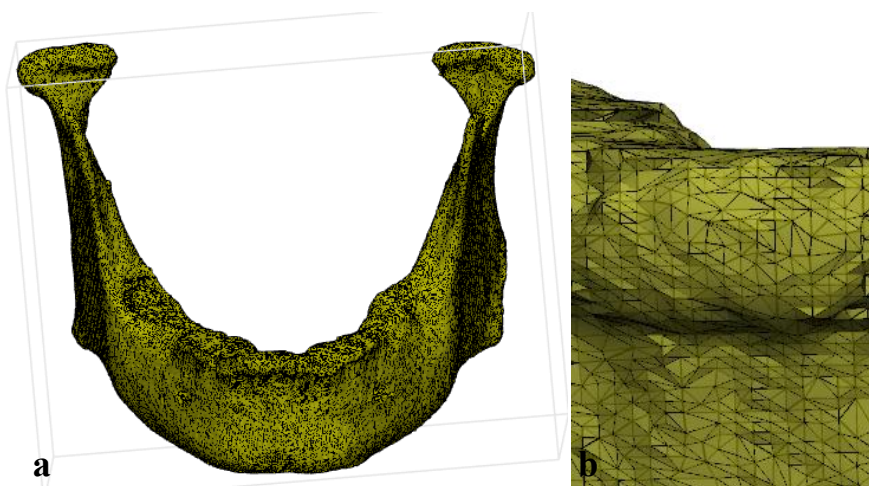


Fig. 1.16 – a) Mandibola esportata in 3-Matic (prima del Remesh), b) dettaglio triangoli mesh.

Properties			
# Triangles	117376		
# Triangles marked	0		
# Invisible triangles	0		
# Points	58698		
# Surfaces	1		
# Bad contours	0		
# Bad edges	0		
Dimensions			
Minimum dimensions	-52.2119	-70.5665	-712.3069
Maximum dimensions	70.8374	5.5835	-612.3962
Dimension delta	123.0493	76.1500	99.9107
Volume	58163.7440		
Surface area	19898.1198		

Fig. 1.16bis - Sono evidenziati il numero dei triangoli della mesh e il numero dei punti (nodi della mesh).

All'interno del programma ci sono diverse opzioni di remesh, in particolare due di queste sono sembrate le più adatte allo scopo: “Uniform Remesh” e “Quality Preserving Reduce Triangle”.

Il primo consente di eseguire un remesh uniforme della geometria [4], il secondo riduce il numero di triangoli di cui è composta la mesh importata [4]. Pertanto, sono state eseguite

diverse prove per stabilire quale dei due metodi fosse effettivamente il più adatto per diminuire il numero dei nodi e che, contemporaneamente, non modificasse troppo la geometria mandibolare.

Dal menù si è selezionato Remesh e poi ‘Quality Preserving Reduce Triangles’, (figura 1.17). Al fine di ridurre il numero dei triangoli, per questo tipo di remesh, occorre modificare due parametri: ‘Maximum Geometrical Error’ e ‘Maximum Triangle Edge Length’. Il primo è l’errore geometrico che possiamo tollerare; in particolare il suo aumento dà maggiore libertà all’algoritmo di remesh di modificare la forma per ottenere una mesh che meglio soddisfi le specifiche. Il secondo si riferisce alla dimensione dei triangoli che costituiscono la mesh. [4]

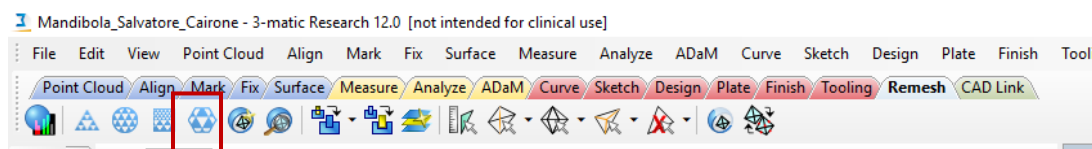


Fig. 1.17 - Nel rettangolo rosso icona “Quality Preserving Reduce Triangles”.

Per quanto riguarda le prove effettuate, si è scelto di cambiare un parametro alla volta (prima il Maximum Triangle Edge Length e poi il Maximum Geometrical Error) e poi di modificarli entrambi, per osservare quale dei due parametri avesse un effetto maggiore sulla diminuzione del numero dei nodi e sulla qualità della mesh. Inizialmente si è scelto di tenere costante il valore del “Maximum Geometrical Error” e di cambiare solo il “Maximum Triangle Edge Length”.

La prima prova è stata effettuata con i valori presenti in figura 1.18.

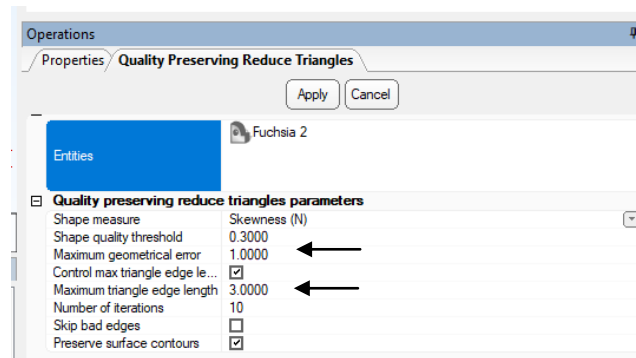


Fig.1.18 - Valori impostati per la prima prova indicati dalle frecce.

Cliccando su 'Apply', il risultato osservato è stato il seguente:

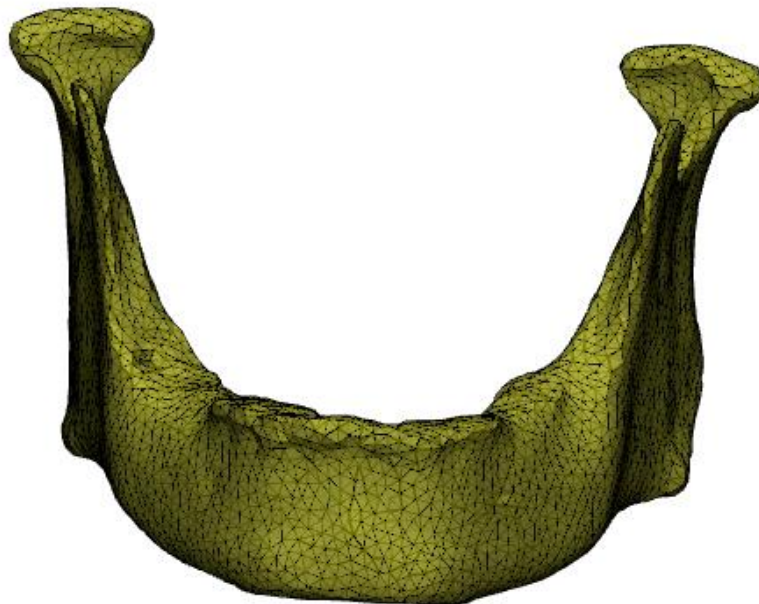


Fig. 1.19 - Quality Preserving Reduce Triangles - Risultato primo set di parametri

Properties			
# Triangles	9150		
# Triangles marked	0		
# Invisible triangles	0		
# Points	4577		
# Surfaces	1		
# Bad contours	0		
# Bad edges	0		
Dimensions			
Minimum dimensions	-51.9564	-70.1886	-712.3016
Maximum dimensions	70.5654	5.4068	-612.3973
Dimension delta	122.5218	75.5954	99.9043
Volume	57332.9473		
Surface area	18825.7212		

Fig. 1.19bis - Nel rettangolo rosso numero triangoli e numero nodi dopo il remesh.

Come atteso, l'operazione ha ridotto il numero di elementi e di nodi della mesh, senza una perdita di informazioni sulla geometria della mandibola.

Per ottenere un numero di nodi inferiore a 1000, si è proceduto modificando, sulla mesh originaria, solo il 'Maximum Triangle Edge Length' aumentandolo a 5 mm. Nella figura 1.23 si osserva come sia cambiata la mesh.

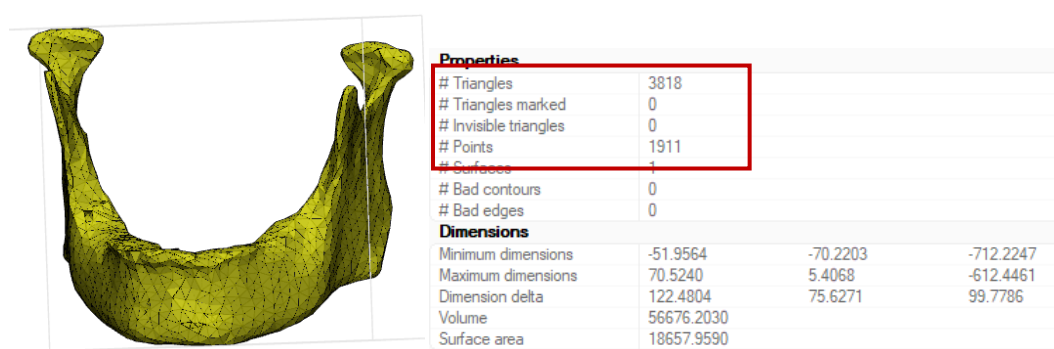


Fig. 1.23 - Situazione dopo aver cambiato il Maximum Triangle Edge Length che è uguale a 5 mm.

Si può osservare che sia il numero dei triangoli che quello dei nodi è diminuito notevolmente, ma resta comunque alto per il nostro obiettivo, per cui si è scelto di aumentare il valore da 5 mm a 7 mm.

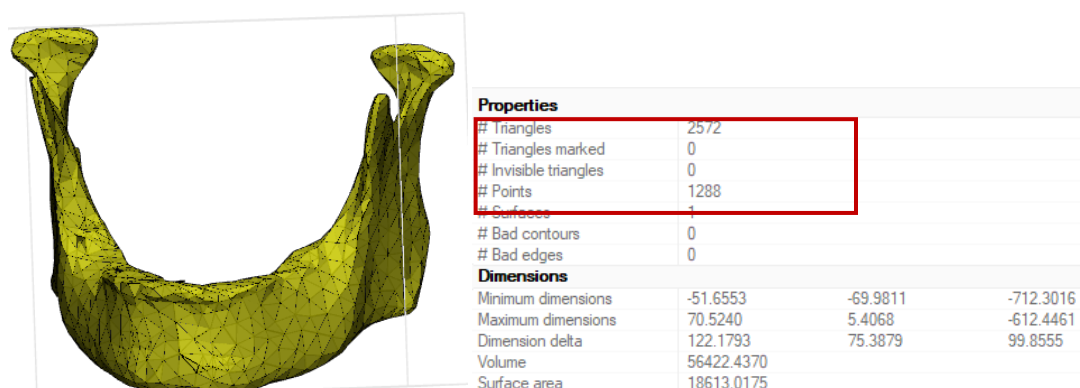


Fig. 1.24 - Terza prova con Maximum Triangle Edge Length = 7 mm.

Anche in questo caso, si è notata una diminuzione di entrambi i valori, ma in modo più lieve rispetto alla precedente combinazione dei parametri; quindi si è deciso di portare il valore del 'Maximum Triangle Edge Length' a 10 mm (figura 1.25).

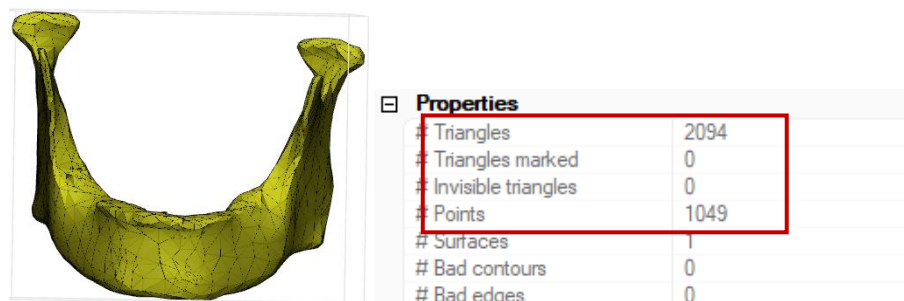


Fig. 1.25 - Quarta prova con Maximum Triangle Edge Length = 10 mm.

Dalla figura 1.25, si nota che la qualità della geometria della mandibola è ancora buona, ma il numero di nodi è ancora superiore a 1000. Si è, dunque, deciso di cambiare strategia e si sono effettuate altre prove con una diversa impostazione dei due parametri. Si procede pertanto, tornando alla mesh originaria tenendo fisso il 'Maximum Triangle Edge Length' mentre si varia il 'Maximum Geometrical Error'. Nella figura 1.26 il 'Maximum Geometrical Error' è uguale a 3 mm, mentre nella figura 1.27 è uguale a 5 mm e per entrambe l'altro parametro è costante e pari a 3 mm.

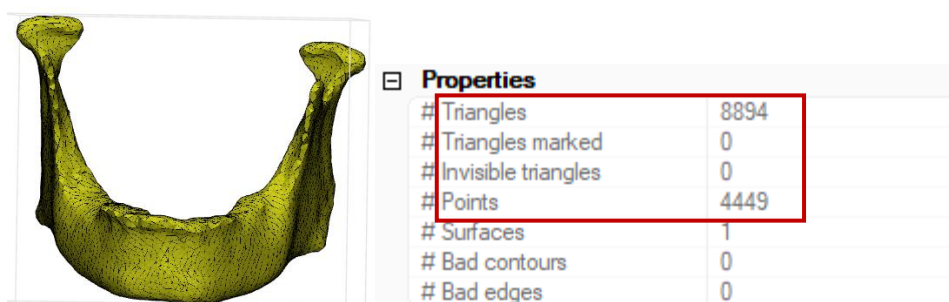


Fig. 1.26 - Quinta prova con Maximum Triangle Edge Length fisso e Maximum Geometrical Error = 3 mm.

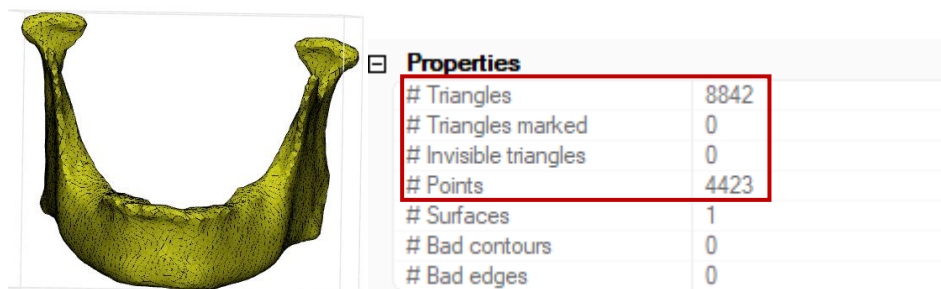


Fig. 1.27 - Sesta prova con Maximum Triangle Edge Length fisso e Maximum Geometrical Error = 5 mm.

Si può evincere che la diminuzione dei nodi, rispetto alla mesh di partenza, è significativa, ma il cambiamento del 'Maximum Geometrical Error' ha un'influenza meno forte rispetto al 'Maximum Triangle Edge Length'.

Sono state eseguite altre prove cambiando entrambi i parametri (figure 1.28 e 1.29).

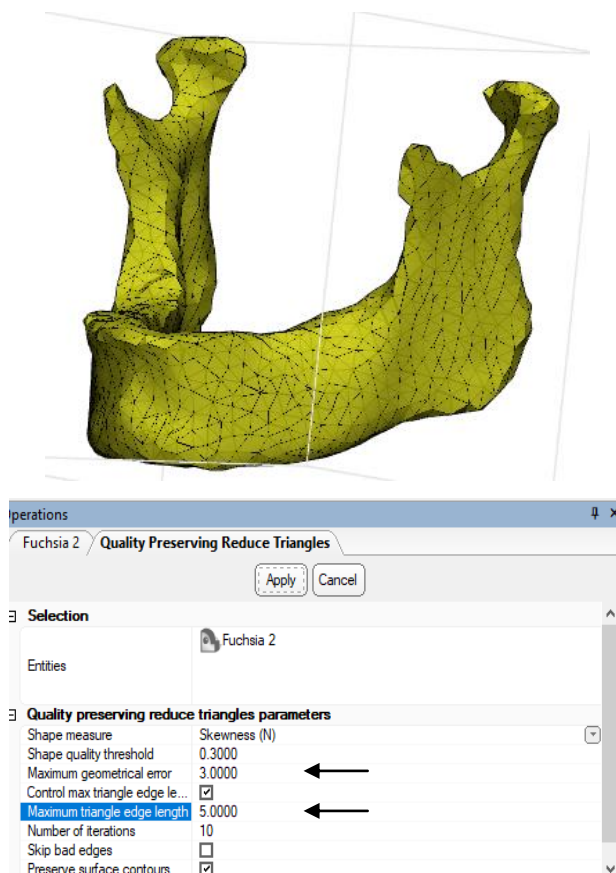


Fig. 1.28 - Settima prova cambiando sia il Maximum Triangle Edge Length che il Maximum Geometrical Error (indicati dalle frecce).

Da questa prova si può notare che aver cambiato entrambi i parametri ha avuto un effetto più importante sulla qualità della geometria, la quale, nonostante ciò, è ancora accettabile. Con un'ulteriore prova si è cercato di diminuire ancora il numero dei nodi.

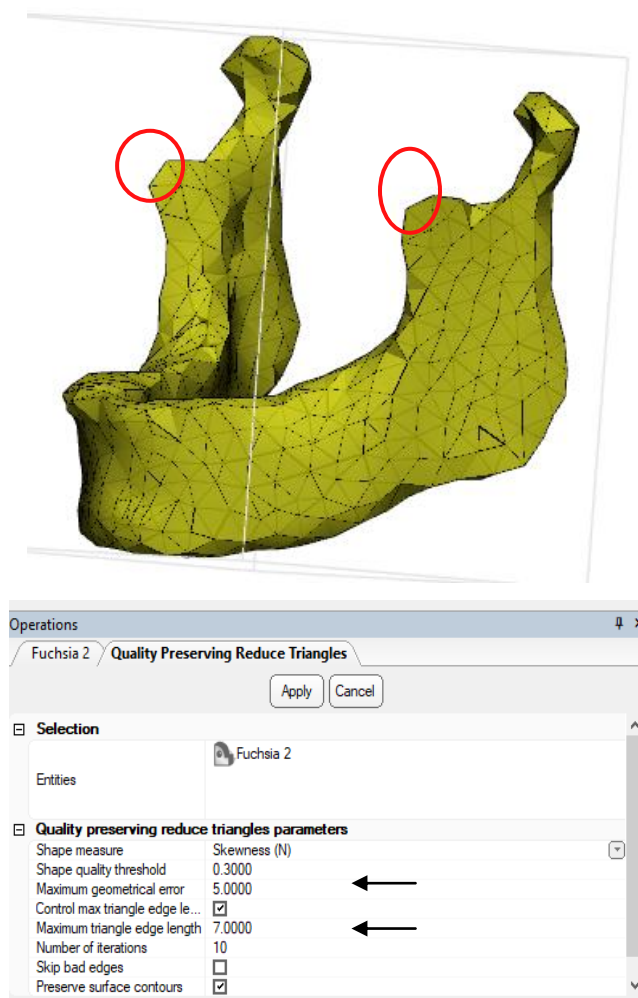


Fig. 1.29 - Ottava prova con nuovi valori dei due parametri indicati dalle frecce. I cerchi rossi evidenziano la perdita di informazioni sulla geometria mandibolare.

Con i valori impostati nella figura 1.29, si è ottenuto una riduzione del numero dei triangoli della mesh ma, come si può osservare, si è pagato in termini di qualità, perdendo informazioni sulla geometria della mandibola (vedi cerchi rossi in figura).

A questo punto si è cambiato il tipo di Remesh e si è optato per 'Uniform Remesh' (figura 1.30), per valutarne l'effetto sulla mesh originariamente importata da Mimics.

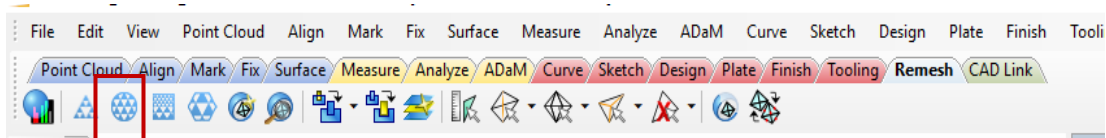


Fig. 1.30 - Dettaglio icona Uniform Remesh.

In questo caso occorre cambiare un solo parametro: 'Target Triangle Edge Length', che è riferito alla dimensione dei triangoli della mesh. Inizialmente tale valore è stato impostato a 5 mm e il risultato ottenuto è riportato nella figura 1.31.

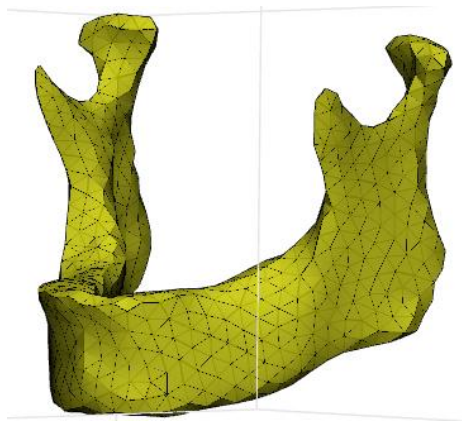


Fig. 1.31 - Risultato dopo lo Uniform Remesh.

Properties	
# Triangles	1818
# Triangles marked	0
# Invisible triangles	0
# Points	911
# Surfaces	1
# Bad contours	0
# Bad edges	0

Fig. 1.32 - Evidenziati numero triangoli e numero nodi dopo il remesh.

Il numero dei nodi è inferiore a 1000 e la geometria della mandibola è ancora ben visibile.

È stata eseguita un'ulteriore prova, cambiando il valore da 5 mm a 6 mm (figura 1.33).

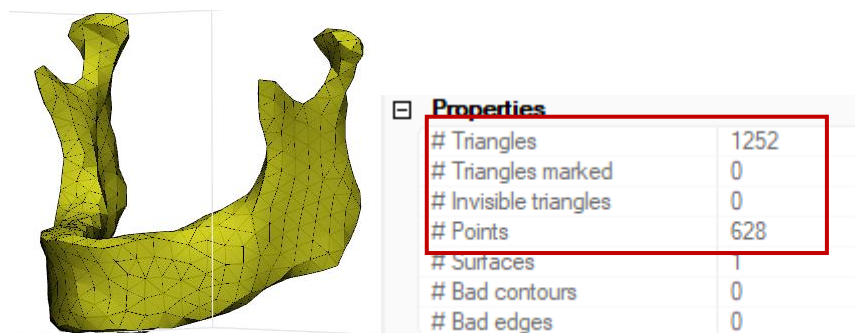


Fig. 1.33 - Ultima prova effettuata cambiando il parametro dello Uniform Remesh.

Si è osservato un peggioramento nella qualità della geometria, ma è stato giudicato comunque accettabile poiché non si sono perse informazioni riguardanti la topologia della mandibola (come nel caso del primo tipo di remesh).

In questo studio si è deciso di utilizzare la prima prova fatta con lo Uniform Remesh, ovvero quella mostrata in figura 1.31, poiché la qualità della geometria è migliore rispetto a quella di figura 1.33 e il numero dei nodi è comunque inferiore a 1000.

Di seguito sono riportate due tabelle riferite ai parametri e ai risultati associati ai due tipi di remesh valutati.

QUALITY PRESERVING REDUCE TRIANGLES

Maximum Geometrical Error (mm)	Maximum Triangle Edge Length (mm)	Numero Nodi
1	3	4577
1	5	1911
1	7	1288
1	10	1049
3	3	4449
5	3	4423
3	5	1611
5	7	842

Tab. 1.1 - Risultati delle prove del remesh “Quality Preserving Reduce Triangles”.

UNIFORM REMESH	
Target Triangle Edge Length	Numero Nodi
5	911
6	628

Tab. 1.2 - Prove dello Uniform Remesh

1.2 Creazione di Mesh ‘congruenti’: programma ANSYS per morphing

ANSYS Workbench è una piattaforma basata su un’architettura modulare, che permette di estendere la funzionalità di questo framework usando componenti software aggiuntivi. In particolare, la tecnologia ACT (Application Customization Toolkit) fornisce meccanismi interni concepiti per abilitare le personalizzazioni di un’applicazione Workbench, senza bisogno di compilare codici esterni o di collegarsi a librerie ANSYS esterne. [5]

In questo lavoro, è stata impiegata l’estensione RBF Morph, la quale ha permesso di eseguire il mesh morphing delle geometrie analizzate, consentendo dunque il rimodellamento della mesh di superficie o di volume.

