

Abstract

Die Entwicklung eines biomechanischen Ganzkörpermodells unter Berücksichtigung des menschlichen Bindegewebes

Heiko Stark, Martin S. Fischer

Friedrich-Schiller-Universität Jena

Das Bindegewebe ist ein wesentlicher Bestandteil des mehrzelligen tierischen Lebens. Sein Hauptbestandteil Kollagen ist dabei einer der wichtigsten Grundbausteine in unserem Körper. Das Bindegewebe hat eine zentrale Rolle bei der räumlichen Organisation, Stabilisierung und Kraftübertragung. Da fast alle Strukturen durch das Bindegewebe miteinander verbunden sind, variiert seine Steifigkeit je nach der Anforderung. Diese Steifigkeit wird hauptsächlich durch die Kollagenarten, den Proteoglykananteil und die räumliche Struktur bestimmt.

Mit Computersimulationen bieten sich hierbei die Möglichkeiten diese komplexen Strukturen genauer zu analysieren. Eine häufig verwendete Methode ist die Finite-Elemente-Methode (FEM). Bei der FEM werden die zu untersuchenden Strukturen in einfach beschreibbare Elemente mit spezifischen Eigenschaften zerlegt. Die jeweiligen Geometrien und räumlichen Steifigkeitsausrichtungen sind für die genaue Beschreibung der Eigenschaften/Materialien entscheidend. Diese Geometrien können durch bildgebende Verfahren bestimmt und die Steifigkeiten durch Materialproben in Versuchsaufbauten ermittelt werden. Die Bestimmung der Steifigkeitsorientierungen ist dabei eine Herausforderung, da sie umfangreiche Ressourcen erfordern.

Das Ziel dieser Studie war es, ein menschliches Modell unter Berücksichtigung des Bindegewebes zu erstellen, um die Interaktion von Elementen/Organen in einem größeren Maßstab besser zu verstehen.

Als Ausgangsmaterial diente ein FE-Modell (Rumpfmodell), das in einer früheren Studie erstellt wurde und auf den Daten des Visible Human Project® (VHP) basierte. Dieses Modell enthielt die Geometrien für die knöchernen Elemente, die Bandscheiben und die Muskulatur, einschließlich ihrer Faserarchitektur.

Für die vorliegende Studie wurde nun der komplette Datensatz des männlichen und weiblichen Körperspenders (♂:39 Jahre, 90 kg, 1,88 m; ♀:59 Jahre, 88 kg, 1,71 m) aus dem VHP verwendet. Die Datensätze bestanden jeweils aus digitalisierten RGB-Farbbildern von Kryoschnitten mit einer Auflösung von ♂:0,144x0,144x1 mm und ♀:0,144x0,144x0,33 mm. Mittels digitaler Bildverarbeitung wurden die kollagenhaltigen Strukturen bestimmt und rekonstruiert.

In einem zweiten Schritt wurde auf dieser Grundlage ein FE-Modell des Bindegewebes mit einer Auflösung von 1x1x1 mm Hexaedern erstellt. Die Materialbeschreibungen stammten hierbei aus dem vorherigen Modell mit den nun zusätzlich gewonnenen Anisotropien. Für die Simulation wurde zum Beispiel die Hüfte fixiert und eine Last auf die Halswirbel (C1) aufgebracht. Für die Simulation und

Auswertung kam die Software-Tools FEBio und Postview der Musculoskeletal Research/Biomechanics Laboratories zum Einsatz.

Als Ergebnis konnte das Bindegewebe organübergreifend im Detail rekonstruiert werden. Die so gewonnenen Datensätze dienen zur Erweiterung bestehender und neuer Modelle. Speziell gehen wir davon aus, dass wir mit unserem Verfahren z.B. die laterale Kraftübertragung zwischen einzelnen Muskeln und zwischen unterschiedlichen Gewebetypen analysieren können. Für lokale Strukturen mit einem sehr hohen Bindegewebsanteil (z. B. im Knie) zeigte sich, dass hier noch eine detaillierte Beschreibung erforderlich ist. Die Modellierung von Bindegewebe stellt jedoch ein wichtiges Instrument dar, um organübergreifende Interaktionen besser zu verstehen.