Il mesh morphing basato sulle “Radial Basis Functions” è utilizzato nella medicina predittiva, dove il modello relativo alla geometria di uno specifico paziente viene utilizzato per comprenderne in modo dettagliato la fisica. L’aggiornamento della forma può essere utilizzato per prevedere l’evoluzione di una patologia, per studiare il posizionamento di componenti protesici, per simulare un intervento chirurgico, ma anche come strumento per generare il modello numerico del paziente in esame adattando la forma anatomica ad una di riferimento presente su un database. [6]

Per utilizzare correttamente l'estensione RBF Morph e generare correttamente il morphing, esistono dei principi di funzionamento di base che sono di fondamentale importanza:

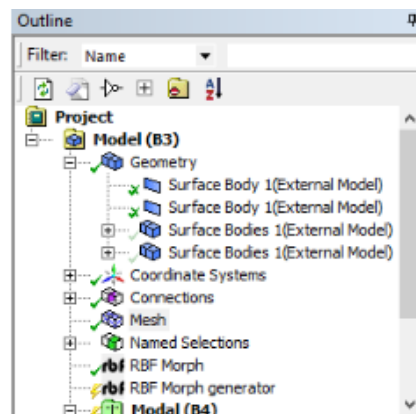


Fig. 1.34 – Albero di progetto (ANSYS)

- La posizione nell'albero dell'oggetto RBF Morph (vedi fig. 1.34) riflette la sua posizione nel flusso di lavoro CAE, vale a dire dopo la generazione della mesh, ma prima dell'analisi FEM sulle configurazioni del modello che ha subito il morphing;
- Consente di modificare la mesh spostando i nodi e preservandone la consistenza, ovvero lo stesso numero originale di nodi e la tipologia delle celle;
- Per definire i punti RBF fa uso di entità geometriche (facce, bordi e vertici), mesh (nodi) e Workbench (selezioni nominate) collegate al modello FEM;
- L'azione di morphing considera solo la presenza dei nodi della mesh e quindi non tiene conto dei vincoli strutturali (supporti) e dei carichi;
- Consente di aggiornare la forma del modello FEM ad alta fedeltà convalidato senza ricostruire una nuova mesh, in modo da risparmiare tempo di lavoro ed evitare rumori di remeshing;
- Possono essere studiate nuove forme anche se manca una geometria CAD sottostante;
- Deve essere creato almeno un genitore;

- Per gestire un morphing complesso, l'estensione consente di costruire la soluzione RBF con molti target RBF, catene di sorgenti RBF collegate in cascata per generare soluzioni multi-step.[5]

Nel seguito verranno utilizzati i termini “genitori” e “figli” e “target” e “source”, in riferimento agli elementi presenti nell'albero di lavoro. In particolare, si impiegano i primi due quando ci si riferisce agli elementi dell'albero RBF, mentre “RBF target” e “RBF source” sono principalmente usati quando ci si riferisce agli stessi elementi ma in relazione al ruolo che hanno nel set-up della soluzione RBF.[5]

Considerando la funzionalità della soluzione multi-step dal punto di vista del funzionamento, RBF Morph ACT Extension, nel suo insieme, agisce come un operatore matematico che gestisce due nuvole di punti RBF: da una parte la nuvola “target” dei cui punti vogliamo determinare lo spostamento e, dall'altra parte, la nuvola “source” in cui il campo di spostamento è noto e le RBF sono calcolate. Nei termini dell'albero RBF, la generazione dell'intera soluzione RBF è determinata combinando la trasformazione direttamente applicata sui genitori con quella proveniente dai loro “figli di livello uno”; tale trasformazione include tutte le soluzioni RBF degli altri “figli più giovani”.

Dato l'alto livello di flessibilità fornito da RBF Morph Extension per la messa a punto di complesse configurazioni di soluzioni di morphing, la struttura finale dell'albero RBF, può essere molto complessa. Qualunque sia la complessità, alcuni aspetti di tale struttura aiutano l'utente a progettare o riconoscere il suo intero funzionamento:

- RBF targets, che vengono generati mediante l'oggetto RBF Morph (chiamato “root” dell'albero RBF). Tali elementi sono i “genitori” che identificano la nuvola di destinazione della nuvola di origine, che viene passata a ciascun genitore tramite il solo “bambino” di livello 1;

- RBF sources di primo livello (“bambini” di livello 1) sono generate dagli RBF targets. Essi, a loro volta, consentono la generazione di RBF source di livello 2 (“bambino più giovane”) e così via. In questo modo, si possono creare catene di “bambini” e la soluzione RBF di ogni “bambino” viene alimentata da quella del “bambino” più giovane ad essa collegato.

Nel rispetto del paradigma gerarchico del “bambino” RBF, la soluzione RBF di una singola sottostruttura viene costruita prendendo in considerazione la trasformazione definita dal “padre” e la soluzione RBF, compreso il contributo di tutti i suoi “figli”. Quest'ultima viene ottenuta a partire dal campo di spostamento definito per i bambini più piccoli della sottostruttura, combinandolo con quello dei bambini più piccoli collegati e eseguendo questa operazione per ogni livello fino a raggiungere il genitore.

L'intera soluzione RBF dell'albero RBF viene infine determinata accoppiando la soluzione di tutti i sottostrati RBF.[5]

1.2.1 Tipologie di Radial Basis Functions

L'adattamento RBF garantisce il passaggio della funzione interpolata attraverso tutti i punti del dataset originale. Il comportamento della funzione tra i punti (interpolazione) o al di fuori del dataset (estrapolazione) dipende dalla funzione radiale usata.[7]

La complessità dell'adattamento è fortemente collegata al tipo di funzione radiale.[7]

Le funzioni radiali possono essere classificate in due famiglie: quelle con supporto globale e quelle con supporto compatto.[7]

RBF with global support	$\varphi(r)$
Spline type (R_n)	$r^n, n \text{ odd}$
Thin plate spline (TPS_n)	$r^n \log(r), n \text{ even}$
Multiquadric (MQ)	$\sqrt{1+r^2}$
Inverse multiquadric (IMQ)	$\frac{1}{\sqrt{1+r^2}}$
Inverse quadratic (IQ)	$\frac{1}{1+r^2}$
Gaussian (GS)	e^{-r^2}
RBF with compact support	$\varphi(r) = f(\xi), \xi \leq 1, \xi = \frac{r}{R_{sup}}$
Wendland C^0 (C0)	$(1-\xi)^2$
Wendland C^2 (C2)	$(1-\xi)^4(4\xi+1)$
Wendland C^4 (C4)	$(1-\xi)^6(\frac{35}{3}\xi^2+6\xi+1)$

Tab 1.3 – RBF con supporto globale e compatto

Quando è usato il supporto globale, tutti i punti della nuvola interagiscono tra loro. L'alta precisione viene raggiunta utilizzando il supporto globale, ma il problema numerico diventa molto complesso perché una matrice densamente popolata deve essere risolta nella fase di adattamento. Le RBF con supporto compatto sono usate quando le interazioni a lunga distanza non sono desiderate e il loro raggio di interazione può essere definito.[7]

1.2.2. Point Target

Prima di procedere con la descrizione delle operazioni di morphing eseguite sulle mandibole, si presenta una breve descrizione della trasformazione di morphing denominata point target, ampiamente utilizzata nel seguito.

Se si ha un punto su una superficie (o un nodo su una mesh) ciò che fa la trasformazione è far coincidere questo punto con un altro punto selezionato su un'altra superficie o mesh, che si trova all'interno dello stesso ambiente (nel caso inspecie ANSYS). Questo si traduce in un cambiamento della forma della superficie (morphing) e quindi, prendendo un insieme di punti o nodi in siti strategici (punti di riferimento) si può “matchare” una qualunque superficie con un'altra di riferimento attraverso una serie di trasformazioni successive. [5]

[-] Node Selection	
Scoping Method	Geometry Selection
Geometry	
[-] Definition	
Transformation	Point Target ▼
Target Definition	Selection
Scoping Method	Geometry Selection
Geometry	
[-] RBF Function	
Degree	1
[-] Combine Select	
Acting On	Undeformed
If Selected Nodes Overlap	Override
Coord Filtering	No
[-] RBF Problem	
☐ Source	0
☐ Target	0

Fig. 1.35– Dettaglio “Point Target”.

I parametri che caratterizzano la trasformazione “point target” sono spiegati di seguito:

- Node Selection
 - Scoping Method:
 - Geometry Selection: per definire il punto che identifica il punto “sorgente” del Point Target attraverso la selezione del punto.
 - Named Selection: per definire il punto che identifica il punto “sorgente” del Point Target attraverso le Named Selection definite prima.
 - Geometry: entità selezionate.
- Definition
 - Trasformation: Point Target
 - Target Definition:
 - Selection, per definire il punto di “destinazione” utilizzando la selezione di un nodo mesh o un punto geometrico.
 - By Coordinate System, per definire il punto di “destinazione” utilizzando una posizione rispetto a un sistema di coordinate scelto.
 - Scoping Method: (disponibile solo è selezionato *Selection Target Definition*) per definire il punto di “destinazione” usando una delle seguenti opzioni:

- Geometry Selection
- Named Selection
- Geometry: (disponibile solo se è selezionato *Selection Target Definition*) entità selezionate.
- Coordinate System: (disponibile solo se è stata scelta *By Coordinate Definition*) il sistema di coordinate utilizzato per definire la posizione del punto di destinazione.
- X (disponibile solo se è stata scelta *Coordinate System Target Definition*): le coordinate X del punto target della trasformazione espresse nel sistema di coordinate selezionato.
- Y (disponibile solo se è stata scelta *Coordinate System Target Definition*): le coordinate Y del punto target della trasformazione espresse nel sistema di coordinate selezionato.
- Z (disponibile solo se è stata scelta *Coordinate System Target Definition*): le coordinate Z del punto target della trasformazione espresse nel sistema di coordinate selezionato.
- RBF Function
 - Degree:
 - 1: da applicare alla soluzione RBF proveniente da “figli” collegati con un RBF lineare.
 - 3: da applicare alla soluzione RBF proveniente da “figli” collegati con un RBF cubico.
- Combine Select
 - Acting on:
 - Undeformed: per applicare la soluzione RBF proveniente da “figli” collegati prima dell'applicazione della trasformazione definita per l'elemento RBF corrente.
 - Deformed: per applicare la soluzione RBF proveniente da “figli” collegati dopo l'applicazione della trasformazione definita per l'elemento RBF corrente.
 - If Selected Nodes Overlap:
 - Override: nel caso in cui più di un “figlio” condivida la stessa RBF source, i punti “sorgente” del figlio con livello e posizione più alta oltrepassano gli altri, i quali non vengono considerati.

- Sum: caso in cui più di “figlio” condivida la stessa RBF source, gli spostamenti definiti vengono sommati.[5]

1.3 Allineamento

Dopo aver effettuato la semplificazione del modello (trattata nel capitolo 1 paragrafo 1.1.3), vengono fatte altre due operazioni in 3-Matic: la costruzione di due parallelepipedi (uno per ogni mandibola) ed un allineamento di prima approssimazione delle due geometrie.

Il parallelepipedo sarà utile al fine delle successive trasformazioni in ANSYS. Per crearlo dal menù si seleziona Design>Create Cylinder>Create Box (dettaglio icona nelle figure 1.36 e 1.36bis).

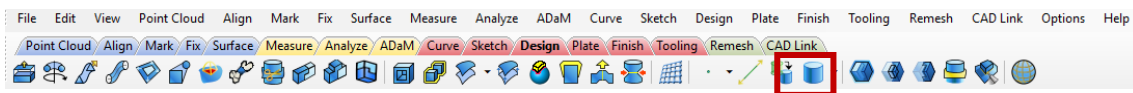


Fig. 1.36 – Dettaglio icona “Create Cylinder”

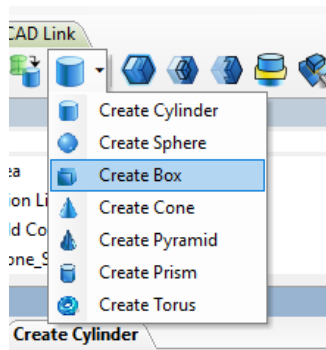


Fig. 1.36 bis – Dettaglio icona “Create Box”

La funzione Create Box crea un box triangolato [4]. All’interno della funzione si specifica il metodo con il quale il box verrà realizzato, in questo caso “Around Part”. Ciò significa che il box viene costruito attorno alla parte (la mandibola che va inserita nel campo “Entity”), generando il volume minimo che riesce a contenere al suo interno la geometria selezionata.[4]

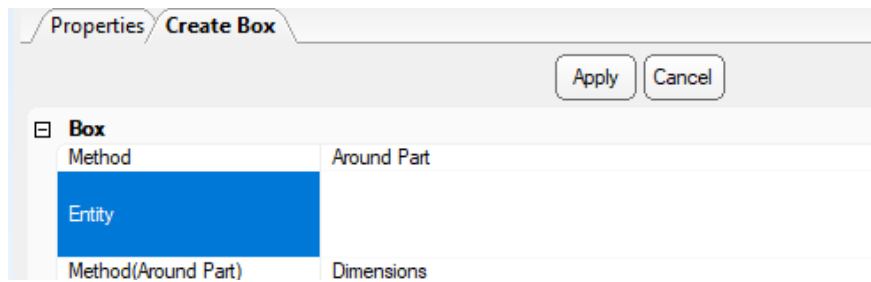


Fig. 1.37– Funzione “Create Box”

Questa operazione viene effettuata per entrambe le mandibole e quello che si ottiene è mostrato in figura 1.38.

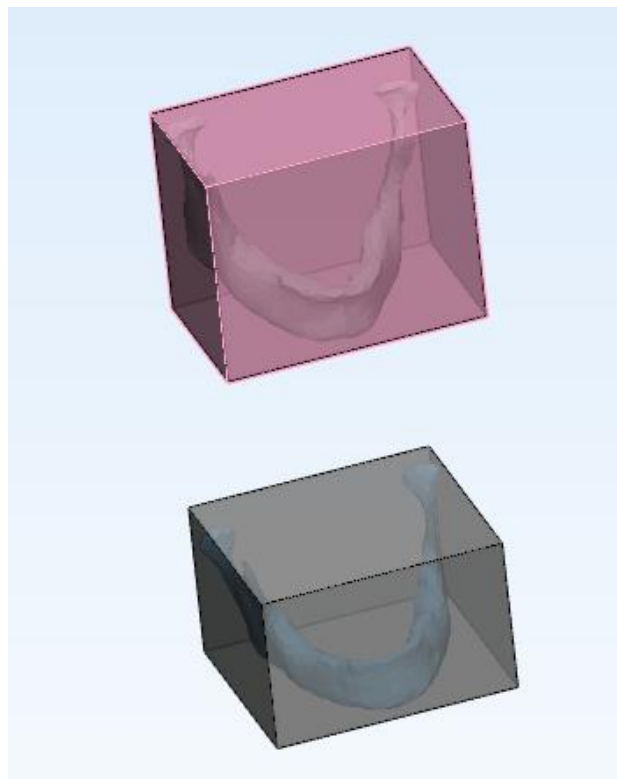


Fig. 1.38 – Creazione dei due box

Successivamente si esegue un’operazione di allineamento con il comando “Align” (dettaglio icona nella figura 1.39).

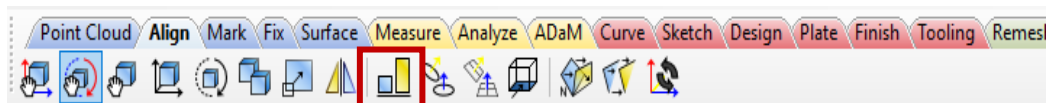


Fig. 1.39– Dettaglio icona “Align”

La funzione permette di allineare due geometrie tramite la selezione su ciascuna di esse di una sub-entità e della definizione della relazione che ci deve essere tra le due. L'operazione prevede due step: nel primo si selezionano l'entità che deve rimanere fissa e quella che si deve muovere per compiere l'operazione di allineamento.[4] Come entità si scelgono i box realizzati in precedenza.

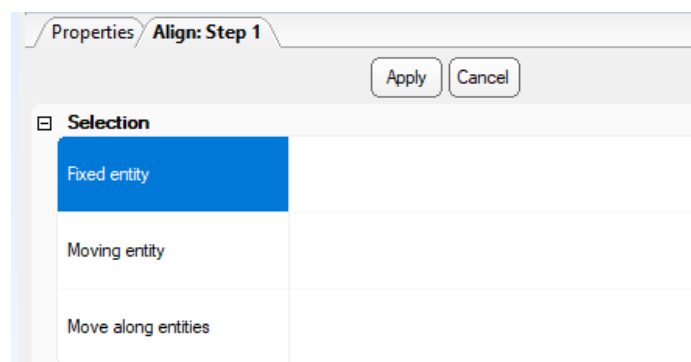


Fig. 1.40 – Step 1 funzione “Align”

Cliccando su ‘Apply’ la Work Area cambia aspetto (si veda fig. 1.41)

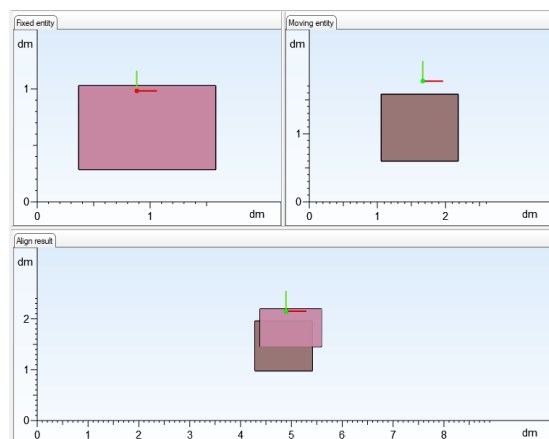


Fig. 1.41 – Aspetto della Work Area dopo Step 1

Si noti la presenza di tre finestre: nella prima in alto a sinistra si ritrova l'entità che rimane fissa, in alto a destra quella che si muove, mentre nella finestra in basso c'è il risultato dell'allineamento. Si procede poi con il secondo step, che consiste nel selezionare un'entità nella parte fissa e un'entità in quella mobile. In questo caso sono state scelte le origini dei sistemi di coordinate disegnati accanto ad ogni box (vedi figure 1.41 e 1.42).

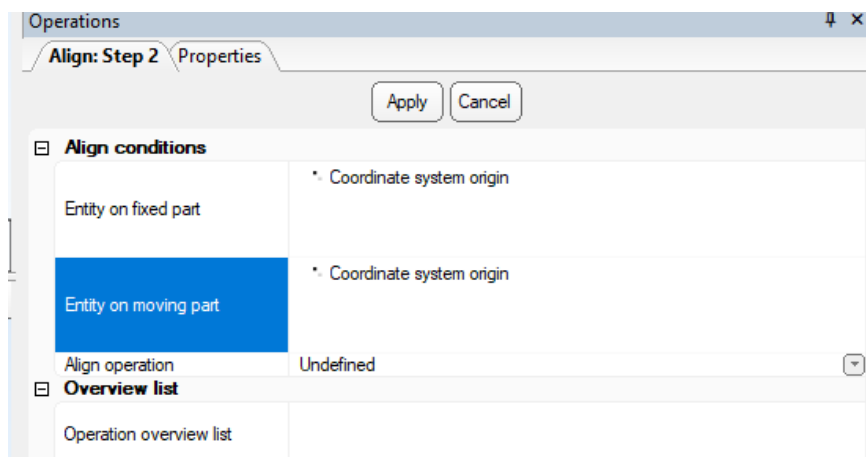


Fig. 1.42 – Step 2 funzione “Align”

Prima di cliccare su Apply, si cambia il parametro “Align Operation” da ‘Undefined’ a ‘Coincident’. In questo modo l’operazione farà coincidere le due origini dei sistemi di assi. Si ottengono i due box riallineati.

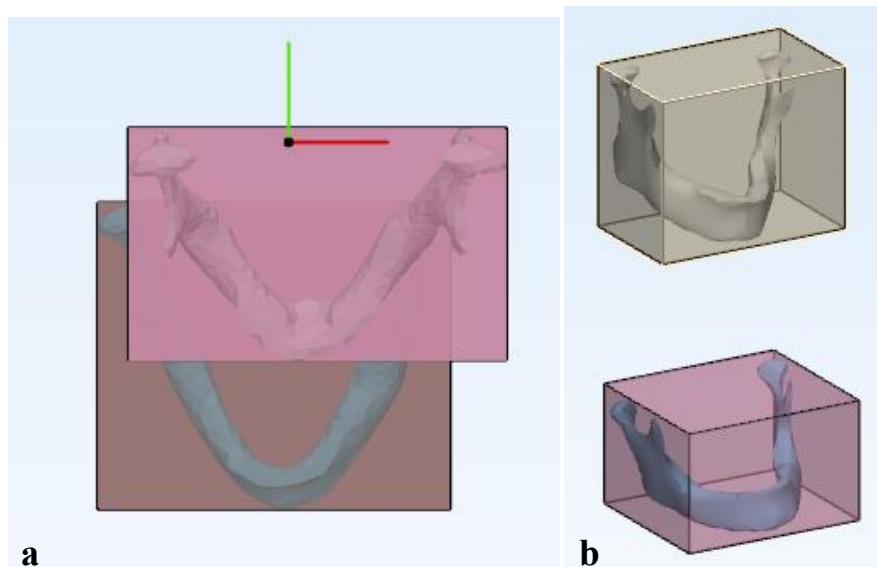


Fig. 1.43 – Box riallineati, a) vista dall’alto, b) vista isometrica.

L’ultima operazione sarà esportare sia le mandibole che i box nel formato Ansys “.cdb”, cliccando su File>Export>Ansys; come risultato si ottengono per ogni coppia di mandibole quattro file.

1.4 Analisi delle componenti principali (PCA) e sua applicazione al Morphing

Le Radial Basis Functions (RBF) sono nate come metodo di interpolazione per dati sparsi e costituiscono un potente strumento che permette di interpolare ovunque nello spazio una funzione scalare, definita in punti discreti dati dai valori esatti nei punti originali. Il comportamento della funzione tra i punti dipende dal tipo di funzione radiale adottata. [7]

La funzione radiale può essere supportata pienamente o in modo compatto. In alcune situazioni viene aggiunto un correttore polinomiale per garantire l'esistenza e l'unicità dell'adattamento calcolato. [7]

Un sistema lineare di ordine uguale al numero dei punti "source" introdotti (che fanno riferimento ai punti originali), ha bisogno di essere risolto per poter calcolare i coefficienti. Una volta che i coefficienti non noti sono stati determinati, la funzione scalare, in una posizione arbitraria dentro o fuori il dominio, risulta essere espressa dalla somma del contributo radiale di ogni punto "source" (centro RBF) e di un termine polinomiale (se presente).[7]

La funzione di interpolazione, composta dalle radial basis e dal polinomio, è data dalla seguente formula:

$$s(x) = \sum_{i=1}^N \gamma_i \varphi(\|x - x_{s_i}\|) + h(x) \quad (1.1)$$

La funzione scalare $s(x)$, dove x è una variabile di dimensione arbitraria, rappresenta una trasformazione $\mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$. In un dato punto x il valore della RBF si ottiene accumulando le interazioni con tutti i punti source x_s , valutate calcolandola distanza radiale tra x e ogni x_{s_i} processata dalla funzione radiale φ ; essa consiste in una trasformazione $\mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ moltiplicata per il peso γ_i . Il termine polinomiale è poi sommato. Il grado del polinomio deve essere scelto

tenendo conto del tipo di funzione radiale adottata. Un adattamento delle radial basis esiste se i pesi γ e i coefficienti del polinomio possono essere determinati in modo tale che i valori g_s delle funzioni desiderate siano ottenute dai punti source:

$$s(\mathbf{x}_{s_i}) = g_{s_i}, \quad 1 \leq i \leq N \quad (1.2)$$

Il solo numero di equazioni non è sufficiente, dato che il numero di incognite è uguale al numero dei pesi (N) più il numero dei coefficienti del polinomio. Il sistema è completo se le condizioni di ortogonalità:

$$\sum_{i=1}^N \gamma_i p(\mathbf{x}_{s_i}) = 0 \quad (1.3)$$

sono verificate per tutti polinomi p con un grado minore o uguale a quello del polinomio h . Il grado minimo del polinomio h dipende dalla scelta della funzione radiale. Un'interpolante unica esiste se la basis function è una funzione condizionatamente definita positiva. Se le basis functions sono condizionatamente definite positive di ordine $m \leq 2$, può essere usato un polinomio lineare. Una conseguenza dell'usare un polinomio lineare è che le traslazioni del corpo rigido sono esattamente recuperate. Nello spazio 3D il polinomio lineare assume la forma seguente:

$$h(x) = \beta_1 + \beta_2 x + \beta_3 y + \beta_4 z \quad (1.4)$$

e le condizioni di ortogonalità (1.3) possono essere espresse come:

$$\sum_{i=1}^N \gamma_i = \sum_{i=1}^N \gamma_i x_{s_i} = \sum_{i=1}^N \gamma_i y_{s_i} = \sum_{i=1}^N \gamma_i z_{s_i} = 0 \quad (1.5)$$

I valori per i pesi γ del vettore RBF e i coefficienti del vettore β del polinomio lineare possono essere ottenuti risolvendo il sistema che si ottiene imponendo le condizioni (1.2) e (1.5); il sistema risultante può essere espresso in forma compatta come:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{M} & \mathbf{P}_s \\ \mathbf{P}_s^T & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \gamma \\ \beta \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} g_s \\ 0 \end{pmatrix} \quad (1.6)$$

dove g_s contiene i valori noti nei punti source. $\mathbf{M}$ è la matrice di interpolazione definita da tutte le interazioni radiali tra i punti di source:

$$\mathbf{M}_{ij} = \varphi(\|\mathbf{x}_{s_i} - \mathbf{x}_{s_j}\|), \quad 1 \leq i \leq N, 1 \leq j \leq N \quad (1.7)$$

e $\mathbf{P}_s$ è una matrice di vincolo che nasce bilanciando il contributo polinomiale; essa contiene una colonna di 1 e le posizioni (x, y, z) dei punti di source nelle altre tre colonne:

$$\mathbf{P}_s = \begin{pmatrix} 1 & x_{s_1} & y_{s_1} & z_{s_1} \\ 1 & x_{s_2} & y_{s_2} & z_{s_2} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & x_{s_N} & y_{s_N} & z_{s_N} \end{pmatrix} \quad (1.8)$$

L'interpolazione radiale di base funziona per i campi scalari, ma l'adattamento si può ripetere più volte usando la stessa interpolazione e le matrici di vincolo. In questo caso il vettore g è sostituito con una matrice rettangolare e risolto su una colonna calcolando i coefficienti γ e β relativi a ciascuna colonna.

Se una deformazione nel vettore di campo deve essere adattata in 3D (spazio di morphing), ogni componente dello spostamento prescritto nei punti source è interpolato come segue:

$$\begin{cases} s_x(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^N \gamma_i^x \varphi(\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{s_i}\|) + \beta_1^x + \beta_2^x x + \beta_3^x y + \beta_4^x z \\ s_y(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^N \gamma_i^y \varphi(\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{s_i}\|) + \beta_1^y + \beta_2^y x + \beta_3^y y + \beta_4^y z \\ s_z(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^N \gamma_i^z \varphi(\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{s_i}\|) + \beta_1^z + \beta_2^z x + \beta_3^z y + \beta_4^z z \end{cases} \quad (1.9)$$

Se la valutazione è richiesta in un dato insieme di punti di valutazione x_e , è possibile costruire una matrice di mappatura diretta in grado di fornire le quantità scalari interpolate nei punti di valutazione come una trasformazione lineare di g_s nei punti source. La matrice di interpolazione, relativa ai punti di valutazione x_e e ai punti di source x_s , è definita:

$$\mathbf{A}_{ij} = \varphi(\mathbf{x}_{e_i} - \mathbf{x}_{s_j}), \quad 1 \leq i \leq N_e, 1 \leq j \leq N_s \quad (1.10)$$

Nel caso di RBF puro, cioè senza il termine polinomiale, lo scalare nei punti di valutazione g_e può essere scritto come funzione lineare dello scalare nei punti di source g_s :

$$g_e = AM^{-1}g_s = Hg_s \quad (1.11)$$

1.5 MorphoJ

MorphoJ è un pacchetto di programmi integrati che consente di eseguire analisi morfometriche geometriche sia per dati 2D che 3D [8].

Le funzionalità attualmente implementate nel programma includono:

- Procrustes Fit per dati 2D e 3D con e senza simmetria di oggetti.
- Importazione / esportazione di set di dati e informazioni supplementari.
- Identificazione di “outliers” (con possibilità di includere / escludere osservazioni e correggere alcuni problemi).
- Generazione di matrici di covarianza (covarianze "standard" e “raggruppate all'interno del gruppo”).
- PCA (Principal Component Analysis).
- Correlazioni tra matrici (inclusa la regolazione automatica per simmetria / asimmetria per configurazioni con simmetria di oggetti).
- Minimi quadrati parziali a due blocchi.
- Regressione (numeri arbitrari di variabili dipendenti e indipendenti, anche raggruppate all'interno della regressione di gruppo, ad esempio per la correzione dell'allometria in più gruppi).
- Valutazione delle ipotesi di modularità.
- Analisi delle variazioni canoniche.
- Analisi discriminante lineare, compresa la convalida incrociata.

- Mappatura delle variabili di forma su una filogenesi e metodi comparativi (ad esempio contrasti indipendenti).
- Varie analisi riguardanti la genetica quantitativa della forma e la selezione per la forma.

Il programma ha un'interfaccia grafica che consente all'utente di avere una panoramica del progetto, dei set di dati importati e generati e delle analisi che sono parte di esso, per rendere più semplice e veloce l'accesso ai risultati delle analisi e fornire informazioni sullo stato del programma e su possibili problemi. [8]

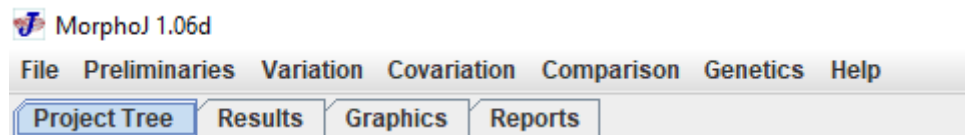


Fig. 1.44 - Interfaccia grafica MorphoJ.

Nella parte superiore della finestra di MorphoJ è ubicata la barra del menù con diverse opzioni: "File", "Preliminaries", "Variation" etc., che sono il mezzo principale per dare istruzioni al programma. Sotto la barra del menù sono visibili quattro schede, denominate:

- "Project Tree", che fornisce una panoramica grafica dell'intero progetto. In essa si visualizzano i set di dati e le analisi del progetto in una struttura gerarchica ad albero. Ogni elemento è contraddistinto da un'icona corrispondente al suo tipo e da un nome.

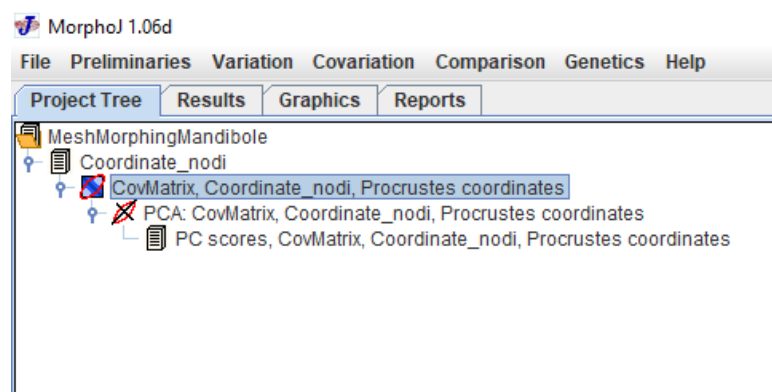


Fig. 1.45 - Esempio Project Tree

- “Results” è un’area che visualizza l’output delle analisi in forma di testo. Ad esempio, le procedure che producono risultati statistici sono stampate in quest’area.
- “Graphics” visualizza l’output grafico delle analisi morfometriche. Gli elementi in questa scheda sono disposti come una o più schede che, a loro volta, possono contenere diversi grafici disposti in più schede. Le varie analisi producono un ampio range di grafici differenti, come il “lollipop graph” che mostra gli spostamenti delle posizioni di punti di riferimento con linee rette. Ogni linea inizia con un ‘palloncino’ nella posizione del punto presa a riferimento nella forma iniziale (spesso una forma media, ecc.). La lunghezza e la direzione della linea indicano il movimento del rispettivo punto di riferimento dalla forma iniziale alla forma target.
- “Reports” è un’area che visualizza il testo con rapporti sullo stato del programma, ad esempio messaggi che confermano la manipolazione dei file e la fine di determinate analisi o messaggi di errore.[8]

1.5.1 Analisi di Procrustes

Dopo aver creato il progetto si procede con l’analisi di Procrustes (dal menù Preliminaries> New Procrustes Fit). La procedura comprende diversi passaggi, tra cui l’allineamento dei campioni relativi al sistema di coordinate per l’output grafico e per i dati con simmetria degli oggetti e l’associazione dei punti di riferimento.[6]

La prima finestra che appare è:

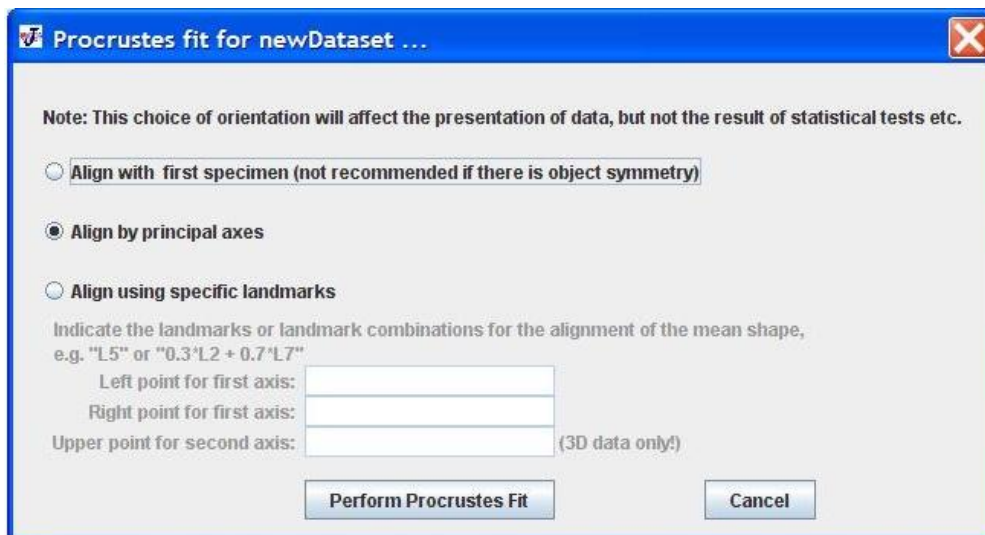


Fig. 1.46 – Creazione Procrustes Fit

Essa richiede informazioni su come le configurazioni debbano essere allineate, cioè come la “media di Procrustes” debba essere allineata rispetto agli assi delle coordinate: le singole osservazioni seguiranno questo orientamento, a seconda della variazione della forma nel set di dati.

Esistono tre metodi di allineamento alternativi: allineamento con il primo campione nel set di dati, allineamento per asse principale della configurazione media e allineamento con punti di riferimento specifici immessi dall'utente.

- Allineamento con il primo campione: è consigliato solo in casi relativamente rari quando il primo esemplare è allineato in un modo specifico dall'utente. In particolare, quando esiste una simmetria dell'oggetto, questo metodo di allineamento non stabilisce alcun riferimento specifico all'asse o al piano di simmetria.
- Allineamento con gli assi principali della configurazione media (metodo predefinito). Il primo asse sarà orientato parallelamente all'asse lungo della configurazione, che di solito fornisce un orientamento ragionevole negli output grafici. Se il set di dati ha una simmetria dell'oggetto, questo stabilirà automaticamente una relazione con l'asse o il piano di simmetria. Per i dati 2D, uno degli assi risultanti è parallelo e l'altro è

perpendicolare all'asse di simmetria. Per i dati 3D, due degli assi saranno paralleli e uno sarà perpendicolare al piano di simmetria.

- Allineamento utilizzando punti di riferimento specifici: fornisce il massimo controllo all'utente nella scelta dell'allineamento esatto. Questa caratteristica è particolarmente utile se gli assi anatomici principali sono disposti ad un angolo obliquo rispetto agli assi principali della configurazione del punto di riferimento (ad esempio, ciò accade spesso con punti di riferimento facciali). [8]

Dopo l'analisi di Procrustes si crea una matrice di covarianza (menù Preliminaries> Generate Covariance Matrix). Le matrici di covarianza sono utilizzate in un'ampia gamma di analisi morfometriche, ad es. analisi delle componenti principali, e sono la base per le applicazioni in genetica quantitativa, lo studio della modularità e dell'integrazione e molti altri concetti. [8]

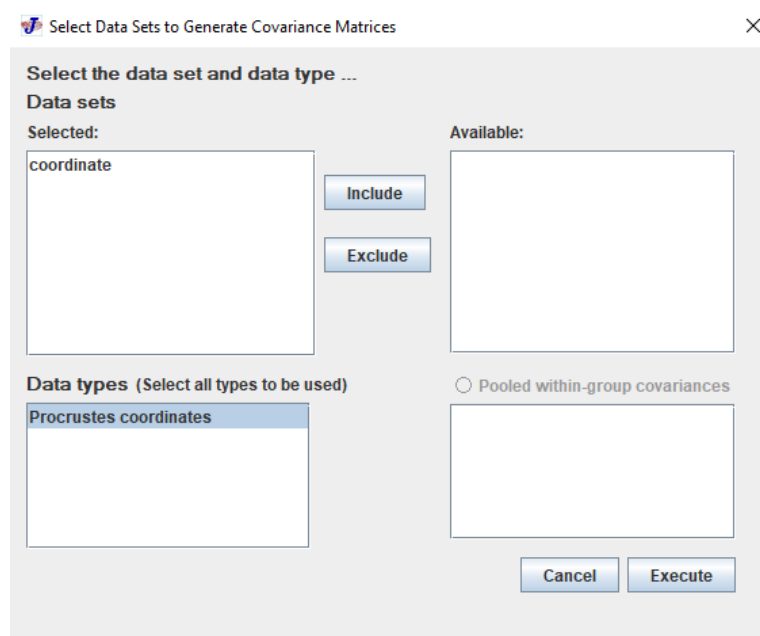


Fig. 1.47 – Creazione matrice di covarianza

MorphoJ può generare matrici di covarianza dal set dei dati di forma dopo la sovrapposizione di Procrustes. Successivamente a questa operazione, si può procedere con l'analisi delle componenti principali (PCA).

1.5.2 Analisi delle componenti principali PCA

L'analisi delle componenti principali (Principal Component Analysis – PCA) è una tecnica statistica che consente di eseguire una trasformazione lineare di un insieme iniziale di variabili in un nuovo insieme di variabili di dimensioni notevolmente inferiori. Tali variabili hanno la caratteristica di essere non correlate e permettono di rappresentare la maggior parte delle informazioni contenute nel set originale; pertanto l'obiettivo dell'analisi è di generare un insieme ridotto di k variabili, denominate appunto componenti principali (PC), di più immediata gestione e comprensione senza perdere le informazioni relative alla descrizione del fenomeno che veniva descritto dalle p variabili di partenza.[9]

Frequentemente i fenomeni che si vogliono descrivere presentano troppo variabili perché queste possano essere utilizzate come variabili indipendenti, intermedie o dipendenti all'interno di un successivo modello statistico. Se tali variabili sono correlate, e, specialmente, se sono fortemente correlate, allora è possibile eseguire una trasformazione lineare delle p variabili correlate nell'insieme ridotto delle k variabili non correlate, in maniera tale che le k variabili così determinate, se considerate come variabili indipendenti, permetteranno di massimizzare la predizione relativa alle p variabili originarie.

Preso in considerazione un vettore di dimensioni $1 \times p$ contenente le variabili originarie del problema in esame:

$$\{x\} = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_p\} \quad (1.12)$$

questo subisce una trasformazione lineare che genera la variabile y (denominata appunto componente principale).

Nella PCA, le componenti principali vengono ordinate basandosi sulla loro variazione, in modo che le prime componenti tengano conto della maggior parte della variazione presente nelle variabili di partenza e quindi che le prime PC abbiano nel complesso il più alto valore possibile della correlazione quadratica multipla con ciascuna delle variabili originarie.[9]

Da un punto di vista geometrico, la prima componente principale (PC1) rappresenta la retta ottenuta dal fitting delle n osservazioni nello spazio a p dimensioni delle variabili. Essa va a minimizzare la somma delle distanze al quadrato delle n osservazioni dalla linea che rappresenta la prima componente principale nello spazio delle variabili.

Secondo questo principio, le prime due componenti principali definiscono un piano ottenuto come il fitting dell'insieme di punti nello spazio p -dimensionale. Equivalentemente, la seconda componente principale (PC2) è la linea ottenuta dal fitting dei residui della PC1.

Le prime tre componenti principali costituiscono, pertanto, un piano a tre dimensioni, chiamato “iperpiano”, e così via.

Se si hanno p variabili, allora non si possono avere più di p componenti principali; eventualmente se ne possono avere un numero inferiore se c'è una dipendenza lineare tra le variabili. Se vengono utilizzate tutte le possibili componenti principali, allora esse sono in grado di definire uno spazio che ha le stesse dimensioni dello spazio delle variabili e dunque tiene conto completamente della variazione contenuta nelle variabili. Ad ogni modo, non c'è alcun vantaggio nel conservare tutte le componenti principali dal momento che si avrebbero tante componenti quante variabili e quindi non si otterrebbe una semplificazione del problema.[9]

Da un punto di vista matematico, la prima componente principale, y_1 , è una combinazione lineare di $x_1, x_2, \dots, x_p$:

$$y_1 = a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1p}x_p = \sum_{i=1}^p a_{1i}x_i \quad (1.13)$$

tale per cui la varianza di y_1 è massimizzata tenendo conto del vincolo che la somma dei pesi al quadrato deve essere uguale ad 1, cioè:

$$\sum_{i=1}^p a_{1i}^2 = 1. \quad (1.14)$$

Se la varianza di y_1 è massimizzata, allora lo sarà anche la somma dei quadrati delle correlazioni di y_1 con le variabili originarie $x_1, x_2, \dots, x_p$, cioè:

$$\sum_{i=1}^p a_{y_1 x_i}^2. \quad (1.15)$$

I pesi a_i sono calcolati massimizzando la variazione della composizione lineare o, in maniera equivalente, massimizzando la somma dei quadrati delle correlazioni delle componenti principali con le variabili originarie.

L'analisi delle componenti principali determina il vettore dei pesi $\{a_{11}, a_{12}, \dots, a_{1p}\}$ ottimale e la varianza associata a y_1 , che solitamente viene indicata come λ_1 . La seconda componente principale y_2 , richiede la determinazione di un secondo vettore dei pesi $\{a_{21}, a_{22}, \dots, a_{2p}\}$ in maniera che considerato y_2 :

$$y_2 = a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2p}x_p = \sum_{i=1}^p a_{2i}x_i \quad (1.16)$$

la sua varianza sia massimizzata secondo il vincolo che essa sia non correlata con la prima componente principale e che $\sum_{i=1}^p a_{2i}^2 = 1$. Ciò comporta che y_2 abbia la seconda più grande somma dei quadrati delle correlazioni con le variabili originarie, o, equivalentemente, le varianze delle componenti principali diventano più piccole procedendo con l'estrazione delle componenti principali.

Le prime due componenti principali insieme hanno la più alta somma possibile dei quadrati delle correlazioni multiple con le p variabili:

$$\sum_{i=1}^p R_{x_i y_1 y_2}^2 \quad (1.17)$$

Questo procedimento può essere portato avanti fino a che non siano state determinate tante componenti quante sono le variabili. Ad ogni modo le prime componenti principali solitamente sono in grado di descrivere la maggior parte della variazione contenuta nelle

variabili e di conseguenza, l'interesse è focalizzato su di esse, benché anche le componenti più piccole possono fornire informazioni circa la struttura dei dati.

I principali dati statistici che emergono dalla PCA sono racchiusi nel vettore dei pesi associato a ciascuna componente principale $\{a_1, a_2, \dots, a_p\}$ e alla associata varianza λ . [9]

L'andamento dei pesi per una specifica PC è utilizzato per interpretare la componente principale stessa e l'ampiezza della varianza delle componenti fornisce una indicazione su quanto bene esse descrivono la variabilità nei dati. La dimensione relativa degli elementi nel vettore delle componenti principali indica il contributo relativo della variabile alla varianza della componente principale, o, allo stesso modo, la quantità relativa di variazione spiegata nelle variabili da parte delle componenti principali. Le correlazioni delle variabili con una particolare componente principale sono proporzionali agli elementi del vettore dei pesi associato; esse possono essere ottenute moltiplicando tutti gli elementi nel vettore dei pesi per la radice quadrata della varianza $\sqrt{\lambda}$ dell'associata componente principale [9].

1.6 Valutazione della bontà di una ricostruzione 3D

Al fine di valutare la bontà della ricostruzione 3D di una mandibola che ha subito il morphing in ambiente ANSYS, è necessario esportarla in 3-Matic per poter eseguire un'analisi di tipo statistico, con l'obiettivo di evidenziare eventuali differenze con la mandibola di riferimento alla quale quella che ha subito il morphing si è adattata.

In 3-Matic c'è una sezione che si occupa dell'analisi dei modelli, che è denominata "Analyze", al cui interno si trova il comando "Create Part Comparison Analysis" (dettaglio icona nella figura 1.47).

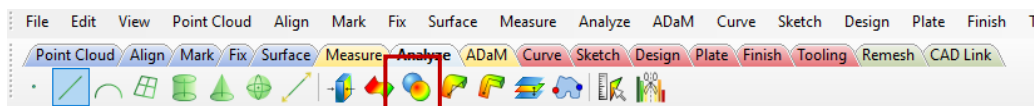


Fig.1.48– Icona “Create Part Comparison Analysis”.

Tale comando esegue un’analisi basata sui punti, il cui risultato è il calcolo di una serie di parametri statistici (vedasi riquadro rosso nella figura 1.44) in cui sono riportati:

- il tipo di analisi svolta.
- il valore massimo e il valore minimo trovato nell’analisi.
- i valori Q1-Median-Q3 che rappresentano rispettivamente l'intervallo interquartile, una misura della dispersione statistica dell'analisi.
- la media ponderata che tiene conto della dimensione del triangolo della mesh, la deviazione standard e il RMS (Root Mean Square)[4].

Come già accennato, il programma fornisce un istogramma che dà una panoramica globale dei risultati dell'analisi.

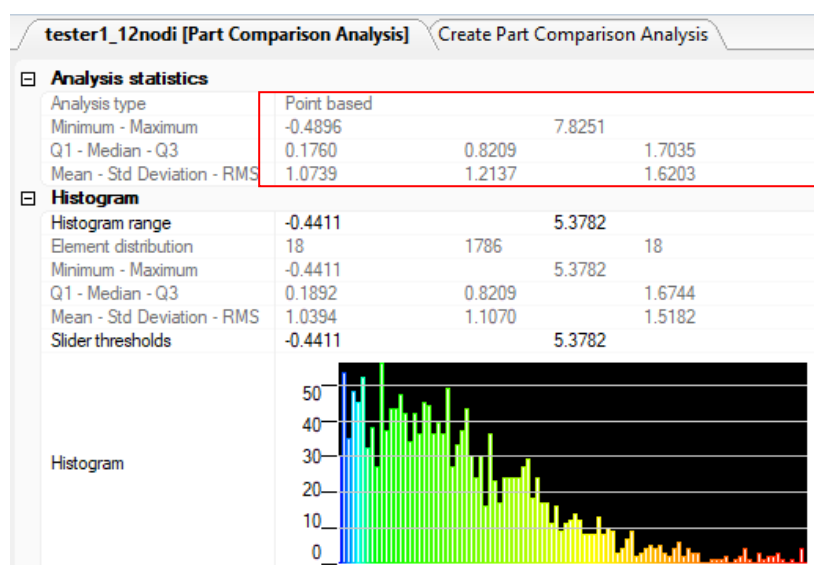


Fig. 1.49 – Output generato dall’analisi statistica di confronto tra le mandibole

La proiezione dei risultati direttamente sulla geometria dipende dai valori che vengono assegnati ai parametri che caratterizzano l’istogramma:

- Valore di soglia minimo dell’istogramma: al di sotto di questo valore, se la soglia è negativa tutti i triangoli sono colorati in blu, mentre sono in verde se la soglia è

positiva. Il valore di soglia minimo può essere modificato, trascinando il cursore corrispondente o specificando un nuovo valore.

- Valore di soglia massimo dell'istogramma: al di sopra di esso, tutti i triangoli dell'istogramma sono colorati in rosso (o verde se questa soglia è negativa). Anche questo valore di soglia massimo può essere modificato, trascinando il cursore corrispondente o specificando un nuovo valore.
- Tra i valori di soglia minimo e massimo, la colorazione viene interpolata dal blu (o verde) al rosso (o verde), in base ai valori dell'analisi.
- Range dell'istogramma: i valori riportati rappresentano l'intervallo dell'istogramma; di default il range va dal 1° percentile al 99° percentile della distribuzione del risultato dell'analisi.
- Element Distribution:
 - a. Primo valore: rappresenta il numero di elementi (punti o triangoli) che si trovano al di sotto del limite inferiore dell'intervallo dell'istogramma.
 - b. Secondo valore: rappresenta il numero di elementi (punti o triangoli) situabili all'interno dell'intervallo dell'istogramma (inclusi i valori limite) e quindi rappresentano l'istogramma.
 - c. Terzo valore: rappresenta il numero di elementi (punti o triangoli) che oltrepassano il limite superiore dell'intervallo dell'istogramma.
- Slider Thresholds: definiscono le posizioni (valore minimo o valore massimo) del cursore nell'istogramma. Possono essere modificati trascinando i cursori nell'istogramma.

Inoltre, viene generata una barra dei colori, accanto all'immagine della mandibola, costruita sulla base dell'istogramma, e che pertanto viene aggiornata ogni volta che si modificano i parametri dell'istogramma.

I parametri di ingresso del comando sono la geometria da analizzare (Entity) e la geometria con cui confrontarla (Target Entity), nel nostro caso la mandibola morfata e la mandibola di riferimento rispettivamente. Il metodo impiegato per l'analisi è "signed"; con questa opzione si considera sia la deviazione negativa che quella positiva. [4]

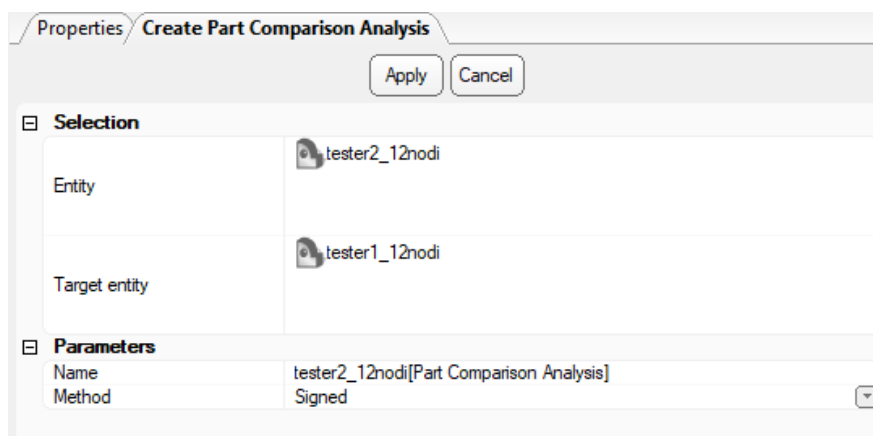


Fig. 1.50– Parametri di “Create Part Comparison Analysis”.

L'analisi è stata svolta per ogni risultato del mesh morphing, quindi al variare del numero di nodi che, di volta in volta, sono stati presi in considerazione.

CAPITOLO 2

Risultati

2.1 Morphing con punti anatomici

2.1.1 Esecuzione del morphing

La prima operazione da compiere è relativa all'apertura di ANSYS Workbench e all'installazione dell'estensione RBF-Morph, selezionando ACT start-page>Manage Extension e cliccando su RBF-Morph. L'icona che diventa verde segnala che l'estensione è attiva (figura 2.1).

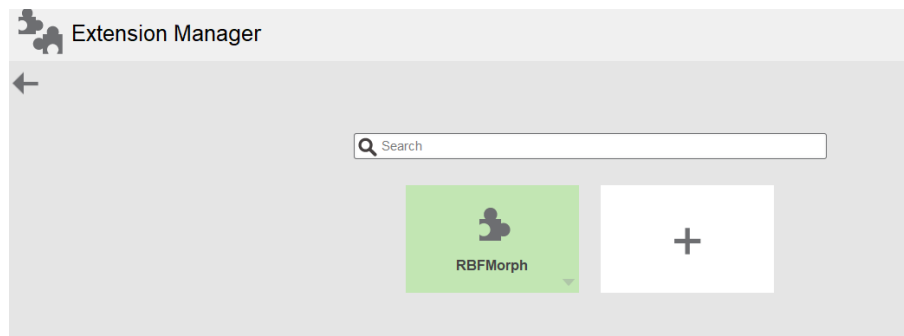


Fig.2.1- ACT-start page (estensione RBF Morph attiva)

Una volta chiusa l'ACT start page, dal Toolbox posizionato a sinistra del foglio di Workbench si seleziona "External Model".

External Model permette di importare mesh solide o di superficie all'interno del foglio di Workbench. Queste mesh possono essere importate direttamente nell'applicazione "Mechanical". Quando lo si usa in questo modo, la geometria è sintetizzata automaticamente dalla mesh specificata e viene resa disponibile all'interno di Mechanical. [10]

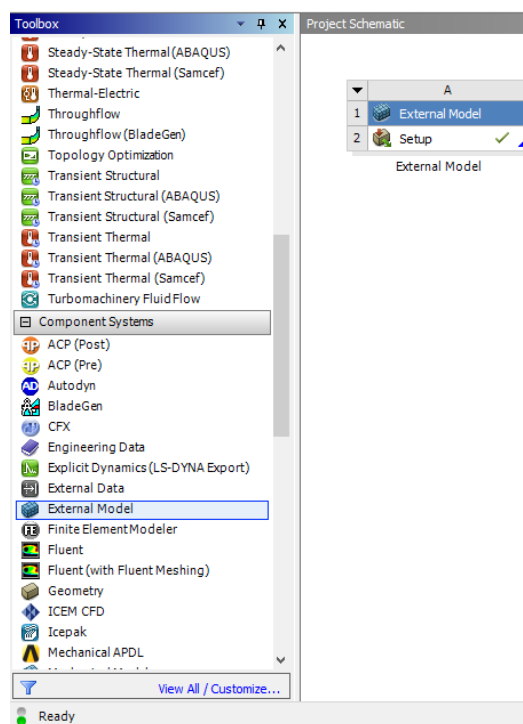


Fig.2.2 – External Model

Cliccando con il tasto destro del mouse su Setup e selezionando Edit, appare una schermata in cui, nel caso in esame, vengono inseriti i quattro file “.cdb” ricavati da 3-Matic. La figura 2.3 rappresenta ciò che si ottiene una volta importati i file. Le unità di misura si possono vedere selezionando un file e guardando le sue proprietà (dettaglio in rosso).

Outline of Schematic A2 : External Model				
	A	B	C	D
1	Data Source	Location	Identifier	Description
2	C:\Users\jokag\Desktop\Politecnico\TESI Lo Cascio\PROVE_ANSYS\TESTER1_TESTER2\Tester1_Tester2\Tester1.cdb	...	File1	
3	C:\Users\jokag\Desktop\Politecnico\TESI Lo Cascio\PROVE_ANSYS\TESTER1_TESTER2\Tester1_Tester2\Tester2.cdb	...	File2	
4	C:\Users\jokag\Desktop\Politecnico\TESI Lo Cascio\PROVE_ANSYS\TESTER1_TESTER2\Tester1_Tester2\Box1.cdb	...	File3	
5	C:\Users\jokag\Desktop\Politecnico\TESI Lo Cascio\PROVE_ANSYS\TESTER1_TESTER2\Tester1_Tester2\Box2.cdb	...	File4	
*	Click here to add a file	...		

Properties of File - C:\Users\jokag\Desktop\Politecnico\TESI Lo Cascio\PROVE_ANSYS\TESTER1_TESTER2\Tester1_Tester2\Box2.cdb			
	A	B	C
1	Property	Value	Unit
2	Description		
3	Application Source	MAPDL	
4	Definition		
5	Unit System	Metric (kg,mm,s,°C,mA,N,mV)	
6	Process Nodal Components	☒	
7	Nodal Component Key		
8	Process Element Components	☒	
9	Element Component Key		
10	Process Model Data	☒	
11	Node And Element Renumbering Method	Automatic	

Fig.2.3- Setup External Model

Si ritorna, quindi, alla pagina principale e si inserisce il blocco “Modal”; si collega il suo “model” con il “setup” dell’External Model. Con il tasto destro su Setup si seleziona Update, cosicché tutti file presenti nel modello esterno vengono importati su Modal.

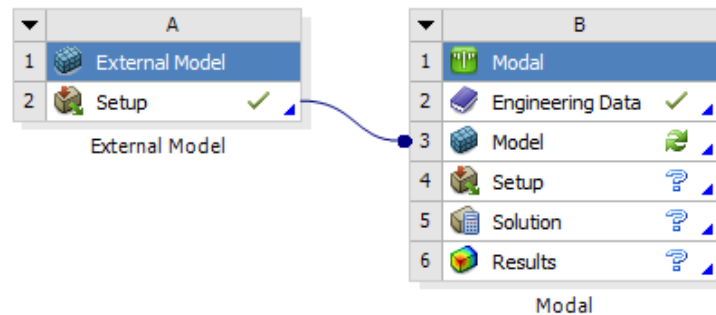


Fig.2.4– Aggiunta di Modal al foglio Workbench

Cliccando due volte il tasto destro su “Model” verrà aperta una nuova pagina (“Mechanical”), dove si potranno visualizzare le mesh dei quattro file e si potranno effettuare le operazioni di morphing.

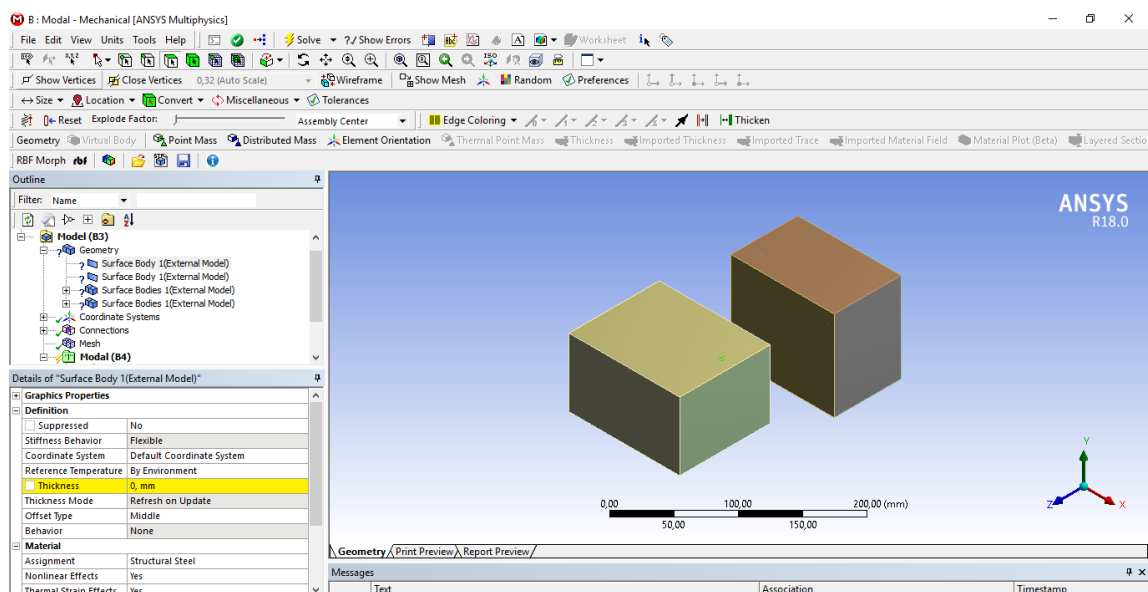


Fig.2.5– Mechanical

Dalla figura si noti come a sinistra è presente un albero con tutte le componenti del progetto, tra cui “geometry”, la quale raggruppa tutte le geometrie importate dall’external model, cioè le due mandibole e i relativi box.

La prima operazione da compiere nel momento in cui si apre la pagina “Mechanical” è quella di inserire i valori di “thickness” per tutte le geometrie. Nel caso in esame, si è scelto 1 mm per le mandibole e 0,5 mm per ogni faccia del cubo. Una volta inseriti i valori, l’albero di progetto assume l’aspetto di figura 2.6:

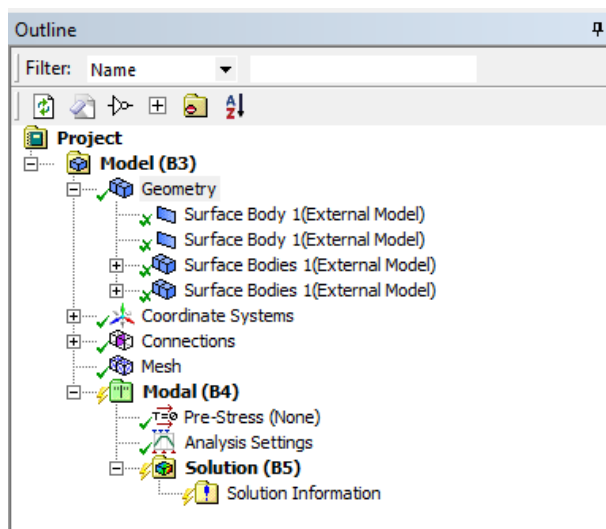


Fig.2.6 – Aspetto dell’albero di progetto dopo aver inserito i valori di spessore

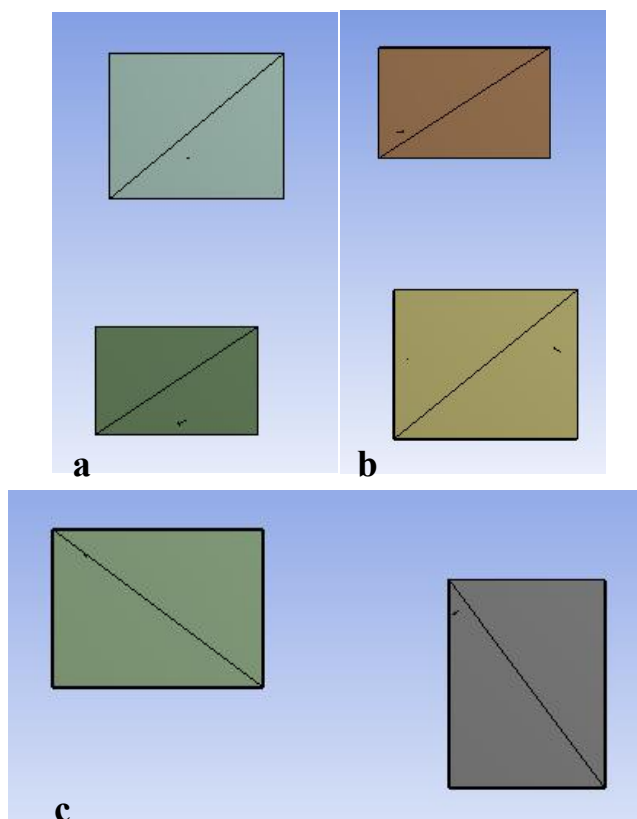


Fig.2.7 – Viste dei box: a) dal basso, b) dall’alto, c) laterale destra.

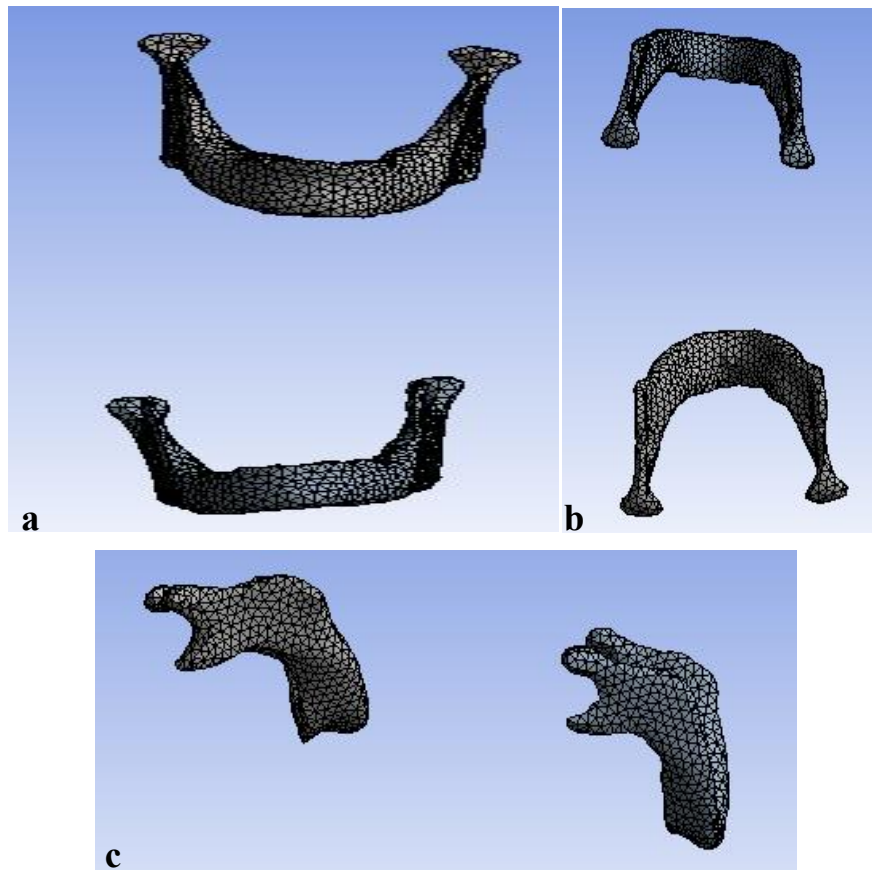


Fig.2.7 bis – Viste delle mandibole: a) dal basso, b) dall'alto, c) laterale destra.

Per fare il primo morphing, dal quale ci si attende sia una sovrapposizione delle mandibole che una prima deformazione di una delle due, occorre creare un insieme di punti di riferimento, che in Workbench prendono il nome di “Named Selection”. Queste variabili possono essere definite sia tramite elementi legati alla geometria dei corpi (vertici, spigoli) sia tramite elementi relativi alla mesh (nodi, elementi). Per realizzare la prima parte dell'operazione di morphing, è stata creata una named selection per ogni vertice del cubo (in totale 16). Digitando N si apre una finestra (figura 2.8) dove si può inserire il nome dell'oggetto selezionato e si procede al salvataggio della variabile.

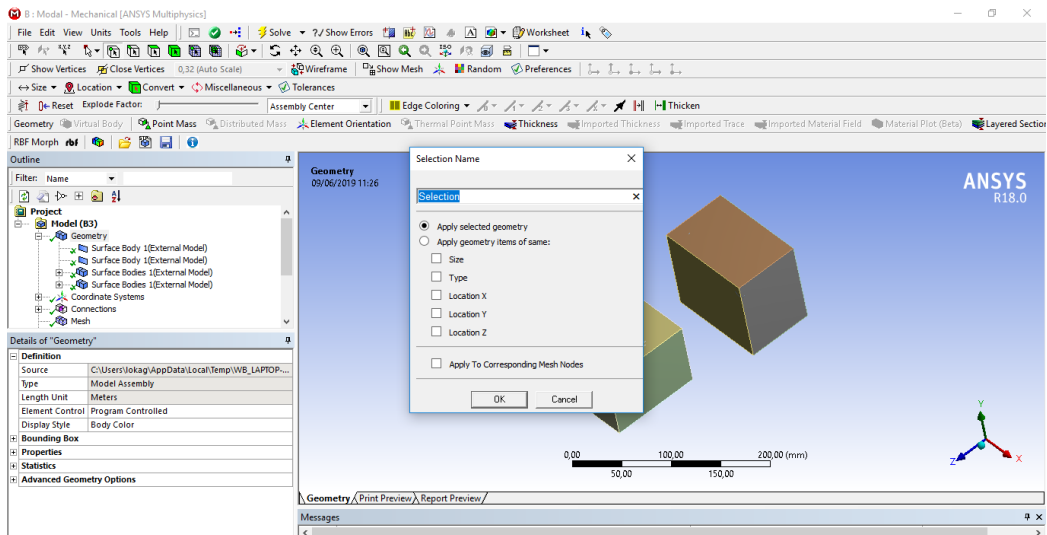


Fig. 2.8– Creazione Named Selection

È importante stabilire un ordine con il quale si selezionano i vertici del primo box e rispettare lo stesso ordine per l'altro, perché è essenziale che i vertici che si trovano nella stessa posizione sulle due geometrie abbiano lo stesso nome (per esempio vertex1box1 e vertex1box2). Questo accorgimento risulta utile per la successiva fase di morphing.

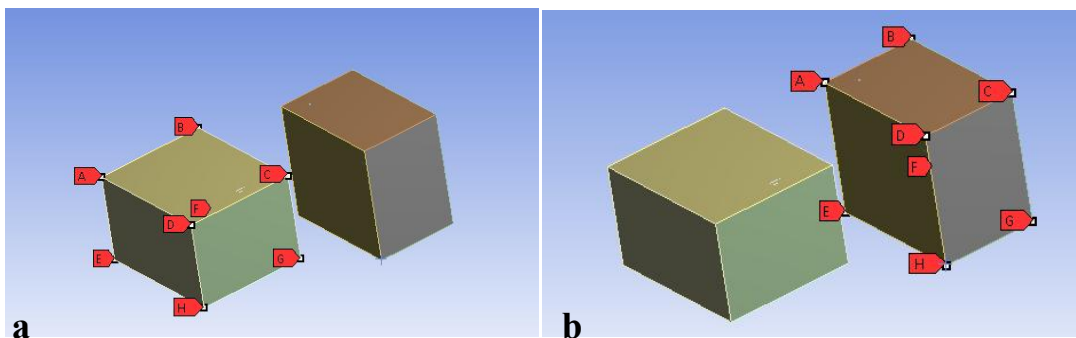


Fig.2.9 – a) Vertici del primo box (tester1); b) Vertici del secondo box (tester2)

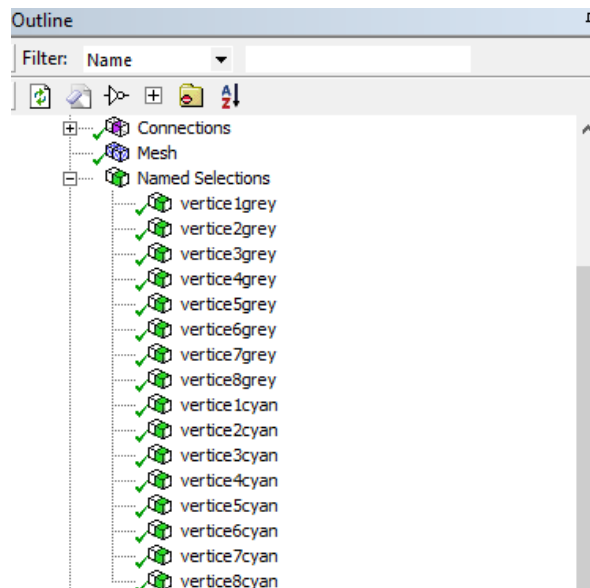


Fig. 2.10 – Named Selections

Una volta create tutte le named selections, si procede con la prima fase del mesh morphing. Cliccando sull'icona “RBF” si attiva il toolbox e appariranno nell'albero di progetto due nuovi rami: RBF Morph Set Up e RBF Morph Update (figura 2.11). Nel primo si specificano le trasformazioni che si vogliono imporre alla geometria, mentre il secondo è il solutore e ad esso pertanto compete l'attuazione delle trasformazioni specificate.

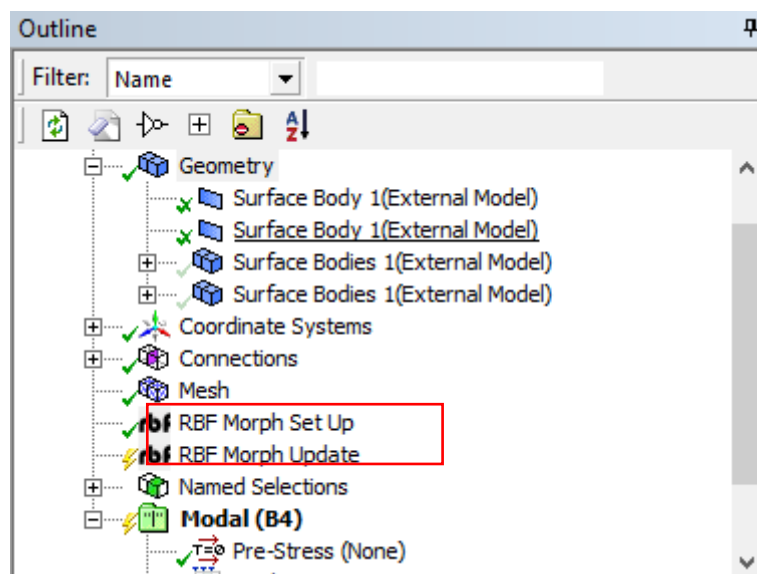


Fig. 2.11– Dettaglio RBF Morph Set Up e RBF Morph Update.

A questo punto si clicca con il tasto destro su RBF Morph e si seleziona “Add RBF Target”; questa operazione genera un sotto-elemento, che viene denominato “genitore”. Si seleziona la geometria che costituirà il target del morphing e che in questo caso coincide con tutta la mandibola grigia (ovvero quella che subisce il morphing).

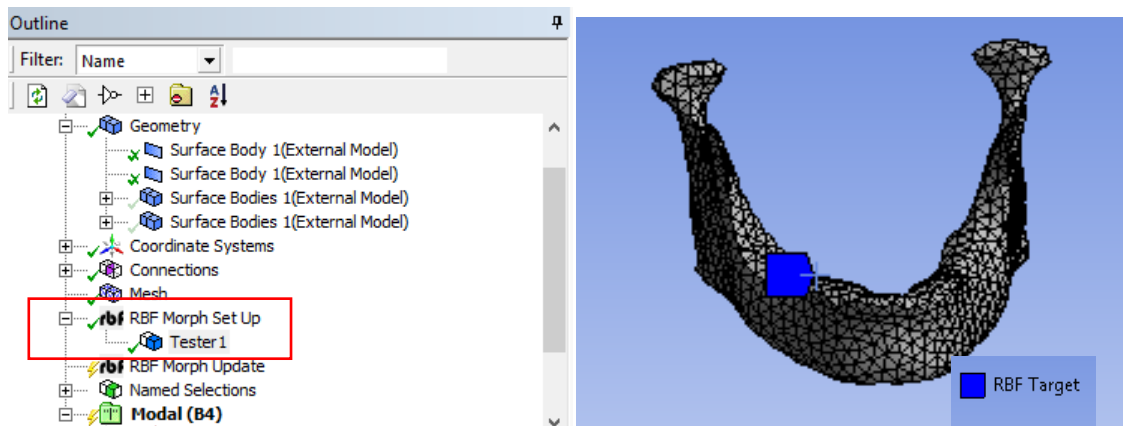


Fig. 2.12 – Aggiunta RBF Target

L’obiettivo della prima fase del morphing è adattare la mandibola selezionata come target, all’altra, utilizzando i vertici dei box che abbiamo salvato precedentemente nelle named selections. Pertanto, si aggiunge “RBF source” cliccando con il tasto destro su RBF Target e selezionando “Add RBF Source”, che verrà rinominata “point_target_vertex_n”, dove $n = 1, 2, 3, \dots, 8$. Come risultato di questi passaggi, avremo otto RBF source, ognuna per ogni coppia di vertici. La trasformazione usata è il “Point Target” descritto nella sezione 1.2.2.

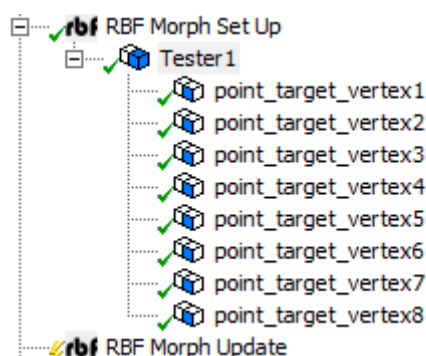


Fig.2.13 – Aggiunta RBF Source

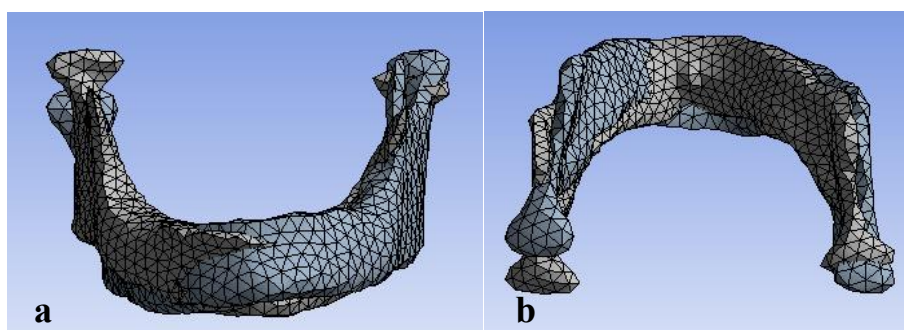
Nel caso in esame, si selezionano i parametri come in figura 2.14 e si ripete la procedura per tutti gli otto RBF source definiti.

Details of "point_target_vertex1"	
Node Selection	
Scoping Method	Named Selection
Named Selection	vertex1_box1
Definition	
Transformation	Point Target
Target Definition	Selection
Scoping Method	Named Selection
Named Selection	vertex1_box2
RBF Function	
Degree	1
Combine Select	
Acting On	Undeformed
If Selected Nodes Overlap	Sum
Coord Filtering	No

Fig.2.14 – Parametri Point Target

Nella sezione “Node Selection” si inserisce il vertice del box appartenente alla mandibola che Target, mentre nella sezione “Definition”, si seleziona il vertice del box dell’altra mandibola, al quale il primo si dovrà adattare. È importante attivare l’opzione “Sum” nella sezione “If Selected Nodes Overlap” in modo che il risultato delle operazioni di morphing eseguite sugli otto point target sia la somma di tutte le trasformazioni che interessano i singoli vertici.

In figura 2.15 si riporta il risultato del mesh morphing.



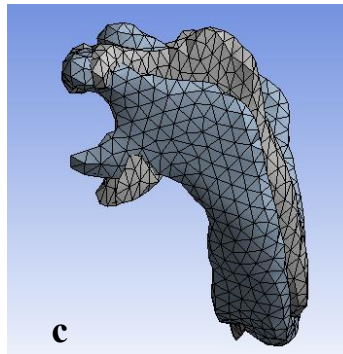


Fig. 2.15 – Risultato primo morphing: a) vista dal basso; b) vista dall’alto; c) vista laterale destra

La mandibola di morphing (Tester 1) si è spostata, sovrapponendosi alla mandibola di riferimento (Tester 2), che non viene modificata. Inoltre si può notare che la prima si è parzialmente deformata, per adattarsi alla seconda.

Tuttavia, per avere un adattamento completo, occorre ripetere lo stesso procedimento, utilizzando nuovamente RBF Morph con la trasformazione “Point Target”, ma coinvolgendo alcuni nodi delle mandibole coincidenti con i punti anatomici di riferimento delle stesse.

Pertanto, si chiude il foglio “Mechanical”, nel quale si stava lavorando e si trascina nel Workbench un altro blocco di lavoro; il modello in ingresso a questo blocco è rappresentato dalla mesh ottenuta in quello precedente(come si vede in figura 2.16). Cliccando con il tasto destro sul Model B, si seleziona Update in modo che tutte le informazioni passino dal Modal B al Modal C.

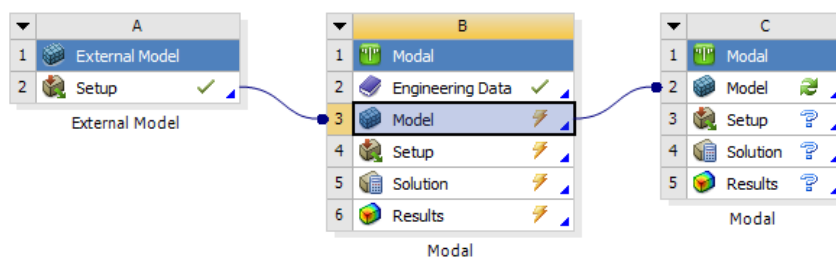


Fig. 2.16– Aggiunta Modal C al Workbench.

Terminato il trasferimento dei dati, si procede aprendo il foglio Mechanical relativo al blocco C all'interno del quale si trovano le due mandibole trasformate.

Per il secondo mesh morphing si devono creare nuove named selections, ognuna delle quali conterrà un unico nodo (landmark) della mandibola.

In questa fase dello studio si è scelto di fare diverse prove, aumentando il numero di nodi che vengono presi per il mesh morphing, confrontando poi i diversi risultati attraverso un'analisi statistica, prendendo in considerazione la media, la deviazione standard e l'errore massimo e l'errore minimo, in modo da stabilire se il numero dei nodi influenzi la bontà della trasformazione. Quello che ci si aspetta teoricamente è che all'aumentare del numero dei nodi aumenti l'accuratezza della trasformazione e che pertanto l'errore medio tra le due mandibole diminuisca.

Per la prima prova si considerano solo 12 nodi della superficie esterna, quindi si creano 24 named selections (12 per ogni mandibola).

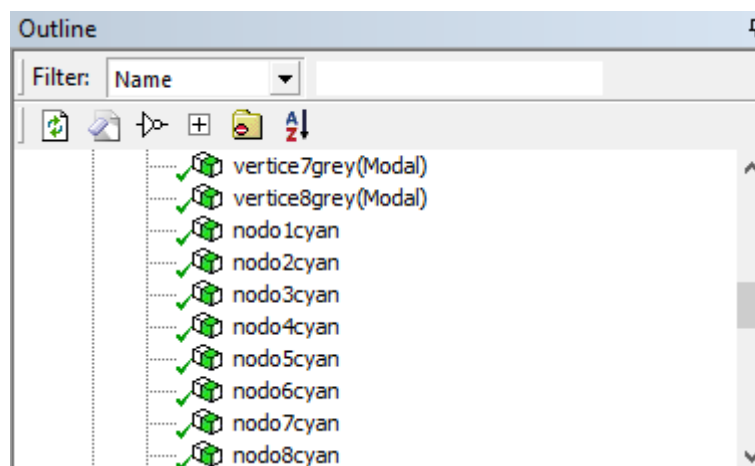


Fig. 2.17 – Named Selection per i nodi

Quando si impostano i parametri del point target, i nodi utilizzati per definire la trasformazione devono ovviamente essere nodi corrispondenti nelle due mandibole. Ad esempio, il nodo 1 può essere preso sul punto più alto del condilo destro sia nella mandibola di riferimento (di colore azzurro) che nella mandibola di morphing (di colore grigio). È utile

nominare i due nodi (quello della mandibola di riferimento e quello della mandibola di morphing) con la stessa numerazione, ma comunque distinguendoli, ad esempio, come “nodo1cyan_cond_dx” e “nodo1grey_cond_dx”.

Se da un lato è importante che i nodi utilizzati nella definizione del morphing siano sempre due nodi corrispondenti agli stessi landmark, dall’altro risulta irrilevante ai fini della modifica della mesh l’ordine con cui vengono applicate le operazioni di point target, come verrà dimostrato nella sezione successiva.

Nelle figure 2.18 e 2.18 bis, sono mostrati i nodi della mandibola di riferimento. Nella mandibola di morphing i nodi si prendono nelle stesse posizioni (per quanto possibile) di quelli della mandibola di riferimento.

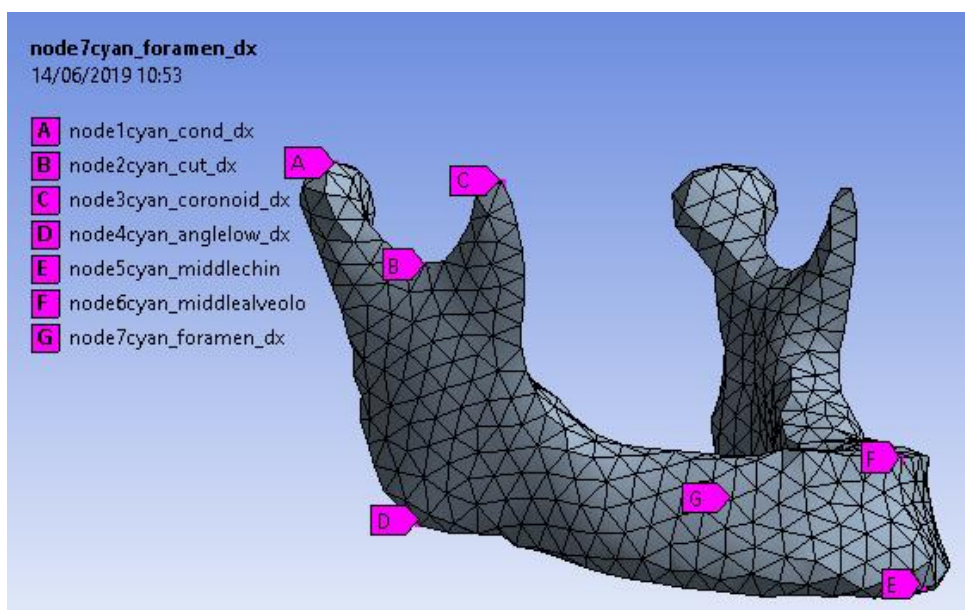


Fig.2.18 – Nodi mandibola di riferimento (parte destra).

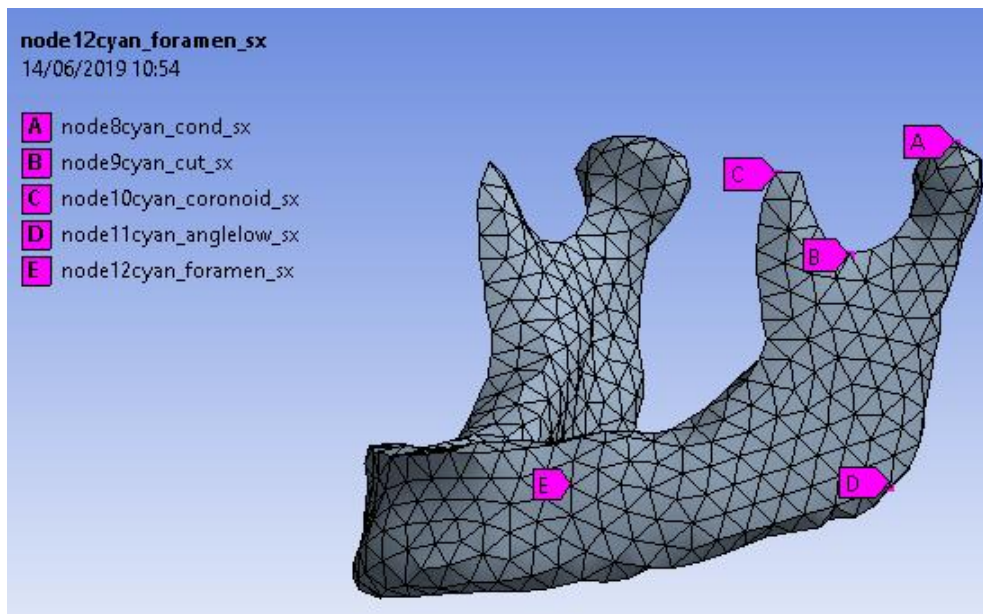


Fig. 2.18 bis – Nodi mandibola di riferimento (parte sinistra).

A questo punto si procede cliccando sull'icona RBF e poi selezionando nell'albero di progetto RBF Morph>Add RBF Target. In questo caso il target della trasformazione sarà lo stesso del primo morphing, ossia tutti i nodi della mandibola azzurra. Quindi si seleziona utilizzando Ctrl+B, come precedentemente indicato. Tuttavia, dato che in questo caso la trasformazione dovrà effettuarsi sulla mandibola deformata, si deve selezionare “deformed” tra i parametri del target.

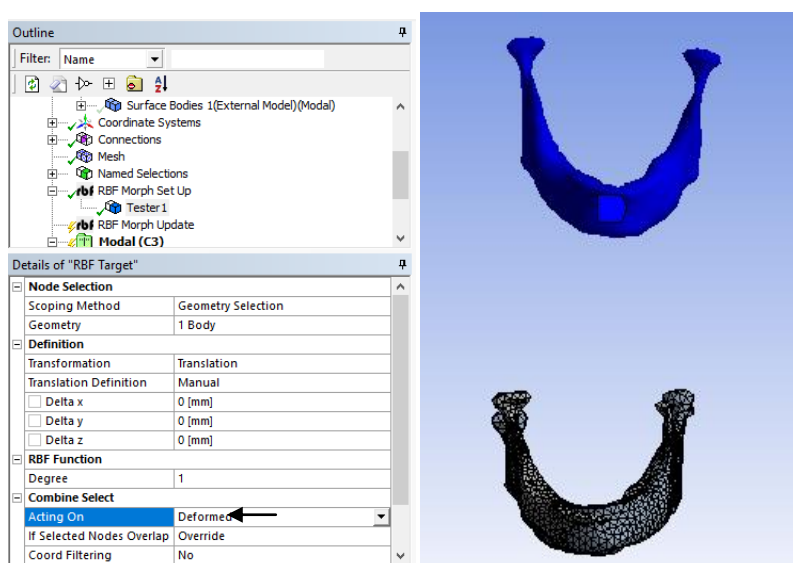


Fig.2.19 – Selezione RBF Target

Fatto ciò, si aggiungono gli RBF Source che saranno 12 e vengono rinominati con “point_target_nodo n ” dove $n=1,2,\dots$. Per ogni RBF Source si impostano i parametri come in figura:

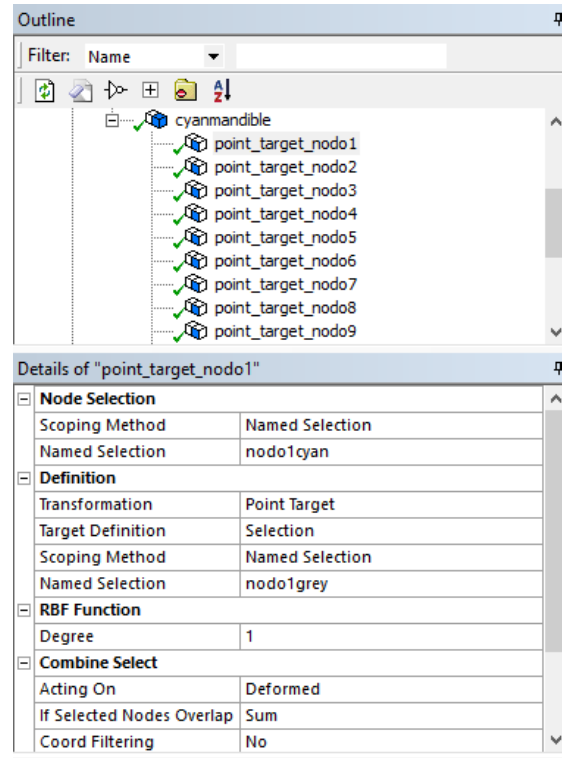


Fig. 2.20 – Point Target nodo 1

Come nel primo morphing, nella sezione “Node Selection” si seleziona il nodo della mandibola che è stata imposta come target e in “Definition” il nodo dell’altra mandibola e l’opzione “Sum” è attivata. L’unica differenza è che, dato che si agisce su mandibole già deformate, si attiva anche l’opzione “Deformed” in “Acting On”.

Il risultato del morphing viene mostrato in figura 2.21 nelle tre viste.

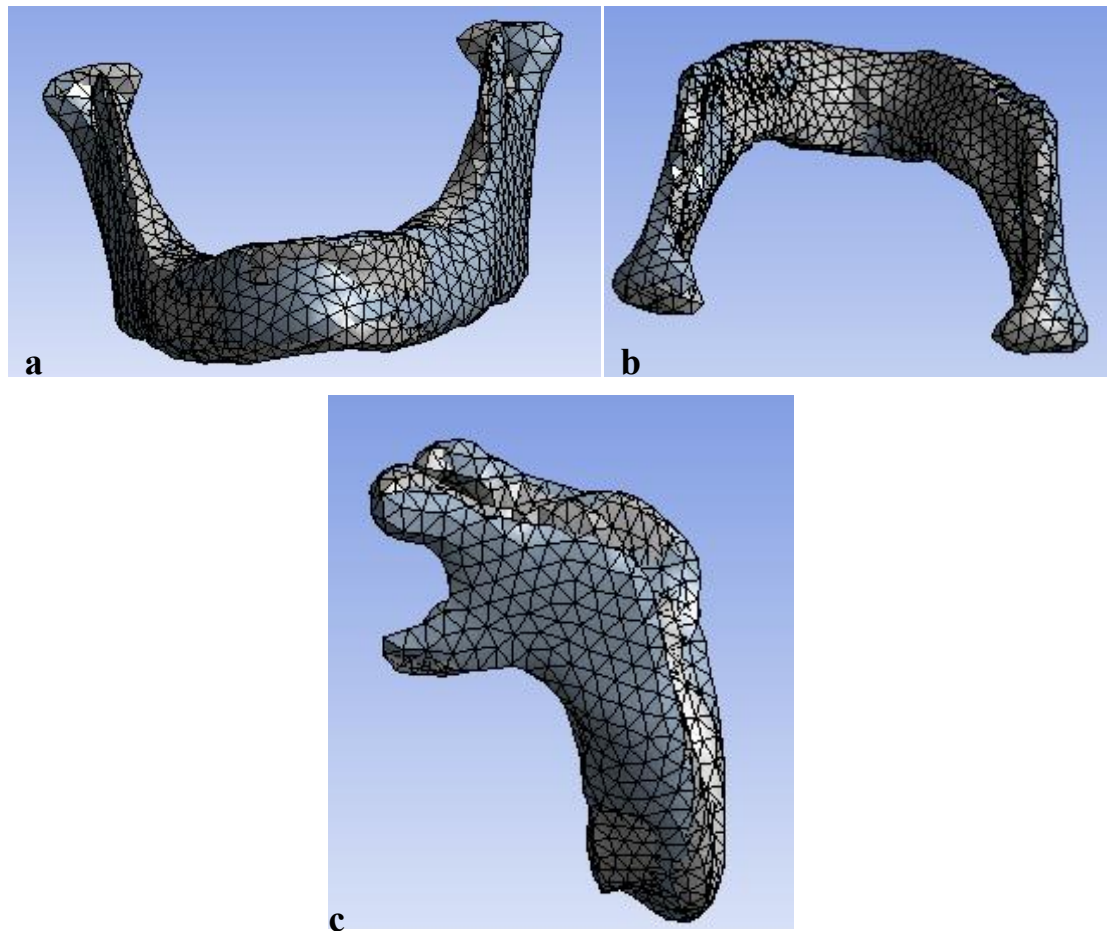


Fig.2.21 – Risultato secondo mesh morphing con 12 nodi: a) vista dal basso; b) vista dall'alto; c) vista laterale destra.

Le due mandibole vengono, quindi, esportate per poter eseguire un'analisi statistica che mette a confronto la mandibola che ha subito il morphing con quella che non ha subito cambiamenti. Quest'analisi stabilisce quanto le due mesh sono simili attraverso dei parametri quali l'errore massimo e minimo, la deviazione standard e il valore medio.

Per esportare le due mandibole si clicca con il tasto destro su “mesh”, presente nell'albero di progetto e poi Export> STL file.

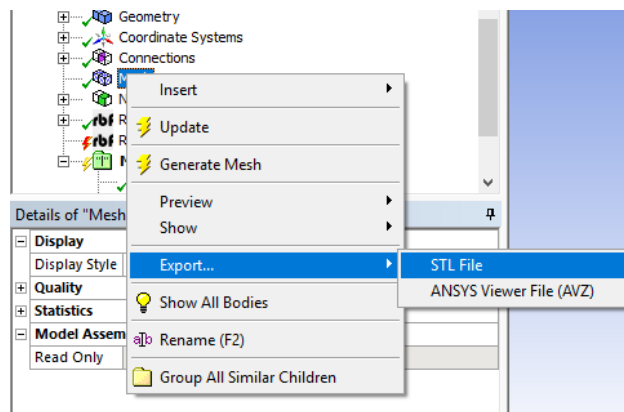


Fig.2.22 – Dettaglio Export

A questo punto, le mandibole da Ansys in formato STL vengono importate in ambiente 3-Matic per effettuare un confronto tramite un'analisi di tipo statistico, al fine di valutare la differenza tra i due modelli.

Per importare le mandibole all'interno dell'ambiente 3-Matic, si seleziona File>Import Part e si cambia l'unità di misura (inizialmente erano selezionati i millimetri “mm”) come nella seguente figura:

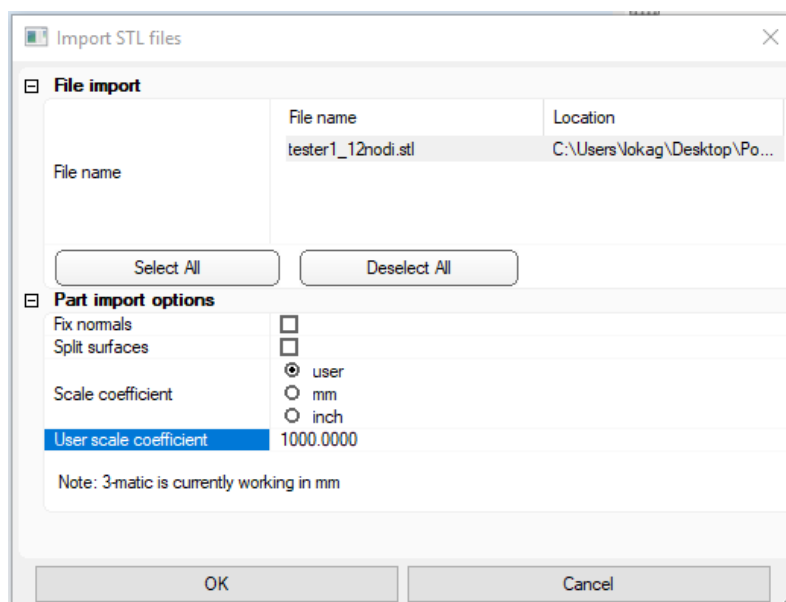


Fig. 2.23 – Import STL file.

Una volta importate entrambe le mandibole la work area dovrebbe avere l'aspetto di figura 2.24:

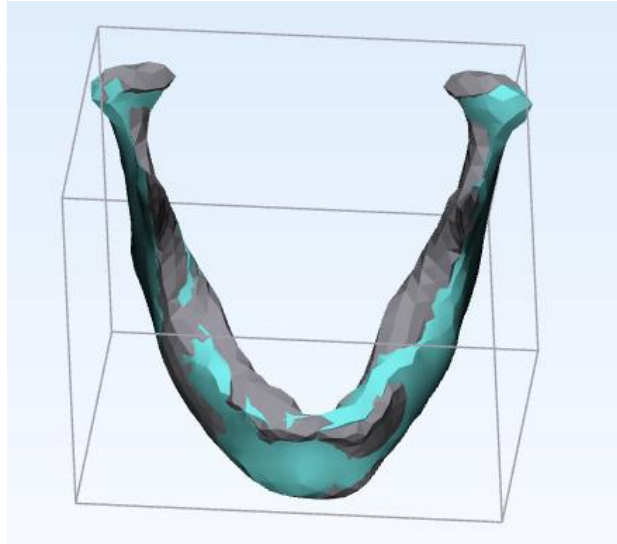


Fig. 2.24 – Work area di 3-Matic: mandibola di riferimento (azzurra), mandibola di morphing (grigia)

Prima di procedere con l’analisi, è utile nascondere la mandibola di riferimento cliccando con il tasto destro sul nome della stessa e selezionando dal menù a tendina “Hide”, in modo che sia più agevole osservare il risultato dell’analisi sulla mandibola di morphing.

L’analisi viene svolta tramite il comando “Create Part Comparison Analysis”, spiegato nel capitolo 1 paragrafo 1.6. Si sceglie la geometria da analizzare (Entity) e la geometria con cui confrontarla (Target Entity), in questo caso, rispettivamente, la mandibola di morphing e la mandibola di riferimento. Il metodo impiegato per l’analisi è “signed”; con questa opzione la deviazione negativa e positiva vengono utilizzate per distinguere tra aree in cui l’entità target si trova all’interno dell’entità selezionata (negativa) e dove l’entità target è esterna all’entità selezionata (positiva).

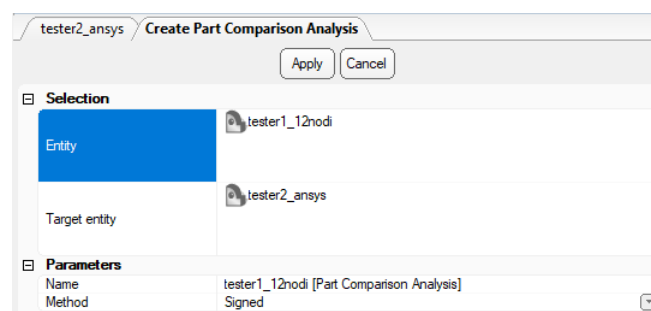


Fig. 2.25 – Parametri di “Create Part Comparison Analysis”.

Il risultato dell'analisi è mostrato nelle figure sottostanti:

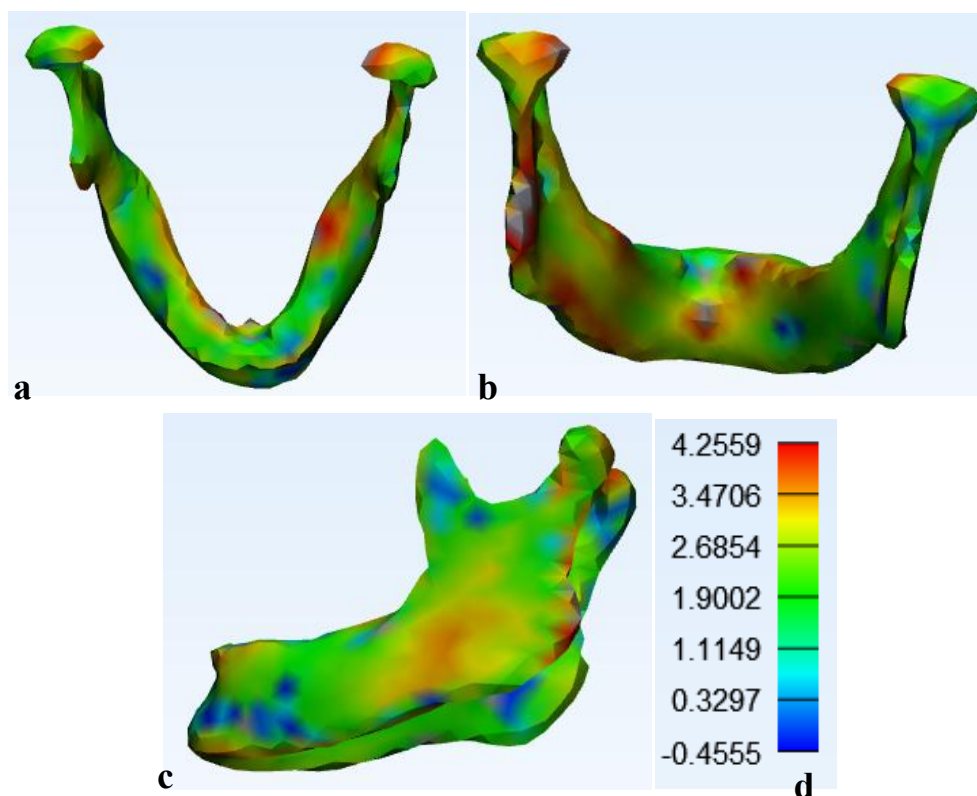


Fig. 2.26 – Risultati analisi statistica: a) vista dall'alto; b) vista posteriore; c) vista laterale destra; d) barra dei colori.

I valori numerici dell'analisi sono riportati in basso a destra della pagina di 3-Matic e in particolare si osservano l'errore massimo, l'errore minimo, la deviazione standard e il valore medio (figura 2.26 bis rettangolo rosso). Gli stessi parametri vengono calcolati sulla base dell'istogramma (rettangolo blu scuro).

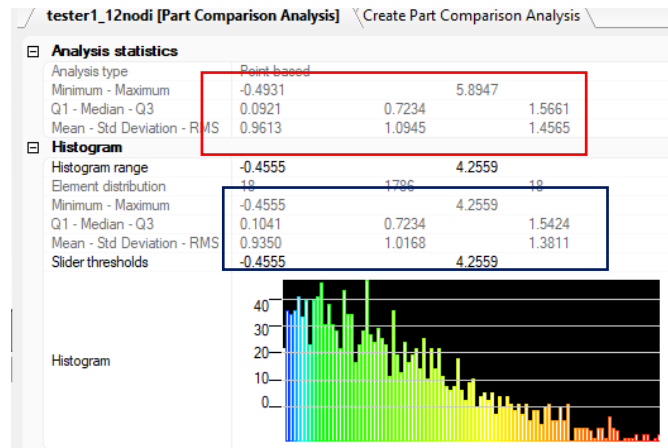
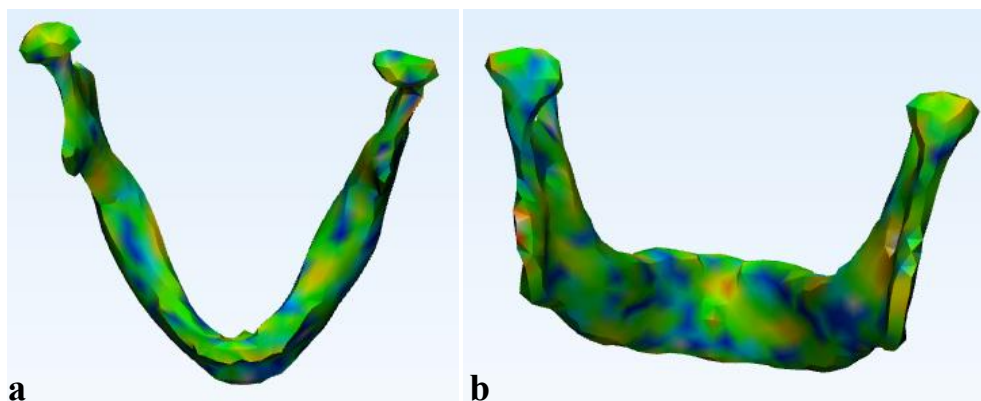


Fig. 2.26 bis – Risultati analisi statistica.

Sulla base della figura 2.26 si procede aggiungendo opportunamente nodi, nelle zone colorate in rosso, dove la distanza tra la mandibola di riferimento e la mandibola di morphing è più grande. Più nodi si aggiungono più le mandibole diventano simili e di conseguenza, diminuirà l'errore massimo, calcolato sulla base dell'istogramma che, auspicabilmente, si vuole al di sotto dei 2 mm. Le operazioni si svolgono esattamente come mostrato nel paragrafo precedente e ad ogni prova si esporterà solo la mandibola di morphing (perché quella di riferimento rimane sempre uguale) e la si confronterà nuovamente per avere conferma che l'errore massimo stia diminuendo.

In particolare, per l'esempio che si sta presentando ci sono voluti ben 56 nodi con un errore massimo di 1,98 mm.



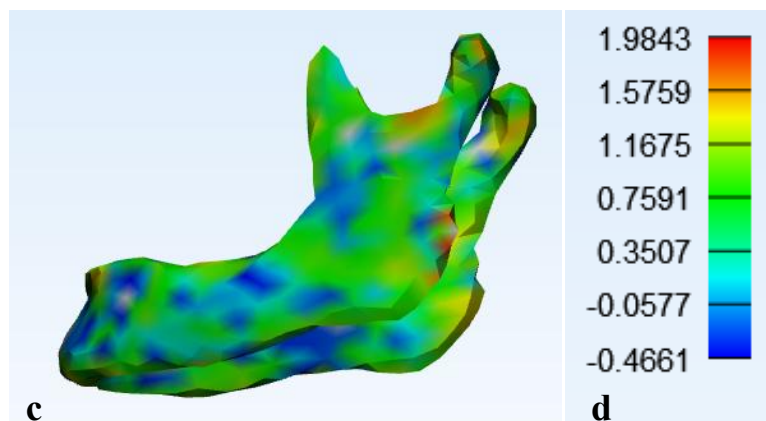


Fig. 2.27 – Risultati analisi statistica con 56 nodi di morphing: a) vista dall'alto; b) vista posteriore; c) vista laterale destra; d) barra dei colori.

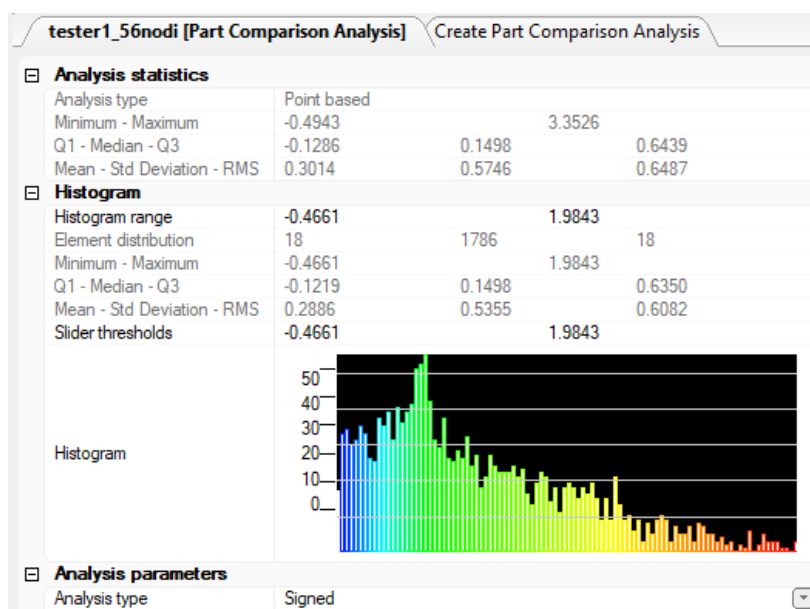


Fig. 2.27 bis – Risultati analisi statistica con 56 nodi di morphing.

PROVE MESH MORPHING

Numero Nodi	Errore massimo mm (istogramma)
12	4,26
13	4,24
15	3,74
17	3,61
18	3,59
27	2,61
34	2,39
40	2,37
49	2,24
54	2,35
56	1,98

Tab. 2.2 – Prove mesh morphing Tester1 – Tester2

2.1.2 Verifica dell'impatto dell'ordine di morphing

Al fine di valutare se l'ordine con cui vengono selezionati i nodi per il morphing influenzi il morphing stesso, cioè se si ottiene un match migliore tra le due mandibole a seconda dell'ordine che si prende, sono state svolte diverse prove nelle quali l'ordine di selezione dei nodi è molto differente.

La prima prova è quella svolta nel paragrafo precedente, quindi si faccia riferimento ai valori riportati nella tabella 2.2 e all'ordine di selezione rappresentato nelle figure 2.28 e 2.28 bis.

Per la seconda prova la figura 2.28 mostra l'ordine dei nodi (si segua l'ordine alfabetico):

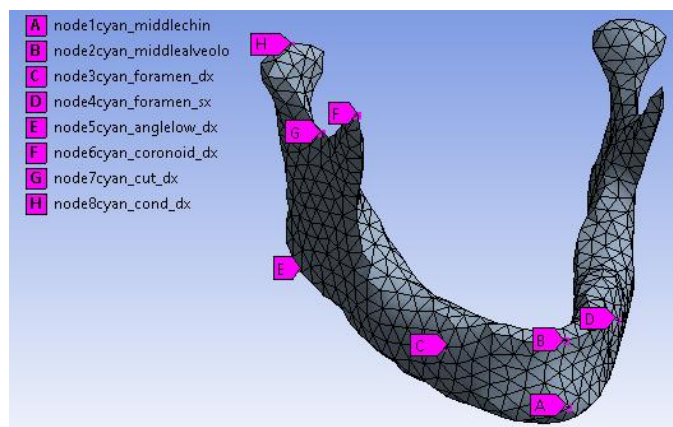


Fig. 2.28 – Ordine di selezione dei nodi.

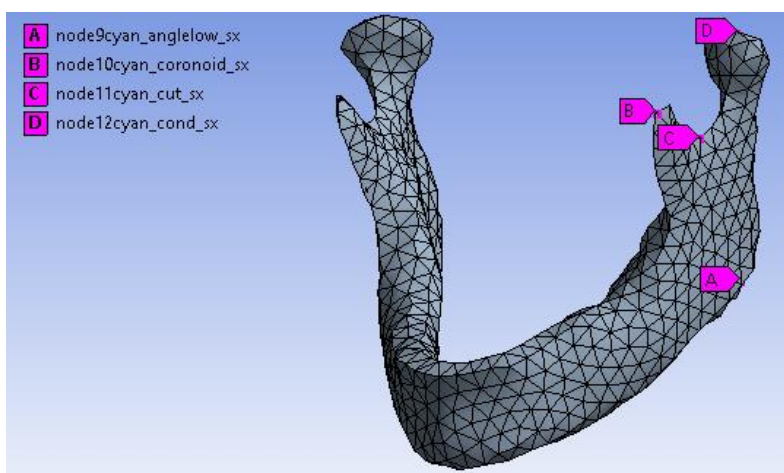


Fig.2.28bis – Ordine di selezione

Una volta svolte le operazioni di morphing, la mandibola morfata viene esportata in 3 – Matic e si procede con l'analisi statistica i cui risultati sono mostrati nella tabella 2.3. Si noti che i valori sono differiscono di poco e questa piccola diversità è dovuta, verosimilmente, all'utente che ha selezionato i nodi manualmente e non all'ordine di selezione.

Un'ulteriore prova è illustrata dalle figure 2.29 e 2.29 bis e i risultati dell'analisi sono riportati nella tabella 2.3. L'ordine alfabetico nelle due figure sottostanti rappresenta l'ordine con il quale i nodi sono stati selezionati.

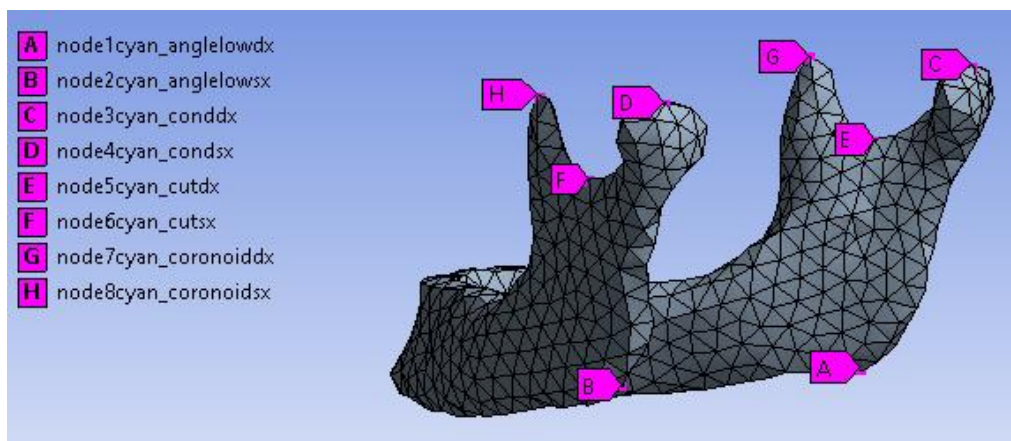


Fig. 2.29 – Terza prova.

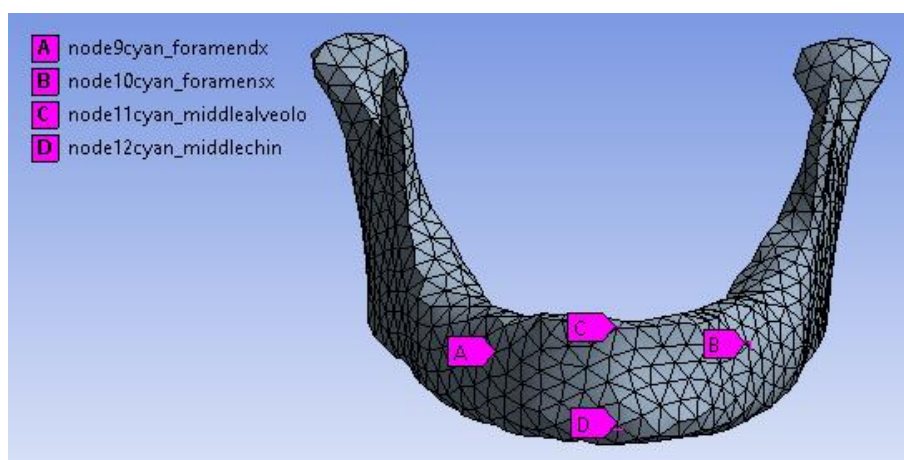


Fig.2.29 bis – Terza prova

Anche in questo caso la differenza rispetto alle prove precedenti è minima. Per comodità sono state riportate solo alcune delle prove, ma che l'ordine di selezione non abbia impatto sul mesh morphing si vede abbastanza chiaramente.

SECONDA	PROVA	TERZA	PROVA
Numero Nodi	Errore massimo mm (istogramma)	Numero Nodi	Errore massimo mm (istogramma)
12	4,29	12	4,61
13	4,08	13	4,46
15	3,85	15	3,96
17	3,10	17	3,81
18	3,09	18	3,25

Tab. 2.3 – Risultati analisi per la seconda e la terza prova.

2.2 Studio dei modi di deformazione delle mandibole

2.2.1 Creazione di mesh congruenti su 15 mandibole differenti

L'obiettivo principale del presente lavoro è lo studio dei modi di deformarsi della mandibola tramite l'applicazione del mesh morphing e della PCA. Dai risultati di queste tecniche si vuole determinare la relazione tra le componenti principali e le caratteristiche dell'osso mandibolare, in modo da riuscire a definire un metodo per la generazione della geometria tridimensionale della stessa. L'utilizzo del mesh morphing ha consentito di realizzare per ciascuna delle 15 mandibole un mesh iso-topologica; ciò è stato ottenuto effettuando 14 mesh morphing, tramite il procedimento descritto nel paragrafo 2.1.

Seguendo tale approccio si è eseguito il morphing scegliendo per ogni mandibola un numero elevato di nodi che consentisse di raggiungere un errore massimo tra la mandibola di riferimento e la mandibola su cui essa doveva adattarsi, inferiore a 2 mm.

L'analisi è stata svolta su un totale di 17 mandibole: 1 mandibola di riferimento che di volta in volta ha subito il morphing e 16 mandibole su cui questa è stata adattata. Di seguito, si presentano alcuni esempi del mesh morphing.

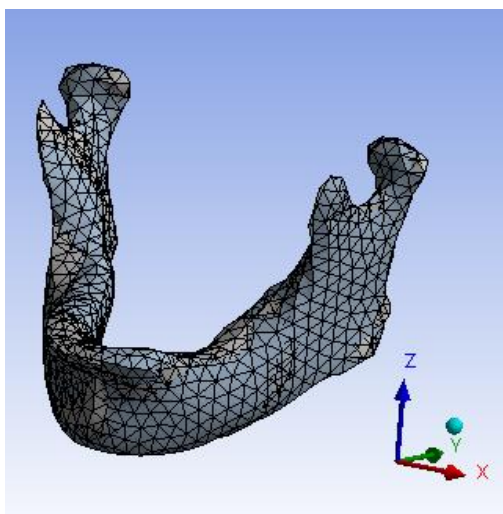


Fig.2.30 – Esempio mesh morphing: mandibola morfata (grigia Tester 1), mandibola di riferimento (azzurra Tester 6)

Nella figura 2.30 la mandibola grigia è la mandibola da adattare alle altre, ed appartiene ad un uomo di 80 anni, mentre la mandibola azzurra che è il riferimento appartiene ad una donna di 89 anni. Per poter morfare la mandibola grigia ottenendo un errore massimo di 2 mm rispetto a quella azzurra, sono stati utilizzati in totale 48 nodi e l’analisi risultante è mostrata dalla figura 2.31:

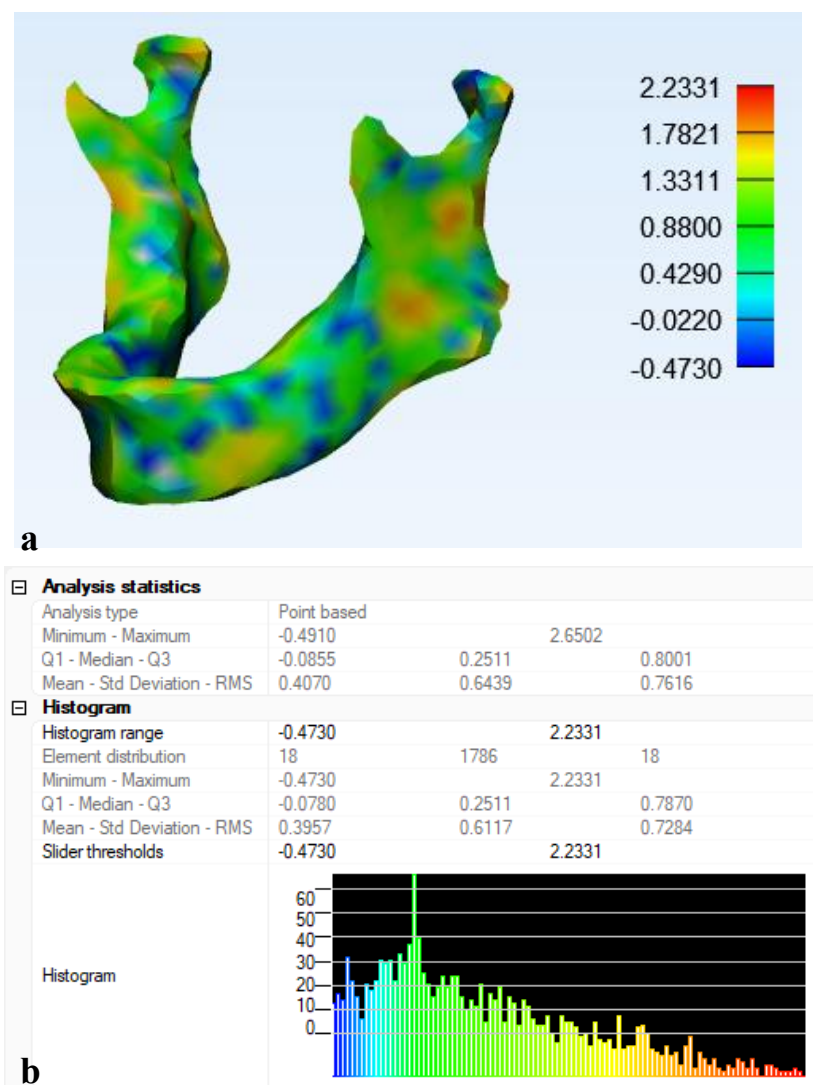


Fig. 2.31 – Analisi statistica Tester1 – Tester6: a) diagramma a colori, b) istogramma con valori numerici

Come si può notare l’errore massimo non è sotto i 2 mm, però dal diagramma a colori si evince che le parti rosse (ovvero quelle riferite all’errore massimo) sono pochissime e la

maggior parte dei punti si trova al di sotto dell'area gialla (all'incirca 1,5 mm), pertanto esso è stato ritenuto accettabile.

Un altro esempio è presentato in figura 2.32 e in questo il Tester 1 viene morfato per adattarsi alla mandibola del Tester 13 (uomo 52 anni).

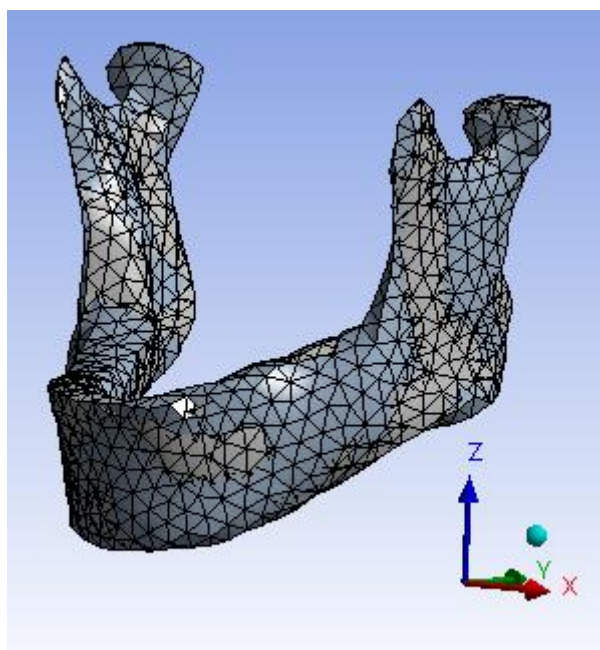
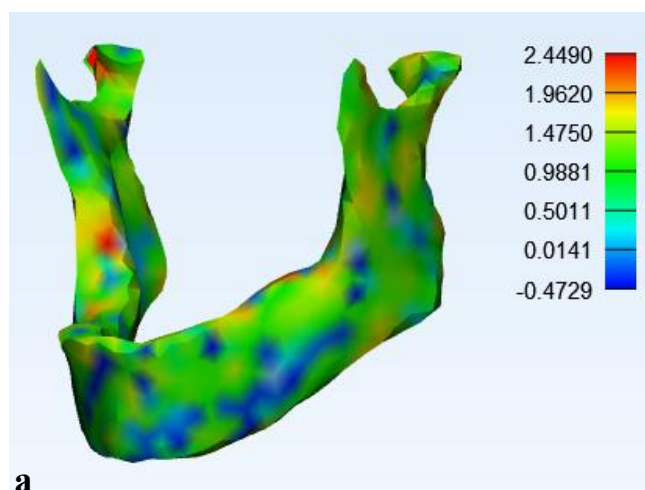


Fig. 2.32 – Mesh Morphing Tester1 – Tester13



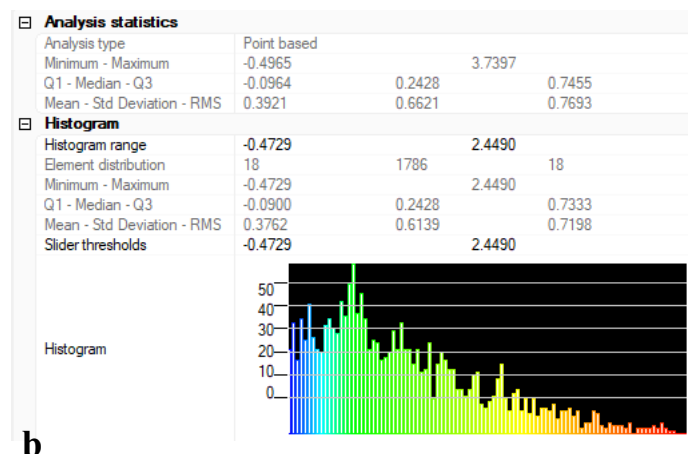


Fig. 2.33 – Analisi statistica Tester1 – Tester13: a) diagramma a colori, b) istogramma con valori numerici

Anche in questo caso un numero limitato punti presenta un errore massimo superiore a 2 mm, mentre la maggior parte dei punti si trova al di sotto della banda gialla (1,5 mm circa) e quindi non è necessario aggiungere nodi per migliorare l'adattamento.

Di seguito si riporta una tabella contenente tutte le prove effettuate e il numero di nodi utilizzato affinché il Tester 1 si adattasse ad ogni tester di riferimento.

Tester riferimento	Numero di nodi totali per il mesh morphing
Tester 2	56
Tester 3	51
Tester 4	56
Tester 5	48
Tester 6	48
Tester 7	56
Tester 8	60
Tester 9	50
Tester 10	49
Tester 11	54
Tester 12	42
Tester 13	58

Tester 14	46
Tester 15	48
Tester 16	53
Tester17	48

Tab. 2.4 – Numero totale di nodi per ogni tester

Il risultato di questa operazione di morphing è dunque stato quello di avere a disposizione 17 mesh isotopologiche associate alle 17 geometrie delle mandibole. Di queste 17 mandibole, 2 sono state escluse dalla successiva analisi delle componenti principali e utilizzate come mandibole per la verifica del metodo implementato.

Le coordinate dei nodi delle 15 mandibole rimanenti sono state date estratte e tramite una routine Matlab sono state riordinate all'interno di un file testo, in modo da poter essere poi importate all'interno del programma MorphoJ. Dato che la mandibola morfata risulta caratterizzata da 911 nodi, si avranno 911 x 15 coordinate (x,y,z) all'interno del file testo unico.

2.2.2 Studio dei modi di deformarsi delle mandibole

Per studiare i modi di deformazione delle mandibole si è svolta un'analisi delle componenti principali all'interno del programma MorphoJ. Essa consente di calcolare le componenti principali e di determinare le modalità di deformazione di queste rispetto alla 'mandibola media'.

Inizialmente si apre un nuovo progetto selezionando "New Project" dal menù e si inseriscono le caratteristiche di questo progetto nella finestra che si apre (si veda fig.2.34).

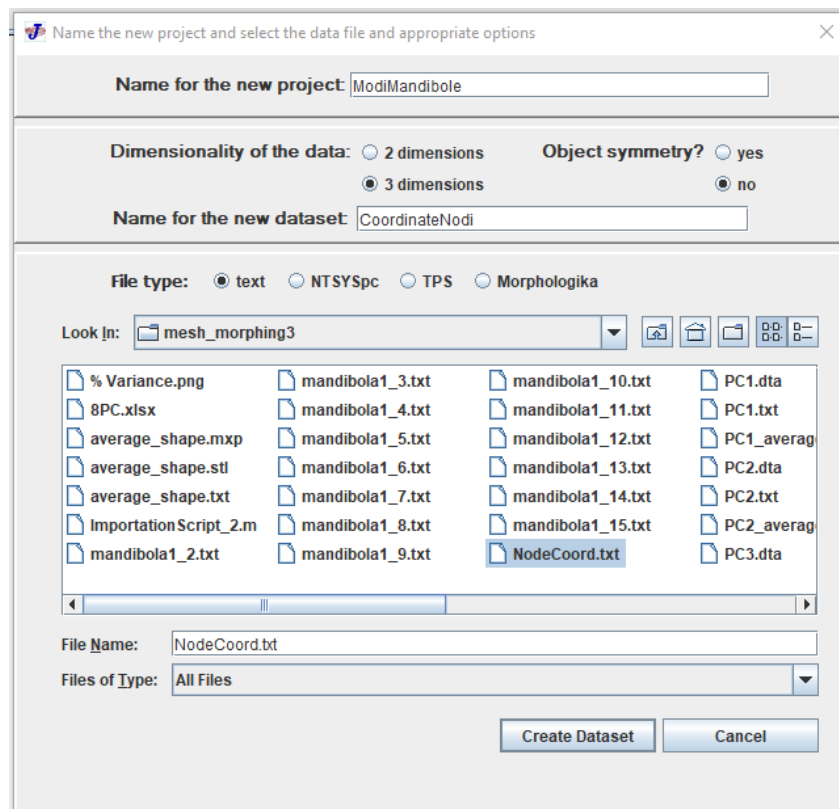


Fig.2.34 –Creazione nuovo progetto.

Si inserisce il nome del progetto, la dimensione dei dati (se 2D o 3D), se l’oggetto possiede una simmetria e il percorso del file testo dove sono contenute le coordinate dei nodi.

Cliccando su Create Dataset, l’albero di progetto (nella finestra Project Tree) assume l’aspetto di figura 2.35:

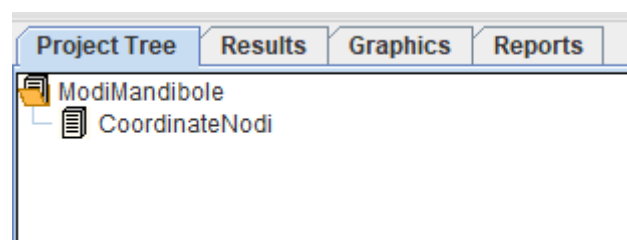


Fig. 2.35 – Project Tree dopo creazione del dataset

A questo punto si seleziona ‘CoordinateNodi’ dall’albero di progetto e dal menù Preliminaries si clicca su New Procrustes Fit (del quale si è parlato nel primo capitolo) e si lascia l’opzione “Align by principal axes”.

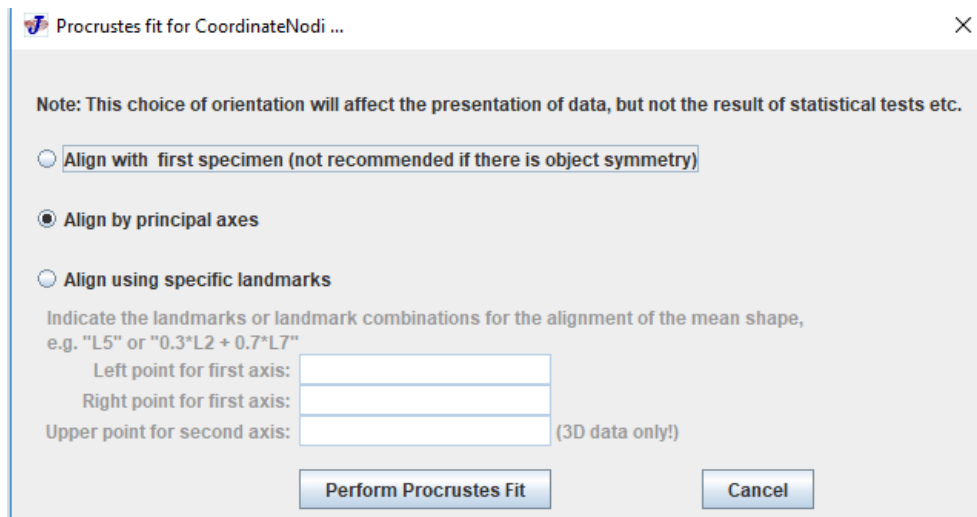


Fig. 2.36 – Opzione New Procrustes Fit

Tale operazione consente (come già accennato nel capitolo 1) l'allineamento delle 15 mandibole presenti nel file testo secondo gli assi principali, e il risultato, riportato sia come output di testo che come output grafico, è "l'average shape", ovvero una forma media rappresentativa delle 15 mandibole. In particolare, nella finestra "Results" (figura 2.37) vengono riportate le coordinate dei nodi di questa "average shape", mentre nella finestra Graphics si può osservare la stessa in forma grafica in 3 viste. Il grafico è di tipo a "dispersion", infatti, come si vede dalla figura 2.37bis, i punti blu rappresentano le coordinate dei nodi mentre i puntini grigi rappresentano la deviazione dai punti blu, in rosso è riportato anche il numero del nodo.

Project Tree Results Graphics Reports			
New Procrustes fit: Dataset 'CoordinateNodi'			
911 landmarks in 3 dimensions. The dataset contains 14 observations, of which 14 are included for analyses.			
Average shape:			
Lmk.	Axis 1 (x)	Axis 2 (y)	Axis 3 (z)
1	0,01449712	-0,03088567	-0,00379901
2	0,01253614	-0,03226005	-0,00260422
3	0,01045707	-0,03379894	-0,00147316
4	0,01296122	-0,03425614	-0,00008721
5	0,00580194	-0,03581533	-0,00058630
6	0,01502680	-0,03245511	-0,00122715
7	0,00821010	-0,03637029	0,00094565
8	0,01612058	-0,02900126	-0,00473669
9	0,00803386	-0,03424121	-0,00130435
10	0,00317336	-0,03539890	-0,00126274
11	0,01062036	-0,03564614	0,00124493
12	0,01664168	-0,03044533	-0,00225245
13	0,00049676	-0,03482979	-0,00182498
14	-0,00234434	-0,03503683	-0,00204953
15	-0,00059707	-0,03666517	0,00021592
16	0,01685440	-0,02656725	-0,00604754
17	0,00224464	-0,03690632	0,00136970

Fig.2.37 – Dettaglio Procrustes Fit nella finestra Results

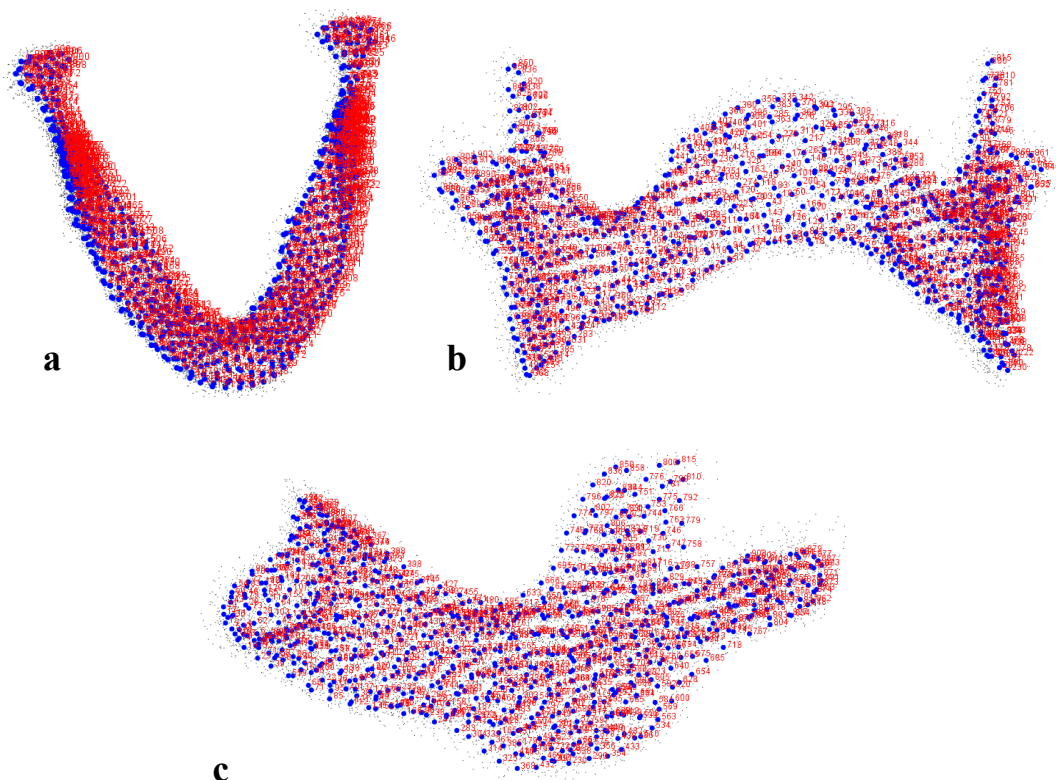


Fig. 2.37 bis –Average shape nelle 3 viste: a) dall'alto, b) posteriore, c) laterale destra

Dopo di ciò si ritorna all'albero di progetto e dal menù "Preliminaries" si seleziona "Generate Covariance Matrix" per creare la matrice di covarianza che sarà la base per l'analisi delle componenti principali. Si aprirà, dunque una finestra, dove si selezionano le entità che faranno parte della matrice di covarianza, in questo caso, le coordinate dei nodi e le coordinate di Procrustes.

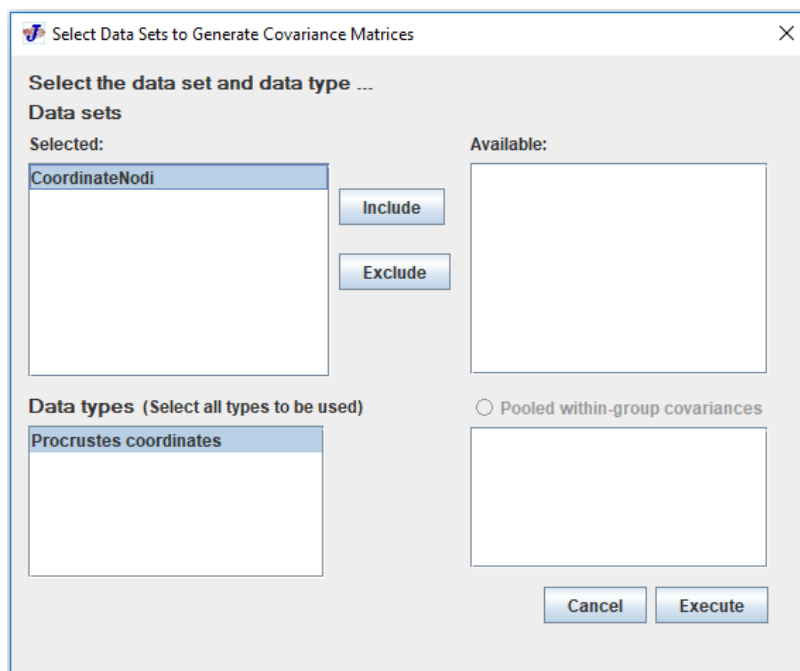


Fig.2.38 – Creazione della matrice di covarianza

Cliccando "Execute", l'albero di progetto si aggiorna:

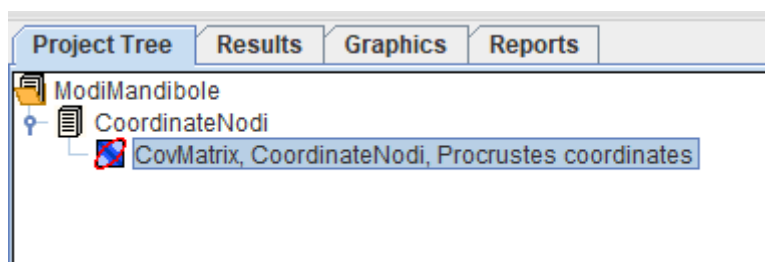


Fig. 2.39 – Dettaglio albero di progetto dopo la creazione della matrice di covarianza

L'icona, selezionata in blu, rappresenta la matrice di covarianza appena creata. Tenendola selezionata, si procede all'esecuzione della PCA tramite il menù Variation>Principal Component Analysis.

I risultati di questa analisi sono di seguito presentati:

	Eigenvalues	% Variance	Cumulative %
1.	0,00112982	26,947	26,947
2.	0,00080749	19,259	46,207
3.	0,00053402	12,737	58,943
4.	0,00031590	7,535	66,478
5.	0,00030174	7,197	73,675
6.	0,00024641	5,877	79,552
7.	0,00019776	4,717	84,268
8.	0,00016021	3,821	88,090
9.	0,00014237	3,396	91,485
10.	0,00012562	2,996	94,481
11.	0,00008293	1,978	96,459
12.	0,00007481	1,784	98,243
13.	0,00007365	1,757	100,000

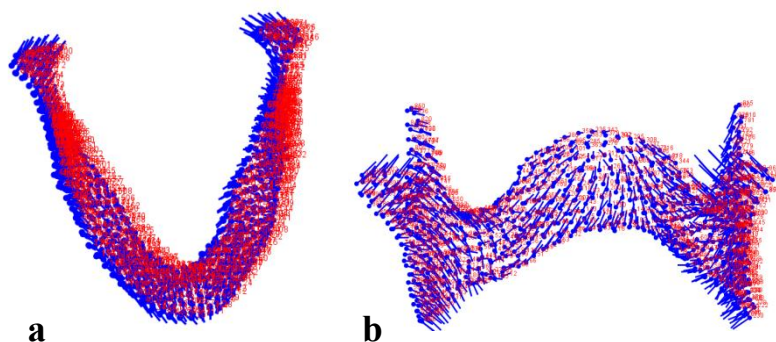
Fig. 2.40 – Risultati PCA

Nella figura 2.40 si presenta il risultato della PCA. Le componenti principali risultanti sono 13, e per ognuna è rappresentato l'autovalore, la relativa varianza e la varianza cumulativa. Si noti che, come previsto, sono le prime tre componenti ad avere la varianza più alta.

Tra i risultati si trovano anche i coefficienti di ogni PC nelle coordinate x,y,z.

La PCA restituisce anche 3 grafici di cui:

- il primo è un “lollipop graph” dove sono rappresentate le PC. In figura si vede la PC1, ma cliccando con il tasto destro si può scegliere da un menù quale PC rappresentare tramite l'opzione “Choose PC to display”, e anche la vista che si preferisce attraverso l'opzione “Choose axis to display”. Nel lollipop graph i punti rappresentano le coordinate dei punti mentre le stecche rappresentano la deviazione dai punti, ovvero, le deformazioni che i punti possono subire[8].



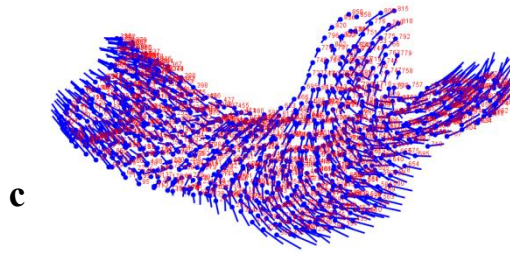


Fig.2.41 – PC1 nelle tre viste: a) dall’alto, b) posteriore, c) laterale destra.

- Il secondo grafico è un istogramma dove è rappresentata la varianza associata a ciascuna PC (asse delle ascisse).[8]

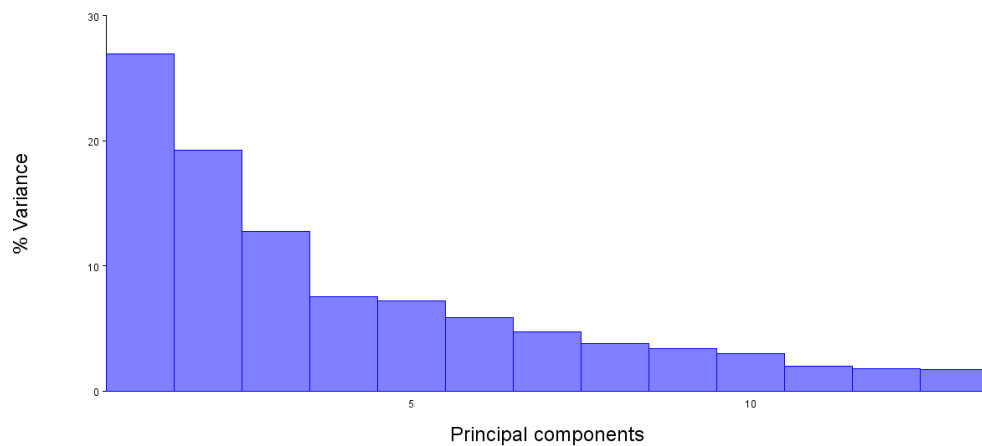


Fig.2.42 – Varianza in funzione delle componenti principali

- Il terzo grafico mette in relazione i coefficienti delle componenti principali tra loro e anche in questo caso si possono cambiare le componenti rappresentate tramite tasto destro e opzione “Choose Principal component for the Horizontal/Vertical axis”[8].

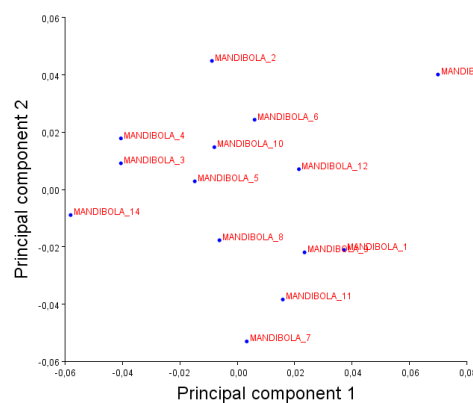


Fig. 2.43 – Grafico che mette in relazione le PC tra di loro

Per ridurre il numero di componenti principali si è fissato un valore di varianza di riferimento dell'85%; tale valore è assicurato considerando le prime 8 PC. Pertanto le matrici di punti associate ad esse sono state esportate ed utilizzate per le successive analisi.

Nel grafico mostrato in figura 2.41 con il tasto destro si seleziona l'opzione "Export Coordinate" e il programma restituisce all'interno di un file testo sia le coordinate della average shape che le coordinate della PC selezionata separate da uno spazio, che vengono poi salvate come due file di testo diversi (uno contiene le coordinate dell'average shape e l'altro quelle della PC). Quindi si hanno 9 file testo (8 PC + average shape) che vengono importati in ambiente 3-Matic.

Si importa il file testo come nuvola di punti e attraverso l'opzione Point Cloud> Create Mesh si crea, appunto, una mesh di questi punti così da poter visualizzare il tipo di trasformazione che caratterizza ogni componente principale.

Per poter visualizzare meglio la trasformazione si mette a confronto l'average shape con ognuna delle 8 PC, come mostrato in figura 2.44, dove il confronto è definito per la PC1:

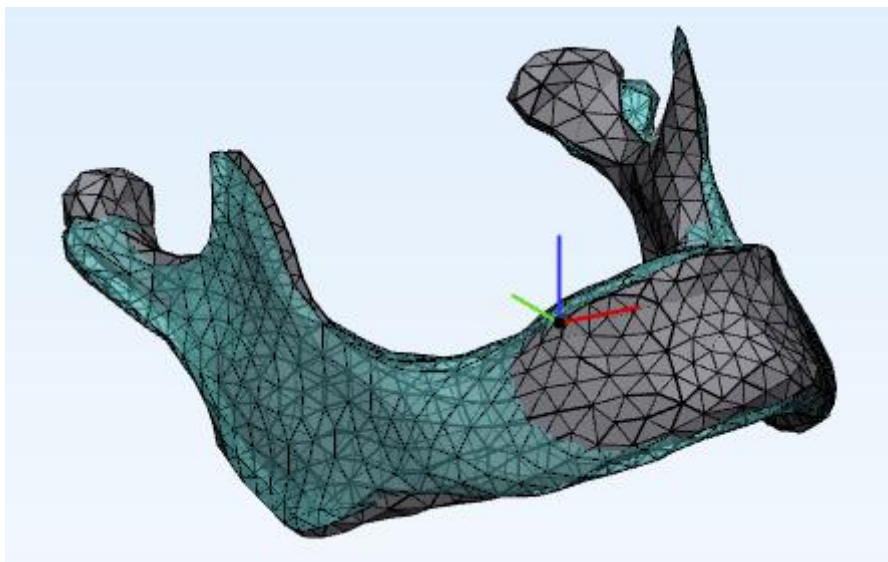


Fig.2.44 – Confronto PC1 (grigia) e average shape (azzurra in trasparenza)

Da un punto di vista qualitativo, dalla figura si evince che, rispetto alla average shape, la PC1 descrive uno spostamento delle teste dei condili verso l'alto e verso l'interno.

Fatto ciò, si procede all'analisi quantitativa dell'errore, pertanto si nasconde la average shape con l'opzione Hide (tasto destro sul nome) e si seleziona il comando “Create Part Comparison Analysis”, già precedentemente usato in questo lavoro.

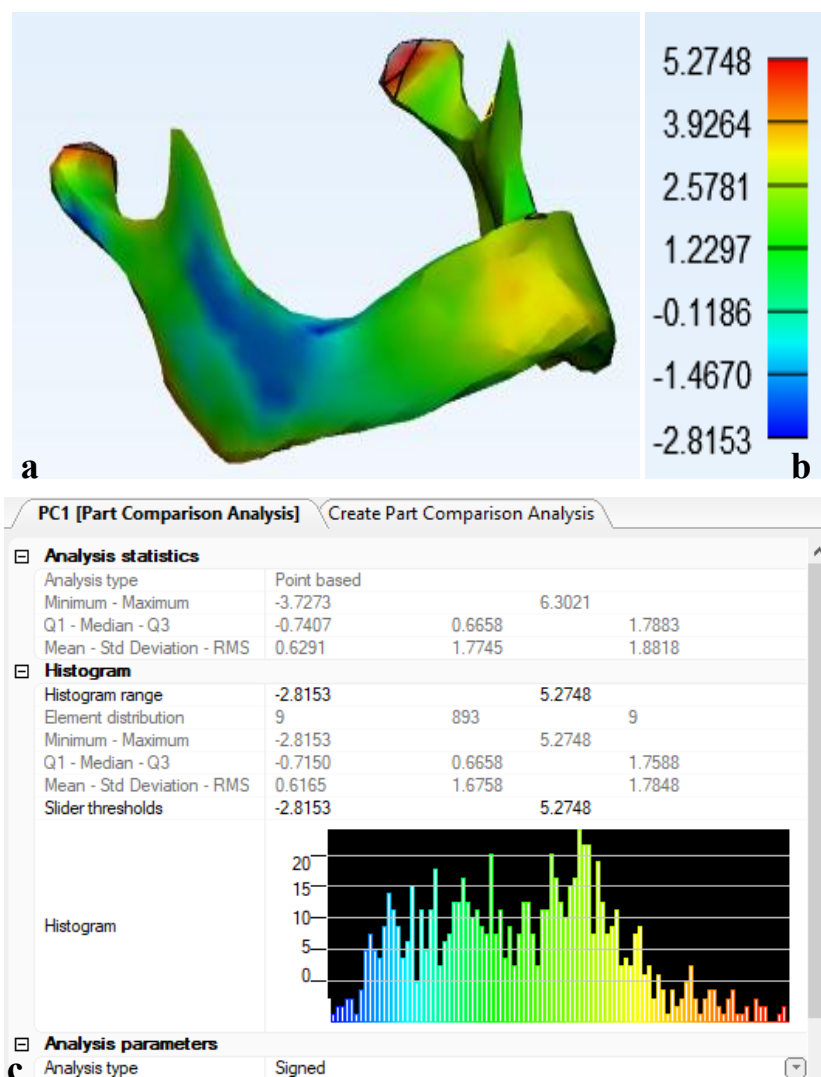


Fig. 2.45 – Analisi quantitativa PC1 vs Average shape: a) diagramma a colori, b) barra dei colori, c) istogramma e valori numerici dell'analisi.

Dalla figura 2.45a si nota che effettivamente l'errore più grande (positivo) è localizzato proprio sulle teste condilari (zone rosse), quindi si può, ragionevolmente, pensare che quella sia stata la zona più interessata dalla deformazione.

2.2.3 Utilizzo delle componenti principali

In analogia con la teoria delle vibrazioni [9], gli autovettori contenenti le componenti principali possono essere considerati come gli autovettori contenenti i modi naturali di vibrare di un sistema meccanico.

Ciò significa che, grazie alla proprietà di ortogonalità posseduta dalle PC, così come una possibile ed arbitraria configurazione del sistema meccanico può essere costruita tramite una combinazione lineare degli autovettori, così anche una generica geometria mandibolare può essere ricostruita tramite la combinazione lineare delle componenti principali.

In virtù di questo, qualsiasi possibile geometria associata ad una mandibola può essere considerata come la sovrapposizione delle componenti principali moltiplicate per opportune costanti, le quali identificano il grado di partecipazione di ciascuna PC all'individuazione della geometria finale.

Da un punto di vista matematico si ha:

$$\{y'\} = \{y\} + a_1 \cdot \{\Delta y_1\} + a_2 \cdot \{\Delta y_2\} + \dots + a_n \cdot \{\Delta y_n\} \quad (2.1)$$

dove:

- y' è la matrice contenente tutte le coordinate dei nodi;
- y è la matrice contenente le coordinate dei nodi della “average shape”;
- $\Delta y_1, \Delta y_2, \Delta y_n$ sono le matrici contenenti le variazioni delle coordinate nodo per nodo, rispettivamente per i modi di deformarsi ‘1’, ‘2’, ..., ‘n’ (dove ‘n’ è il numero di scansioni CT utilizzate per eseguire l’analisi delle componenti principali).
- a_1, a_2, a_n sono i pesi che sono associati rispettivamente alle deformazioni (modi di morphing) ‘1’, ‘2’, ..., ‘n’.

Avendo scelto di lavorare con 8 componenti principali, dall’equazione precedente deriva che si devono determinare 8 pesi a_i .

La stima degli ‘ m ’ fattori peso a_i può essere effettuata sulla base di un sottoinsieme scelto di coordinate di punti scelti sulla geometria della mandibola (coordinate dei punti di riferimento): cioè ‘ m ’ coordinate dovrebbero essere sufficienti per stimare ‘ m ’ pesi. Ovviamente più il numero di coordinate che si prende in considerazione è alto, più la ricostruzione sarà robusta. Nel caso in esame sono stati scelti 8 punti di riferimento (fig. 2.46) che si riferiscono ai punti anatomici più comunemente usati e che possono essere ricavati abbastanza agevolmente dalle scansioni con raggi X.

Una volta determinate le coordinate x, y, z degli 8 punti di riferimento, si è eseguito un calcolo di regressione lineare che ha consentito di determinare i valori dei pesi cercati.

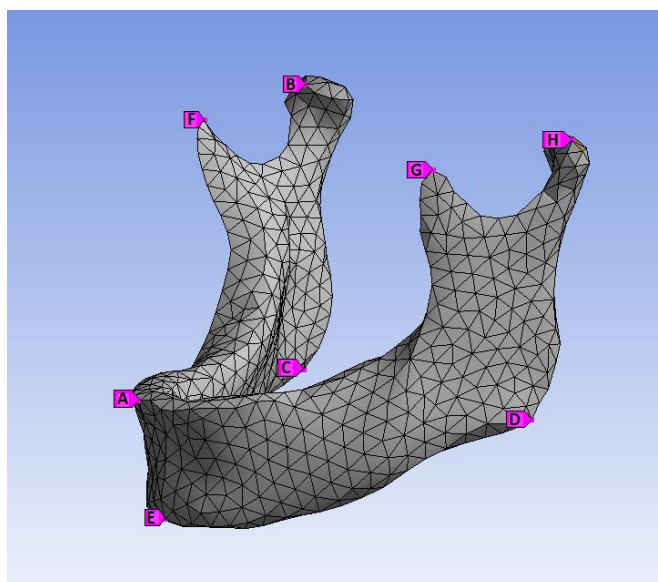


Fig. 2.46 - Punti di riferimento utilizzati per il morphing della mandibola.

2.3 Validazione del metodo

L'intera procedura è stata testata all'interno del programma 3-Matic di Materialise considerando le due mandibole che erano state escluse dall'analisi delle componenti principali svolta in precedenza. Una delle due mandibole verrà chiamata “normale”, poiché non presenta difetti o caratteristiche particolari, mentre l'altra mandibola risulta caratterizzata da un severo riassorbimento osseo in corrispondenza dei corpi mandibolari, pertanto si farà riferimento ad

essa come “riassorbita”. Questo secondo caso è molto utile per testare la robustezza della procedura in casi estremi come il suddetto.

Per poter ricostruire la mandibola di prova è stata utilizzata una routine Matlab dove vengono inserite:

- le coordinate della mandibola di prova (o quella normale o quella riassorbita);
- le coordinate dell’average shape;
- gli autovettori dell’average shape delle prime 8 componenti principali (ricavati in MorphoJ).

Si estraggono le righe contenenti le coordinate degli 8 nodi di interesse dalla matrice associata alla mandibola test e alla average shape e le si sottraggono tra loro. Dopodiché tramite regressione lineare si ricavano i pesi utilizzati per determinare le coordinate della mandibola ricostruita tramite la precedente equazione 2.1.

Per quanto riguarda la mandibola “normale”, la procedura dà i seguenti risultati:

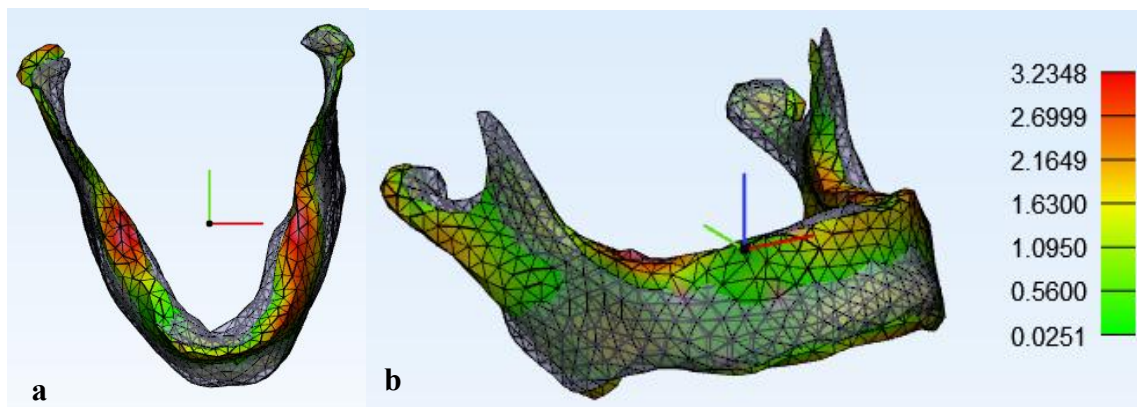


Fig. 2.47 – Analisi qualitativa confronto tra la mandibola “normale” di prova e la mandibola “normale” fittata (grigia in trasparenza): a) vista dall’alto, b) vista isometrica.

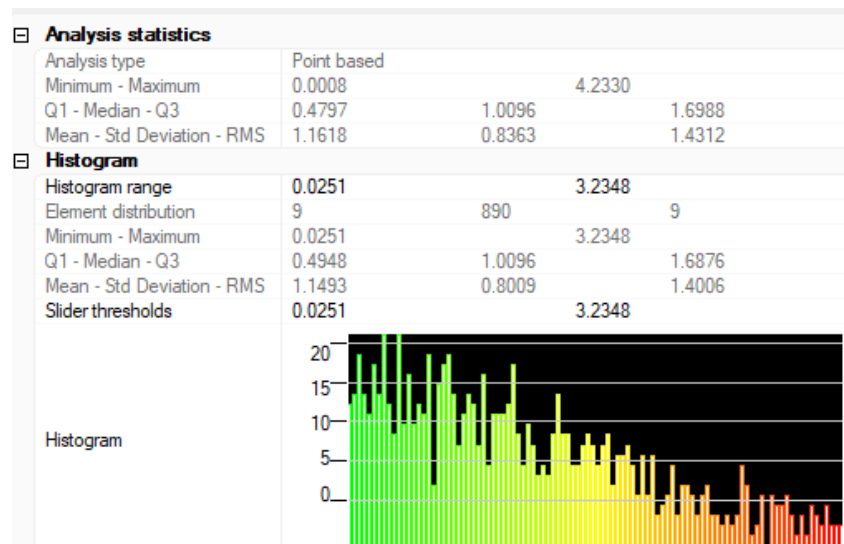


Fig. 2.47 bis – Analisi quantitativa di confronto tra la mandibola “normale” di prova e mandibola “normale” ricostruita. L’istogramma rappresenta l’errore in mm.

Dalle figure 2.47 e 2.47 bis emerge che l’accuratezza ha un range che va da 0.02 a 3.2 mm e gli errori più grandi sono localizzati nella zona alveolare (fig. 2.47 b).

Mentre per la mandibola riassorbita si ha:

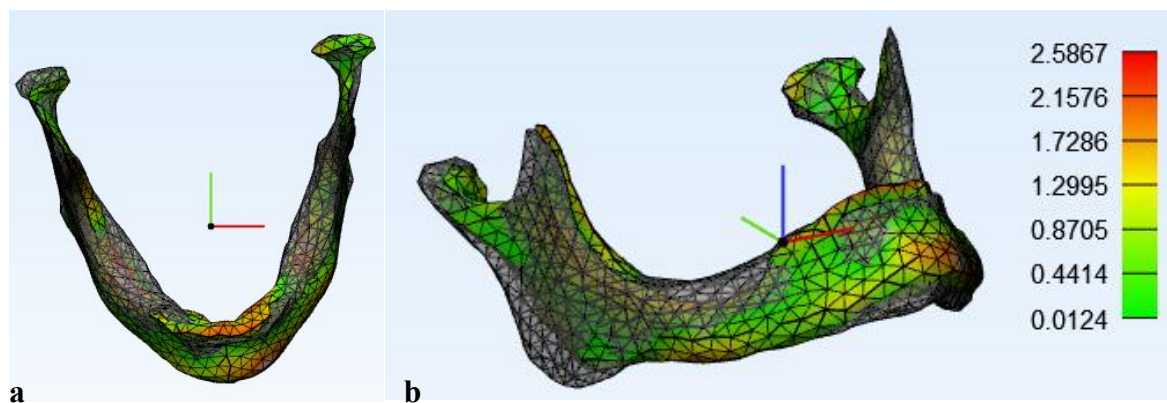


Fig. 2.48 – Analisi qualitativa confronto tra la mandibola “riassorbita” di prova e la mandibola “riassorbita” fittata (grigia in trasparenza): a) vista dall’alto, b) vista isometrica.

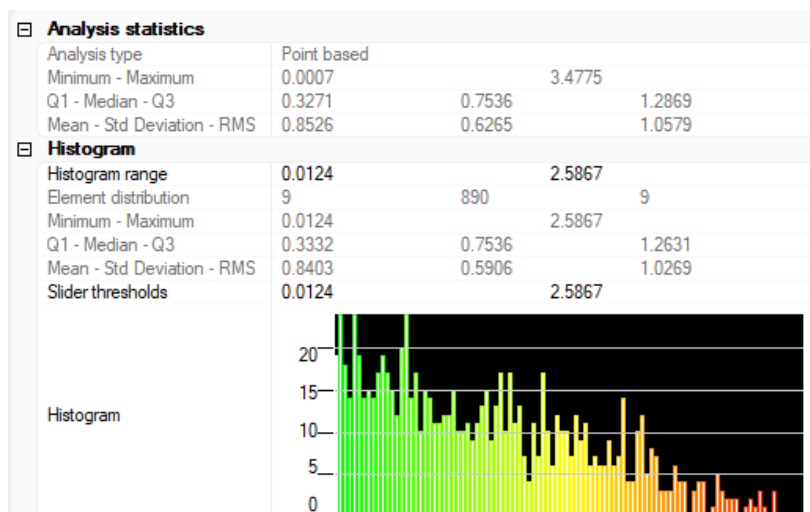


Fig. 2.48 bis – Analisi quantitativa confronto tra la mandibola “riassorbita” di prova e mandibola “riassorbita” fittata. L’istogramma rappresenta l’errore in mm.

In questo caso l’accuratezza va da 0.012 a 2.6 mm con un errore medio pari a 0.8 mm. Le zone in cui l’errore è maggiore sono le zone alveolari laterali (come nel caso della mandibola normale), la zona alveolare centrale e la parte sinistra del mento.

CONCLUSIONI

Nel presente lavoro di tesi è stato messo a punto un metodo per la creazione di modelli parametrici tridimensionali della mandibola tramite l'utilizzo di mesh morphing e analisi delle componenti principali.

Inizialmente si avevano a disposizione 17 CT del cranio, appartenenti ad individui di diversa età e genere, dalle quali sono state estratte le 17 mandibole. Su una di queste mandibole è stata costruita una mesh di riferimento che, attraverso l'utilizzo di un algoritmo di morphing basato sulle radial basis functions, è stata utilizzata per la generazione di mesh isotopologiche su tutte le geometrie mandibolari. E' stata quindi eseguita l'analisi delle componenti principali che è finalizzata a identificare un numero limitato di variabili indipendenti atti a descrivere in modo sufficientemente accurato la geometria di interesse. E' risultato che 8 componenti principali, ossia 8 'modi di deformarsi' della mandibola sono sufficienti a riprodurre l'85% della variabilità dei risultati ottenuti. I pesi da assegnare a tali modi di deformarsi vengono definiti di volta in volta per ogni mandibola, tramite una regressione lineare i cui coefficienti vengono calcolati in base ad 8 punti anatomici.

La metodologia messa a punto è stata infine validata valutando la bontà di ricostruzione, utilizzando due mandibole: una mandibola che non presentava alcuna peculiarità ('normale') e una mandibola caratterizzata da un forte riassorbimento osseo ('riassorbita').

Ne è risultato un errore medio complessivo inferiore ad 1 mm, con valori massimi pari a 3.2 mm in corrispondenza di delle zone alveolari (mandibola 'normale') e 2.6 mm per la mandibola riassorbita.

Il presente lavoro può essere ulteriormente sviluppato ed implementato. In particolare, l'ampiamiento del database di mandibole a disposizione permetterebbe di cogliere una maggiore variabilità nelle geometrie che caratterizzano l'osso mandibolare, aumentando l'accuratezza e l'affidabilità della metodologia.

La scelta dei punti di riferimento sulla mandibola può essere ottimizzata utilizzando tecniche statistiche rigorose, prescindendo in toto o in parte dai punti anatomici ‘tradizionali’ che qui sono stati utilizzati e prevedendo altresì di automatizzarne l’identificazione.

Infine appare interessante l’implementazione in questi modelli delle proprietà del materiale osseo sia superficiale sia all’interno del volume (densità e proprietà elastiche) con l’obiettivo di utilizzarli all’interno di codici numerici per l’analisi delle sollecitazioni nei sistemi-impianto.

BIBLIOGRAFIA

- [1] E.M. Zanetti, V. C. (2005). Radiograph-based femur morphing method. Medical & Biological Engineering & Computing 2005, Vol.43.
- [2] Nikola Vitkovic, J. M. (2015). The Parametric Model of the Human Mandible Coronoid Process Created by Method of Anatomical Features (Vol. 2015). (C. a. Medicine, A cura di) Hindawi Publishing Corporation.
- [3] MIMICS 17.0 Reference Guide. Materialise Inc.
- [4] 3-Matic 12.0 Reference Guide. Materialise Inc.
- [5] RBF Morph ACT Extension User's Guide. ANSYS Inc.
- [6] Biancolini, M. E. (2016). Il ruolo del mesh morphing nella simulazione emodinamica. Analisi & Calcolo. <https://aec-analisiecalcolo.it/pubblicazioni/aec/76/il-ruolo-del-mesh-morphing-nella-simulazione-emodi/>
- [7] Biancolini, M. E. (2017). Fast Radial Basis Functions for Engineering Applications. Springer International Publishing AG, part of Springer Nature 2017. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-75011-8>
- [8] Klingenberg, C. (2011). MorphoJ: an integrated software package for geometric morphometrics. Molecular Ecology Resources 11: 353-357. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x
- [9] Dunteman, G. H. (1989). Principal Component Analysis. Sage University Paper.
- [10] ANSYS Workbench User's Guide . (2013). ANSYS Inc.
- [11] Rao, S. (2007). Vibration of Continuous Systems. Wiley. <https://books.google.it/books?id=kWja9NTH0bEC>

RINGRAZIAMENTI

Questo lavoro è stato un “parto”. È durato tantissimo ed è stato veramente impegnativo e stressante, ma come tutti i parti, quando finisce è una grande soddisfazione, perché vedi il frutto dei tuoi sforzi che prende vita. Sono molto fiera di questa tesi, poiché non solo mi ha permesso di esplorare in profondità alcuni ambiti che avevo già affrontato a lezione, ma mi ha anche fatto capire che la decisione di partire per andare a studiare fuori non è stata assolutamente sbagliata.

Certamente non avrei potuto fare tutto da sola, per cui un ringraziamento grande, vai ai miei relatori Prof. Cristina Bignardi e Prof. Alberto Audenino, che mi hanno affidato questa tesi e che mi hanno fatto conoscere il Prof. Calì dell’Università degli Studi di Catania e la Prof. Zanetti dell’Università degli Studi di Perugia che mi sono stati di grande supporto durante tutti questi mesi e mi hanno fatto appassionare al lavoro che stavo svolgendo e per questo sono molto grata a tutti loro. Un altro ringraziamento va all’Ing. Giulia Pascoletti che mi ha sempre dato preziosi consigli e grandi aiuti nei momenti di difficoltà.

Un grazie grandissimo a mio padre e a mia madre che mi hanno supportato sia moralmente che economicamente in questa “avventura” torinese. Non sono mancati durante questi anni i momenti di sconforto ed è solo grazie a loro se sono riuscita ad andare avanti. Ringrazio anche mia sorella e mio fratello per la loro sola esistenza e per il loro amore verso di me. Un altro grazie sicuramente va a mia nonna che non mi ha fatto mancare la sua cucina dandomi in grande quantità barattoli della sua salsa di pomodoro e ogni volta che li aprivo sentivo odore di casa e grazie a mio nonno che ha sempre creduto in me e con le sue telefonate sapeva tirarmi su di morale. Un grazie va a tutto il resto della mia famiglia per essere stati miei sostenitori. Ringrazio anche i miei piccoli Oliver e Willie per il loro affetto e il loro amore incondizionato.

Grazie a tutti voi.

